

Spongo

MANUEL D'UTILISATION

Guide de l'application

Version 1.0

Margaux DOUDET
Alexandre THOMAS

Projet M1 – 2020/2021

Table des matières

Introduction.....	3
Préambule	3
Prérequis	3
Contacts.....	3
Menu	4
Aperçu	4
Description	4
Démarrer une analyse.....	5
Aperçu	5
Description	5
Entrée	5
Paramètres	6
Options	6
Analyse	7
Aperçu	7
Description	7
Les phases de l'analyse	7
Les zones affichées.....	7
Historique des analyses.....	8
Aperçu	8
Description	8
Les rapports disponibles.....	8
Le rapport d'analyse.....	8
Téléchargement des données	9
Aperçu	9
Description	9
Les rapports « résumés »	9
Les rapports « complets »	10
Les rapports « annotations ».....	10

Introduction

Préambule

Spongo est une application qui a été conçue dans le but de détecter et de classifier des éponges marines profondes à partir d'images de plongées sous-marines. Ce projet a été réalisé en collaboration avec l'Ifremer dans le cadre d'un projet M1 à l'ISEN Brest.

Ce manuel a pour objectif d'expliquer les différentes fonctionnalités proposées par l'application. Cette dernière a été conçue pour être la plus claire et la plus ergonomique possible, tout en laissant de nombreux choix à l'utilisateur afin d'obtenir les résultats souhaités.

Prérequis

Avant de continuer, veuillez-vous assurer que l'application est bien installée. Pour cela, se référer au manuel dédié « Guide d'installation ».

Contacts

En cas de problème ou de questions concernant l'installation de l'application, vous pouvez contacter les personnes suivantes :

- Thibault NAPOLÉON : thibault.napoleon@isen-ouest.yncrea.fr
- Margaux DOUDET : margaux.doudet@isen-ouest.yncrea.fr
- Alexandre THOMAS : alexandre.thomas@isen-ouest.yncrea.fr

Menu

Aperçu



Description

Le menu est l'accueil de l'application et permet d'accéder aux différentes pages de l'outil. Les deux premiers boutons sont relativement explicites, les parties qu'ils concernent sont détaillées dans ce guide. À noter que le bouton « Historique » peut être plus claire que les autres lors du premier lancement, cela signifie qu'il n'y a aucune analyse déjà réalisée.

Le bouton « À propos » permet d'en savoir plus sur l'application et ses dépendances. Enfin le bouton « Quitter » permet de fermer l'application.

La version de l'application est affichée en bas au centre, celle-ci est composée d'une lettre correspondant à la méthode d'installation (« R » pour la méthode 1, « D » pour la méthode 2 et « S » pour la méthode 3). Le numéro de version qui suit peut changer si de nouvelles versions sont proposées.

Démarrer une analyse

Cette page apparaît après avoir cliqué sur le bouton « Commencer l'analyse » dans le menu. Elle permet de définir les différents réglages nécessaires pour effectuer une analyse.

Aperçu

Démarrer une analyse

Entrée

Nom de l'analyse :

Dossier d'images à analyser :

Paramètres

Seuil de détection :

Processeur à utiliser :

Morphotypes à détecter :

- ☒ Ball
- ☒ Vase
- ☒ Corona
- ☒ Red
- ☒ Crown
- ☒ Grey_white

Options

Sauvegarder les images avec les boîtes de détection : ☐

Dossier de destination des images avec les boîtes de détection :

Description

Les différents réglages proposés sont séparés en trois sections. Seul le dossier d'images à analyser est requis, les autres réglages sont optionnels et peuvent être laissés à leur valeur par défaut.

Entrée

Nom de l'analyse : Il s'agit du nom qui sera donné au fichier d'analyse (il pourra être renommé plus tard). Un nom par défaut est généré automatiquement, mais il est possible de le changer. Ce dernier doit faire entre 5 et 30 caractères et n'être composé que de chiffres, de lettres et certains caractères spéciaux.

