

# *L'application de la méthode Matrix Profile pour l'analyse structurale des images hyperspectrales*

Présenté par:

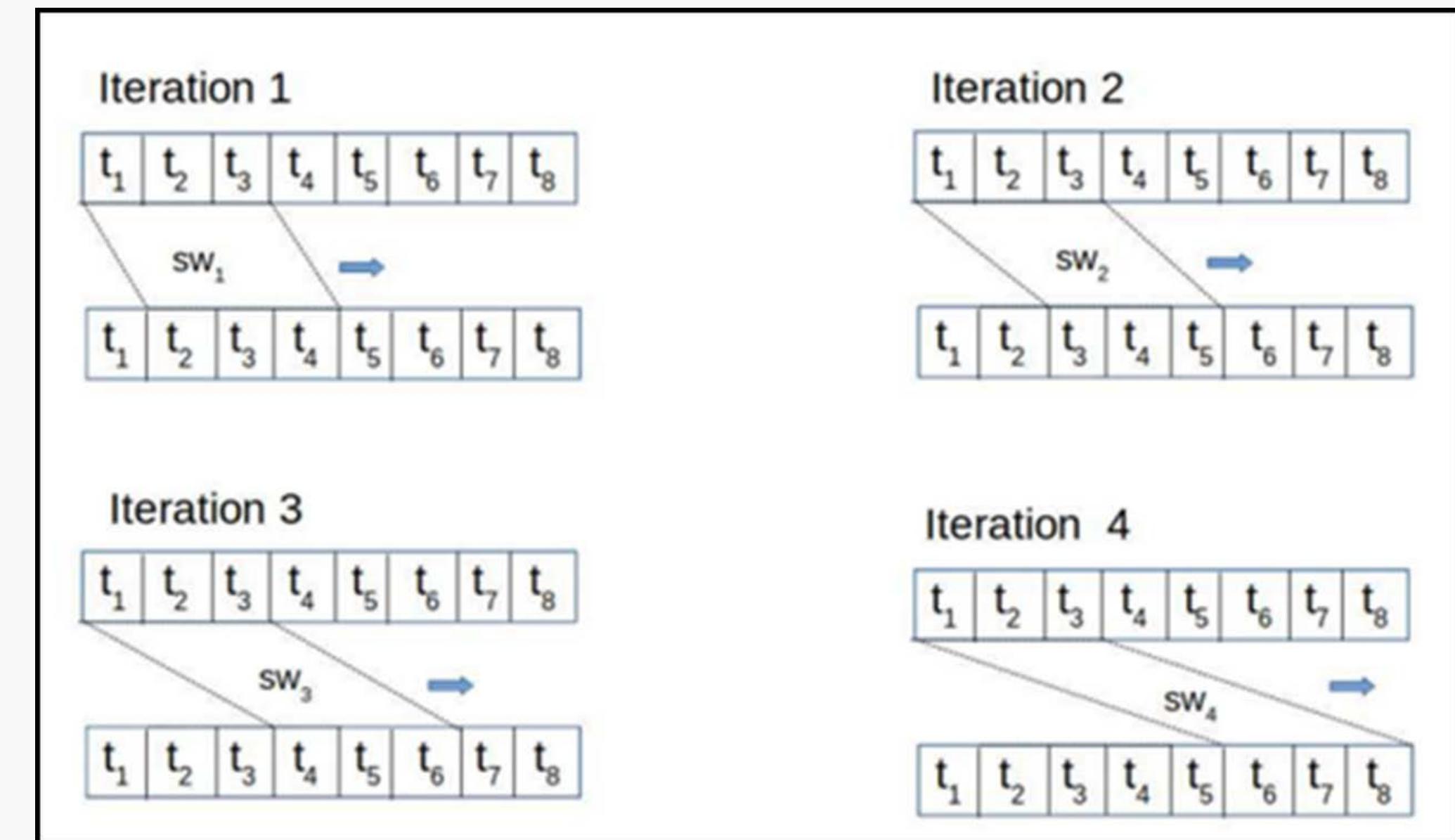
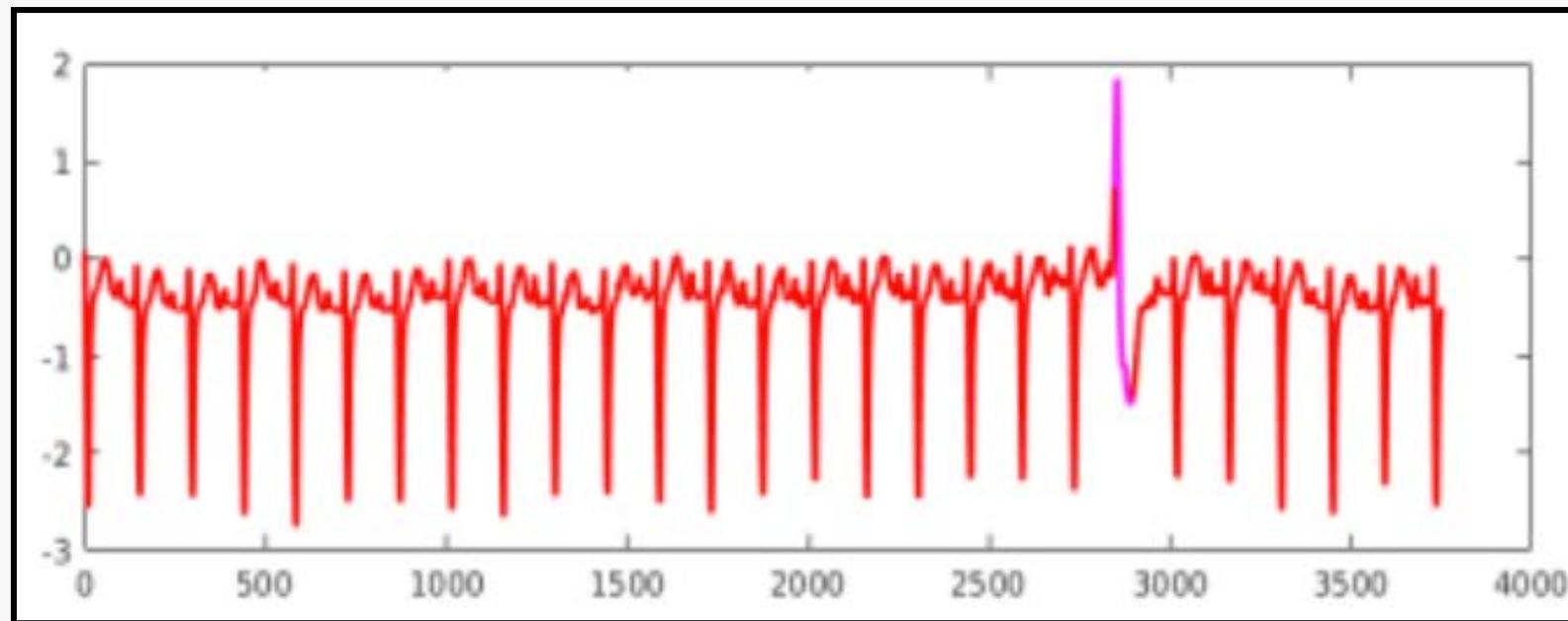
Meryem Amrani Idrissi

