

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique



Université Akli Mohand Oulhadj – Bouira, Algérie

Laboratoire d'Informatique, Mathématique,
Physique pour l'Agriculture et Forêts (LIMPAF)



COSI'17

14^{ème} Colloque sur
l'Optimisation et les Systèmes
d'Information

POSTERS



Bouira, 14 – 16 Mai 2017

Quatorzième Colloque sur l'Optimisation et les Systèmes d'Information COSI'2017 - Posters

du 14 au 16 Mai 2017, Bouira, Algérie

Organisation

Université Akli Mohand Oulhadj, Bouira (Algérie)

Président d'honneur

Professeur Moussa ZEREG, Recteur de l'Université de Bouira - Akli Mohand Oulhadj (Algérie)
Professeur Ahcène ARBAOUI, Doyen de la faculté des sciences et sciences appliqués, Bouira (Algérie)

Présidente du colloque

Dr. Kahina LOUADJ, Université de Bouira - Akli Mohand Oulhadj (Algérie)

Vice-Présidents du colloque

Professeur Djamel BENNOUAR, Directeur du laboratoire LIMPAF, Université de Bouira
Dr. Abdelhamid DJAIDJA, Vice-doyen de la recherche scientifique, Université de Bouira

Membres

YOUSFI Khelifa, DAHMANE Merzak, BOUDANE Khadidja, BOUDANE Massiva, DJOUDER Sofiane, ALLEM Lala Maghnia, TAKHEDMIT Baya, BOUGHANI L'hadi, BESSAD Baya, BEKRI Houria, IMINE Ouiza, SMAILI Nesserine, BOUDREF Mohamed, ABBAS Akli, HAMDACHE Sid Ali, OUKIL Nacima, WAHID Guettaf, GHEMMOUR Karim

Comité de Pilotage

Mohamed AIDENE, Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou, Algérie
Mohand-Saïd HACID, Université Claude Bernard, Lyon I, France
Nadjet KAMEL, Université Ferhat Abbas Sétif 1, Algérie.
Lhouari NOURINE, Université Clermont Auvergne, Clermont-Ferrand, France
Samia OURARI, CDTA, Alger, Algérie
Jean Marc PETIT, INSA de Lyon, France
Mohamed Said RADJEF, Université de Béjaïa, Algérie
Bachir SADI, Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou, Algérie
Lakhdar SAIS, Université d'Artois, France
Farouk TOUMANI, Université Clermont Auvergne, Clermont-Ferrand, France
Rachid NOURINE, Université d'Oran 1, Algérie

Comité de programme

Président

Mourad BAIYOU, Université Clermont Auvergne - CNRS, France

Membres

MOHAMED AHMED NACER Université des Sciences et Technologie Houari Boumediene (USTHB), Alger (Algérie)
MEZIANE AIDER Université des Sciences et Technologie Houari Boumediene (USTHB), Alger (Algérie)
OTMANE AIT MOHAMED Concordia University, Montreal, Quebec (Canada)
HACENE AIT-HADDADENE Université des Sciences et Technologie Houari Boumediene (USTHB), Alger (Algérie)
ZAIA ALIMAZIGHI Université des Sciences et Technologie Houari Boumediene (USTHB), Alger (Algérie)
MAKHLOUF ALIOUAT Université Ferhat Abbas Setif 1, Sétif (Algérie)
ZIBOUDA ALIOUAT Université Ferhat Abbas Setif 1, Sétif (Algérie)
ADEL ALTI Université Ferhat Abbas Setif 1, Sétif (Algérie)
HASSAN AÏT-KACI Self
NADJIB BADACHE CERIST, Alger (Algérie)
KAMEL BARKAOUI Conservatoire national des arts et métiers (CNAM), Paris (France)
VINCENT BARRA Université Clermont Auvergne, Clermont-Ferrand (France)
LADJEL BELLATRECHE ISAE-ENSMA - École Nationale Supérieure de Mécanique et d'Aérotechnique, Poitiers (France)
KHALID BENABDESLEM Université Claude Bernard Lyon I, Lyon (France)
MOUSSA BENAÏSSA Université d'Oran, Oran (Algérie)
NACÉRA BENAMRANE Laboratoire SIMPA, Département d'Informatique, USTOMB (Algérie)
SALIMA BENBERNOU Université Paris Descartes, Paris (France)
FATIHA BENDALI Université Clermont Auvergne, Clermont-Ferrand (France)
BELAÏD BENHAMOU Université d'Aix-Marseille, Marseille (France)
ABDELHAFID BERRACHEDI Université des Sciences et Technologie Houari Boumediene (USTHB), Alger (Algérie)
ISMA BOUCHEMAKH Université des Sciences et Technologie Houari Boumediene (USTHB), Alger (Algérie)
MOURAD BOUDHAR Université des Sciences et Technologie Houari Boumediene (USTHB), Alger (Algérie)
MOHAND BOUGHANEM Université Paul Sabatier Toulouse III, Toulouse (France)
MOKRANE BOUZEGHOUB Université de Versailles Saint-Quentin-en-Yvelines - UVSQ, Versailles (France)
BRICE CHARDIN ISAE-ENSMA - École Nationale Supérieure de Mécanique et d'Aérotechnique, Poitiers (France)
BRUNO CREMILLEUX Université de Caen Basse-Normandie, Caen (France)
JEAN-PIERRE CROUZEIX Université Clermont Auvergne, Clermont-Ferrand (France)
LAURENT D'ORAZIO Université Rennes 1, Rennes (France)
BENTERKI DJAMEL Université Ferhat Abbas Setif 1, Sétif (Algérie)
HABIBA DRIAS University of Science and Technology USTHB Algiers
DIDI FEDOUA Université Abou Bekr Belkaid, Tlemcen (Algérie)

FREDERIC FLOUVAT University of New Caledonia (France)
PIERRE FOUILHOX Université Pierre et Marie Curie Paris 6, Paris (France)
PATRICK GALLINARI Université Pierre et Marie Curie Paris 6, Paris (France)
ZAHIA GUESSOUM Université Pierre et Marie Curie Paris 6, Paris (France)
MOHAND-SAÏD HACID Université Claude Bernard Lyon I, Lyon (France)
SONIA HADDAD-VANIER Université Paris 1 (France)
ALLEL HADJALI ISAE-ENSMA - École Nationale Supérieure de Mécanique et d'Aérotechnique, Poitiers (France)
YOUSSEF HAMADI Microsoft Research, Cambridge (UK)
SAÏD HANAFI Université de Valenciennes et du Hainaut Cambrésis (France)
JIN-KAO HAO University of Angers, Angers (France)
SOUHILA KACI Université de Montpellier II (France)
NADJET KAMEL University Ferhat Abbas Setif 1, Sétif (Algérie)
OKBA KAZAR Université de Biskra (Algérie)
HAMAMACHE KHEDDOUCI INSA de Lyon, Université Lyon 1 (France)
NACIMA LABADIE University of Technology of Troyes (France)
ARNAUD LALLOUET Huawei Technologies Ltd, Paris (France)
DOMINIQUE LAURENT Université Cergy-Pontoise, Paris (France)
YAHIA LEBBAH Université d'Oran 1, Oran (Algérie)
VINCENT LIMOUZY Université Clermont Auvergne, Clermont-Ferrand (France)
SAMIR LOUDNI Université de Caen Basse-Normandie, Caen (France)
SOFIAN MAABOUT University of Bordeaux 1, Bordeaux (France)
PHILIPPE MAHEY Université Clermont Auvergne, Clermont-Ferrand (France)
RIDHA MAHJOUR Institut des sciences de l'information et de leurs interactions (INS2i) - CNRS, Paris (France)
ARNAUD MARY Université Claude Bernard Lyon I, Lyon (France)
NOUREDINE MELAB Université Lille 1 / INRIA Lille / CNRS CRISTAL (France)
ENGELBERT MEPHU NGUIFO Université Clermont Auvergne, Clermont-Ferrand (France)
HAYET FARIDA MEROUANI University of Badji-Mokhtar Annaba (Algérie)
ROKIA MISSAOUI UQAM - Université du Québec à Montréal (Canada)
AIDENE MOHAMED Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou (Algérie)
OUANES MOHAND Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou (Algérie)
BIBI MOHAND OUAMER Université Abderrahmane Mira de Béjaïa (Algérie)
SAFIA NAIT BAHLOUL Université d'Oran 1, Oran (Algérie)
RACHID NOURINE Université d'Oran 1, Oran (Algérie)
BRAHIM OUKACHA Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou (Algérie)
SAMIA OURARI CDTA, Alger (Algérie)
HACÈNE OUZIA Université Pierre et Marie Curie Paris 6, Paris (France)
JEAN-MARC PETIT Université de Lyon, INSA Lyon (France)
AHMED-OUAMER RACHID Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou (Algérie)
MOHAMMED-SAÏD RADJEF Université Abderrahmane Mira de Béjaïa (Algérie)
MICHAEL RAO CNRS - LIP - ENS Lyon (France)
ALLAOUA REFOUFI Université Ferhat Abbas Sétif 1, Sétif (Algérie)
BACHIR SADI Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou (Algérie)
YAKOUB SALHI Université d'Artois, Lens (France)
YACINE SAM Institut Universitaire de Technologie de Blois (France)
FRÉDÉRIC SAUBION Université d'Angers (France)
MICHEL SCHNEIDER Université Clermont Auvergne, Clermont-Ferrand (France)
AMEUR SOUKHAL Université de Tours (France)
PIERRE SPITERI IRT - ENSEEIHT, Toulouse (France)
YEHIA TAHER Université de Versailles Saint-Quentin-en-Yvelines - UVSQ, Versailles (France)
FAROUK TOUMANI Université Blaise Pascal, Clermont-Ferrand (France)
TAKEAKI UNO National Institute of Informatics (NII), Tokyo (Japan)
DJEMEL ZIOU Sherbrooke university, Sherbrooke, Quebec (Canada)

Relecteurs additionnels

Abdelfetah, Hentout
Ahmed, Kouider
Andrade, Ricardo
Aribi, Nouredine
Aridhi, Sabeur
Belaid, Mohammed Said
Bentounsi, Mehdi
Bouet, Marinette
De Goër De Herve, Jocelyn
Dhifi, Wajdi
Djamal, Belkasmi
Fournier-Viger, Philippe
Gastaldello, Mattia
Geniet, Annie
Grissa, Dhouha
Jelassi, Mohamed Nader
Kermia, Omar
Kouamou, Georges Edouard
Libo, Ren
Lima, Leandro I. S. De
Meziane, Hassina
Mohamed, Sayah
Mokhtari, Karima
Ndoundam, Rene
Nestor, Koueya
Palmieri, Anthony
Perret Du Cray, Henri
Pons, Luc
Rey, Christophe
Rosenfeld, Matthieu
Saidani, Fayçal Rédha
Talon, Alexandre
Tamen, Zahia
Zghal, Sami

Table des matières

Préface	page 1
Posters	
— <i>Mammographic Image Segmentation With Spatial Fuzzy C-means and Cluster Validity Indexes</i> Hayet Djellali, Nacira Ghoualmi Zine, Souad Guessoum, Akila Djebbar	page 2
— <i>A Comparative Study of Analytical and Iterative Reconstruction Algorithms in Positron Emission Tomography</i> Amel Ben Khelfallah, Amel Iles, Latifa Houria, Abdelhafid Bessaid	page 4
— <i>Writer-Independent system for handwritten signature identification and verification</i> Feriel Boudamous, Hassiba Nemmour, Yasmine Serdouk and Youcef Chibani	page 7
— <i>Medical images Denoising by Discrete wavelet, Stationary wavelet and wavelet based Lifting scheme transforms : A comparative study</i> Hamla Ahlam Djedjiga, Ismail Boukli Hacene, Bessaid Abdelhafid	page 9
— <i>Pilotage d'une chaîne de fabrication flexible à base du PLC S7-200/CPU216</i> Imene Djelloul, Meriem Anane, Rafik Bensaadi	page 12
— <i>Une approche méta-heuristique pour la résolution du problème de positionnement d'antennes APP</i> Benmezal Larbi 1, Boughaci Dalila1, Benhamou Belaid	page 14
— <i>Skin lesion image segmentation using Ant Colony Optimization</i> Dalila Fekrache, Zohra Ameer, Reda Kasmi	page 16
— <i>On the edge sdb-critical graphs</i> Mohamed Zamime, Hacène Ait Haddadene	page 18
— <i>Elaboration d'un système bio-inspirée pour la reconnaissance des maladies cancéreuses</i> Fatiha Djahafi, Abdelkader Gafour	page 20
— <i>Distributed Strong Barrier Coverage for Surveillance of Closed Frontiers</i> Abdelhani Diboune, Mohamed Aissani	page 22
— <i>Sur la fonction de domination 2</i> Roman Rahmouni Abdelkader	page 24
— <i>Person re-identification system based on SAD and Histogram</i> Abdullah Salem Baquhaizel, Safia Kholkhal, Belal Alshaqai and Mokhtar Keche	page 27
— <i>Codage binaire avec seuil pour la résolution du problème de partitionnement de graphes avec des algorithmes génétiques</i> Ali Chaouche, Menouar Boulif	page 29

- *Algorithme génétique de clustering dans les réseaux de capteurs sans fil* Ranida Hamidouche, Zibouda Aliouat, Abdelhak Mourad Gueroui page 31

- *Multi-objective optimization by genetic algorithm and Pareto approach of PID controller parameters* Younes Elmir, Samira Chouraqui page 33

- *A New Aligner to Resolve Multiple Sequence Alignment Problem* Lamiche Chaabane page 35

- *Routage basé sur la stabilité de lien utilisant la logique floue Cas protocole AODV* Gasmi Rim, Chetebani chafia, Moussaoui Ali page 37

- *Extension des Plateformes Big Data Pour la Prise en Charge des Algorithmes Dynamiques et Asyn hrones par l'Utilisation des CRDT* Mennour Rostom, Batouche Mohamed page 39

- *Systèmes Immunitaires Artificiels pour la Prédiction de Défauts Logiciels* Ahmed Taha Haouari, Labiba Souici-Meslati, Fadila Atil page 41

Préface

Le Colloque sur l'Optimisation et les Systèmes d'Information (COSI) rentre cette année dans sa quatorzième édition, après celles de Sétif (2016), d'Oran (2015), de Bejaïa (2014), d'Alger (2013), de Tlemcen (2012), de Guelma (2011), de Ouargla (2010), d'Annaba (2009), de Tizi-Ouzou (2008), d'Oran (2007), d'Alger (2006), de Bejaïa (2005) et de Tizi-Ouzou (2004). Cette rencontre annuelle pluridisciplinaire est un modèle du genre, elle permet à des chercheurs Algériens et étrangers travaillant sur des thématiques transversales comme les systèmes d'information, l'Intelligence Artificielle, l'optimisation combinatoire et la théorie des graphes de se rencontrer et de s'imprégner des dernières avancées technologiques. Les divers thèmes abordés admettent souvent des connexions à la fois théoriques - les problèmes posés sont souvent de nature combinatoire et difficiles - et pratiques - les applications cibles font souvent appel à diverses techniques issues des différents thèmes abordés durant le colloque.

COSI est un événement chaleureux et convivial favorisant les échanges scientifiques et humains! Cette ambiance de travail fait que tout participant en garde un souvenir mémorable. Cet événement scientifique majeur dans le paysage de recherche Algérien, Nord-africain et International continue de susciter un intérêt toujours croissant auprès de la communauté scientifique. Le maintien du niveau de soumission de papiers à un niveau assez élevé (120 papiers soumis), est une preuve indéniable de sa pérennité et de son succès. Les soumissions de COSI 2017 proviennent de différentes villes d'Algérie, de Tunisie, de France, du Canada et du Japon. Cette année le taux d'acceptation est de 20% en papiers longs et 18% en papiers posters. Les articles soumis couvrent les champs disciplinaires traditionnels de COSI : systèmes d'information (24), recherche opérationnelle (41), intelligence artificielle (42) et applications innovantes (31).

Le programme du Colloque comporte également quatre conférenciers invités de renommée internationale. La première plénière, du Professeur Hammamache Kheddouci du LIRIS - Université Claude Bernard (Lyon) porte sur le "Graph Packing Problems: Theory and Applications". Le Professeur Abderrahmane Aggoun de la société KLS OPTIM (Paris) présentera une conférence intitulée "Modeling and Solving a class of Real-life Bin Packing problems in Operational Supply Chain". La troisième, du Professeur Allaoua Chaoui de l'Université de Constantine 2 portera sur la validation des transformations de modèles : Concepts et Défis. La quatrième plénière du Professeur Felix Mora-Camino de l'ENAC (Toulouse) est intitulée "Fuzzy Dual Numbers and Optimization under Uncertainty". Merci à eux de nous avoir fait l'honneur de leur présence à COSI 2017.