Dossier des images à analyser : Le chemin du dossier contenant toutes les images à analyser. Pour ouvrir la boîte de dialogue de sélection, cliquer sur « Parcourir ». L'application n'est compatible qu'avec les images au format PNG (extension « .png ») et JPEG (extension « .jpg » ou « .jpeg »). De plus, les images doivent se trouver directement dans le dossier sélectionné, et non dans des sous-dossiers.

Paramètres

Seuil de détection : Lors de l'analyse, l'application détecte les éponges sur les images et associe à chaque détection une valeur comprise entre 0 et 100%. Plus cette valeur est haute, plus l'application est certaine que sa détection est bonne. Le seuil de détection correspond au seuil à partir duquel l'application décide de conserver la détection réalisée.

Le choix du seuil de détection dépend beaucoup du résultat souhaité. Un seuil haut garanti de ne garder que les meilleures détections, cependant l'application risque de passer à côté de certaines éponges sur lesquels elle est moins sûr. À l'inverse, un seuil bas permettra de détecter plus d'éponges mais avec le risque d'avoir plus de faux positifs.

Lors des premières utilisations, il est conseillé de conserver le seuil par défaut de 50% qui permet une bonne détection de tous les morphotypes. Si les morphotypes à étudier sont plus petits, comme « Ball » ou « Grey_white », il est possible de baisser le seuil de détection afin de détecter plus d'éponges. Pour conserver des résultats cohérents, il est recommandé de garder le seuil de confiance dans un intervalle compris entre 20 et 80%.

Processeur à utiliser : L'analyse des images demande de faire des calculs importants. Afin d'accélérer ces calculs, il est possible de les effectuer sur la carte graphique (aussi appelée GPU). Par défaut, si un GPU est disponible, il sera sélectionné, sinon les calculs seront effectués sur le CPU mais l'analyse prendra plus de temps.

Morphotypes à détecter : Si l'analyse ne concerne que certains morphotypes, il est possible de ne cocher que ces derniers. Il est cependant important de noter que le nombre de morphotypes sélectionnés ne change pas la durée de l'analyse.

Options

Sauvegarde des images : Durant l'analyse, l'application affiche les images avec les boites de détections des éponges. Cela permet de visualiser ce que l'application a détecté et où sur l'image. Il est possible d'enregistrer ces images avec les boites de détection en cochant la case puis en sélectionnant un dossier de destination. Durant l'analyse, les images sont alors redimensionnées pour être plus légère et enregistrée dans le dossier sélectionné.

