

THÈSE

En vue de l'obtention du Diplôme de Doctorat en Sciences

Présenté par : BAGHDADI Mohamed

**Contribution à l'Analyse et à la Segmentation
d'Images Médicales 3D**

Faculté : Mathématiques et Informatiques

Département : Informatique

Spécialité : Informatique

Option : Imagerie Médicale

Devant le Jury Composé de :

<i>Membres de Jury</i>	<i>Grade</i>	<i>Qualité</i>	<i>Domiciliation</i>
<i>BELMADANI Abderrahim</i>	<i>Pr</i>	<i>Président</i>	<i>USTO-MB</i>
<i>BENAMRANE Nacéra</i>	<i>Pr</i>	<i>Encadrant</i>	<i>USTO-MB</i>
<i>BESSAID Abdelhafid</i>	<i>Pr</i>		<i>UNIV-Tlemcen</i>
<i>TALEB Nassredine</i>	<i>Pr</i>		<i>UNIV-Sidi Bel Abess</i>
<i>ZOUAGUI Tarik</i>	<i>MCA</i>	<i>Examineurs</i>	<i>USTO-MB</i>
<i>GHOMARI Abdelghani</i>	<i>MCA</i>		<i>UNIV-ORANI</i>
<i>SAIS Lakhdar</i>	<i>Pr</i>	<i>Invité</i>	<i>UNIV Artois, LILLE, France</i>

Année Universitaire : 2018/2019

Remerciements

En premier lieu, je remercie sans cesse Allah le tout miséricordieux d'être mon appui, mon repère, de m'avoir guidé et éclairé la vie par le savoir, et de m'avoir donné la volonté et le courage pour dépasser toutes les difficultés, et d'aller jusqu'au bout.

Je ne peux ensuite qu'exprimer ma profonde reconnaissance envers **Professeur BENAMRANE Nacéra**, Directrice du Laboratoire Signal-Image-Parole - université des sciences et de la technologie d'Oran, de m'avoir dirigée durant cette thèse. Je la remercie pour sa haute compétence professionnelle, ses qualités humaines, sa patience, sa grande disponibilité, ses encouragements, et surtout pour les précieux conseils qu'elle m'a prodigués, et tous les commentaires qu'elle a su me faire durant toutes ces années. J'ai beaucoup appris à ses côtés et je la remercie pour tout cela.

J'adresse de chaleureux remerciements au **Mr. SAIS Lakhdar**, Professeur à l'université d'Artois- LILLE- France, pour l'intérêt qu'il a manifesté envers mon travail, pour son attention sur mes travaux, pour ses conseils avisés et son aide, en particulier dans la rédaction de mes articles scientifiques.

J'adresse mes profonds remerciements et ma profonde reconnaissance à **Mr. BELMADANI Abderrahim**, Professeur à l'université des sciences et de la technologie d'Oran qui a eu l'amabilité d'accepter de juger mes travaux en tant que président de jury.

Je tiens à remercier très chaleureusement les membres de jury : **Mr BESSAID Abdelhafid**, Professeur à l'université de Tlemcen, **Mr TALEB Nassredine**, Professeur à l'Université de Sidi Bel Abess, **Dr ZOUAGUI Tarik**, Maître de Conférences à l'université des Sciences et de la Technologie d'Oran, **Dr GHOMARI Abdelghani**, Maître de Conférences à l'Université d'Oran 1, pour l'intérêt qu'ils ont porté à ce travail de recherche en acceptant de l'examiner, de l'évaluer et de l'enrichir par leurs conseils précieux.

Finalement, mes remerciements iront à tous ceux qui, de près ou de loin, ont contribué à l'accomplissement de ce modeste travail, et qui n'ont pas pu être cités ici : famille, amis, collègues, personnel.

Résumé

La segmentation d'IRM cérébrale anatomique est une tâche importante et indispensable à de nombreuses applications. Elle permet la visualisation de la surface 3D du cerveau et servir de support pour des études fonctionnelles, elle est largement utilisée dans les études statistiques de la morphologie des structures cérébrales, dans la détection des pathologies, ou encore dans la planification et la simulation des opérations chirurgicales. La segmentation du cerveau est une tâche difficile en raison de la complexité des structures anatomiques du cerveau ainsi que de la non-uniformité des intensités, des effets de volume partiels et du bruit. Généralement, les structures d'intérêts sont de taille compliquée et présentent des variations de forme importantes, et leurs contours peuvent être flous ou manquants. Les méthodes de segmentation basées sur des modèles flous ont été développées pour surmonter l'incertitude causée par ces effets. Malgré leurs avantages, l'utilisation du modèle flou seul a des limites.

Dans cette thèse, nous proposons une nouvelle méthode de segmentation des structures cérébrales (FGFMM : Fuzzy Generalized Fast Marching Method) basée sur une combinaison de modèle flou et de modèle déformable et avec les connaissances anatomique a priori. Notre méthode se décompose en deux grandes parties. Initialement, une étape préliminaire permet de construire les différentes cartes d'informations, en particulier une carte floue, utilisée comme source d'information principale ; cette carte est construite en utilisant la méthode Fuzzy C-means (FCM). Ensuite, un modèle déformable mis en œuvre avec la méthode de la Marche Rapide Généralisée (GFMM : Generalized Fast Marching Method) évolue vers la structure à segmenter sous l'action d'une force normale définie à partir de ces cartes d'information. En ce sens, nous avons utilisé une puissante fonction d'évolution basée sur un modèle flou adaptée aux structures cérébrales. Trois autres extensions de FGFMM sont aussi présentées. La première extension concerne l'ajout d'une carte de contour au modèle flou et l'utilisation de certaines règles adaptées au processus de segmentation. La seconde extension consiste en l'utilisation de plusieurs modèles évoluant simultanément pour segmenter plusieurs structures. La troisième extension consiste à utiliser des modèles déformables compétitifs guidés par des connaissances a priori.

La méthode proposée a été utilisée pour plusieurs applications: la segmentation des tissus cérébraux (matière blanche, matière grise et le liquide céphalo-rachidien), le cortex cérébral et les ventricules latéraux, les hémisphères cérébraux et le cervelet, même pour une application plus difficile qui est la segmentation des noyaux gris profonds. Nous avons validé la méthode proposée qualitativement et quantitativement sur des bases d'IRM cérébrales synthétiques et réelles (BrainWeb et IBSR) et nous l'avons également comparée avec plusieurs méthodes de l'état de l'art. Les résultats obtenus sont satisfaisants et prometteurs avec un faible temps de calcul.

Mots-clés: *segmentation, IRM, imagerie cérébrale, ensembles de niveau, GFMM, FCM, connaissances a priori, relations spatiales, atlas.*

Abstract

Anatomical cerebral MRI segmentation is an important and indispensable task for many applications. It allows visualization of the 3D surface of the brain and serves as a support for functional studies; it is widely used in statistical studies of the morphology of brain structures, in the detection of pathologies, or in the planning and simulation of surgical operations. Segmentation of the brain is a difficult task because of the complexity of the anatomical structures of the brain as well as the non-uniformity of the intensities, the partial volume effects and the noise. Generally, the structures of interest are of complicated size and have significant shape variations, and their borders may be fuzzy or missing. Fuzzy models based segmentation methods have been developed to overcome the uncertainty caused by these effects. Despite their advantages, the use of the fuzzy model alone has some limitations.

In this thesis, we propose a new method of brain structures segmentation (FGFMM: Fuzzy Generalized Fast Marching Method) based on a combination of fuzzy model and deformable model and anatomical a priori knowledge. Our method is divided into two main parts. Initially, a preliminary stage makes it possible to construct the various information maps, in particular a fuzzy map used as a principal information source; this map is constructed using the Fuzzy C-means method (FCM). Then, a deformable model implemented with the Generalized Fast Marching Method (GFMM) evolves towards the structure to be segmented under the action of a normal force defined from these information maps. In this sense, we used a powerful evolution function based on a fuzzy model, adapted to brain structures. Three other extensions of FGFMM are also presented. The first extension concerns the addition of an edge map to the fuzzy model and the use of some rules adapted to the segmentation process. The second extension consists in the use of several models evolving simultaneously to segment several structures. The third extension consists in using competitive deformable models guided by a priori knowledge.

The proposed method is used for several applications: segmentation of brain tissue (white matter, gray matter and cerebrospinal fluid), cerebral cortex and lateral ventricles, cerebral hemispheres and cerebellum, even for a more difficult application that is the segmentation of deep gray nuclei. We validated the proposed method qualitatively and quantitatively on synthetic and real brain MRI data (BrainWeb and IBSR) and we also compared it with several state-of-the-art methods. The proposed method has achieved satisfactory and promising results with low computation time.

Keywords: *segmentation, MRI, brain imaging, level sets, GFMM, FCM, a priori knowledge, space relations, atlas.*

Table des matières

Remerciement

Résumé

Abstract

Introduction Générale.....2

Chapitre 1 Imagerie par Résonance Magnétique cérébrale : Généralités

1.1 Introduction 8

1.2 NOTIONS ELEMENTAIRES D'ANATOMIE CEREBRALE 8

1.2.1 L'ENCEPHALE..... 9

1.2.2 SUBSTANCES PRINCIPALES 10

1.2.3 STRUCTURES CEREBRALES D'INTERET 12

1.3 OBSERVATION DU CERVEAU AVEC L'IMAGERIE MEDICALE..... 13

1.4 L'IMAGERIE PAR RESONANCE MAGNETIQUE (IRM)..... 14

1.4.1 PRINCIPE D'ACQUISITION DE L'IRM 15

1.4.2 PARTICULARITE DES IMAGES IRM 17

1.4.3 INTERET DES VOLUMES IRM 19

1.4.4 LES ARTEFACTS COURANTS D'IRM 20

a) *Les artefacts de mouvement*..... 21

b) *Le bruit aléatoire*..... 21

c) *Le volume partiel*..... 22

d) *Les inhomogénéités des intensités*..... 23

e) *Autres artefacts*..... 25

1.5 LA SEGMENTATION D'IMAGES 25

1.5.1 PROBLEMATIQUE..... 25

1.5.2 DEFINITION DE LA SEGMENTATION 26

1.5.3 APPLICATIONS ET INTERETS DE LA SEGMENTATION..... 26

1.5.4 DIFFICULTES DE LA TACHE DE SEGMENTATION..... 27

1.5.5 EVALUATION DE LA SEGMENTATION 28

1.6 CONCLUSION 29

Chapitre 2 Segmentation des structures cérébrales en IRM : état de l'art

2.1 INTRODUCTION.....32

2.2 LES MODELES DEFORMABLES.....33

2.3 APPROCHES STRUCTURELLES.....37

2.3.1 LIGNE DE PARTAGE DES EAUX 39

2.4 LES METHODES PAR CLASSIFICATION.....40

2.4.1 LA METHODE DES K PLUS PROCHES VOISINS (KPPV)..... 40

2.4.2 K-MOYENNES 40

2.4.3 LA METHODE DES C-MOYENNES FLOUES 41

2.4.4 LA METHODE MEAN-SHIFT 42

2.4.5 MACHINE A VECTEURS DE SUPPORT (SVM) 45

2.4.6 METHODE BAYESIENNE..... 47

a) *Mélanges de gaussiennes* 47

b) *Champs de Markov* 51

2.5 TECHNIQUES SPECIFIQUES.....	55
2.5.1 UTILISATION DE LA TOPOLOGIE	55
2.5.2 UTILISATION D'ATLAS.....	58
2.5.3 METHODES BASEES SUR LA FORME	61
a) <i>Modèle actif de Forme</i>	61
b) <i>Modèle Actif d'Apparence</i>	63
2.5.4 PRISE EN COMPTE DES HOMOGENEITES DE CHAMPS (BIAIS EN INTENSITES)	64
a) <i>les approches séquentielles</i>	64
b) <i>les approches couplées</i>	65
2.6 CONCLUSION.....	67

Chapitre 3 Modèles déformables et Logique floue

3.1 INTRODUCTION.....	70
3.2 MODELES DEFORMABLES.....	70
3.2.1. LES MODELES DEFORMABLES PARAMETRIQUES	70
a) <i>Mise en œuvre de la déformation des contours actifs paramétriques</i>	71
b) <i>Forces additionnelles aux contours actifs</i>	72
c) <i>Les surfaces actives (extension 3D du snake)</i>	74
d) <i>Les inconvénients du modèle snake</i>	76
3.2.2 LES MODELES DEFORMABLES NON PARAMETRIQUES : LES ENSEMBLES DE NIVEAU (LEVEL SETS)	76
a) <i>Principe et équation d'évolution des ensembles de niveaux</i>	76
b) <i>Implémentation des level sets</i>	81
c) <i>Condition de stabilité des level sets</i>	81
d) <i>Les variantes des ensembles de niveau</i>	82
e) <i>Méthodes d'accélération</i>	84
f) <i>La méthode GFMM (Generalised Fast Marching Method)</i>	93
3.3 LA LOGIQUE FLOUE.....	99
3.3.1 GENERALITE SUR LA LOGIQUE FLOUE.....	99
a) <i>Définitions</i>	100
b) <i>Éléments caractéristiques des sous ensembles flous</i>	101
c) <i>Les relations floues</i>	102
d) <i>T-normes et t-conormes</i>	102
e) <i>Règles floues</i>	103
3.3.2 SYSTEME FLOU	103
a) <i>Fuzzification</i>	105
b) <i>Inférence</i>	105
c) <i>La défuzzification</i>	106
3.3.3 MODELES FLOUS.....	107
a) <i>Modèle de Mamdani</i>	107
b) <i>Le modèle de Takagi-sugeno</i>	108
3.3.4 APPLICATIONS DE LA LOGIQUE FLOUE EN SEGMENTATION D'IMAGES CEREBRALES	109
a) <i>La méthode des C-moyennes floues (FCM)</i>	109
b) <i>Relations spatiales floues</i>	115
3.4 CONCLUSION	116

Chapitre 4 Approche proposée pour la segmentation des structures cérébrales

4.1 INTRODUCTION.....	119
4.2 LA METHODE PROPOSEE POUR LA SEGMENTATION DES STRUCTURES CEREBRALES FGFMM (FUSSY GENERALISED FAST MARCHING METHOD)	119
4.2.1 LE CHOIX DU MODELE DEFORMABLE UTILISE	120
4.2.2 AMELIORATION DE GFMM CLASSIQUE.....	121
4.2.3 LA CONSTRUCTION DE LA CARTE FLOUE (<i>FUZZY MAP</i>)	123

4.2.4 LA CONSTRUCTION DE LA CARTE DE VITESSE (<i>VELOCITY MAP</i>)	123
4.2.5 REPRESENTATION DE L'INTERIEUR DE LA CIBLE DE SEGMENTATION	124
4.2.6 FORCE D'EVOLUTION DES ENSEMBLES DE NIVEAU	125
4.2.7 FONCTION D'ARRET $G_1 (U_{BRIDGE})$	126
4.2.8 LE SIGNE DE PROPAGATION S	127
4.3 FGFMM AVEC CARTE DE CONTOUR.....	128
4.3.1 AJOUT D'UN TERME DE GRADIENT DANS LA FONCTION D'ARRET	128
4.3.2 LES DIFFERENTES ETAPES DE LA METHODE.....	128
4.3.3 FONCTION D'ARRET $G_2 (\nabla I)$	130
4.3.4 UTILISATION D'UNE HEURISTIQUE	130
4.5 FGFMM AVEC CONNAISSANCES A PRIORI.....	136
4.5.1 PRETRAITEMENT.....	139
a) <i>Alignement des volumes</i>	139
b) <i>Extraction du parenchyme cérébral</i>	139
c) <i>Détection du plan inter-hémisphérique</i>	140
4.5.2 RELATIONS SPATIALES FLOUES	141
a) <i>Calcul de la relation de distance</i>	142
b) <i>Calcul de la relation d'orientation</i>	143
c) <i>Calcul de la relation de symétrie</i>	145
d) <i>Fusion de relations spatiales</i>	146
e) <i>Arbre de structures utilisées</i>	146
4.5.3 ATLAS ANATOMIQUE	148
4.5.4 ATLAS PROBABILISTE	150
a) <i>Calcul des paramètres statistiques</i>	150
4.5.5 LA FORCE D'EVOLUTION DU MODELE DEFORMABLE INTEGRANT DES CONNAISSANCES A PRIORI	151
a) <i>Construction de la force représentant les relations spatiales</i>	151
b) <i>Construction de la force représentant les informations a priori de l'atlas probabiliste</i>	152
4.6 CONCLUSION	153
 <u>Chapitre 5 Résultats Expérimentaux et discussions</u>	
5.1 INTRODUCTION.....	155
5.2 BASES D'IMAGES UTILISEES.....	155
5.2.1 BASE BRAINWEB	155
5.2.2 BASE IBSR (INTERNET BRAIN SEGMENTATION REPOSITORY)	155
5.3 MESURE UTILISEE POUR LA VALIDATION.....	155
5.4 PRETRAITEMENT : GENERATION D'UN MASQUE DU CERVEAU.....	158
5.5 VALIDATION DE LA METHODE PROPOSEE (FGFMM) SUR DES VOLUMES SIMULES.....	159
5.5.1 COMPARAISON AVEC D'AUTRES TECHNIQUES	162
5.6 VALIDATION DE LA METHODE PROPOSEE (FGFMM) SUR DES VOLUMES IRM REELS..	168
5.6.1 SEGMENTATION DES TISSUS CEREBRAUX (MATIERE BLANCHE, MATIERE GRISE).....	168
5.6.2 SEGMENTATION DU CERVEAU TOUT ENTIER ET DES VENTRICULES LATERAUX.....	179
5.6.3 SEGMENTATION DES HEMISPHERES CEREBRAUX ET DU CERVELET	185
5.7 RESULTATS DE FGFMM AVEC CONNAISSANCES A PRIORI	189
5.7.1 SEGMENTATION DES HEMISPHERES CEREBRAUX ET DU CERVELET	189
5.7.2 SEGMENTATION DES NOYAUX GRIS CENTRAUX	191
5.8 CONCLUSION	194
Conclusion Générale.....	196
Références Bibliographiques.....	199

Liste des figures

Chapitre 1

- Figure 1. 1 – l'encéphale, composée du cerveau, du cervelet et du tronc cérébral.....9
- Figure 1. 2 – Le cerveau et les organes qui l'entourent [Prima 2001].....10
- Figure 1. 3 – Vue coronale du cerveau et localisation des principaux noyaux gris [Watkins 2016].....11
- Figure 1. 4 – Principaux tissus du cerveau sur un volume IRM pondéré en T1. Les deux images sont prises de la base IBSR [Wels 2011].....11
- Figure 1. 5 – Illustration du changement d'état du spin d'un noyau sous l'action d'un champ radiofréquence, et de son retour à l'état initial en émettant un signal [Steinmetz 2007].....16
- Figure 1. 6 – Principe d'acquisition des volumes IRM [Iochum 2001].....17
- Figure 1. 7 – Les différents types d'acquisition en IRM. Les quatre images sont prises de la base IBSR [Wels 2011].....19
- Figure 1. 8 – Coupes du cerveau sur des volumes IRM pondérés en T1 (à gauche) et T2 (à droite). Sur la coupe pondérée en T1 les tissus apparaissent clairement, cependant sur la coupe pondérée en T2, la matière grise et la matière blanche semblent presque confondues. (Les deux images sont prises de la base IBSR [Wels 2011]).....20
- Figure 1. 9 – Artefacts dû au mouvement de la tête sur une IRM. La flèche montre la position de ce type d'artefacts. Cette image est prise dans la base d'images IBSR [Wels 2011].....21
- Figure 1. 10 – Problème de bruit aléatoire en IRM. Le bruit d'une IRM suit une distribution de Rice qui peut être approchée par une distribution gaussienne dans les régions où l'intensité de l'image n'est pas proche de zéro. Les deux images sont prises de la base d'images Brainweb [Cocosco 1997].....22
- Figure 1. 11 – Artéfact de volume partiel dû à la discrétisation de l'espace.....23

Chapitre 2

- Figure 2. 1 – Résultats de segmentation obtenus par Mean Shift. (a) Image originale (base BrainWeb), (b) Vérité terrain et (c) Résultat de la segmentation [Mayer 2006].....43
- Figure 2. 2 – Illustrations des résultats de segmentation des tumeurs cérébrales par SVM, (a) méningiome, (b) un gliome, et (c) une tumeur hypophysaire [Lee 2005].....46
- Figure 2. 3 – Segmentation des tumeurs cérébrales. De gauche à droite: T1-Gd, T2, FLAIR et Tumeur segmentée. En image segmentée signal lumineux est la région active, sombre le signal est le noyau nécrotique et le signal de niveau moyen est l'œdème (source [Ism 2016]).....46
- Figure 2. 4 – Architecture générale du système proposé dans [Alfonse 2016] pour la détection des tumeurs.....47

Figure 2. 5 – Résultats de la segmentation des trois tissus (matière blanche, matière grise et liquide céphalo-rachidien) en utilisant la méthode GFMM bayésienne [Baghdadi 2010].....	51
Figure 2. 6 – Résultats de la segmentation coopérative entre tissu et structure par la méthode LOCUS-T. le résultat de la segmentation des tissus (MB, MG et LCR) par LOCUS-T est montré sur la deuxième colonne. Les troisième et quatrième colonnes montrent respectivement la segmentation des structures sous-corticales et leurs reconstructions 3D fourni par LOCUS-T [Scherrer 2009].....	53
Figure 2. 7 – Segmentation des noyaux gris et des ventricules cérébraux du cerveau A gauche : coupe axiale de l'image originale, au centre : contours des ventricules et des noyaux gris, à droite : rendu volumique du résultat de segmentation [Xue 2011].....	55
Figure 2. 8 – Résultat de la segmentation des tissus cérébraux (MB, MG, et LCR) par la méthode TOAD sur la base Brainweb. (a) image avec 3% bruit et 0% inhomogénéité, (b) image avec 5% bruit et 20% inhomogénéité, (c) image avec 9% bruit et 0% inhomogénéité [Bazin 2007].....	57
Figure 2. 9 – Résultat 3D de la segmentation des tissus cérébraux (MB, MG, et LCR) par la méthode TOAD avec atlas statistique (source [Bazin 2008]).....	58
Figure 2. 10 – Résultats de segmentation des structures sous-corticales sur un imageur IRM de haute résolution (7T). Les couleurs violet, vert et cyan présentent respectivement les structures Noyau codé, Thalamus et Putamen [Wu 2015].....	61
Figure 2. 11 – Résultats de segmentation des hippocampes en utilisant le modèle ASM [Ben rabeu 2017].....	62
Figure 2. 12 – Exemple de Modèle AAM tiré de [Price 2014]. À gauche, la paramétrisation 3D des hémisphères dans l'atlas MNI 152 et à droite, l'amélioration apportée par le modèle AAM	64
Figure 2. 13 – Le résultat de correction des homogénéités de champs des IRM de plusieurs imageurs (a) scanner de type GE 1.5T, (b) scanner de type Siemens 3T (c) scanner de type GE 4T (d) scanner de type Philips 7[Roy 2011].....	66
Figure 2. 14 – Image IRM avant la correction du biais (à gauche) et après (à droite) en utilisant la méthode des B-splines. Les structures sous-corticales sont beaucoup plus claires après la correction. Ligne du bas: Histogrammes d'intensité avant correction (à gauche) et après (à droite) [Fletcher 2013].....	66

Chapitre 3

Figure 3. 1 – Comparaison entre la méthode snake classique et la méthode de ballon, [cohen 1991].....	73
Figure 3. 2 – Application du modèle de ballon à une image [Cohen 1991].....	74
Figure 3. 3 – Courbe subissant une force normale [Sethian 1999].....	77
Figure 3. 4 – Principe des ensembles de niveau en 2D. A gauche : cercle en expansion, à droite : ensemble de niveau zéro d'une hypersurface conique correspondant au cercle en expansion (vert), et autres ensembles de niveau de la même hypersurface (bleu) [Sethian 1999].....	78

Figure 3. 5 – Gestion automatique des changements de topologie par la méthode des ensembles de niveaux : La première ligne d'images représente la carte des distances. Chaque carte est coupée en son niveau 0. Les contours correspondants constituent la deuxième ligne d'images [Sethian 1999].....	78
Figure 3. 6 – Illustration de la gestion automatique des changements de topologie par les ensembles de niveau [Sethian 1999].....	80
Figure 3. 7 – Evolution de l'interface (rouge) et mise à jour de la bande étroite (jaune)(source [Adalsteinsson 1995]).....	84
Figure 3. 8 – La méthode de la Bande étroite (tiré de [Keriven 1997]).....	85
Figure 3. 9 – Partitionnement du domaine de calcul pour FMM. Les flèches bleues (en trait épais) indiquent le sens de propagation de la narrow band [Adalsteinsson 1999].....	87
Figure 3. 10 – Exemple d'un arbre binaire parfait	89
Figure 3. 11 – Configuration des voxels	91
Figure 3. 12 – Coupe de la fonction ψ lors de l'initialisation pour la méthode Hermes [Paragios 1999].....	92
Figure 3. 13 – Avant et après l'évolution du front avec la méthode Hermes [Paragios 1999].....	93
Figure 3. 14 – Un front évoluant selon une vitesse normale [Forcadel 2009].....	94
Figure 3. 15 – Le front F^+ (points blancs), le front F^- (points noirs), la bande étroite NB^+ (points blancs cerclés) et la bande étroite NB^- (points noirs cerclés). Dans la zone blanche la vitesse est négative, et dans la zone grise la vitesse est positive [Carlini 2011].....	94
Figure 3. 16 – Graphe de la relation floue « approximativement égal à 3 ».....	102
Figure 3. 17 – Schéma général d'un système floue	104
Figure 3. 18 – Segmentation des noyaux gris centraux et des ventricules latéraux en utilisant Les relations spatiales [Colliot 2004]. L'image présente un rendu volumique du résultat et sa superposition sur l'IRM originale.....	116

Chapitre 4

Figure 4. 1 – Schémas général de l'approche proposée	120
Figure 4. 2 – Illustration du problème avec GFMM classique. Les cercles jaunes représentent les points de la bande étroite, tandis que les cercles bleus représentent les points utiles. Le front est représenté par la courbe rouge. Chaque voxel appartenant à la bande étroite utilise uniquement les informations fournies par son voxel utile voisin dans les directions horizontale et verticale et ignore les informations provenant du voxel utile dans la direction diagonale.....	122
Figure 4. 3 – Illustration des voxels utilisés pour le calcul du temps d'arrivée $u(I)$ pour le voxel de la bande étroite I dans GFMM améliorée. Le cercle jaune représente le point I de la bande étroite, et les	

cercles bleus représentent les points utiles pour le voxel I, tandis que les cercles noirs représentent les voxels à 2 unités de distance de I. Le front est représenté par la courbe rouge.....	123
Figure 4. 4 – Graphe de la fonction décroissante g_1	127
Figure 4. 5 – Deux modèles évoluent en concurrence.....	132
Figure 4. 6 – Un cas où deux modèles se rencontrent en un point P_0	133
Figure 4. 7 – Les différentes étapes de notre approche de segmentation utilisant des connaissances a priori	138
Figure 4. 8 – Structure de référence (image gauche), et carte floue correspondant à la relation "à droite de" (image droite). Le blanc dans la carte floue traduit une forte possibilité et le noir une possibilité nulle.....	142
Figure 4. 9 – Objet de référence (image gauche) et sa carte de distance (image droite).....	143
Figure 4. 10 – Paysages flous obtenus pour les relations « inférieure à » et « environ à » avec leur fonction d'appartenance	143
Figure 4. 11 – Représentation des directions en 3D selon le repère de Talairach	144
Figure 4. 12 – Angle minimal à R selon D	144
Figure 4. 13 – Exemple de la construction du paysage flou pour la relation « en position postérieur aux cornes frontales ».....	145
Figure 4. 14 – Description des structures cérébrales d'après <i>Neuronames</i> . Cette description n'est pas complète, la description complète comprend 863 structures	147
Figure 4. 15 – Le graphe de relation pour 15 structures cérébrales. L/R Ca: le noyau Caudé gauche/droit, L/R Pu: Le putamen gauche /droit, L/R Pa: le pallidum gauche/droit, LV: Ventricule latéral, 3V: Le troisième ventricule, 4V: Le quatrième ventricule, L/R Th: le thalamus gauche /droit, L/R Hi: hippocampe gauche /droit, L/R Am: amygdale gauche /droit.....	148

Chapitre 5

Figure 5. 1 – Les différentes étapes de construction du masque de cerveau. (a) image originale. (b) le résultat obtenu après l'application de la méthode Otsu. (c) le résultat obtenu après l'application successive des opérateurs morphologiques. (d) le résultat final.....	159
Figure 5. 2 – Résultats de segmentation de la matière blanche (A), la matière grise (B) et le liquide Céphalo-rachidien (C) en utilisant notre méthode sur des volumes T1 simulés (bruit=3%, Inhomogénéité =20%).....	160
Figure 5. 3 – Evaluation de la méthode proposée sur dix-huit images BrainWeb, pour différentes valeurs de bruit et d'inhomogénéité. Par exemple "INU20 / N3" signifie "image avec 3% de bruit et 20% d'inhomogénéité". Les valeurs DSC correspondantes sont montrées pour la matière blanche, la matière grise et le liquide céphalo-rachidien.....	161

Figure 5. 4 – Évaluation de la méthode proposée et comparaison avec d'autres méthodes sur dix-huit volumes de BrainWeb pour différentes valeurs de bruit et d'inhomogénéité. Les valeurs de DSC correspondantes sont montrées pour (A) MB, (B) MG et (C) LCR.....	163
Figure 5. 5 – Évaluation de la méthode proposée et comparaison avec SPM8, FAST / FSL et Freesurfer sur dix-huit volumes BrainWeb, pour différentes valeurs de bruit et d'inhomogénéité. Les valeurs de DSC correspondantes sont montrées pour (A) MB, (B) MG et (C) LCR.....	165
Figure 5. 6 – Évaluation de la méthode proposée et comparaison avec SPM8, FAST / FSL et Freesurfer. Cette figure montre la variation des résultats sur les différents niveaux de bruit (les valeurs représentées sur cette figure correspondent à la moyenne sur tous les niveaux d'inhomogénéité pour chaque niveau de bruit). Les valeurs de DSC correspondantes sont montrées pour (A) MB, (B) MG et (C) LCR.....	167
Figure 5. 7 – Résultats de la segmentation de la matière blanche pour un sujet de la base IBSR. Les trois premières colonnes (A) , (B), et (C) montrent des coupes coronales, sagittales et axiales, respectivement. La dernière colonne (D) montre une vue 3D du résultat (trois coupes). La surface de la matière blanche est présentée en couleur blanche.....	170
Figure 5. 8 – Vue 3D des résultats de la segmentation de la matière blanche pour un sujet de la base IBSR. (A), (B) et (C) présentent des méthodes de visualisation différentes.....	171
Figure 5. 9 – Résultats de la segmentation de la matière grise pour un sujet de la base IBSR. Les trois premières colonnes (A), (B) et (C) montrent des coupes coronales, sagittales et axiales, respectivement. La dernière colonne (D) montre une vue 3D du résultat. La surface de la matière grise est présentée en couleur blanche.....	172
Figure 5. 10 – Vue 3D des résultats de la segmentation de la matière grise pour un sujet de la base IBSR. (A), (B) et (C) présentent trois méthodes de visualisation 3D différentes.....	173
Figure 5. 11 – Evaluation de la méthode proposée sur 18 images de la base IBSR pour la segmentation de la matière blanche (MB) et la matière grise (MG).....	173
Figure 5. 12 – Evaluation de la méthode proposée et comparaison avec différentes méthodes de l'état de l'art sur 18 volumes de la base IBSR. Les valeurs de DSC correspondantes sont montrées pour (A) MB, et (B) MG	175
Figure 5. 13 – Résultats de segmentation de la matière blanche sur une image de la base IBSR (volume 13, coupe coronale 22). (a) image originale, (b) zoom sur la vérité terrain de la segmentation IBSR, (c) segmentation par GFMM Bayésienne, (d) segmentation par FGFMM, (e) zoom sur la vérité terrain de la segmentation IBSR, (f) zoom sur la segmentation par GFMM Bayésienne, (g) zoom sur la segmentation par FGFMM.....	176
Figure 5. 14 – Évaluation de la méthode proposée et SPM8, FAST / FSL, Freesurfer sur 18 volumes de la base IBSR. Les valeurs de DSC correspondantes sont montrées pour (A) MB, (B) MG	178
Figure 5. 15 – Différents Résultats de la segmentation du cerveau d'un sujet de la base IBSR. Chaque image présente une coupe différente du volume segmenté (vue coronale). Le contour du résultat de la segmentation apparaît en blanc.....	180

Figure 5. 16 – Résultats de la segmentation des ventricules latéraux. (A), (B) et (C) montrent respectivement des coupes axiales, coronales et sagittales. Le contour du résultat de la segmentation apparaît en blanc.....	181
Figure 5. 17 – Evaluation de la méthode proposée sur 18 volumes IBSR pour la segmentation du ventricule gauche, du ventricule droit et du cerveau tout entier.....	182
Figure 5. 18 – Évaluation de la méthode proposée et comparaison avec SPM8, FAST / FSL, Freesurfer et GFMM Bayésienne, sur 18 volumes IBSR pour la segmentation du cerveau tout entier	183
Figure 5. 19 – Évaluation de la méthode proposée et comparaison avec SPM8, FIRST / FSL, Freesurfer et GFMM Bayésienne, sur 18 volumes IBSR pour la segmentation du cerveau tout entier. Les valeurs de DSC correspondantes sont indiquées pour (A) le ventricule gauche, (B) le ventricule droit.....	184
Figure 5. 20 – Résultats de la segmentation des deux hémisphères et du cervelet. La troisième ligne (C) présente des différentes vues 3D des résultats.....	186
Figure 5. 21 – Les différentes valeurs de DSC obtenues en utilisant FGFMM Multi-objets pour la segmentation de l'hémisphère gauche, l'hémisphère droit et du cervelet	187
Figure 5. 22 – Evaluation de la méthode proposée et comparaison avec FIRST / FSL, Freesurfer sur 18 volumes de la base IBSR. Les valeurs de DSC correspondantes sont montrées pour (A) l'hémisphère gauche, (B) l'hémisphère droits et (C) le cervelet.....	188
Figure 5. 23 – Exemples de segmentation des hémisphères (rouge et vert) et du cervelet (bleu) sur la base IBSR	190
Figure 5. 24 – Résultats de Segmentation pour les noyaux caudés (jaune), putamens (vert), pallida (bleu) et thalami (rouge) sur la base IBSR. La dernière ligne (C) montre quelques vues 3D du résultat.	192
Figure 5. 25 – Valeurs DSC pour la segmentation des noyaux gris sur la base IBSR	192

Liste des tables

Tableau 1. 1 – Valeurs des temps de relaxation longitudinale (T1) et transversale (T2) pour quelques tissus pour un champ magnétique de 1,5 Tesla [Watkins 2016].....	18
Tableau 3. 1 – Les opérateurs T-norme et T-conorme.....	103
Tableau 5. 1 – Moyenne et écart-type (E-type) du coefficient de similarité DSC de différentes méthodes de l'état art et notre méthode de segmentation pour différentes valeurs de bruit (0%, 1%, 3%, 5%, 7%, 9%) et d'Inhomogénéité (0%, 20% , 40%).....	164
Tableau 5. 2 – Moyenne et écart-type (E-type) du coefficient de similarité DSC pour SPM8, FAST/FSL, et Freesurfer et notre méthode de segmentation pour différentes valeurs de bruit (0%, 1%, 3%, 5%, 7%, 9%) et d'Inhomogénéité (0%, 20% , 40%).....	164
Tableau 5. 3 – Valeurs moyennes et écarts types (E-type) du Coefficient de similarité DSC des différentes méthodes de l'état de l'art et notre méthode de segmentation pour MB et MG sur l'ensemble de données IBSR	177
Tableau 5. 4 – Moyennes et écarts-types (E-type) du coefficient de similarité DSC pour SPM8, FAST / FSL, Freesurfer et notre méthode pour la segmentation de MB et MG sur l'ensemble de données IBSR	178
Tableau 5. 5 – Moyennes et ecarts-types (E-type) des coefficients de similarité DSC obtenus avec les techniques FIRST / FSL, Freesurfer, GFMM Bayésienne et notre méthode FGFMM pour la segmentation du cerveau tout entier sur l'ensemble de données IBSR	183
Tableau 5. 6 – Moyennes et ecarts-types des coefficients de similarité DSC obtenus avec les techniques FIRST / FSL, Freesurfer, GFMM Bayésienne et notre méthode pour la segmentation du ventricule gauche (VG) et du ventricule droit (VD) sur l'ensemble de données IBSR.....	184
Tableau 5. 7 – Moyennes et écarts-types (E-type) des coefficients de similarité DSC obtenus avec FIRST / FSL, Freesurfer, et notre méthode pour la segmentation des hémisphères gauche (HG) et droit (HD) et du cervelet (CV) sur l'ensemble de données IBSR.....	187
Tableau 5. 8 – Temps de calcul (en secondes) de la segmentation des deux hémisphères et du cervelet	189
Tableau 5. 9 – Valeurs moyennes et écarts-types de l'indice de similarité DSC pour la segmentation de l'hémisphère gauche (HG), l'hémisphère droit (HD) et du cervelet (CV) sur la base IBSR. Ce tableau contient aussi les valeurs obtenues par la méthode AVM.....	191
Tableau 5. 10 – Les valeurs de similarité DSC par volume pour la segmentation des noyaux gris sur la base IBSR	193
Tableau 5. 11 – Valeurs moyennes de l'indice de similarité DSC obtenues avec la méthode proposée pour la segmentation du Thalamus, Putamen et du Noyau caudé. Une comparaison des valeurs de DSC entre la méthode proposée et d'autres travaux est aussi présentée dans ce tableau.....	193

Introduction

Générale

Introduction Générale

Contexte et problématique

Ces dernières décennies une grande variété de systèmes d'imagerie médicale ont été développés produisant aujourd'hui une quantité considérable d'informations anatomiques et fonctionnelles. Ces dispositifs puissants permettent de mieux comprendre le corps humain et améliorent l'état de santé des patients.