Encadré par :

- |                               |                            |
|-------------------------------|----------------------------|
| • Mr Jean-Michel Roger —INRAE | Mr Reza Akbarinia—INRIA    |
| • Mr Matthieu Lesnoff —CIRAD  | Mr Florent Masseglia—INRIA |



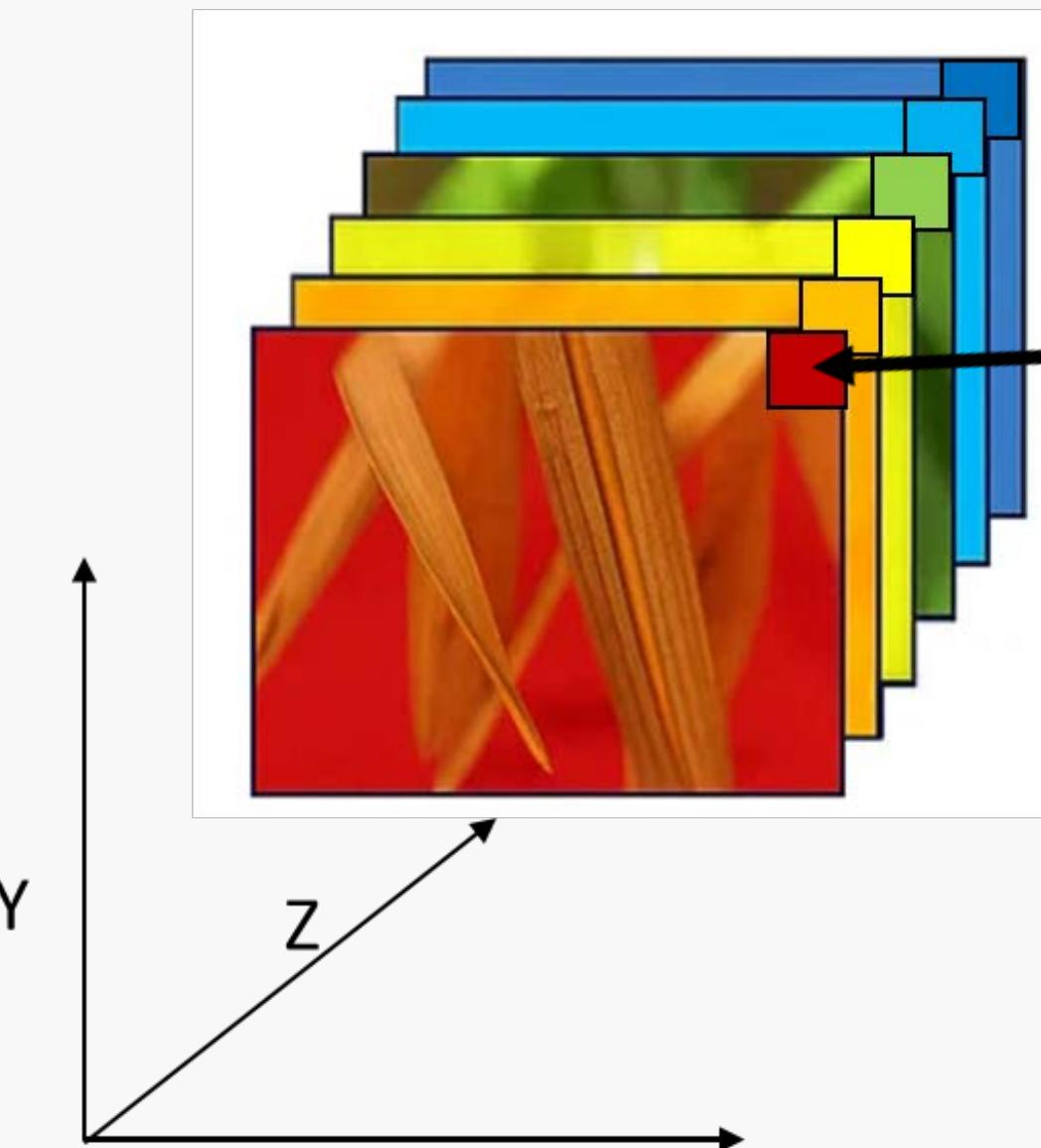
# Qu'est-ce que le Matrix Profile?