Nous tenons à remercier très chaleureusement l'équipe organisatrice et plus particulièrement la Présidente du colloque Kahina Louadj pour son dévouement et son travail remarquable pour la préparation de cette quatorzième édition malgré une situation personnelle difficile. Nous tenons à lui exprimer ici, notre profonde gratitude et à lui souhaiter un prompt rétablissement. Nous sommes de tout cœur avec toi Kahina. Nos remerciements vont également aux vice-présidents du comité scientifique, le Professeur Djamel Bennouar Directeur du Laboratoire LIMPAF et le Docteur Abdelhamid Djaidja Vice-doyen de la recherche scientifique et à tous les membres du comité d'organisation (Yousfi Khelifa, Dahmane Merzak, Boudane Khadidja, Boudane Massiva, Djouder Sofiane, Allem Lala Maghnia, Takhedmit Baya. Boughani L'hadi. Bessad Baya, Bekri Houria, Imine Ouiza. Smaili Nesserine, Boudref Mohamed, Abbas Akli, Hamdache Sid Ali, Oukil Nacima, Hemad Hinda, Wahid Guettaf, Ghemmour Karim). Nous ne pouvons oublier le Professeur Moussa Zereg, Recteur de l'Université de Bouira, le Docteur Ahcène Arbaoui Doyen de la faculté des sciences et sciences appliqués pour leur fort soutien et pour avoir rendu possible l'organisation de cette manifestation scientifique. Nous tenons à remercier tous les auteurs qui ont soumis des articles montrant ainsi la vitalité de cette rencontre scientifique. Nous tenons également à exprimer notre profonde reconnaissance aux membres du comité de programme et aux rapporteurs supplémentaires qui ont fait un excellent travail, et qui ont accepté la surcharge de travail induite par le nombre important de soumissions. Enfin, n'oublions pas que l'organisation de ce colloque ne serait pas possible sans les aides de nos partenaires institutionnels et industriels. Qu'ils reçoivent ici notre profonde reconnaissance.

Tous nos voeux de réussite pour cette rencontre scientifique et longue vie à COSI!

Fait à Clermont-Ferrand, le 2 mai 2017

Mourad Baiou, Lhouari Nourine et Lakhdar Sais

Mammographic Image Segmentation with Spatial Fuzzy c-means and Cluster Validity indexes

Hayet Djellali¹, Nacira Ghoualmi Zine², Souad Guessoum³, Akila Djebbar⁴,

^{1,2,3,4} Computer Science Department, ^{1,2,3}LRS Laboratory, ⁴LRI Laboratory
^{1,2,3,4}Badji Mokhtar University, Annaba, Algeria.
hayetdjellali@yahoo.fr

Abstract. This paper investigates image segmentation applied to mammographic images and deals with image segmentation using two variants of spatial clustering algorithm. The first algorithm is based on spatial Fuzzy c-means SFCM using mean filtering called SFCM_S1 and the second also founded on spatial fuzzy c-means but applying median filtering called SFCM_S2. We propose to use SFCM_S1 and SFCM_S2 to segment the breast then, apply cluster Validity Partition Entropy (PE) and Partition Coefficient (PC) as metrics to obtain the best number of regions. The MIAS database was used in the experiments to validate this approach. The results indicate that this architecture is a good approach better than fuzzy c-means but additional cluster validity indexes have to be tested.

Keywords Spatial Fuzzy C-means, Image Segmentation, Cluster Validity, Partition Entropy (PE), Coefficient Partition (PC), Mammographic images.

I Introduction

Image segmentation is defined as the partitioning of an image into non-overlapped, consistent regions which are homogeneous according to characteristics such as gray value or texture. Recent years have seen increasing interests in developing robust clustering algorithms for the applications in image segmentation [1]. Ahmed et al. [2] proposed a modification to FCM called spatial FCM (SFCM) by modifying objective function, so, adding a term representing the distance between each immediate neighborhood pixel and each center V_i . Consequently, each center will be also influenced by a pixel neighborhood.

2. Mammographic segmentation Architecture

In this study, to enhance the quality of segmentation task, it is necessary to focus on applying both spatial information and determine the correct numbers of breast regions. This approach proposes to segment mammographic images with spatial fuzzy clustering method based on two variants of spatial fuzzy c-means algorithms. SFCM_S1 and SFCM_S2 are evaluated by using cluster validity indexes (CVI) and

improve the quality of segmentation for mammographic images. Comparison with these two SFCM variants algorithms is achieved on MIAS [3] database.

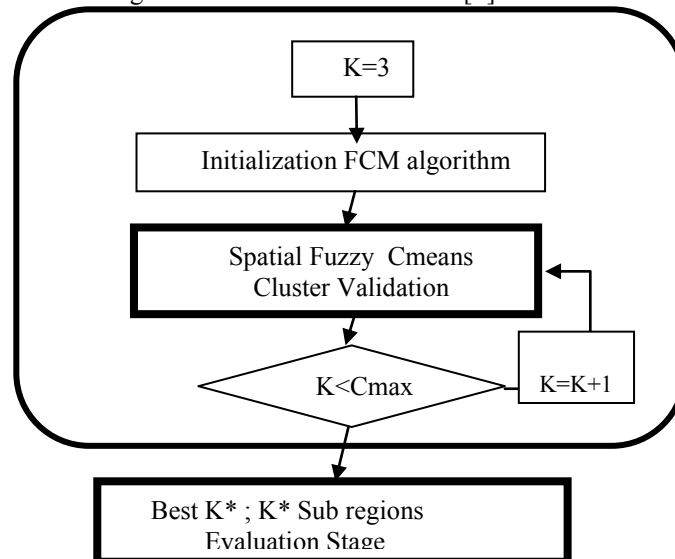


Figure 1. Mass Segmentation Module

3. Conclusion

This paper deals with evaluating the correct number of breast regions (cluster) from a set of value [min value – max value] applied to spatial fuzzy c-means clustering algorithm. We propose to choose the best value of regions by incorporating the cluster validity: partition coefficient PC and partition entropy PE. We compare two variants of spatial fuzzy c-means called SFCM_S1 based on mean filtering and SFCM_S2 using median filtering. The MIAS database [3] was used in the experiments and the results indicate that the two measures of cluster validity PE and PC are sufficient when the same number of regions is chosen. However, the problem exists if PE and PC give different numbers of clusters for SFCM_S1 on the same mammogram. The solution is to use other cluster validity measures to ensure that all metrics vote on majority for the same value. The segmented region with SFCM_S2 based on median filtering show more details in mammogram than SFCM_S1. The position of cluster can directed the segmentation process. If the region is located in position where the mass can be found then, these areas are treated; otherwise, the processing is cancelled.

Reference

- [1] L. Cinque, G. Foresti, L. Lombardi, A clustering fuzzy approach for image segmentation, *Pattern Recognition* 37 (9) (2004) 1797–1807.
- [2] M.N. Ahmed, S.M. Yamany, N. Mohamed, A.A. Farag, T. Moriarty, A modified fuzzy *c*-means algorithm for bias field estimation and segmentation of MRI data, *IEEE Trans. Med. Imaging* 21 (2002) 193–199.
- [3] MIAS database <http://peipa.essex.ac.uk/info/mias.html>

Amel Ben khelfallah¹, Amel Iles¹, Latifa Houria¹, Abdelhafid Bessaid¹

¹Department of biomedical engineering, University Abou Bekr Belkaid, Faculty of
technology
Laboratory of biomedical engineering, BP 119, Tlemcen 13000, Algeria.

1 Introduction

The modern imaging techniques of Positron Emission Tomography (PET) play a vital role in several areas of clinical medicine.

The conventional method of image reconstruction of PET imaging relies on Filtered-Back Projection (FBP) method similar to X-ray computed tomography (CT). Iterative reconstruction algorithms produce accurate images without streak artifacts.

So, a general overview of analytical (i.e. Simple Back Projection (SBP), Filtered Back Projection (FBP)) and iterative (i.e. Iterative Least Square Technique (ILST) , Algebraic Reconstruction Technique (ART), and Simultaneous Algebraic Reconstruction Technique (SART)) methods of reconstruction is presented and adapted to reconstruct a PET image.

The simulated results are compared using quality measurements for various tests. Through these simulated results, we have demonstrated that the SART approach provides the best image quality and appears to be efficient in terms of error reduction.

The aim here is to establish a quantitative comparative study of reconstruction techniques adapted to the reconstruction PET image, and this in order to reduce the number of projections and enhance the image quality.

2 Materials and methods

The reconstruction methods presented in this paper are divided into analytic and iterative approaches (see Fig. 1). Analytic reconstruction methods offer a direct mathematical solution for the reconstruction of an image such as the Simple Back Projection (SBP) and the Filtered Back Projection (FBP) methods. Iterative methods are based on a more accurate description of the imaging process resulting in a more complicated mathematical solution requiring multiple steps to arrive at an image such as the Iterative Least-Squares Technique (ILST), the Simultaneous Algebraic Reconstruction Technique (SART) and the Algebraic Reconstruction Technique (ART).

3 Results

The quality of image reconstructed is discussed by computing the performance parameters. However, we have used computer simulations to establish the PSNR, MSE, SC and NCC performance of the all implementations at various projections. The quality measurements versus projections using analytical and iterative reconstruction techniques are drawn in Fig. 2.

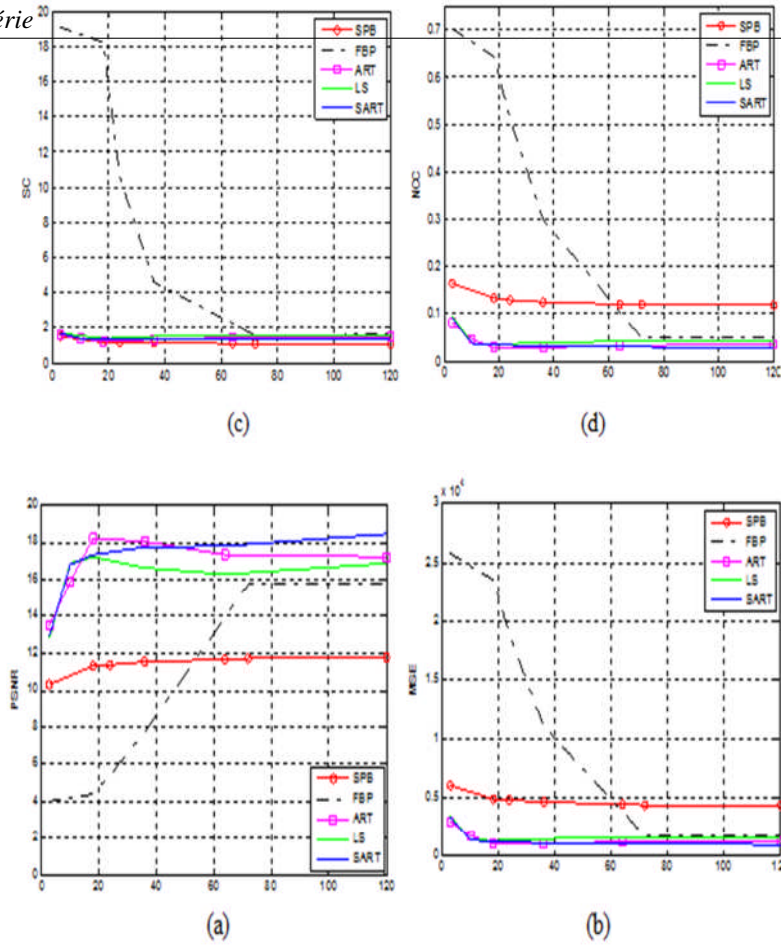


Fig. 2. Comparison of reconstruction techniques in term of (a) PSNR (b) MSE (c) SC and (d) NCC with different number of projections.

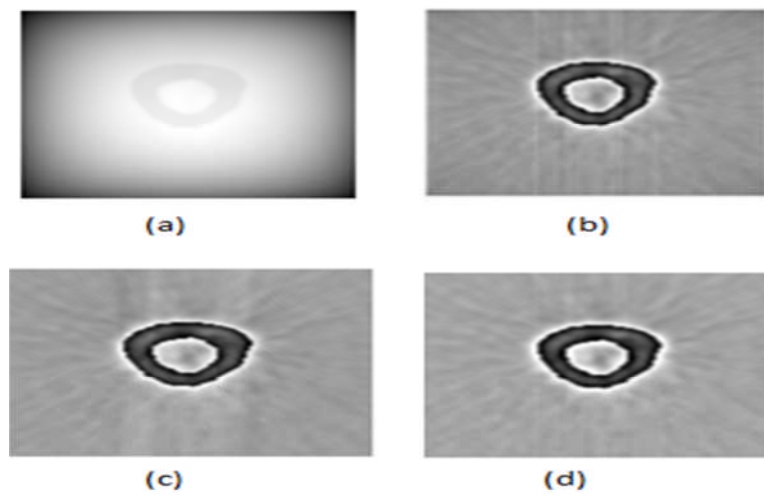


Fig. 3. Reconstructed images by (a) SBP, (b) FBP, (c) LS and (d) SART algorithms using 120 numbers of projections.

4 Conclusion

Measurement by four performance parameters, led to an ability to subjectively judge the reconstructed image quality. The experiments revealed major observations; as the number of projections was increased, the quality of reconstructed image appeared better for analytical and iterative algorithms. By SART implementation, the problems in the artifacts, the quality measurements and the reconstructed image quality can be improved significantly. The results show that SART algorithm provides the best image quality and small values of the errors MSE and NCC and high values of PSNR especially for 120 numbers of projections. From the simulated results, we shall conclude that the SART algorithm is reliable and practical to enhance the quality of reconstructed images for PET applications.

Writer-Independent system for handwritten signature identification and verification

Feriel Boudamous, Hassiba Nemmour, Yasmine Serdouk and Youcef Chibani
Laboratoire d'Ingénierie des Systèmes Intelligents et Communicants (LISIC)

Faculty of Electronics and Computer Sciences, University of Sciences and Technology
Houari Boumediene (USTHB), Algiers, Algeria

{fboudamous, hneimmour, yserdouk, ychibani}@usthb.dz

Abstract. Offline signature identification and verification systems encounter several challenges such as the diversity of signatories and the limited number of references. To address these problems we propose a new writer-independent system for signature identification and verification. Besides, a new feature generation scheme is proposed by using the Histogram Of Templates (HOT). The identification and verification step is performed by SVM. Experiments are conducted on a standard dataset which contains off-line signatures of 55 persons. The results obtained are very promising.

Keywords: HOT, signature identification, signature verification, SVM.

1 Introduction

The handwritten signature is one of the simplest and accepted biometric means of individual authentication on official documents. It results from a spontaneous gesture that is specific to each individual. However, two signatures of the same person can never be exactly identical unless they constitute a copy of each other. For this reason, there is a growing need to develop signature identification and verification systems. The identification consists of distinguishing the signature of a given person from those of the others, while the verification aims to decide if a given signature is an authentic signature or not of the claimed identity. Signature identification and verification systems are developed to allow automatic identification of an individual and check the authenticity of the signature. Presently, we propose a writer-independent system for handwritten signatures identification and verification. In the training stage, a set of genuine signatures of some writers are used. From these signatures, two classes are composed by considering distances between signatures of the same writers as samples of the first class, while considering distances computed between signatures of different writers as samples of the second class. In the test stage, the system selects the writer identity and proceeds by the verification of the signature authenticity before assigning the signature to the selected writer. For feature generation, we employ the so-called Histogram of Templates introduced in [1]. The identification and verification task is achieved using SVM.

2. Signature identification and verification system

Conventionally, in the identification system each person (or writer) corresponds to a specific class of interest. A set of writers are used to train the system by giving some genuine signatures to constitute the reference codebook. These references are grouped into two classes. The first class is composed of samples obtained by considering the difference (i.e. dissimilarity) between the feature vectors of signatures belonging to the same writers, while the second class contains samples obtained by considering the difference between signatures of different writers [2].

3 Results

Experiments are conducted on a dataset developed at the research Center of Excellence for Document Analysis and Recognition (CEDAR)¹. It contains off-line handwritten signatures of 55 writers represented by 24 genuine signatures and 24 forgeries [3]. Identification experiments were conducted by varying the number of reference signatures R from 3 through 10. Table 1 reports the TOP-1, TOP-5 and TOP-10 precisions for 3 through 10 references. As can be seen, from 5 up to 9 references, the TOP-1 recognition rate exceeds 92% while the best score that is about 93.2% is obtained for 7 references. In this case, the overall accuracy reaches 99.64% at TOP-10.

