



HAL
open science

Classification de mines sous-marines à partir de l'image sonar brute : caractérisation du contour de l'ombre portée par algorithme génétique

Isabelle Quidu, Jean-Philippe Malkasse, Gilles Burel

► To cite this version:

Isabelle Quidu, Jean-Philippe Malkasse, Gilles Burel. Classification de mines sous-marines à partir de l'image sonar brute : caractérisation du contour de l'ombre portée par algorithme génétique. *Traitement du Signal*, 2003, 20 (1). hal-00504807

HAL Id: hal-00504807

<https://ensta-bretagne.hal.science/hal-00504807v1>

Submitted on 21 Jul 2010

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.

Classification de mines sous-marines à partir de l'image sonar brute : caractérisation du contour de l'ombre portée par algorithme génétique

Mine classification based on raw sonar data: shadow contour characterization using a genetic algorithm

I. Quidu ^{*}, J. Ph. Malkasse ^{*}, G. Burel ^{**}

(^{*}) Thales Underwater Systems, Route de Sainte Anne du Portzic, 29601 BREST cédex, France

Tél : 02 98 31 39 95, 02 98 31 35 54, Fax : 02 98 31 39 92

E-mail: isabelle.quidu@fr.thalesgroup.com, jean-philippe.malkasse@fr.thalesgroup.com

(^{**}) L.E.S.T. - UMR CNRS 6165, 6 avenue Le Gorgeu, BP 809, 29285 BREST cédex, France

Tél : 02 98 01.62.46, Fax : 02 98 01.63.95

E-mail: Gilles.Burel@univ-brest.fr

Résumé – Dans le domaine de la chasse aux mines sous-marines, l'objet détecté peut être caractérisé par son ombre portée sur le fond. L'approche classique est séquentielle : l'image sonar est tout d'abord segmentée afin d'obtenir une image binaire partageant les pixels entre la zone d'ombre et la zone de réverbération de fond, puis des attributs caractéristiques sont extraits de la silhouette 2-D correspondant à l'ombre segmentée lesquels servent à classifier l'objet en fin de traitement. A chacune des étapes sont généralement associés des pré- et/ou post-traitements visant à éviter qu'une erreur intervenant à un instant donné de la chaîne de traitement se répercute jusqu'au résultat final. Afin d'optimiser la procédure de classification en se concentrant sur l'objectif ultime de la chaîne de traitement, nous avons mis en œuvre un processus dynamique pour caractériser le contour de l'ombre à partir de l'image sonar brute en offrant en outre la possibilité de classifier l'objet détecté. Cette approche innovante fait appel aux notions de modèles déformables, modèles statistiques et algorithmes génétiques.

Mots clés – image sonar, classification de mine, algorithme génétique, discrimination de contours, descripteurs de Fourier, modèles statistiques.

Abstract- In the context of mine warfare, detected objects can be classified from their cast shadow. A standard solution consists in segmenting the image at first (we obtain binary from grey-level image giving the label zero for pixels belonging to the shadow and the label one elsewhere), and then in performing classification from features extracted from the 2D-shape of the segmented shadow. Other pre- or post-processings are generally used to make each step more robust by avoiding a mistake to be propagated through the following steps. In this paper, to focus on the actual goal, we propose a novel approach where a dynamic segmentation scheme is fully classification-oriented. Actually, classification is performed directly from raw image data. The approach is based on the combination of deformable models, genetic algorithms, and statistical image models.

Key words – sonar image, mine classification, genetic algorithm, contour discrimination, Fourier descriptors, statistical models.

1 Introduction

- La chasse aux mines

Les systèmes de chasse aux mines utilisent des sonars de deux types. Caractérisé par une portée relativement grande et une résolution faible, le sonar détecteur permet de repérer l'objet par son écho. Grâce à une meilleure résolution et à une plus courte portée, le sonar classificateur fournit une image interprétable sur laquelle l'ombre portée de l'objet se détache.

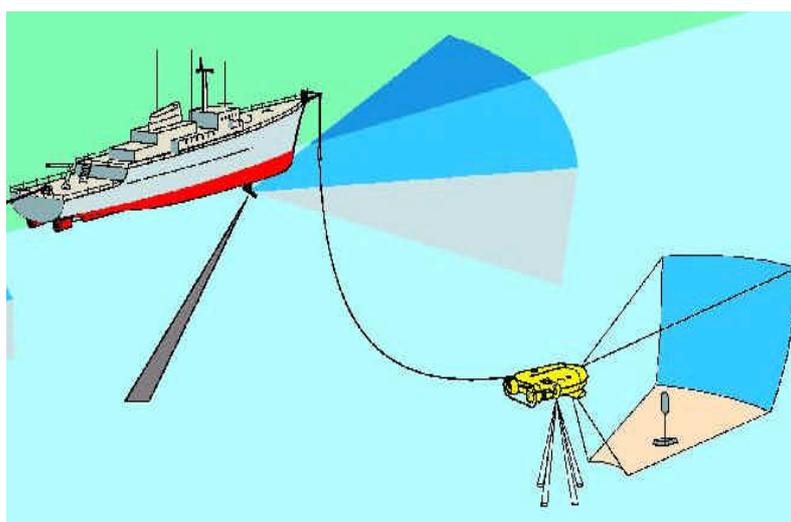


figure 1 : Sonar de coque et sonar propulsé de l'avant

La faiblesse des moyens militaires face aux mines marines de nouvelle génération apparut au début des années 90 lors des événements intervenus dans le golfe Persique : une modernisation des équipements vise depuis à faire face à ces mines dites furtives (petite taille, géométrie et structure étudiées présentant un index de cible réduit) [PUYH-00]. Les progrès technologiques de ces dix dernières années permettent de faire de l'imagerie des fonds marins avec une très haute résolution. La guerre des mines a tout naturellement exploité les performances des sonars classificateurs haute fréquence pour saisir les petits détails et finement caractériser les contours des ombres portées des objets immergés. Sur l'image obtenue apparaît l'ombre acoustique caractérisée par l'absence de réverbération de fond du fait de la présence de l'objet. La figure 2 illustre la similitude des ombres obtenues par voie acoustique et par voie optique (vue de dessus en éclairage rasant).

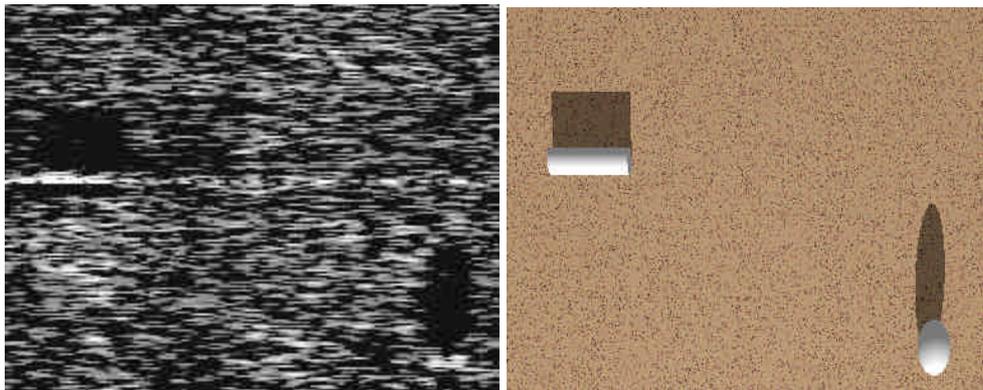


figure 2: image sonar haute résolution d'une mine cylindrique et d'une mine sphérique et image vidéo de synthèse de la même scène.

- La classification sur ombre classique

La classification sur ombre est un problème classique de reconnaissance de formes. La notion de forme englobe la région intérieure de l'ombre segmentée et son contour. Le processus classique de classification sur ombre d'un objet immergé consiste en trois étapes successives :

segmentation ® extraction d'attributs ® classification

La segmentation extrait les régions d'intérêt dans l'image, i.e., dans le cas de la classification sur ombre d'images sonar, partage les pixels de l'image en deux classes : la classe 'ombre' comprenant les pixels de la zone d'ombre et la classe 'fond' comprenant à la fois les pixels de la zone de réverbération de fond et de l'écho. A partir de l'image binaire obtenue, des paramètres discriminants ou attributs caractéristiques sont calculés sur la forme de l'ombre ou uniquement son contour, et regroupés dans un vecteur caractéristique. L'information disponible est ainsi réduite à un nombre restreint de paramètres discriminants. Enfin, le vecteur caractéristique introduit dans le module de classification doit permettre d'affecter en finalité l'objet à une classe d'objets. La classification est faite de manière automatique, i.e. sans intervention de l'opérateur, et de manière supervisée nécessitant un nombre conséquent d'éléments représentatifs de chacune des classes dont on peut rapprocher l'élément à classifier. A chacune des étapes du processus séquentiel ci-dessus sont associés des pré- et/ou post-traitements superflus au regard de l'objectif final de classification. Il s'agit par exemple du détail exigé sur le contour à l'étape de segmentation. Il s'agit aussi de préparer l'image pour l'étape qui suit et d'éviter qu'une erreur intervenant à un instant donné ne se répercute jusqu'au résultat final sans rétroaction possible.

- Approche proposée

Nous proposons une alternative novatrice qui consiste en processus dynamique de « **segmentation orientée classification** » coordonné par un algorithme génétique. En se concentrant sur l'objectif ultime de la chaîne de traitement, une segmentation discriminante du contour est effectuée à partir des données sonar brutes. Outre l'économie de traitements superflus au vu de l'objectif visé, ce traitement « orienté solution » évite la propagation d'erreurs préjudiciables. Le résultat est double : tout en caractérisant le contour de l'ombre, on offre la possibilité de classifier l'objet détecté à partir d'une population réduite d'individus. L'exploration de l'espace des solutions est menée par un algorithme génétique. Cet

algorithme manipule des solutions caractérisées par un ensemble de descripteurs de Fourier décrivant chacune un contour, sur lesquelles agissent des opérateurs génétiques classiques et nouveaux. L'évolution est réglée par un paramétrage adéquat des opérations génétiques et de l'opération de sélection des solutions. La sélection est basée sur l'adaptation du contour dans l'image au sens d'un critère statistique basé sur la modélisation du phénomène de réverbération. Il en résulte un partage des données sonar au sens du maximum de vraisemblance.

Le paragraphe suivant présente le problème et la spécificité de l'image sonar. Le troisième paragraphe explicite les contraintes sur l'objectif à atteindre et justifie le choix de l'algorithme d'optimisation. On rappelle le principe des algorithmes génétiques au paragraphe 4. La mise en œuvre de la segmentation orientée classification est détaillée au paragraphe 5 puis illustrée par quelques résultats sur images réelles et simulées au paragraphe 6.

2 problème et spécificités associées

2.1 problème posé: classification de mines marines à partir d'images sonar

Les sonars actifs émettent un signal sur la zone de fond à prospector. La réception s'effectue sur une antenne et les signaux captés passent dans la chaîne de traitement sonar pour former l'image sonar. De par leur conception, les antennes favorisent certaines directions d'arrivée du signal et par extension, localisent précisément la cible. Dans le cas particulier de la classification sur ombre, le système sonar équipant les navires de chasse aux mines est composé d'un sonar détecteur et d'un sonar classificateur. Dans un premier temps, la recherche d'objets sur le fond ou dans le volume d'eau est effectuée par le sonar détecteur. Dans un second temps, le sonar classificateur fournit une image suffisamment résolue permettant de classer l'objet à partir de l'ombre acoustique portée sur le fond.

La réverbération est source d'information pour la classification sur ombre. Ce phénomène propre à tous les systèmes d'imagerie cohérente apparaît lorsque la longueur d'onde incidente est grande devant la dimension des aspérités de la surface illuminée [GOOD-76]. De ce fait, l'onde réverbérée par le milieu (eau de mer ou fond) est le résultat de la combinaison tantôt destructive tantôt constructive des ondes rétrodiffusées mais déphasées aléatoirement. L'amplitude résultante de la somme de ces ondes complexes reçues par un capteur suit alors une loi de Rayleigh [PAPO-84] caractéristique d'un bruit multiplicatif appelé chatoiement ou speckle [MAIT-01]. Deux types de réverbération nous intéressent : la réverbération de volume et la réverbération de fond générées par la somme des multiples rétrodiffusions dues, respectivement, aux inhomogénéités de l'eau (particules, bulles) et aux irrégularités du fond (micro-relief). Un chatoiement de fort niveau moyen constitue ainsi le signal utile pour la zone du fond et contraste avec un chatoiement de faible niveau moyen pour la réverbération de volume prépondérante dans la zone d'ombre. Dans la présente étude, nous négligeons une dégradation parfois observée à la frontière de la zone d'ombre. Celle-ci est causée par la remontée du niveau de bruit dû à la présence de lobes secondaires associés à la fonction de directivité de l'antenne.