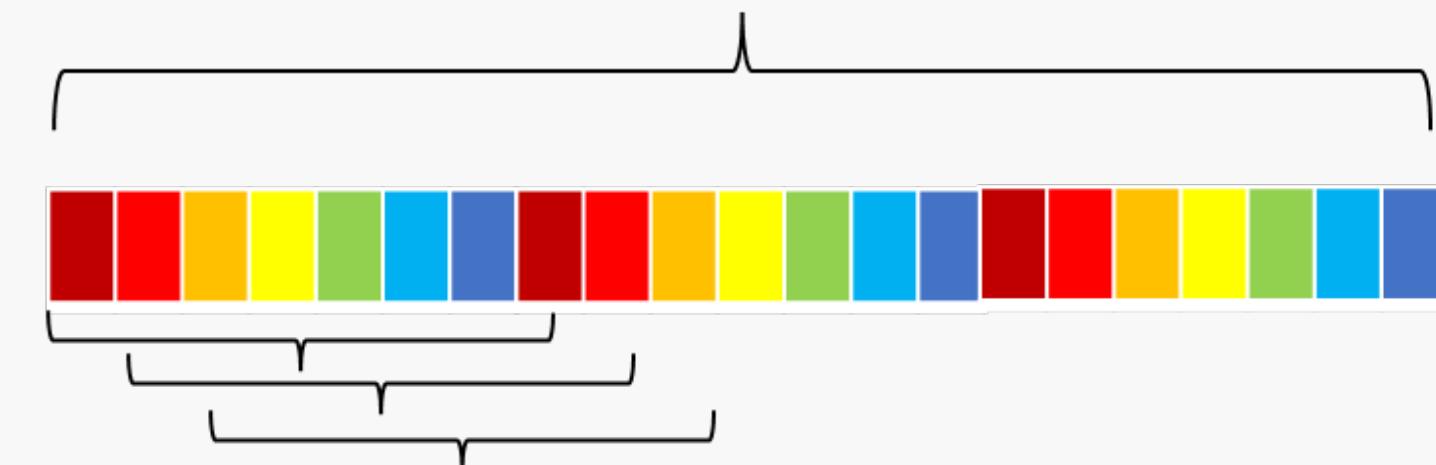
Principe du glissement de fenêtre

## Dépiage des spectres

Le cube hyperspectral



Concaténation des spectres des pixels et formation d'une série 1 D



Découpage glissant des sous-séquences

# Méthodologie d'analyse

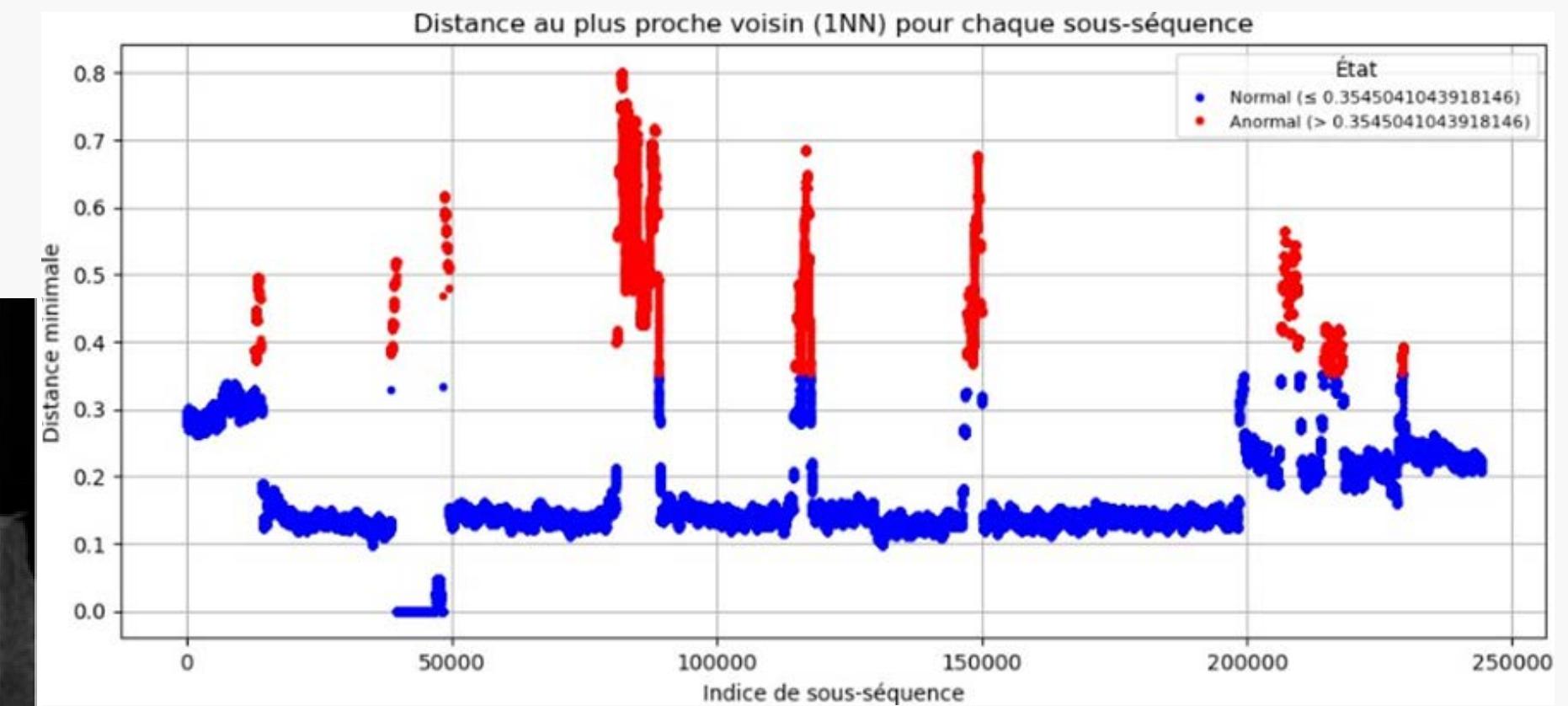
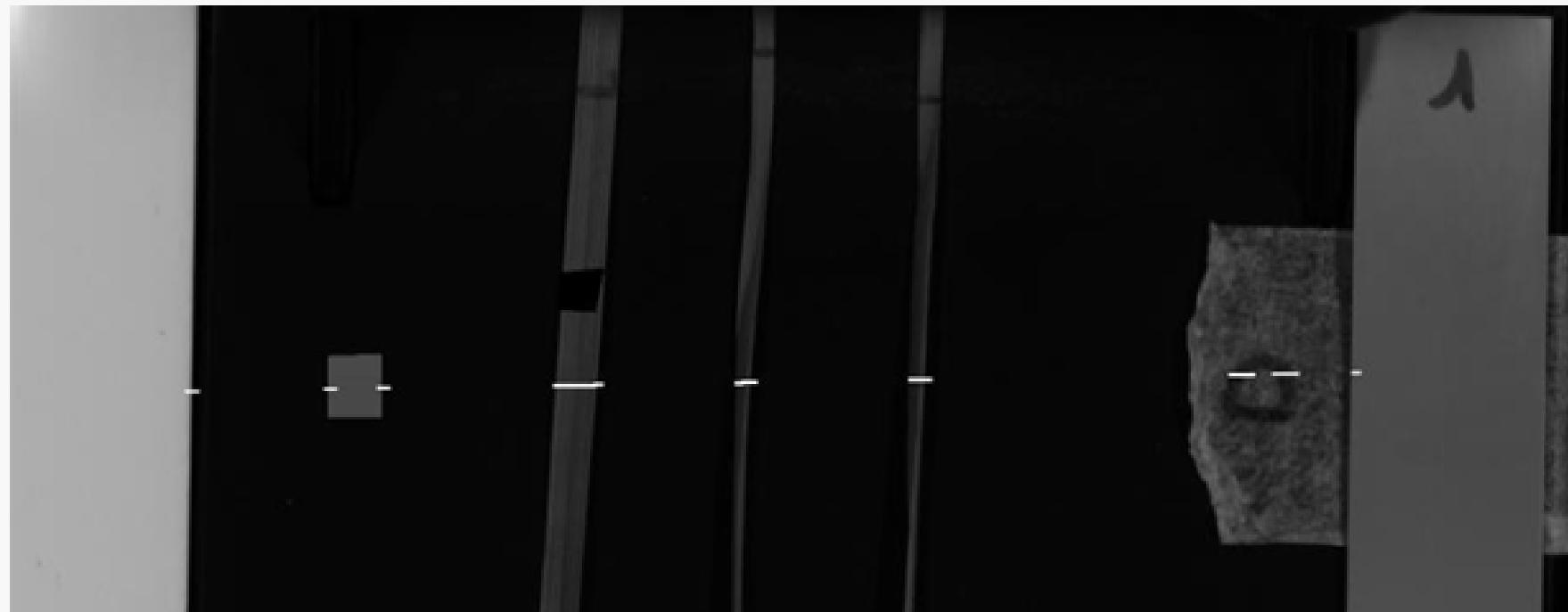
- Le calcul de la distance euclidienne entre chaque sous-séquence et toutes les autres.
- La récupération des distances minimales avec leurs indices correspondants.

Sous_sequence	Plus_proche	Distance_minimale	Anomalie
0	216	3236.663405	Non
1	217	3236.788841	Non
2	218	3237.200334	Non
3	219	3238.162596	Non
4	220	3239.863114	Non

- Analyse statistique de la séries de distances minimales :
- Test de normalité (Anderson-Darling)
  - Seuil N ou IQR → détection des anomalies