Table 1. Identification accuracy (%)

#References	3	4	5	6	7	8	9	10
TOP-1	89.29	88.93	92.50	92.50	93.21	92.86	982.86	90.71
TOP-5	96.79	96.43	97.86	97.86	98.57	97.86	97.86	96.79
TOP-10	98.93	98.21	99.29	99.64	99.64	99.64	99.64	99.29

References

1. Tang, S., Goto, S.: Histogram of Template for Human Detection. IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal, 2186-2189, Dallas (2010).
2. Bertolini, D., Oliveira, L.S., Justino, E., Sabourin, R.: Texture-based descriptors for writer identification and verification. Expert Systems with Applications 40, 2069–2080, (2013)
3. Serdouk, Y., Nemmour, H., Chibani, Y.: New off-line handwritten signature verification method based on artificial immune recognition system, Expert Systems with Applications, 51C, 186-194, (2016).

¹ CEDAR Dataset is available on: <http://www.cedar.buffalo.edu/NIJ/publications.html/>

Medical images Denoising by Discrete wavelet, Stationary wavelet and wavelet based Lifting scheme transforms: A comparative study

Hamla Ahlam Djedjiga¹, Ismail Boukli Hacene², Bessaid Abdelhafid³
Biomedical engineering laboratory, Electrical and electronics engineering department,
Tlemcen University Algeria
¹hamla.ahlem@gmail.com; ²ismaill80@yahoo.fr
³a.bessaid@gmail.com

Abstract. In medical diagnosis such as segmentation, quantification or texture features characterization will play key role. These tasks will be become difficult when the images are corrupted with the noise due the imperfection of acquisition systems. The development of effective algorithms for noise removal, become important research area in the day. Different recent denoising techniques have been proposed for reduce the noise as well as preserve the important features edges, texture and sharps structure. The Discrete wavelet (DWT), the stationary wavelet (SWT) and the lifting scheme wavelet transforms (LWT) are a new method to offer an optimal representation for image geometric. We use this transform to study medical image denoising .In this work, we propose an algorithm for medical image denoising by Biorthogonal wavelet based the Lifting Scheme transform (LWT) to improve the drawbacks of wavelet transform. The paper presents a detailed analysis of each algorithm highlighting their properties in medical image filtering. This study has been carried out using medical image simulated by noise-variance in order to compare the effectiveness of filtering. . Our algorithm provides very important peak signal to noise ratio (PSNR) and structure similarity index SSIM values for different databases of medicals images (CT, MRI, Mammography, retinal image).

Keywords: Denoising, Medical Image, Noise, DWT, SWT, LWT, PSNR, SSIM.

1 Introduction

The medical images include Magnetic Imaging (MRI), mammography, diagnostic ultrasound imaging and computed tomography are the most common tools for diagnosis. The quality of digital medical images becomes an important issue. To achieve the best possible diagnosis it is important that medical images be sharp, clear, and free of noise. Image denoising is the process to remove the noise from the image naturally corrupted by the noise. Thus denoising is often a necessary and the first step to be taken before the images data is analyzed. We propose in this paper, a denoising approach basing on lifting scheme with the Wiener filter

2

2 Methodology

In medical images many wavelets families can be used for images denoising. In our study, we have used Bior3.5 for decomposition of noisy images and reconstruction the denoised images. PSNR and MSSIM of denoised images are calculated for comparison of results of different wavelets.

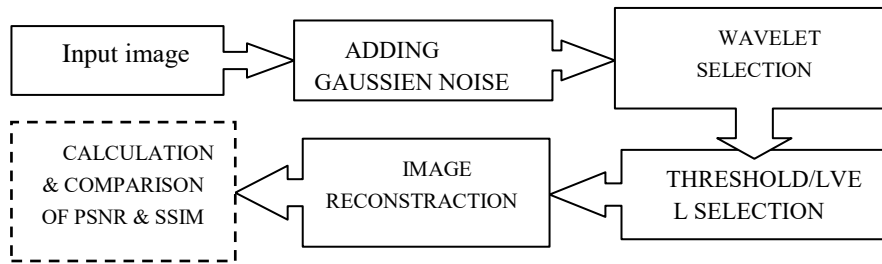


Fig1. Block diagram of the methodology

3 Experimental results :

In this paper we have applied our algorithm to denoising the medical images. For this reason we have chosen a CT image of lungs size 512*512, encoded on 8 bits per pixel. This image is taken from the GE Medical System database (LIDC/IDRI) Contaminated by an additive Gaussian noise of variance $\sigma = 20$. To show the performance of the proposed method, we will now make a comparison between these different algorithms (DWT, SWT, and LWT).

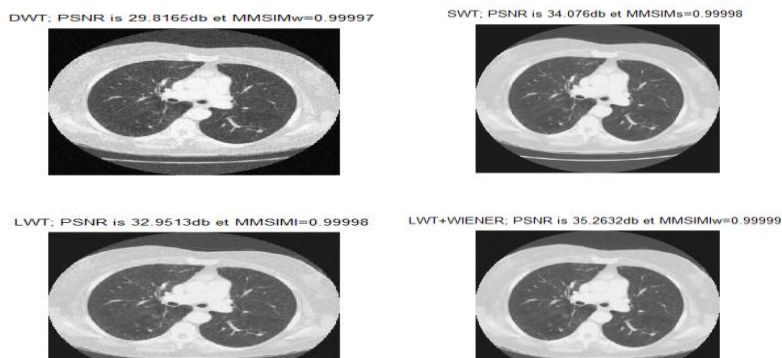


Fig. 1. Denoising of lung image with biorthogonal bior3.5 based on 2-level wavelet decomposition.

We compare in table1, the reconstructed images obtained using DWT, SWT, LWT and LWT with Wiener filter for the medical image. According to the PSNR value, it can be seen that from LWT+wiener, image reconstruction becomes almost perfect. We note that our algorithm is adapted for medical image denoising. It gives us of good results in computing times of 0.29 second compared to the other method 0.34sec for DWT and 0.78 sec for SWT.

Table 1. PSNR variation of different medical images with different algorithms of denoising

method	DWT	SWT	LWT	LWT+ wiener
CT images	33.3532	36.2252	35.5797	36.4225
Mammography	31.8661	39.6146	36.0857	39.9754
MRI images	32.2927	34.9047	35.974	36.1646
Retinal images	34.2471	39.6591	37.8161	40.0902

4 Conclusion:

Image denoising is the process to remove the noise from the image naturally corrupted by the noise. The wavelet techniques are very effective to remove the noise because of their ability to capture the energy of a signal in few energy transform values. In this paper, a comparative of the performance of different denoising methods are applied for medical images. After several applications, the results proved that the denoised images using Lifting scheme transforms with wiener filter technique have a better balance between smoothness and accuracy than the DWT and SWT (Stationary, Wavelet Transform).

References

1. Ajeet Singh.: DENOISING OF MEDICAL IMAGES USING WAVELET TRANSFORM ,International Journal of Scientific & Engineering Research, Volume 4, Issue 7, July-2013 578
2. Yue Zu, Jinchu Cao: Wavelet-Based Method for Fog Signal Denoising, Journal of Automation and Control Engineering, Vol. 1, No. 2, June 2013
3. Mitiche, Lahcene, Adamou-Mitiche, Amel Baha Houda, Naimi, Hilal, 2013. Medical image denoising using Dual Tree Complex Thresholding Wavelet Transform. In: Ibrahim, Al-Oqily (Ed.), 2013 IEEE Jordan Conference on Applied Electrical Engineering and Computing Technologies (AEECT), Amman, Jordan, December 3– 5, 2013. IEEE Catalog Number: CFP1366P-PRT, ISBN: 978-1- 4799-2305-2.
4. Asmaa Abass Ajwad. Noise reduction of ultrasound image using wiener filtering and haar wavelet transform techniques. Diyala J. Med. 2 (1). , 2012
5. Nadir Mustafa, Jiang Ping Li et al: Medical Image De-Noising Schemes using Wavelet Transform with Fixed form Thresholding, (IJACSA) International Journal of Advanced Computer Science and Applications, Vol. 6, No. 10, 2015
6. Hilal Naimi, Amel Baha Houda Adamou-Mitiche, Lahcene Mitiche: Medical image denoising using dual tree complex thresholding wavelet transform and Wiener filter. Journal of King Saud University – Computer and Information Sciences (2015) 27, 40–45

Pilotage d'une chaîne de fabrication flexible à base du PLC S7-200/CPU216

Imene Djelloul^{1,2,3}, Meriem Anane², Rafik Bensaadi²,

¹ Ecole Préparatoire en Sciences et Techniques d'Alger (EPSTA), Alger, Algérie

² Laboratoire d'Automatique et Productique (LAP), Université de Batna 2, Algérie

³ Laboratoire de Productique de Tlemcen (MELT), Université de Tlemcen, Algérie
{djelloul.imene, anane. meriem, texpert88}@yahoo.fr

Résumé. Dans ce travail nous nous intéressons à la conception d'un système à base de l'automate programmable S7-200/CPU216 pour piloter un atelier flexible simple, permettant de gérer la fabrication de trois types de produits nécessitant le traitement par quatre types de machines selon un programme approprié. L'approche graphique choisie est celle du GRAFCET. Pour le pilotage d'un système industriel, il est nécessaire de s'adapter très rapidement à l'évolution de la demande, tant en type du produit, qu'en quantité sans changer de machines outils ou la disposition de celles-ci. Dans ce papier, un outil d'aide à la décision est obtenu, qui répond à l'évolution de la demande et aux différents aléas (pannes ou demandes urgentes).

Mots clés: Atelier flexible, API, GRAFCET, automatismes.

1 Introduction

La complexité sans cesse croissante des systèmes automatisés s'est accompagnée d'une demande toujours plus forte de la disponibilité des équipements industriels [1]. La pérennité des entreprises est donc liée à leur maîtrise totale, où le but est l'amélioration de leur productivité, et d'autre part de leur flexibilité.

A ce titre, nous nous plaçons dans ce travail dans le domaine des ateliers de production flexibles. Plusieurs travaux qui concernent l'optimisation de performances d'ateliers flexibles ont été réalisés dans la littérature. Mais ils utilisent généralement une représentation de l'atelier par un réseau de files d'attente fermé [2]. Pour la conception d'un nouvel atelier, Ait Hssain [3] a validé des choix techniques en s'appuyant sur des outils de simulation. Castagna et al. [4] ont traité le problème du pilotage d'une chaîne flexible en utilisant la simulation. Actuellement, Joseph et Sridharan [5] ont développé un modèle de simulation à événements discrets d'un atelier flexible avec une arrivée dynamique des pièces. Dans notre travail, l'objectif choisi était de concevoir un système à base de l'API pour piloter un atelier flexible simple. Nous proposons alors d'utiliser l'approche graphique du type GRAFCET.

2 Approche de modélisation utilisée

Un GRAFCET se définit par un quadruplet $\{E, T, A, M\}$:

$E = \{e_1, e_2, \dots, e_n\}$ ensemble d'étapes, $T = \{t_1, t_2, \dots, t_n\}$ ensemble de transition, $A = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}$ arc orienté, $M = \{m_1, m_2, \dots, m_n\}$ ensemble des valeurs prises sur $[0, 1]$

3 Simulation d'une chaîne de production

Le système de production est constitué d'un mécanisme d'approvisionnement, un autre mécanisme de récupération en stock, une ressource de transport et quatre cellules de fabrication S_1, S_2, S_3 et S_4 .

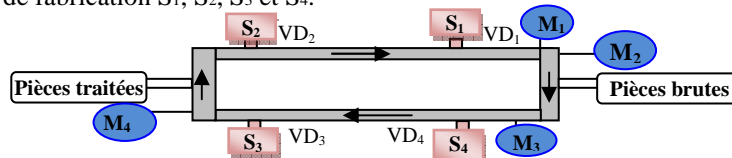


Figure 1: Chaîne de production flexible.

Tableau 1. La gamme de fabrication du problème traité.

Type de pièce	Codage: capteurs (t_1, t_2)	Cellule	Cellule	Cellule	Cellule	Cellule
A	00	1	2	3	4	-
B	01	1	2	4	2	3
C	10	2	1	3	-	-

La pièce de type B par exemple subit un traitement par la station S_1 , puis S_2 ensuite S_4 , elle revient sur S_2 puis S_3 , et enfin transportée vers le stock de sortie. D'autre part, chaque portion du système de transport représente un tapis roulant entraîné par un moteur indépendant (M_1, M_2, M_3 ou M_4).

La récupération de la pièce depuis/vers chacune des quatre cellules est réalisée grâce à un vérin à double effet VD_i avec les commandes de (sortie et rentrée) de la tige notées ($VDi0, VDi1$) et les capteurs de position correspondants notés a_{i0} et a_{i1} . La récupération vers le stock de sortie est réalisée par un vérin à simple effet vs .

L'arrivée au niveau des stations, ainsi qu'à la sortie, est indiquée par un capteur de proximité infrarouge, "si" pour les stations et "(se,ss)" pour l'Entrée/ Sortie.

Une étape de simulation consiste alors à construire le GRAFCET dont on teste les propriétés dynamiques par une séquence d'entrées déterminée par l'utilisateur et à déduire les réponses du modèle. La définition des séquences d'entrées a nécessité le développement d'un éditeur de chronogrammes, qui est utilisé également pour l'affichage des séquences de sorties.

Références

- Djelloul, I., Latreche, K.: Optimisation et simulation du fonctionnement d'un système de production sous Labview pour réaliser la technique de surveillance par approche Neuro-Flou. ICSIP. Guelma (Algérie) (2013)
- Vinod, J. Solberg, J.: The optimal design of flexible manufacturing systems. Int. J. Prad. Res. 23, 1141-1151 (1985)
- Ait Hssain A.: Optimisation des flux de production. Méthodes de simulation, Editions Dunod. (2000)
- Castagna, P., Mebarki, N., Gauduel, R: Apport de la simulation comme outil d'aide au pilotage des systèmes de production - exemples d'application. 3e Conférence Francophone de Modélisation et Simulation "Conception, Analyse et Gestion des Systèmes Industriels" MOSIM'01. Troyes (France) (2001)
- Joseph, O. A., Sridharan, R.: Evaluation of routing flexibility of a flexible manufacturing system using simulation modelling and analysis. International Journal of Advanced Manufacturing Technology. 56. 273-289 (2011)

Benmezal Larbi¹, Boughaci Dalila¹, Benhamou Belaid²

¹ LRIA, USTHB BP32 El-Alia, Bab-Ezooar, 16111, Algérie

larbi07@hotmail.fr, dboughaci@usthb.dz

² LSIS, AMU Domaine universitaire de Saint Jérôme Avenue

Escadrille Normandie Niemen 13397 Marseille cedex 20, France

belaid.benhamou@univ-amu.fr

1 Introduction

Le problème de positionnement d'antennes dans les réseaux cellulaires est un problème connu dans le domaine de la télécommunication. Il consiste à choisir parmi un ensemble de sites candidats, les meilleurs emplacements pour installer les stations de bases de façon à maximiser la couverture réseau, tout en minimisant le nombre de stations employées. En théorie, le problème est NP-difficile. Pour le résoudre dans la pratique, nous proposons dans ce travail¹ l'adaptation de deux méta-heuristiques : Iterated Local Search (ILS) de Lourenço et al. [2], Breakout Local Search (BLS) [1] et une nouvelle approche inspirée de l'algorithme ILS. Cette approche est basée sur la recherche locale et se distingue par un mécanisme de réinitialisation de la recherche et par sa façon de générer une nouvelle solution de départ. Pour valider notre approche, nous l'avons testé sur une instance réelle du problème. Les résultats expérimentaux obtenus montrent l'efficacité de l'approche proposée.

2 Approche proposée

L'approche proposée utilise la recherche locale pour l'intensification et la perturbation pour la diversification de la recherche. A chaque fois qu'une solution S' est améliorée, elle est comparée avec la meilleure solution courante Sm (enregistre la meilleure solution). Si S' améliore Sm , cette dernière est mise à jour. Après un certain nombre P d'itérations sans amélioration de S' , la force de perturbation est augmentée. Si malgré cette augmentation S' n'a toujours pas été améliorée, et que le nombre d'itérations dépasse un nombre I , une réinitialisation est déclenchée.

Lorsque la recherche est stagnée, et le chemin exploré ne permet plus l'amélioration de la meilleure solution trouvée, le mécanisme de réinitialisation permet de redémarrer la recherche à partir d'une nouvelle solution de départ, ce qui permet d'explorer de nouvelles zones dans l'espace de recherche. Cette procédure permet de générer des solutions aléatoires combinées avec la meilleure solution trouvée (Sm). Cette combinaison est basée sur l'évolution de la recherche. Si la recherche est à un stade initial, la solution générée s'approche alors plus de la solution aléatoire. Mais plus la recherche avance, plus la solution générée s'approche de Sm .