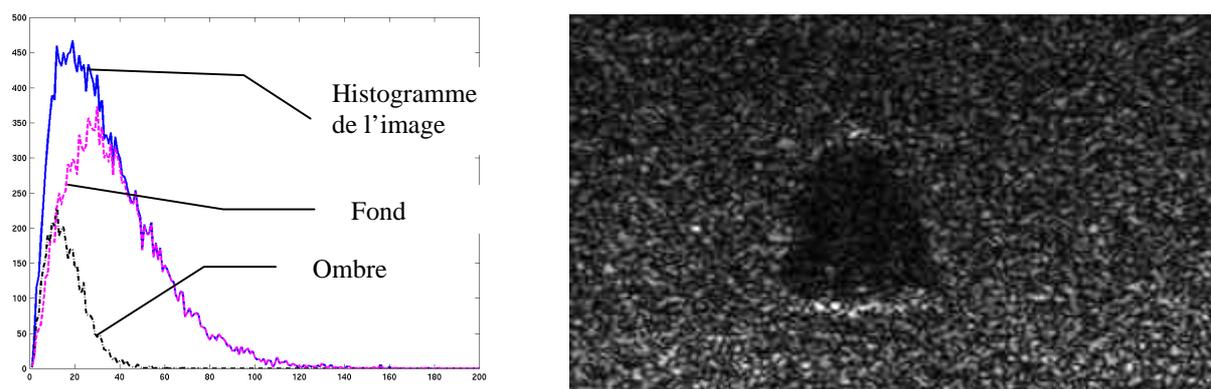


figure 4 : Mélange des deux distributions de Rayleigh associées aux zones 'ombre' et 'fond'

2.2.2 caractéristiques géométriques des images sonar

La **formation de l'image sonar** consiste à enregistrer et représenter les données sonar (ondes acoustiques réfléchies) dans le plan oblique. La dimension effective du pixel dépend à la fois des paramètres sonar et du traitement des données. D'une part, les paramètres sonar, caractéristiques de l'antenne et du signal émis, fixent la dimension de la **cellule de résolution**, c'est-à-dire l'écart minimal suivant l'axe de propagation de l'onde (distance) et angulairement (gisement) devant séparer deux points pour qu'on puisse les distinguer [SOME-93] [BLON-97]. Le traitement des données permet de passer des données sonar brutes à l'image en niveaux de gris illustrant la variation de la pression acoustique reçue par les capteurs de l'antenne et proportionnelle à la puissance du signal rétrodiffusé (c'est-à-dire en direction du sonar). Le niveau de gris d'un pixel de l'image représente ainsi l'amplitude de la somme des ondes réfléchies vers le sonar par les points du fond (diffuseurs) appartenant à la cellule de résolution. La juxtaposition au fil du temps des enregistrements obtenus dans chacune des voies pointées permet de former une carte bidimensionnelle de la zone insonifiée. En général, la dimension du pixel est plus petite que celle de la cellule de résolution (dans le cas contraire, on perd de l'information). Elle dépend de plusieurs paramètres tels que la fréquence d'échantillonnage temporel, l'échantillonnage spatial effectué lors de l'opération de formation de voies, la pondération de l'antenne,... Ces opérations induisent un suréchantillonnage plus ou moins important de la zone insonifiée qui n'apporte pas d'information supplémentaire mais améliore la visualisation.

Par ailleurs, une distorsion géométrique classiquement observée en imagerie sonar est **l'élongation des ombres en fonction de la rasance**. Cette dernière désigne l'angle formé entre le plan oblique, i.e. le plan de collectage des données sonar, et le fond (cf. figure 3).

3 justification de l'approche proposée

Le problème de la classification sur ombre est un problème classique de reconnaissance de formes qui nécessite tout d'abord la modélisation du contour solution. Le problème peut alors

être considéré comme un problème inverse résolu par l'optimisation d'un critère basé sur les caractéristiques statistiques des données sonar partagées par ce contour. Outre la spécificité statistique, la prise en compte de la spécificité géométrique de l'imagerie sonar apporte de la robustesse au traitement. La solution optimale est alors obtenue par un algorithme itératif opérant sur un espace de recherche étendu de solutions potentielles dont les contours évoluent dans l'image sonar brute sans segmentation préalable.

3.1 modélisation du contour [WALL-80] [MITC-83] [ARBT-89] [HENO-93]

Parmi les multiples procédés utilisés par les traiteurs d'images pour décrire un contour, nous avons retenu la décomposition en série de Fourier pour trois raisons :

1. Les descripteurs de Fourier ont l'avantage de décrire le contour de manière synthétique. On dispose d'une représentation multirésolution offrant la possibilité de lisser un contour bruité par transformation inverse limitée aux descripteurs d'indice inférieur ou égal à K . En ce sens, la décomposition en série de Fourier s'apparente à la décomposition multirésolution par ondelettes de l'image observée appliquée aux images sonar par Collet et al. : cette dernière permet de s'affranchir en partie du bruit de speckle en associant opération de décimation spatiale et filtrage [COLL-98].
2. La normalisation des descripteurs par rapport au point de départ sur le contour garantit une caractérisation unique des contours offrant la possibilité de discriminer les formes 2-D correspondantes.

Les solutions recherchées sont caractérisées par les descripteurs de Fourier qui décrivent un contour. X_k et Y_k désignent les transformées de Fourier effectuées distinctement sur les abscisses x_i et les ordonnées y_i des N points de contour équirépartis. En notant $z_i = x_i + jy_i$, on a la relation $C_k = X_k + jY_k$, où C_k est la transformée de Fourier effectuée sur les coordonnées complexes. Les descripteurs normalisés pour les deux coordonnées des points de contour sont

obtenus en suivant un procédé introduit par Arbter [ARBT-89] (cf. annexe 1). Pour un degré de décomposition donné K , le vecteur décrivant le contour est noté $\mathbf{q}_{(K)} = (\tilde{X}_k, \tilde{Y}_k)_{k \in \{1, \dots, K\}}^T$ où :

$$\left\{ \begin{array}{l} \tilde{X}_k = X_k \frac{C_1^{-k}}{|C_1|^{-k}} = X_k \frac{(X_1 + jY_1)^{-k}}{|X_1 + jY_1|^{-k}} \\ \tilde{Y}_k = Y_k \frac{C_1^{-k}}{|C_1|^{-k}} = Y_k \frac{(X_1 + jY_1)^{-k}}{|X_1 + jY_1|^{-k}} \end{array} \right.$$

3. Une homothétie des descripteurs de Fourier se concrétise par une homothétie des points de contour. Cette propriété nous permet d'adapter la taille des contours manipulés par simple factorisation des descripteurs de Fourier par un facteur d'échelle déduit des paramètres sonar et de sa rasance (cf. la *taille équivalente du pixel* définie au paragraphe 3.3). En effet, les solutions potentielles proviennent d'images simulées sous des conditions (paramètres sonar, position du sonar) propres qui peuvent différer de celles de l'image à segmenter.

3.2 critère à optimiser et contrainte

La recherche du contour de l'ombre à partir des données observées est guidée par l'optimisation d'un critère statistique basé sur la modélisation du phénomène de réverbération. Cette optimisation s'accompagne d'une contrainte sur la structure du contour.

3.2.1 critère à optimiser (attache aux données)

Deux hypothèses importantes concernent la distribution des pixels [FIGU-97] :

- ☞ les niveaux de gris des pixels de l'image sont indépendamment distribués
- ☞ les deux régions, l'une extérieure au contour recherché, i.e. la réverbération de fond, et l'autre intérieure, i.e. l'ombre, sont homogènes ce qui implique que la probabilité

conditionnelle associée à chacun des pixels dépend uniquement de sa localisation dans l'une ou l'autre des régions

En d'autres termes, tous les pixels appartenant à la zone d'ombre (*resp.* de réverbération de fond) suivent une distribution commune de paramètre \mathbf{f}_{in} (*resp.* \mathbf{f}_{out}). La fonction de vraisemblance à maximiser peut donc s'écrire, avec $\mathbf{f} = [\mathbf{f}_{in}, \mathbf{f}_{out}]$ [FIGU-97][CHES-99] :

$$p(I/\mathbf{f}) = \left(\prod_{(i,j) \in O} p(I(i,j)/\mathbf{f}_{in}) \right) \left(\prod_{(i,j) \in R} p(I(i,j)/\mathbf{f}_{out}) \right),$$

$I(i,j)$ désigne l'intensité du pixel (i,j) , O (*resp.* R) la zone d'ombre (*resp.* de réverbération de fond). La frontière (contour) entre ces deux zones est caractérisée par le vecteur $\mathbf{q}_{(K)}$ des descripteurs de Fourier d'indice inférieur ou égal à K fixé.

L'objectif visé est celui d'une segmentation **non supervisée** c'est-à-dire l'estimation, sans connaissance *a priori*, pour K fixé, de $\mathbf{q}_{(K)}$ à partir de l'image observée seule en maximisant la fonction de vraisemblance ci-dessus. Dans le cas des images sonar, la distribution des niveaux de gris des pixels est généralement modélisée par une loi de Rayleigh. On a donc pour chacune des régions O ou R :

$$p(I(i,j)/\mathbf{f}_{region}) = \frac{I_{region}(i,j)}{\mathbf{a}_{region}^2} \exp \left\{ -\frac{[I_{region}(i,j)]^2}{2\mathbf{a}_{region}^2} \right\}$$

avec $\mathbf{f}_{region} = [\mathbf{a}_{region}^2]$ où \mathbf{a}_{region}^2 est appelé facteur d'échelle.

L'estimée au sens du maximum de vraisemblance est [EVAN-93] :

$$\hat{\mathbf{a}}_{region}^2 = \frac{\sum_{(i,j) \in region} [I_{region}(i,j)]^2}{2.N_{region}}$$

avec N_{region} le nombre de pixels appartenant à la région.

On cherchera à maximiser la fonction log-vraisemblance :

$$\begin{aligned} \ln(P(I/f)) &= \sum_{I(i,j) \in O} \ln I(i,j) - \sum_{I(i,j) \in O} \ln \mathbf{a}_O^2 - \sum_{I(i,j) \in O} \frac{I^2(i,j)}{2\mathbf{a}_O^2} + \sum_{I(i,j) \in R} \ln I(i,j) - \sum_{I(i,j) \in R} \ln \mathbf{a}_R^2 - \sum_{I(i,j) \in R} \frac{I^2(i,j)}{2\mathbf{a}_R^2} \\ &= \sum_{I(i,j) \in \text{Image}} \ln I(i,j) - N_O \ln \mathbf{a}_O^2 - N_O - N_R \ln \mathbf{a}_R^2 - N_R \end{aligned}$$

soit à maximiser,

$$E = -N_O \ln \mathbf{a}_O^2 - N_R \ln \mathbf{a}_R^2$$

3.2.2 régularisation

La recherche d'informations à partir des données observées ne peut généralement se faire sans l'apport de contraintes de régularité (problème inverse *mal-posé* au sens d'Hadamard [HADA-23]). La régularisation classique consiste à imposer des contraintes sur la solution recherchée sous la forme d'un terme additionnel pondéré. Dans notre cas, il n'y a pas de terme additionnel de régularisation car les déformations du contour sont implicitement pénalisées par limitation du degré K de décomposition en série de Fourier. Il en résulte une estimation au sens du maximum de vraisemblance opposée à une estimation au sens du maximum a posteriori qui consiste à minimiser une énergie composée de deux termes : terme de régularisation et terme d'attache aux données (modèle de bruit).

3.3 prise en compte de la spécificité géométrique des images sonar

Du fait du principe de formation des images sonar explicité au paragraphe 2.2.2, une normalisation des images est nécessaire de manière à pallier la faible rasance et la faible précision en gisement entraînant des ombres généralement disproportionnées. Elle opère donc sur deux fronts conjoints :

- rendre les pixels de l'image représentatifs de la surface réelle du sol observé :

Il existe une distorsion entre la taille du pixel (habituellement carré) de l'image et l'aire effective qu'il représente sur le sol. Ce phénomène provient du principe d'acquisition des

systèmes sonar qui, pour des raisons technologiques, amènent généralement à une plus grande précision en distance qu'en gisement.

- normalisation en rasant de façon à ce que la longueur des ombres soit indépendante de celle-ci :

L'angle choisi pour la normalisation en rasant doit permettre de comparer facilement des formes géométriques associées au même type d'objet en apportant de la robustesse à la classification. La rasant choisie de 45 degrés entraîne théoriquement une longueur de l'ombre visible sur l'image sonar (suivant la distance oblique) égale à la hauteur de l'objet multipliée par $\sqrt{2}$.

La résolution du pixel dépend initialement des paramètres sonar mais est modifiée à la présente étape de normalisation. La taille équivalente du pixel finalement imposée, identique suivant les deux axes, dépend ainsi à la fois des paramètres sonar et de la normalisation de l'image.