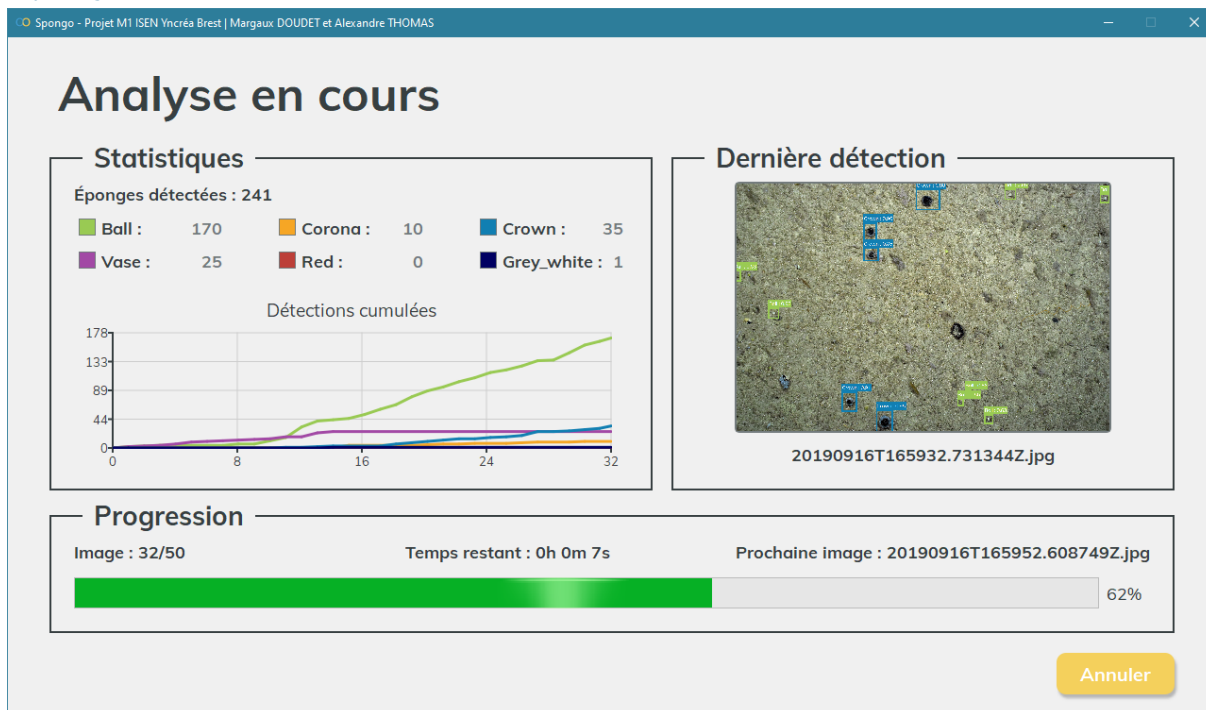
Il est recommandé de ne pas utiliser cette option lors d'analyses importantes (plus de 1000 images). En effet, même redimensionnées, les images peuvent prendre beaucoup de place sur le disque dur.

Une fois les réglages effectués, cliquer sur « Démarrer » pour lancer l'analyse.

Analyse

L'analyse est le cœur de l'application, elle fait suite au réglage des paramètres expliqués dans la partie précédente.

Aperçu



Description

Les phases de l'analyse

Une fois l'analyse lancée, celle-ci passe par trois phases : l'initialisation de l'analyse, l'analyse en elle-même, puis la post-analyse pour sauvegarder les données. La première et la troisième phase sont relativement courtes et ne doivent pas dépasser les 30 secondes. En revanche, la durée de l'analyse en elle-même varie en fonction du nombre d'images dans le dossier sélectionné. Lorsque l'analyse est terminée, le bouton jaune « Annuler » devient bleu et il est écrit « Continuer ».