Les étapes de notre approche sont données dans l'Algorithme 1.

Algorithme 1 : Approche proposée pour problème de positionnement d'antennes APP

Entrée : Une instance du problème, P : nombre maximum d'optimums locaux visités sans amélioration avant la perturbation, I : Nombre maximum d'optimums locaux visités sans amélioration avant la réinitialisation.

Sortie : La meilleure solution trouvée

¹ Ce travail est soutenu par le projet PHC-Tassili

2 Benmezal Larbi1, Boughaci Dalila1, Benhamou Belaid2

Début

S = GénérerSolutionInitiale()

Sm =S {Sm est La meilleure solution trouvée}

S' =S {S' est la meilleure solution trouvée depuis la dernière réinitialisation}

Cpt=0 {Nombre d'itérations sans amélioration de S'}

Strength = Strength0 {Force de perturbation initiale}

Tantque (condition d'arrêt non satisfaite) **faire**

S=RechercheLocal(S)

Si (S est meilleure que S') **Alors** S' =S ; Cpt=0 ;

Si (S' est meilleure que Sm) **Alors** Sm=S' {m-à-j de la meilleure solution}

FinSi

Sinon Cpt = Cpt + 1 ;

FinSi

Si(Cpt < I) **Alors**

Si (Cpt > P) **Alors** {augmentation de la force de perturbation} strength= strength+1

FinSi

S= Perturber(S, strength)

Sinon {Réinitialisation après I itérations sans amélioration de S'}

S= RéinitialiserSolution(Sm, NuméroIteration)

Strength= Strength0; Cpt=0 ; S' =S {m-à-j de S'}

FinSi

Fait

Fin

3 Résultats expérimentaux

Nous avons testé nos algorithmes sur une instance réelle représentant la ville de Malaga, donnée dans [3]. Elle contient 1000 emplacements candidats pour héberger des stations de bases. Figure 1 montre l'efficacité de la nouvelle approche proposée.

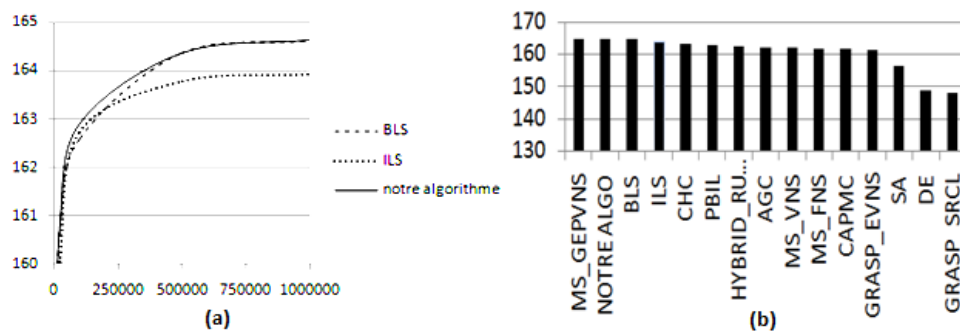


Fig. 1. a. Valeur moyenne de la fonction objectif obtenue en fonction du nombre d'évaluation. **b.** Les trois algorithmes comparés par rapport à la fonction objectif avec ceux testés dans [3].

Références

1. Benlic U., Hao J.K.: Breakout local search for maximum clique problems. *Accepted to Computers & Operations Research*, DOI:10.1016/j.cor.2012.06.002 (2012).
2. H. R. Lourenco, O. C. Martin, and T. Stützle, "Iterated local search," in *Handbook of Metaheuristics*, Boston, MA: Kluwer, 2002, pp. 321–353
3. Mendes, S.P., Molina, G., Vega-Rodríguez, M.A., Gomez-Pulido, J.A., Sez, Y., Miranda, G., Segura, C., Alba, E., Isasi, P., Len, C., Snchez-Prez, J.M.: Benchmarking a Wide Spectrum of Meta-Heuristic Techniques for the Radio Network Design Problem. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 1133–1150 (2009)

Fekrache Dalila¹, Ameer Zohra¹, Kasmi Reda^{2,3}

¹Laboratory of Analysis and Modeling of the Random Phenomena (L.A.M.P.A),
Departement of Electronics, Faculty of Electronic Engineering and Computer Science,
University of Mouloud Mammeri(U.M.M.T.O.),BP 17 RP, Tizi-Ouzou,Algeria

²Laboratory of Industrial Technology and Information (LTII),
University of Bejaia, Bejaia, Algeria

³Electrical Engenieering, University of Bouira, Bouira, Algeria
lydiafek@hotmail.fr, ameurzohra@yahoo.com, rdkasmi@gmail.com

Abstract. The incidence of malignant melanoma has been increasing worldwide. An efficient non-invasive computer-aided diagnosis (CAD) is seen as a solution to make identification process faster, and accessible to a large population. In this paper, we propose an automated system that uses an Ant colony based segmentation algorithm. The objective of this paper is to test the efficiency of the proposed segmentation algorithm. The proposed segmentation algorithm is based on three main steps, preprocessing that consists on filtering the images, then the Ant Colony algorithm is applied for 10 planes images from different color systems. Finally, a post processing consists on the selecting objects resulted from ACO algorithm and transformed on the lesion mask. The proposed algorithm is applied to 172 images (88 melanomas and 84 benign lesions). The experiment shows that the proposed algorithm shows great promise in attaining the goal of automatic skin lesion segmentation.

Key word: image processing, segmentation, melanoma, Ant Colony Optimization

1. INTRODUCTION

Malignant melanoma is the inhomogeneous growth of skin cells caused by DNA break. It is the deadliest skin cancer [1]. Worldwide, in 2012, there were about 160 000 cases of malignant melanoma and about 41 000 deaths. The statistics show the incidence of skin cancer has been rising in many countries for the last decades [2]. In the United States, there were an estimated 73 870 new cases and 9 940 deaths from melanoma in 2015.

In this paper, we used an automatic segmentation algorithm based on Ant Colony optimization (ACO). It is an optimization algorithm inspired by the natural behavior of real ants. It consists of a number of ants (nodes) moving on an image seen as a multidimensional graph to identify pixels where an abrupt variation of intensity occurs. Ants' move is guided by the local intensity variation of the pixels and traces of the pheromone. At the end of the process, a map contours of the original image is established. The experiment result, using 172 dermoscopy skin lesions, 88 melanoma and 84 benign lesions are used to evaluate the performance of the proposed segmentation algorithm.

2. METHODOLOGY

The ACO algorithm is applied on each plane of the three color system (RGB, HSV and LAB) and the grayscale image. The results show that best contours detection are obtained using green plane (G) and saturation plane (S). Both results are selected. The following algorithm showed in figure 1 presents the different steps of the segmentation algorithm.

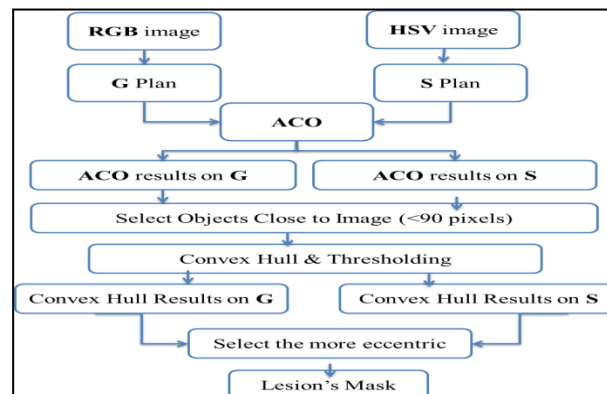


Figure. 1 The Proposed Algorithm

3. RESULTS AND DISCUSSION

The ACO algorithm results are presented in the following figure, it shows the overlay manual contour (red) and the contour defined by the proposed algorithm (blue). 17

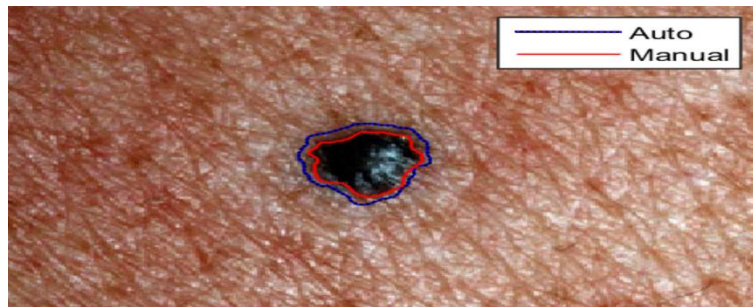


Figure. 1 Manual borders shown in red; proposed algorithm borders are denoted in blue.

Figures 2 and 3 show images for which the XOR errors of segmentation are less than 13 % and greater than 30% respectively.

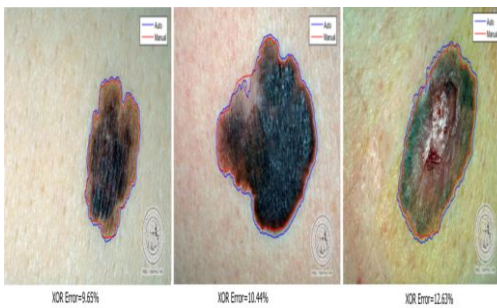


Figure. 2 Errors less than 13%.

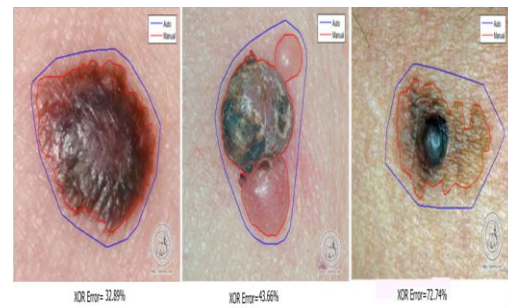


Figure. 3 Errors bigger than 30%.

Manual borders shown in red; automatic borders are denoted in blue. The average XOR Error of 172 images is 57.56% where the median is 17.48%.

4. Discussion

The results by the ACO are very satisfactory, in the way that edges that can be observed inside lesions and the lesion contour are detected. Knowing a priori that the most inhomogeneous part in the image is a lesion and the lesion is relatively centered in the center of the image, ACO detects most edges (objects) inside lesion. The convex Hull allow to gather the objects that constituted the lesion, then the histogram refine the localization of the lesion. In some image the lesion are difficult to detect because of weak border of lesion, multiple algorithms are needed to face the variety of lesions and detect most accurate borders.

5. Conclusion

The results of the proposed system that uses an Ant colony based segmentation algorithm to describe malignant lesion are very satisfactory. By using this algorithm, the edges can be observed inside lesions and the lesions contours are detected. Knowing a priori that the most homogeneous part in the image is a lesion and the lesion is relatively centered in the image, ACO detects most edges (objects) inside lesion. In some image the lesion are difficult to detect because of weak border of lesion. The experiment result, using 172 dermoscopy skin lesions, 88 melanoma and 84 benign lesions are used to evaluate the performance of the proposed segmentation algorithm. The average XOR Error images is 57.56% where the median is 17.48%. The Ant Colony algorithm is a helpful method for the skin lesion segmentation.

6. References

1. Kopf, A.W., Salopek, T.G., Slade, J., Marghoob, A.A., and Bart, R.S., 'Techniques of Cutaneous Examination for the Detection of Skin Cancer', *Cancer*, 1995, 75, (S2), pp. 684-690.
2. Parkin, D.M., Bray, F., Ferlay, J., and Pisani, P., 'Global Cancer Statistics, 2002', *CA: a cancer journal for clinicians*, 2005, 55, (2), pp. 74-108.

On the edge sdb -critical graphs

Mohamed Zamime[†]
and Hacène Ait Haddadene[‡]

[†]University Yahia Farès of Médéa.

E-mail: zamimemohamed@yahoo.com

[‡]USTHB University, Operation. Research Department,
LaROMaD, El Alia BP 32 Bab Ezzouar 16111, Algiers, Algeria,
emails: hait-haddadene@usthb.dz & aithaddadenehacene@yahoo.fr

Abstract

In this paper, we give a characterization of sdb -critical P_4 -sparse graphs and sdb -critical regular graphs.

Keywords: b -coloring, b -chromatic number, sdb -critical graphs.

1 Introduction

A b -coloring of G with k colors is a proper k -coloring of the vertices of G such that in each color class there exists a vertex having neighbors in all the other $k-1$ color classes. We call any such vertex a b -vertex. The b -chromatic number of G , denoted by $b(G)$, is the largest integer k for which G has a b -coloring with k colors.

2 Preliminary results

All graphs in this paper contain no isolated vertices.

Theorem 1 *Let $G = (V, E)$ be a sdb -critical graph. Let c be any b -coloring of G with $b(G)$ colors, and let S be the set of all b -vertices of c . Then:*

- (i) *Any two b -vertices of c have different colors. Hence $|S| = b(G)$.*
- (ii) *$V \setminus S$ is a stable set.*

(iii) Every vertex $v \in V \setminus S$ satisfies $d_G(v) \leq |S| - 2$.

(iv) Every vertex $v \in V$ satisfies $d_G(v) \geq 2$.

Theorem 2 *If G is sdb-critical graph, then $b(G) = \Delta(G) + 1$.*

3 sdb-critical regular graphs

Theorem 3 *Let G be a regular graph. Then G is sdb-critical graph if and only if G is a complete graph*

4 sdb-critical P_4 -sparse graphs

Theorem 4 *If G is P_4 -sparse graph, then G or \overline{G} is disconnected, or G is a spider.*

Definition 5 *A graph G is in \mathcal{F} if there are integers k and p with $2 \leq p \leq \frac{k}{2}$ and such that G has p components and each component G_i ($1 \leq i \leq p$) of G satisfies the following conditions:*

- $V(G_i) = K_i \cup S_i$, where K_i is a clique with $2 \leq |K_i|$ and S_i is a stable set such that $|S_i| \geq 2$;
- $|V(G_i)| = |V(G_j)| \forall i, j \in \{1, 2, \dots, p\}$.
- $|K_i| + \dots + |K_p| = k$;
- Every vertex of S_i is adjacent to all vertices of K_i .

Theorem 6 *Let G be a P_4 -sparse graph. Then G is sdb-critical if only if G is either a complete graph or $G \in \mathcal{F}$*

References

- [1] M. Blidia, N. Iklef Eschouf, On b -vertex and b -edge critical graphs. Opuscula Math. 35,no. 2 (2015), 171-180.
- [2] R.W. Irving, D.F. Manlove, The b -chromatic number of graphs, Discrete Appl. Math. 91 (1999) 127-141.

Elaboration d'un système bio-inspirée pour la reconnaissance des maladies cancéreuses

Fatiha Djahafi¹ and Abdelkader Gafour²

Département d'informatique ,Université Djilali Liabes Sidi Bel-Abbés, Algérie

¹fatiha.or@hotmail.com, ²gafour1@yahoo.com

Résumé. Le cancer du sein reste le premier cancer féminin à l'échelle mondiale, le diagnostic correct de ce type de cancer conduit les spécialistes du domaine à se pencher sur de nouvelles technologies autres qu'humaines afin de remédier à ce véritable problème social. Pour cela il est nécessaire d'utiliser des méthodes bio-inspirées comme les systèmes immunitaires artificiels (AIS) et les réseaux de neurone (RNA). Dans ce papier nous proposons une approche hybride immuno-neuronal basé sur l'apprentissage des réseaux de neurones et les algorithmes du système immunitaire artificiel CLONCLAS. Ces méthodes bio-inspirées sont utilisées afin de traiter le problème du diagnostic du cancer présent dans la base de données Breast Cancer Winsconsin (BCW). Les performances de ces méthodes bio-inspirées ont été comparées en fonction du taux de classification, la sensibilité et la spécificité. Les résultats obtenus sont satisfaisant en vue d'amélioration par hybridation des méthodes bio-inspirées.

Keywords: Réseaux de neurone, Système immunitaire artificiel , poids, clonage, antigène ,cellule mémoire.

1 Introduction

De nos jours l'informatique bio-inspirée est la discipline qui consiste à étudier les systèmes naturels afin d'y trouver des solutions pour des problèmes informatiques qui ne peuvent être résolus par les méthodes classiques. En effet, les chercheurs ont noté beaucoup de similitudes entre les problèmes que rencontrent les systèmes naturels et les problèmes informatiques. Actuellement , plusieurs recherches ont été concentrés dans le domaine bio-inspiré qui imite la nature comme source puissante d'inspiration pour résoudre des problèmes complexe . Une des sources de cette inspiration est apparue via l'observation des systèmes biologiques tels que : le cerveau, la génétique des populations, le système immunitaire, les écosystèmes, les colonies d'insectes sociaux.etc.