Les données médicales ont évolué de façon exponentielle en nombre et en qualité ces dernières années. De plus en plus de temps est consacré au tri de ces données, au regroupement des informations utiles et écartement de celles qui n'apportent rien, laissant de moins en moins de temps à l'interprétation et au diagnostic.

Pour pallier ce problème, les méthodes automatiques de traitement et d'analyse d'images médicales se sont multipliées. Ces méthodes passent par l'établissement d'une coopération entre des méthodes génériques issues du domaine de la vision par ordinateur. Les enjeux, les motivations et les contraintes de la médecine sont très particulières et demandent une très bonne connaissance du problème à traiter, ainsi qu'une étroite collaboration avec les cliniciens.

Les méthodes d'analyse et de traitements d'images médicales sont donc des outils génériques adaptés à des problèmes spécifiques.

Parmi ces méthodes, trois grandes catégories se distinguent : la fusion de données, c'est-à-dire les méthodes de mise en correspondance d'images, la segmentation de structures d'intérêt ou extraction de formes, et la modélisation des données.

Notre intérêt porte sur la segmentation d'images. En effet, La segmentation des images médicales est une problématique importante pour de nombreuses applications, notamment liées au diagnostic et au suivi de maladies. Elle peut aussi être utilisée comme étape préliminaire pour d'autres processus d'analyse d'images complexes. La segmentation constitue un domaine de recherche particulièrement actif depuis plusieurs années.

Aujourd'hui, la masse d'informations et de données produite par l'imagerie médicale est importante et est en augmentation constante. Des années auparavant, les acquisitions médicales étaient en 2D, aujourd'hui sont majoritairement en 3D. Ainsi, l'ensemble des examens IRM réalisés pour la préparation d'opérations neurochirurgicales ou pour l'étude de

pathologies cérébrales (tumeur, accident vasculaire cérébral, sclérose en plaque...) représente une quantité énorme d'informations.

L'interprétation automatique des IRM cérébrales est donc devenue un enjeu majeur. Cela montre la nécessité de développement des outils d'interprétation fiables pour assister Les médecins et les chercheurs en sciences cognitives dans leur prise de décision et dans l'interprétation de la masse d'information créée.

Une acquisition IRM en 3D produit un volume de données dont chaque élément est appelé voxel (volume element). L'interprétation des images consiste à donner une description symbolique des différents voxels constituant les images, c'est-à-dire à reconnaître et à décrire les différentes entités qui les composent. Il existe plusieurs outils d'interprétation des images, parmi eux, la segmentation constitue un maillon crucial dans de nombreuses applications et analyses quantitatives. Son but est d'attribuer à chaque voxel une étiquette permettant le décrire. Dans le cadre de la segmentation d'IRM cérébrales, trois niveaux de description sont généralement considérés :

(1) la segmentation en tissus, qui vise à décrire la composition de chaque voxel parmi les trois matières principales du cerveau : la matière blanche (MB), la matière grise (MG) et le liquide céphalo-rachidien (LCR). Cette interprétation est importante pour plusieurs applications, par exemple pour la reconstruction 3D du cortex (études en neurosciences cognitives), pour des études sur la variation de volume de matière grise, ou pour la planification des opérations chirurgicale du cerveau.

(2) la segmentation en structures, qui vise à décrire l'appartenance de chaque voxel à une structure cérébrale particulière comme le système ventriculaire, le thalamus, putamen, etc. Les applications de ce type d'interprétation sont variées. Elle est utilisée dans l'étude de volume des différentes structures lors de pathologies dégénératives comme la maladie de Parkinson, d'Alzheimer, etc., pour la séparation de la matière grise du cortex et matière grise des structures sous-corticales, etc.

(3) la segmentation des lésions cérébrales (tumeurs, sclérose en plaque, accidents vasculaires cérébraux) dans le cadre clinique, qui permet d'étudier leur localisation, leur volume, etc.

Un grand nombre d'artéfacts affecte les images IRM ce qui rend leur segmentation automatique difficile, par exemple le bruit dans les données, dû à la mesure physique qui ne peut être qu'imparfaite ; les variations d'intensité au sein d'un même tissu ou d'une même

structure, dont la source est à la fois matérielle et biologique ; l'effet de volume partiel, dû à la discrétisation de l'espace, etc. Ainsi, la segmentation manuelle a longtemps été utilisée pour les images IRM, cette segmentation est très coûteuse en temps (une segmentation manuelle de quelques structures sur un seul volume IRM peut prendre une demi-journée, car elle est effectuée sur chaque coupe).

Dans les images dont le contraste est faible, certaines frontières entre régions peuvent ne pas clairement apparaître et sont donc difficilement délimitables. La segmentation manuelle de ce type d'images introduit alors une variation intra- et inter-expert non négligeable. Premièrement cette segmentation est peu reproductible, même par le même expert et pour la segmentation de la même image par différents experts on peut avoir plusieurs versions différentes des résultats selon l'expérience personnelle de l'expert.

Aujourd'hui, des outils semi-automatiques sont largement utilisés (particulièrement pour la segmentation des structures ou des lésions), mais requièrent toujours l'intervention humaine. Pour toutes ces raisons, le développement des techniques de segmentation automatiques des structures cérébrales est devenu un enjeu majeur, en particulier des techniques permettant le traitement des artéfacts affectant les images IRM.

Description de nos travaux

Dans cette thèse nous proposons une méthode de segmentation automatique des structures cérébrales. Cette méthode est appliquée à la neuro-imagerie, et plus spécifiquement aux volumes d'IRM cérébraux.

Le cerveau dans les images IRM anatomiques apparaît comme un organe de forme très complexe, et les contours des structures qui le composent sont parfois peu visibles et présentent une grande variabilité, ce qui permet de tester la robustesse de notre approche dans un contexte peu favorable, et constitue donc un intérêt méthodologique. D'autre part, le fonctionnement du cerveau constitue jusqu'aujourd'hui un mystère et n'est pas complètement connu, alors la segmentation des éléments qui le composent constitue un intérêt médical.

La méthode proposée (FGFMM :Fuzzy Generalized Fast Marcing Method) est basée sur une combinaison de modèle flou , modèle déformable et des informations apriori des structures anatomiques et se décompose en deux grandes parties. Initialement, une étape préliminaire

permet de construire les différentes cartes d'informations, en particulier une carte floue, utilisée comme source d'information principale, construite en utilisant la méthode Fuzzy C-means (FCM). Ensuite, un modèle déformable mis en œuvre avec la méthode de la Marche Rapide Généralisée (GFMM : Generalized Fast Marching Method) évolue vers la structure à segmenter, sous l'action d'une force normale définie à partir de ces cartes d'information. En ce sens, nous utilisons une puissante fonction d'évolution basée sur un modèle flou, adapté aux structures cérébrales.

Trois autres extensions de FGFMM sont aussi présentées, la première extension concerne l'ajout d'une carte de contour au modèle flou et l'utilisation de certaines règles adaptées au processus de segmentation. La seconde extension consiste en l'utilisation de plusieurs modèles évoluant simultanément pour segmenter plusieurs structures. La troisième extension consiste à utiliser des modèles déformables compétitifs guidés par des connaissances a priori. Pour ce faire, plusieurs contours (surfaces en 3D) évoluent simultanément vers des cibles anatomiques préalablement définies. Cette méthode utilise plusieurs sources d'informations, (1) des informations sur les relations spatiales entre les structures, (2) des informations a priori sur la forme et la position des structures issues d'un atlas anatomique, et des données statistiques résultant d'un atlas probabiliste. L'ensemble des informations a priori est ensuite utilisé pour initialiser et faire évoluer en concurrence plusieurs modèles déformables où chaque modèle est spécifique à une structure particulière.

la méthode proposée est utilisée pour plusieurs applications: la segmentation des tissus cérébraux (matière blanche, matière grise et le liquide céphalo-rachidien), le cortex cérébral et les ventricules latéraux, les hémisphères cérébraux et le cervelet, même pour une application plus difficile qui est la segmentation des noyaux gris profonds qui sont de petites structures difficiles à localiser précisément et qui présente une forme très complexe.

Plan de la thèse

La thèse est organisée en cinq chapitres représentant les contributions essentielles de la thèse, ainsi que leur positionnement par rapport aux autres travaux réalisés sur le sujet.

Le Chapitre 1 introduit les termes et concepts essentiels pour appréhender l'analyse des images IRM cérébrales. Nous donnerons un rapide aperçu des différentes modalités d'imagerie médicale et nous nous focaliserons sur le principe de l'imagerie par résonance magnétique (IRM). Nous donnerons les différentes imperfections de ce type d'imagerie, à l'origine d'artefacts dans l'image. Nous présenterons ensuite quelques notions élémentaires d'anatomie cérébrale. Enfin nous donnerons une brève description du processus de segmentation, le principe et les notions de base sont décrits ainsi que les outils méthodologiques de la segmentation.

Le Chapitre 2 vise à établir un état de l'art des directions retenues dans la littérature pour la segmentation des structures cérébrales. Nous décrirons brièvement les principales familles d'approches pour la segmentation.

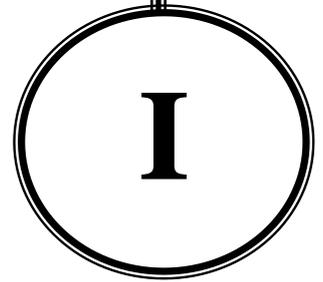
Le chapitre 3 détaille la segmentation en utilisant les modèles déformables et la logique floue. Concernant les modèles déformables L'accent est mis sur la segmentation par les modèles géométriques ou plus spécifiquement la méthode des ensembles de niveau, qui constituent le fondement de notre approche. Dans ce même chapitre, une partie est dédiée à La théorie des sous-ensembles flous et son application à la segmentation d'images médicales. Nous présenterons l'intérêt de la logique floue pour la segmentation des données médicales et expliquerons pourquoi la logique floue nous a semblé intéressante pour notre travail, tout en citant quelques applications en segmentation des structures cérébrales.

Dans le Chapitre 4 nous détaillerons notre approche de segmentation FGFMM (Fuzzy Generalized Fast Marching Method) et ses différentes extensions.

Dans Le dernier chapitre nous présenterons les résultats expérimentaux. Nous testerons la méthode proposée sur des bases d'images 3D réelles (IBSR) et de synthèse (BrainWeb). La base d'image BrainWeb est importante pour l'étude expérimentale car nous permet de tester notre approche dans des situations variées avec différents niveaux de bruits.

Finalement nous présenterons les conclusions découlantes des travaux effectués dans cette thèse. Nous relevons aussi de nouvelles voies d'études, et d'autres pistes de recherches à explorer pour des études en perspectives.

CHAPITRE



Imagerie par Résonance Magnétique cérébrale : Généralités

1.1 Introduction

Le cerveau est l'organe le plus important du corps humain vu ces différentes fonctions vitales, et son rôle majeur dans le fonctionnement de tous les autres organes. Ces dernières années des avancées implorantes sont réalisés afin de comprendre ces structures et ces fonctions et faciliter ainsi son étude. Cela est dû en grande partie au développement des techniques d'imagerie médicale non invasives comme l'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM).

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) du cerveau est largement utilisée en pratique clinique pour le diagnostic, le suivi du patient, l'évaluation du traitement et la cartographie du cerveau humain. Cela est dû au fait qu'elle est non invasif, dû aussi à sa bonne résolution spatiale et à sa rapidité d'acquisition, ainsi qu'à ses excellentes performances lors de la visualisation des différences entre divers tissus du corps humain.

La segmentation automatique des images cérébrales en IRM est une tâche importante, ces applications dans le domaine médicale sont nombreuses, mais difficile en raison d'artefacts d'image (tels que des inhomogénéités d'intensité et des effets de volume partiels) et du fait que différentes structures anatomiques peuvent partager le même contraste tissulaire. Pour bien effectuer cette tâche il faut d'une part avoir des connaissance sur le processus d'acquisition des IRM et de ces différentes caractéristiques et d'une autre part avoir de bonnes connaissances sur le cerveau humain et les structures à segmenter (structures cibles).

Dans ce chapitre nous donnons une description de cette technique d'imagerie, aussi deux autres concepts liés au contexte de notre thèse sont abordés, à savoir l'anatomie cérébrale et la segmentation d'images.

1.2 Notions élémentaires d'anatomie cérébrale

Le cerveau est l'organe humain qui fascine le plus. De nombreuses recherches essaient de comprendre son fonctionnement. Nous n'allons pas dresser dans cette section un atlas complet du cerveau, mais plutôt souligner les structures qui jouent un rôle important lors de la segmentation du cerveau et définir les termes et concepts essentiels qui permettent de mieux comprendre ce que l'on observe avec l'imagerie cérébrale.

1.2.1 L'encéphale

L'encéphale est une partie du système nerveux contenue dans la boîte crânienne, il repose sur la base du crane et comprend trois composants essentiels : le cerveau, le cervelet et le tronc cérébral (voir Figure 1.1).

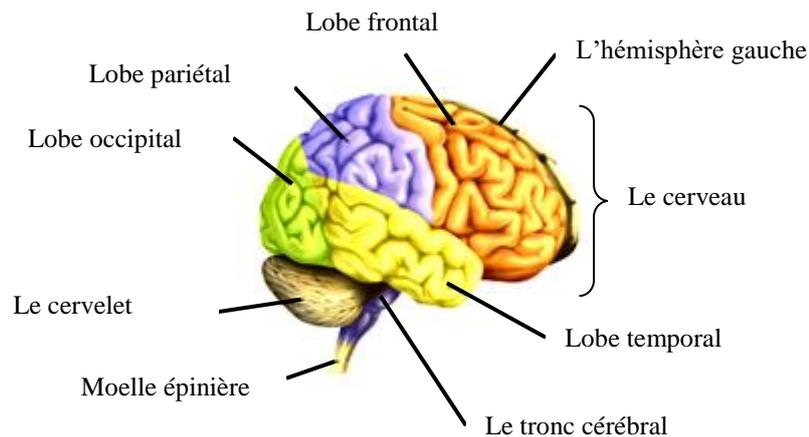


Figure 1. 1 – l'encéphale, composée du cerveau, du cervelet et du tronc cérébral.

Le cerveau occupe la majeure partie de l'encéphale (voir figure 1.2). Il est composé de deux hémisphères cérébraux : l'hémisphère droit et l'hémisphère gauche. La surface du cerveau contient un grand nombre de circonvolutions limitées par des sillons. Les scissures sont des sillons profonds qui divisent le cerveau en quatre lobes : le lobe frontal, le lobe pariétal, le lobe temporal et le lobe occipital. Chaque lobe comprend des zones bien précises impliquées dans des fonctions spécifiques (motricité, sensibilité etc.).

Le cervelet est situé en parallèle sur deux grandes voies nerveuses : celles qui amènent les messages sensoriels vers les zones du cortex qui en font l'analyse ; et celles qui partent du cortex et descendent vers les muscles pour les faire contracter. Le cervelet est en partie impliqué dans la coordination des mouvements du corps.

Le tronc cérébral est responsable de la régulation de la respiration et du rythme cardiaque. Il est également un centre de passage des voies motrices et sensibles, ainsi qu'un centre de contrôle de la douleur.

Tous ces éléments sont environnés d'une mince couche de liquide appelé liquide céphalo-rachidien (LCR) ou liquide cérébro-spinal

1.2.2 Substances principales

L'encéphale contient trois substances principales: le liquide céphalo-rachidien (LCR), la matière grise (MG) et la matière blanche (MB).

Le liquide céphalo-rachidien (LCR) (aussi appelé liquide cérébro-spinal, LCS) est le liquide dans lequel baignent le cerveau et le cervelet. Il assure trois fonctions principales : le transport des hormones entre les différentes régions éloignées du cerveau, la protection contre les infections, car il contient les médiateurs de l'immunité humorale et cellulaire, et la protection mécanique du système nerveux central contre les chocs par amortissement des mouvements.

La matière grise se trouve en grande partie sur la couche externe du cerveau, épaisse de 2 à 5 mm, appelée cortex et constituée majoritairement de cellules neuronales.

On trouve aussi de petites masses de matière grise à l'intérieur de l'encéphale, appelées noyaux gris, La figure 1.3 montre une vue coronale des principaux noyaux gris.

La matière blanche est située à l'intérieur du cortex et est constituée de fibres nerveuses reliant les neurones de la matière grise entre eux. Elle fait notamment la liaison entre les deux hémisphères grâce à un faisceau de fibres central : le corps calleux. Au centre du cerveau, on trouve également des cavités remplies de liquide céphalo-rachidien appelées ventricules cérébraux.

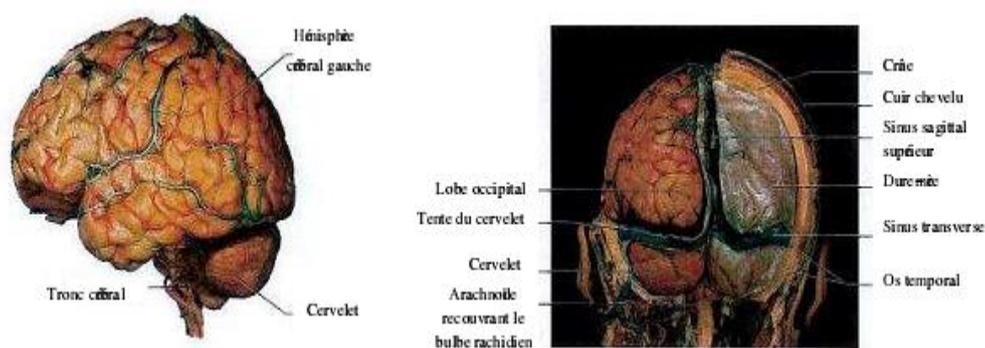


Figure 1. 2 - Le cerveau et les organes qui l'entourent [Prima 2001]

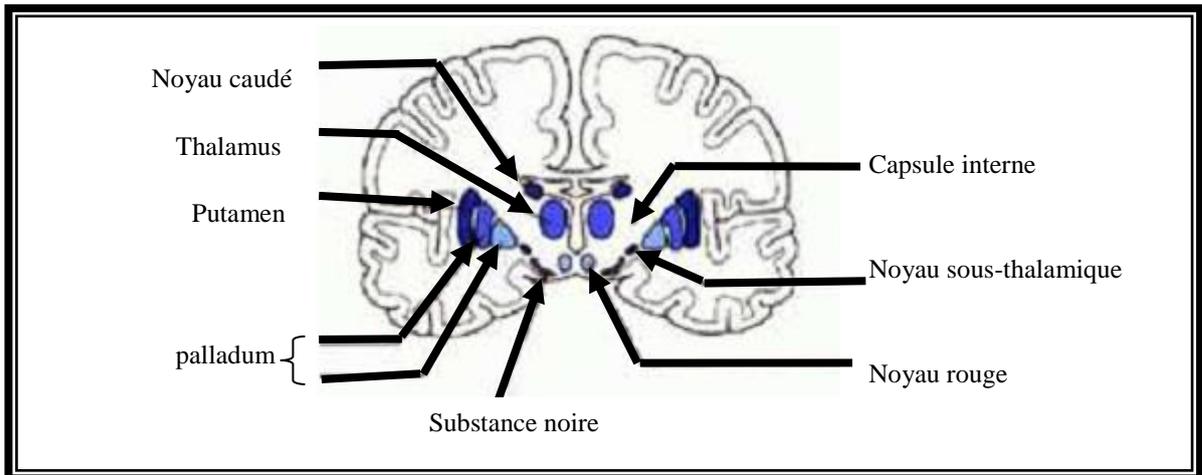


Figure 1. 3 - Vue coronale du cerveau et localisation des principaux noyaux gris
[Watkins 2016]

La figure 1.4 montre comment apparaissent ces différentes structures anatomiques sur un volume IRM pondéré en T1. La matière blanche est le tissu le plus clair, la matière grise présente un niveau de gris moyen et le LCR est le plus foncé. On note qu'on observe en général assez facilement les ventricules latéraux du cerveau, mais plus difficilement le troisième et le quatrième ventricule, plus minces, en raison de la résolution des images.

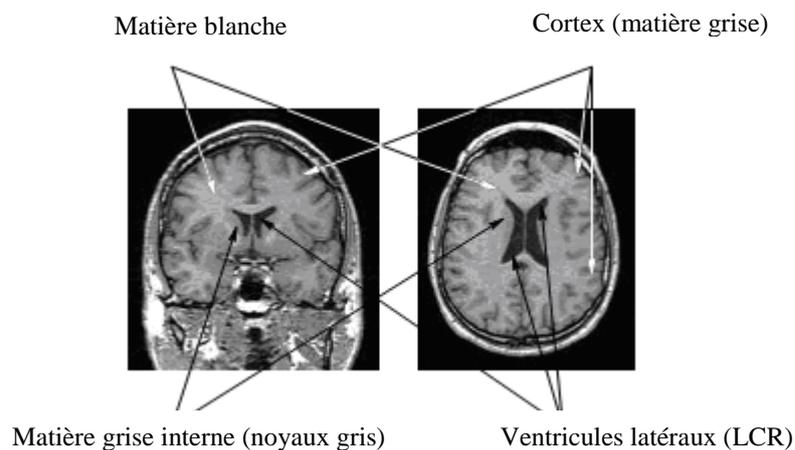


Figure 1. 4 - Principaux tissus du cerveau sur un volume IRM pondéré en T1. Les deux images sont prises de la base IBSR [Wels 2011]

1.2.3 Structures cérébrales d'intérêt

Dans cette section nous décrivons brièvement le cortex ainsi que quelques structures cérébrales qui seront étiquetées dans les approches de segmentation proposées.

Le cortex est la mince couche superficielle de matière grise recouvrant le cerveau (cortex cérébral) et le cervelet (cortex cérébelleux), il est présent au niveau des deux hémisphères cérébraux, gauche et droit. Le cortex comporte de multiples replis, parmi lesquels on différencie les sillons (la partie profonde) et les circonvolutions (les replis en surface).

Le cortex cérébral comprend des aires motrices, des aires sensibles et des aires associatives, qui intègrent les informations pour envoyer des commandes et aussi permet des fonctions élaborées telles que le langage, la mémoire, le raisonnement, la conscience, la commande de mouvements volontaires, etc...

Le cortex cérébral constitue la couche externe protectrice et protège un ensemble de structures sous-corticales. Parmi elles, on distingue:

Le système ventriculaire est la structure centrale dans laquelle circule le liquide céphalo-rachidien. Il contient principalement quatre ventricules (cavités), deux ventricules latéraux, un dans chaque hémisphère cérébral, le troisième ventricule dans le diencéphale et le quatrième situé entre le cervelet et le bulbe. Le système ventriculaire est en particulier le siège de la synthèse du LCR.

Le thalamus est constitué de 2 gros noyaux gris symétriques. Il transmet les informations visuelles, auditives, tactiles et gustatives vers le cortex et détermine lesquelles vont atteindre la conscience. Aussi joue un rôle aux échanges moteurs entre le cortex, les ganglions et le cervelet. Il est aussi impliqué dans la douleur et l'attention.

Les ganglions sont constitués de multiples structures de matière grise, parmi lesquelles le pallidum, le striatum qui réunit le noyau caudé et le putamen, le globus pallidus, etc. Les ganglions forment avec le cortex cérébral et le thalamus un circuit striato-thalamo-cortical qui joue un rôle fondamental dans la motricité volontaire mais aussi dans de nombreuses autres fonctions cognitives comme l'apprentissage, la mémoire ou les émotions.

L'hippocampe constitue la première destination des informations à mémoriser. L'hippocampe ensuite transmet ces informations au cortex pour leur stockage à long terme et les récupère lors de la remémoration. Il contient de nombreuses connexions avec l'ensemble des aires sensorielles du cortex, ces connexions permettent d'encoder tout le contexte associé à un événement.

L'**amygdale**, est située près de l'hippocampe, a une forme d'amande, et joue un rôle dans la mémoire, l'apprentissage, et aussi dans la régulation des émotions. Elle est particulièrement impliquée dans les réactions agressives et les réactions de peur.

1.3 Observation du cerveau avec l'imagerie médicale

L'imagerie médicale est une discipline médicale consistant à produire des images du corps humain vivant, à les interpréter et à les utiliser à des fins diagnostiques ou thérapeutiques.

L'imagerie médicale a révolutionné les connaissances sur le cerveau car elle permet l'observation in vivo de son contenu. Diverses modalités ont été mises au point durant le siècle dernier. Chacune d'entre elles se base sur des propriétés physiques différentes et met en œuvre un dispositif d'acquisition spécifique. Les images obtenues selon chacune des modalités ont des caractéristiques propres (résolution, contraste, artéfacts, acquisition 2D, 3D ou 3D+t, ...) et fournissent des observations complémentaires.

Les modalités d'imagerie médicales sont généralement regroupées selon deux familles :

L'imagerie anatomique (ou structurelle) permettant l'observation de l'anatomie cérébrale.

Les modalités d'imagerie anatomique les plus connues sont :

- ✓ l'ultrasonographie qui se base sur des propriétés acoustiques. Cette modalité fournit des images de faible qualité mais est suffisante pour un grand nombre d'applications. Elle est largement utilisée car très bon marché et sans danger connu.
- ✓ Le scanner-X (tomodensitométrie) qui se base sur des propriétés d'atténuation des rayons X. Cette modalité est adaptée pour l'observation des tissus durs.
- ✓ l'imagerie optique qui se base sur des propriétés optiques.
- ✓ l'Imagerie par résonance magnétique (IRM) qui se base sur des propriétés magnétiques. Cette modalité est adaptée pour l'observation des tissus mous.

L'imagerie fonctionnelle permet l'étude de l'activité cérébrale. Elle met en évidence les mécanismes du fonctionnement cérébral. Les modalités d'imagerie fonctionnelles les plus connues sont :

- ✓ les modalités TEP et TEMP, qui sont des modalités invasives reposant sur le suivi d'un traceur radioactif. Ces deux modalités nécessitent des installations parfois lourdes.

- ✓ Electro-encéphalogramme, qui repose sur l'observation non invasive des signaux électriques sur la surface du cerveau.
- ✓ Magnéto-encéphalographie, se repose sur les champs magnétiques induits par l'activité électrique des neurones.
- ✓ L'IRM fonctionnelle repose sur une mesure indirecte de l'activité cérébrale (effet BOLD). Elle met en évidence l'afflux sanguin transporteur d'oxygène nécessaire à l'activité des neurones.

L'IRM anatomique est la modalité non invasive qui permet la meilleure caractérisation des tissus. C'est donc la modalité la plus adaptée pour observer les tissus et les structures du cerveau. Elle offre une résolution fine ($\geq 1\text{mm}$) pour des temps d'acquisition de 1min à 20min. La section suivante présente le principe physique de l'IRM anatomique, permettant de mieux comprendre les artefacts rencontrés sur ces images.

1.4 L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM)

L'imagerie par résonance magnétique est une technique d'imagerie médicale basée sur le phénomène de résonance magnétique nucléaire (RMN).

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) a plusieurs avantages : c'est une technique indiquée dans le diagnostic des pathologies du système nerveux central. L'IRM aussi fournit un très bon contraste entre les différents tissus normaux (la matière blanche et la matière grise par exemple) mais aussi entre les tissus normaux et pathologiques (lésions de Sclérose En Plaque, tumeurs, œdème, etc). Contrairement aux techniques de la médecine nucléaire, elle n'expose pas le sujet à des rayonnements ionisants. De nos jours, l'IRM représente dans les pays développés, 70% de l'imagerie neurologique soit en complément du scanner X, soit en première indication. Elle permet aussi le diagnostic des maladies osseuses, articulaires et musculaires.

Parmi les développements les plus importants de l'IRM nous distinguons :

L'IRM fonctionnelle (IRMf). Cette technique a été développée en 1992 et est fondée sur l'observation en temps réel de l'activation neuronale. La localisation des zones cérébrales activées est basée sur l'effet BOLD (*Blood Oxygen Level Dependant*), lié à l'aimantation de l'hémoglobine contenue dans les globules rouges du sang. L'hémoglobine se trouve sous deux formes : les globules rouges oxygénés par les poumons contiennent de l'oxyhémoglobine,

molécule diamagnétique ; les globules rouges désoxygénés par les tissus contiennent de la désoxyhémoglobine, molécule paramagnétique donc visible en RMN.

L'imagerie du tenseur de diffusion DTI (*diffusion tensor imaging*)», est une technique permettant la visualisation de la position, l'orientation et l'anisotropie des faisceaux de matière blanche du cerveau.

L'IRM par transfert d'aimantation MTR (*Magnetization Transfer Ratio*) fournit d'autres informations physiologiques liées aux échanges d'aimantation entre les protons libres et fixes. Cette nouvelle modalité est très prometteuse pour plusieurs types de pathologie comme la sclérose en plaques puisqu'elle permet de quantifier la perte de myéline (une réduction de la masse axonale). Cependant, elle n'est que très faiblement utilisée en clinique aujourd'hui.

1.4.1 Principe d'acquisition de l'IRM

Le principe physique des dispositifs IRM est fondé sur le phénomène de résonance magnétique nucléaire (RMN), observable au niveau noyaux des atomes, et plus précisément des protons présents dans les molécules d'eau. Nous nous contenterons ici d'une description très simplifiée de ce phénomène.

En dehors de toute excitation, les spins des noyaux des atomes présents dans les tissus sont orientés dans toutes les directions. Sous l'action d'un champ magnétique H , ils s'alignent en partie dans la direction de ce champ. On peut alors appliquer un champ magnétique transverse de plus faible amplitude au moyen d'un signal radiofréquence.

Si la fréquence du signal correspond à la fréquence de résonance des spins, certains d'entre eux changent d'état énergétique, ce qui modifie l'alignement du vecteur d'aimantation. La fréquence de résonance dépend du champ H . Quand on coupe le signal radiofréquence, les spins reprennent l'alignement du champ magnétique principal et dans ce mouvement, ils émettent eux-mêmes un signal qui permet de mesurer le temps pris pour retrouver leur alignement. Le schéma de la figure 1.5 illustre ce phénomène.