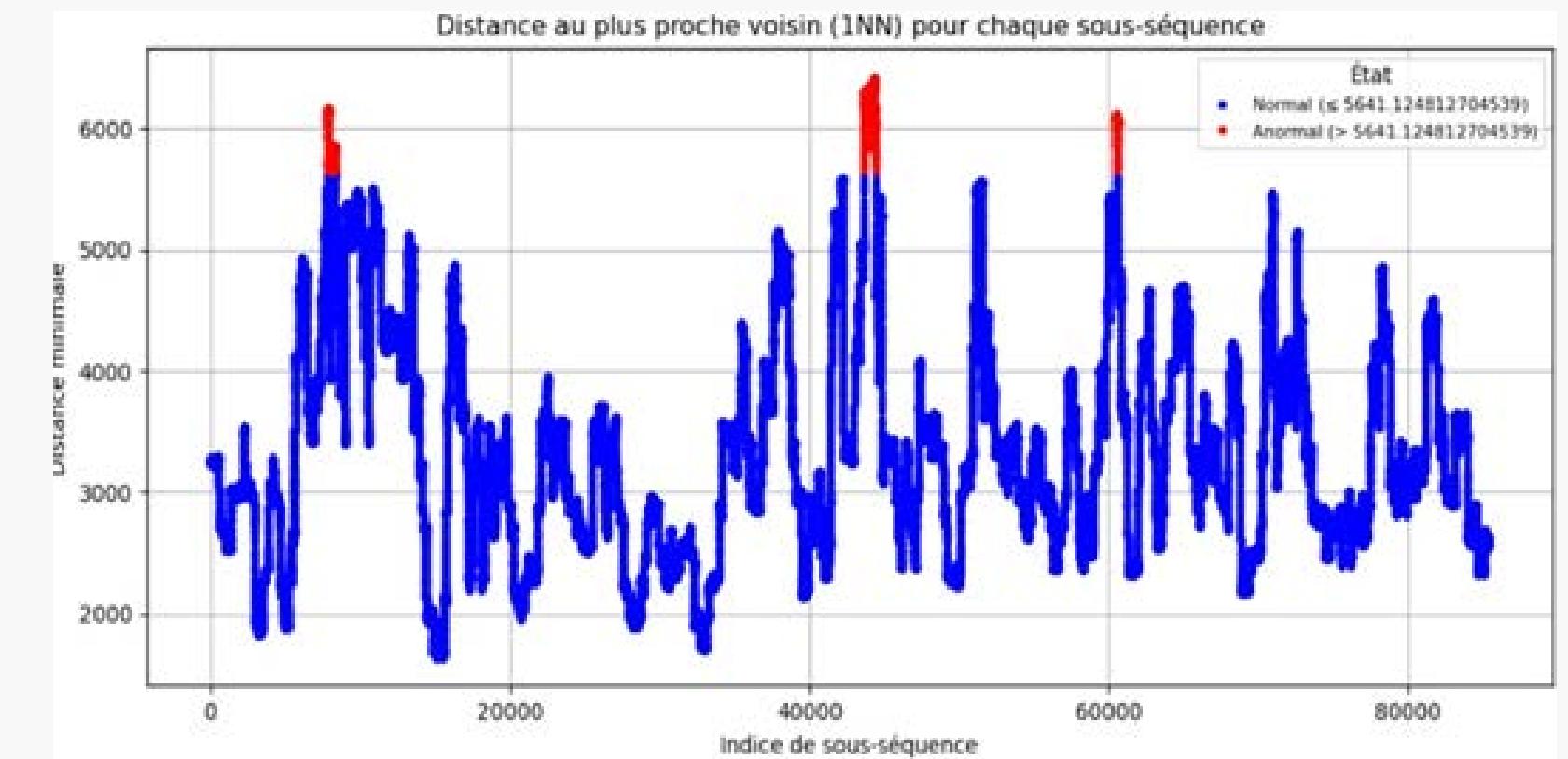
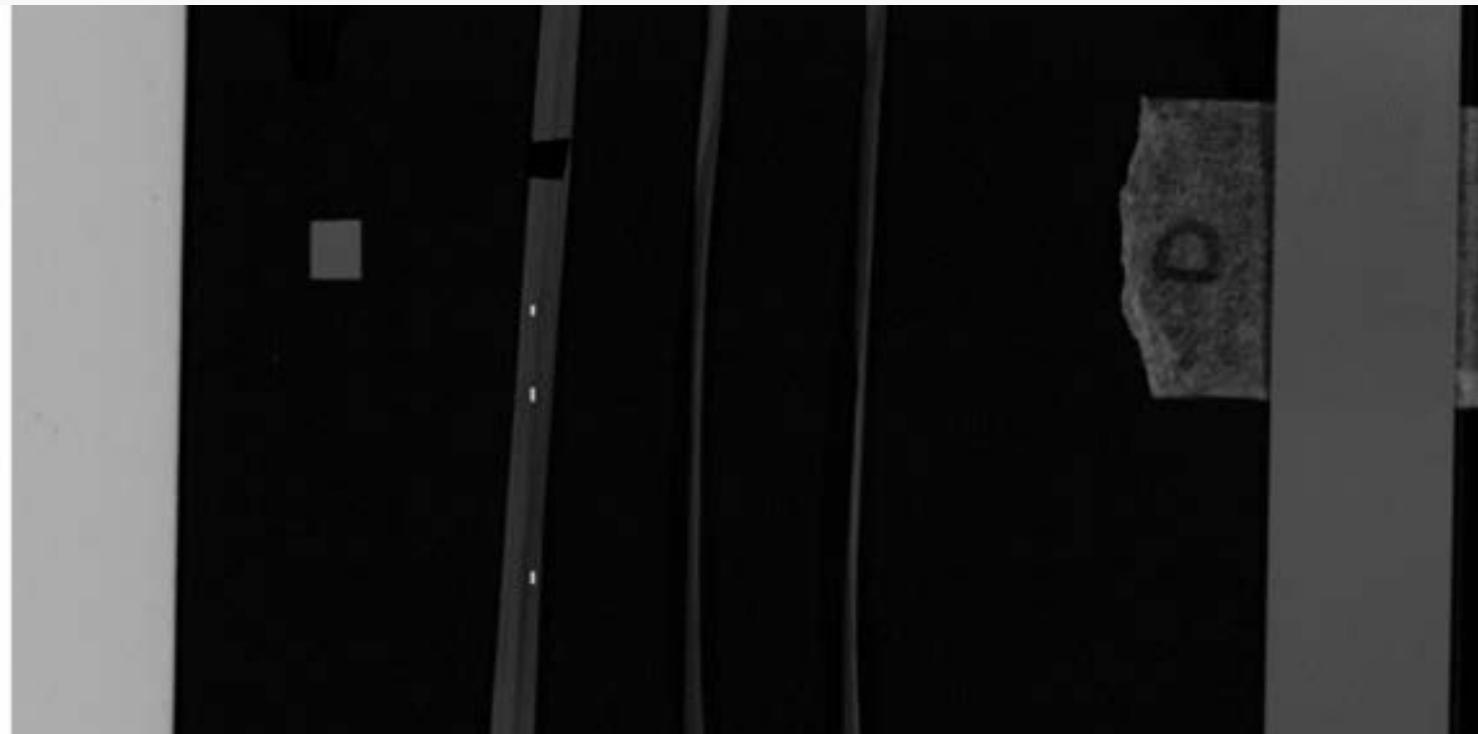
# Réultat pour la sélection des pixels horizontalement