En effet, La prolifération des approches bio-inspirées sont indispensables qui puissent d'apporter des solutions innovantes aux problèmes tel que la détection du cancer du sein qui reste la maladie la plus commune et malveillante chez les femmes.

Plusieurs travaux ont été réalisés dans la littérature pour le diagnostic du cancer du sein en utilisant diverses méthodes telles que les approches connexionnistes RNA[1], les algorithmes génétiques [2], les approches multi agents [3] et les Systèmes immunitaires artificiels AIS [4].

Notre contribution est une approche hybride qui combine deux méthodes bio-inspirées tels que les réseaux de neurones et le système immunitaire artificiel afin d'améliorer la classification des maladies du cancer.

2 Approche Proposée

Notre objectif est d'élaborer un système pour le diagnostic des maladies cancéreuses en utilisant les méthodes bio-inspirées et cela fait par proposition d'une approche hybride entre un type de réseaux de neurones qui est MLP pour sa simplicité de sa structure et la rapidité de son apprentissage et l'algorithme du système immunitaire artificiel qui est CLONLAS. Pour cela, nous avons utilisé le corpus de la base de données sur le cancer du sein BCW «Breast-Cancer-Wisconsin ».

Notre système compose de cinq étapes, le premier s'agit d'extraire les données de corpus de cancer du sein. Ensuite, la conversion des poids multi-couches en vecteur antigène. Dans la troisième étape, nous utilisons la méthode des clonclas du système immunitaire artificiel pour la phase d'apprentissage. L'étape suivante sert à sélectionner les candidats afin que l'un d'entre eux inclue le poids suivant du réseau MLP et appliquez-leur à la méthode de propagation arrière. La dernière étape est la phase de classification des résultats qui donne le type de cancer.

3 Conclusion

Dans ce travail, nous avons traité de problème de diagnostic des maladies cancéreuses par les méthodes bio-inspirées (approches immunitaires et neuronales) pour pouvoir comparer les résultats de chacune des méthodes appliquées. Les résultats de classification de cette approche nous montrent que le concept d'hybridation des méthodes bio-inspirées à une adaptabilité plus élevée pour le diagnostic du cancer par rapport aux autres méthodes.

Références

1. Asoke Hong .G, Nandi K, "Breast cancer diagnosis using genetic programming generated feature", Elsevier Pattern recognition, Vol 39, pp 980-987, 2006.
2. Sekkal M, Chikh Ma ,Settouti N, "Evolving neural networks using a genetic algorithm for heartbeat Classification", Journal of Medical Engineering & Technology, Biomedical Engineering Laboratory, pp 1-9 , Tlemcen, Algeria ,2011.
3. Iantovics 2007, 2008, 2009, 2010, IEEE, Springer.
4. Hiba Khelil, Abdelkader Benyettou , " Artificial Immune Systems For Illnesses Diagnostic", Ubiquitous Computing and Communication Journal, Volume 3 Number 4, pp 88-93.2008.

Abdelhani Diboune¹, Mohamed Aissani¹
¹ Laboratoire Intelligence Artificielle, EMP, BP 17, BEB, Alger
a_diboune@esi.dz, maissani@gmail.com

Abstract. Barrier coverage is one of the main applications of wireless sensor network (WSN). It consists in deploying sensor nodes along the boundaries of critical infrastructures or assets, in order to detect any unauthorized intrusion and send the alarm to the end-user. Scheduling algorithms are executed on the nodes of the network in order to construct sensor barriers using a reduced number of active nodes, while ensuring the QoS requirements of the application in terms of fault tolerance and energy economy. In this paper, we propose a protocol called DSBC (Distributed Strong Barrier Coverage) that ensures a strong and fault-tolerant barrier coverage for monitoring closed frontiers. The simulation results are encouraging and show the efficiency of the proposed protocol in terms of fault tolerance and energy balance.

Keywords: Wireless Sensor Network, Barrier Coverage, Fault tolerance.

1 Introduction

One of main WSN application, barrier coverage which consists in deploying sensor nodes along the boundary of critical infrastructures [1]. These nodes are then submitted to sleep/wake schedules in order to form, with a minimum number of active nodes, barriers that detect any unauthorized intrusion into the interest zone.

In this work, we aim to propose new protocol (DSBC) for barrier coverage that uses “divide and conquer” approach to accelerate the protocol convergence. In addition to that, DSBC uses full k-barrier coverage instead of linear barriers in order to insure fault tolerance Fig.1. To the best of our knowledge, there are very few works that address this problem like in [2] and [3] in the case of directed WSN.

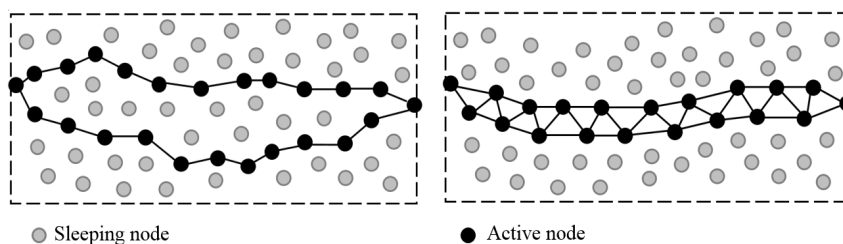


Fig.1. 2-barrier coverage (*left*) and full 2-barrier coverage (*right*).

2 The proposed protocol

The proposed protocol is recommended when the fault-tolerance and autonomy is required for guarding critical infrastructures boundaries by WSN. It is a distributed protocol that ensures strong barrier coverage over long closed belts. DSBC is composed of three main components. (1) Neighborhood discovery, (2) network division into subnetworks of same sizes, (3) k-barriers construction.

Barrier construction is carried out in two phases (Fig.2): Discovering the existing barriers in each sub network: In this phase, once a node receives the first discovery message, it sets off a timer. During its cycle, at each reception of new discovery message, the node update its fields. At the end of the timer cycle, the node chooses among the saved messages the one that maximizes the weight function (given by formula (1)) and starts the second phase: selection of barrier nodes, which consists in sending activation packets to the nodes that maximize the formula (1).

$$F(\text{Msg}) = \theta \times [E_{\text{min}} / \text{Battery_capacity}] + (1 - \theta) \times [(k - 1) / k]. \quad (1)$$

Bouira, S., & K. is barrier coverage degree.

θ is a parameter chosen by the user and it depends on the application requirement in terms of robustness and energy factor ($0 \leq \theta \leq 1$).

At the activation phase, the node sends selection commands to all nodes that form the optimal barrier. Periodically, barriers are constructed and reconstructed to balance the energy consumption.

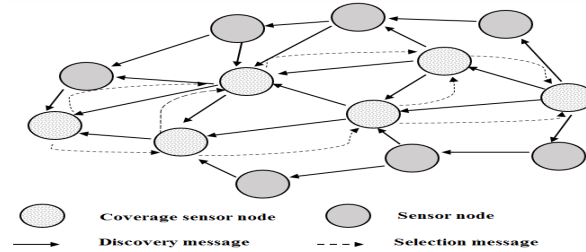


Fig.2. Routing of Discovery and Selection messages

3 Simulation

To evaluate the performance of the DSBC proposed method, two experiments have been conducted via simulations by TOSSIM. We consider a random deployment scenario in closed belt of $800 \text{ m} \times 50 \text{ m}$ deployed around a rectangular region of $200 \text{ m} \times 200 \text{ m}$. The density of deployment is between $\lambda=0.0012$ and $\lambda=0.002$. The distribution of sensor nodes is Poisson. The simulation result are summarized in (Fig.3.).

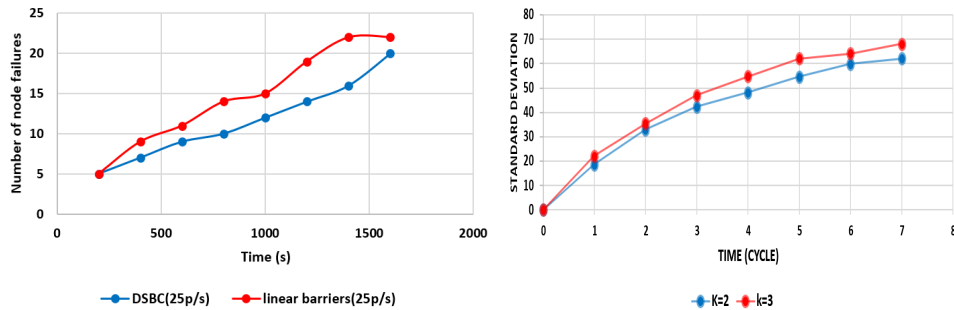


Fig.3. simulation results: Fault tolerance while routing messages (left) and Impact of degree of barrier coverage (k) on energy balance (right).

4 Conclusion

Results obtained from simulation are encouraging and show that our protocol can effectively improve the fault-tolerance of barriers. We plan to generalize the protocol for the 3-dimensions case (existence of reliefs).

References

1. Kumar, S., Ten H, L., Anish, A.: Barrier coverage with wireless sensors. Proceedings of the 11th annual international conference on Mobile computing and networking. ACM. (2005)
2. Chang, C.; Hsiao, C.; Chang, C.: The k-barrier coverage mechanism in wireless visual sensor networks. In: IEEE Wireless Communications and Networking Conference (WCNC). (2012)
3. Wang, Y., and Guohong, C.: Barrier coverage in camera sensor networks. Proceedings of the Twelfth ACM International Symposium on Mobile Ad Hoc Networking and Computing. ACM. (2011).

Sur la fonction de domination $\{2\}$ Roman

RAHMOUNI Abdelkader
 mail : arahmouni@usthb.dz
 Laboratoire de L'IFORCE.

Faculté de Mathématique, Université des Sciences
 et de la Technologie Houari BOUMEDIENE, Alger, ALGERIE.

April 23, 2017

Résumé

Soit $G = (V, E)$ un graphe simple, avec un ensemble de sommets $V(G)$ et un ensemble d'arrêtes $E(G)$. Le voisinage ouvert du sommet v , noté $N(v)$ est l'ensemble des sommets adjacents à v et le voisinage fermé de v est l'ensemble $N[v] = N(v) \cup \{v\}$. Le degré d'un sommet v est la cardinalité de $N(v)$. On note $\Delta(G)$, le degré maximum d'un sommet de G . Soit S sous ensemble de $V(G)$ alors $N(S) = \cup_{x \in S} N(x)$, $N[S] = \cup_{x \in S} N[x]$ et le sous graphe induit par S dans G , noté également $G[S]$.

Soit f une fonction qui assigne à chaque sommet de G un sous ensemble de l'ensemble $\{1, 2\}$; c'est-à-dire $f : V(G) \rightarrow \mathcal{P}(\{1, 2\})$. Si pour tout sommet $v \in V(G)$ tel que $f(v) = \emptyset$, on a $\bigcup_{u \in N(v)} f(u) = \{1, 2\}$, alors f est une fonction de domination 2-rainbow (**FD2Ra**) de G .

Le poids d'une **FD2Ra** f est défini par $w(f) = \sum_{v \in V(G)} |f(v)|$. Le nombre de domination 2-rainbow noté $\gamma_{r2}(G)$, est le poids minimum qu'une **FD2Ra** puisse atteindre, f est dite une $\gamma_{r2}(G)$ -fonction si le poids de f est égale au nombre de domination 2-rainbow. La fonction de domination 2-Rainbow a été introduite par Brešar et al. dans [1], et a été étudié par plusieurs auteurs (voir référence). Il a été montré dans [2] que déterminer si G a une **FD2Ra** de poids k est un problème NP-complet.

Une fonction $f : V(G) \rightarrow \{0, 1, 2\}$ est une fonction de domination Roman (**FDR**) de G si pour tout sommet $u \in V$ pour le quel $f(u) = 0$ il existe dans son voisinage au moins un sommet v pour lequel $f(v) = 2$. Le poids d'une **FDR** $f(V(G)) = \sum_{u \in V(G)} f(u)$. Le nombre de la domination Roman, noté $\gamma_R(G)$ est le poids minimum d'une **FDR** de G , f est dite une $\gamma_R(G)$ -fonction si le poids de f est égale au nombre de la domination Roman. La domination Roman a été introduite par Cockayne et al. dans [7]. Il a été montré dans [16] que déterminer $\gamma_R(G)$ est un problème NP-complet pour les graphes planaires, les graphes scindés et les bipartis.

Pour un graphe $G = (V, E)$, la fonction de domination $\{2\}$ -Roman (**FD $\{2\}$ -R**) $f : V \rightarrow \{0, 1, 2\}$ est légèrement différente des deux fonctions vu précédemment, en effet, pour tout

sommet $v \in V$ pour lequel $f(v) = 0$, $f(N(u)) \geq 2$, c'est-à-dire qu'il existe un sommet $u \in N(v)$, tel que $f(u) = 2$, ou au moins deux sommets $x, y \in N(u)$ avec $f(x) = f(y) = 1$. Le poids d'une FD{2}-R est la somme $f(V) = \sum_{v \in V} f(v)$, et le poids minimum d'une FD{2}-R est le nombre de la domination {2}-Roman dans G , noté $\gamma_{\{R2\}}(G)$. f est dite une $\gamma_{\{R2\}}(G)$ -fonction si le poids de f est égale au nombre de la domination {2}-Roman Cette variation de la domination a été introduite dans [4]. l'un des résultats de ce papier et son théorème 1.

Théorème 1 (Chellali et all [4]) Pour tout graphe G

$$\gamma(G) \leq \gamma_{\{R2\}}(G) \leq \gamma_{r2}(G) \leq \gamma_R(G) \leq 2\gamma(G).$$

Nous nous intéressons donc à la différence entre $\gamma_{\{R2\}}(G)$ et les deux autres nombres de domination à savoir le nombre de la fonction de domination 2-rainbow $\gamma_{r2}(G)$ et le nombre de la fonction de domination Roman $\gamma_R(G)$, nous démontrerons que $0 \leq \gamma_{r2}(G) - \gamma_{\{R2\}}(G) \leq \frac{n}{5}$ et que $0 \leq \gamma_R(G) - \gamma_{\{R2\}}(G) \leq \frac{n}{4}$, nous donnerons aussi une condition suffisante pour que le $\gamma_{r2}(G) = \gamma_{\{R2\}}(G)$ et pour finir on s'intéressera au ratio $\gamma_{r2}(G)/\gamma_{\{R2\}}(G)$. L'idée derrière est d'étudier le comportement de $\gamma_{\{R2\}}(G)$ par rapport à $\gamma_{r2}(G)$ et $\gamma_R(G)$.

Mots-clés : Domination{2}-Romans, Domination Roman, Domination2-rainbow .

References

- [1] B. Brešar, M.A. Henning and D.F. Rall, Rainbow domination in graphs. *Taiwanese J. Math.* 12 (2008) 213–225.
- [2] B. Brešar and T. K. Šumenjak, On the 2-rainbow domination in graphs. *Discrete Appl. Math.* 155 (2007) 2394–2400.
- [3] M. Chellali, T.W. Haynes and S.T. Hedetniemi, Bounds on weak roman and 2-rainbow domination numbers. *Discrete Appl. Math.* 178 (2014) 27–32.
- [4] M. Chellali, T.W. Haynes, S.T. Hedetniemi and A. MacRae, Roman {2}-domination. *Discrete Appl. Math.* 204 (2016) 22–28.
- [5] M. Chellali and N. Jafari Rad, On 2-rainbow domination and Roman domination in graphs. *Australas. J. Combin.* 56 (2013) 85-93.
- [6] M. Chellali and N. Jafari Rad, Independent 2-rainbow domination in graphs. *J. of Combin. Math. and Combinatorial Computing*, 94 (2015) 133–148.
- [7] E.J. Cockayne, P.M. Dreyer Jr., S.M. Hedetniemi, and S.T. Hedetniemi, On Roman domination in graphs. *Discrete Math.* 278 (2004) 11–22.
- [8] T. W. Haynes, S. T. Hedetniemi, and P. J. Slater, *Fundamentals of Domination in Graphs*. Marcel Dekker, Inc., New York (1998).