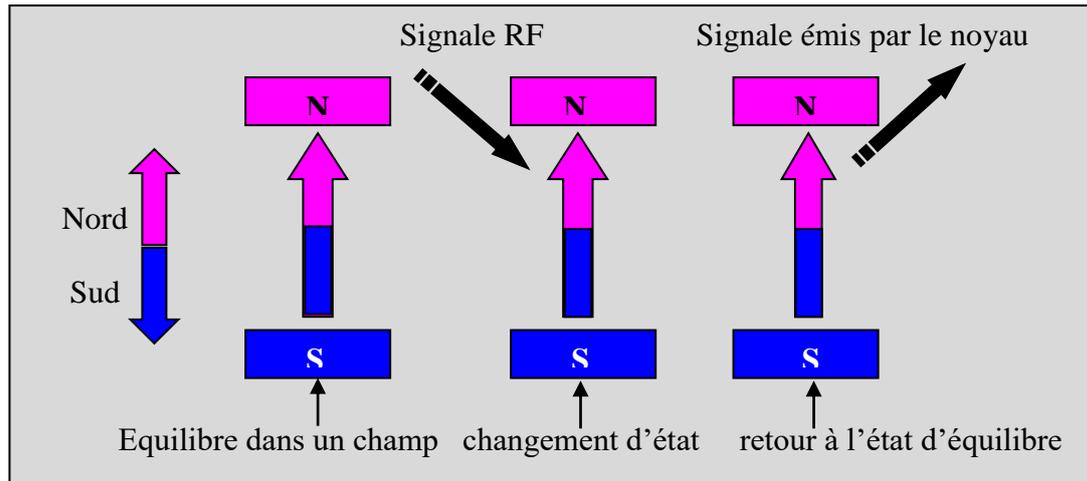


Figure 1. 5 - Illustration du changement d'état du spin d'un noyau sous l'action d'un champ radiofréquence, et de son retour à l'état initial en émettant un signal [Steinmetz 2007]

Pour obtenir une image IRM, il est nécessaire de repérer la position des spins dans l'espace. On n'applique donc plus un champ constant H , mais un champ variable qui croît linéairement dans les trois directions de l'espace. La fréquence de résonance dépendant du champ magnétique, elle dépend également de la position dans l'espace.

En chaque point, on obtient un signal qui dépend à la fois de sa position et de la quantité de spins qui émettent le signal, c'est-à-dire de la quantité d'eau présente dans le tissu en ce point. En décomposant les fréquences du signal par transformée de Fourier, on reconstruit donc une image dont les niveaux de gris dépendent de la composition des tissus visualisés. Un schéma du dispositif d'acquisition est visible sur la figure 1.6.

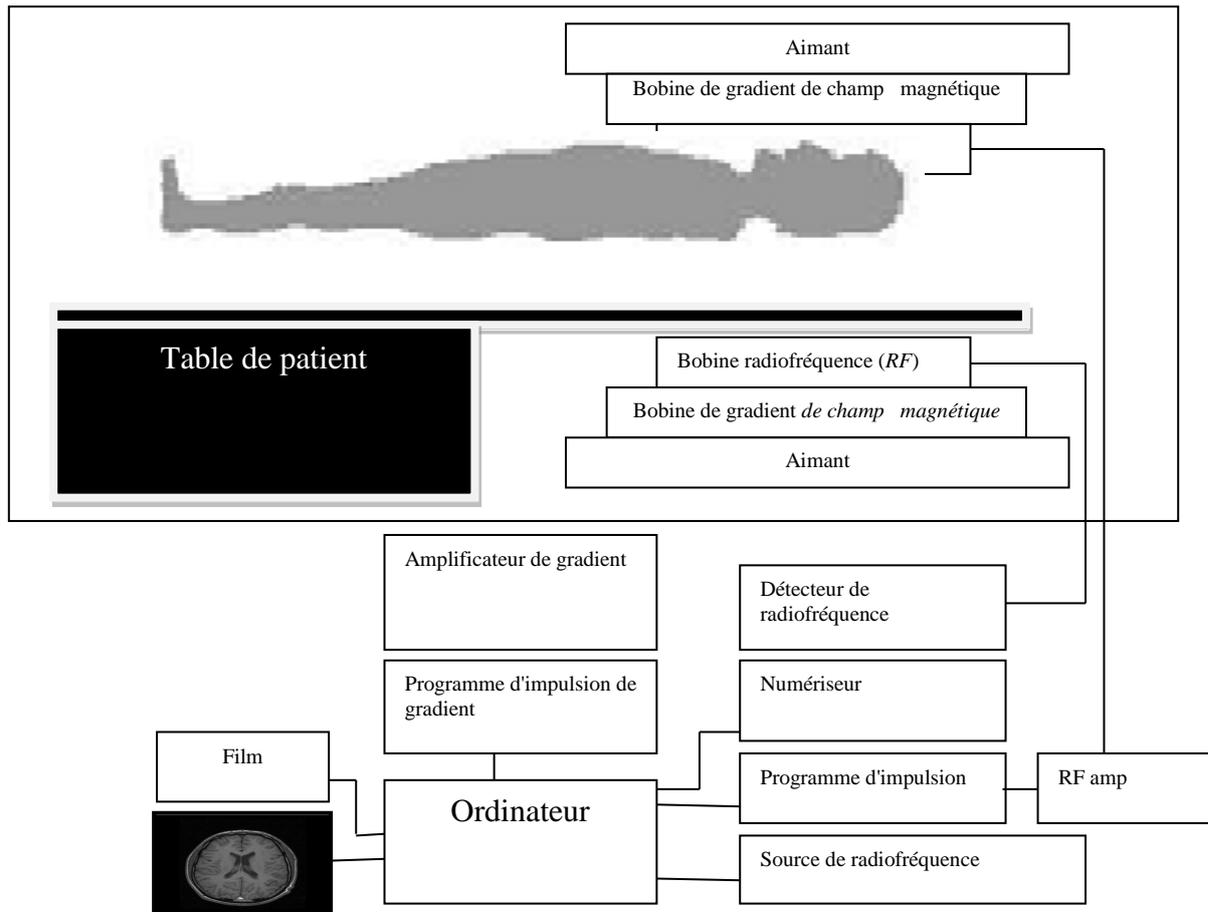


Figure 1. 6 - Principe d'acquisition des volumes IRM [Iochum 2001]

1.4.2 Particularité des images IRM

En IRM, le contraste est dominé par trois principales propriétés physiques, la densité de protons, et les temps de relaxation longitudinale (T_1) et transversale (T_2). Plus précisément, il se trouve que des phénomènes physiques différents caractérisent la relaxation de l'aimantation longitudinale et de l'aimantation transverse. Ces phénomènes sont caractérisés par deux échelles temporelles qui sont paramétrées par deux constantes de temps T_1 et T_2 . Pour les tissus biologiques, les valeurs typiques des temps de relaxation T_1 vont d'environ 50 ms à quelques secondes. En général les temps de relaxation T_2 sont plus petits et vont de quelques microsecondes pour les tissus biologiques solides à quelques secondes pour les liquides. Ces valeurs dépendent néanmoins de la puissance du champ magnétique. Le tableau 1.1 présente, à titre d'exemple, quelques valeurs pour un champ de 1,5 Tesla.

Tissus	T1 (ms)	T2 (ms)
Muscle	870	45
Cœur	865	55
Foie	490	50
Rein	650	60
Rate	650	58
Graisse	262	85
Cerveau- matière grise	920	100
Cerveau- matière blanche	785	90

Tableau 1. 1 - Valeurs des temps de relaxation longitudinale (T1) et transversale (T2) pour quelques tissus pour un champ magnétique de 1,5 Tesla [Watkins 2016]

La capacité de l'imagerie par résonance magnétique à créer des images de cerveau de fort contraste dépend de la différence entre les temps de relaxation longitudinale et transversale des structures cérébrales. Basé sur ces paramètres inhérents aux tissus, le contraste des images par résonance magnétique peut être manipulé par l'utilisateur en choisissant, d'une part, l'intervalle entre les impulsions et d'autre part, le temps d'écho (TE). L'intervalle de temps qui sépare deux impulsions est appelé temps de répétition ou TR. TR est le temps qu'on laisse aux tissus pour récupérer totalement ou partiellement leur magnétisation. Bien que le TR n'est pas le seul paramètre qui entre en jeu, son choix est donc fondamental pour obtenir des images à dominante T1 ou T2. L'autre paramètre réglable par le radiologue pour favoriser un temps de relaxation par rapport à l'autre est le temps d'écho ou TE. L'écho permet de mesurer la véritable valeur de T2, et non pas celle qui est émise directement par les spins, appelée T2*. Le TE est le temps pendant lequel on laisse le signal décroître avant de l'enregistrer. Le temps d'écho influence la différence T2 des tissus. L'annexe B de la thèse de Rey [Rey 2002] explique de façon plus complète ce phénomène.

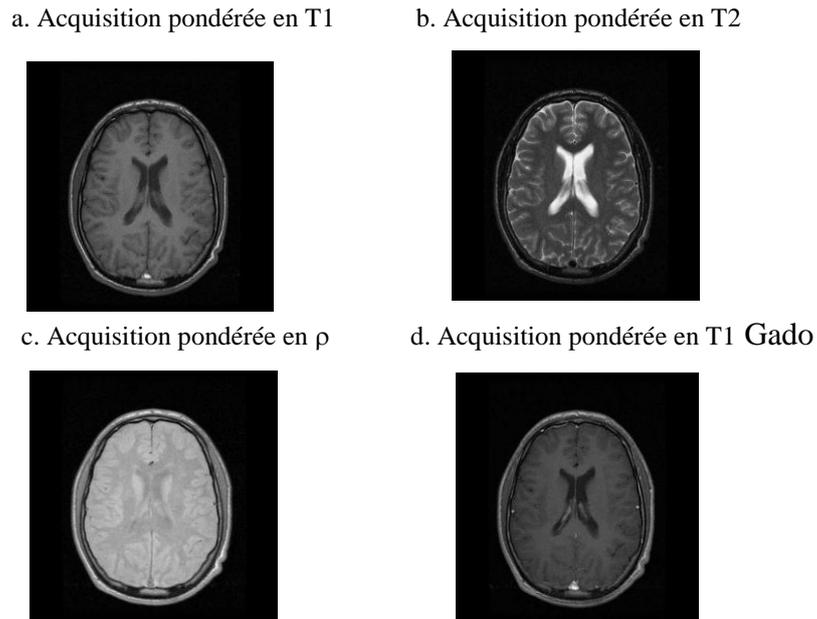


Figure 1. 7 - Les différents types d'acquisition en IRM. Les quatre images sont prises de la base IBSR [Wels 2011]

La figure 1.7 présente un exemple des différents types d'acquisition en IRM. Une image pondérée en T1 (figure 1.7 a), image T1 après injection du Gadolinium (figure 1.7 d), image pondéré en T2 (figure 1.7 b) et enfin une image à densité de protons (DP) (figure 1.7 c).

1.4.3 Intérêt des volumes IRM

Les volumes IRM sont très utiles pour obtenir des informations anatomiques car ils présentent un bon contraste entre les tissus mous, avec un bon rapport signal à bruit et une bonne résolution. Il est fréquent de pouvoir travailler sur des volumes dont les coupes sont distantes d'1mm seulement. Cela permet notamment de visualiser des structures fines. Il est également possible de travailler simultanément sur plusieurs séquences qui présentent des caractéristiques de contraste différentes, pour avoir des informations complémentaires. Ces séquences correspondent à différentes caractéristiques d'impulsions du signal radiofréquence. Elles permettent de visualiser les tissus en fonction de trois propriétés physiques : les temps de relaxation T1 et T2, qui correspondent au temps de retour du vecteur d'aimantation des spins dans l'alignement du champ H lorsqu'on supprime le signal radiofréquence, selon deux axes différents, et la densité de protons (PD). En ce qui concerne la neuro-imagerie, les volumes pondérés en T1 font bien apparaître les grandes classes de tissu constituant le

cerveau (matière blanche, matière grise, liquide céphalo-rachidien, du plus clair au plus foncé) avec une bonne résolution (1mm par voxel).

Sur les volumes pondérés en T2, la matière grise et la matière blanche apparaissent presque confondues, mais d'autres caractéristiques peuvent être observées, comme des lésions. Le contraste est inversé par rapport aux volumes pondérés en T1. Deux exemples de coupes de volumes pondérés en T1 et en T2 sont visibles sur la figure 1.8.

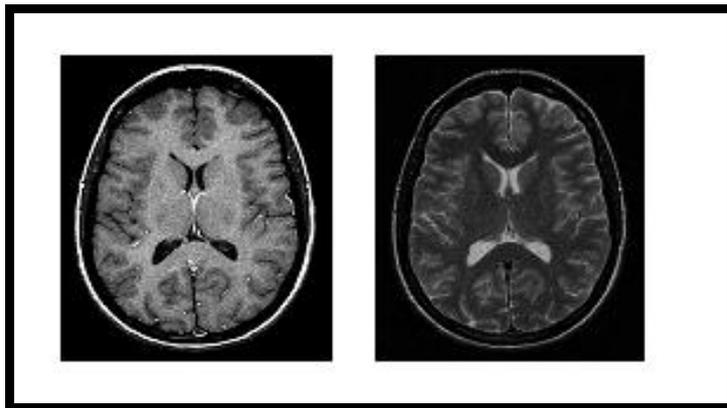


Figure 1. 8 - Coupes du cerveau sur des volumes IRM pondérés en T1 (à gauche) et T2 (à droite). Sur la coupe pondérée en T1 les tissus apparaissent clairement, cependant sur la coupe pondérée en T2, la matière grise et la matière blanche semblent presque confondues. (Les deux images sont prises de la base IBSR [Wels 2011])

1.4.4 Les Artefacts courants d'IRM

Les artefacts d'acquisition en IRM sont très nombreux et peuvent être liés à différents facteurs. Ces perturbations sont responsables d'erreur dans l'encodage de l'image, de perte ou de rehaussement artificiel du signal. Nous avons choisi de ne présenter dans cette partie que quelques uns qui peuvent affecter le processus de segmentation automatique en particulier les artefacts de mouvement, le problème de bruit aléatoire et les hétérogénéités des intensités et le volume partiel.

a) Les artefacts de mouvement

Cet artefact est lié au mouvement pendant l'examen, soit un mouvement aléatoire (mouvements du patient, mouvements oculaires, déglutition...) ou périodique (respiration, rythme cardiaque, ...). Le mouvement constitue une source de flou dans l'image et peut avoir une grande influence sur les images.

Sur les images IRM, le mouvement se traduit par des images fantômes de la structure en mouvement qui apparaissent en différents endroits de l'image, ces images fantômes apparaissent superposées aux structures à segmenter, elles perturbent donc leur niveau de gris ce qui rend la segmentation plus difficile. Cet artefact diffère selon le moment de l'acquisition où interviennent ces mouvements. La figure 1.9, montre un exemple typique d'artefacts dus au mouvement de la tête.

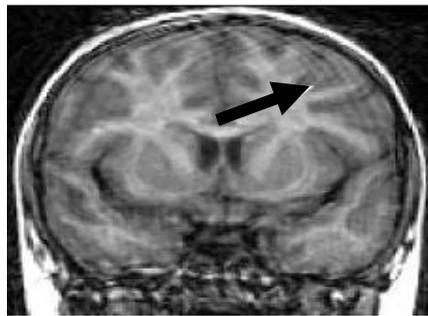


Figure 1. 9 - Artefacts dû au mouvement de la tête sur une IRM. La flèche montre la position de ce type d'artefacts. Cette image est prise dans la base d'images IBSR [Wels 2011]

b) Le bruit aléatoire

Les données produites par l'imageur IRM sont souvent entachées de bruit provenant à la fois du patient (agitation thermique des protons à l'origine d'émissions parasites) et de la chaîne de mesure (convertisseurs analogique-numérique, antenne, ...).

Les perturbations par le bruit sont généralement quantifiées par le rapport signal sur bruit (RSB), fonction de l'amplitude du signal observé par rapport à l'importance de la variation du bruit. Ce rapport, et donc la qualité de l'image, peut être amélioré en considérant différentes antennes, un champ magnétique B0 plus intense, une matrice de résolution moins fine, ou

encore une multiplication des mesures. Néanmoins, il restera toujours un bruit dans l'image reconstruite finale.

Le bruit aléatoire de type gaussien, est celui qui est le plus rencontré dans les IRM. Il apparaît généralement dans le domaine de Fourier de l'image acquise, après le calcul du module de la transformée de Fourier inverse. La figure 1.10 présente l'effet du bruit aléatoire sur un volume de la base brainweb. La distribution est approximativement gaussienne dans les régions où l'intensité n'est pas proche de zéro, et elle se rapproche d'une distribution de Raleigh dans les régions d'intensité proche de zéro, comme à l'extérieur du crâne par exemple.

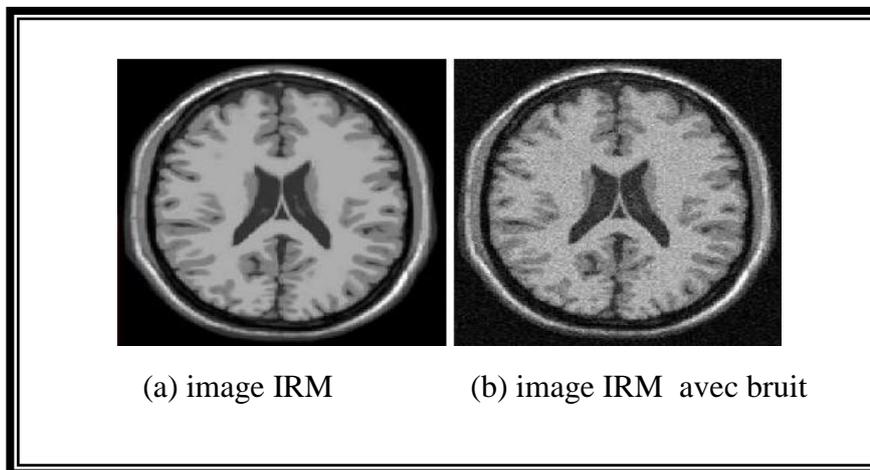


Figure 1. 10 - Problème de bruit aléatoire en IRM. Le bruit d'une IRM suit une distribution de Rice qui peut être approchée par une distribution gaussienne dans les régions où l'intensité de l'image n'est pas proche de zéro. Les deux images sont prises de la base d'images Brainweb [Cocosco 1997]

c) Le volume partiel

Le phénomène de volume partiel (Partial Volume Effect, ou PVE en anglais) est lié à la discrétisation de l'espace dont les voxels ne sont associés qu'à un niveau de gris, alors qu'ils représentent les données contenues dans un petit volume. Les voxels situés à l'interface entre deux tissus contiennent des informations provenant de ces deux tissus, et dont le niveau de gris ne peut donc être associé clairement à aucune des deux classes (voir figure 1.11).

Ce phénomène est principalement présent à l'interface entre les matières (MG, MB, LCR, graisse, os) ou lors de la présence de structures trop fines pour être visibles à la résolution de l'image. Par exemple les Vaisseaux sanguins, structures grises fines, etc...

L'effet de volume partiel est aussi particulièrement présent à l'interface entre MG-LCR dans les replis du cortex, car l'épaisseur des sillons corticaux est généralement inférieure à la résolution des images.

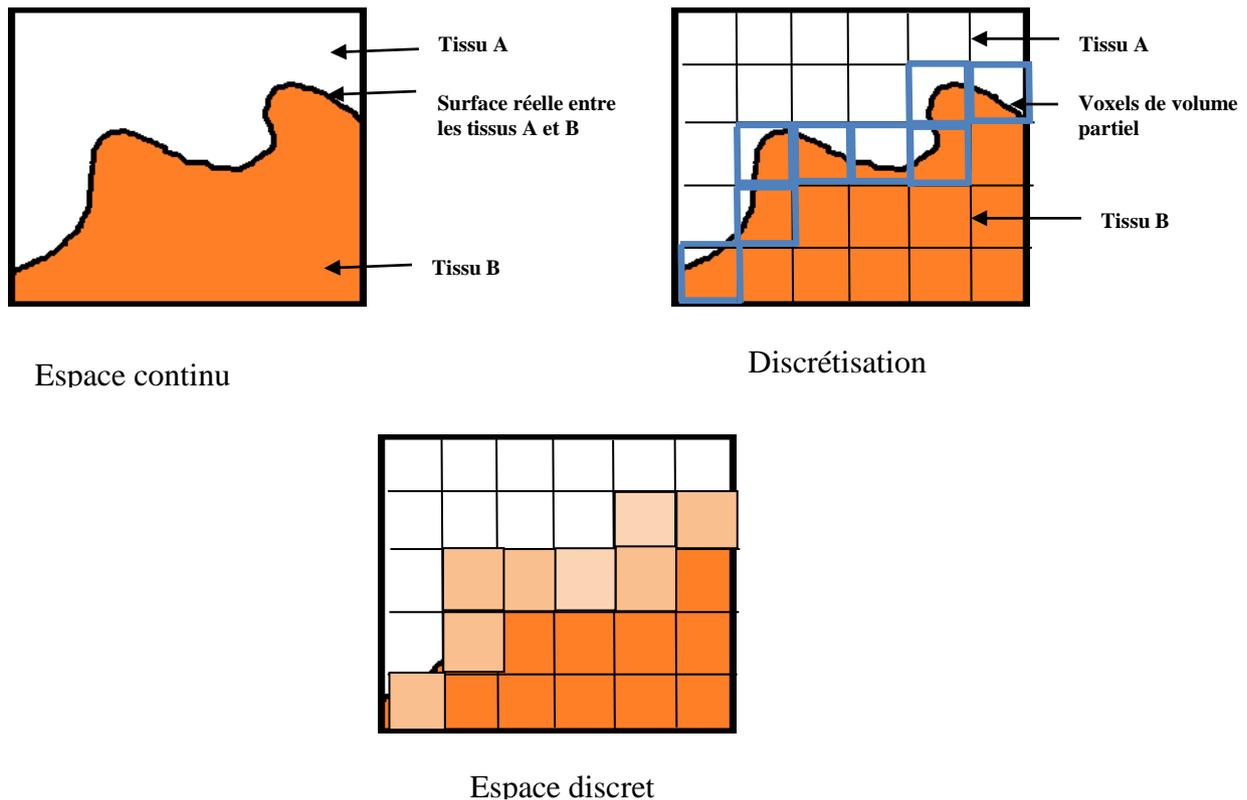


Figure 1. 11 – Artéfact de volume partiel dû à la discrétisation de l'espace

d) Les inhomogénéités des intensités

Les inhomogénéités des intensités sont des variations de l'intensité observées pour un même tissu. Elles sont des artéfacts dont la fréquence spatiale est plus importante que celle du champ de biais, leurs sources sont multiples :

Les inhomogénéités liées aux imperfections de l'imageur: Ces d'inhomogénéités sont responsables de lents déphasages et décalages de fréquences dans le volume étudié. Elles

produisent de lentes variations spatiales d'intensité dans l'image reconstruite, nommé champ de biais (bias field en anglais). Leurs causes sont multiples les plus connues sont :

(1) l'hétérogénéité des champs B_0 (statique) et B_1 (champ d'excitation). Cette hétérogénéité provoque des plages d'ombre dans l'image causées par le non uniformité des champs magnétiques produits.

(2) la qualité de l'antenne de réception, plus précisément aux variations spatiales de sa sensibilité. Lors d'IRM anatomiques, on privilégie la plupart du temps des antennes avec une sensibilité spatialement stable. Néanmoins, dans les expériences d'IRMf, on utilise parfois des antennes de surface qui permettent d'avoir une meilleure sensibilité dans une région très locale. La lecture du signal BOLD (Blood Oxygenation Level Dependent) est alors plus fine dans la région d'intérêt. On peut vouloir réaliser une acquisition anatomique sans changer d'antenne (pour des raisons pratiques) afin de situer les régions activées sur l'anatomie. Ces images anatomiques présentent alors une très forte inhomogénéité qui rend leur traitement automatique difficile.

Les inhomogénéités liées à des propriétés biologiques des tissus, leurs causes sont aussi nombreuses, nous pouvons citer:

(1) La différence des compositions histologiques des tissus. Les temps de relaxation T_1 et T_2 des deux tissus la matière blanche et la matière grise dépendent de l'âge et des régions anatomiques. Par exemple le cortex et les noyaux gris centraux comme le putamen sont tous composés de matière grise, mais présentent des intensités différentes sur une acquisition pondérée en T_1 . Cet artéfact est expliqué histologiquement par le fait que le putamen est traversé par un grand nombre de faisceaux de fibres myélinisées. Ces fibres sont trop fines pour être visibles à l'IRM, l'intensité observée donc résulte d'un mélange de MG et de MB à cause de l'effet de volume partiel. De la même manière, la MB est plus claire dans le corps calleux que dans les autres régions, car les fibres myélinisées dans le corps calleux sont plus concentrées et orientées dans une même direction.

(2) L'artéfact de susceptibilité magnétique. Chaque tissu possède une susceptibilité magnétique qui s'exprime par une aimantation interne propre induite par B_0 (le champ magnétique statique). La différence de susceptibilité magnétique à l'interface entre deux tissus provoque une distorsion du champ B_0 . Ces hétérogénéités locales sont responsables de déphasages et de décalages de fréquences localisés, à l'origine d'une perte de signal, et d'hétérogénéité d'intensité. Elles sont principalement localisées aux interfaces air-tissu et os cortical-tissu, et très marquées en présence de matériel métallique. En particulier, cet artéfact est responsable de perturbations dues à la seule présence du patient dans l'imager.

e) Autres artefacts

D'autres artefacts, moins fréquents, peuvent apparaître, comme des distorsions géométriques dues aux variations dans l'intensité du champ magnétique, éventuellement à cause d'objets perturbateurs. On peut aussi observer des artefacts correspondant à des imperfections de natures variées dans les images, qu'il faut prendre en compte dans tout processus de segmentation automatique.

1.5 La segmentation d'images

1.5.1 Problématique

L'apparition de l'IRM a offert plusieurs possibilités permettant de mieux étudier les cerveaux sains et pathologiques. En particulier les nombreuses séquences d'acquisition de l'IRM permettent d'explorer différentes caractéristiques complémentaires du cerveau : de multiples séquences anatomiques pour observer différents aspects de l'anatomie, des séquences de diffusion, des séquences d'imagerie fonctionnelle...

Cependant ces nombreuses possibilités ont augmenté le nombre de données à acquérir, conserver et analyser. Pour faire face à cette importante masse de données, l'interprétation automatique des IRM cérébrales est devenue un enjeu majeur. Différents traitements sont nécessaires selon les applications. On peut citer par exemple :

Le recalage intra-individuel et inter-individuel, le premier est un recalage entre deux acquisitions d'un même patient important pour le suivi d'une pathologie et le deuxième entre plusieurs individus largement utilisé pour réaliser des études de groupe. la fusion de données de différents types d'acquisition pour combiner des informations complémentaires. Par exemple la fusion Tissus-Os entre une image des tissus issue de l'IRM et d'une image des os issue d'un scanner-X. La tractographie ou le calcul de tenseurs de diffusion des fibres pour détecter la trajectoire des faisceaux de fibres à partir d'une IRM de diffusion. Enfin La visualisation, pour par exemple étudier l'évolution du volume d'une structure. etc.

La segmentation constitue donc un outil d'interprétation crucial des IRM anatomiques, Un intérêt croissant est porté sur cette discipline depuis les années 1980 montrant bien les difficultés et les enjeux d'obtenir une segmentation robuste et fiable.

1.5.2 Définition de la segmentation

La segmentation est un traitement appliqué à une image, permettant la séparation dans cette image les objets les uns des autres et de l'arrière-plan en extrayant les contours ou en segmentant en régions homogènes. Cette définition donne un aperçu des principales approches de segmentation : orientée vers la détection des contours ou fondée sur l'homogénéité des régions de l'image. La segmentation peut aussi être vue comme l'action d'éliminer la redondance naturellement présente dans une image, afin de donner un sens à ses différents constituants ou objets.

L'objectif de la segmentation est de fournir une interprétation de chaque voxel de l'image en leur attribuant une étiquette. Pour les IRM cérébrales anatomiques, trois niveaux de description des données observées sont considérés :

- ✓ La description bas niveau qui consiste à la segmentation des tissus décrivant la matière contenue dans chaque voxel. Son objectif est alors d'étiqueter l'encéphale selon les trois matières principales, le liquide céphalo-rachidien, la matière grise et la matière blanche.
- ✓ La description de plus haut niveau, qui consiste à la segmentation en structures décrivant l'appartenance des voxels à une région anatomique connue, par exemple les ventricules, le putamen, le thalamus, noyaux codés...
- ✓ La description des lésions, qui peuvent apparaître sur les IRM cérébrales, causées par certaines pathologies.

1.5.3 Applications et intérêts de la segmentation

La segmentation est un des axes de recherche majeurs de l'analyse d'images médicales. Ses applications sont extrêmement variées, tant dans le domaine clinique que des neurosciences.

La segmentation d'IRM cérébrales en clinique permet :

- ✓ Le suivi de l'évolution de certaines maladies dégénératives. Par exemple, la segmentation du noyau caudé et le calcul de son volume sont impliqués dans des études sur la maladie de Huntington, la maladie de Parkinson ou d'Alzheimer.
- ✓ la planification et la simulation d'interventions neurochirurgicales. Lors des opérations elle permet la visualisation virtuelle du cortex et des structures sous-corticales, ainsi que l'aide au guidage pour le neurochirurgien.

La segmentation est aussi une étape centrale dans de nombreuses chaînes de traitements liées à des études neuro-cognitives, elle permet :

- ✓ La quantification de la variabilité inter-individuelle, par exemple lors d'études statistiques sur la morphologie des structures cérébrales.
- ✓ Mettre en évidence des différences anatomiques entre différents sujets (Voxel Based Morphometry ou VBM).
- ✓ La reconstruction 3D du cortex, sur laquelle on peut ensuite projeter les activations de l'IRMf. La segmentation des tissus cérébraux permet la reconstruction initiale puis la segmentation des structures sous-corticales permet de différencier matière grise du cortex et matière grise des structures sous-corticales, améliorant la reconstruction 3D du cortex.

Hormis ses applications dans le domaine clinique et des neurosciences, la segmentation se situe au cœur des problématiques de l'analyse d'images médicales, car son résultat peut fournir une initialisation pour d'autres traitements. En effet, les résultats de segmentation fournissent des informations précieuses pour le recalage d'images, la construction d'atlas ou l'apprentissage de relations spatiales entre structures anatomiques. Mais à l'inverse, utiliser un atlas ou une autre forme de connaissance spatiale pour guider le processus de segmentation permet d'obtenir de nouveaux résultats. De même, une opération de recalage entre un modèle connu et le sujet à traiter améliore nettement les performances de la segmentation. Ainsi, l'intérêt de la segmentation ne se situe pas uniquement dans ses applications directes, mais dans l'interaction avec de nombreux autres outils d'analyse et de traitement des images. Cette interaction se traduit notamment par des approches modulaires, dans les quelles la segmentation est un maillon parmi un enchaînement de traitements répondant à un problème concret.

1.5.4 Difficultés de la tâche de segmentation

La segmentation des images n'est pas une tâche facile, elle est sujette à plusieurs obstacles. Les principales difficultés rencontrées dans le processus de segmentation sont les suivantes :

La forme variable des objets à segmenter : Un même objet peut avoir une forme différente chez deux sujets, en particulier pour les structures cérébrales. L'exemple le plus visible est le cas des sillons corticaux, leur localisation et leur forme varient largement d'une personne à une autre.

Le Faible Contraste et l'ambiguïté au niveau des frontières:

Ce problème est en particulier gênant pour la segmentation des structures profondes du cerveau comme les noyaux gris centraux, où leurs bords apparaissent fondus dans la matière blanche sur les IRM pondérées en T1. Ce phénomène peut aussi se produire lorsqu'une modalité d'imagerie produit des niveaux de gris similaires pour deux tissus différents, par exemple la matière grise et la matière blanche sur les IRM pondérées en T2.

Le Bruit sur l'image : Les causes de bruit sont multiples. le débruitage (élimination de bruit) constitue une étape de prétraitement nécessaire avant un processus de segmentation.

Artefacts issus des systèmes d'acquisition ou liés aux algorithmes de reconstruction : Les artefacts sont de nature diverse selon la modalité d'imagerie utilisée. Dans le cas de l'Imagerie par Résonance Magnétique, il s'agit essentiellement d'une variation spatiale d'intensité due aux hétérogénéités de champ. L'IRM est également affectée par le phénomène de Gibbs qui apparaît dans le voisinage des zones de forts gradients d'intensité. Tous ces artefacts affectent le processus de segmentation et peuvent nuire ces résultats.

1.5.5 Evaluation de la segmentation

Les méthodes d'évaluation de la segmentation peuvent être regroupés en deux classes, selon que l'on possède ou non une vérité terrain (segmentation de référence).

Méthodes d'évaluation sans vérité terrain : Ces méthodes reposent sur des critères quantitatifs cherchant à quantifier la cohérence de la segmentation. Certains critères évaluent l'uniformité des intensités dans chaque classe (critères d'adéquation au modèle), d'autres la variabilité d'intensité entre régions adjacentes (critères de contraste).

Ces méthodes bien qu'elles fournissent des indicateurs pour comparer les algorithmes de segmentation, reflètent peu si la segmentation est effectivement correcte au sens médical.

Méthodes d'évaluation avec vérité terrain : Dans le domaine de la segmentation d'IRM cérébrales, un grand nombre d'images fournies avec leur segmentation de référence est mise à disposition par plusieurs laboratoires. Les critères reposant sur une segmentation de référence sont alors généralement préférés. Deux types d'images peuvent être utilisés :

Des images simulées (aussi appelées fantômes) obtenues par simulation du phénomène physique d'acquisition d'une image IRM à partir d'un modèle anatomique réaliste. Nous pouvons alors comparer le résultat d'un algorithme de segmentation au modèle anatomique sous-jacent. La base de données simulées, la plus courante est la base BrainWeb mise à

disposition par le McConnell Brain Imaging Center. Cette base est utilisée dans plusieurs publications pour l'évaluation des méthodes de segmentation d'IRM cérébrales.

Des images réelles, segmentées manuellement par un expert (semi-segmentées). L'avantage principal de ce type d'évaluation est qu'elle se base sur des vraies acquisitions, représentant la réalité.

La segmentation manuelle est cependant une tâche fastidieuse, couteuse en temps, et sujette à une variabilité inter- et intra-expert non négligeable.

Le résultat de la segmentation des images réelles et simulées est comparé à la segmentation de référence via une mesure de similarité. L'évaluation sur images simulées permet de quantifier les performances de la méthode de segmentation, de le comparer avec d'autres approches évaluées sur les mêmes données, mais ne peut cependant pas représenter exactement le comportement de la méthode face aux artefacts et propriétés des images réelles. C'est la raison pour laquelle ce type d'évaluation est dans la plupart des cas accompagné d'une évaluation sur images réelles.