Les zones affichées

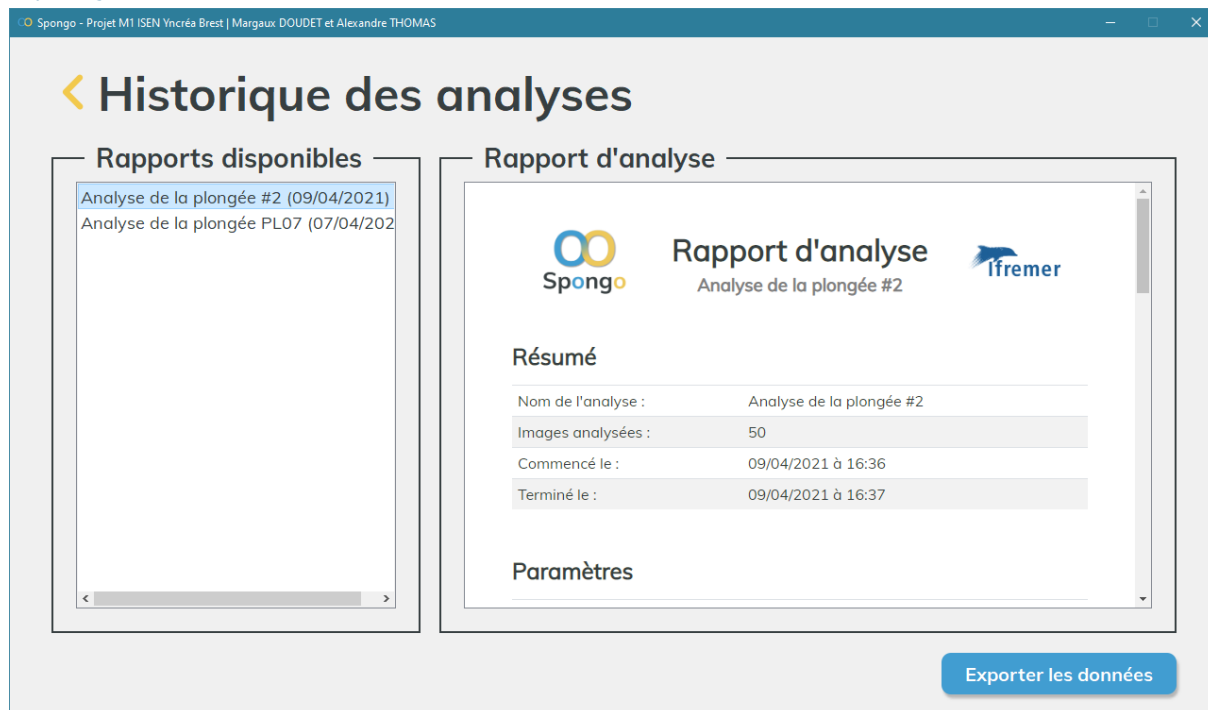
La fenêtre se divise en trois parties :

- Les statistiques sur l'analyse qui comprend le nombre d'éponges détectées depuis le début. Afin de mieux visualiser le graphique, il est possible de cliquer sur les cases de couleurs à côté des morphotypes pour cacher ou afficher certaines courbes.
- La dernière détection affiche la dernière image avec au moins une éponge détectée dessus, le nom de l'image en question est affiché en dessous.
- La progression affiche le nombre d'images restantes ainsi que le temps restant estimé.

Historique des analyses

Cet historique est affiché lors du clic sur « Historique des analyses » dans le menu, ou après qu'une analyse se soit terminée.

Aperçu



Description

Les rapports disponibles

À gauche s'affiche la liste de toutes les analyses réalisées ainsi que la date à laquelle elles ont été faites. Lorsqu'une analyse est sélectionnée, son rapport est affiché dans la partie droite de la fenêtre. Il est possible de renommer une analyse en double-cliquant dessus ou en faisant clic droit puis « Renommer ». Il est aussi possible de supprimer une analyse de la même manière : clic droit puis « Supprimer ».

Le rapport d'analyse

Lorsqu'une analyse est sélectionnée, le rapport de cette dernière est affiché dans la partie droite de la fenêtre. Ce rapport fournit de nombreuses informations sur l'analyse, avec notamment les paramètres choisis, différents graphiques ainsi que quelques images d'intérêts.

Le bouton « Exporter les données » permet de télécharger les données de l'analyse sélectionnée dans différents formats. Pour plus d'informations, se référer à la partie suivante.

Téléchargement des données

L'application propose d'exporter les données dans de nombreux formats différents, pour des objectifs différents.

Aperçu

Téléchargement des données

Paramètres

Type de rapport : **Résumé**

Le résumé inclut les statistiques générales sur les images analysées

Format du rapport : **PDF**

Télécharger

Aperçu

Rapport d'analyse
Analyse de la plongée #2

Résumé

Nom de l'analyse : Analyse de la plongée #2
Images analysées : 50
Commencé le : 09/04/2021 à 16:36
Terminé le : 09/04/2021 à 16:37

Paramètres

Dossier analysé : C:\Users\Alexandre\Desktop\images
Seuil de confiance : 50.0%
Morphotypes recherchés : Ball, Vase, Corona, Red, Crown, Grey_white

Détails

Morphotype	Nombre	Pourcentage
Ball	259	72.1%
Vase	25	7.0%
Corona	23	6.4%
Red	0	0.0%
Crown	48	13.4%
Grey_white	4	1.1%
Total	359	

Description

Cette fenêtre permet de choisir sous quel format les données doivent être exportées et de proposer un aperçu du résultat. Trois types de rapport ont été définis et sont détaillés ci-après.