-
- [9] S.T. Hedetniemi, R.R. Rubalcaba, P.J. Slater, and M. Walsh, Few compare to the great Roman Empire. *Congr. Numer.*, 217 (2013) 129–136.
- [10] M. A. Henning and S. T. Hedetniemi, Defending the Roman Empire - A new strategy. *Discrete Math.* 266 (2003) 239-251.
- [11] ReVelle, C.S., Rosing, K.E.: Defendens imperium romanum: a classical problem in military strategy. *Amer. Math. Monthly* **107** (7), 585-594 (2000)
- [12] Stewart, I.: Defend the Roman Empire! *Sci. Amer.* **281** (6), 136-139 (1999)
- [13] T.K. Sumenjak, D.F. Rall, and A. Tepeh, Rainbow domination in the lexicographic product of graphs. *Discrete Appl. Math.* 161 (2013) 2133–2141.
- [14] Y. Wu and N.Jafari Rad, Bounds on the 2-rainbow domination number of graphs. *Graphs Combin.* 29 (2013) 1125–1133.
- [15] Y. Wu and H. Xing, Note on 2-rainbow domination and Roman domination in graphs. *Appl. Math. Lett.* 23 (2010) 706–709.

Person re-identification system based on SAD and Histogram

Abdullah Salem BAQUHAIZEL, Safia Kholkhal, Belal ALSHAQAQI and Mokhtar KEICHE

Laboratoire signaux et images, Département d'électronique, Faculté du Génie Électrique, Université des Sciences et de la Technologie d'Oran Mohamed Boudiaf. USTO-MB, Oran Algérie.
 abdullah.baquhaizel@gmail.com, univ-usto.dz ;
 alshaqaqi_belal@hotmail.fr

Abstract. In this paper, we present a system for person re-identification in a non-overlapping camera network, based on the appearance. This system is able to associate an identifier with each detected person, which keeps this identifier in the same camera and in other cameras even if he or she disappears and then appears again. Therefore, the aim of this system is to build an online database that contains the history of every person that enters the field of view of the cameras. The proposed system comprises four stages: detection, localization and verification, tracking, and re-identification stage.

Keywords: Person Re-identification, Non-overlapping Camera Network, MoG, SAD, Histogram, Interpolation.

1 INTRODUCTION

Video surveillance has grown more and more. This resulted in an increase of cameras installed in different places, making their monitoring very difficult for a human being. That is why much research has been done to create intelligent vision systems that can help the human being. In this paper, we are interested in the problem of person re-identification in a camera network. Re-identification in computer vision systems aims to follow a person, associate an identifier with him, and store it in a database. If the person leaves the scene then reappears in the field of view of any camera, it will be assigned the same identifier. In the literature, the approaches of re-identification can be grouped into several classes:

1. Mono-sample or multi-sample approaches.
 2. Global or local approaches.
 3. Supervised or unsupervised approaches.
- Very nice surveys of people re-identification approaches are presented in [1] and [2].

2 THE PROPOSED SYSTEM

In this section, we describe the different blocks of the proposed system.

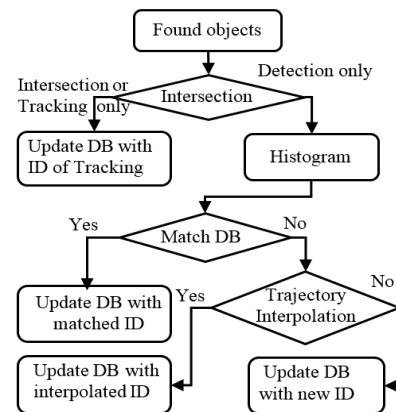


Fig. 1. Detailed flowchart of re-identification

2

2.1 Detection of moving objects

This initial phase is performed by combining the Mixture of Gaussians (MoG) method and the method of difference between two frames in grayscale. The combination is performed using the logical OR operation. Then we fill the holes.

2.2 Localization and Verification

To localize the detected objects, we use the labeling technique. Then to eliminate false detections, we propose that the ratios: (width / height), (height x width) and (sum of foreground pixels / surface) have to be limited.

2.3 Tracking

The tracking process is done by template matching using the Sum of Absolute Differences Algorithm (SAD). We sweep all the positions in the frame, and then the block with the smallest metric is the tracked block. For two blocks X and Y the SAD calculated by $SAD = \sum_{i=1}^M \sum_{j=1}^N |X(i, j) - Y(i, j)|$ (1)

2.4 Re-identification

Fig. 1 presents a detailed flowchart of this stage of re-identification and online construction of database DB containing the history of each person.

3 EXPERIMENTAL RESULTS AND DISCUSSION

To test our system we build our own database. Fig. 2 presents some results for the detection and localization stages. We use the histogram of the silhouette to avoid the effect of the background Fig. 3.

The global system was tested on a real data set collected by three cameras. The experimental results show that our approach leads to very satisfactory results with an opportunity for improvement in the re-identification stage, by using local histograms instead of using a global one. Also as a future work, we plan to evaluate our method quantitatively and compare it with other methods.

References

1. Vezzani, R., Baltieri, D., Cucchiara, R.: People reidentification in surveillance and forensics: A Survey. *ACM Comput. Surv.* 46, 1–37 (2013).
2. Zaman, H. B., Saad, M. H. M., Saghafi, M. A. and Hussain, A.: Review of person re-identification techniques. *IET Computer Vision*, 8(6), pp. 455–474 (2014).

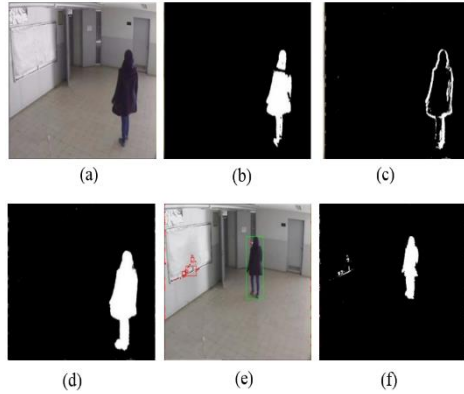


Fig. 2. (a) Original image, (b) Results of MoG, (c) Results by difference, (d) Results of the holes filling of the OR between b and c, (e) Localization and verification, and (f) Results of detection.

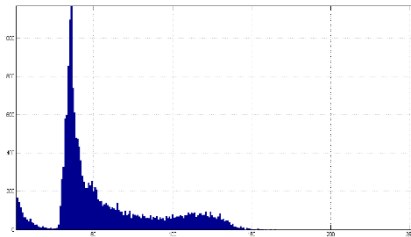


Fig. 3. histogram of the silhouette

Codage binaire avec seuil pour la résolution du problème de partitionnement de graphes avec des algorithmes génétiques

Ali Chaouche, Menouar Boulif

Département d'informatique
Université M'hamed Bougara de Boumerdes

Résumé. Le problème de partitionnement de graphes est l'un des problèmes les plus omniprésents en optimisation. Pour le résoudre, les méthodes approximatives sont en général utilisées car il fait partie des problèmes NP-Complets. Parmi ces méthodes, les algorithmes génétiques (AG) ont montré leur utilité, mais leur efficacité dépend en majeure partie de la nature et de la taille du codage utilisé pour représenter les individus de la population. Dans cet article, on s'intéresse à un codage binaire à base d'arêtes et à l'effet de ne considérer qu'un sous-ensemble de celles-ci sur la performance de l'AG.

Mots clés: Partitionnement de graphe, algorithme génétique, codage binaire.

Introduction

Le partitionnement de graphes consiste à décomposer l'ensemble des sommets d'un graphe en sous-ensembles disjoints et de taille modérée ; de façon à optimiser le coût des liaisons entre ces sous-ensembles. Ce problème étant NP-Complet, l'utilisation de méthodes approchées telles que les algorithmes génétiques (AG) semble être la piste la plus prometteuse.

La performance des AGs repose essentiellement sur le codage des individus. Dans la littérature, un AG utilisant une représentation binaire présente un ensemble de signes prometteurs [1]. Nous estimons que ce codage peut être amélioré par la considération d'un seuil prédéterminé sur les poids des arêtes à utiliser dans la représentation des solutions.

Codage binaire avec seuil

Dans le codage binaire [1], chaque solution est représentée par un vecteur de taille égale au nombre d'arêtes du graphe. Une composante de ce vecteur indique si l'arête est *intra* ou *inter*-cluster. Dans cette contribution, nous considérons un seuil sur les poids des arêtes à considérer pour la construction du codage. Par exemple, en supposant l'instance de graphe de la Figure 1.a, en supposant un seuil égal à 9, on obtient le graphe de la Figure 1.b. En d'autres termes, l'application de ce seuil revient à éliminer toutes les arêtes ayant un poids inférieur ou égal au seuil à la condition que leur suppression n'engendre pas la déconnexion du graphe (Dans cette figure, ces arêtes sont représentées avec un trait discontinu). Le graphe partiel obtenu n'est pas nécessairement un arbre.

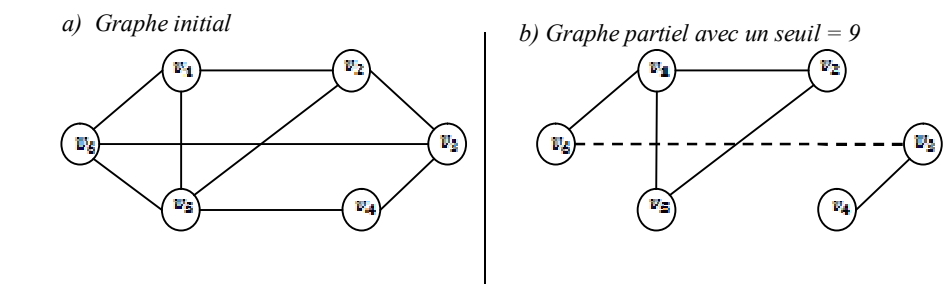


Fig. 1. Exemple d'application de seuil

Analyse des Résultats

COSI'17

Trois métriques sont utilisées. La première, la Moyenne des Meilleures Fitness (MMF), permet de juger la qualité. La métrique Nombre de Solutions Visitées (NSV) mesure la rapidité de la méthode pour converger vers la meilleure solution obtenue. La Moyenne des Meilleurs Temps d'exécution (MMT) mesure le temps de réponse.

Plusieurs instances de graphes (le nombre de sommets appartient à [15,121] et celui d'arêtes à [55,1980]) ont été utilisées. Les figures Fig.2 à 4 montrent les résultats obtenus.

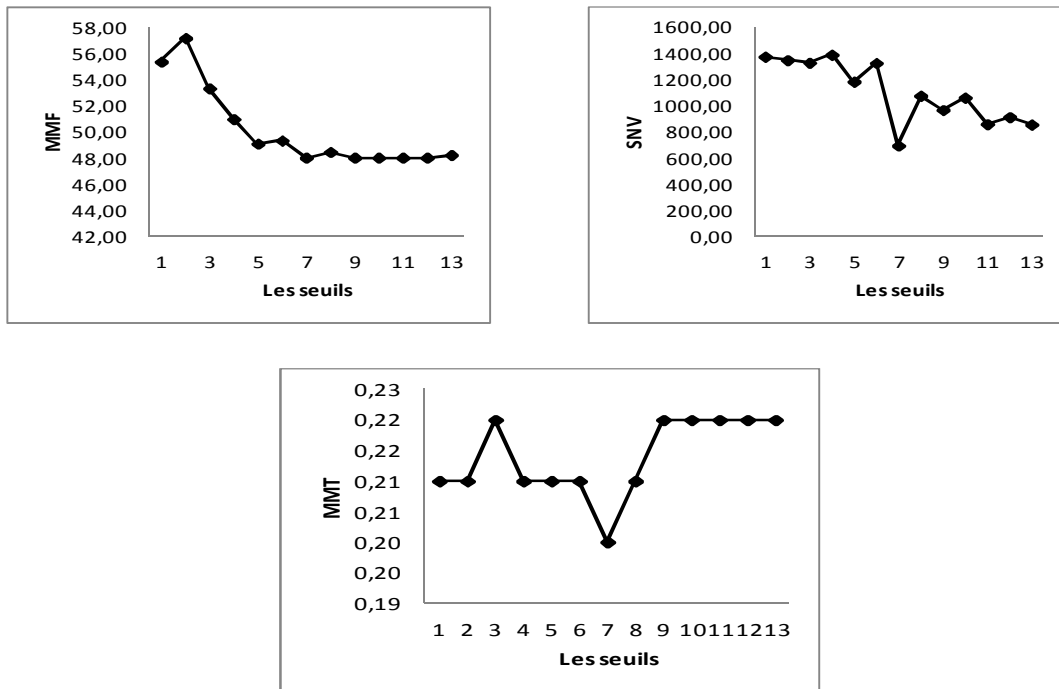


Fig. 2-4. Les résultats

Les résultats obtenus montrent que le nombre ainsi que la pondération des arêtes ont un impact direct sur le rendement de l'algorithme génétique. Néanmoins, ceci n'est pas toujours le cas car en supprimant certaines arêtes, l'AG devient incapable de *voir* certaines solutions qui peuvent représenter de bonnes solutions voire des solutions optimales.

Conclusion

Les résultats obtenus montrent que les performances de l'AG dépendent du nombre d'arêtes à utiliser pour représenter les individus de la population ainsi que la pondération des arêtes choisies. En outre, nous avons remarqué que la nature même du graphe à partitionner et la dispersion des arêtes dans ce graphe ont aussi un impact très important. Ceci explique la mauvaise qualité de certaines solutions obtenues pour un nombre réduit d'arêtes alors que pour certains seuils engendrant un nombre d'arêtes plus important nous avons obtenu des résultats plus intéressants pour la même instance. Comme amélioration de ce travail, nous envisageons analyser l'impact de la même approche lorsqu'elle est appliquée sur le cas dynamique.

Références

1. Boulif, M. Atif, K.: A new Branch-&-Bound-enhanced genetic algorithm for the manufacturing cell formation problem, *Comput. Operat. Res.* 33 :2219–2245. (2006)

Algorithme génétique de clustering dans les réseaux de capteurs sans fil

Ranida Hamidouche ¹, Zibouda Aliouat ¹ and Abdelhak Mourad Gueroui ²

¹ Université Ferhat Abbas Setif 1, Département d'informatique, El Bez, Setif, Algerie

² Université de Versailles, St Quentin, Yvelines, France

{ranida.hamidouche, zaliouat}@univ-setif.dz, mourad.gueroui@uvsq.fr

Résumé. Les réseaux de capteurs sans fil (RCSFs) sont devenus ces dernières années un domaine de recherche très important. Une nouvelle ère est ouverte avec les algorithmes inspirés de la nature. Dans cet article, nous avons proposé une approche basée sur les algorithmes génétiques pour le clustering dans les RCSFs. L'objectif de ce mécanisme est de prolonger la durée de vie d'un capteur et d'améliorer la qualité de service (QoS). Nous avons fait des simulations sur l'algorithme proposé et avons comparé les résultats obtenus avec ceux des algorithmes existants. Les résultats démontrent que l'algorithme proposé surpasse les algorithmes existants en termes de diverses mesures de performance.

Mots-clé: Réseaux de capteurs sans fil; RCSFs; Bio-Inspirée; Algorithme Génétique; LEC-GA; Clustering; Optimisation d'énergie; Durée de vie.

1 Introduction

Le couplage des connaissances dans plusieurs domaines de spécialisation scientifique a conduit récemment à l'émergence des solutions à des problèmes complexes considérés comme impossibles à résoudre à l'époque. On note tout simplement la bio-informatique comme exemple de cette orientation. Dans cet article, nous sommes dans le cadre du couplage génétique/réseau.

2 Contribution

Cet article présente un nouveau protocole de clustering basé sur les algorithmes génétiques afin de maximiser la durée de vie du réseau et d'améliorer sa QoS. L'algorithme de clustering proposé prend en compte de nouveaux paramètres pour optimiser le mécanisme de sélection des CHs (Cluster Head). Il introduit deux caractéristiques incluant l'énergie et le poids d'un noeud (c'est-à-dire le nombre de voisins des voisins). En utilisant l'algorithme génétique, nous explorerons tout l'espace de recherche pour arriver à une optimisation souhaitée (meilleur nombre et localisation du CH), donc une économie d'énergie (algorithme 1). Le fonctionnement de LEC-GA est divisé en cycles, où chaque cycle commence par une phase d'initialisation, lorsque nous trouverons le nombre optimal de CHs et affecterons les noeuds au CH approprié, suivie d'une phase de transmission, où les données captées seront transmises aux CH puis à la station de base.

3 Résultats de Simulation

Nous avons comparé notre méthode avec deux méthodes existantes: LEACH présenté par [1] (Une méthode de clustering distribuée) et LEACH-C présenté par [2] (une méthode de clustering centralisée) en utilisant le simulateur NS2. La figure 1 représente la durée de vie du réseau pour le protocole LEACH, LEACH-C et pour notre proposition LEC-GA. 'R' est le rayon de transmission du nœud ($R = 30$). ($R + X$) signifie que le rayon augmente de la valeur X dans chaque round (X appartient à $[5,25]$ et $X \bmod 5 = 0$). Lorsque $X = 0$, le rayon est fixe pour tous les rounds. la figure 1 montre que tout nos résultats sont supérieurs à ceux de LEACH et LEACH-C.