1.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté les différentes notions liées au contexte de notre étude, à savoir, L'IRM, l'anatomie cérébrale, et la segmentation. Après avoir rappelé brièvement les différents types d'images médicales et décrit un peu plus en détails les volumes obtenus en imagerie par résonance magnétique (IRM). Une brève description du processus de segmentation d'images a été présentée. La segmentation est un outil fréquemment utilisé pour l'interprétation des données IRM. Il existe plusieurs approches de segmentation, ces approches varient selon la modalité d'imagerie utilisée et les cibles de segmentation. Dans notre cas nous nous intéressons à la segmentation 3D des structures cérébrales sur des images par résonance magnétique.

Comme mentionné dans la Section 1.4.4, les artefacts sont nombreux dans les IRM. Il est nécessaire de proposer des modèles de segmentation adaptés et robustes. Le modèle de segmentation peut alors intégrer des connaissances a priori afin de guider la solution sur la base de propriétés connues : modèle de bruit, modèle d'inhomogénéité des intensités, localisation spatiale des objets,... Ces informations, qui restreignent l'espace des solutions, ne doivent cependant pas être trop fortes sous peine de conduire à une solution davantage guidée par le modèle que par les données observées.

Il est fondamental que la segmentation soit aussi robuste et fiable que possible, car trop d'erreurs de segmentation sont susceptibles de brouiller les autres étapes d'interprétation dans la chaîne de traitement, inférant de faux résultats. C'est la raison pour laquelle la segmentation est généralement considérée comme un maillon crucial dans les applications.

Dans le chapitre suivant nous présenterons un état de l'art des différentes techniques de segmentation des IRM cérébrales, afin de positionner les recherches dans ce sujet et d'appréhender les différents axes de réflexions.

CHAPITRE

II

Segmentation des structures cérébrales en IRM : état de l'art

2.1 Introduction

La segmentation précise des tissus et des structures cérébrales en IRM est une tâche importante et indispensable à de nombreuses applications. La segmentation vise à déterminer le type de tissu présent pour chaque pixel ou voxel dans un ensemble de données 2D ou 3D, en fonction des informations recueillies à partir des images IRM et des connaissances a priori du cerveau. Ainsi deux applications principales sont envisageables la délimitation des tissus cérébraux (matière grise, matière blanche, liquide céphalo-rachidien) et la localisation des principales structures anatomiques sous corticales (système ventriculaire, noyaux caudés, thalamus, putamens, ..), elles-mêmes composées de ces tissus [Dolz 2015].

La segmentation est l'une des étapes les plus importantes du prétraitement dans plusieurs recherches médicales et applications cliniques, telles que la quantification du volume des tissus, la visualisation et l'analyse des structures anatomiques, la fusion et le recalage multimodal, la cartographie fonctionnelle du cerveau, la détection des pathologies, et la planification et la simulation des opérations chirurgicales.

La segmentation des structures cérébrales en IRM est une tâche difficile, plusieurs problèmes peuvent apparaître lors de ce processus affectant la qualité des résultats. Plusieurs obstacles influençant l'information radiométrique disponible doivent être surmontés lors du traitement des images IRM. Ils comprennent le bruit inhérent aux mesures physiques et le biais induit par la qualité des champs magnétiques et de l'antenne de réception, ce qui peut élargir les classes de radiométrie. Il y a aussi le chevauchement des tissus qui peut résulter d'un très faible contraste ou d'un effet de volume partiel (dû à la discrétisation de l'espace). Enfin, la taille des données (une image 3D contient plusieurs millions de voxels) et la variabilité de l'anatomie du cerveau humain (qui limite l'introduction de connaissances a priori) rendent le processus de segmentation encore plus difficile.

Dans ce chapitre nous présentons un état de l'art des différents types de méthodes développées pour répondre à la problématique de la segmentation des images cérébrales 3D.

Etant donné la forme parfois complexe des structures anatomiques, il nous a semblé intéressant d'explorer plus particulièrement les techniques de segmentation qui sont flexibles du point de vue de la topologie. C'est en particulier le cas pour les modèles déformables.

Ces approches, sont conçues pour tenir compte des connaissances a priori relatives à l'application qu'elles traitent dans notre cas la segmentation des structures cérébrales. Ce sont

par exemple des connaissances de forme, ou de positionnement des structures à segmenter. Elles peuvent provenir d'un atlas, ou de nombreuses autres sources d'information.

2.2 Les modèles déformables

Parmi les méthodes les plus populaires et les plus réussies pour la segmentation des structures cérébrales sont les modèles déformables en raison de leur capacité à traiter parfaitement la complexité anatomique des structures cérébrales, leur flexibilité et leur capacité à prendre en compte les connaissances a priori sur la forme des objets à segmenter et leur variabilité. Les modèles déformables, Depuis leur introduction pour la première fois [Kass 1987], ont été largement étudiés et utilisés dans le domaine de la segmentation des images cérébrales.

Le principe des modèles déformable est l'adaptation d'un contour (ou surface dans le cas 3D) à la structure que l'on cherche à segmenter, en évoluant le contour (2D) ou la surface (3D) en direction des frontières de l'objet que l'on cherche à segmenter. Cette évolution peut être exprimée directement, au moyen de forces qui déforment la surface, ou plus globalement, grâce à une approche énergétique ou variationnelle.

Deux grandes familles de modèles déformables existent en fonction de leur représentation et de leur mise en œuvre: les modèles déformables paramétriques et les modèles déformables non-paramétriques [Xu 2000]. Les premiers sont les plus anciens et sont représentés explicitement comme des courbes paramétrées dans une formulation lagrangienne. Les secondes, basées sur la théorie d'évolution des courbes, sont représentées implicitement comme des ensembles de niveaux des fonctions de distance de dimension supérieures qui évoluent selon une formulation eulérienne [Van Leemput 1999].

Les modèles déformables paramétriques sont constitués d'une courbe (ou surface) qui peut se conformer dynamiquement aux formes d'objets en réponse aux forces internes (élastiques) et aux forces externes (image et contraintes) [Gastaud 2005]. Les modèles déformables paramétriques 2D appelés aussi modèles Snake sont initialement proposés par Kass [Kass 1987] et étendu au cas 3D par Cohen [Cohen 1993]. Cette famille de modèles déformables a été appliquée avec succès dans divers problèmes d'imagerie médicale [Chen 2005] [Hickman 2004] [Das 2007] [Moreno 2014]. MacInerney propose un aperçu de divers travaux basés sur des modèles déformables paramétriques pour une application médicale [McInerney 1996].

Les modèle déformables paramétriques ou snakes s'appuient sur la déformation itérative d'une courbe paramétrique. Cette déformation est effectuée par la minimisation d'une fonctionnelle se présentant comme la somme d'une énergie externe (le terme d'attache aux données lié au contenu de l'image) et d'une énergie interne (le terme de régularisation prenant en compte l'élasticité et la rigidité du contour). Formellement l'énergie de la courbe C est généralement formulée de la manière suivante :

$$E_{snake}(C(s)) = \int_s \alpha(s) \left| \frac{dC(s)}{ds} \right|^2 ds + \int_s \beta(s) \left| \frac{d^2C(s)}{ds^2} \right|^2 ds + \int_s \lambda(s) g(|\nabla I(C(q))|) ds \quad (2.1)$$

← Elasticité →
← Rigidité →
⏟
Energie interne
Energie externe

Où q est la coordonnée relative à la courbe C . α , β , et λ sont des coefficients réels positifs, ∇I est le gradient de l'image I et g est une fonction strictement décroissante destinée à minimiser le terme de l'énergie externe si la courbe C est localisée sur les zones de plus fort gradient.

Les modèles déformables paramétriques ont plusieurs limites qui affaiblissent leur application dans la résolution des problèmes de segmentation d'image. Par exemple, ils sont trop sensibles à leurs conditions initiales et devraient être placés généralement près des contours des objets d'intérêt. En outre, en raison du paramétrage explicite du modèle, ils ne peuvent pas avoir de changements topologiques. Ce dernier point présente un grand problème en particulier pour la segmentation des structures cérébrales qui ont de fortes variations de forme.

Les modèles déformables non-paramétriques [Caselles 1997] [Malladi 1995] [Paragios 2002] [Mesejo 2015] [Ivanovska 2015] sont initialement introduits par Osher et Sethian [Osher 1988], leur principe est de fournir une formulation implicite du contour déformable dans un cadre d'ensembles de niveaux. Ce type de modèles s'adapte mieux aux applications médicales. De plus, le formalisme des ensembles de niveaux [Osher 1988] permet l'implémentation de ces méthodes efficacement. L'idée de base des ensembles de niveaux consistait à intégrer l'évolution du contour dans les courbes iso-valeur d'une fonction de dimension supérieure. De telles fonctions ont été appelées fonctions d'ensemble de niveau. Les changements topologiques pourraient être naturellement gérés. De plus, les surfaces de forte courbure, très difficiles à manipuler pour les modèles déformables paramétriques, pourraient également être facilement représentées. Pour cette raison, les ensembles de niveaux

sont devenues un axe de recherche très actif pour la segmentation d'images ces dernières années et ont fait l'objet de très nombreux développements et applications dans le domaine de l'imagerie médicale plus spécifiquement pour la segmentation des structures cérébrales [Angelini 2003] [Jonasson 2004] [Lynch 2006].

Les modèles non-paramétriques permettent d'intégrer naturellement les changements de topologie. Le contour C est considéré comme l'ensemble de niveau zéro d'une hypersurface (surface de dimension supérieure), notée Ψ , soit formellement (en deux dimensions avec les coordonnées d'un point définie par le couple (x, y)) :

$$C = \{(x, y) \mid \Psi(x, y) = 0\}. \quad (2.2)$$

La modélisation ne prend donc pas en compte directement l'évolution du contour, mais bien celui de Ψ , sachant que le contour peut en être déduit de manière immédiate. Cette évolution est inspirée des travaux en propagation des ondes présentés dans [Osher 1988], formalisant l'équation d'évolution sous forme d'équation aux dérivées partielles. Elle se fait dans la direction de la normale à la surface et la vitesse de propagation est proportionnelle à la courbure. Elle est contrainte de manière à attirer la courbe vers l'objet à segmenter avec une régularisation spécifique. Formellement, cela revient à résoudre l'équation différentielle suivante :

$$\frac{\partial \Psi}{\partial t} = \nu \mid \nabla \Psi \mid \quad (2.3)$$

où ν la vitesse de propagation. Deux solutions existent pour construire le modèle de propagation des ondes, à l'origine des ensembles de niveaux géométriques [Caselles 1993] et géodésiques [Caselles 1997]. Cependant, la simulation de cette propagation est très coûteuse en temps de calcul, menant à la définition de la méthode Fast Marching [Sethian 1999].

Les ensembles de niveaux ont été utilisées dans le cadre de la segmentation pour segmenter des structures très spécifiques telles que le cortex, les ventricules ou les noyaux gris. Baillard [Baillard 2001] propose une segmentation du cerveau en deux étapes. Un modèle est d'abord recalé selon un procédé multigrille et multi-résolution avant une étape d'évolution du contour obtenu par ensembles de niveaux.

Han [Han 2003] définit un nouveau type d'ensembles de niveaux permettant de respecter les contraintes topologiques du modèle initial. Une application à la reconstruction de la surface corticale montre que l'ajout de ces contraintes permet de corriger des détails afin de respecter l'anatomie du cortex (comme l'apparition de boucles, le cortex étant une structure très circonvoluée).

Zeng [Zeng 1999] définit une méthode de segmentation des tissus cérébraux par deux ensembles de niveaux concurrentes, son avantage est qu'elle permet de définir explicitement une frontière LCR/matière grise et matière grise/matière blanche, tout en gardant une distance minimale entre ces deux surfaces. Une évolution de cette approche est présentée dans [Yang 2004] et [Dunan 2004], dans ces travaux l'évolution des ensembles de niveaux est basée sur l'estimation du maximum a posteriori (MAP) prenant en compte la forme des objets à segmenter et leurs relations de voisinage. Ces deux derniers a priori sont établis à partir d'un ensemble d'apprentissage permettant de calculer une forme moyenne pour chacune des structures recherchées, ainsi que leur positionnement par rapport à une structure de référence. Yang [Yang 2004] propose notamment une application à la segmentation des structures internes du cerveau (ventricules, noyaux gris, et .) tandis que [Dunan 2004] propose une segmentation du cortex par ensembles de niveaux représentant respectivement l'interface matière blanche /matière grise et la surface du cortex.

Les ensembles de niveaux concurrents ont été utilisés dans [Wang 2011] pour effectuer une segmentation des structures cérébrales de nouveaux-nés. Ce modèle inclut plusieurs informations telles que l'intensité locale, un a priori spatial sous forme d'atlas et une contrainte d'épaisseur du cortex. L'initialisation des ensembles de niveaux est réalisée par un schéma d'optimisation tenant compte des statistiques globales de l'image et de l'atlas.

Nous pouvons distinguer deux types de modèles déformables géométriques, le modèle géométrique basé contour et le modèle géométrique basé région. Le modèle déformable géométrique basé région est très important pour la segmentation des structures cérébrales car la fonction d'évolution du modèle dépend uniquement des informations sur la région à segmenter et peut donc intégrer différentes caractéristiques des structures cérébrales et des informations a priori nécessaires au processus de segmentation. L'idée d'un modèle déformable basé région est apparue en 2001, quand Chan et Vese [Chan 2001] ont présenté leur approche du «contour actif sans bords». Dans leur modèle, aucune information sur le gradient d'image n'était nécessaire comme avec les modèles déformables traditionnels. Au lieu de cela, les forces motrices ont été dérivées via la minimisation de l'énergie de la fonction de segmentation de Mumford-Shah [Mumford 1985] pour les régions constantes par morceaux. Leur méthode pourrait facilement traiter des images bruitées. Et par conséquent, ce modèle a été largement utilisé pour la segmentation du cerveau [Song 2004], et de nombreuses autres applications. Cependant, l'introduction de fonctions d'ensemble de niveaux a implicitement augmenté le nombre de paramètres du modèle de surface, ce qui augmente le temps de calcul, en particulier pour les données 3D ou 4D. De nombreuses modifications d'optimisation telles

que la bande étroite [Yezzi 2002] ou Fast Marching Method (FMM) [Sethian 1999] ont été proposées. FMM est une version très rapide des ensembles de niveaux et est très utile lors du suivi d'un front de propagation qui évolue avec une vitesse de signe constante; Cependant, il ne convient pas toujours à la segmentation des structures cérébrales. Pour les structures cérébrales, nous avons souvent besoin d'une fonction de vitesse avec un signe d'évolution arbitraire, cependant FMM ne peut évoluer que dans un sens (signe positif ou négatif). Plusieurs méthodes ont été proposées pour améliorer la performance de FMM afin d'être soit efficace sur le plan de temps de calcul [Kim 2000], soit au niveau de la précision des résultats [Yatziv 2006], nous pouvons aussi citer Shifted Grid Fast Marching Method (SGFMM) proposée par Danielsson et Lin [Danielsson 2003], la méthode de marche rapide multi-stencils (MS-FMM) [Hassouna 2007] ou encore la méthode de marche en groupe (GMM) [Kim 2001] qui peut réduire la complexité du FMM en avançant un groupe de points de grille simultanément plutôt que de trier la solution dans une bande étroite. Parmi toutes les améliorations du FMM, la méthode de la marche rapide généralisée (GFMM) [Carlini 2011] est la plus importante dans le sens où elle supprime la restriction du signe de la fonction d'évolution imposée par FMM. Rappelons que pour pouvoir utiliser FMM il faut choisir une fonction d'évolution constante (c'est-à-dire positive ou négative), ce qui constitue un véritable obstacle notamment pour la segmentation des structures cérébrales. Dans la méthode de marche rapide généralisée (GFMM), nous pouvons utiliser une fonction d'évolution arbitraire qui peut changer de signe dans l'espace et dans le temps tout en gardant presque la même rapidité. Le chapitre suivant donne plus de détails sur les modèles déformables et sur leurs implémentations.

2.3 Approches structurelles

Les méthodes structurelles utilisent les opérateurs de morphologie mathématique [Najman 2010]. La morphologie mathématique consiste à comparer une structure inconnue (i.e. l'image que l'on étudie) à un ensemble de formes appelés éléments structurants. Ces comparaisons s'effectuent au moyen d'opérations booléennes telles que l'intersection et l'inclusion.

La théorie de la morphologie mathématique permet l'extraction des éléments d'intérêt à partir de mesures fondées sur les formes des objets contenus dans les images étudiées. Selon

l'application recherchée, Un élément structurant, caractérisant les propriétés recherchées, parcourt l'image et agit à la manière d'un filtre.

Les deux opérateurs de base de la morphologie mathématique sont la dilatation et l'érosion par un élément structurant B .

Une image binaire I est considérée comme une partie de l'ensemble $E \subseteq R^n$ ou Z^n . La dilatation se définit comme l'addition de Minkowski de l'image I par l'élément structurant B , soit formellement :

$$\delta_B : I \rightarrow I \oplus B = \bigcup_{b \in B} I_b = \bigcup_{x \in I} B_x = \{x + b / x \in I, b \in B\} \quad (2.4)$$

L'érosion se définit comme la soustraction de Minkowski de l'image I par l'élément structurant B , soit formellement :

$$\varepsilon_B : I \rightarrow I \ominus B = \bigcap_{b \in B} I_{-b} = \{p \in E / B_p \in I\} \quad (2.5)$$

La différence entre une dilatation et une érosion par un élément structurant unitaire définit le gradient morphologique.

La morphologie mathématique est largement utilisée pour la segmentation des structures cérébrales.

Höhne [Höhne 1992] définit une méthode interactive de segmentation des tissus cérébraux. Cette méthode comprend quatre phases, un seuillage, une érosion binaire, une sélection de la plus grande composante connexe et une dilatation conditionnelle. L'utilisateur a le choix des seuils et des critères de convergence pour la segmentation. Dans le travail de [Stokking 2000], les auteurs automatisent la méthode de Höhne grâce à l'introduction d'une détection des seuils par une méthode de croissance de région.

Mangin [Mangin 1998] présente quant à lui une méthode complètement automatique de segmentation des structures cérébrales. Il sélectionne les modes de l'histogramme de l'image par une analyse multi-échelle et utilise ensuite les opérateurs morphologiques pour l'extraction des différents tissus. Dans une même idée, Dokládál [Dokládál 2003] propose une segmentation complète du cerveau en se basant uniquement sur des opérateurs morphologiques, conduisant à une segmentation progressive des tissus cérébraux. Cette segmentation est contrainte par des critères topologiques et relationnels (position des tissus les uns par rapport aux autres, et.).

Nous pouvons aussi citer les travaux présentés dans [Park 2007], définissant une approche automatique d'extraction du cerveau. Le cerveau est tout d'abord extrait sur une coupe de l'image IRM en effectuant un seuillage, une érosion puis une succession de dilatations de la plus grande composante restante. Cette extraction est ensuite étendue à l'ensemble de l'image.

Enfin, Chiverton [Chiverton 2017] présente également une méthode automatique d'extraction du cerveau basée sur la morphologie mathématique. Cette opération est complètement automatisée par l'ajout de techniques statistiques, destinées à fournir un critère d'arrêt à une croissance de région.

2.3.1 Ligne de Partage des Eaux

Une autre catégorie de méthodes structurelles est celle définie à partir d'une méthode de segmentation appelée la ligne de partage des eaux (formalisé dans [Vincent 1991]). Dans cette méthode les images sont décrites en termes topographiques, c'est-à-dire qu'une image peut être perçue comme un relief en assimilant les niveaux de gris à une altitude. La ligne de partage des eaux est alors la crête définissant la limite entre deux bassins versants. Pour l'obtenir, il faut imaginer l'immersion d'un relief dans de l'eau, en précisant que l'eau ne peut pénétrer dans les vallées que par ses minima. La ligne de partage des eaux est représentée par les points où deux lacs disjoints se rejoignent au cours de l'immersion.

Il existe deux principales classes d'implémentation de cette méthode : (1) la méthode récursive d'immersion et (2) la méthode basée sur des fonctions de distances géodésiques [Roerdink 2000]. La méthode d'implémentation basée sur les distances géodésiques est intéressante cependant elle nécessite d'être associée à une étape de fusion des régions car elle conduit généralement à une sur-segmentation. Afin de remédier à ce problème plusieurs améliorations de la méthode LPE ont été proposées comme celle présentée dans le travail de Peng [Peng 2005] qui utilise une immersion multi-degré.

La méthode LPE a été beaucoup utilisée pour la segmentation des tissus cérébraux en particulier pour extraire le cerveau du reste de l'image. Un premier exemple est donné dans [Thiran 1997], qui introduit un mode de sélection simple de marqueurs, de manière à éviter la sur-segmentation due à la ligne de partage des eaux. La même idée de sélection de marqueurs est reprise dans [Hahn 2000], qui considère que la matière blanche représente une composante unique qui peut être utilisée comme base pour la segmentation du cerveau complet. Ce genre d'approches peut également être couplé à un modèle déformable afin d'obtenir des résultats plus fiables [Ségonne 2004]. La ligne de partage des eaux a également été utilisée pour la segmentation des sillons corticaux dans [Sharva 2016].

2.4 Les méthodes par classification

Les méthodes par classification visent à partitionner l'image en un certain nombre de classes. Il existe un nombre important de méthodes de classification, les plus importantes sont citées ci-dessous.

2.4.1 La méthode des k plus proches voisins (kPPV)

Une première façon d'effectuer une classification est d'estimer la fonction de densité de probabilité selon la méthode des k plus proches voisins (kPPV). Soit un ensemble d'apprentissage P , consistant en N échantillons de dimension D dont la répartition en C classes est connue. Un élément y_j est classé dans la classe c si la majorité des k plus proches échantillons de l'ensemble d'apprentissage appartient à la classe c . La distance entre les motifs est calculée selon une norme adaptée à chaque cas. Cependant, cette méthode suppose que l'ensemble d'apprentissage est représentatif des données traitées et doit être fourni en préalable comme entrée de la méthode. Cet ensemble peut être fourni soit par un expert, soit être extrait de l'ensemble des motifs selon certaines conditions.

La méthode kPPV avec un ensemble d'apprentissage est utilisée dans [Warfeld 2000]. Dans cette approche l'expert définit l'ensemble d'apprentissage en sélectionnant de 50 à 100 voxels par classe (uniquement en fonction de l'intensité des voxels). Un modèle anatomique est également fourni de manière à contraindre la segmentation afin d'obtenir des résultats plus pertinents.

Une méthode kPPV complètement automatique est proposée dans [Cocosco 2003]. Initialement une extraction automatique de l'ensemble d'apprentissage est effectuée en utilisant un élagage d'un arbre ouvrant minimal d'un ensemble de voxels à partir d'un atlas anatomique. La méthode kPPV est ensuite appliquée afin d'obtenir la segmentation finale.

2.4.2 K-Moyennes

La méthode des k-moyennes [MacQueen 1967] classe les objets selon leurs attributs en k parties (ou clusters) en supposant que les attributs des objets forment un espace vectoriel. L'objectif est de minimiser la variance intra-cluster :

$$V = \sum_{k=1}^K \sum_{x_i \in S_k} |x_i - c_k|^2 \quad (2.6)$$

où S_k , $k = 1, 2, \dots, K$ sont les K clusters et c_k est le centroïde ou point moyen des points $x_i \in S_k$.

Cet algorithme commence par le partitionnement des points en K ensembles initiaux, cela est fait soit au hasard, soit en utilisant une heuristique. Le centroïde de chaque ensemble est ensuite calculé et une nouvelle partition est construite en associant chaque point avec le centroïde le plus proche. Ensuite l'algorithme alterne entre calcul des centroïdes des nouveaux clusters et appariement des points avec le centroïde le plus proche jusqu'à convergence. Celle-ci est obtenue quand aucun point ne change de groupe (ou bien quand les centroïdes ne changent plus).

Un des avantages de cet algorithme qui l'a rendue populaire est sa rapidité. En effet, son nombre d'itérations est typiquement inférieur au nombre de points. Néanmoins cet algorithme ne garantit pas toujours un optimum global et sa performance dépend en grande partie du choix des ensembles initiaux et peut, en pratique, être bien loin de l'optimum global. Pour surmonter ce problème une approche courante est de lancer plusieurs fois l'algorithme et de retourner la meilleure partition. Vu sa rapidité d'exécution le temps global de cette approche ne sera pas très important.

Aussi l'autre inconvénient de cet algorithme est qu'il est nécessaire de donner le nombre de clusters (i.e. K) à trouver au préalable; cela n'étant pas réellement handicapant dans le cas de la segmentation cérébrale puisque le nombre de classes est, le plus souvent, connu.

Cet algorithme a été utilisé pour segmenter le cerveau [Liu 2015] [Bal 2018] avec des résultats plutôt satisfaisants mais la qualité non constante de la solution construit un handicap en particulier si on cherche une automatisation de traitement.

2.4.3 La méthode des C-moyennes floues

La méthode FCM appartient à une famille de techniques dite floue (utilisant le principe de la logique floue). En effet, en raison de l'incertitude de la valeur des voxels des images IRM cérébrales, l'utilisation d'approches communes peut potentiellement limiter la capacité de ces techniques. Pour cette raison, les chercheurs ont développé des approches floues en considérant différentes régions des images IRM comme des ensembles flous. En particulier, l'utilisation des ensembles flous est appropriée pour décrire des données appartenant à des classes mal définies, comme les voxels correspondant à des volumes partiels sur des données IRM cérébrales. Par conséquent, de nombreux travaux ont utilisé la méthode Fuzzy C-Mean

(FCM) pour la segmentation des structures cérébrales [Banerjee 1999] [Chuang 2006] [Liew 2003]. [Zhang 2004] [Filho 2015] [Zainuddin 2015] [Adhikari 2015] [Nguyen 2015].

L'idée de combiner un modèle déformable avec un modèle flou est intéressante, car le modèle obtenu pourra traiter à la fois la complexité des structures cérébrales et l'incertitude des données IRM. Plusieurs travaux ont été proposés dans ce sens, dans [Xu 1999] les auteurs ont utilisé un algorithme adaptatif de c-means flou qui est combiné avec un algorithme d'isosurface et un modèle de surface déformable pour reconstruire le cortex cérébral. Dans [Colliot 2004], les auteurs ont proposé une méthode de segmentation automatique pour les structures cérébrales; le processus de segmentation est basé sur une description spatiale symbolique des structures, et affiné avec un modèle déformable. Dans le cadre de segmentation proposé par [Colliot 2006], le modèle géométrique déformable et les relations anatomiques spatiales modélisées avec des ensembles flous sont utilisés pour conduire la segmentation des structures cérébrales. Dans [Zhou 2005], les auteurs ont utilisé un atlas fait de modèles flous complexes incorporant des informations d'intensité, de localisation et de relation spatiale pour segmenter les structures cérébrales avec un algorithme de recalage.

Plus de détails sur la logique floue et la méthode FCM sont présentés dans le chapitre suivant.

2.4.4 La méthode Mean-Shift

Une autre méthodologie non paramétrique rencontrée en segmentation est la méthode du Mean-Shift [Cheng 1995] qui a l'avantage d'être non-supervisée, évitant ainsi l'étape de définition de l'ensemble d'apprentissage. Ce type d'algorithme recherche les modes (ou maxima locaux) de la distribution et regroupe les différents éléments selon leur proximité par rapport à ces modes. De manière générale, l'information prise en compte est l'intensité des voxels, mais également leurs coordonnées spatiales, conduisant à une sur-segmentation de l'image.

L'algorithme du Mean Shift, introduit par Fukunaga [Fukunaga 1975] puis amélioré par Comaniciu [Comaniciu 2002], recherche le « mode » ou point de plus haute densité d'une distribution de données. Dans le travail de Comaniciu, l'auteur décrit les bases de leur méthode (estimation par noyau de Parzen) ainsi que deux principaux champs d'applications, à savoir recherche de mode et filtrage de données. Une méthode élégante pour localiser les maxima locaux d'une fonction de densité est la recherche des zéros de son gradient. Le gradient de l'estimation non paramétrique par le noyau K_H est :

$$\hat{\nabla} f(x) = \nabla \hat{f}(x) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \nabla K_H(x - x_i) \quad (2.7)$$

Elle est dépendante de la forme du gradient du noyau. Avec un K_H de la forme :

$$K_H(x) = |H|^{-1/2} K(H^{1/2}x) \quad (2.8)$$

Où H est la matrice de paramètre d'échelle et $|H|$ le déterminant de la matrice H , on a un gradient de la forme :

$$\nabla K_H(x) = |H|^{-1/2} \cdot \nabla K(H^{-1/2}x) \quad (2.9)$$

Si le noyau K a comme profil la fonction k , définie telle que :

$$K(x) = C_{k,d} \cdot k(x^T x) \quad (2.10)$$

alors on obtient l'expression :

$$\nabla K_H(x) = 2C_{k,d} |H|^{-1/2} H^{-1} x k'(x^T H^{-1}x) \quad (2.11)$$

En posant $g(x) = -k'(x)$ et après quelques manipulations, on obtient l'équation du gradient de l'estimation suivante :

$$\nabla \hat{f}(x) = \frac{2C_{k,d} H^{-1}}{n |H|^{1/2}} \cdot \sum_{i=1}^n g(d^2(x, x_i, H)) \cdot \left[\frac{\sum_{i=1}^n g(d^2(x, x_i, H)) \cdot x_i}{\sum_{i=1}^n g(d^2(x, x_i, H))} - x \right] \quad (2.12)$$

où d représente la distance de Mahalanobis. Le but est de trouver les valeurs de x pour lesquelles le vecteur gradient de l'estimation est nul. Celui-ci s'annule si et seulement si le vecteur entre crochets est nul. Ce vecteur, appelé vecteur Mean Shift, est donc proportionnel au gradient de l'estimation.

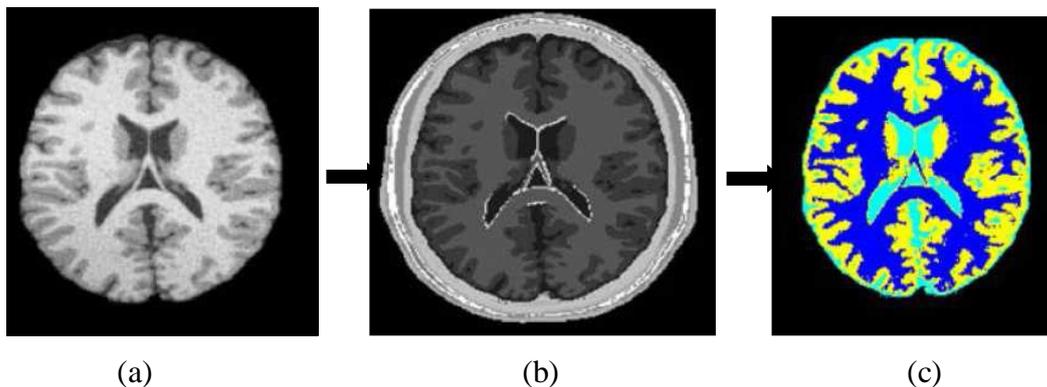


Figure 2. 1 – Résultats de segmentation obtenus par Mean Shift. (a) Image originale (base BrainWeb), (b) Vérité terrain et (c) Résultat de la segmentation [Mayer 2006]

La méthode Mean Shift pour la segmentation se résume comme suit : Initialement nous considérons les images en termes de caractéristiques (via couleur, gradient, mesures de texture, etc.), aussi il faut choisir une répartition uniforme des fenêtres de recherche initiales. Pour chaque fenêtre nous calculons le centroïde des données et nous centrons la fenêtre de recherche sur celui-ci. S'ensuit une alternance entre les deux étapes précédentes jusqu'à convergence. L'algorithme se termine par un fusionnement des fenêtres se trouvant au même point final et ensuite par un groupement des données traversées par les fenêtres fusionnées.

La méthode Meanshift a été utilisée par Mayer [Mayer 2006] pour segmenter les structures cérébrales en IRM, leur méthode donne de bons résultats (voir figure 2.1).

La méthode mean-shift a été combinée avec un algorithme de type EM par Garcia-Lorenzo [Garcia-Lorenzo, 2008] pour la segmentation des lésions de sclérose en plaque. Il a l'avantage de ne pas définir a priori le nombre de classes et de ne pas contraindre la forme des distributions des classes. Il est cependant lourd en calculs et requiert une étape cruciale de fusion des classes dans le cadre de la segmentation des IRM cérébrales.

Un autre exemple de l'utilisation du Mean-Shift pour la segmentation des tissus cérébraux est donné dans [Alaniz 2006]. La segmentation est également contrainte par l'ajout de l'information fournie par la détection des contours de l'image. L'enjeu est ensuite de fusionner l'ensemble des régions détectées par le Mean-Shift pour obtenir la segmentation finale. Cette étape est faite par l'analyse des régions adjacentes afin de fusionner les régions homogènes d'intensité proche, ainsi que par une étape de suppression des petites régions. Les régions finales sont alors classées selon une méthode bayésienne avec des connaissances a priori fournies par un atlas statistique.

Mayer [Mayer 2006] définit une approche basée sur la méthode Mean-Shift avec la prise en compte de l'intensité et des coordonnées spatiales. Par la suite, après une étape de fusion des modes adjacents, la classification finale est effectuée selon un algorithme des k-moyennes pondéré par le nombre de voxels de chaque région.

2.4.5 Machine à Vecteurs de Support (SVM)

Le principe des machines à vecteurs de support (en anglais Support Vector Machine ou SVM) [Vapnik 1982] est le suivant : nous déplaçons un problème complexe, souvent non-linéaire, dans un espace où le problème est linéaire ou plus simple. Ainsi, on va projeter les données par une transformation ϕ dans un espace de dimension supérieure et calculer un séparateur dans cet espace de Hilbert séparable. Ce séparateur est appelé hyperplan et les points de caractéristiques les plus proches de celui-ci définissent des plans appelés vecteur de support. Ensuite il faut maximiser la distance entre l'hyperplan et les vecteurs de support afin de rendre la segmentation plus robuste.

Les applications des SVM sont multiples, elles sont utilisées avec succès pour la détection de visages dans les images [Wang 2006] [Zhang 2015], pour segmenter les lésions de la matière blanche [Guerrero 2018] [Quddus 2005], aussi pour la classification des cerveaux [Lao 2004] [Madheswaran 2015].

Lee [Lee 2005] propose de les utiliser conjointement avec les champs de Markov pour créer les Support Vector Random Fields qui leur permettent de segmenter des tumeurs cérébrales (voir figure 2.2). La même idée est utilisée dans [Ism 2016] pour la segmentation des tumeurs sur plusieurs types de scanners IRM (voir figure 2.3). Alfonse [Alfonse 2016] utilise les SVM avec le modèle Bayésien (méthode EM) et la transformée de Fourier pour la détection des tumeurs, sa chaîne de traitement est illustrée sur la figure 2.4.