Nota Bene : cette manipulation des données sonar est transparente pour l'évaluation des grandeurs statistiques qui s'effectue sur les données sonar initiales préalablement stockées.

3.4 choix de l'algorithme d'optimisation

Les modèles déformables ont été diversement appliqués à la reconnaissance de formes, la segmentation, le suivi d'objet en mouvement,... [COHE-93] [KERV-94] [JAIN-96] [BOSS-97] [ZHON-98] [LAM-98] [CHES-99] [MIGN-00]. Ce procédé est utilisé dans deux approches largement discutées en traitement d'images : les modèles déformables paramétriques et les contours actifs.

D'une part, le principe des **modèles déformables paramétriques** est de disposer d'une base de *modèles prototypes* ou *gabarits* ('*templates*') décrits par un nombre donné de paramètres auxquels on associe un *ensemble de déformations*. Le choix de tels modèles est

donc fortement conditionné par les connaissances a priori sur les objets susceptibles d'apparaître. Le modèle linéaire interagit de manière dynamique avec les particularités de l'image en faisant varier ses paramètres : son degré de liberté correspond au nombre de paramètres utilisés. Leur estimation au sens du maximum a posteriori est obtenue en associant au modèle une densité de probabilité a posteriori conditionnellement aux observations (en fait la carte de segmentation en deux classes *ombre/réverbération de fond*). La règle de Bayes nous permet de distinguer deux termes : le premier intègre les connaissances a priori qui comprennent la description du modèle et l'ensemble des déformations admissibles (densité de probabilité a priori) tandis que le second a pour effet d'attirer le modèle vers les traits remarquables de l'image (vraisemblance des observations conditionnellement aux déformations).

Le **contour actif** est d'autre part un modèle élastique dont les contraintes a priori de régularité sont basées sur la *théorie de l'élasticité*. Le contour de l'objet est alors représenté par une courbe ayant des propriétés mécaniques de type membrane/plaque mince. Le modèle général de contours actifs se présente donc sous la forme d'une courbe (fermée ou non), dont l'initialisation est située à proximité du contour recherché et dont l'évolution s'effectue selon un processus itératif de déformation contrôlé par un test de convergence. Le critère selon lequel le processus de déformation fait évoluer le contour a été initialement associé à la recherche d'une minimisation d'une fonctionnelle [KASS-88]. Celle-ci est généralement constituée de deux termes d'énergie qui doivent s'équilibrer : l'un est un terme de régularisation caractérisant le comportement mécanique de la courbe, soit la rigidité et la tension (énergie interne), l'autre attire la courbe vers les structures pertinentes de l'image que l'on recherche (énergie externe). Jain et al. montrèrent que, d'un point de vue bayésien, les énergies interne et externe peuvent respectivement s'apparenter à une densité de probabilité a

priori et à une vraisemblance comme dans le cas des modèles déformables paramétriques [JAIN-98].

La méthode proposée tire profit des avantages des deux approches décrites ci-dessus. Les modèles déformables, d'une part, permettent de classifier la forme segmentée en l'approchant d'un prototype connu a priori. Les contours actifs, d'autre part, visent à segmenter la forme en recherchant son contour à partir de l'image brute en niveaux de gris. Nous proposons une technique originale utilisant la déformation simultanée de plusieurs contours pour effectuer **une segmentation orientée classification**. En d'autres termes, le domaine des solutions possibles est limité mais supposé représentatif des cas susceptibles de se présenter, moyennant des déformations du même type que celles rencontrées pour les modèles déformables. L'exploration de ce domaine a pour finalité de proposer la solution la mieux adaptée aux données sonar brutes. Une stratégie d'optimisation appropriée à ce problème est le développement d'un **algorithme génétique** qui exploite les données brutes **sans devoir passer par une étape préliminaire et irréversible de segmentation**. Cette approche s'oppose à l'approche classique séquentielle 'segmentation → extraction des attributs → classification' comme l'explique la figure 5. L'ultime étape de classification intervient dans le rapprochement de la solution avec une version étendue du domaine des solutions possibles initial.

Le Tableau 1 synthétise les caractéristiques des trois approches énoncées. Il apparaît bien que notre approche est *intermédiaire* entre les modèles déformables paramétriques et les contours actifs. Sans idée précise de la nature de l'objet ciblé (comme pour les contours actifs), on fait l'hypothèse qu'il appartient à un ensemble connu d'objets (équivalents des prototypes énoncés utilisés pour les modèles déformables paramétriques) dont on a établi un panorama des contours des ombres portées pour différents points de vue soient un total de N_p

solutions ou individus. De plus, comme dans le cas des contours actifs, on travaille directement avec les données brutes.

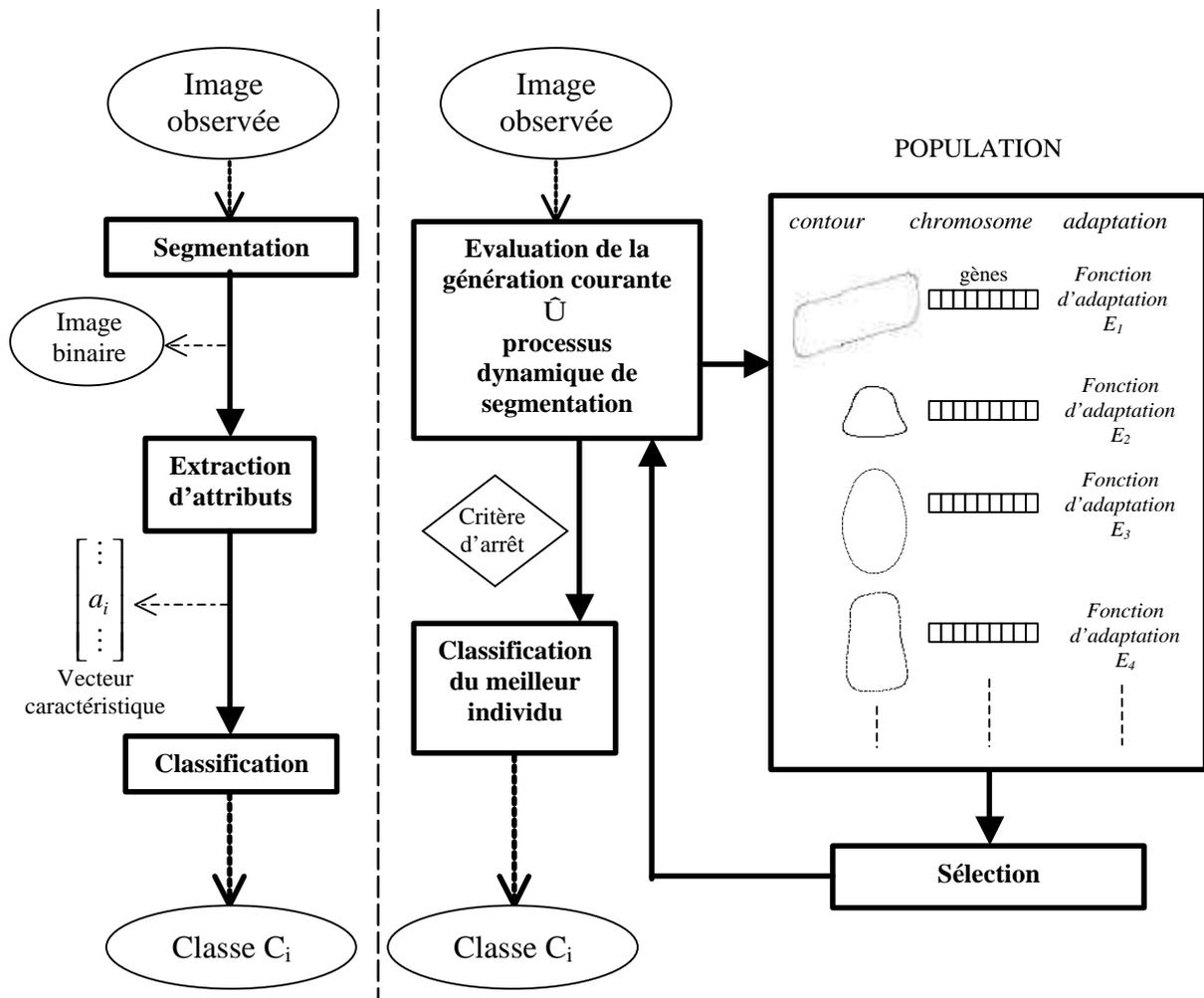


figure 5 : Segmentation orientée classification opposée au processus de segmentation classique séquentiel

Tableau 1

Type de traitement	<i>Modèles déformables</i>	<i>Approche proposée</i>	<i>Contours actifs</i>
Données	image segmentée en deux classes : ombre / réverbération de fond	image brute	image brute
Espace des solutions possibles	un prototype	N_p individus	espace infini
Critère d'optimisation	fonction objective bayésienne	fonction d'adaptation	fonctionnelle
Objectif visé	classification	segmentation orientée classification	segmentation

4 algorithmes génétiques

4.1 généralités

Les algorithmes génétiques sont des méthodes d'exploration stochastique fondées sur les mécanismes de la sélection naturelle et de la génétique. Elles en tirent leurs principales caractéristiques : *principe de survie* des individus les mieux adaptés (par évaluation de la 'performance' d'un descendant donné) et *échanges d'informations pseudo-aléatoires* entre individus (par opérations génétiques). Ainsi, à chaque génération, de nouveaux individus sont créés par le processus de sélection des parents compte tenu de leur adéquation au problème et de leur reproduction selon les principes généraux de la génétique que sont les croisements et les mutations.

4.2 terminologie

Les algorithmes génétiques procèdent de manière itérative à travers l'évolution d'une *population* de génération en génération. Chaque *individu* symbolise une solution de l'espace de recherche. Il est caractérisé par son *chromosome* constitué d'une liste finie de *gènes* (paramètres) pouvant prendre des valeurs dans un alphabet donné. A chaque génération (itération), une *fonction d'adaptation* juge de l'adéquation de chaque individu aux données. Cette fonction constitue le critère de *sélection* pour la reproduction. Les individus les mieux adaptés sont soumis à deux types d'opérations génétiques : les *croisements* et les *mutations*. Dans l'opération élémentaire de croisement, les chromosomes sont regroupés par paire et les chaînes ainsi appariées sont recombinaées. La mutation, accidentelle mais nécessaire afin de diversifier le matériel génétique, résulte classiquement d'une modification aléatoire de faible probabilité de la valeur d'un caractère de la chaîne. Dans notre cas, il nous a paru utile

d'introduire en outre une mutation opérant une transformation globale du chromosome (cf. §5.1.5). La figure 6 présente le principe général des algorithmes génétiques.

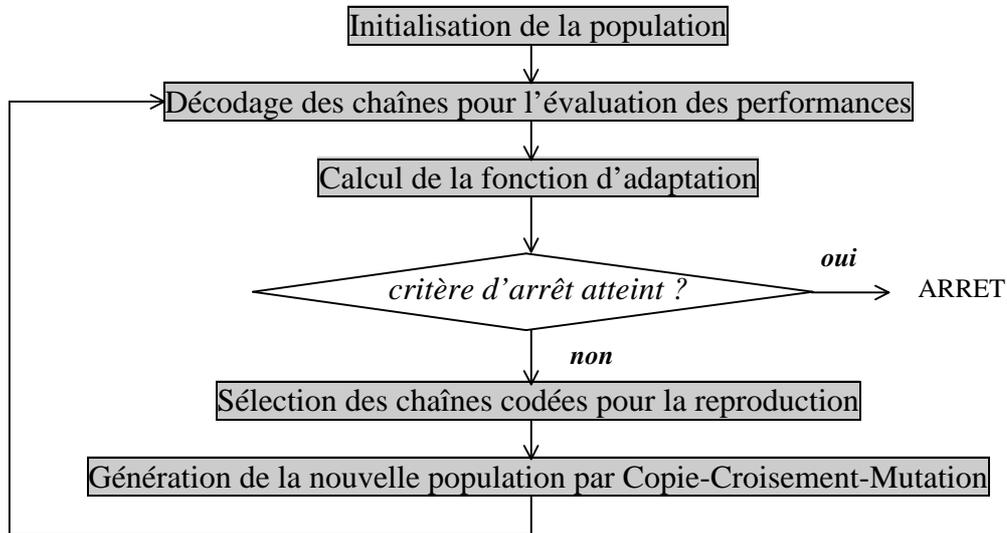


figure 6 : principe général des algorithmes génétiques

En somme, la mise en œuvre d'un algorithme génétique nécessite la détermination de sept points fondamentaux que nous détaillerons au §5 :

- ↳ la représentation chromosomique
- ↳ la création de la population initiale
- ↳ la définition de la fonction d'adaptation
- ↳ le critère de sélection
- ↳ les opérateurs génétiques réglant la reproduction
- ↳ la réinsertion
- ↳ le critère d'arrêt

4.3 motivations

4.3.1 propriétés théoriques

Une stratégie d'optimisation appropriée à notre problème est le développement d'un algorithme génétique qui possède les propriétés suivantes [DAVI-91] [PAL-96] [GUER-98] :

☞ *parallélisme* : cette technique d'exploration stochastique (indépendante de l'initialisation) a l'avantage d'optimiser massivement plusieurs chaînes de paramètres (individus) à la différence de la technique du recuit simulé qui optimise une seule chaîne en évaluant ses configurations voisines. Par ailleurs, à une génération donnée, le potentiel de la population ne se résume pas à la solution représentée par chaque individu : leur combinaison par opérations génétiques est source de multiples autres solutions sous-jacentes.