Algorithm 1: LEC-GA : Habilité d'un nœud d'opérer comme un CH

```

Data: Une population de  $N$  nœuds vivants du réseau
Result: Nœuds CHs
begin
  A. Initialisation de la population
  for Chaque nœud do
    1- Calculez  $E(avg) = \frac{\sum_{i=1}^N E_{S_i}}{N}$ 
    //  $E_{S_i}$  Énergie résiduelle du nœud
    B. Évaluation des performances
    if  $E_{S_i} \leq E(avg)$  then
      | Nœud non CH
    else
      C. Sélection pour la reproduction
      1- Calculez  $Weight(S_i) = \frac{E_{S_i}}{\sum_{j=1}^m D(S_i, S_n) + \dots + D(S_i, S_m)}$ 
      2- Triez la liste des  $Weight$  en ordre décroissant
      D. Évaluation des performances des enfants
      if Nœud se trouve dans les 70% des cases premières de  $W$  then
        E. Sélection pour le remplacement
        1- Calculez  $SNL(S_i)$ 
        if  $SNL(S_i) \leq T_n$  then
          | Nœud non CH
        end
        if nombre aléatoire  $< T_n$  then
          F. Meilleur individu //Arrêter l'algorithme
          Choisir le nœud comme CH
        end
      end
    end
  end
end
end
end

```

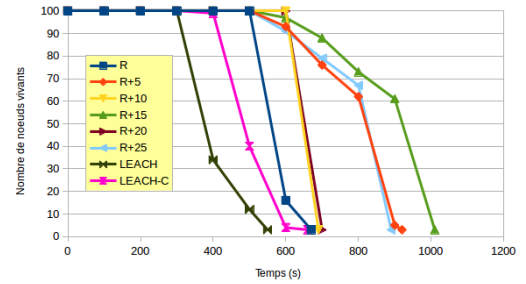


Fig. 1: La durée de vie du réseau dans LEACH, LEACH-C et LEC-GA avec un round=25

4 Conclusion

Dans cet article, nous avons présenté un algorithme pour le clustering économe en énergie pour les RCSFs. Nous avons montré que l'algorithme équilibre la durée de vie des CHs et réduit la consommation d'énergie des capteurs. On peut observer que l'exécution périodique d'un algorithme génétique pour le clustering permet de conserver l'énergie globale du système avec une opérabilité maximale.

References

1. A. Chandrakasan, H. Balakrishnan and W. Heinzelman: Energy-efficient communication protocol for wireless sensor networks. In: The International Conference System Sciences, Hawaii, (2000)
2. W. R. Heinzelman and al.: An Application-Specific Protocol Architecture for Wireless Microsensor Networks. IEEE Transaction on Wireless Communications, 1(4), October (2002)

Multi-objective optimization by genetic algorithm and Pareto approach of PID controller parameters

Younes Elmir¹, Samira Chouraqui¹

¹University of Sciences and Technology/ Department of Computer Science, Oran, 31000, Algeria

{elmyns4, s_chouraqui}@yahoo.fr

Abstract. PID controller is the most employed in every facet of industrial automation. This paper proposes a Genetic Algorithms Multi objective (MOGA) approach for Proportional, Integral and Derivative (PID) controller parameters optimization. The Genetic Algorithm technique is a stochastic global search method that emulates the process of natural evolution. The simulation results of Genetic Algorithms method show the capability of locating high performance areas in complex domains.

Keywords: Genetic Algorithms, Multi objective approach, PID controller, tuning.

1 Introduction

The design of the PID controller involves the determination of three parameters: the proportional, integral, and derivative gains. Over the years, various tuning methods have been proposed to determine the optimal parameters of PID controller and hence improve the controller performances. Such Artificial Intelligence techniques include multi objective optimization, evolutionary algorithm, fuzzy systems, Artificial Bee Colony, ... In all of those optimization techniques, an objective or cost function is defined to evaluate the performance of the PID controller [1]. This work, studies a tuning method using Multi-objective Genetic Algorithm (MOGA) to find the optimized parameters of the PID controller in order to achieve the required performance specifications of the processes under consideration [2].

2 PID controller

PID controller parameters consist of three separate parameters: proportionality, integral and derivative values denoted k_p , k_i , and k_d respectively. Appropriate setting of these parameters will improve the dynamic response of a system, reduce overshoot, eliminate steady state error and increase stability of the system [3].

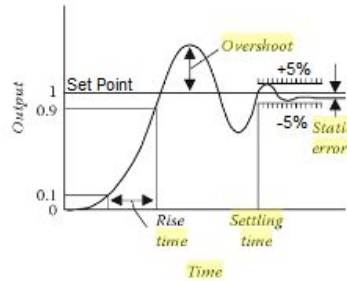


Fig. 1. Response type of a stable process.

- Overshoot(OS)**=
(Overshoot-Set point)/Final value (%)
- Static error(SE)**=
(Final value-Set point)/Set point
- Settling time(TS)**=
when the signal enters the tube for the last time at + or - 5 %
- Rise time(TR)**=
time required for the response to rise from 1% to 90% of its final value.

5 Multi-Objective optimization

Multiobjective optimization (MOO) considers optimization problems involving more than one objective function to be optimized simultaneously. A multi-objective optimization problem with constraints can be defined as follows:

$$\begin{cases} \min f_i(\vec{x}) & i = 1, \dots, o \\ \text{s.t. } C_l(\vec{x}) & l = 1, \dots, m \\ \vec{x} \in \mathbb{R}^n \end{cases} \quad (1)$$

Where:

- "n" represents the number of variables,
- "x" a decision vector,
- "o" the number of objectives (criteria),
- and "m" the number of constraints of the problem [7].

References

1. Mohd S. Saad, Hishamuddin Jamaluddin, Intan Z. M. Darus, PID Controller Tuning Using Evolutionary Algorithms, WSEAS TRANSACTIONS on SYSTEMS and CONTROL, 2224-2856, Issue 4, Volume 7, October 2012.
2. Alain Berro, Multi-objective optimization and evolution strategies in dynamic environment, doctoral diss., University of Social Sciences Toulouse I, France, 2001.
3. Mickaël CAMUS, Etienne DEGUINE, Daniel ROSS, Telecom ParisTech, Regulation by PID, 26/02/10.
4. Rajib Kumar Bhattacharjya, Introduction To Genetic Algorithms, IIT Guwahati, 07/11/2013.
5. Settings of a PID loop, The National Institutes of Standards and Technology, US Department de Commerce, http://www.linuxcnc.org/docs/html/-motion/pid_theory_fr.html, [01/11/2015].
6. Félix-Antoine Fortin, Marc Parizeau, Revisiting the NSGA-II Crowding-Distance Computation, vision and digital systems laboratory, department of Electrical and Computer Engineering, Laval University Québec, Canada, 2013.
7. PID Regulator, <http://fr.academic.ru/dic.nsf/frwiki/1420378>, [01/11/2015].
8. Kumara Sastry, David Goldberg : University of Illinois, USA, Graham Kendall : University of Nottingham, UK, GENETIC ALGORITHMS.
9. Multi objective Optimization, Polytechnic School, University of Paris-Saclay, <http://chairesd.polytechnique.fr/accueil/recherche/optimisationmulti-objective/optimisation-multiobjectif-32146.kjsp>, [07/11/2015].
10. Vincent Barichard — Jin-Kao Hao, LERIA – Faculty of Sciences University of Angers, A hybrid approach for multi-objective optimization under constraints.
11. Melanie Mitchell, Genetic Algorithms: An Overview, Santa Fe Institute.

A New Aligner to Resolve Multiple Sequence Alignment Problem

Lamiche Chaabane¹

¹ Department of Computer Science,
Mohamed Boudiaf University, Algeria
Lamiche07@gmail.com

Abstract. In this work, a new aligner based on metaheuristics to solve multiple sequence alignment (MSA) problem is developed. The proposed model takes the advantages of the SA algorithm and incorporate them in the (PSO) algorithm core in order to overcome its local optimum problem and its premature convergence. Numerical results on BaliBASE benchmark have shown the potent of the proposed method to give better solutions for the MSA problem compared to those obtained by some literature works in the same field.

Keywords: *New aligner; multiple sequence alignment; SA; PSO; BaliBASE benchmark.*

1 Introduction

Multiple sequence alignment (MSA) has been identified as one of the challenging tasks in bioinformatics [1]. The main problem in MSA is its exponential complexity with the considered input data set. Actually, the iterative algorithms have been increasingly used to solve the MSA problem. In this study, we propose an hybrid algorithm called PSOSA algorithm to solve the MSA. The developed model is the combination between both PSO algorithm and SA technique. The remainder of the paper is organized as follows: section 2 presents both PSO and SA concepts. In section 3, our proposed PSOSA algorithm is explained in detail. In section 4, the simulation results are provided. Finally, the study is concluded in section 5.

2 Preliminaries

PSO is a population-based optimization algorithm proposed by Kennedy and Eberhart [5]. Each particle is a potential solution to the problem. Initial positions and velocities of the particles are chosen randomly, each particle's position is updated at each iteration step according to its own personal best position and the best solution of the swarm. SA is a stochastic iterative method that attains an optimal solution by performing modifications on existing solutions at each step [2].

3 Proposed Method

Our proposed algorithm combines the PSO with SA, so the new model called (PSOSA) conducts both global search and local search in every iteration.

PSOSA Pseudo-code

- Step 1** : Initialize the population randomly;
Step 2 : Evaluate each particle's score;
Step 3 : Generate *PSO-population* and *SA-population*
Step 3.1 :Update *PSO-population* using PSO algorithm;
Step 3.2 :Update *SA-population* using SA algorithm
Step 4 Combine *PSO-population* and *SA-Population* and update "*pbest*", "*gbest*"
Step 5 :Repeat Step 2-Step 4 until the termination criterion was met.
Step 6 : Output the result.

4 Simulation and Results

All obtained results by GA, PSO, ABC and our PSOSA algorithm using the BALiBase 1.0 library [3] the average SPS values are summarized in table 1.

Table 1. Comparison results.

Seq. name	Algorithm	Average	Seq. name	Average	Sequence name	Average
SH3	GA[4]	0.60.90	protein kinase	0.3508	aminotrans ferase	0.3646
	PSO [4]	0.6444		0.4848		0.5819
	ABC [4]	0.6895		0.4951		0.5819
	Our PSOSA	0.7584		0.5446		0.6400
cytochrome c	GA[4]	0.5141	anthranilate isomerase	0.3317	glutamyltrna synthetase	0.3738
	PSO [4]	0.6252		0.3813		0.3987
	ABC [4]	0.6451		0.3825		0.4040
	Our PSOSA	0.7096		0.4207		0.444
serine protease	GA [4]	0.7455	serine protease	0.3792	taq DNA polymerase	0.2500
	PSO [4]	0.7120		0.2626		0.2533
	ABC [4]	0.7956		0.4178		0.2569
	Our PSOSA	0.8751		0.4595		0.2825

According to the results shown in table VI, it is clear that tests using BALiBASE 2.0 benchmark dataset display clearly the potent of using PSOSA to make global multiple alignment.

5 Conclusion

In this work, a hybrid approach is proposed to solve MSA problem. The developed method combines between advantages of PSO algorithm particularly its simplicity in implementation and its inexpensive computational overhead and those of simulated annealing as a local improvement approach enable the hybrid algorithm to overlap local optima and intensify its search ability in local regions. The results reported in this paper show the superior capability of our hybrid model compared to others of the literature.

References

1. Thompson, J.D., Thierry, J.e., Poch, O.: Rapid Scanning and Correction of Multiple Sequence Alignments. *Bioinformatics* 19, (2003)
2. Lindgreen1, S., Gardner, P., Krogh1, A.: MASTR: Multiple Alignment and Structure Prediction of Non-coding RNAs Using SA. *Bioinformatics* 23, 3304--3311 (2007)
3. Thompson, J. D., Plewniak, F., Poch, O.: BALiBASE: A Benchmark Alignment Database for the Evaluation of Multiple alignment Programs. *Bioinformatics* 15, 87--88 (1999)
4. Lei, X.: Artificial Bee Colony Algorithm for Solving Multiple Sequence Alignment. In: Proc. of 2010 IEEE Fifth International Conference on BIC-TA, pp. 337--342 (2010)
5. Kennedy, J., Eberhart, F.: Particle Swarm Optimization. In: Proc. of IEEE International Conference on Neural Networks, pp.1942--1948. Perth, Australia (1995)

Routage basé sur la stabilité de lien utilisant la logique floue Cas **protocole AODV**

Gasmi Rim¹, Chetebani chafia², Moussaoui Ali²

¹Université Farhat Abbas Setif 1

²Université Mohamed Elbachir Elibrahimi Bordj Bou Arréridj

Gasmi34000@gmail.com, Aek.chafia@gmail.com

moussaoui_1@yahoo.fr

Résumé : Aujourd'hui, la plupart des protocoles de routage retenus par le groupe MANET (Mobile Adhoc Network) de l'IETF (Internet Engineering Task Force) ne prennent pas en compte la QoS (Quality of Service). Dans la majorité des cas, les messages sont acheminés à travers le plus court chemin disponible, Le choix du plus court chemin est très important mais la question est-ce que le plus court chemin est un bon choix pour améliorer la qualité de service dans les protocoles de routage ? Dans le cadre d'améliorer la qualité de service dans le protocole AODV(Ad-hoc On-demand Distance Vector), nous avons proposé le protocole AODV-FL(AODV with Fuzzy Logic) qui est une solution de sélection de meilleurs chemins basée sur la décision approchée de l'application de la logique floue qui utilise trois métriques essentielles : la force de signal , le taux d'occupation de la file d'attente et la bande passante des nœuds voisins. Les résultats de simulation obtenus, montrent l'efficacité et le degré des performances de notre protocole en comparaison avec le protocole AODV.

Mots clés : MANET, ROUTAGE, AODV-FL, QoS.

1 Introduction

Le protocole AODV est l'un des protocoles les plus visés par la recherche .De nombreux travaux de recherche sont proposés pour améliorer sa qualité de service. Nous pouvons cité les travaux de [1] qui proposent une méthode pour sécuriser l'envoi des paquets RREQ et RREP, aussi [5]qui utilisent la vitesse et le délai comme indicateurs de qualité de service des nœuds intermédiaires, et [4] qui développent un protocole de routage AODV sécurisé et optimisé utilisant les algorithmes de colonies de fourmis. Dans notre travail on a utilisé une combinaison de métriques (force de signal, taux d'occupation de la file d'attente, bande passante) et avec la décision finale de la logique floue on choisit la route la plus stable et la moins chargée.

2 Travail proposé

Dans notre proposition, l'établissement d'itinéraire se fait sur demande. Chaque nœud demandeur lance une recherche d'itinéraire par la diffusion du message RREQ à ses voisins. ce dernier contient : l'adresse de nœud source, OriginatorSequenceNumber ,l'adresse de destination , SequenceNumber ,RREQ ID (Broadcast ID),on a ajouté un champ appeler FL_Minimale dans le paquet RREQ qui prend toujours la valeur minimale des valeurs floues calculées par les nœuds intermédiaires qui participent à la procédure de découverte de route entre la source et la destination . Chaque nœud reçoit le paquet RREQ il compare @ destination avec son adresse. Deux cas possible : S'ils sont les mêmes alors c'est lui la destination. Sinon, le nœud vérifie s'il a déjà reçu un RREQ avec le même ID (Broadcast ID) et adresse d'émetteur de paquet (@ source). Pour éviter les boucles, si c'est le cas ; le nœud doit ignorer le paquet RREQ. Dans le cas contraire le nœud devient un nœud intermédiaire et enregistre ensuite dans son cache la paire «Broadcast ID, @source» pour rejeter le future doublons et le nœud continue le traitement de paquet RREQ. Alors on a les cas suivant : si le nœud intermédiaire trouve un chemin dans sa table de routage vers la destination et si son numéro de séquence de destination est supérieur ou égale au numéro de séquence dans le paquet RREQ il envoie un paquet de réponse de route (RREP) à la source. Dans le cas où le nœud n'a pas d'itinéraire vers la destination, il enregistre le chemin inverse vers la source et mis à jour la valeur du champ FL_Minimale qui se trouve dans sa table de routage. Quand la destination reçue tous les paquets RREQ ; cette dernière elle fait la comparaison entre toute les valeurs FL_Minimale des paquets RREQ reçue la route qui a la valeur maximale est sélectionnée. Elle l'insère dans le paquet RREP (on note que RREP est unicast) et elle l'envoie à la source. Le nouveau paquet RREP modifié contient les champs suivant :

OriginatorIPAddress(@source),DestinationIPAddress(@destination),DestinationSequenceNumber, Lifetime (TTL), FL_Maximale (qui prend toujours la valeur Maximale de champ FL_Minimale de tous les paquets RREQ reçue par La destination). Alors chaque nœud intermédiaire reçoit le message de réponse RREP, rajoute une entrée vers la destination dans sa table de routage.