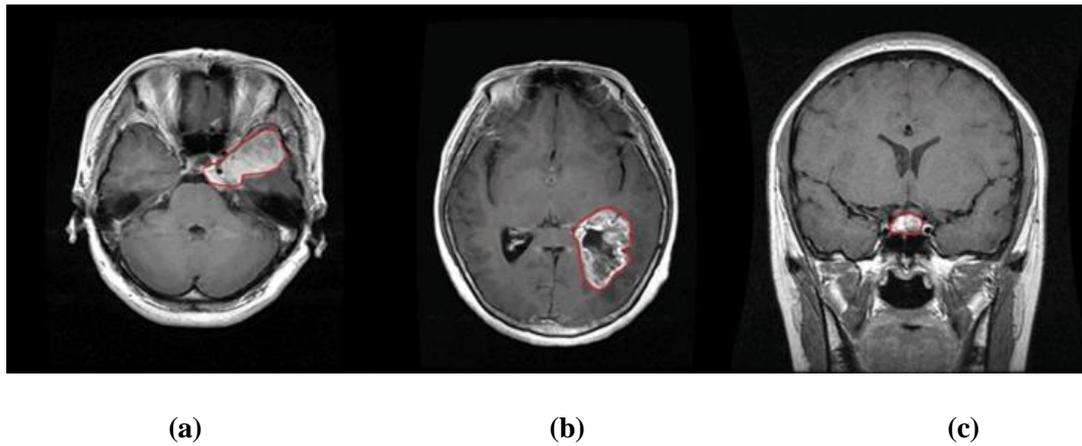


Figure 2. 2 - Illustrations des résultats de segmentation des tumeurs cérébrales par SVM, (a) méningiome, (b) un gliome, et (c) une tumeur hypophysaire [Lee 2005]

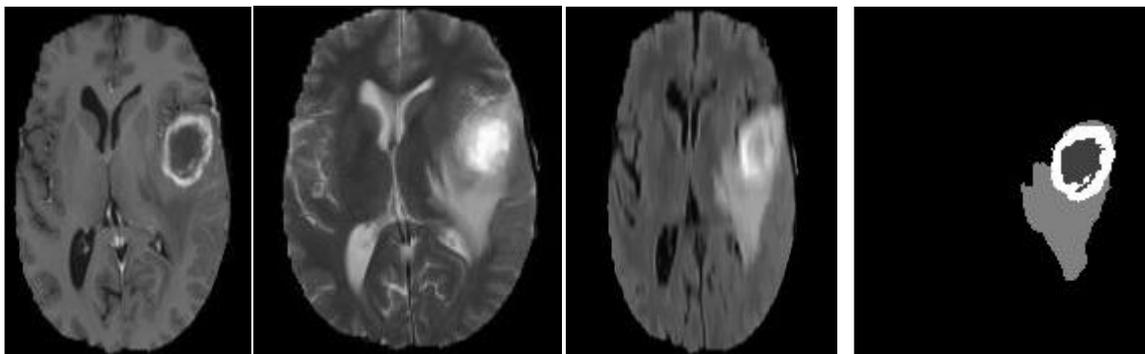


Figure 2. 3 - Segmentation des tumeurs cérébrales. De gauche à droite: T1-Gd, T2, FLAIR et Tumeur segmentée. En image segmentée signal lumineux est la région active, sombre le signal est le noyau nécrotique et le signal de niveau moyen est l'œdème (source [Ism 2016])

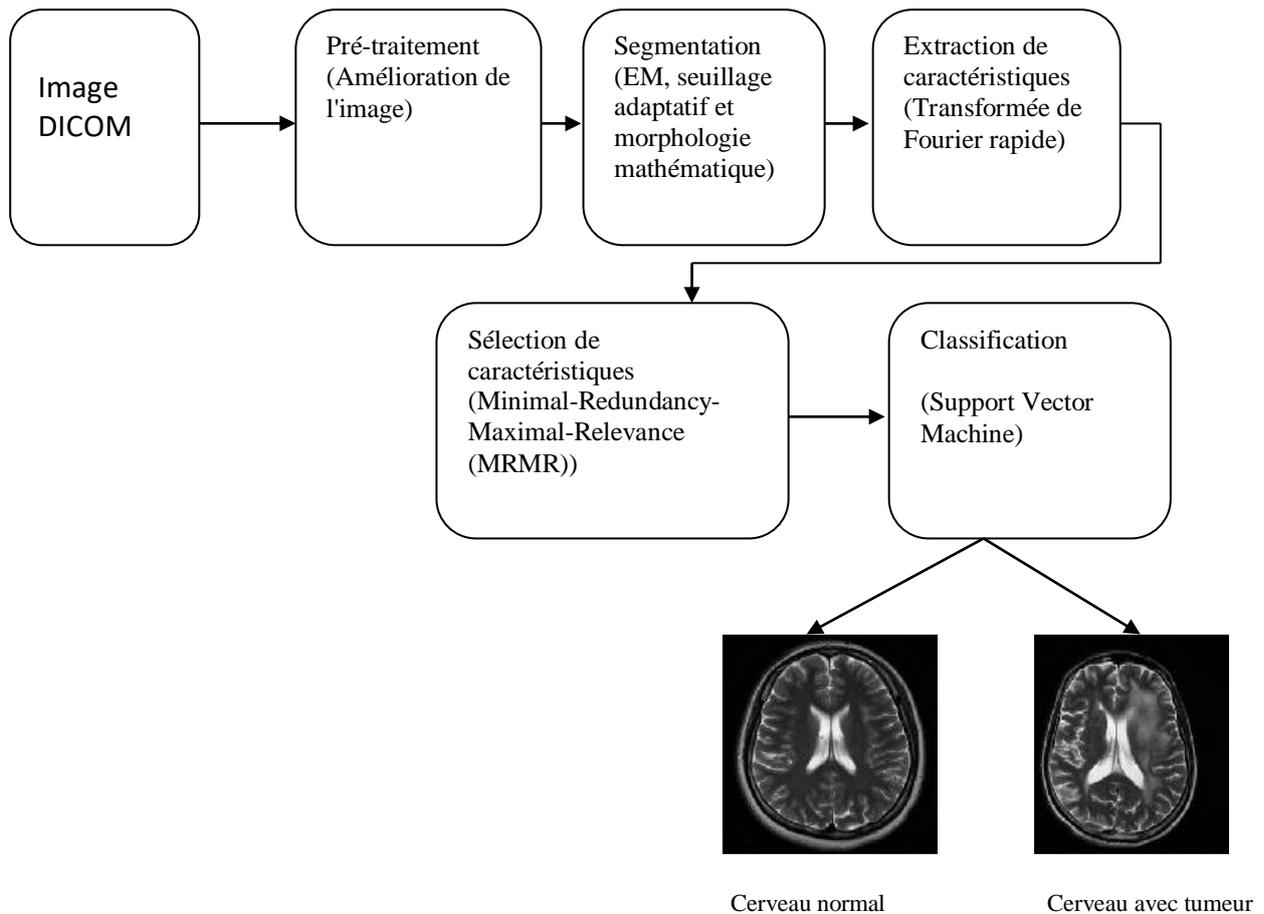


Figure 2.4 – Architecture générale du système proposé dans [Alfonse 2016] pour la détection des tumeurs

2.4.6 Méthode bayésienne

a) Mélanges de gaussiennes

Ces approches introduisent des connaissances a priori sur la forme de la distribution des échantillons, en la modélisant comme un mélange de gaussiennes, le but étant de calculer les paramètres optimaux permettant de quantifier ce mélange. Soit y_j un vecteur de dimension d représentant les données issues du voxel j à classer. L'intensité de ce voxel est considérée comme la réalisation d'une variable aléatoire régie par un mélange de gaussiennes :

$$f(y_j, \theta) = \sum_{k=1}^C \alpha_k (2\pi)^{d/2} |\Sigma_k|^{-1/2} \exp\left(-\frac{1}{2}(y_j - u_k)^t \Sigma_k^{-1} (y_j - u_k)\right) \quad (2.13)$$

où C est le nombre de classes recherchées, $\theta = (\alpha, u, \Sigma)$, u_k est le vecteur moyenne de la $k^{\text{ième}}$ distribution gaussienne et Σ_k est sa matrice de covariance, et α est la proportion du mélange. Les poids α_k sont positifs et vérifient la relation :

$$\sum_{k=1}^C \alpha_k = 1 \quad (2.14)$$

L'objectif est d'assigner une étiquette x_j à chaque voxel j avec $x_j \in \{c_1, c_2, \dots, c_k\}$. l'estimation de l'ensemble de ces paramètres est souvent effectuée en utilisant l'algorithme Expectation- Maximization (EM) [Dempster 1977] qui consiste à estimer le maximum de vraisemblance.

Parmi le grand nombre de travaux utilisant cette technique, nous pouvons citer tout d'abord les travaux de Van Leemput et Ashburner [Van Leemput 1999][Ashburner 2005], qui ajoutent une correction des inhomogénéités en intensité. Une prise en compte du volume partiel est ajoutée dans [Dugas-Phocion 2004], et l'étape de maximisation de la vraisemblance est remplacée par un estimateur de vraisemblance tamisé dans [Aït-Ali 2005]. Une approche locale a également été introduite dans [Kovacevic 2002] qui modélise l'histogramme du volume intracrânien par un mélange de quatre gaussiennes aussi bien au niveau local (c'est-à-dire sur une partie de l'image) que global (c'est-à-dire sur l'ensemble de l'image) pour apporter une réponse au problème des inhomogénéités en intensité. Enfin, Richard [Richard 2004] définit une approche multi-agents, chaque agent étant dédié à une partie de l'image ou un tissu particulier, la segmentation globale étant reconstruite par un agent global à partir des informations collectées auprès des agents locaux.

a-1) La méthode de la marche rapide bayésienne (GFMM Bayésienne)

La méthode GFMM Bayésienne [Baghdadi 2010] est basée sur un modèle déformable géométrique modélisé par un ensemble de niveau « level sets ». Ce modèle évolue depuis le volume initial en direction de la cible de segmentation, sous l'action d'une force normale à sa surface construite à partir du modèle bayésien.

Au départ, la carte des probabilités à posteriori est construite en utilisant l'algorithme EM pour obtenir les probabilités a priori $P(k / I)$ (la probabilité d'être en présence de la classe k sachant x).

Dans le cas des IRM cérébrales, on utilise généralement des distributions gaussiennes pour représenter les différentes classes de tissu. Chaque distribution est associée à une classe étiquetée ω_k et décrite par un vecteur de paramètres Γ_k à trois composantes. Les deux

premières composantes sont les paramètres de la distribution : moyenne et écart-type, la troisième composante est la probabilité a priori de la classe ω_k , notée $P(\omega_k) = \pi_k$

Le mélange de n distributions est donc décrit par le vecteur $\Gamma = \{\Gamma_k, 1 \leq k \leq n\}$, dont les paramètres sont calculés à partir de la méthode EM.

$$x \in \omega_k \quad \text{si} \quad p(\omega_k/I) > p(\omega_q/I), \quad \forall q, 1 \leq q \leq n \quad (2.15)$$

Ensuite, la probabilité à priori de chaque classe π_k est calculée à partir de la proportion des voxels appartenant à la classe k .

Pour construire les deux ensemble T et B (T étant le mélange des distributions associées aux classes correspondant à l'intérieur de la structure à segmenter et B Le mélange complémentaire, qui correspond au fond, ou à l'extérieur de la structure) la formule suivante est utilisée :

$$\omega_k \in T \Leftrightarrow \frac{\pi_k^i}{\sum_{1 \leq k' \leq n} \pi_{k'}^i} > \pi_k \quad (2.16)$$

Où π_k^i et π_k^e sont respectivement les proportions (ou probabilités a priori) de la classe ω_k à l'intérieur et à l'extérieur de la structure à segmenter. Ces deux paramètres sont calculés à partir de la distribution d'intensité du volume total:

$$P(I) = \sum_{k=1}^n \pi_k \cdot P(I/\omega_k) = \sum_{k=1}^n (\pi_k^i + \pi_k^e) \cdot P(I/\omega_k) \quad (2.17)$$

En d'autres termes, la classe ω_k du mélange correspond à la structure à segmenter si la proportion de voxels étiquetés ω_k à l'intérieur du volume initial est supérieure à la proportion des mêmes voxels dans le volume total.

Une fois que les ensembles T et B sont déterminés, les distributions d'intensité à l'intérieur et à l'extérieur de la structure à segmenter sont estimées de la manière suivante :

$$\begin{cases} p_i(I) = \sum_{k/\omega_k \in T} \pi_k \cdot P(I/\omega_k) \\ p_e(I) = \sum_{k/\omega_k \in B} \pi_k \cdot P(I/\omega_k) \end{cases} \quad (2.18)$$

La probabilité a priori d'un voxel d'être à l'intérieur de la structure à segmenter est alors :

$$\eta_T = \sum_{k/\omega_k \in A_i} \pi_k \cdot \quad (2.19)$$

Dans cette méthode la fonction d'arrêt du modèle déformable est liée à la probabilité d'être sur une zone de transition entre l'intérieur et l'extérieur de la cible de segmentation notée

P_{zone} . La fonction d'arrêt prend en compte la probabilité a posteriori d'appartenir à la zone de transition entre l'intérieur et l'extérieur de la cible. Soit x un voxel du contour courant, et ω la classe estimée de x . La probabilité a posteriori que le voxel x soit sur une zone de transition, connaissant l'intensité I du voxel x et ω , est :

$$P_T(x/I, \omega) = \begin{cases} P(x-n \in T/I) & \text{si } \omega \in T \\ P(x-n \in B/I) & \text{si } \omega \in B \end{cases} \quad (2.20)$$

Où n est le vecteur normal en x , T est l'objet à segmenter et B son complémentaire. Le voxel $x' = x-n$ est un voxel voisin de x , localisé à l'extérieur du volume défini par la surface O . Si on prend le cas où il est probable que x soit à l'intérieur de la cible (c'est-à-dire si $\omega \in T$), alors la probabilité de transition a posteriori est la probabilité que x' soit à l'extérieur de la cible, et réciproquement. En faisant l'hypothèse que les valeurs d'intensité sont indépendantes, si on note I' l'intensité du voxel x' , on a :

$$P(x-n \in B/I) = P(x-n \in B/I') \quad (2.21)$$

Et avec la règle de Bayes, on obtient :

$$P(x-n \in B/I) = \frac{P(x' \in T) \cdot P(I'/x' \in T)}{P(I')} \quad (2.22)$$

L'équation (2.22) peut alors s'écrire :

$$P_T(x/I, \omega) = \begin{cases} \frac{(1-\eta_T) \cdot p_e(I')}{\eta_i \cdot p_i(I') + (1-\eta_T) \cdot p_e(I')} & \text{si } \omega \in T \\ \frac{\eta_T \cdot p_e(I')}{\eta_i \cdot p_i(I') + (1-\eta_T) \cdot p_e(I')} & \text{si } \omega \in B \end{cases} \quad (2.23)$$

Enfin, pour le calcul de la direction S d'évolution du modèle déformable les auteurs utilisent la probabilité a posteriori $P(w/I)$ de la manière suivante :

$$S = \text{Sign}(P(w \in T/I) - P(w \in B/I)) \quad (2.24)$$

où w est la classe estimée du point traité. Ce qui donne en utilisant la règle de Bayes, la formule d'évolution finale :

$$S = \text{Sign}(\eta_T p_i(I) - (1-\eta_T) p_e(I)) \quad (2.25)$$

La méthode GFMM bayésienne donne de bons résultats pour la segmentation des tissus cérébraux (voir figure 2.5) cependant, elle souffre de quelques problèmes ; (1) elle est

dépendante des résultats de l'étape préliminaire qui n'est pas toujours performante. (2) elle est binaire donc elle ne peut segmenter qu'une structure à la fois. (3) Elle est sensible aux bruits et aux homogénéités de champs. (4) elle utilise uniquement l'information de région disponible et ignore l'information de contour, cette information s'avère très utile en particulier pour la segmentation du cortex, du liquide céphalo-rachdien et des ventricules.

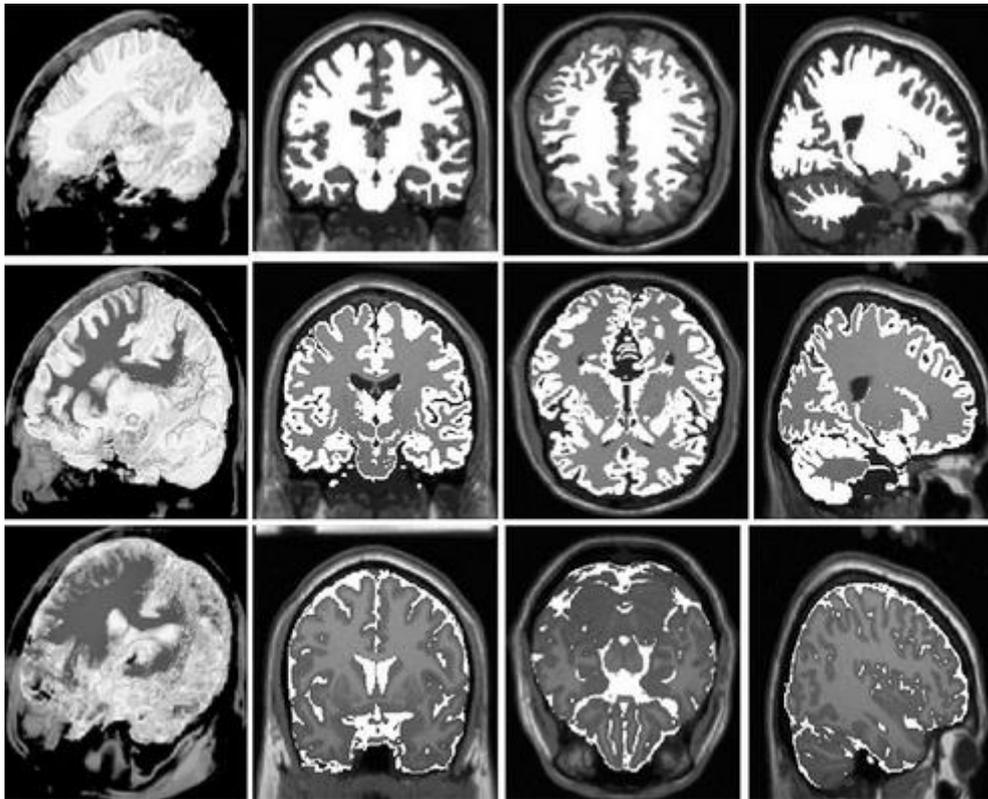


Figure 2. 5 – Résultats de la segmentation des trois tissus (matière blanche, matière grise et liquide céphalo-rachdien) en utilisant la méthode GFMM bayésienne [Baghdadi 2010]

b) Champs de Markov

Les champs de Markov permettent de modéliser l'interaction spatiale entre les voxels. Soit S un ensemble de sites s et des variables aléatoires X_s associées à ces sites. Le champ $X = (X_s)_{s \in S}$ est un champ de Markov pour un système de voisinage V_s donné si et seulement si :

$$P(X_s / X_t, t \neq s) = P(X_s / X_t, t \in V_s) \quad (2.26)$$

L'équivalence entre les champs de Gibbs et les champs de Markov est établie par le théorème de Hammersley-Cliford. Dans ce cas la distribution du champ de Markov est exprimée selon:

$$P(X = x) = \frac{1}{Z} \exp(-U(x)) \quad (2.27)$$

avec $U(x) = \sum_{c \in C} V_c(x_s), s \in c$ et Z est une constante de normalisation. C est l'ensemble des cliques définies par le système de voisinage et V_c un potentiel dépendant de la configuration de la clique c [Geman 1984].

Une alternative importante à l'algorithme EM est l'algorithme ICM (Iterated Conditional Modes) [Besag 1986], qui cherche le MAP de la distribution. Les connaissances a priori dans le cas d'ICM sont apportées par les relations de voisinage modélisées par les champs de Markov.

Les champs de Markov sont largement utilisés pour la segmentation des structures cérébrales, leurs applications sont variées, en effet ils sont révélés être particulièrement bien adaptés à la segmentation des tissus cérébraux dans un environnement bruité, comme le montrent [Shattuck 2001] et [Zhang 2001].

Marroquin [Marroquin 2002] utilise les champs de Markov avec un atlas anatomique pour segmenter les tissus cérébraux. Dans leur approche les champs de Markov cachés sont utilisés comme régularisateur pour rechercher le MAP et l'atlas est utilisé en complément de manière à obtenir des a priori spatiaux et avoir une initialisation automatique. Le système de voisinage dans les chaînes de Markov peut être pris en compte grâce à un parcours fractal de l'image comme dans le travail de Bricq [Bricq 2008]. Ce travail traite aussi de la segmentation des structures cérébrales et donne de bons résultats.

Scherrer [Scherrer 2008] propose une méthode appelée (LOCUS-T) permettant d'effectuer une segmentation coopérative entre tissus et structures sous-corticale en distribuant un ensemble de Modèles locaux et coopératifs de champ de Markov (MRF). La segmentation tissulaire est effectuée en partitionnant le volume en sous-volumes où les MRF locaux sont estimés en coopération avec leurs voisins pour assurer la cohérence. L'estimation locale correspond précisément à la répartition locale de l'intensité et traite donc la non-uniformité de l'intensité sans aucune modélisation de champ de biais. De même, la segmentation des structures sous-corticales est effectuée via des modèles MRF locaux intégrant des contraintes de localisation fournies par une description a priori floue de l'anatomie du cerveau. La segmentation des structures sous-corticales n'est pas effectuée séparément de la segmentation tissulaire, mais les deux procédures coopèrent pour progressivement et conjointement améliorer la précision du modèle. Un exemple des résultats de la méthode LOCUS-T pour la segmentation des structures cérébrales est présenté sur la figure 2.6.

Un autre travail de Scherrer [Scherrer 2009] a utilisé l'atlas anatomique avec un modèle de champs de Markov locaux coopératifs, permettant une segmentation conjointe des tissus (LCR, matière grise et matière blanche) et des structures cérébrales (par exemple le putamen ou le thalamus). Enfin la méthode proposée par Cardoso [Cardoso 2011] réalise un affinement de la segmentation du cortex en changeant localement l'a priori de l'atlas et en introduisant une modélisation explicite du volume partiel et un changement local des poids des champs de markov (MRF).

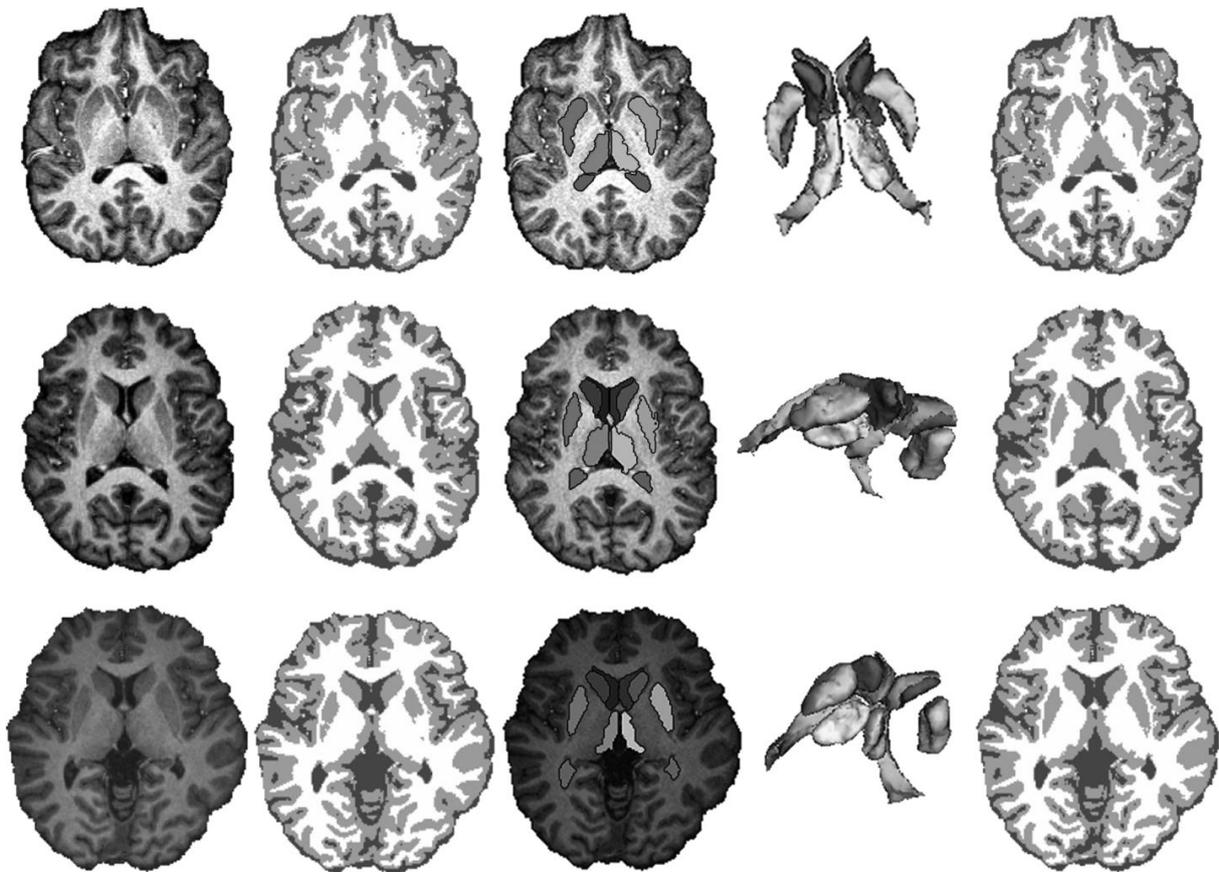


Figure 2. 6 - Résultats de la segmentation coopérative entre tissu et structure par la méthode LOCUS-T. le résultat de la segmentation des tissus (MB, MG et LCR) par LOCUS-T est montré sur la deuxième colonne. Les troisième et quatrième colonnes montrent respectivement la segmentation des structures sous-corticales et leurs reconstructions 3D fournies par LOCUS-T [Scherrer 2009]

b-1) Champs de Markov flous

Le principe de ce type d'approches est l'utilisation conjointe des méthodes probabilistes et de la théorie des sous-ensembles flous, afin de tirer parti de leur complémentarité.

Le champ de Markov flou a été utilisé pour la segmentation des tissus cérébraux dans [Ruan 2002] en tenant compte de l'effet de volume partiel. Deux types de classes sont utilisées dans cette approche, les classes pures contenant La matière blanche (MB), la matière grise (MG) et le liquide céphalo-rachidien (LCR) et la classe de mélange correspond aux mélanges MB/MG et MG/LCR. L'originalité de ce travail consiste en une nouvelle manière de modéliser les intensités de l'image observée. Alors contrairement à la plupart des méthodes de classification markoviennes, cette approche ne modélise pas les intensités de l'image observée comme la somme pondérée des intensités des classes pures et d'un bruit, mais comme la somme pondérée de variables aléatoires représentant les classes pures, ce qui permet de prendre en compte la variabilité de ces classes. La méthode est testée sur des volumes IRM sur lesquels elle donne de bons résultats.

La précédente approche est aussi utilisée pour la segmentation des structures internes du cerveau : ventricules, noyaux caudés, thalami et putamens dans [Xue 2011]. Ici les fonctions d'appartenance aux classes de tissus obtenues sont alors utilisées à plusieurs reprises dans l'algorithme, en combinaison avec la notion de région d'intérêt floue (ROI floue). Les régions d'intérêts sont définies à partir d'un atlas anatomique via une procédure de recalage. L'atlas donne une estimation grossière de la position de chaque structure d'intérêt. Ces ROIs sont utilisées conjointement avec les classes obtenues par champ de Markov flou dans un algorithme génétique, puis les résultats sont affinés avec un algorithme de croissance de régions. Un exemple de segmentation des noyaux gris et des ventricules cérébraux du cerveau utilisant cette méthode est présenté sur la figure 2.7. Cette méthode utilise avantageusement la théorie des sous-ensembles flous pour représenter de manière implicite les formes des structures d'intérêt. De plus, la notion de distance et d'interaction entre ces structures est introduite, toujours par le biais des fonctions d'appartenance. Cette approche a donné de bons résultats, cependant les très nombreuses étapes de l'algorithme multiplient les risques d'erreurs et d'imprécisions, et peuvent conduire à un temps d'exécution long.

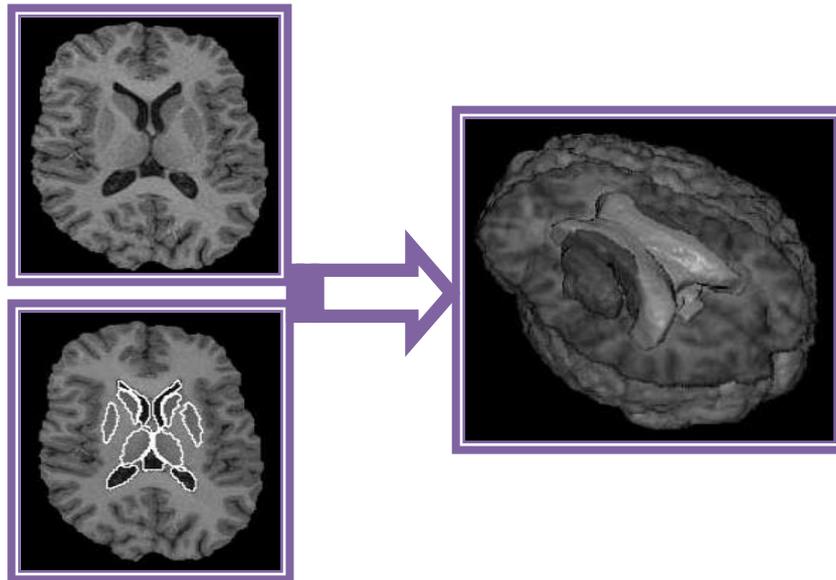


Figure 2. 7 - Segmentation des noyaux gris et des ventricules cérébraux du cerveau. A gauche : coupe axiale de l'image originale, au centre : contours des ventricules et des noyaux gris, à droite : rendu volumique du résultat de segmentation [Xue 2011]

2.5 Techniques spécifiques

2.5.1 Utilisation de la topologie

La topologie est un vaste domaine des mathématiques, fondée par Euler par la solution qu'il a apporté au problème des ponts de Königsberg [Heaton 2016]. Elle étudie les déformations spatiales d'un objet par des transformations continues (notamment les déformations homotopiques), hors division ou fusion d'objets. La topologie d'un objet se réfère aux caractéristiques qui doivent demeurer invariantes au cours de la transformation, c'est-à-dire que l'objet final doit, en particulier dans le cas 3D, comporter le même nombre de composantes connexes, de cavités et de tunnels que l'objet initial. Cependant, l'application de ces principes dans le domaine numérique n'est pas immédiate et nécessite la prise en compte d'éléments tels que la définition de la connexité de l'image. Une topologie digitale a donc été définie afin de disposer d'outils mathématiques décrivant ces déformations. La notion au cœur de cette nouvelle topologie est celle de point simple [Bertrand 1994], qui représente un voxel pouvant être librement labélisé comme faisant partie de l'objet ou n'en faisant pas partie sans en changer la topologie (par exemple le type d'homotopie). Cette notion nécessite la définition d'un système de voisinage (6-voisinage, 18-voisinage ou 26-voisinage).

De nombreuses méthodologies ont introduit la notion de topologie dans le cadre de la segmentation des structures cérébrales [Pham 2010]. Elle est utilisée dans le but d'imposer des contraintes géométriques et structurelles aux différents tissus et structures recherchées.

Un premier exemple est le travail de Mangin [Mangin 1995] qui utilise les déformations homotopiques pour obtenir une cartographie du cortex cérébral, le but final étant l'étude des variabilités inter-individuelles des sillons.

Une autre approche est celle de MacDonald [MacDonald 2000], qui segmente le cortex à l'aide de deux ensembles de niveaux concurrents tout en imposant comme contraintes que les deux surfaces ne peuvent pas se croiser, ainsi qu'une distance maximum entre ces deux surfaces (ce qui revient à imposer une épaisseur maximum au cortex).

La méthode proposée par Han [Han 2002] adopte une approche de correction de la topologie. À partir d'une segmentation du cortex, le but est d'obtenir une surface cohérente topologiquement (c'est-à-dire sans tunnels, ni cavités). Cette correction est obtenue par la succession des opérations suivantes à différentes échelles : ouverture morphologique, dilatation conditionnée au respect de la topologie obtenue (sauf si des tunnels sont bouchés), construction d'un graphe modélisant les relations de voisinage des différentes composantes connexes, puis élimination des cycles du graphe. Dans la même idée d'une combinaison de contraintes topologiques avec des opérateurs de morphologie mathématique, nous pouvons citer les travaux de Tankyevych [Tankyevych 2009] qui effectuent une segmentation complète des tissus cérébraux. Chaque structure est extraite successivement selon des contraintes prédéfinies en fonction de connaissances anatomiques.

Nous pouvons également citer la méthode TOADS (topology-preserving, anatomy-driven segmentation) de Bazin [Bazin 2007] qui utilise l'algorithme FCM avec un modèle anatomique prenant en compte les contraintes topologiques des différentes structures. L'évolution des étiquettes se fait selon des érosions et dilatations successives des différentes étiquettes. La vitesse de propagation de ces érosions et dilatations est calculée à partir des degrés d'appartenance calculés par FCM. Un exemple des résultats de TOADS pour la segmentation des volumes IRM avec différentes valeurs de bruits et d'inhomogénéités est présenté sur la figure 2.8. La suite de ces travaux, présentée dans [Bazin 2008], propose une amélioration de l'algorithme par l'introduction d'un atlas statistique et par l'ajout de propriétés homéomorphiques permettant de prendre en compte plus facilement les contraintes topologiques dans un environnement multi-objets (voir figure 2.9).

La méthode proposée par Rueda [Rueda 2010] introduit une méthodologie en quatre étapes. Elle consiste en une classification en trois classes pures, une évaluation de la quantité de

chaque tissu dans une zone défini par une dilatation de la matière grise, puis une correction topologique de la matière blanche, suivi d'une dilatation contrainte par la précédente segmentation de la matière grise, et enfin, une réévaluation de la quantité de tissus en chaque voxel, à partir des deux tissus purs les plus proches.