☞ par un paramétrage des opérations de sélection et des opérations génétiques, un *compromis* est réalisé entre une exploitation des meilleures solutions et une exploration aléatoire de l'espace de recherche [MICH-94].

☞ *Rapidité* :

- les descripteurs sont optimisés conjointement (contrairement au recuit simulé qui optimiserait un seul descripteur)
- le nombre d'itérations est fonction du problème à optimiser (cas où le critère d'arrêt est fonction de l'optimisation) et non d'un paramètre fixé a priori tel la température pour le recuit simulé [DAVI-87]
- l'élaboration d'opérateurs génétiques spécifiques à l'information portée par les chromosomes augmente la rapidité de convergence par une prise en compte de la spécificité des données traitées (Dans notre application, il s'agit des distorsions caractéristiques des ombres acoustiques, de la limitation des possibilités de croisements entre chaînes chromosomiques pour éviter la prolifération d'individus non viables...)

4.3.2 travaux antérieurs

Les algorithmes génétiques ont déjà été utilisés pour diviser l'image en plusieurs régions [SEET-91] [HASE-99]. A cette segmentation par région, nous préférons une approche par contour. Dans notre cas en effet, la segmentation, limitée à deux régions, n'est pas une fin en soi mais doit permettre in fine de classifier l'objet ciblé par une analyse discriminante de la frontière entre ces régions. Cette frontière correspond au contour de l'ombre acoustique portée et peut être décrite de manière unique par des descripteurs de Fourier normalisés estimés par l'algorithme génétique. L'information région constitue l'attache aux données prise en compte par l'intermédiaire du critère d'adaptation fondé sur la statistique des pixels de l'image. A la différence de la classification des ombres portées en imagerie sonar également proposée par Mignotte et al., l'optimisation vise ici à estimer le contour qui se rapporte à un type de mine parmi les cinq types possibles et non estimer les seules déformations qui affectent un type de mine donné [MIGN-00].

4.4 environnement de mise en œuvre

Le développement algorithmique a été facilité par l'utilisation de la boîte à outils nommée *GAOT* pour *Genetic Algorithms for Optimization Toolbox* codée en langage Matlab [HOUC-95]. Grâce à sa modularité, les modules de bases ont été enrichis de nouvelles routines spécifiques à notre problème.

5 segmentation orientée classification

5.1 segmentation par optimisation génétique

Conformément au principe des algorithmes génétiques, nous partons d'un ensemble d'individus ou contours prototypes constituant la population initiale. Chaque individu (ou contour) est caractérisé par 2K descripteurs de Fourier normalisés qui constituent son chromosome.

Grâce à un critère énergétique décrit au paragraphe 3.2.1, l'estimation du contour peut s'effectuer sur les données de l'image sonar brute (sans traitement préliminaire) présentant l'ombre portée d'un objet immergé. L'algorithme génétique vise à optimiser cette énergie (fonction d'adaptation), c'est-à-dire estimer les descripteurs de Fourier associés au contour qui correspond à une segmentation optimale.

5.1.1 représentation chromosomique

5.1.1.1 généalogie

Outre la caractérisation intrinsèque de l'individu au moyen des descripteurs de Fourier qui lui sont associés, une information extrinsèque relative à l'arbre généalogique de l'individu peut être résumée dans C gènes particuliers relatifs aux C classes considérées. En effet, les descendants héritent du patrimoine génétique des parents lesquels sont eux-mêmes issus de la génération précédente. Alors que nous connaissons a priori la nature de chacun des individus de la population initiale, cette information n'est plus évidente aux générations suivantes. Néanmoins, elle peut être récupérée à chaque génération par incrémentation d'un compteur $N_{c,c=1\dots C}$ pour chacune des classes (cf. §5.1.5).

5.1.1.2 composition du chromosome

La figure 7 montre un chromosome constitué de la manière suivante (coefficients pour $k \in \{1, \dots, K\}$) :

- ◆ $2 \times K$ gènes représentant $2 \times K$ réels (parties réelle et imaginaire) pour K descripteurs de Fourier complexes \tilde{X}_k résultant de la transformée de Fourier appliquée aux abscisses des pixels du contour

- ◆ $2 \times K$ gènes représentant $2 \times K$ réels (parties réelle et imaginaire) pour K descripteurs de Fourier complexes \tilde{Y}_k résultant de la transformée de Fourier appliquée aux ordonnées des pixels du contour
- ◆ 2 gènes permettant de localiser le contour, c'est-à-dire les réels X_0 et Y_0
- ◆ C gènes (pour C classes d'objets) relatifs à la généalogie de l'individu

Remarque (cf. §3.2.1) : l'image observée est divisée en deux zones de frontière caractérisée par le vecteur $\mathbf{q}_{(K)} = (\tilde{X}_k, \tilde{Y}_k)_{k \in \{1, \dots, K\}}^T$

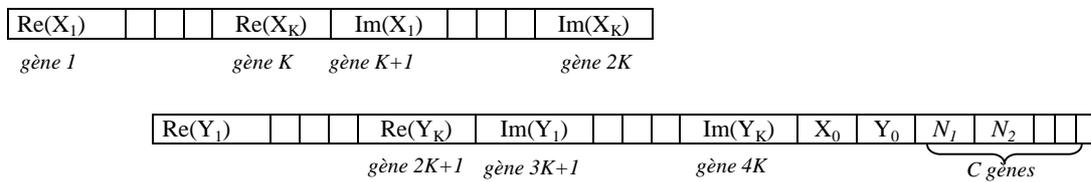


figure 7 : Définition du chromosome

5.1.2 population initiale

La population initiale de taille N_p doit couvrir l'ensemble des classes. Le choix des classes tient compte de l'évolution de la menace en guerre des mines. Alors que la plupart des mines à orin sont sphériques ou oblongues (cylindre vertical), les mines de fond ont des formes variées et complexes. A la classique mine cylindrique s'ajoutent de nouveaux types de mines dites furtives du fait de leur revêtement anéchoïque, de petites tailles et de formes particulières.

Cinq classes sont donc considérées : cylindres (classe C_1), sphères (classe C_2), mines Manta (classe C_3), mines Sigeel (classe C_4) et mines Rockan (classe C_5). Les mines Manta et Sigeel sont toutes deux tronconiques mais de dimensions différentes, tandis que la mine Rockan présente un profil particulièrement plat [JANE].

La population initiale doit être représentative des différentes configurations susceptibles de se présenter. En particulier, du fait de la géométrie complexe des mines Rockan et

cylindriques, la forme associée à l'ombre portée dépend du point de vue considéré. En outre, si les mines tronconiques et Rockan ont des dimensions fixes, il n'en est pas de même pour sphères et cylindres.

Ces remarques montrent que la population initiale doit comporter un nombre plus important d'exemplaires pour les objets complexes et/ou de dimensions multiples. Notons en outre que cette population peut à tout moment être enrichie de nouveaux prototypes pour anticiper les menaces futures.

La figure 8 montre quelques exemplaires 'prototypes' reconstruits à partir de leurs descripteurs de Fourier issus de cette population initiale qui correspondent aux mines illustrées figure 9.

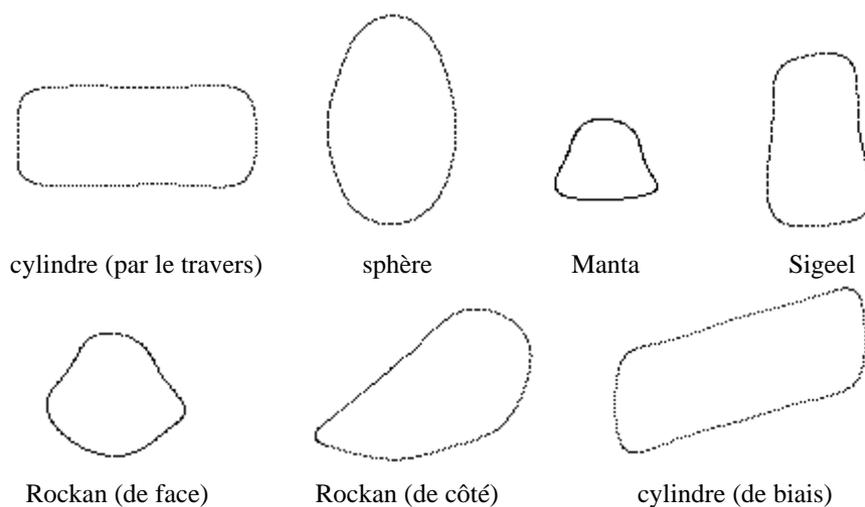


figure 8 : exemples d'individus de la population initiale : contours d'ombres acoustiques segmentées

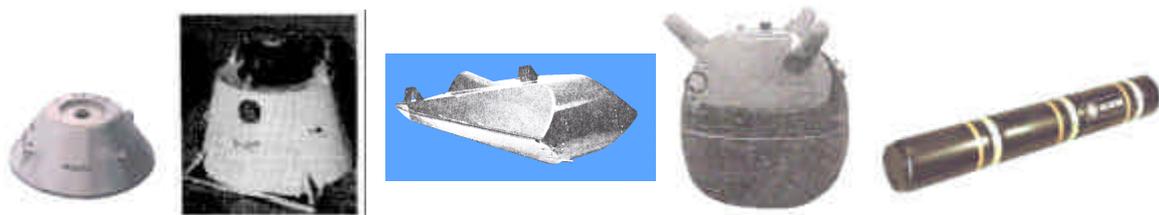


figure 9 : mines Manta, Sigeel et Rockan, sphère et cylindre

5.1.3 fonction d'adaptation

Le terme E défini au paragraphe 3.2.1 correspond à une énergie (désignée par énergie externe dans la théorie des contours actifs) et constitue pour notre application de l'algorithme génétique la **fonction d'évaluation** ou **d'adaptation**.

Pour calculer cette énergie, le traitement appliqué à chaque individu de la population à chaque génération est le suivant :

- 1) positionnement du marqueur (barycentre approché de l'ombre portée) sur l'image observée

La reconstruction du contour s'effectue autour du pixel dont les coordonnées sont les coordonnées moyennes des points de contour de l'ombre détectée c'est-à-dire (X_0, Y_0) .

La recherche de ce point ou **marqueur** n'est pas triviale dans le sens où nous ne connaissons justement pas le contour exact de cette ombre. Pratiquement, la recherche du marqueur est effectuée au voisinage (limité à plus ou moins dix pixels dans chacune des directions) d'un point initial et guidée par la valeur de l'énergie obtenue pour chacune des positions du contour dans l'image. Les coordonnées du marqueur correspondent à une localisation optimale du contour au sens du critère statistique choisi (cf. paragraphe 3.2.1) [GUER-99]. A la première génération, les coordonnées du point initial sont fixées par l'utilisateur. La position optimale du marqueur (au sens de l'évaluation choisie) est ensuite transmise et peut être modifiée de génération en génération comme les autres gènes mais suivant un processus d'évolution notablement différent. L'individu a la capacité de s'auto-adapter : avant un calcul définitif de la fonction d'adaptation, il augmente ses chances de survie en jouant sur deux gènes portant les coordonnées du marqueur. En quelque sorte, ces gènes particuliers se réfèrent à l'acquis par opposition à l'inné contenu dans les autres gènes.

- 2) lecture des K coefficients de Fourier, capital génétique de l'individu (cf. §5.1.1)
- 3) reconstruction de la silhouette associée à l'individu par Transformée de Fourier Inverse autour de son barycentre telle que

$$\begin{bmatrix} x_i \\ y_i \end{bmatrix} = \sum_{\substack{k=-K \\ k \neq 0}}^K \begin{bmatrix} X_k \\ Y_k \end{bmatrix} \exp\left(2j\mathbf{p} \frac{ki}{N}\right)$$

où $X_{-k} = X_k^*$, $Y_{-k} = Y_k^*$, et N désigne le nombre de points de contour.