- Une ligne de pixels de dimensions (1135, 216) a été extraite d'une image HS
- Un total de 244 161 sous-séquences ont été générées (taille de fenêtre : 1000, pas = 1)
- Seuil IQR appliqué : 0,354
- Nombre de sous-séquences anormales détectées : 23 079
- Pourcentage d'anomalies : 9,45 %



## Resultat pour la sélection des pixels verticalement

- Une ligne de pixels de dimensions (400, 216) a été extraite d'une image HS
- Un total de 86401 sous-séquences ont été générées (taille de fenêtre : 1000, pas = 1)
- Seuil IQR appliqué : 5641,124
- Nombre de sous-séquences anormales détectées : 1199
- Pourcentage d'anomalies : 1,4 %



# Comparaison des algorithmes

Méthode 1	Méthode 2	% Indices identiques	% Distances identiques	le temps (s)
BallTree	KDTree	99.96 %	100.00 %	72,17%
BallTree	Brute	95.13 %	100.00 %	1,41%
BallTree	AAMP	96,66%	100.00 %	45,98%
BallTree	STUMP	50.66 %	60.25 %	0,65%

L'algorithme Brute de Nearest Neighbors de la bibliothèque Scikit-learn constitue le meilleur compromis, offrant à la fois :

- une forte cohérence avec les méthodes les plus précises (BallTree, KDTree, AAMP).
- un temps d'exécution raisonnable et optimisé.



*Mera'*