La méthode OGTGDMS (Octree Grid Topology-Preserving Geometric Deformable Models) [Bai 2014] est utilisée pour segmenter des objets ayant une topologie connue. Elle utilise les modèles déformables géométrique Level Sets avec préservation de la topologie. Dans [Miri 2008] les auteurs présentent une méthode consacrée à la segmentation simultanée des tissus cérébraux des IRM 3D. Cette méthode est basée sur un modèle déformable multi-objets, avec une initialisation topologiquement correcte, et guider son évolution d'une manière préservant la topologie des objets à segmenter.

La stratégie de correction de la topologie est aussi utilisée dans [Lin 2013]. Ce travail présente une nouvelle méthode de recalage non rigide combinant l'intensité de l'image et les connaissances a priori. Cette méthode est basée sur la théorie du flux optique, elle utilise une stratégie de correction de la topologie pour empêcher les changements topologiques des objets déformés et la connaissance a priori de la forme pour garder les formes de l'objet pendant le processus de déformation. L'avantage de la méthode par rapport au recalage non rigide classique est l'amélioration de la précision de recalage avec les connaissances a priori et la segmentation parallèles des objets. Cette méthode est particulièrement efficace dans le cas de la segmentation d'objets adjacents d'intensité similaire. L'algorithme proposé est appliqué pour segmenter les structures sous-corticales.

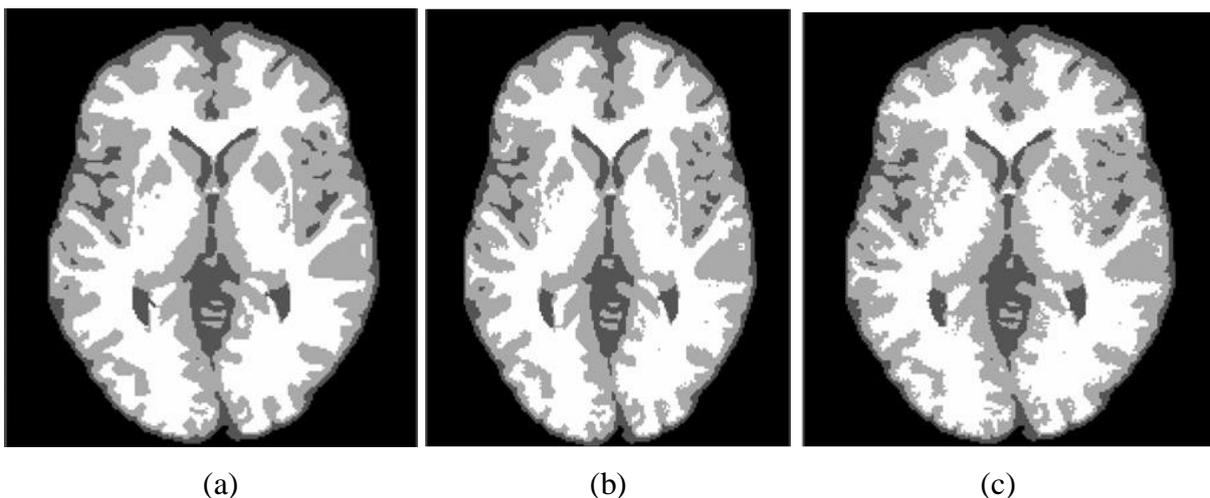


Figure 2. 8 - Résultat de la segmentation des tissus cérébraux (MB, MG, et LCR) par la méthode TOAD sur la base Brainweb. (a) image avec 3% bruit et 0% inhomogénéité, (b) image avec 5% bruit et 20% inhomogénéité, (c) image avec 9% bruit et 0% inhomogénéité [Bazin 2007]

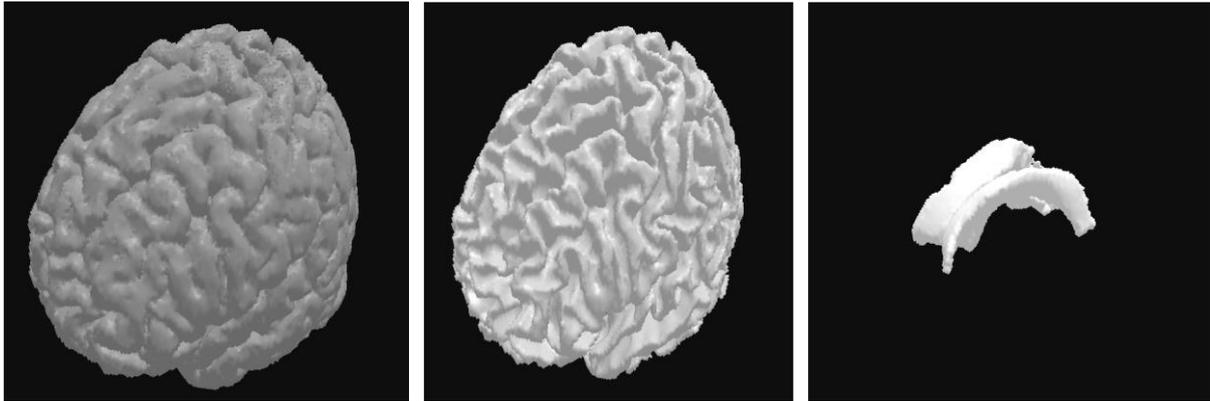


Figure 2. 9 - Résultat 3D de la segmentation des tissus cérébraux (MB, MG, et LCR) par la méthode TOAD avec atlas statistique (source [Bazin 2008])

2.5.2 Utilisation d'atlas

L'utilisation d'un atlas consiste à apparier une image de référence (atlas) et l'image à traiter via un algorithme de recalage. On superpose alors les informations contenues dans l'image d'atlas et l'image à segmenter.

L'intérêt des atlas anatomiques réside dans la connaissance de forme qu'ils apportent sur les structures qu'ils décrivent. Ainsi, la zone étiquetée comme appartenant à une structure donnée sur un atlas peut être transposée sur un volume à traiter au moyen d'un algorithme de recalage.

L'atlas anatomique peut être utilisé dans le processus de segmentation de trois manières :

- (1) Comme noyau de la segmentation, dans ce cas la segmentation est uniquement fondée sur le recalage à partir d'un atlas. En général, la correspondance entre un volume de référence et le volume traité est établi en deux étapes, d'abord avec un recalage rigide ou affine, puis à l'aide d'un algorithme élastique. L'atlas associé au volume de référence peut alors être projeté sur le volume traité au moyen de cette transformation. Le résultat de cette projection fournit la segmentation des structures délimitées dans l'atlas [Koch 2016].
- (2) Pour initialiser ou guider un processus de segmentation [Xue 2007].
- (3) Les informations fournies par un atlas peuvent être combinées à certaines connaissances anatomiques sur la courbure, l'épaisseur ou le positionnement relatif des structures cibles afin d'affiner petit à petit une image d'étiquettes pour conduire à une segmentation simultanée de plusieurs structures [Dolz 2015].

L'utilisation d'atlas pour la segmentation des tissus et structures cérébrales est fréquente, avec des résultats satisfaisants voir excellents dans beaucoup de travaux.

Ségonne [Ségonne 2004] utilise le recalage d'atlas pour initialiser et guider le processus de segmentation, il l'applique pour la segmentation des noyaux gris internes du cerveau. Cette même idée est utilisée par Cuadra et al. [Cuadra 2004] mais pour la segmentation des structures des cerveaux pathologiques, ils utilisent un modèle a priori de croissance de lésion conjointement avec le recalage d'atlas.

Le recalage d'atlas est aussi utilisé par Dawant et Hartmann [Dawant 2002] pour la segmentation du cortex cérébral, du cervelet, et des noyaux caudés sur une série de volumes IRM. Dans ces approches, l'hypothèse est que la topologie est la même entre l'atlas et le volume, ce qui limite la prise en compte de la variabilité anatomique.

Pour surmonter les problèmes de mauvaise segmentation basée sur l'atlas obtenus lorsque les IRM ne sont pas acquises sur les mêmes plateformes, Han et coll. [Han 2007] introduisent une procédure de renormalisation d'intensité qui ajuste automatiquement l'intensité du modèle aux données entrées améliorant ainsi la précision de la segmentation.

Dans le travail de Van Leemput et coll [Van Leemput 1999], L'atlas est modélisé comme des cartes de probabilité de localisation des différents tissus et utilisé avec l'algorithme Expectation-Maximisation afin de réaliser la segmentation et la correction de biais d'IRM cérébrales.

Dans d'autres travaux l'atlas anatomique est utilisé pour imposer des contraintes spatiales afin de lisser la segmentation. Un premier exemple est le travail de Marroquin [Marroquin 2002], permettant d'ajouter un a priori spatial en plus de l'a priori donné par les champs de Markov. Ashburner [Ashburner 2005] présente une méthode reposant en majeure partie sur le recalage d'un atlas et introduisant un a priori sur les tissus combinant l'a priori de l'atlas pondéré par la quantité de tissus présentes dans un petit volume permettant une bonne robustesse au bruit dans les régions où un tissu est prépondérant. Un autre exemple est donné par Zhou [Zhou 2007] qui utilise des notions de connectivité floue combinées à un atlas pour obtenir une segmentation efficace des structures profondes du cerveau. Cependant, l'ensemble de ces méthodes reste dépendant des méthodes de recalage utilisées pour aligner l'atlas au volume traité.

Pour être moins dépendant de l'algorithme de recalage et de l'a priori apporté par l'atlas, des approches prenant en compte plusieurs atlas ont été développées (multi-atlas). Nous pouvons citer le travail de Heckemann [Heckemann 2006] décrivant une méthode combinant un

recalage non-rigide de plusieurs atlas avec une méthode de fusion définie dans [Kittler 1998] (en général, la décision se fait par vote majoritaire).

Afin d'obtenir une segmentation plus fiable, Aljabar [Aljabar 2009] utilise une plus large base d'atlas (environ 250). Cependant, pour faire face aux temps de calcul importants occasionnés par un si grand nombre de cas, une sélection des atlas les plus pertinents est effectuée selon un critère de similarité (soit directement par comparaison de l'intensité des images, soit par comparaison de méta-données telles que l'âge, la pathologie, l'historique clinique, et .). Wu [Wu 2015] utilise cette même stratégie pour la segmentation des structures sous corticales sur des IRM de haute résolution (7 T), un exemple de ses résultats est présenté sur la figure 2.10. Cependant, l'utilisation de plusieurs atlas repose toujours sur leur recalage et augmente le volume des données à manipuler. De plus, la méthodologie utilisée pour la décision finale est également un élément à considérer.

Une méthode récente définie dans [Arthofer 2016] tente de contourner le problème du recalage en comparant des patches (petits voisinages autour d'un voxel) issus de l'image originale et de l'atlas anatomique. La comparaison de ces patches conduit à un vote pondéré par leur similarité. Seul un recalage affine est alors nécessaire pour mettre en correspondance les deux images.

De manière générale, l'avantage de l'utilisation d'un atlas est l'a priori anatomique et statistique qu'il permet d'introduire dans la segmentation. Cependant, différents problèmes peuvent paraître lors de la construction ou de l'utilisation de l'atlas et doivent être pris en compte pour mettre en œuvre une méthodologie adéquate.

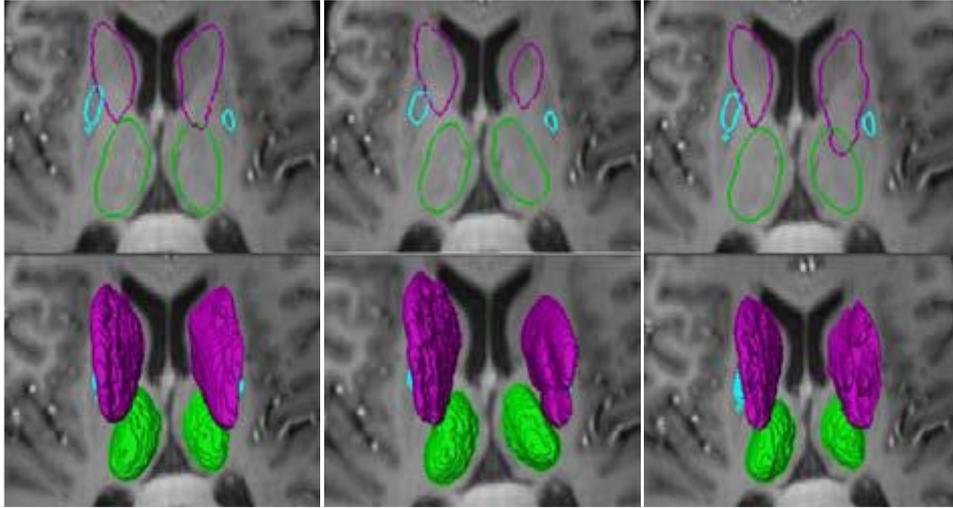


Figure 2 .10 – Résultats de segmentation des structures sous-corticales sur un imageur IRM de haute résolution (7T). Les couleurs violet, vert et cyan présentent respectivement les structures Noyau codé, Thalamus et Putamen [Wu 2015]

2.5.3 Méthodes basées sur la forme

a) Modèle actif de Forme

Les Modèles actifs de forme (en anglais Active Shape Models ou ASM) [Cootes 1992] sont des modèles statistiques de la forme d'un objet qui se déforment itérativement pour s'adapter à un exemplaire de cet objet dans une nouvelle image. Les formes sont contraintes par un Modèle de Distribution de Points [Cootes 1993] (en anglais Point Distribution Models ou PDM). Celui-ci est obtenu par un jeu d'images d'entraînement qui montre différentes formes de cet objet. On calcule ensuite les principaux modes de variations par une analyse en composante principale afin de trouver les variations autorisées de la forme. Ces variations constituent un sous-espace des formes possibles pour l'objet.

La forme moyenne est utilisée pour initialiser le processus puis elle est itérativement mise à jour selon deux étapes répétées jusqu'à convergence :

Etape 1 : On cherche le long de la normale aux points le meilleur appariement possible pour le modèle (i.e. on privilégie les arêtes).

Etape 2 : On met à jour les paramètres de la forme pour être le plus en adéquation avec le modèle.

Le model ASM a été largement utilisé ces dernières années pour la segmentation des structures cérébrales, Heimann [Heimann 2009] propose un état de l'art détaillé sur l'application de ce model pour la segmentation 3D des images médicales.

Duta et coll. [Duta 1997] ont utilisé ce paradigme avec une base de connaissance pour segmenter des volumes IRM de cerveaux. Shen et coll. ont ajouté des informations locales à ce modèle pour créer un ASM adaptatif [Kemnitz 2017]. Rousson et coll. se sont eux intéressés à la relation existante entre les ASM et les level sets [Rousson 2003][Rousson 2004]. Les level sets sont aussi utilisés avec les ASM dans le travail de Ben rabeah [Ben Rabeah 2017] afin de segmenter les hippocampes, un exemple de leurs résultats est montré sur la figure 2.11.

D'autres applications avec les ASM peuvent être trouvées, notamment la modélisation de sillons corticaux [Corouge 2003] et leur mise en correspondance [Corouge 2014] ou bien encore la modélisation des aires visuelles fonctionnelles [Corouge 2015]. Davatzikos et coll. proposent dans [Davatzikos 2013] d'utiliser les propriétés des transformées en ondelettes pour réaliser une segmentation du corps calleux par ASM hiérarchique.

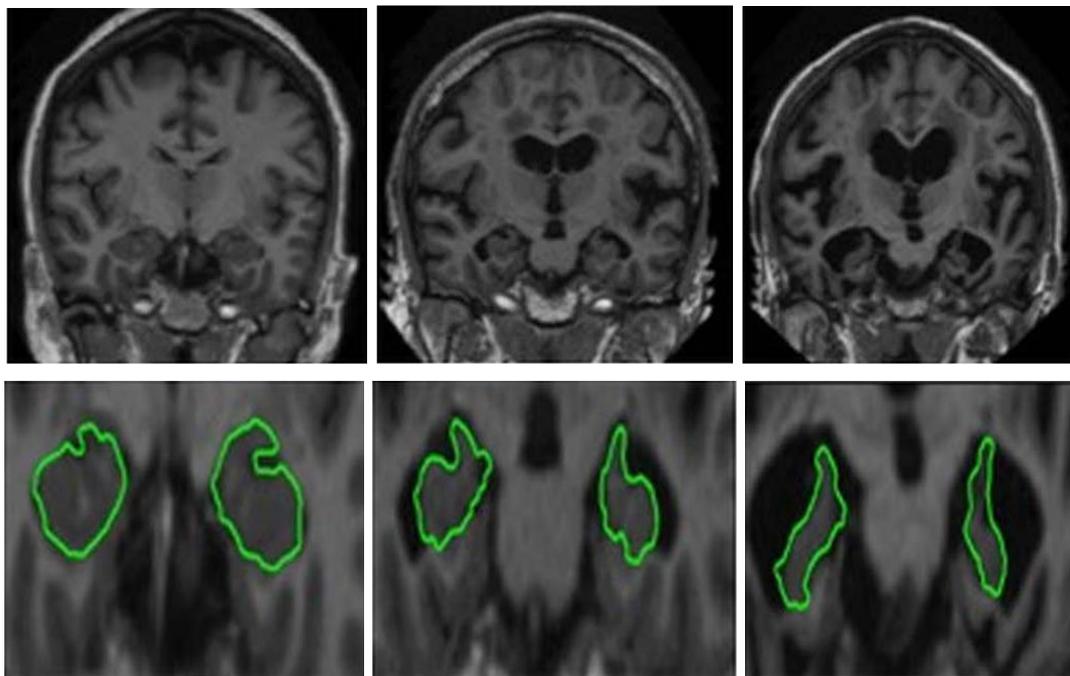


Figure 2. 11 - Résultats de segmentation des hippocampes en utilisant le modèle ASM [Ben rabeah 2017]

b) Modèle Actif d'Apparence

Les Modèles Actifs d'Apparence (en anglais Active Appearance Model ou AAM) [Cootes 2001] [Cootes 2002] sont une généralisation des ASM. La différence entre les deux modèles réside dans le fait que les AAM exploitent toute l'information contenue dans la région d'image couverte par l'objet cible alors que les ASM utilisent seulement l'information autour des arêtes modélisées.

Un AAM contient un modèle statistique de la forme et l'apparence de niveau de gris de l'objet d'intérêt et peut donc se généraliser à n'importe quel exemple valide. L'appariement d'une image implique de trouver les paramètres du modèle qui minimisent la différence entre l'image et un modèle synthétique projeté sur l'image.

L'éloignement de chaque paramètre du modèle de la valeur correcte induit un motif particulier dans les résidus. Dans la phase d'apprentissage, l'AAM apprend un modèle linéaire de la relation entre le déplacement des paramètres et les résidus induits. Pendant la recherche, ces résidus sont mesurés et on utilise le modèle pour corriger les paramètres courants, permettant ainsi un meilleur appariement. Celui-ci est obtenu après seulement quelques itérations même si l'initialisation est pauvre.

Les AAM sont appliqués avec succès pour la segmentation des structures cérébrales. Initialement ils ont été utilisés pour améliorer le recalage d'atlas comme dans le travail de Cootes et coll. [Cootes 1999]. Aussi Klemencic et coll. [Klemencic 2004] ont utilisé ces modèles comme une étape de recalage dans une chaîne de traitement comprenant plusieurs étapes afin de segmenter les structures internes du cerveau.

Beichel et coll. proposent dans [Beichel 2005] d'utiliser le mean-shift pour caractériser les résidus et donner ainsi plus de robustesse à l'algorithme AAM.

Le modèle AAM a été utilisé avec succès pour la séparation des hémisphères cérébraux dans [Price 2014]. Dans ce travail les auteurs utilisent l'atlas MNI152 pour l'initialisation et l'apprentissage des formes, et le modèle bayésien pour la modélisation des formes et des textures. Un exemple de l'amélioration apportée par le modèle AAM dans ce travail est visible sur la figure 2.12.

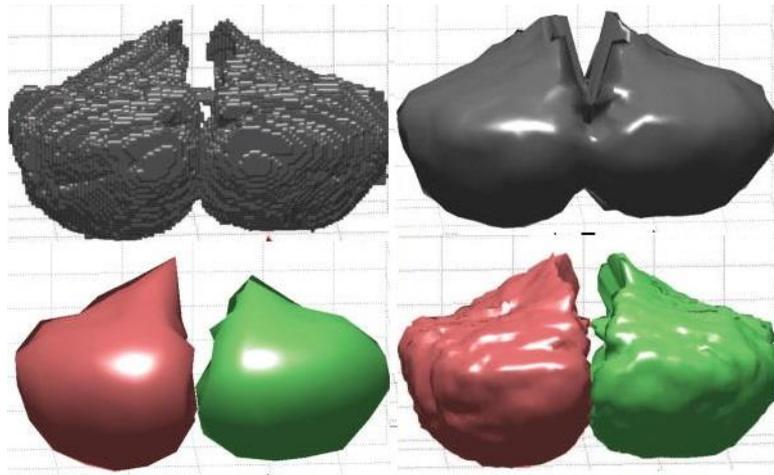


Figure 2. 12 – Exemple de Modèle AAM tiré de [Price 2014]. À gauche, la paramétrisation 3D des hémisphères dans l’atlas MNI 152 et à droite, l’amélioration apportée par le modèle AAM

2.5.4 Prise en compte des homogénéités de champs (biais en intensités)

Les homogénéités de champs des IRM (biais en intensités) est un artéfact se présente comme une variation lente de l'intensité dans l'image. Les causes de ce phénomène sont multiples, Ils peuvent être dû à l'imperfection de l'imageur (défaut de l'antenne de réception, hétérogénéité du champ magnétique statique,..) ou à des causes biologiques (composition différente d'un même tissu à différents endroits du cerveau).

Plusieurs approches ont été envisagées pour la prise en compte du biais en intensité. Nous pouvons distinguer deux grandes classes de méthodes: les approches séquentielles et les approches couplées.

a) Les approches séquentielles

Les approches séquentielles effectuent une correction du biais avant le processus de segmentation. Généralement ces approches utilisent des filtrages spatiaux ou homomorphiques [Johnston 1996] considérant que les basses fréquences représentent le biais tandis que les hautes fréquences représentent les détails anatomiques. Ces approches sont caractérisées par leur rapidité et leur facilité de mise en œuvre. Leur défaut majeur est le fait qu'elles peuvent corrompre certains détails importants tels que les contours. Dans la même classe, on trouve les techniques cherchant à minimiser l'entropie de l'histogramme en intensité

de l'image, par exemple le travail de Roy [Roy 2011] qui utilise cette approche avec une contrainte de lissage sur le champ de biais et une contrainte de similarité entre la moyenne de l'image originale et celle de l'image restaurée, cette technique donne de bons résultats sur plusieurs types de scanner IRM (voir figure 2.13). Une autre technique consiste à réaliser un ajustement de surface en modélisant le champ de biais par des splines ou par un polynôme, comme dans [Styner 2000] qui utilise un modèle statistique des classes composant la segmentation de l'image, la correction se faisant alors voxel à voxel par division de l'image originale par le champ calculé.

b) Les approches couplées

Dans ce type d'approches le biais est pris en compte directement dans le processus de segmentation. Donc elles effectuent une segmentation des données tout en prenant intrinsèquement en compte le biais en intensité qui peut les affecter. Cela est réalisé en alternant les étapes de classification avec les étapes d'évaluation des paramètres du modèle de biais. Plusieurs modèles d'interaction du biais b avec le signal idéal \tilde{y} et le bruit n ont été proposés. Le modèle le plus courant consiste à transformer les intensités dans le domaine logarithmique, transformant le champ de biais généralement considéré comme multiplicatif, en un artéfact additif donnant le modèle suivant :

$$\log(y_j) = \log(\tilde{y}_j) + \log(b_j) + n_i \quad (2.28)$$

Où y_j est l'intensité observée. Dans ce cadre, Van Leemput [Van Leemput 1999] modélise le champ de biais comme une combinaison linéaire $\sum_k c_k \phi_k$ de fonctions de base polynomiales ϕ_k . L'optimisation se fait alors selon l'algorithme EM, alternant l'estimation du modèle d'intensité, la classification des tissus et l'estimation du biais. L'algorithme EM est également utilisé dans [Zhang 2001] avec l'ajout de champs de Markov cachés. L'optimisation peut être également réalisée par la recherche du maximum a posteriori comme dans les travaux de [Monaco 2012] et [Guillemaud 2015].

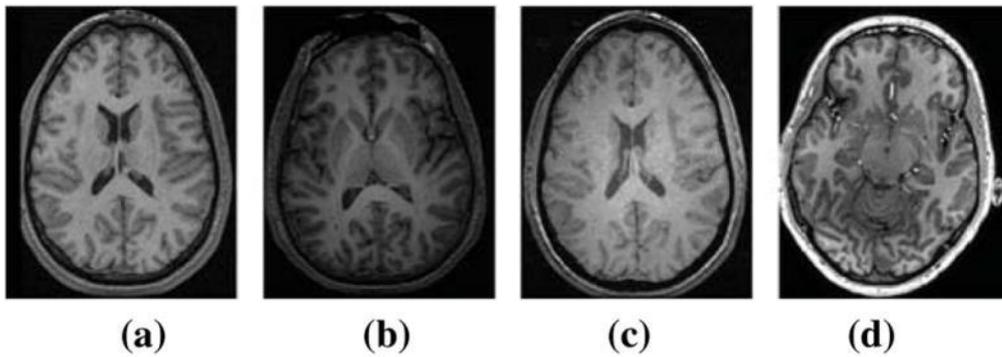


Figure 2. 13 - Le résultat de correction des homogénéités de champs des IRM de plusieurs imageurs (a) scanner de type GE 1.5T, (b) scanner de type Siemens 3T (c) scanner de type GE 4T (d) scanner de type Philips 7 [Roy 2011]

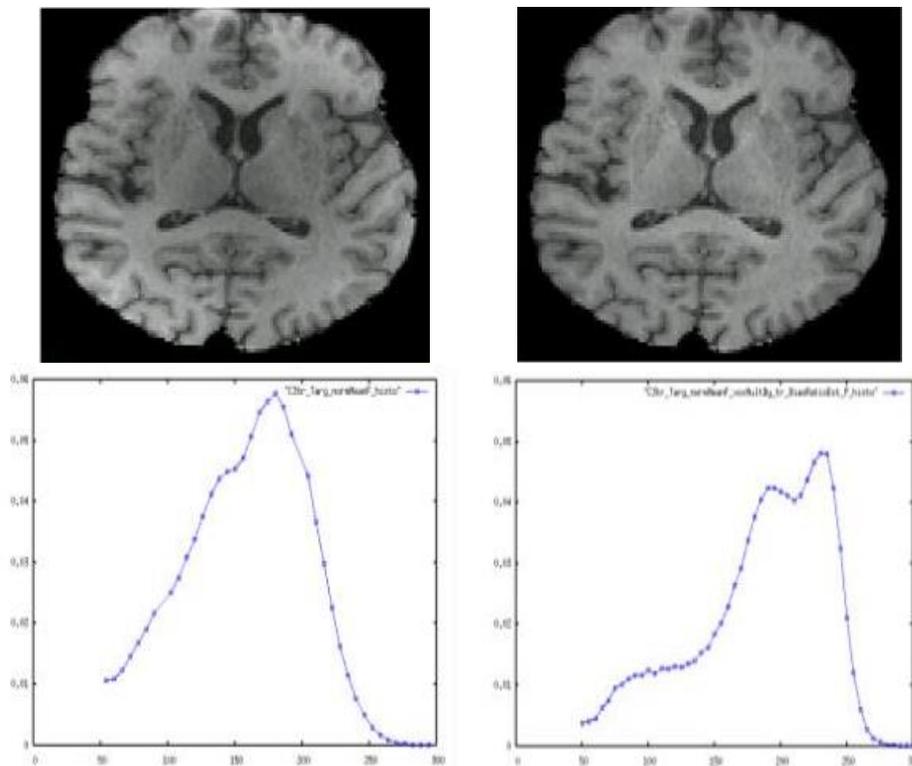


Figure 2. 14 - Image IRM avant la correction du biais (à gauche) et après (à droite) en utilisant la méthode des B-splines. Les structures sous-corticales sont beaucoup plus claires après la correction. Ligne du bas: Histogrammes d'intensité avant correction (à gauche) et après (à droite) [Fletcher 2013]

La segmentation des structures cérébrales avec la prise en compte du biais en intensité est une approche courante et très utilisée, cependant son application n'est pas toujours facile et demande d'émettre plusieurs hypothèses sur la nature d'inhomogénéité. Ces hypothèses

peuvent être résumés en six points essentiels : la manière dont le bruit et le biais interagissent, la nature multiplicative du biais, la nature lente des variations en intensité, la modélisation de ces variations sous forme de polynômes ou de splines [Fletcher 2013] (voir figure 2.14), la définition d'un champ de biais unique ou d'un champ particulier pour chaque tissu [Marroquin 2002].

2.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté un état de l'art de la segmentation des structures cérébrales en IRM.

Étant donné la forme parfois complexe des structures anatomiques, il semble intéressant d'utiliser des méthodes flexibles du point de vue de la topologie. C'est en particulier le cas pour les modèles déformables. Les méthodes utilisant les modèles déformables géométriques « ensembles de niveau » sont très intéressantes et donnent généralement de bons résultats. Cependant, la formulation originale de ces méthodes reste trop simple pour pouvoir être appliquée sur des images 3D réelles, il faut donc les adapter en tirant parti du maximum d'informations disponibles pour la segmentation et en exploitant les données fournies par les images ainsi que des connaissances a priori, afin de trouver les frontières exactes des structures d'intérêt.

Aussi Les approches par classification se révèlent être bien adaptées pour la segmentation des tissus cérébraux (LCR, matière grise et matière blanche). Parmi ces méthodes, l'algorithme FCM a retenu notre attention. Son avantage est qu'il propose une solution au problème du volume partiel en fournissant des fonctions d'appartenance à chaque tissu, tout en étant facilement extensible de manière à inclure de nouvelles fonctionnalités et plus simple à mettre en œuvre.

Par ailleurs, l'étude des méthodologies développées dans le cadre de la segmentation des structures cérébrales (en particulier les structures profondes du cerveau telles que les noyaux gris centraux) révèle le besoin d'inclure des connaissances a priori afin d'obtenir une segmentation efficace. Cette connaissance prend généralement la forme d'un atlas anatomique ou plus encore probabiliste, mais aussi d'un ajustement des coefficients contrôlant le comportement des modèles déformables. L'utilisation de connaissances anatomiques est une voie également explorée, que ce soit en modélisant le cerveau en couches, ou en utilisant ses connaissances a priori afin d'obtenir une segmentation progressive des structures cérébrales.

Ce type d'approches semble intéressante car il permet d'inclure des connaissances diverses, telles que la position des tissus les uns par rapport aux autres.

CHAPITRE

III

Modèles déformables et Logique floue

3.1 Introduction

Il existe plusieurs techniques pour la segmentation des IRM cérébrales, chaque technique a ses propres avantages et ses inconvénients. Dans ce chapitre nous donnons un aperçu et nous détaillons les deux techniques de segmentation principales de notre approche à savoir les modèles déformables en particulier les modèles géométriques et la logique floue. Les modèles déformables sont des méthodes flexibles du point de vue de la topologie et sont adaptées à l'introduction des connaissances a priori, et la logique floue permet de traiter des données imprécises et vague ce qui est le cas pour les IRM cérébrales.

3.2 Modèles déformables

Les modèles déformables ont connu de nombreuses applications en segmentation d'images. Ils présentent plusieurs avantages par rapport aux autres modèles de segmentation, ils sont robustes au bruit, permettent de traiter les discontinuités dans les contours des images, et sont appropriés pour l'introduction de connaissances a priori.

Deux Types de modèles déformables existent : les modèles paramétriques [kass 1987] et les modèles non-paramétriques [malladi 1995]. Les premiers sont les plus anciens et nécessitent une représentation paramétrique ou discrète. Les seconds, fondés sur la théorie d'évolution des courbes, utilisent une représentation implicite du modèle et permettent des changements de topologie.

3.2.1. Les Modèles déformables paramétriques

Le principe des contours Actifs paramétriques (snakes) [Kass 1987] est de faire évoluer un contour ou une surface vers les frontières de l'objet que l'on cherche à segmenter, d'où le nom de contour actif [Gastaud 2005]. L'évolution du modèle est gérée par des forces exprimées sous forme d'énergies qui s'appliquent sur les points de contrôle du contour paramétré.

Il existe deux types d'énergies dans le modèle du snake. L'énergie externe E_{ext} , son rôle est de guider le contour actif sur l'image, permettant ainsi de déliméer certaines régions d'une image. Le deuxième type d'énergie est l'énergie interne E_{int} son rôle est d'imposer certaines contraintes sur la géométrie du contour lors de la déformation, cela permet d'éviter les minima

locaux.

La déformation du contour est donc déterminée par minimisation d'une fonctionnelle énergétique qui traduit les forces appliquées aux points de contrôle du contour.

$C : [a, b] \rightarrow R^2$. L'énergie du snake E_{snake} s'écrit alors :

$$E_{snake}(C(s)) = E_{int}(C(s)) + E_{ext}(C(s)) \quad (3.1)$$

L'activité d'un snake est de minimiser la fonctionnelle d'énergie suivante :

$$E_{snake}^* = \int_s E_{snake}(C(s)) ds \quad (3.2)$$

Le rôle de l'énergie externe est d'attirer le contour actif vers la position correspondant à une caractéristique recherchée. Pour la détection de contour, l'énergie externe la plus utilisée est le gradient de l'image $|\nabla I(x, y)|$, mais d'une manière générale sa définition dépend fortement de l'application.