- 4) calcul de la fonction d'adaptation E (cf. §3.2.1)

- si toutes les coordonnées des pixels du contour reconstruit sont inférieures aux dimensions de l'image :

$$E = -N_O \ln \mathbf{a}_O^2 - N_R \ln \mathbf{a}_R^2,$$

- sinon, on pénalise fortement un contour dont une partie sort du cadre de l'image en considérant l'image comme une seule région i.e. :

$$E = -N_{image} \ln \mathbf{a}_{image}^2$$

Remarque : afin de diminuer le temps de calcul, nous utilisons l'histogramme de chaque région plutôt que l'ensemble des pixels de l'image. En effet, la contribution d'un pixel à la fonction d'adaptation dépend uniquement de son niveau et de la région à laquelle il appartient (et non de ses coordonnées). On passe ainsi d'une double somme sur les lignes et les colonnes à une simple somme sur les 256 niveaux de gris.

5.1.4 critère de sélection

L'étape de sélection consiste à choisir les parents de la génération suivante et se situe donc avant les opérations génétiques. Classiquement, une probabilité de sélection P_i est attribuée à chaque individu i , reflétant son adaptation au milieu. Supposons que l'on souhaite sélectionner N_a individus, N_a nombres aléatoires $u_{n,n=1\dots N_a} \in [0,1]$ sont alors générés et

comparés à la somme cumulée des probabilités $C_i = \sum_{j=1}^i P_j$, $i \in [1, N_a]$. Pour chaque entier n de 1 à N_a , on sélectionne l'individu i tel que $C_{i-1} < u_n \leq C_i$.

Diverses réalisations de P_i sont possibles. Une des plus répandues, dite '**roue de loterie**', attribue à l'individu une probabilité proportionnelle à son adaptation au milieu. Son principal défaut est de supprimer à coup sûr les individus les plus faibles au risque de converger vers une solution sous-optimale. Par contre, les méthodes de tri et de sélection en fonction du rang, dites '**ranking methods**', sont plus souples et plus robustes [GOLD-91]. Ces méthodes attribuent une probabilité fonction du rang $r(i)$ de l'individu i lorsque toutes les adaptations ont été classées par ordre décroissant. Houck et Joines ont ainsi développé un algorithme appelé '**Normalized Geometric Ranking**' dans lequel P_i est défini par [HOUC-95] :

$$P_i = \frac{q}{1 - (1 - q)^{N_p}} (1 - q)^{r(i)-1}$$

Avec $r(i)$ le rang de l'individu où 1 désigne le meilleur,
 N_p la taille de la population,
 q la probabilité de sélection du meilleur individu.

Pour une population de 100 individus par exemple, nous visualisons les probabilités P_i obtenues en fonction du rang pour q allant de 0.05 à 0.2 par pas de 0.02, i.e. 8 courbes. La figure 10 met en évidence une courbure de plus en plus forte i.e. une sélection de plus en plus sévère lorsque q augmente. Il s'agit donc d'effectuer le compromis entre une sélection trop sévère (q trop important) qui mettrait en danger la diversité génétique et une sélection trop large (q trop faible) qui augmenterait les temps de calcul.

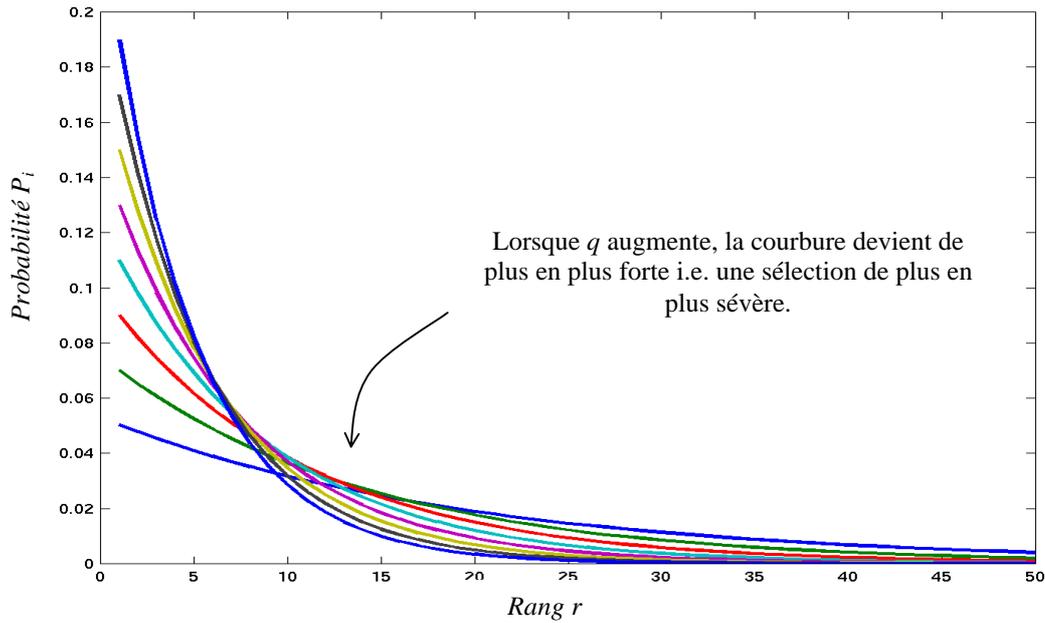


figure 10 : Allures $P_i = f(r)$ pour différentes valeurs de q

5.1.5 opérateurs génétiques

5.1.5.1 définitions

Les parents sélectionnés vont se reproduire par croisement et subir des mutations. Nous avons introduit des routines originales qui exploitent la nature des descripteurs de Fourier en utilisant leurs propriétés et l'interprétation qui peut en être faite.

On note c_i (resp. p_i) les chromosomes des descendants obtenus (resp. des parents).

➤ croisement (entre deux parents) :

Par principe, l'individu issu du croisement génétique doit 'ressembler' à ses parents. En terme de contour, on doit donc visuellement rapprocher le nouveau contour créé des contours parentaux. Ceci impose des contraintes qui limitent les opérations admissibles entre les chaînes chromosomiques. Les trois routines suivantes sont basées sur la moyenne des descripteurs des deux parents.

Routine crois1

La moyenne concerne tous les descripteurs, le barycentre de la silhouette inclus, telle que

$$c_1(1, \dots, 4K + 2) = \frac{p_1(1, \dots, 4K + 2) + p_2(1, \dots, 4K + 2)}{2}$$

parallèlement, l'information généalogique est transmise par

$$c_1(4K + 3, \dots, 4K + 3 + C) = p_1(4K + 3, \dots, 4K + 3 + C) + p_2(4K + 3, \dots, 4K + 3 + C)$$

Afin de maintenir le même nombre d'individus à chaque génération, un deuxième descendant, copie conforme du parent le mieux adapté, est formé.

Routine crois2

Une moyenne pondérée est effectuée de manière à ce que les descendants ressemblent plutôt à l'un ou l'autre des parents i.e.

$$\begin{cases} c_1(1, \dots, 4K + 2) = \frac{p_1(1, \dots, 4K + 2) + 0.5 \times p_2(1, \dots, 4K + 2)}{1.5} \\ c_2(1, \dots, 4K + 2) = \frac{p_2(1, \dots, 4K + 2) + 0.5 \times p_1(1, \dots, 4K + 2)}{1.5} \end{cases}$$

et parallèlement, l'information généalogique conformément au 'poids héréditaire' est transmise par

$$\begin{cases} c_1(4K + 3, \dots, 4K + 3 + C) = p_1(4K + 3, \dots, 4K + 3 + C) + 0.5 \times p_2(4K + 3, \dots, 4K + 3 + C) \\ c_2(4K + 3, \dots, 4K + 3 + C) = p_2(4K + 3, \dots, 4K + 3 + C) + 0.5 \times p_1(4K + 3, \dots, 4K + 3 + C) \end{cases}$$

Routine crois3

Les seuls coefficients de degré 1 sont pris en compte. Ils caractérisent les axes principaux de l'ellipse approchant au mieux le contour. c_1 est obtenu suivant la même opération de moyenne que pour *crois1* mais limitée à ce seul coefficient. Les autres coefficients conservent leur valeur. c_2 est une copie conforme du parent le mieux adapté.

Routine crois4

Pour garantir la diversité, une quatrième routine *crois4* permet de créer deux individus complémentaires dont les coefficients de Fourier sont choisis par tirage aléatoire entre les chaînes chromosomiques des deux parents.

Prenons le cas $K=5$. Un exemple est illustré figure 11 pour lequel le tirage aléatoire attribue les coefficients $k=2,3,5$ de p_1 au descendant c_1 et $k=1,4$ au descendant c_2 et inversement concernant p_2 .

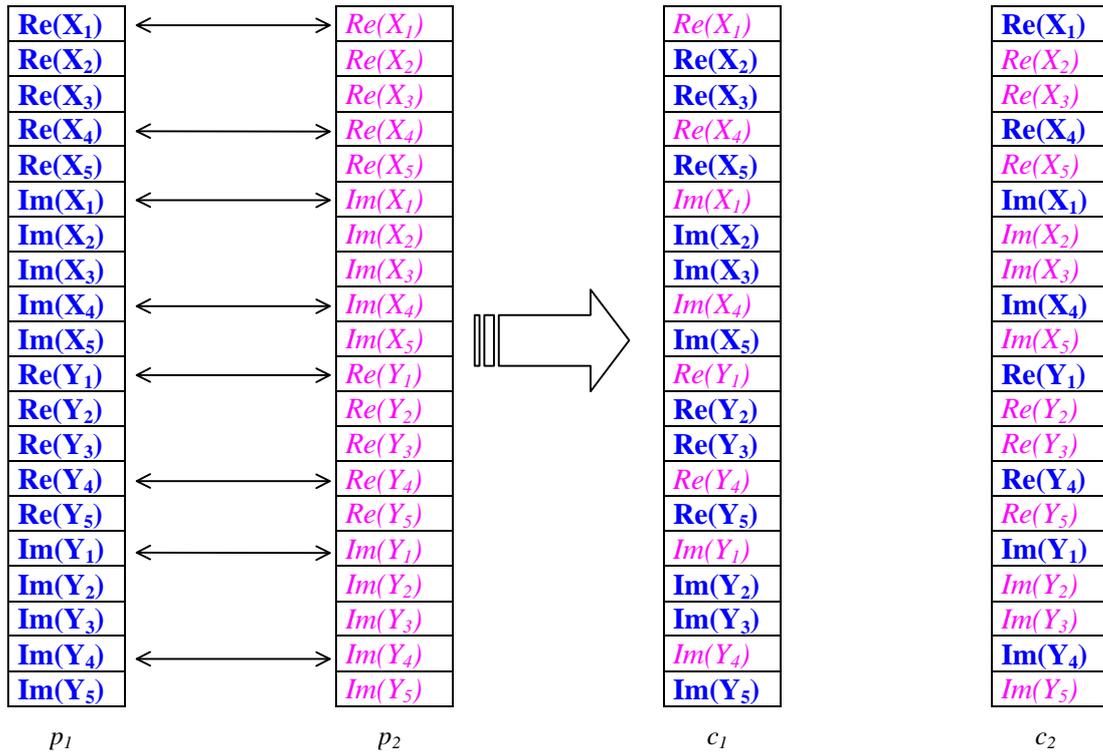


figure 11 : Echanges aléatoires entre deux chaînes

Les points moyens retournés sont identiques pour c_1 et c_2 i.e.

$$c_i(4K + 1, 4K + 2) = \frac{p_1(4K + 1, 4K + 2) + p_2(4K + 1, 4K + 2)}{2}$$

et parallèlement, l'information généalogique est transmise par

$$c_i(4K + 3, \dots, 4K + 3 + C) = \mathbf{p}_1^i \times p_1(4K + 3, \dots, 4K + 3 + C) + \mathbf{p}_2^i \times p_2(4K + 3, \dots, 4K + 3 + C)$$

où \mathbf{p}_1^i (resp. \mathbf{p}_2^i) représente la proportion de gènes reçus de p_1 (resp. p_2) par le descendant c_i .

➤ mutation (s'applique à un seul parent) :

Remarque : ces opérations ne concernent que les 4K premiers gènes c'est-à-dire les descripteurs de Fourier.

Routine mut1

Un bruit blanc gaussien est ajouté à l'un des descripteurs de Fourier. Ce bruit est de moyenne nulle et d'écart-type égal à la valeur maximale admissible pour ce descripteur divisée par 10.

Routine mut2

Cette routine utilise la propriété de linéarité de la décomposition en série de Fourier calculée distinctement sur les abscisses et les ordonnées des points de contour.

Soit la transformation géométrique suivante :

$$\begin{bmatrix} u(t) \\ v(t) \end{bmatrix} = M \times \begin{bmatrix} x(t) \\ y(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a & b \\ c & d \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} x(t) \\ y(t) \end{bmatrix}$$

en passant dans le domaine de Fourier, on a

$$\begin{bmatrix} U_k \\ V_k \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a & b \\ c & d \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} X_k \\ Y_k \end{bmatrix} = M \times \begin{bmatrix} X_k \\ Y_k \end{bmatrix}$$

Cette décomposition en série de Fourier du contour est donc linéaire.