Une fois les paramètres de l'export définis, cliquer sur « Télécharger ». Comme lors d'un téléchargement depuis un navigateur, une boîte de dialogue s'ouvre pour demander où et sous quel nom enregistrer le fichier choisi.

Les rapports « résumés »

Comme leur nom l'indique, ces rapports ont pour but de donner un résumé général de l'analyse avec par exemple le nombre d'éponge détectés pour chaque morphotype.

Il existe deux rapports résumés. Le premier au format PDF qui est similaire à ce qui est affiché dans l'historique, avec des graphiques et des images. Le second est un simple fichier texte, moins visuel mais très léger et lisible avec n'importe quel éditeur de texte.

Les rapports « complets »

Ces rapports sont conçus pour donner un maximum d'informations sur l'analyse réalisée. Ils contiennent la liste de toutes les éponges détectées sur chaque image, avec ses coordonnées en pixels sur l'image. Ces types de rapports sont donc en général peu lisibles, en revanche ils sont très utiles si l'on souhaite traiter ou utiliser ces données dans un autre logiciel par exemple.

Pour chacun de ces rapports, il est demandé la forme de détection : Rectangle ou Cercle. Dans le cas du rectangle les détections sont enregistrées sous la forme de quatre valeurs entières exprimées en pixels. Les deux premières correspondent aux coordonnées (x, y) du coin supérieur gauche du rectangle de détection. Les deux suivantes correspondent à la largeur et la hauteur du rectangle de détection. Dans le cas du cercle, les détections sont représentées par trois valeurs entières exprimées en pixels. Les coordonnées (x, y) du centre du cercle de détection, ainsi que son rayon.

Les rapports complets sont téléchargeables en trois formats :

- CSV : Ce dernier a l'avantage d'être très simple et lisible par des tableurs comme Excel. Dans le cas de l'export en CSV, il faut préciser quel est le séparateur à utiliser. Le séparateur dépend du logiciel pour lequel on exporte les données. Par exemple, la version française de Excel utilise le séparateur « point-virgule », tandis que la version anglaise utilise le séparateur « virgule ».
- XML : Il s'agit d'un format de données assez vieux mais très utiles pour représenter des données structurées.
- JSON : Ce format est l'un des plus utilisés aujourd'hui pour représenter des données structurées, avec une syntaxe plus légère que le XML. Le JSON peut être très utile si l'on souhaite développer une application pour traiter les données générées.

Les rapports « annotations »

Ce type de rapport a été conçu pour faciliter le réapprentissage du réseau de neurones utilisé par l'application. Il permet d'exporter les détections dans un format particulier qui est directement utilisable pour entraîner un réseau de neurones.

Le nombre d'image à exporter correspond au nombre d'images que l'on souhaite ajouter pour l'entraînement. Il n'est pas nécessaire d'en prendre beaucoup, une centaine voire moins peut être suffisant. Les images qui seront sélectionnées sont celles considérées comme les plus intéressantes (celles avec beaucoup d'éponges ou beaucoup d'éponges différentes).

Il est important de noter que contrairement aux précédents types de rapports mentionnés, la génération des annotations nécessite que les images soient toujours dans le dossier d'origine dans lequel elles étaient au moment de l'analyse. Si ces dernières étaient sur un support externe (disque dur, clé USB, ...), il est donc nécessaire que celui-ci soit connecté.

Pour plus d'informations concernant l'entraînement du réseau de neurones, se référer au guide dédié.