L'énergie interne a été introduite dans le but d'éviter le piège des minima locaux de l'énergie externe. Elle est une sorte de régularisation du contour actif, permettant d'introduire une contrainte sur le caractère lisse du contour. L'énergie interne est calculée par la relation suivante:

$$E_{int}(C(s)) = \frac{1}{2} (\alpha(s) \frac{dC(s)}{ds} + \beta(s) \frac{d^2C(s)}{ds^2}) \quad (3.3)$$

Les deux termes de l'équation (3.3), permettent au contour actif d'avoir un comportement plus ou moins stable lors de la déformation. Ainsi, $\beta = 0$ autorisera l'apparition d'angles le long du contour. Au contraire, une valeur de β élevée aura tendance à lisser fortement le contour. Le terme du second ordre est lié à la courbure, et le fait d'imposer une courbure minimale produira au final un cercle dans le cas d'un contour fermé.

a) Mise en œuvre de la déformation des contours actifs paramétriques

La méthode la plus utilisée pour la mise en œuvre de la déformation est la méthode d'Euler. Cette méthode permet de trouver le minimum de l'énergie E_{snake} , en résolvant l'équation qui annule la dérivée de cette énergie :

$$\frac{1}{2}((\alpha(s)\frac{d^2C(s)}{ds^2} + \beta(s)\frac{d^4C(s)}{ds^4})) + \frac{dE_{ext}(C(s))}{ds} = 0; \quad (3.4)$$

L'équation (3.4) est ensuite approximée par différences finies et donne lieu à deux équations indépendantes liées aux composantes x et y de l'image I et du contour $C(s)$, où le paramètre continu s devient k discret.

$$\begin{aligned} A \cdot C_x(k) + F_x(k) &= 0 \\ A \cdot C_y(k) + F_y(k) &= 0 \end{aligned} \quad (3.5)$$

Telle que A est la matrice de rigidité de taille $N \times N$, où N est le nombre de points du contour, construite à partir des coefficients α et β de l'énergie interne, et

$$F(k) = (F_x(k) + F_y(k)) = \left(\frac{\partial E_{ext}}{\partial x}, \frac{\partial E_{ext}}{\partial y} \right) \text{ sont appelées forces externes.}$$

La résolution de l'équation (3.5) peut se faire itérativement en ajoutant un terme à droite :

$$\begin{aligned} A \cdot C_x(k) + F_x(k) &= -\gamma(C_{x,i}(k) - C_{x,i-1}(k)) \\ A \cdot C_y(k) + F_y(k) &= -\gamma(C_{y,i}(k) - C_{y,i-1}(k)) \end{aligned} \quad (3.6)$$

$x(k)$ et $y(k)$ sont les deux composantes du vecteur $F(k)$ dont l'origine est au point $C(k)$, i est l'indice d'itération, et $C_i = 0$ est le contour initial. Lorsque $C_{i-1} = C_i$ le contour ne bouge plus ; l'équilibre est atteint sous la forme d'une solution de l'équation (3.5). Dans ce cas C_i peut être exprimé en fonction de C_{i-1} comme suit:

$$\begin{aligned} C_{x,i}(k) &= (A + \gamma I)^{-1}(\gamma C_{x,i-1}(k) - F_{x,i-1}(k)) \\ C_{y,i}(k) &= (A + \gamma I)^{-1}(\gamma C_{y,i-1}(k) - F_{y,i-1}(k)) \end{aligned} \quad (3.7)$$

Où I est la matrice identité.

b) Forces additionnelles aux contours actifs

b-1) Forces ballons

Le modèle de ballons [Cohen 1991] autorise une initialisation du contour actif plus loin de la solution tout en évitant les pièges des minima locaux. Les forces ballons sont des forces appliquées en chaque point du contour actif, dirigées selon la normale au contour, le résultat de ces forces est un gonflement (ou dégonflement selon le sens de la force) du contour. Par

exemple si le contour est initialisé à l'intérieur de la forme à rechercher, le contour va gonfler comme un ballon jusqu'à ce que les forces externes et les forces ballons s'annulent.

Durant la déformation des ballons, deux cas peuvent surgir : (1) soit l'intensité est assez forte et la courbe s'arrête. (2) soit l'intensité est trop faible et la courbe la surmonte pour aller chercher plus loin.

Le modèle des « ballons », permet donc de résoudre deux des inconvénients principaux des snakes : (1) l'arrêt prématuré de la courbe sur un point non désiré, et (2) le choix d'une condition initiale très proche du contour à extraire. Ceci est mis en évidence par la figure 3.1. Avec le modèle classique, le contour s'arrête sur un point qui correspond à un bruit, point non-significatif (en haut de la figure 3.1). Avec le modèle des ballons, et grâce à la force de gonflage, la courbe passe par-dessus et se colle parfaitement au contour même si la condition initiale est très loin du résultat escompté (en bas de la figure 3.1).

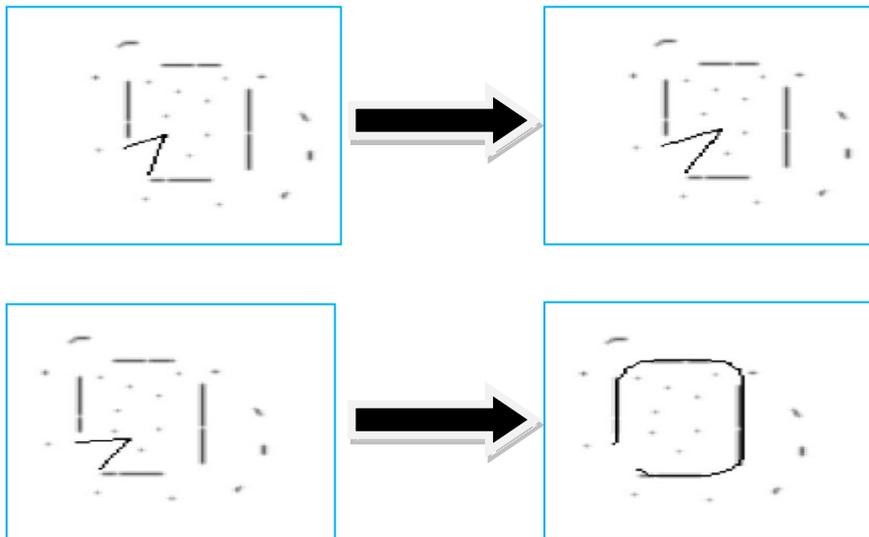


Figure 3. 1 – Comparaison entre la méthode snake classique et la méthode de ballon, [Cohen 1991]

La force de gonflage des ballons est définie par $G_1 \vec{n}(C(s))$, où \vec{n} est la normale unitaire extérieur à la courbe au point $C(s)$. On aboutit alors à l'expression suivante de la force F :

$$F = G_1 \vec{n}(C(s)) - G_2 \frac{\nabla P}{|\nabla P|}. \quad (3.8)$$

Si l'on change le signe de G_1 , cela nous donne un dégonflage au lieu d'un gonflage. Le paramètre G_2 est généralement choisis un peu plus grand que G_1 pour permettre au snake de

s'arrêter par le bon point. La figure 3.2 présente un exemple de déformation par le modèle de ballon.

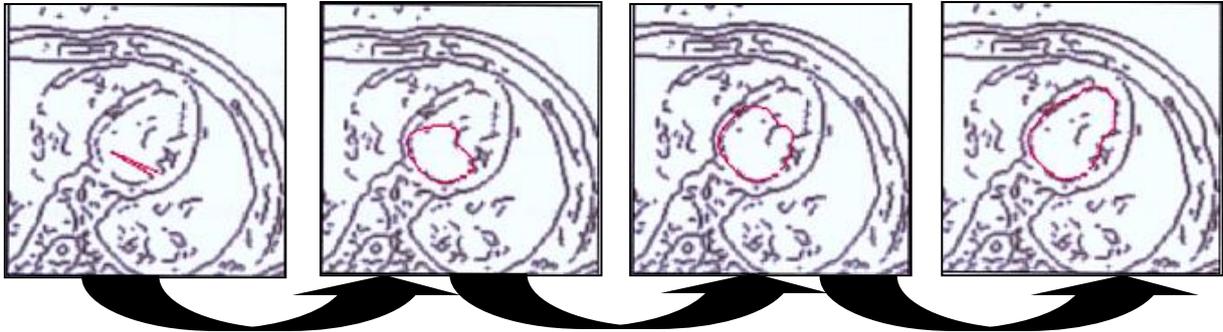


Figure 3. 2 - Application du modèle de ballon à une image [Cohen 1991]

b-2) Flux du vecteur gradient

Le modèle de flux du vecteur gradient [Xu 1997] calcule un champ de vecteur sur toute l'image afin d'étendre la zone d'atteignabilité du contour actif. La construction de ce champ vectoriel est basée sur une équation de diffusion où la grandeur diffusée est le gradient de l'image, d'où le nom GVF (*gradient vector flow*). La zone d'influence d'un gradient fort de l'image est alors agrandie, et le contour actif peut être initialisé loin de la solution.

L'avantage principal par rapport aux forces ballons est qu'il n'est pas nécessaire de connaître la position initiale par rapport à la solution, le sens de la force est automatiquement déterminé par la diffusion.

c) Les surfaces actives (extension 3D du snake)

La première tentative pour étendre le modèle snake au cas 3D est proposée par Cohen. Dans son approche il considère une image 3D comme une suite de coupes d'images 2D. Sur chaque coupe, la méthode 2D est appliquée en utilisant le modèle de ballon. Le ballon se propage d'une coupe à une autre, telle que le résultat d'une coupe est utilisé comme donnée initiale pour la coupe suivante. Après traitement de toutes les coupes, la surface 3D est reconstruite par interpolation.

Cette méthode marche très bien, elle est aussi rapide, cependant elle a deux défauts majeurs : (1) il n'y a pas d'interaction entre les coupes, et (2) la surface doit être cylindrique.

Laurent Cohen et Isaac Cohen [Cohen 1992] proposent par la suite un contour actif purement 3D (surface active).

Considérons $S = C(s, r, t)$ comme une paramétrisation de la surface. L'énergie interne devient alors :

$$E_{\text{int}} = \iint_s \left(\begin{aligned} &w_1(s, r) \left\| \frac{\partial C}{\partial r} \right\|^2 + w_2(s, r) \left\| \frac{\partial C}{\partial s} \right\|^2 + w_3(s, r) \left\| \frac{\partial C}{\partial r^2} \right\|^2 \\ &+ w_4(s, r) \left\| \frac{\partial C}{\partial s^2} \right\|^2 + w_5(s, r) \left\| \frac{\partial C}{\partial r \partial s} \right\|^2 \end{aligned} \right) ds dr \quad (3.9)$$

Où l'élasticité est déterminée par les fonctions w_1 et w_2 , la rigidité par les fonctions w_3 et w_4 .

Le coefficient w_5 détermine quant à lui la résistance à la torsion.

L'ensemble des énergies est minimisé comme pour le problème 2D. Si C est un minimum de l'énergie totale, il vérifie l'équation aux dérivées partielles suivante:

$$\begin{aligned} &-\frac{\partial}{\partial r} \left(w_1(s, r) \frac{\partial C}{\partial r} \right) - \frac{\partial}{\partial s} \left(w_2(s, r) \frac{\partial C}{\partial s} \right) + \frac{\partial^2}{\partial r^2} \left(w_3(s, r) \frac{\partial^2 C}{\partial r^2} \right) \\ &+ \frac{\partial^2}{\partial s^2} \left(w_4(s, r) \frac{\partial^2 C}{\partial s^2} \right) + 2 \frac{\partial^2}{\partial r \partial s} \left(w_5(s, r) \frac{\partial^2 C}{\partial r \partial s} \right) = F(c) \end{aligned} \quad (3.10)$$

La solution de l'équation (3.10) est calculée comme limite en temps de l'équation d'évolution associée (Euler-Lagrange) :

$$\begin{aligned} &\frac{\partial C}{\partial t} - \frac{\partial}{\partial r} \left(w_1(s, r) \frac{\partial C}{\partial r} \right) - \frac{\partial}{\partial s} \left(w_2(s, r) \frac{\partial C}{\partial s} \right) + \frac{\partial^2}{\partial r^2} \left(w_3(s, r) \frac{\partial^2 C}{\partial r^2} \right) \\ &+ \frac{\partial^2}{\partial s^2} \left(w_4(s, r) \frac{\partial^2 C}{\partial s^2} \right) + 2 \frac{\partial^2}{\partial r \partial s} \left(w_5(s, r) \frac{\partial^2 C}{\partial r \partial s} \right) = F(c) \end{aligned} \quad (3.11)$$

En transformant les dérivées partielles en différences finies, on obtient comme en 2D, une équation linéaire:

$$\frac{V^t - V^{t-1}}{\tau} + AV^t = F(V^t) \quad (3.12)$$

Où V est le vecteur formé des valeurs de C aux nœuds de discrétisation.

Afin de résoudre l'équation précédente, une méthode des éléments finis basés sur des fonctions hermitiennes bicubiques est utilisée. Ce modèle déformable nécessite de connaître à priori la topologie exacte de l'objet à reconstruire ce qui peut limiter son champ d'application.

d) Les inconvénients du modèle snake

Les principaux inconvénients des snakes sont les suivants :

- (1) La dépendance à la paramétrisation du contour. Cette dépendance est encore plus délicate en 3D. L'ajout des forces additionnelles ne règle pas ce problème, et le modèle risque de s'éloigner des minima locaux.
- (2) Le réglage des termes de la fonctionnelle d'énergie. En effet cela doit être fait avec soin pour que leurs contributions s'équilibrent. Il faut en particulier faire un compromis entre l'aspect lisse du contour final, et l'exactitude de la segmentation. Cela rend donc l'utilisation des snakes difficile dans le cas d'images de mauvaise qualité ou pour la segmentation de structures présentant une forte variabilité.
- (3) L'incapacité des snakes à traiter les changements de topologie, en raison de l'approche Lagrangienne qui est généralement utilisée pour leur implémentation. Cela pose des problèmes pour la segmentation d'objets composés de plusieurs éléments disjoints comme c'est le cas pour les images médicales. Des adaptations des snakes permettant l'autorisation de la segmentation d'objets à topologie variable ont été proposées, mais elles sont très lourdes en temps de calcul.
- (4) la stabilité des snakes n'est pas toujours garantie, en particulier lorsque des termes d'ordre élevés apparaissent dans l'équation d'évolution et que leur approximation est délicate.

3.2.2 Les Modèles déformables non paramétriques : les ensembles de niveau (Level sets)

Les contours actifs non-paramétriques, ou implicites, encore appelés ensembles de niveau [Vigneaux 2007] sont développés en parallèle avec les modèles des snakes. Ils suivent le même principe, celui d'un contour actif qui se déforme pour se diriger vers les frontières de l'objet à segmenter

a) Principe et équation d'évolution des ensembles de niveaux

Le principe des ensembles de niveau est issu de la théorie de la propagation des courbes et surfaces subissant une force normale (voir la figure 3.3).

Dervieux et Thomasset [Dervieux 1979] [Dervieux 1981] sont les premiers qui ont utilisé cette méthode dans le domaine de la mécanique du fluide en particulier pour les interfaces entre des fluides de densité non-homogène en mouvement. En suite, Osher et Sethian ont modélisé la propagation des interfaces entre des fluides sous l'action d'une force dépendant de leur courbure [Osher 1988] [Sethian 1999].

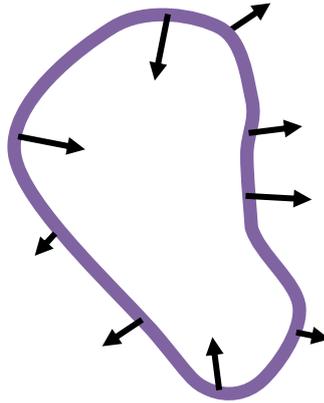


Figure - 3. 3 Courbe subissant une force normale [Sethian 1999]

Le problème est formulé en considérant une courbe en évolution :

$$C : \begin{cases} [0, \infty[\rightarrow \mathfrak{R}^n \\ t \mapsto C(t) \end{cases},$$

Où n est la dimension de l'espace des images : $n = 2$ pour des images 2D, $n = 3$ pour des volumes. Dans le cas où l'on traite des volumes, C est donc une surface et non une courbe.

L'évolution de C est alors provoquée par une force normale $F(k)$ telle que :

$$\frac{\partial C}{\partial t} = F(k)N, \quad (3.13)$$

Où N est le vecteur normal à l'interface, orienté vers l'extérieur, k la courbure, et aussi F la vitesse (force) d'évolution du contour.

Dans l'approche des ensembles de niveau, la courbe en évolution est considérée comme l'ensemble de niveau zéro d'une hypersurface Ψ de dimension supérieure $n+1$ (voir figure 3.4). Ψ est définie par :

$$\Psi = \begin{cases} \mathfrak{R}^n \times [0, \infty[\rightarrow \mathfrak{R} \\ (x, t) \mapsto \Psi(x, t) \end{cases} \quad (3.14)$$

Cela se traduit par l'expression suivante :

$$C(t) = \{x \in \mathbb{R}^n / \Psi(x(t), t) = 0\}, \forall t \in [0, \infty[. \tag{3.15}$$

l'ensemble de niveau k , $k \in \mathbb{Z}^+$, est calculé suivant le même principe comme :

$$\{x \in \mathbb{R}^n / \Psi(x(t), t) = k\}, \forall t \in [0, \infty[. \tag{3.16}$$

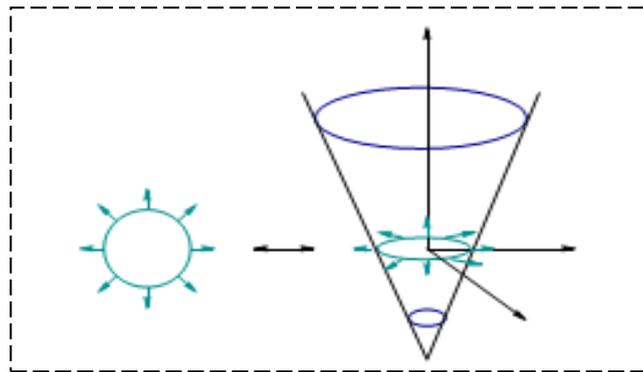


Figure 3. 4 - Principe des ensembles de niveau en 2D. A gauche : cercle en expansion, à droite : ensemble de niveau zéro d'une hypersurface conique correspondant au cercle en expansion (vert), et autres ensembles de niveau de la même hypersurface (bleu) [Sethian 1999]

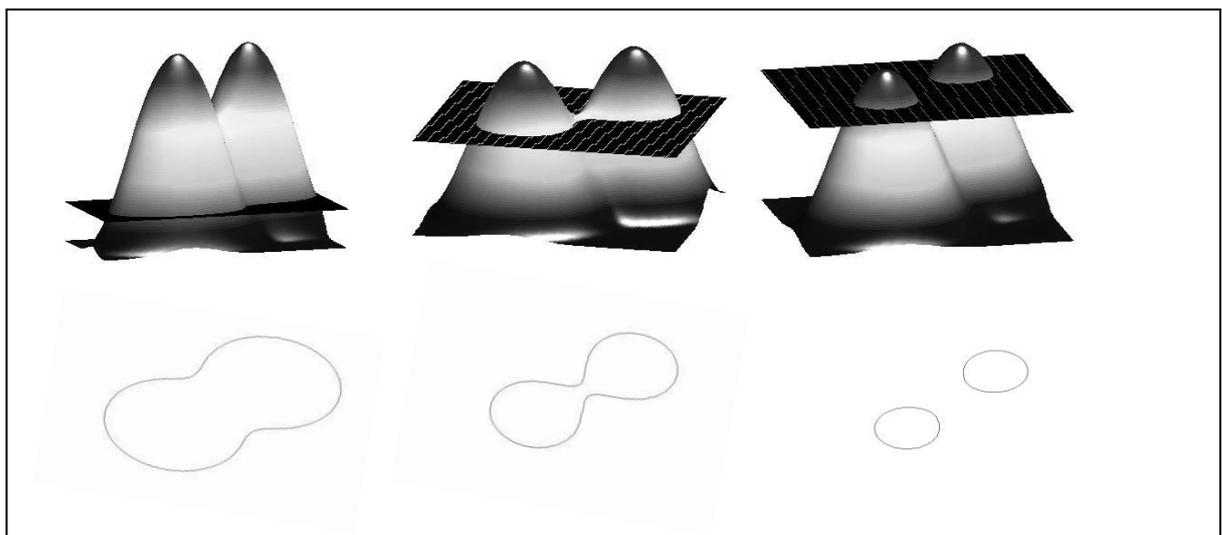


Figure 3. 5 - Gestion automatique des changements de topologie par la méthode des ensembles de niveaux : La première ligne d'images représente la carte des distances. Chaque carte est coupée en son niveau 0. Les contours correspondants constituent la deuxième ligne d'images [Sethian 1999]

L'idée sous-jacente des ensembles de niveau est de modéliser directement l'évolution de Ψ au lieu de C , et à chaque instant, on peut retrouver C en prenant l'ensemble de niveau zéro de Ψ . Ce principe est illustré sur les figures 3.5 et 3.6.

Soit C l'interface en évolution constituée de P points. Considérons alors un point x_i de C et sa trajectoire $x_i(t)$. Alors la vitesse de ce point le long de la normale à C est donnée par :

$$\frac{\partial x_i}{\partial t} \cdot N = F, \quad (3.17)$$

Où $N = \frac{\nabla \Psi}{|\nabla \Psi|}$. De plus, la fonction Ψ est toujours nulle sur l'interface, on a donc :

$$\Psi(x_i(t), t) = 0. \quad (3.18)$$

Comme la dérivée totale de Ψ par rapport au temps est nulle, par différentiation sur tous les points de l'interface, on obtient :

$$\frac{\partial \Psi}{\partial t} + \sum_{i=1}^P \frac{\partial x_i}{\partial t} \cdot \frac{\partial \Psi}{\partial x_i} = 0. \quad (3.19)$$

Finalement, par substitution :

$$\frac{\partial \Psi}{\partial t} + F(k) |\nabla \Psi| = 0. \quad (3.20)$$

Avec de plus :

$$\Psi(t = 0) = \Psi_0 \quad (3.21)$$

Où $\Psi_0 : \mathfrak{R}^{n+1} \rightarrow \mathfrak{R}$ est une fonction telle que $\Psi_0(C(0)) = 0$.

Cela donne l'équation d'évolution de l'hypersurface, telle que C soit toujours son ensemble de niveau zéro.

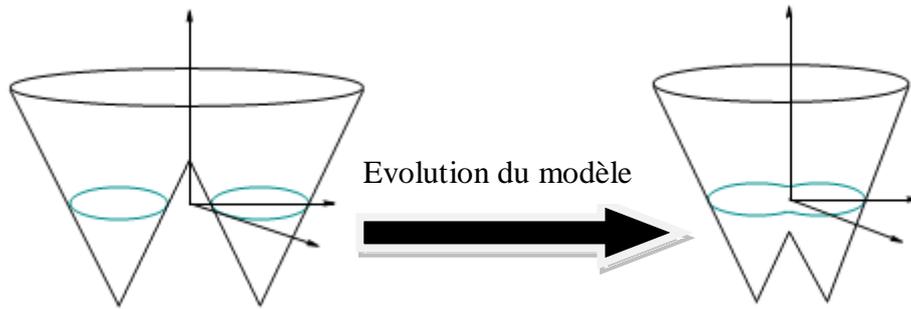


Figure 3. 6 - Illustration de la gestion automatique des changements de topologie par les ensembles de niveau [Sethian 1999]

Dans la figure 3.6. L'ensemble de niveau zéro (vert) est constitué de deux éléments (à gauche), qui se rassemblent (à droite) sous l'effet de l'évolution de l'hypersurface (noir). En pratique, les valeurs successives de la fonction Ψ sont calculées itérativement en chaque point d'une grille. Cette grille est généralement constituée des voxels de l'image.

Cette formulation présente multiple avantages :

- ✓ l'indépendance à la paramétrisation du contour de l'interface, cela évite les problèmes de stabilité liés au déplacement des marqueurs. En effet, le système de coordonnées est fixé par la grille sur laquelle est calculée l'évolution de Ψ .
- ✓ Des schémas numériques sont disponibles, permettant une implémentation stable et efficace de cette formulation.
- ✓ Les changements de topologie sont permis sans implémentation particulière (voir figure 3.6).
- ✓ L'utilisation des espaces de dimension supérieure (≥ 3) est facile.
- ✓ La facilité du calcul des caractéristiques géométriques de l'interface C , qui sont implicitement représentées par Ψ . Par exemple, en 2D, la courbure locale du contour est donnée par :

$$\kappa = \text{div}\left(\frac{\nabla\Psi}{|\nabla\Psi|}\right) = \frac{\Psi_{yy}\Psi_x^2 - 2\Psi_x\Psi_y\Psi_{xy} + \Psi_{xx}\Psi_y^2}{(\Psi_x^2 + \Psi_y^2)^{3/2}} \quad (3.22)$$

Et la courbure en 3D est donnée par:

$$\kappa = \frac{(\Psi_{xx} + \Psi_{yy})\Psi_z^2 - 2\Psi_x\Psi_y\Psi_{xy} + (\Psi_{yy} + \Psi_{zz})\Psi_x^2 - 2\Psi_y\Psi_z\Psi_{yz} + (\Psi_{zz} + \Psi_{xx})\Psi_y^2 - 2\Psi_z\Psi_x\Psi_{xy}}{(\Psi_x^2 + \Psi_y^2 + \Psi_z^2)^{3/2}} \quad (3.23)$$

Et le vecteur normal au contour est calculé par la formule suivante :

$$n = \frac{\nabla\Psi}{|\nabla\Psi|} \quad (3.24)$$

b) Implémentation des level sets

L'implémentation de l'équation d'évolution de Ψ est faite en utilisant des schémas numériques tirés des lois de conservations hyperboliques [Osher 1988] [Sethian 1999].

Considérons par exemple l'équation d'évolution des ensembles de niveau 2D de Malladi [Malladi 1995] :

$$\frac{\partial\Psi}{\partial t} + g(I)(1 - \rho\kappa)|\nabla\Psi| = 0, \quad (3.25)$$

Où ρ est une pondération de la courbure k . On peut la généraliser pour obtenir :

$$\frac{\partial\Psi}{\partial t} + g(I)(F_{adv} - F_{geo})|\nabla\Psi| = 0, \quad (3.26)$$

Où F_{adv} est une force d'expansion ou de contraction et F_{geo} une force dépendant des caractéristiques géométriques de l'interface, telles que la courbure k . l'évolution de Ψ est donné par le schéma numérique:

$$\Psi_{i,j}^{n+1} = \Psi_{i,j}^n - \Delta t \cdot g(I) \cdot F_{adv} \cdot [(\max((D_x^- \Psi_{i,j}, 0)))^2 + (\min((D_x^+ \Psi_{i,j}, 0)))^2 + (\max((D_y^- \Psi_{i,j}, 0)))^2 + (\min((D_y^+ \Psi_{i,j}, 0)))^2]^{1/2} - \Delta t \cdot g(I) \cdot F_{geo} \|\nabla\Psi\|, \quad (3.27)$$

Où $D_x^- \Psi_{i,j} = \frac{\Psi_{i,j}^n - \Psi_{i-1,j}^n}{\Delta x}$ et $D_x^+ \Psi_{i,j} = \frac{\Psi_{i+1,j}^n - \Psi_{i,j}^n}{\Delta x}$ (de même pour y en faisant varier

l'indice j). $\|\nabla\Psi\|$ est calculé à l'aide d'un opérateur de différence centrale. Le schéma de différentiation adopté pour le terme lié à F_{adv} est appelé schéma *upwind*.

c) Condition de stabilité des level sets

Afin que l'approximation numérique par différences finies converge vers une solution analytique, il faut respecter la condition de stabilité CFL (*Courant-Friedrichs-Lewy*) [Courant 1967]. Pour un schémas de type *upwind*, cela implique que l'actualisation de la nouvelle fonction $\Psi_{i,j}$ à la position (i,j) , ne soit effectuée qu'en utilisant des informations situées en

amont du sens de propagation de l'interface. Cela revient à définir la condition suivante en 2D :

$$\Delta t \cdot \left(\frac{|H_x|}{\Delta x} + \frac{|H_y|}{\Delta y} \right) \leq 1, \quad (3.28)$$

Où H est le hamiltonien, défini par $H(x, y) = \sqrt{x^2 + y^2}$. H_x et H_y sont respectivement ses dérivées par rapport à x et y .

d) Les variantes des ensembles de niveau

d-1) Contours actifs géométriques de Malladi [Malladi 1995]

C'est l'une des premières formulations proposées pour faire évoluer les ensembles de niveau, son fonction de vitesse est calculée par la formule suivante :

$$F = -g(|\nabla I|)(c + \rho\kappa), \quad (3.29)$$

Où g est une fonction décroissante permettant de ralentir l'évolution du contour dans les zones de fort gradient d'intensité, k est la courbure locale du contour, ρ un facteur de pondération et c est une force dont le rôle est de favoriser l'expansion du contour.

En effet, cette fonction d'évolution peut être vue comme la combinaison de deux flots :

- ◆ Un flot dépendant de la courbure $\frac{\partial c}{\partial t} = kn$, qui donne de bonnes propriétés de lissage au contour, mais provoque, comme dans le cas des snakes, une tendance à la rétractation.
- ◆ Un flot de la vitesse constante $-cn$, qui se comporte comme une force ballon, indispensable pour la segmentation de structures non convexes.

d-2) Contours actifs géodésiques

Les contours actifs géodésiques ont été introduits par Caselles [Caselles 1997]. Ils sont une hybridation entre le modèle snake et les ensembles de niveaux. Le point de départ est la fonctionnelle énergétique des contours actifs paramétriques, correspondant à l'équation (3.1). Les auteurs considèrent pour simplifier que $\alpha=1$ et $\beta=0$ dans le terme d'énergie interne (équation (3.3)). L'annulation de β est justifiée par le fait que dans la formulation des

contours actifs implicites existe un terme de courbure, ce qui dispense d'introduire une régularisation du second ordre.

En utilisant un détecteur de contour $g(\nabla I)$ basé sur le gradient d'intensité comme attache aux données, on obtient :

$$\begin{aligned} E(C) &= E_{\text{int}} + E_{\text{ext}} \\ &= \alpha \int_0^1 |C'(s)|^2 ds + \lambda \int_0^1 g(|\nabla I(C(s))|)^2 ds \end{aligned} \quad (3.30)$$

Cette fonctionnelle d'énergie n'est pas intrinsèque, car du fait qu'elle dépend de la paramétrisation de la courbe. La solution à ce problème est donnée par Caselles et al. [Caselles 1997], en utilisant une courbe géodésique dans un espace Riemannien. La fonctionnelle à minimiser dans ce cas est la suivante :

$$E(C) = \int_0^1 g(|\nabla I(C(s))|) |C'(s)| ds \quad (3.31)$$

La minimisation par descente de gradient conduit à l'équation d'évolution suivante pour l'interface :

$$\frac{\partial C(t)}{\partial t} = -g(|\nabla I|)kn + (\nabla g \cdot n)n; \quad (3.32)$$

L'équation (3.32) est résolue par le formalisme des ensembles de niveau, ce qui donne la formule suivante (Ψ est l'hypersurface associée à C) :

$$\frac{\partial \Psi}{\partial t} + g(|\nabla I|) |\nabla \Psi| k - \nabla g \cdot \nabla \Psi = 0. \quad (3.33)$$

Afin d'améliorer l'équation (3.33), un terme additionnel c est souvent introduit, ce qui donne :

$$\frac{\partial C(t)}{\partial t} = -g(|\nabla I|)(c+k)n + (\nabla g \cdot n)n \quad (3.34)$$

$$\frac{\partial \Psi}{\partial t} + g(|\nabla I|) |\nabla \Psi| k - \nabla g \cdot \nabla \Psi + cg(I) |\nabla \Psi| = 0. \quad (3.35)$$

Le terme $\nabla g \cdot \nabla \Psi$ dans la formule géodésique est très important, en particulier l'expression ∇g qui attire l'interface vers la frontière de la cible de segmentation. La nouvelle formule a deux effets désirables :

- ✓ elle améliore la robustesse aux hétérogénéités de gradient le long de la frontière. De ce fait, la segmentation est améliorée dans le cas où la fonction g n'est pas exactement nulle le long de la frontière;
- ✓ elle réduit la nécessité d'utiliser une force de type ballon pour éviter la rétractation du contour.

e) Méthodes d'accélération

Les modèles déformables géométriques et géodésiques nécessitent de réactualiser l'hypersurface Ψ à chaque itération, pour l'ensemble des points de la grille. Cela conduit à une complexité en $O(N^n)$, où N est le nombre de points de la grille et n le nombre d'itérations nécessaires pour converger. En 3D, cela correspond à un temps de calcul rédhibitoire, même sur des machines puissantes. Par conséquent, de nombreux travaux ont proposé des méthodes d'accélération pour l'implémentation des ensembles de niveau. Nous présentons les plus importantes ci-dessous.

e-1) Méthode de la bande étroite (Narrow Band) [Adalsteinsson 1995] [Sethian 1999]

L'accélération proposée par cette méthode vient du fait que l'hypersurface Ψ n'est actualisée que dans une zone de la grille située au voisinage du contour courant [Adalsteinsson 1995]. Cette zone peut être vue comme une bande centrée sur le contour. Les ensembles de niveau situés à l'extérieur de la bande sont considérés comme stationnaires, et l'hypersurface est mise à jour à l'intérieur de la bande étroite jusqu'à ce que le contour arrive à la limite de la zone qu'elle délimite. Il faut alors reconstruire l'hypersurface à partir de la position du contour, puis redéfinir une nouvelle bande étroite, et recommencer jusqu'à convergence. Ce processus est illustré sur la figure 3.7.