Réciproquement, une transformation géométrique des descripteurs se traduit par une transformation affine des points de contour. On dispose donc d'un modèle paramétrique linéaire de degré 4 correspondant aux quatre paramètres de la matrice M.

Par mutation, on peut donc modifier le contour de manière globale en lui affectant une transformation affine aléatoire (la translation exceptée). Grâce à cette opération, un seul individu possède un patrimoine génétique qui peut servir à constituer d'autres solutions.

Six déformations affines de matrice $M = \begin{bmatrix} a & b \\ c & d \end{bmatrix}$ sont possibles :

- l'homothétie qui agit sur a et d telle que

$$M = \begin{bmatrix} 1+\mathbf{a} & 0 \\ 0 & 1+\mathbf{a} \end{bmatrix}, \text{ avec } \mathbf{a} \in [-0.4;+0.4] \setminus \{0\} \text{ par tirage aléatoire}$$

- l'élongation sur les lignes qui agit sur a telle que

$$M = \begin{bmatrix} 1+\mathbf{a} & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}, \text{ avec } \mathbf{a} \in [-0.4;+0.4] \setminus \{0\} \text{ par tirage aléatoire}$$

- l'élongation sur les colonnes qui agit sur d telle que

$$M = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1+\mathbf{a} \end{bmatrix}, \text{ avec } \mathbf{a} \in [-0.4;+0.4] \setminus \{0\} \text{ par tirage aléatoire}$$

- la rotation qui agit sur toutes les composantes telle que

$$M = \begin{bmatrix} \cos(\mathbf{a}) & -\sin(\mathbf{a}) \\ \sin(\mathbf{a}) & \cos(\mathbf{a}) \end{bmatrix},$$

avec $\mathbf{a} \in \frac{1}{iter} [-9^\circ; +9^\circ] \setminus \{0\}$ par tirage aléatoire

- le biais sur les lignes qui agit sur b tel que

$$M = \begin{bmatrix} 1 & \mathbf{a} \\ 0 & 1 \end{bmatrix}, \text{ avec } \mathbf{a} \in \frac{1}{iter} [-0.1;+0.1] \setminus \{0\} \text{ par tirage aléatoire}$$

- le biais sur les colonnes qui agit sur d tel que

$$M = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ \mathbf{a} & 1 \end{bmatrix}, \text{ avec } \mathbf{a} \in \frac{1}{iter} [-0.1;+0.1] \setminus \{0\} \text{ par tirage aléatoire}$$

Pour les trois dernières possibilités, *iter* désigne l'itération de sorte que l'amplitude admissible des rotations et des biais diminue au fil des générations. L'amplitude du paramètre \mathbf{a} a été fixée de manière empirique de manière à éviter des transformations trop importantes qui créeraient des individus non viables.

En modifiant ainsi la forme de manière globale (*mut2*), on simule une déformation affine qui peut être due à l'angle de prise de vue, à la différence de taille entre la mine ciblée et la mine prototype, voire aux artefacts de traitements préliminaires de formation et de normalisation en rasant l'image sonar. La nature de la silhouette n'est donc pas altérée. A l'opposé, une modification partielle voire ponctuelle de la chaîne des descripteurs (*mut1*) modifie intrinsèquement la silhouette en modifiant sa nature.

Les deux séries d'opérations génétiques sont complémentaires : les croisements exploitent les informations existantes en les recombinaison, tandis que les mutations explorent plus largement l'espace des solutions. Ces opérations et les paramètres associés ont été choisis pour leur signification physique, en dépit du fait que les algorithmes génétiques bénéficient d'une robustesse inhérente vis-à-vis du paramétrage. On épargne ainsi du temps de calcul en évitant de générer des contours de forme complètement inadaptée au problème.

5.1.5.2 taux d'occurrence des opérations génétiques [PAL-96]

Le choix des taux de croisements et de mutations ainsi que celui de la taille de la population initiale n'est pas trivial :

- accroître le taux de croisements revient à augmenter le nombre de recombinaisons mais dissocie en contrepartie les bons chromosomes,
- accroître le taux de mutations risque de transformer la recherche en une exploration aléatoire de l'espace des solutions, mais permet en outre de réintroduire une partie du matériel génétique perdu (par *mut1*) ou de diversifier la population (grâce à *mut2*),
- augmenter la taille de la population accroît sa diversité mais augmente les temps de calcul.

Les taux que nous avons choisis dépendent des opérateurs (cf. §6.1) et de la taille de la population. Ainsi, pour une petite population, on est amené à autoriser davantage d'opérations génétiques de manière à pallier un manque de diversité. Ceci justifie un fort taux d'occurrence

pour les mutations par transformation affine qui ne vise pas à réintroduire de l'information perdue (contrairement à la mutation accidentelle d'un gène) mais vise à augmenter la diversité d'une population de petite taille. Par ailleurs, la taille de notre population initiale est fortement conditionnée par l'objectif visé qui consiste à segmenter des ombres relatives à des objets connus que l'on souhaite classifier. On souhaite ainsi rapprocher l'ombre détectée d'un ensemble de cas répertoriés et préalablement segmentés (cf. §5.1.2).

5.1.6 réinsertion

L'étape de sélection réarrange la population de sorte que les individus les plus faibles sont éliminés au profit d'individus plus forts ayant une probabilité de sélection plus grande. On maintient à chaque génération le même nombre d'individus de sorte que $N_a=N_p$ (cf. §5.1.4). Ensuite, les opérations de croisements prennent chaque fois deux parents pour renvoyer deux descendants. Les mutations, d'un autre côté, ne concernent qu'un individu à la fois, remis en place après transformation. Quels que soient le choix des routines et leur occurrence (fonction des taux de croisement et de mutation choisis), à l'issue des opérations génétiques, N_p descendants doivent être transmis. Deux cas peuvent se présenter :

- Si le nombre de descendants est supérieur à N_p , on ne réinsère que les individus les mieux adaptés,
- Sinon, les descendants remplacent les individus de la génération précédente les moins bien adaptés.

5.1.7 critère d'arrêt

La fonction de terminaison est appelée à la fin de chaque itération c'est-à-dire lorsque la nouvelle génération est obtenue. Nous choisissons d'arrêter l'optimisation lorsque l'un des cas suivants est rencontré :

- la population des descendants est homogène c'est-à-dire l'écart entre les évaluations des individus le mieux et le moins bien adaptés est inférieur à *une petite valeur*,
- il n'y a pas eu d'amélioration pour trois itérations consécutives,
- le nombre maximum de générations admissible est atteint.

5.2 module de classification

Estimation faite des descripteurs de Fourier associés au contour le mieux adapté à l'image observée, il s'agit de déterminer la classe correspondante à cet « individu ». Pour ce faire, nous décidons de rapprocher les descripteurs estimés avec les descripteurs caractérisant les N_p^c exemplaires associés à chacune des $C=5$ classes d'une population de référence, représentative des cas susceptibles d'apparaître, et plus étendue (c'est-à-dire plus diverse) que la population initiale (i.e. $N_p^c > N_p$).

Compte tenu de l'unicité des descripteurs de Fourier normalisés, nous introduisons un critère de classification fondé sur le principe des k-plus-proches-voisins (k-ppv) qui permet d'attribuer à un individu la classe majoritaire parmi les k voisins les plus proches au sens d'une distance définie ci-dessous.

La distance d_j peut être calculée à partir des gènes de l'individu à classer et de ceux du $j^{\text{ième}}$ individu de la population de référence telle que :

$$d_j = \left(\sum_{i=1}^{4K} (g_i^j - \tilde{g}_i)^2 / 4K \right)^{\frac{1}{2}}$$

où

$(\tilde{g}_i)_{i=1...4K}$ sont les gènes estimés

$(g_i^j)_{i=1...4K}$, les gènes du chromosome du $j^{\text{ième}}$ individu de la population de référence

Chaque indice j réfère à un prototype spécifique dont on connaît la classe. L'indice $j = \text{Arg} \min_{j \in \{1 \dots N_p\}} d_j$ est en particulier relatif au plus proche prototype.

Les k-ppv consistent à trouver les k distances les plus faibles puis à déterminer la classe associée aux individus correspondants.

L'algorithme de classification est décrit sur la figure 12. Deux cas se présentent :

- plusieurs classes sont concurrentes,
- une classe seule est majoritairement représentée parmi les k voisins.

- Trouver les k indices j pour lesquels les distances d_j sont les plus faibles

- Répartir les individus correspondants par classe $C_{c,c=1 \dots C}$,

on a $N_{c,c=1 \dots C}$ individus par classe tels que $\sum_{c=1 \dots C} N_c = k$

- Calculer la distance moyenne associée à la classe $C_{c,c=1 \dots C}$:

$$\bar{d}_c = \frac{1}{N_c} \sum_{j, j \in \{\text{indices des individus de } C_c\}} d_j$$

Deux cas possibles :

➤ Si plusieurs classes sont concurrentes, c'est-à-dire si elles bénéficient chacune du nombre maximal de représentants $\max_c N_{c,c=1 \dots C}$ parmi les voisins

la classe attribuée est celle dont la distance moyenne est la plus faible, i.e. $c = \text{Arg} \min_{c \in \{1 \dots C\}} \bar{d}_c$

➤ Sinon,

$c = \text{Arg} \max_{c \in \{1 \dots C\}} N_c$, classe majoritaire parmi les k voisins les plus proches

figure 12 : Algorithme de classification

Prise en compte des gènes relatifs à la généalogie :

Cet algorithme des k-ppv est enrichi de l'hérédité portée par l'individu. Sans la considérer comme un moyen à part entière de le classifier, elle constitue une information supplémentaire qui permet à l'opérateur d'accorder plus ou moins de confiance en pondérant le résultat.

6 expérimentations

6.1 paramétrage

Une reconstruction lissée du contour peut être obtenue en fixant **K à 5** tout en préservant la forme globale de la silhouette qui permet donc de la discriminer.

La population initiale doit couvrir l'ensemble des $C=5$ classes (cf. §5.1.2). La proportion des exemplaires par classe dépend des propriétés de symétrie et de la taille (fixe ou multiple) des objets :

- les cylindres et les sphères ont des dimensions variées et doivent donc être représentés par un nombre d'exemplaires supérieur à celui des mines à taille fixe
- du fait de la géométrie des mines Rockan et cylindriques, la forme associée à l'ombre portée dépend du point de vue considéré : ces deux classes doivent comporter l'ensemble des configurations possibles.

Par simulation, différents points de vue sont acquis le long d'une trajectoire semi-circulaire du sonar autour de l'objet. La population initiale est de $N_p=41$ individus répartis entre les cinq classes en fonction de leur dispersion (diversité des tailles et des formes possibles de l'ombre) comme suit :

- pour la classe C_1 , $N_{cyl}=19$ en prenant 3 tailles de cylindres et 19 points de vue différents,
- pour la classe C_2 , $N_{sph}=10$ en prenant 3 tailles de sphères,
- pour les classes C_3 et C_4 , $N_{man}=N_{sig}=3$, car les mines tronconiques sont de taille constante et ont la propriété de symétrie radiale,
- pour la classe C_6 , $N_{rock}=6$ en prenant 6 points de vue représentatifs.

La taille de la population initiale nous amène à fixer **q à 0.25** pour la sélection des individus. Selon la formule et les considérations du paragraphe 5.1.4, la probabilité de

sélection P_i est alors inférieure à 0.001 (ce qui équivaut à une sélection improbable) pour la moitié des individus.

La population de référence pour la classification est environ trois fois plus importante pour pouvoir fixer **le nombre de voisins à $k=3$** dans le module de classification.

Le **taux de croisements** est fixé à **10%** pour chaque opérateur de moyenne et à **20%** pour l'échange aléatoire entre chaînes chromosomiques. Pour la mutation par modification ponctuelle d'un gène, on effectue une seule opération par génération. Par contre, un **taux de 50%** a été choisi pour la **mutation par transformation affine** afin de multiplier les différentes configurations en termes de format et de point de vue des ombres potentielles associées aux individus sélectionnés. Ce taux diminue au fil des générations de sorte que pour une génération ou itération donnée *iter*, le taux est de $50/iter\%$ (cf. §5.1.5).

Enfin, le **nombre maximal d'itérations** est **20**.

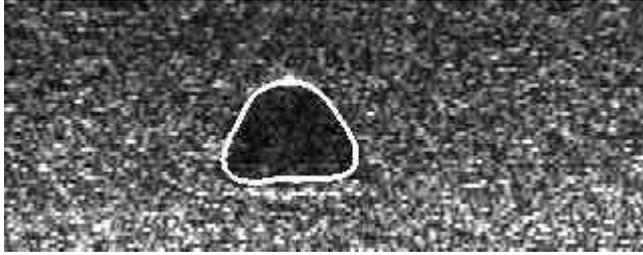
6.2 illustrations

Les figures 13 à 17 illustrent les résultats obtenus sur deux images réelles acquises par un traitement 'antenne synthétique' et sur trois images simulées [BILL-98].