3 Résultat

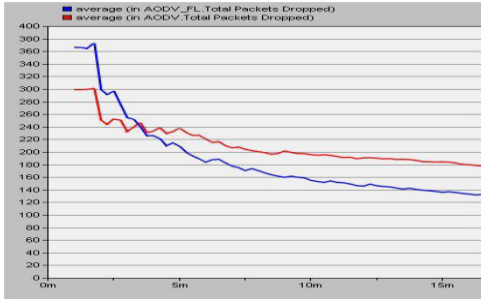


Fig1. Nombre de paquets perdus

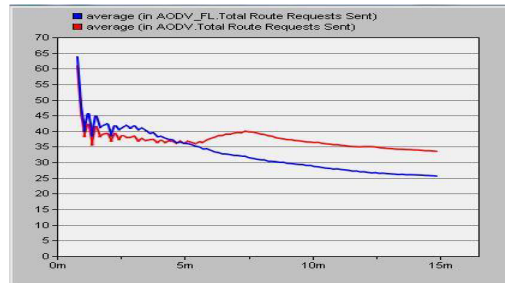


Fig2. Nombre de paquets RREQ envoyés.

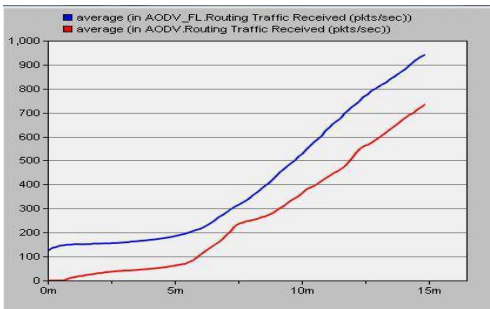


Fig3. Nombre de paquets reçus

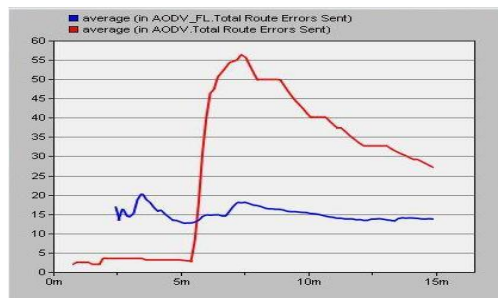


Fig4. Nombre de paquets erreur envoyés

4 Conclusion

Ce travail est proposé pour améliorer la qualité de service dans le protocole AODV en utilisant la logique floue, les résultats obtenues montrent clairement que notre protocole AODV-FL est plus performant que le protocole AODV classique.

Références

- [1] A.Chavana. D.S. Kurule, P.U. Dere. Performance Analysis of AODV and DSDV Routing Protocol in MANET and Modifications in AODV against Black Hole Attack. 7th International Conference on Communication, Computing and Virtualization 2016. Procedia Computer Science 79 (2016) 835 – 844
- [2] A. Moussaoui.A. Boukeream. A link-state QoS routing protocol based on link stability for Mobile Adhoc Networks. Journal of Network and Computer Applications (2013)
- [3]A.Moussaoui.A. Boukeream .A survey of routing protocols based on link-stability in mobile ad hoc networks: Journal of Network and Computer Applications (2015).
- [4] H. Simaremare. A development of secure and optimized AODV routing protocol using ant algorithm. Thesis (2013).
- [5] S.Tyagi. S. Som . Q.P Rana. A Reliability Based Variant Of AODV In MANETs: Proposal , Analysis And Comparison. 7th International Conference on Communication, Computing and Virtualization 2016. Procedia Computer Science 79 (2016) 903 – 911.

Extension des Plateformes Big Data Pour la Prise en Charge des Algorithmes Dynamiques et Asynchrones par l'Utilisation des CRDT

Mennour Rostom, Batouche Mohamed

Département de l' Informatique Fondamentale et ses Applications
Faculté des NTICs
Université Constantine 2 - Abdelhamid Mehri
Constantine, Algérie
{rostom.mennour,mohamed.batouche}@univ-constantine2.dz

Résumé Dans cet article, nous proposons une amélioration de la plateforme Spark qui permettra d'effectuer des traitements asynchrone par l'utilisation de la technologie des CRDT. Notre extension rajoute deux composantes a l'architecture de la plateforme Spark pour pouvoir améliorer a la fois son temps d'exécution et sa consommation de mémoire.

Keywords: CRDT, Cohérence des données, Big data, Systèmes Distribués, Spark, Algorithmes Asynchrones

1 Introduction

Dans cet article, nous proposons A-Spark (Asynchronous Spark), une amélioration de la plateforme Spark qui sépare les données d'un programme de son état. A-Spark permettra d'effectuer des mises a jour concurrentes de manière asynchrone sur un état global partagé, ce qui n'augmentera pas seulement les algorithmes qui peuvent être développés sur Spark (Algorithmes faisant beaucoup de mise a jour sur un état mutable), mais enrichissra aussi la manière dont ils doivent être écrits (Algorithmes asynchrones, paradigme impératif).

2 A-Spark

L'approche proposée dans cet article consiste à séparer les données du programme de son état changeable. Dans cette proposition les RDD seront conserver pour représenter les données du programme, par contre, ils seront remplacés par des CRDT pour la représentation de l'état changeable. Ceci pourrait améliorer la consommation en mémoire de Spark quand il s'agit d'algorithmes apportant des modifications continues a l'état du programme, ainsi qu'une amélioration en terme de temps d'exécution vu la capacité des CRDT à tolérer des lectures et écritures asynchrones.

Afin de partager un état changeable entre les taches d'un même job Spark, tout

en gardant à l'esprit les propriétés de disponibilité et de cohérence de données, nous avons proposé une nouvelle implémentation des CRDT sur la plateforme Spark. Comme l'objectif principal de Spark est de traiter des données dites massives, trop de transfert de données serait inapproprié. De ce fait, nous avons opté pour l'utilisation des CRDT basés sur les opérations, aussi connus comme CmRDT (Commutative Replicated Data Type).

- Le premier composant est appelé '*Serveur de mises à jour*', il est déployé sur la machine driver et a pour rôle de collecter et accumuler les mises à jour (vu leur nature commutative et associative) depuis tous les worker, pour cela un job Spark est lancé en parallèle avec le premier qui exécute l'algorithme de l'utilisateur, cette opération est parfaitement tolérée par la plateforme. Puis le serveur de mise à jour diffuse les résultats de l'accumulation calculé pendant la première étape.
- Le second composant est appelé '*Client de mises à jour*', il est déployé sur chacune des machine worker et a pour tâche le stockage des mises à jour locales jusqu'à ce que le premier composant les demande, ainsi que l'application des mises à jour reçues sur l'état changeable partagé.

3 Résultats Experimentaux

Les résultats montrent la supériorité de notre extension par rapport à la plateforme Spark. En effet, quand des mises à jour sont apporté sur les entrées du programme, la version de Synchrones de Spark effectue tout le travail de puis le début et consomme pratiquement le même temps, par contre notre implémentation asynchrone ne traite que les nouveaux changement et consomme beaucoup moins de temps comme montrer lors de la 2eme exécution.

4 Conclusion

Dans ce travail, nous avons proposé une amélioration de la plateforme Spark afin qu'elle puisse effectuée des opérations asynchrone sur une état global changeable. Notre extention ajoute deux composante a l'architecture originale de Spark a savoir le serveur de mises à jour et le client de mises à jour qui s'exécutent respectivement sur les machine driver et workers.

Systèmes Immunitaires Artificiels pour la Prédiction de Défauts Logiciels

Ahmed Taha Haouari, Labiba Souici-Meslati, Fadila Atil

Laboratoire LISCO, Université Badji Mokhtar-Annaba, BP 12, Annaba 23000, Algérie
ahmed-taha.haouari@univ-annaba.org, labiba.souici@univ-annaba.org, atil_fadila@yahoo.fr

Résumé. La prédiction de défauts logiciels est un domaine de recherche complexe qui fait, depuis un certain nombre d'années, l'objet de nombreux travaux. L'une des approches les plus utilisées consiste à appliquer des méthodes d'apprentissage automatique sur des métriques logicielles afin de classer les entités d'un système comme étant sujettes, ou non, aux défauts.

Bien que les approches bio-inspirées immunologiques possèdent des propriétés intéressantes pour l'apprentissage et la classification, elles sont relativement peu utilisées pour la prédiction de défauts logiciels.

Dans ce contexte, notre objectif est de construire, évaluer et comparer des modèles de prédiction de défauts logiciels basés essentiellement sur des systèmes immunitaires artificiels. Pour cela, en utilisant cinq bases de données issues du référentiel Promise, nous avons construit un ensemble de classificateurs basés sur douze méthodes d'apprentissage automatique, dont huit algorithmes immunitaires, pour la prédiction de défauts logiciels. Les résultats obtenus nous encouragent à continuer l'exploration des approches bio-inspirées pour la prédiction de défauts logiciels.

Mots clés : Apprentissage automatique, Systèmes immunitaires artificiels, Classification, Prédiction, Défauts logiciels,

1 Introduction

Durant ces dernières années, nous constatons un intérêt grandissant vers l'étude des systèmes d'inspiration biologique. A l'instar des réseaux de neurones qui s'inspirent du système nerveux humain, les systèmes immunitaires artificiels (Artificial Immune Systems ou AIS) se basent sur les paradigmes responsables de la protection contre les maladies dans le corps des mammifères [3].

Une des utilisations possibles des AIS est la prédiction de défauts logiciels (Software Fault Prediction), qui est devenue un des principaux axes de recherche pour l'amélioration de la qualité logicielle. Dans ce domaine, les chercheurs utilisent l'historique des programmes précédents, principalement sous forme de métriques logicielles, pour construire des modèles de prédiction. Des méthodes d'apprentissage automatique peuvent ainsi être utilisées afin de pouvoir classer les entités logicielles (classes ou méthodes, par exemple) des nouvelles applications comme étant sujettes aux défauts (fault prone) ou non sujettes aux défauts (not fault prone) [1, 3].

Malgré un nombre important de travaux de recherche dans le domaine de la prédiction de défauts de logiciels, peu d'entre eux utilisent les systèmes immunitaires artificiels pour la construction d'un modèle de prédiction de défauts dans les programmes. Les rares études dans ce contexte ont été principalement conduites par Catal et Diri [2, 3] et, plus récemment, par Abaei et Selamat [1]. Ces travaux se rejoignent sur le fait qu'ils n'ont appliqué des algorithmes immunitaires que sur la même base de données libre de la NASA [5].

L'objectif principal de notre travail est de construire, évaluer et comparer plusieurs classificateurs basés sur des systèmes immunitaires artificiels pour la prédiction de défauts logiciels afin de déterminer le classificateur immunitaire le plus adapté à ce problème. Pour atteindre cet objectif, nous avons mené une étude expérimentale de construction et d'évaluation de classificateurs pour la prédiction de défauts logiciels. Cette étude inclut 12 algorithmes d'apprentissage automatique dont 8 algorithmes immunitaires, appliqués sur cinq bases différentes, issues de cinq logiciels orientés objet, se trouvant dans le référentiel PROMISE [4] spécialisé dans les données liées au domaine du génie logiciel.

2 Expérimentations et résultats

Les huit classifieurs immunitaires construits sont basés sur les algorithmes suivants: les trois versions du système immunitaire artificiel pour la classification (AIRS1, AIRS2 et AIRS2 Parallèle), la sélection clonale (CLONALG), CSCA (Clonal Selection Classifier Algorithm) et les trois implémentations de Immunos-81 (Immunos1, Immunos2 et Immunos-99). Nous avons construit quatre autres classifieurs basés sur : le perceptron multicouche (MLP), les arbres de décision (J48), Random Forest (RF) et Naive Bayes (NB). Nous avons utilisé l'aire sous la courbe ROC (AUC-ROC) pour évaluer les performances de ces classifieurs sur cinq bases de données. Ces performances sont synthétisées dans le tableau suivant.

Algorithme	Camel 1.6	Lucene 2.4	Poi 3.0	Xalan-2.5	Xerces-1.4	Total
AIRS1	0.561	0.602	0.696	0.564	0.683	0.6212
AIRS2	0.522	0.599	0.716	0.548	0.706	0.6182
AIRS2 Parallèle	0.55	0.61	0.713	0.593	0.663	0.6258
CLONALG	0.491	0.586	0.596	0.546	0.536	0.551
CSCA	0.503	0.603	0.746	0.639	0.79	0.6562
Immunos 1	0.566	0.57	0.565	0.549	0.757	0.6014
Immunos 2	0.5	0.5	0.5	0.588	0.5	0.5176
Immunos 99	0.531	0.558	0.559	0.548	0.747	0.5886
J48	0.616	0.687	0.772	0.677	0.913	0.733
NB	0.675	0.728	0.805	0.609	0.845	0.7324
MLP	0.706	0.733	0.773	0.689	0.901	0.7604
RF	0.746	0.788	0.89	0.786	0.953	0.8326

3 Conclusion et perspectives

D'après les résultats obtenus, nous pouvons déduire que l'algorithme RF (forêts aléatoires d'arbres décisionnels) est le meilleur algorithme d'apprentissage pour la prédiction de défauts logiciels, parmi ceux que nous avons sélectionnés. Ainsi, les résultats obtenus sont en concordance avec ceux trouvés dans la littérature. Une nouveauté que nous avons obtenue, est que le classifieur CSCA est le meilleur classifieur immunitaire pour la prédiction de défauts logiciels, ce qui va à l'encontre des résultats de Abaei et Selamat [1], les seuls ayant utilisé CSCA pour la prédiction de défauts. D'autre part, l'implémentation parallèle de l'algorithme AIRS (AIRS2 parallèle) donne des résultats proches de ceux d'AIRS 1 et 2, aux alentours de 0.62 et non meilleurs comme dans d'autres travaux [2, 1]. Les implémentations de l'algorithme Immunos-81 (Immunos 1-2 et 99) ne donnent pas des résultats très concluants, surtout Immunos 1 et 2 dont on ne peut pas modifier les paramètres pour essayer d'adapter l'algorithme car ils ne sont pas disponibles comme CLONALG et Immunos-99.

Les résultats obtenus nous incitent à poursuivre nos expérimentations en intégrant un plus grand nombre de bases de données et de classifieurs bio-inspirés. Nous allons aussi étudier si les systèmes immunitaires artificiels sont adaptés pour résoudre le problème de prédiction des défauts inter-projets, où les données d'apprentissage sont extraites d'autres logiciels et non d'une version antérieure d'un même logiciel.

Références

1. Abaei, G., Selamat, A.: A survey on software fault detection based on different prediction approaches. Vietnam J. Comput. Sci. 1, 79–95 (2013).
2. Catal, C., Diri, B.: Investigating the effect of dataset size, metrics sets, and feature selection techniques on software fault prediction problem. Inf. Sci. (Ny). 179, 1040–1058 (2009).
3. Catal, C., Diri, B.: Software Fault Prediction with Object-Oriented Metrics Based Artificial Immune Recognition System. LNCS 4589, 300–314 (2007).
4. Menzies T., Krishna R., Pryor D.: The Promise Repository of Empirical Software Engineering Data. <http://openscience.us/repo> North Carolina State Univ. Dep. Comput. Sci. (2016).
5. Sayyad Shirabad, J., Menzies, T.J.: The PROMISE Repository of Software Engineering Databases., School of Information Technology and Engineering, University of Ottawa, Canada <http://promise.site.uottawa.ca/SERepository> (2005).

Avec le soutien de

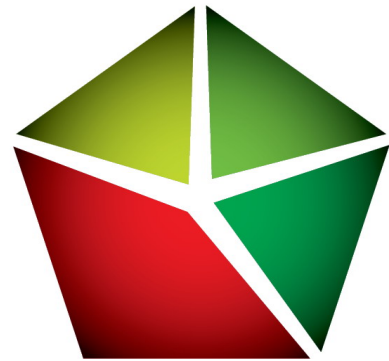
Université Akli Mohand Oulhadj (Bouira)

&

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche
Scientifique



Sonelgaz



Agence thématique de
recherche en sciences
et technologie



Office des publications
universitaires (OPU)



SARL OULED ELHADJ RABEH
ENTREPRISE DES GRANDS TRAVAUX
PUBLICS ET HYDRAULIQUES ET BATIMENTS