Pour chaque image testée, on affiche la classe C_c attribuée selon l'algorithme de la figure 12 et le taux N_c/k associé. L'information apportée par les C gènes relatifs à la généalogie de l'individu solution de l'algorithme d'optimisation est une aide à l'opérateur. Il accordera d'autant plus de confiance au résultat issu du module de classification que la proportion d'individus de même classe que la classe attribuée sera élevée dans l'hérédité.

Sur les figures 18 et 19, à l'histogramme de l'image observée, on superpose les histogrammes estimés des zones 'ombre' et 'réverbération de fond' résultant de la segmentation de l'image.

Nota Bene : pour améliorer la visibilité et faciliter la comparaison, nous avons imposé le même niveau de gris moyen des pixels pour les images réelles et les images simulées.



Objet classé 'mine Manta' par k-ppv
avec un taux de 1

Généalogie :

0% cylindre

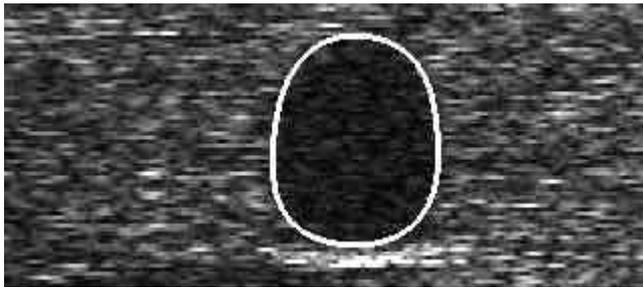
0% sphère

100% mine Manta

0% mine Sigeeel

0% mine Rockan

figure 13 : Résultat sur image réelle (ombre portée d'une mine Manta)



Objet classé 'sphère' par k-ppv avec
un taux de 1

Généalogie :

0% cylindre

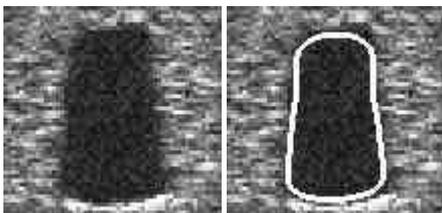
100% sphère

0% mine Manta

0% mine Sigeeel

0% mine Rockan

figure 14 : Résultat sur image réelle (ombre portée d'une mine sphérique)



Objet classé 'mine Sigeeel' par k-ppv
avec un taux de 1

Généalogie :

0% cylindre

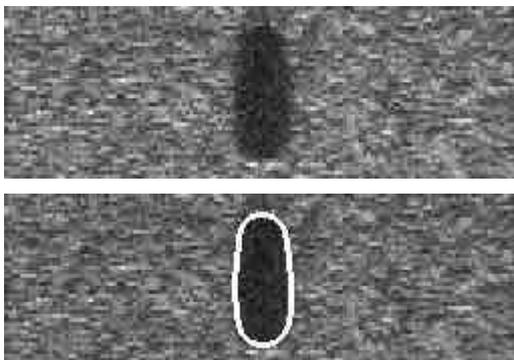
0% sphère

0% mine Manta

100% mine Sigeeel

0% mine Rockan

figure 15 : Résultat sur image simulée (ombre portée d'une mine Sigeeel)



Objet classé 'cylindre' par k-ppv
avec un taux de 0.67

Généalogie :

64.63% cylindre

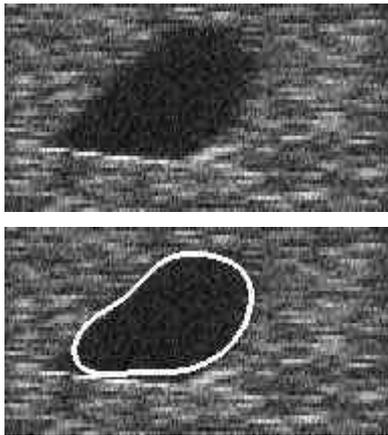
35.37% sphère

0% mine Manta

0% mine Sigeeel

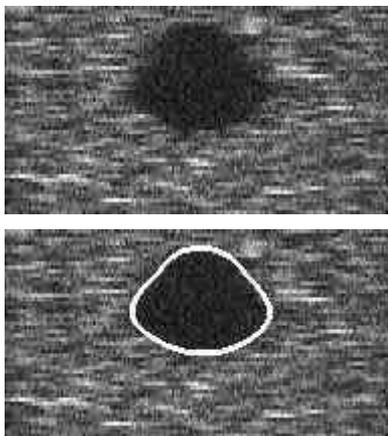
0% mine Rockan

figure 16 : Résultat sur image simulée (ombre portée d'une mine cylindrique vue par le bout)



Objet classé 'mine Rockan' par k-ppv
avec un taux de 1
Généalogie :
0% cylindre
0% sphère
25.5% mine Manta
0% mine Sigeel
74.5% mine Rockan

figure 17 : Résultat sur image simulée (ombre portée d'une mine Rockan)



Objet classé 'rockan' par k-ppv
avec un taux de 0.67
Généalogie :
0% cylindre
0% sphère
50% mine Manta
0% mine Sigeel
50% mine Rockan

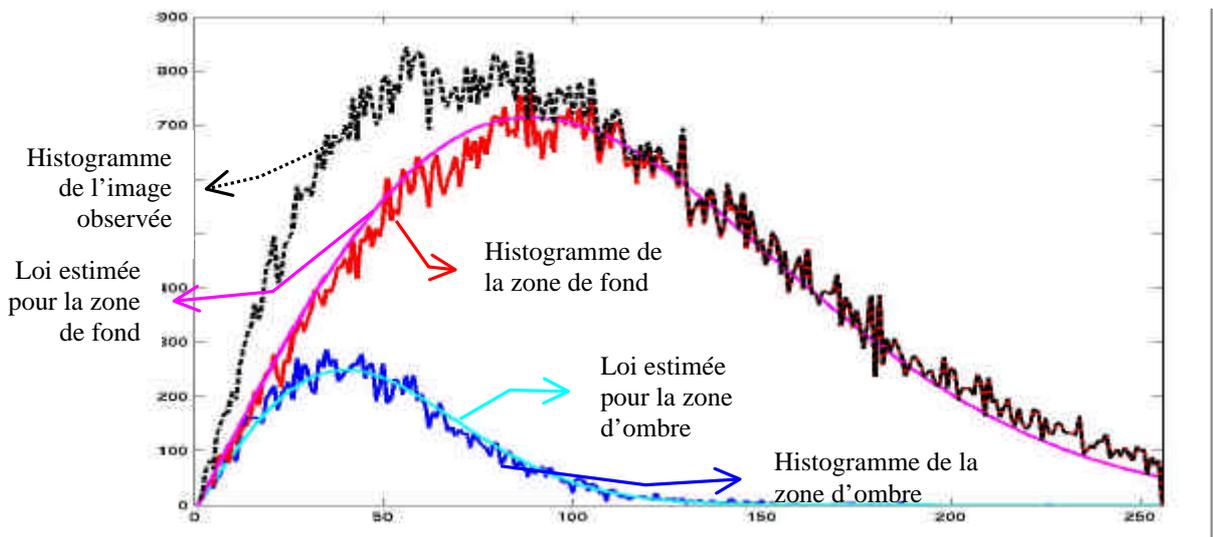
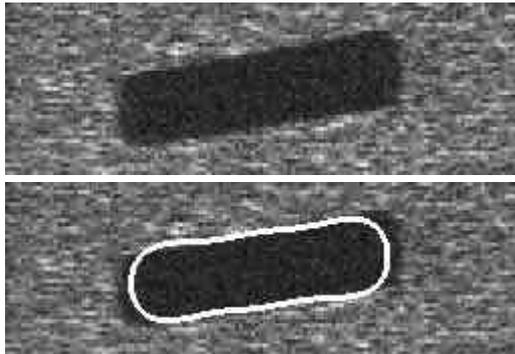


figure 18 : Résultat de l'optimisation sur image simulée (ombre portée d'une mine Rockan) et le résultat de l'estimation des lois de répartition des niveaux de gris des pixels



Objet classé 'cylindre' par k-ppv avec un taux de 1
 Généalogie :
 100% cylindre
 0% sphère
 0% mine Manta
 0% mine Sigeeel
 0% mine Rockan

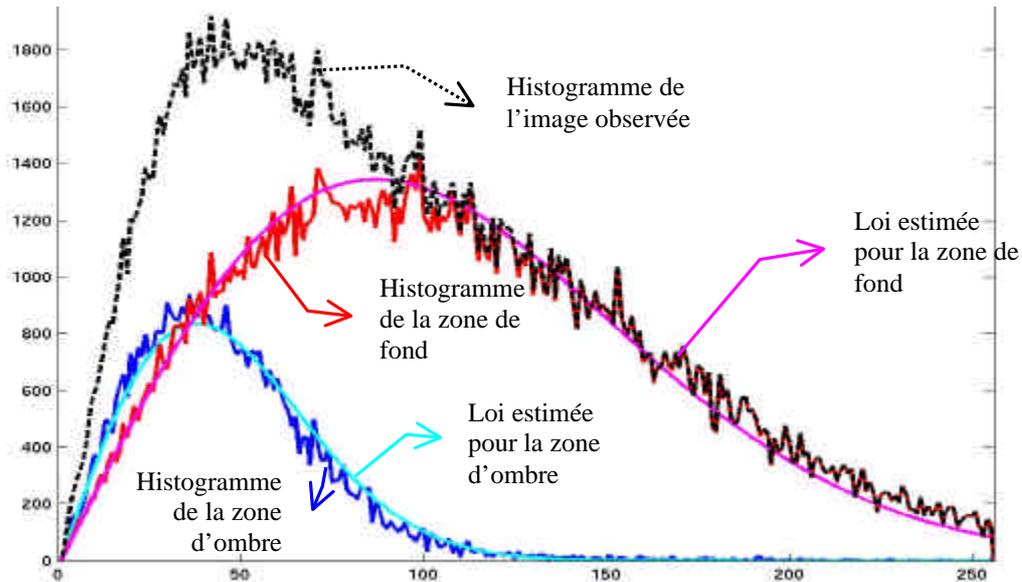


figure 19 : Résultat de l'optimisation sur image simulée (ombre portée d'une mine cylindrique) et le résultat de l'estimation des lois de répartition des niveaux de gris des pixels

6.3 performances

Nous avons évalué notre algorithme sur une base d'images simulées composées des 5 types de mines précédemment décrites. Le nombre d'images par classe dépend des propriétés de symétrie et de la taille (fixe ou multiple) des objets. Ainsi, les objets à symétrie complexe (cylindres et mines Rockan) sont davantage représentés du fait de la variété des configurations possibles.

La base est constituée comme suit :

- 30 séquences de 19 images pour 3 tailles de cylindres i.e. 1710 images
- 30 séquences de 10 images pour 3 tailles de sphères i.e. 900 images

- 30 séquences de 10 images pour la mine Manta i.e. 300 images
- 30 séquences de 10 images pour la mine Sigeel i.e. 300 images
- 30 séquences de 19 images pour la mine Rockan i.e. 570 images

Le Tableau 2 donne la matrice de confusion obtenue.

Tableau 2 – matrice de confusion (taux moyen de bonne classification de 97.4%)

	C₁	C₂	C₃	C₄	C₅
Cylindres	97.4	2.6		0	<0.1%
Sphères	0	100	0	0	0
Mines Manta	0	0	100	0	0
Mines Sigeel	0	1.7	0	98.3	0
Mines Rockan	0	0	8.9	0	91.1

La plus forte confusion intervient pour la mine Rockan dont l'un des points de vue est systématiquement associé à la classe des mines Manta de par la forme trapézoïdale de l'ombre portée (cf. figure 20).

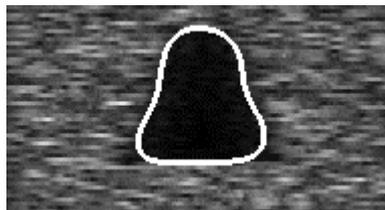


figure 20 : point de vue ambigu de la mine Rockan

7 conclusion

Dans le contexte de la chasse aux mines, les informations que nous possédons sur les différents objets susceptibles de représenter une menace nous permettent d'accélérer les traitements en travaillant initialement avec un nombre réduit de solutions potentielles. La technique proposée consiste à explorer le domaine des solutions possibles par algorithme génétique. L'initialisation permet de se positionner dès le départ dans un contexte favorable, ensemble d'individus dont les caractéristiques sont parfaitement connues. Au fil des générations, ces individus montrent une forte capacité d'adaptation à l'image observée en

convergeant vers une solution optimale au sens d'un critère statistique d'évaluation. Des opérateurs génétiques ont été spécifiquement développés pour tirer profit des propriétés des descripteurs de Fourier codant les individus. Les tests effectués sur images réelles et simulées ont montré que, par sa flexibilité, l'algorithme génétique proposé estimait correctement les descripteurs de Fourier décrivant au mieux le contour de l'ombre portée. En outre, on classe aisément l'objet ciblé en rapprochant la chaîne chromosomique estimée des chaînes des individus d'une population de référence.

En travaillant directement à partir des données sonar brutes, nous nous affranchissons des étapes intermédiaires (segmentation et extraction d'attributs caractéristiques) intervenant dans le traitement séquentiel classiquement mis en œuvre pour la reconnaissance de formes. A travers les générations successives, l'ensemble des contours codés dans les chromosomes des individus évoluent suivant les lois de la génétique. Il en résulte un processus dynamique de classification de l'ombre. Remarquons enfin que la mise en œuvre de cet algorithme ne nécessite pas un apprentissage sur une base de données étendue et s'adapte donc aisément à la menace par l'introduction de nouveaux individus dans la population initiale.

Annexe 1 : description du contour

Etant donné le contour d'une silhouette sous forme d'une liste de coordonnées de pixels, on rééchantillonne le contour de manière à construire un contour de vitesse uniforme de N points équidistants. Une transformée de Fourier est alors effectuée distinctement sur les abscisses x_i et les ordonnées y_i des N points de contour équirépartis :

$$\begin{cases} X_k = \frac{1}{N} \sum_{i=0}^{N-1} x_i \exp\left(-j2\pi \frac{ki}{N}\right) \\ Y_k = \frac{1}{N} \sum_{i=0}^{N-1} y_i \exp\left(-j2\pi \frac{ki}{N}\right) \end{cases}$$

En notant $z_i = x_i + jy_i$, une description plus compacte du contour est donnée par :

$$C_k = \frac{1}{N} \sum_{i=0}^{N-1} z_i \exp\left(-j2\pi \frac{ki}{N}\right) = X_k + jY_k$$

L'information 'contour' de la silhouette est réellement contenue dans les descripteurs d'indice non nul. Le point (X_0, Y_0) permet uniquement de la localiser la silhouette, il s'agit de son barycentre. La reconstruction s'effectue alors autour de ce point. Les abscisses et les ordonnées étant réelles, leur transformée de Fourier est nécessairement symétrique i.e. $X_{-k} = X_k^*$ et $Y_{-k} = Y_k^*$. La seule connaissance des coefficients d'indices positifs suffit donc à définir complètement la transformée.

Afin de caractériser le contour de manière unique, il convient d'effectuer une normalisation des descripteurs de Fourier pour assurer l'invariance par rapport au point de départ sur le contour. En effet, la paramétrisation du contour conditionne le résultat de la transformée de Fourier : soient C_k^0 et C_k , deux descriptions du même contour décrit par N points équirépartis, le décalage l du point de départ sur le contour agit sur les descripteurs comme suit :

$$C_k = C_k^0 \mathbf{t}^k \quad \text{avec} \quad \mathbf{t} = \exp\left(j2\mathbf{p} \frac{l}{N}\right)$$

On peut s'affranchir de la dépendance en \mathbf{t} en s'inspirant des travaux de Arbter, i.e. en formant les invariants suivants [ARBT-89] :

$$\tilde{C}_k = |C_k| \Phi_k^{I_0} \prod_{i=1}^n \Phi_{k_i}^{k_i I_i}, \quad k_i = \pm 1, \pm 2, \dots$$

$$\text{avec } \Phi_k = \frac{C_k}{|C_k|}, \quad \Phi_{k_i} = \frac{C_{k_i}}{|C_{k_i}|} \quad \text{et} \quad I_0 + \sum_{i=1}^n k_i I_i = 0, \quad I_i \in \mathbb{Z}.$$

Pour $n=1$, $\tilde{C}_k = |C_k| \Phi_k^{I_0} \Phi_{k_1}^{k_1 I_1}$. Dans le cas le plus simple, $I_0=1$ et $1+k_1 I_1=0$, soit par exemple, $k_1=1$ et $I_1=-1$. D'où,

$$\tilde{C}_k = |C_k| \Phi_k \Phi_1^{-k} = |C_k| \frac{C_k}{|C_k|} \frac{C_1^{-k}}{|C_1|^{-k}} \quad \text{i.e.} \quad \boxed{\tilde{C}_k = C_k \frac{C_1^{-k}}{|C_1|^{-k}}}$$

Pour une décomposition suivant lignes et colonnes, sachant $C_k = X_k + jY_k$, on a donc les descripteurs normalisés pour les deux coordonnées :

$$\left\{ \begin{array}{l} \tilde{X}_k = X_k \frac{C_1^{-k}}{|C_1|^{-k}} = X_k \frac{(X_1 + jY_1)^{-k}}{|X_1 + jY_1|^{-k}} \\ \tilde{Y}_k = Y_k \frac{C_1^{-k}}{|C_1|^{-k}} = Y_k \frac{(X_1 + jY_1)^{-k}}{|X_1 + jY_1|^{-k}} \end{array} \right.$$

Remarque : $\tilde{X}_0 = X_0$ et $\tilde{Y}_0 = Y_0$. Il n'y a donc aucune modification du barycentre de la silhouette.

Bibliographie

- [ARBT-89] K. Arbter, « Affine-Invariant Fourier Descriptors », *From Pixels to Features*. Amsterdam, The Netherlands : Elsevier Science, pp. 153-164, 1989.
- [BILL-98] D. Billon, F. Fohanno, “Theoretical performance and experimental results for synthetic aperture sonar self-calibration”, *Proc. OCEANS’98 MTS/IEEE*, Nice, France, 1998, pp. 965-970.
- [BLON-97] P. Blondel, and B.J. Murton, *Handbook of Seafloor Sonar Imagery*, Chichester: John Wiley and Sons, 1997.
- [BOSS-97] P.L. Bossart, D. David, J.M. Dinten et J.M. Chassery, « Détection de contours réguliers dans des images bruitées et texturées : une approche par contours actifs multiéchelle », *Traitement du Signal*, vol. 14, n° 2, 1997.
- [BOUV-92] M. Bouvet, *Traitements des signaux pour les systèmes sonar*, Ed. Masson, Coll. Technique et scientifique des télécommunications, 1992.
- [CHES-99] C. Chesnaud, P. Réfrégier, « Statistical region snake-based segmentation adapted to different physical noise models », *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 21, n° 11, pp.1145-1157, 1999.
- [COCQ-95] J.-P. Cocquerez, S. Philipp, *Analyse d’images : filtrage et segmentation*, Ed. Masson, 1995.
- [COHE-93] L.D. Cohen and I. Cohen, « Finite-Element Methods for Active Contour Models and Balloons for 2-D and 3-D Images », *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 15, n° 11, Nov. 1993.
- [COLL-98] C. Collet, P. Thourel, M. Mignotte, P. Pérez et P. Bouthemy, « Segmentation markovienne hiérarchique multimodèle d’images sonar haute résolution », *Traitement du Signal*, Vol. 15, No 3, pp. 231-250, 1998.

- [DAVI-87] L. Davis, (Editor), *Genetic Algorithms and Simulated Annealing*, Morgan Kaufmann Publishers, Los Altos, CA, 1987.
- [DAVI-91] L. Davis, (Editor), *Handbook of Genetic Algorithms*, Van Nostrand Reingold, New-York, 1991.
- [EVAN-93] M. Evans, N. Hastings And B. Peacock, *Statistical Distributions*, Second Edition - New-York: Chichester: Brisbane: Toronto: Singapore: John Wiley & Sons, Inc., 1993.
- [FIGU-97] M.A.T. Figueiredo, J.M.N. Leitão, A.K. Jain, « Adaptative parametrically deformable contours », *Proceedings of Computer Vision and Pattern Recognition*, pp.35-50, 1997.
- [GOLD-91] D.E. Goldberg, K. Deb, « A Comparative Analysis of Selection Schemes Used in Genetic Algorithms », *Foundations of Genetic Algorithms*, ed. Gregory J. E. RAWLINS, San Mateo, California, USA :Morgan Kaufmann Publischers, pp. 69-93, 1991.
- [GOOD-76] J.W. Goodman, « Some fundamental properties of speckle », *J. Opt. Soc. Am.*, Vol. 66, n° 11, pp. 1145-1150, 1976.
- [GUER-98] D. Guériot, « Utilisation des algorithmes génétiques pour des problèmes d'optimisation spécifiques : application aux réseaux de neurones et au traitement d'images sonar », *Thèse de doctorat*, Université de Haute Alsace, décembre 1998.
- [GUER-99] F. Guérault, « Techniques statistiques pour l'estimation de la position d'un objet dans des images bruitées », *Thèse de doctorat*, Université d'Aix-Marseilles, janvier 1999.
- [HADA-23] J. Hadamard, *Lectures on the Cauchy Problem in Linear Partial Differential Equations*, Yale University Press, New Haven, 1923.
- [HASE-99] M. Haseyama, M. Kumagai, H. Kitajima, « A genetic algorithm based image segmentation for image analysis », *Proc. of IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing*, Phoenix, Arizona, 1999.

- [HENO-93] H. Henocq, G. Burel, « Reconnaissance d'objets 3D par analyse de Fourier de la silhouette », *Revue Technique Thomson-CSF*, Vol. 25, n° 1, 1993.
- [HOUC-95] C.R. Houck, J.A. Joines, M.G. Kay, « A genetic algorithm for function optimization : A Matlab implementation », *NCSU-IE Technical Report 95-09*, 1995.
- [KERV-94] C. Kervrann and F. Heitz, « A hierarchical statistical framework for the segmentation of deformable objects in image sequences », *IEEE Conf. Computer Vision Pattern Recognition*, Seattle, pp. 724-728, june 1994.
- [JAIN-96] A. K. Jain, Y. Zhong and S. Lakshmanan, «Object Matching Using Deformable Templates», *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 18, n° 3, pp.267-278, 1996.
- [JAIN-98] A. K. Jain, Y. Zhong and M.P. ,Dubuisson-Jolly, « Deformable template models : A review », *Signal Processing*, Vol. 71, pp. 109-129, 1998.
- [JANE] *Jane's Underwater Warfare Systems*, Ed. by Anthony J. Watts, 10th Edition 1998-1999.
- [KASS-88] M. Kass, A. Witkin, D. Terzopoulos, « Snakes : Active Contour Models », *International Journal of Computer Vision*, Vol. 1, pp.321-331, 1988.
- [LAM-98] C.L. Lam and S.Y. Yuen, « An unbiased active contour algorithm for object tracking », *Pattern Recognition Letters*, Vol. 19, pp. 491-498, 1998.
- [MAIT-01] H. Maître, *Traitement des images de RSO*, Hermès, 2001.
- [MICH-94] *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*, AI Series, Springer-Verlag, New-York, 1994.
- [MIGN-00] M. Mignotte, C. Collet, P. Perez, P. Bouthemy, « Hybrid Genetic Optimization and Statistical Model-Based Approach for the Classification of Shadow Shapes in Sonar Imagery », *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 22, n° 2, 2000.

- [MITC-83] O.R. Mitchell and T.A. Grogen, « Evaluation of Fourier Descriptors for Target Recognition in Digital Imagery », *Final Technical Report RADC-TR-83-33*, Purdue Univ., School of Electrical Engineering, Lafayette, IN, february 1983.
- [PAL-96] S.K. Pal and P.P. Wang, *Genetic Algorithms for Pattern Recognition*, CRC Press, Boca Raton, FL, 1996.
- [PAPO-84] A. Papoulis, *Probability Random, Variables, and Stochastic Processes*, Mc Graw-Hill, 1984.
- [PUYH-00] P. Puyhabilier, « La modernisation des chasseurs de mines tripartites », *L'Armement*, n° 71, octobre 2000.
- [SEET-91] G. Seetharaman, A. Narasimhan, A. Sathe and L. Storc, « Image Segmentation with Genetic Algorithms : a Formulation and Implementation », *SPIE, vol. 1569, Stochastic and Neural Methods in Signal Processing, and Computer Vision*, pp. 269-273, 1991.
- [SOME-93] M.L. Somers, « Sonar Imaging of the Seabed: Techniques, Performances, Applications », in *Acoustic Signal Processing for Ocean Exploration*, J.M.F. Moura and I.M.G. Lourtie (eds.), Canadian Government (pp. 355-369), 1993.
- [WALL-80] T.P. Wallace, P. A. Wintz, « An efficient three-dimensional aircraft recognition using normalized Fourier descriptors », *Comput. Graphics Image Processing*, Vol. 13, pp. 96-126, 1980.
- [ZHON-98] Y. Zhong, A.K. Jain and M.P. Dubuisson, « Object Tracking Using Deformable Templates », *Int. Conf. On Computer Vision*, Bombay, India, pp. 440-445, 1998.