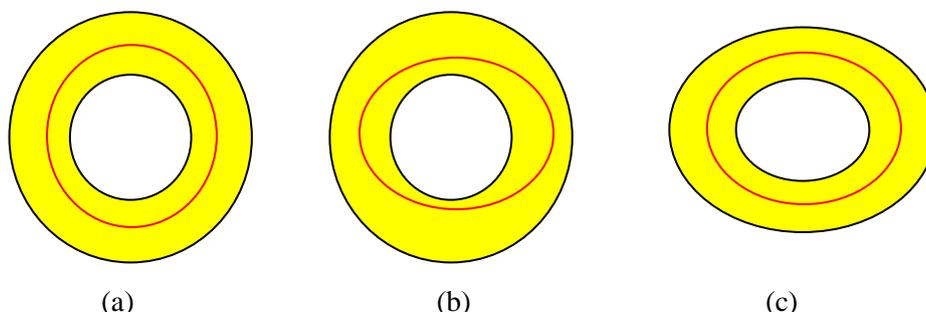


Figure 3.7 - Evolution de l'interface (rouge) et mise à jour de la bande étroite (jaune)
(source [Adalsteinsson 1995])

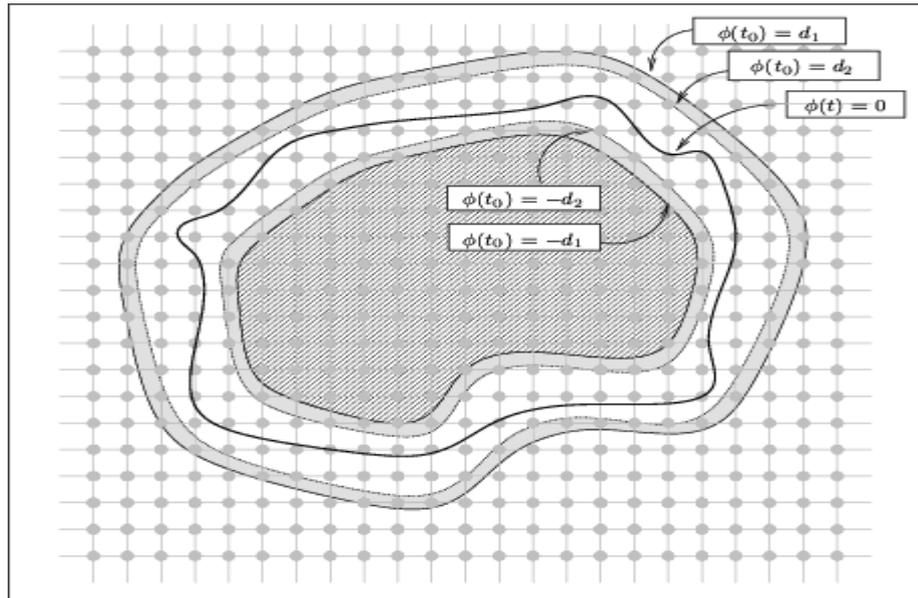


Figure 3. 8 - La méthode de la Bande étroite (tiré de [Keriven 1997])

L'idée des bandes étroites est la suivante :

- ❖ définir deux bandes autour du niveau zéro de Ψ (voir figure 3.8) :
 - B_1 (en blanc et en gris) de largeur $2d_1$,
 - B_2 (en blanc) de largeur $2d_2$ avec $d_2 < d_1$.
- ❖ A chaque itération, seuls sont mis à jour les points situés à l'intérieur de B_2 . Dès que le niveau zéro courant de Ψ sort de B_2 , la valeur de Ψ aux points situés en B_1 - B_2 (bande grisée) change de signe et on peut ainsi procéder à une réinitialisation des bandes.
- ❖ Réinitialiser les bandes étroites tous les N_{iter} , N_{iter} étant au maximum le nombre d'itérations nécessaires pour que le contour se déplace de d_1 .

En pratique, on fixe souvent le nombre d'itérations au bout duquel l'hypersurface est reconstruite et la bande étroite mise à jour, en s'assurant que l'interface ne pourra pas sortir de cette bande étroite entre deux mises à jour. Cela permet de s'affranchir de la détection du moment où l'interface arrive à la limite de la bande, qui peut être délicate.

La complexité algorithmique est alors en $N-1 O(kN^{m-1})$, où k est le nombre de points contenus dans la bande étroite.

e-2) La Méthode de la marche rapide FMM (Fast Marching Method)

Cette méthode s'applique dans le cas particulier où l'interface n'évolue que dans un sens, c'est-à-dire où la force F qu'elle subit est de signe constant [Sethian 1999].

Considérons le cas particulier où le front se propage à la vitesse $F=F(x, y, z)$, $F>0$, (le cas où F est par tout négative et généralement autorisé). Nous avons une équation du type :

$$\Psi_t + F(x, y, z)|\nabla\Psi| = 0. \quad (3.36)$$

Soit S un point de l'espace considéré, S est un pixel dans le cas 2D, $S=\{x, y\}$ et un voxel dans le cas 3D $S=\{x, y, z\}$. Posons $T(S)$ le temps d'arrivée du front au point S . T satisfait l'équation suivante:

$$\begin{cases} |\nabla T| = 1 \\ T = 0, \text{ sur } C_0 \end{cases} \quad (3.37)$$

La formulation du problème est donc la suivante :

$$\begin{cases} |\nabla T| = 1 \\ C(t) = \{S/T(S) = t\}. \end{cases} \quad (3.38)$$

Cette équation est connue sous le nom d'équation Eikonal et est liée à la notion de solution de viscosité. Des schémas numériques consistants donnant la limite de visqueuse correcte de l'équation aux dérivées partielles sont utilisés [Sethian 1999].

Schémas numériques appliqués

Une approximation judicieuse du gradient est nécessaire pour résoudre le problème. Le schéma utilisé par Sethian [Sethian 1999] est le suivant :

$$\begin{cases} \text{cas 2D} : D_{i,j}^{+x}T = \frac{T_{i+1,j} - T_{i,j}}{\Delta x}, \quad D_{i,j}^{-x}T = \frac{T_{i,j} - T_{i-1,j}}{\Delta x} \\ \text{cas 3D} : D_{i,j,k}^{+x}T = \frac{T_{i+1,j,k} - T_{i,j,k}}{\Delta x}, \quad D_{i,j,k}^{-x}T = \frac{T_{i-1,j,k} - T_{i,j,k}}{\Delta x} \end{cases}, \quad (3.39)$$

la fonction d'évolution devient :

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{cas 2D : } \max(D_{i,j}^{-x}T, D_{i,j}^{+x}T, 0)^2 + \max(D_{i,j}^{-y}T, D_{i,j}^{+y}T, 0)^2 = \frac{1}{F_{i,j}^2} \\ \text{cas 3D : } \max(D_{i,j,k}^{-x}T, D_{i,j,k}^{+x}T, 0)^2 + \max(D_{i,j,k}^{-y}T, D_{i,j,k}^{+y}T, 0)^2 \\ \quad + \max(D_{i,j,k}^{-z}T, D_{i,j,k}^{+z}T, 0)^2 = \frac{1}{F_{i,j,k}^2} \end{array} \right. \quad (3.40)$$

Classification des voxels

A fin de réduire le coût de calcul, une classification au niveau des voxels est nécessaire. En effet, seuls les voxels dans un voisinage du contour sont utilisés. On ne se préoccupe donc que des voxels situés dans une bande étroite autour de l'interface. C'est ce qu'on appelle la « *Narrow Bande* » (voir figure 3.9).

La classification des voxels est la suivante :

1. les voxels de type « *frozen* », voxels dont on connaît la valeur T_{ijk} .
2. les voxels voisins dits de la « *Narrow Band* » dont on possède une estimation de la valeur T_{ijk} .
3. les voxels « *Far Away* » pour lesquels la valeur T_{ijk} n'est pas estimée.

La définition de ces divers éléments nous permet de détailler plus précisément l'algorithme de la méthode « *Fast Marching* ». Cela est abordé dans la section suivante.

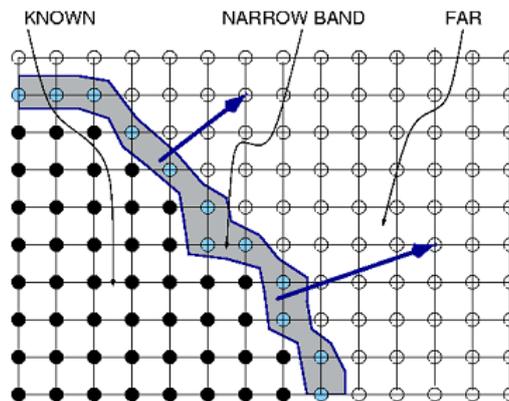


Figure 3.9 - Partitionnement du domaine de calcul pour FMM. Les flèches bleues (en trait épais) indiquent le sens de propagation de la narrow band [Adalsteinsson 1999]

Implémentation de FMM

La clef pour construire un algorithme de « *Fast Marching* » est d'observer que la structure du schéma numérique introduit précédemment implique que l'information se propage dans un

seul sens, i.e des plus petites valeurs de T aux plus grandes. Pour simplifier la description de la méthode, nous considérons le cas où F est constante et égale à 1, ce qui revient à construire le champ de distances des points du maillage aux points de condition initiale.

Le principe de la méthode est le suivant :

Partant d'une condition initiale, d'un voxel dans notre cas, déterminer le champ de distances du point. Le voxel (*dans le cas général on prend comme condition initiale un ou plusieurs voxels*) d'initialisation est dit « *frozen* ». Nous calculons ensuite, les distances aux voisins. Les voxels dont on a calculé la distance mais qui ne sont pas encore « *frozen* » sont dits « *voxels de la narrow band* ». Pour chaque itération de la boucle principale, le voxel de la « *Narrow band* » ayant la plus petite distance devient « *frozen* ». Les distances de ses voisins sont de nouveau calculées : deux cas sont à envisager à ce niveau de la méthode.

1. Soit parmi les voisins, certains étaient déjà affectés d'une valeur de distance. Il faut donc actualiser ces valeurs.
2. Soit certains des voisins n'étaient pas intégrés dans la « *Narrow Bande* ». Dans ce cas, il faut les ajouter.

Les voxels « *frozen* » sont utilisés pour déterminer les valeurs de distances des autres voxels mais ne sont jamais recalculés.

On peut donc voir la méthode de « *Fast marching* » comme un front de voxels de la « *Narrow Bande* » se propageant à partir de la condition initiale, qui transforme, en progressant, les voxels de la « *Narrow Bande* » en voxels « *frozen* ».

Au niveau de l'implémentation, une importante structure de données utilisée au cours de l'algorithme est l'arbre binaire parfait (figure 3.10): les étiquettes des nœuds sont les valeurs de distances et chaque élément de l'arbre binaire est un pointeur vers un voxel. On rappelle que dans un arbre binaire parfait, les feuilles se trouvent soit sur le dernier niveau, soit sur l'avant-dernier et pour toute étiquette d'un nœud, les étiquettes des deux fils sont plus grandes. De ce fait, l'élément ayant la plus petite étiquette se situe à la racine de l'arbre.

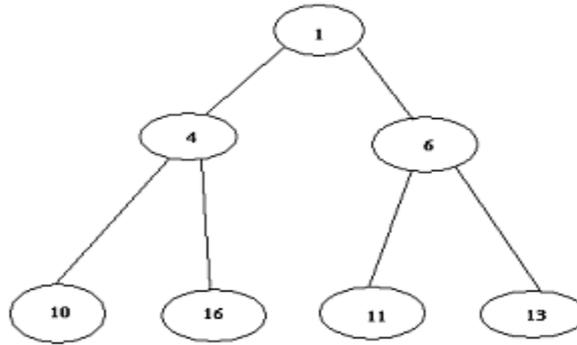


Figure 3. 10 - Exemple d'un arbre binaire parfait

La méthode FMM est résumée comme suivant:

✓ Initialisation

On assigne aux voxels constituant la condition initiale le type « *frozen* ». Pour chaque voxel « *frozen* », on détermine la valeur de la distance en chacun de ses voisins en utilisant uniquement l'information issue des voxels « *frozen* ».

Les voxels voisins sont affectés du type « *Narrow Band* » et ils sont insérés dans l'arbre binaire parfait.

✓ Tant que l'arbre binaire n'est pas vide faire :

- Extraction du voxel V_i situé à la racine de l'arbre et qui admet donc la plus petite valeur. Ce voxel devient donc « *frozen* »,
- Calcul de la distance pour chacun des voisins V_s de V_i qui ne sont pas « *frozen* ».
- On affecte le type « *Narrow Band* » au voisins V_s de V_i et on les insère dans l'arbre binaire parfait.
- Si le voxel V_i était « *Far Away* » dans ce cas il n'y a pas de difficulté, mais s'il était déjà « *Narrow Band* », il faut actualiser la valeur de la distance et par conséquent modifier sa position dans l'arbre binaire parfait.

Un pseudo-code décrivant ces étapes est montré ci-dessous, on assume l'existence d'une liste I de voxels dont on connaît leurs valeurs qui forme la condition initiale, et un arbre binaire H qui est initialement vide.

```

Initialisation ()
{
  Pour chaque voxel  $v$  dans l'image  $I$ 
  {
    Geler (freeze)  $v$  ;
    Pour chaque voisin  $v_n$  de  $v$ 
    {
      Calculer la distance  $d$  à  $v_n$ 
      Si  $v_n$  n'est pas dans la bande étroite (narrow band)
      {
        Marquer  $v_n$  comme Narrow band ;
        Insérer  $(d, v_n)$  dans  $H$  ( l'arbre binaire) ;
      }
      Sinon
        Décrémenter la clé de  $v_n$  dans  $H$  à  $d$  ;
    }
  }
}

Boucle ()
{
  Tant que  $H$  n'est pas vide
  {
    Extraire  $v$  du sommet de  $H$  ;
    Geler (freeze)  $v$  ;
    Pour chaque voisin  $v_n$  de  $v$ 
    {
      Si  $v_n$  n'est pas frozen
      {
        Calculer la distance  $d$  à  $v_n$ 
        Si  $v_n$  n'est pas dans la bande étroite (narrow band)
        {
          Marquer  $v_n$  comme Narrow band ;
          Insérer  $(d, v_n)$  dans  $H$  ( l'arbre binaire) ;
        }
      }
      Sinon
        Décrémenter la clé de  $v_n$  dans  $H$  à  $d$  ;
    }
  }
}

```

Calcul des distances

Les distances sont calculées en résolvant l'équation Eikonal définie par $|\nabla T| = \frac{1}{F}$, où T est le temps d'arrivée du front en un voxel et F la vitesse.,
 Sethian [Sethian 1999] propose le schéma suivant, issu des lois de conservation hyperboliques :

$$|\nabla T|^2 = \max(V_A - V_B, V_A - V_C, 0)^2 + \max(V_A - V_D, V_A - V_E, 0)^2 + \max(V_A - V_F, V_A - V_G, 0)^2 \quad (3.41)$$

Ou V_A est la distance inconnue et $V_B, V_C, V_D, V_E, V_F, V_G$ sont les distances connues au niveau des voxels voisins (voir figure 3.11). En plongeant ce schéma dans l'équation Eikonal, on obtient :

$$\frac{1}{F^2} = \max(V_A - V_B, V_A - V_C, 0)^2 + \max(V_A - V_D, V_A - V_E, 0)^2 + \max(V_A - V_F, V_A - V_G, 0)^2 \quad (3.42)$$

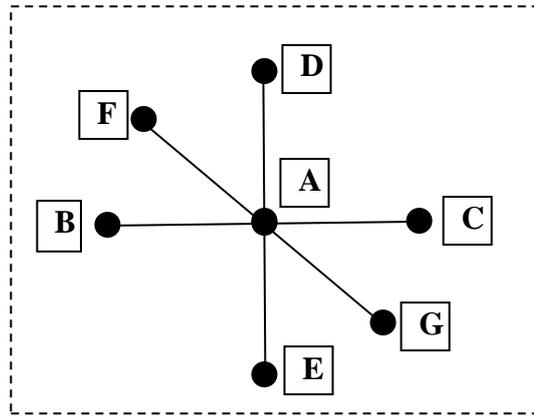


Figure 3. 11 - Configuration des voxels

Pour résoudre l'équation (3.42), il faut observer chaque terme de la forme $\max(V_A - V_B, V_A - V_C, 0)^2$. Cette équation est résolue en utilisant la plus petite des deux valeurs V_B et V_C . car :

$$V_B < V_C \Rightarrow V_A - V_B > V_A - V_C$$

Pour le calcul de V_A seuls les voxels frozen sont utilisés. Supposons que $V_B < V_C, V_E < V_D, V_F < V_G$, et que V_B, V_E , et V_F sont frozen, nous obtenons alors l'équation quadratique suivante :

$$(V_A - V_B)^2 + (V_A - V_E)^2 + (V_A - V_F)^2 = \frac{1}{F^2} \quad (3.43)$$

La solution V_A la plus grande de cette équation est conservée.

e-3) La méthode Hermes

Cette méthode combine les deux méthodes (FMM et *Narrow Band*) en utilisant l'idée de la propagation sélective (*Fast Marching*) sur une bande étroite (*Narrow Band*). Le coût en terme de calcul est proche de celui de la méthode *Fast Marching* (fort gain en temps de calcul) et les conditions d'utilisation de cette méthode sont identiques à celle de la méthode Bande étroite.

Cette méthode utilise le fait que la fonction vitesse utilisée dépend souvent des caractéristiques de l'image et ainsi le front évolue plus vite sur certains pixels que sur d'autres. Par exemple, dans la méthode Bande étroite, tous les points de cette bande sont mis à jour. Or il peut y avoir des points qui n'évoluent pas (i.e. tels que $F = 0$) et donc des calculs redondants. Ce problème est évité en faisant évoluer le front localement, à la manière de la méthode *Fast Marching* : le point ayant la fonction vitesse F la plus grande est sélectionné et l'évolution est faite dans une fenêtre circulaire centrée sur ce point (de rayon $R = 2$ en général).

La méthode peut se formuler ainsi :

① **Initialisation** : Ψ est initialisée à la fonction distance signée. Le maximum des distances vaut le rayon R de la fenêtre circulaire (voir figures 3.12 et 3.13).

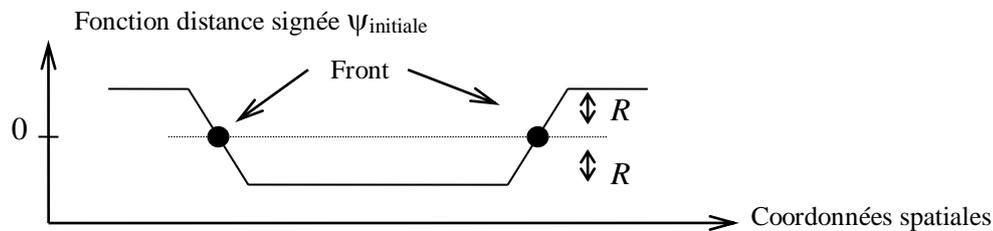


Figure 3. 12 - Coupe de la fonction ψ lors de l'initialisation pour la méthode Hermes [Paragios 1999]

② **Progression du front** : Le voxel c du front tel que $F(c) = \max (F (i, j, k))$ est sélectionné et une fenêtre circulaire est définie autour de ce voxel. Ψ est mise à jour à l'intérieur de cette fenêtre (voxels notés s), avec un Δt variable (pour des raisons de stabilité), diminuant avec la distance au centre de la fenêtre :

$$\Delta t(s) = \frac{\Delta t}{1 + \|s - c\|} \quad (3.44)$$

③ **Convergence locale** : Lorsque l'évolution locale est finie, le front est obtenu par détection des passages par zéro de Ψ . Ψ est réinitialisée localement à la fonction distance signée. On peut procéder à la mise à jour des points et trois cas de figure se présentent :

- (a) un voxel n'appartenait pas au front précédent et appartient au nouveau front.
- (b) un voxel appartenait au front précédent et appartient également au nouveau front : il y a alors réestimation du terme F .
- (c) un voxel appartenait au front précédent et n'appartient plus au nouveau front.

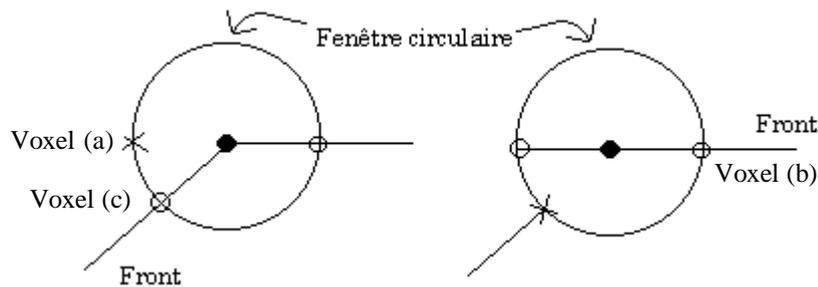


Figure 3.13 - Avant et après l'évolution du front avec la méthode Hermes [Paragios 1999]

④ **Convergence globale** : Lorsque le front ne bouge plus ou lorsqu'un certain nombre d'itérations est atteint, la position finale du front est extraite. Sinon, l'étape ③ est répétée.

Comme pour la méthode *Fast Marching*, une mise en œuvre efficace de la méthode Hermès nécessite l'emploi de techniques comme celle de l'algorithme *min-heap* (arbre binaire parfait), pour trouver le minimum d'un ensemble de valeurs.

f) La méthode GFMM (Generalised Fast Marching Method)

Dans cette section, nous présentons la méthode de Fast Marching généralisée [forca del 2009] [Carlini 2011]. Cette méthode est une généralisation de la méthode *Fast Marching* (FMM). En effet la méthode FMM est un algorithme très rapide qui permet de faire avancer un front évoluant avec une vitesse normale $c=c(x)>0$. La généralisation vient du fait que la vitesse de propagation peut changer de signe en espace-temps. L'exemple typique est le suivant (voir figure 3.14). Dans la zone rouge, la vitesse est négative et le front a tendance à disparaître alors que dans la zone bleu la vitesse est positive et le front a tendance à s'étendre.

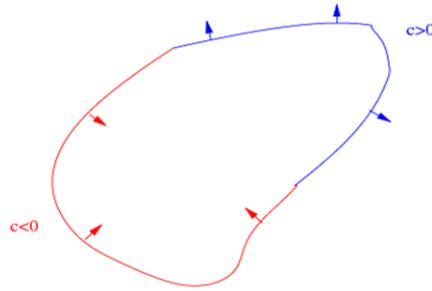


Figure 3. 14 - Un front évoluant selon une vitesse normale [Forcadel 2009]

La généralisation proposée permet de traiter le cas de vitesses générales $c(x, t)$ sans aucune restriction de signe. La difficulté principale vient du fait qu'il est impossible d'utiliser l'approche stationnaire. Dans cette approche la notion de solution discontinue est utilisée pour représenter le front. De manière très simple, le front sera représenté par la discontinuité d'une fonction θ qui prendra les valeurs 1 et -1. La fonction est alors solution de l'équation (au sens de viscosité) suivante:

$$\theta_t = c(x, t) |\nabla \theta| \quad (3.45)$$

L'idée de base est la suivante. Il s'agit en fait, à chaque étape, de considérer deux zones : une où la vitesse est négative et l'autre où elle est positive. Ensuite, il suffit de faire évoluer en deux Fast Marching (une dans chaque zone). Le schéma de la figure 3.15 explique cette idée.

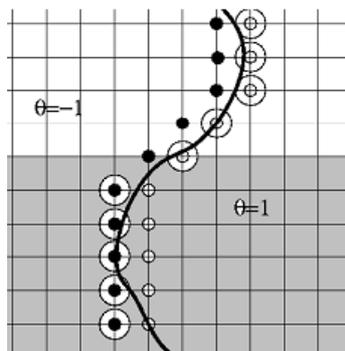


Figure 3. 15 - Le front F^+ (points blancs), le front F^- (points noirs), la bande étroite NB^+ (points blancs cerclés) et la bande étroite NB^- (points noirs cerclés). Dans la zone blanche la vitesse est négative, et dans la zone grise la vitesse est positive [Carlini 2011]

Le front est représenté par la ligne noire en gras (la ligne de discontinuité de la fonction θ). Dans la zone blanche, où la vitesse est positive, c'est l'ensemble $\theta=1$ qui va grossir, alors que dans la zone grise, c'est la zone $\theta=-1$ qui va grossir. De plus, pour bien séparer ces deux zones, une bande où la vitesse est nulle est imposée. Comme dans la méthode *Fast Marching* classique, deux ensembles de points sont définis, les points de la *Narrow Band* (les points cerclés sur la figure 3.15) et les points utiles (les ronds non cerclés) qui joueront le rôle des points *frozen*. L'algorithme est alors essentiellement le même que dans le cas classique: on calcule les temps candidats sur la *Narrow Band*, on cherche le minimum, puis on itère.

Il y a cependant plusieurs subtilités dans cette méthode. Tout d'abord, pour résoudre l'équation (3.45), il est nécessaire de connaître le temps courant (à utiliser dans la vitesse). En fait le temps est directement donné par l'algorithme comme le minimum des temps candidats (voir section suivante).

f-1) Algorithme GFMM [Carlini 2011]

Afin de décrire l'algorithme GFMM [Forcadel 2009] [Carlini 2011], les définitions suivantes sont nécessaires.

Soit N la dimension de l'espace ($N=3$ dans le cas 3D et $N=2$ dans le cas 2D), considérons une grille de données :

$$Q \equiv \{x_I = (x_{i_1}, \dots, x_{i_N}) = (i_1 \Delta x, \dots, i_N \Delta x), I = (i_1, \dots, i_N) \in Z^N\},$$

Avec un pas d'espace $\Delta x \geq 0$. Nous utilisons aussi un pas de temps $\Delta t \geq 0$.

Définition 1. Le voisinage du noeud $I \in Z^N$ est l'ensemble :

$$V(I) = \{J \in Z^N : |J - I| \leq 1\}.$$

Définition 2. La vitesse c_I^n est définie par : $c_I^n = c(x_I, t_n)$

la vitesse normalisée \hat{c}_I^n est définie par :

$$\hat{c}_I^n \equiv \begin{cases} 0 & \text{si } \exists J \in V(I) \text{ tels que } (c_I^n c_J^n < 0 \text{ et } |c_I^n| \leq |c_J^n), \\ c_I^n & \text{autrement} \end{cases}$$

Afin de régulariser la vitesse une bande de zéro est introduite, cette bande permet de séparer la région où la vitesse est positive de celle où elle est négative. Ceci permet d'empêcher l'occurrence du cas où deux points voisins sont respectivement dans NB^+ et NB^-

Définition 3. La frontière numérique ∂E d'un ensemble $E \in Z^N$ est

$$\partial E \equiv V(E) \setminus E$$

Avec
$$V(E) = \{J \in Z^N, \quad \exists I \in E, \quad J \in V(I)\}$$

Définition 4. soit un champ θ^n avec des valeurs +1 et -1, nous définissons les deux phases :

$$\Theta_{\pm}^n \equiv \{I : \theta_I^n = \pm 1\},$$

Et les fronts $F_{\pm}^n \equiv \partial \Theta_{\pm}^n$, $F^n \equiv F_+^n \cup F_-^n$, $\pm g \geq 0$ pour $I \in F_{\pm}$

◆ Dans la description de l'algorithme, les notations suivantes sont utilisées:

$$\pm g \geq 0 \text{ pour } I \in F_{\pm}$$

Signifie que: $+g \geq 0$ pour $I \in F_+$ et $-g \geq 0$ pour $I \in F_-$.

De plus : $\min_{\pm} \{0, g_{\pm}\} \equiv \min \{0, g_+, g_-\}$ et $\max_{\pm} \{0, g_{\pm}\} \equiv \max \{0, g_+, g_-\}$

Et aussi :
$$I^{k,\pm} = (i_1, \dots, i_{k-1}, i_k \pm 1, i_{k+1}, \dots, i_N). \quad (3.46)$$

Comme dans le cas de FMM classique, la bande étroite (NB) est constituée de points I pouvant être immédiatement atteints par le front. La bande étroite est définie comme suit :

$$NB^n = \{I \in Z^N, \exists J \in V(I), \theta_I^n = -\theta_J^n \text{ et } \theta_I^n \hat{c}_I^n < 0\}, \quad (3.47)$$

$$NB_{\pm}^n = NB^n \cap \{I, \theta_I^n = \pm 1\}. \quad (3.48)$$

Les bandes étroites NB_{\pm} sont liés aux définitions précédentes des ensembles de fronts par :

$$NB_+^n = F_+^n \cap \{I, \hat{c}_I^n < 0\}, \quad NB_-^n = F_-^n \cap \{I, \hat{c}_I^n > 0\}. \quad (3.49)$$

Comme dans le FMM, pour tous $I \in NB^n$, il est nécessaire de calculer une valeur tentative \tilde{u}_I^n représentant le temps d'arrivée du front au point I . Pour calculer cette valeur, nous devons définir, l'ensemble de points qui sont utiles pour I , à savoir, l'ensemble :

$$U^n(I) = \{J \in V(I), \theta_I^n = -\theta_J^n\}, \quad U^n = \cup_{I \in NB^n} U^n(I). \quad (3.50)$$

Pour tous les points J qui sont utiles pour $I \in NB^n$ ($J \in U^n(I)$), le temps $u_{J \rightarrow I}^n$ est introduit qui peut être interprété comme le temps où le front F^n commencent à aller du point J vers I , ce dernier est utilisé pour calculer \tilde{u}_I^n . Une fois que nous avons calculé les valeurs expérimentales pour tous les points de la bande étroite, nous dénotons par \tilde{t}_n le minimum de toutes ces valeurs.

■ L'algorithme étape par étape :

Comme on peut le voir, pour suivre correctement l'évolution du front, une fonction discrète $u_I^n \in \mathfrak{R}^+$ définie pour $I \in U^n$ est introduite pour représenter le temps approximé pour la propagation du front aux nœuds $I = (i_1, \dots, i_N)$ et à la $n^{\text{ième}}$ itération de l'algorithme.

Initialisation

1. initialiser n à 1
2. Initialiser le champ θ^0 comme

$$\theta_I^0 = \begin{cases} 1 & \text{pour } x_I \in \Omega_0 \\ -1 & \text{ailleurs} \end{cases} \quad (3.51)$$

3. Initialiser le temps pour les points I : $u_I^0 = 0$ pour tous $I \in U^0$

$$u_{I \rightarrow K}^0 = \begin{cases} t_0 & \text{si } I \in U^0(K) \text{ et } K \in NB^0 \\ +\infty & \text{autrement} \end{cases} \quad (3.52)$$

Pour n=0 jusqu'à n=MAX itération faire :

4. calculer \tilde{u}^{n-1} sur NB^{n-1} comme suit :
Soit $I \in NB^{n-1}$, Nous calculons \tilde{u}_I^{n-1} comme la solution de l'équation du second degré suivante:

$$\sum_{K=1}^N \left(\max(0, \tilde{u}_I^{n-1} - \tilde{u}_{I^{K,\pm \rightarrow I}}^{n-1}) \right)^2 = \frac{(\Delta x)^2}{|\hat{c}_I^{n-1}|^2}, \quad (3.53)$$

Où $I^{k,\pm}$ est défini dans l'équation (3.46) (voir [Carlini 2011] pour les détails numériques).

5. $\tilde{t}_n = \min \{ \tilde{u}_I^{n-1}, I \in NB^{n-1} \}$.
6. tronquer \tilde{t}_n

$$t_n = \max(t_{n-1}, \min(\tilde{t}_n, t_{n-1} + \Delta t)) \quad (3.54)$$

7. si $t_n = t_{n-1} + \Delta t$ et $t_n < \tilde{t}_n$
aller à (4) avec $n = n + 1$, $\theta^n = \theta^{n-1}$ et $u^n = u^{n-1}$.

8. initialiser le nouveau point admis (accepté)

$$NA_{\pm}^n = \{ I \in NB_{\pm}^{n-1}, \tilde{u}_I^{n-1} = \tilde{t}_n \}, NA^n = NA_+^n \cup NA_-^n \quad (3.55)$$

9. Réinitialiser θ^n

$$\theta_I^n = \begin{cases} \mp \theta_I^{n-1} & \text{si } I \in NA_{\pm}^n \\ \theta_I^{n-1} & \text{autrement} \end{cases} \quad (3.56)$$

10. Réinitialiser $u_{I \rightarrow K}^n$

$$u_{I \rightarrow K}^n = \begin{cases} \min(u_{I \rightarrow K}^{n-1}, t_n) & \text{si } I \in U^n(K) \text{ et } K \in NB^n \\ +\infty, & \text{autrement} \end{cases} \quad (3.57)$$

Fin Pour

■ Quelques remarques :

- Dans l'étape 4, la vitesse régularisée \hat{c} est utilisée et non pas c afin de stabiliser le front. En effet, si cela n'est pas fait, ceci mène typiquement à une duplication du front.
- La séquence du temps (\tilde{t}_n) n'est pas nécessairement non décroissante. En effet, si la vitesse croît dans le temps, il est possible d'avoir $\tilde{t}_n < \tilde{t}_{n-1}$ et ainsi il faut faire quelque chose pour avoir une séquence croissante du temps. En effet, l'étape 8 garantit que le temps t_n ne diminue pas.
- Dans l'étape 10, pour la réinitialisation de u_I^n , il faut changer sa valeur seulement si un point du voisinage du point I a été accepté. D'ailleurs quand u_I^n est mis à jour, le temps t_n est employé et pas \tilde{t}_n .

GFMM présente plusieurs avantages, elle conserve tous les avantages du FMM classique, en plus elle offre la possibilité d'avoir une vitesse de signe non constant ce qui représente un plus au FMM classique. Cette liberté de choisir une vitesse de propagation quelconque, lui permet de devenir une méthode appropriée pour plusieurs types de problèmes, notamment dans notre cas, cette méthode répond très bien à nos besoins et ainsi elle sera utilisée comme le noyau de notre système de segmentation des IRM cérébrales.

3.3 La logique Floue

Les informations manipulées dans le domaine de l'analyse de données et de la reconnaissance des formes, sont censées donner une image aussi fidèle que possible de la réalité. Or, dans la plupart des cas, ces informations sont imparfaites (imprécises, incertaines, vagues, et incomplètes).

Afin de modéliser et de raisonner à partir des connaissances imparfaites, plusieurs théories ont été développées. Les principales sont : les probabilités, les fonctions de croyances et les sous-ensembles flous associés à la théorie des possibilités.

Nous nous intéressons en particulier à la théorie des sous-ensembles flous pour les raisons suivantes. D'une part, les ensembles flous permettent de représenter l'information spatiale des images et son imprécision, plus précisément elles permettent de prendre en compte les imprécisions et les incertitudes inhérentes à la définition des différentes régions d'intérêt dans l'image, ce qui est particulièrement utile pour la tâche de segmentation. D'autre part, ils permettent de représenter des informations très hétérogènes, provenant directement des images, ou correspondant à des connaissances a priori. La théorie des sous-ensembles flous et son application à la segmentation d'images médicales sont abordées dans cette section. Nous présentons l'intérêt de la logique floue pour la tâche de segmentation des données médicales et nous expliquons pourquoi la logique floue nous a semblé intéressante pour notre travail, tout en citant quelques applications en segmentation des images cérébrales.

3.3.1 Généralité sur la logique floue

Contrairement à la logique classique, les logiques multivalentes permettent de manipuler d'autres valeurs de vérité que le vrai et le faux absolu. L'incertain a été initialement abordé par la notion de probabilité mais celle-ci ne permet pas de traiter des croyances subjectives et

dans certains cas, il est aussi naturel à l'homme de traiter des données affectées d'incertitude que d'utiliser des critères subjectifs, donc imprécis.

En 1920, Jan Lukasiewicz proposa une logique ternaire ayant trois valeurs de vérité (vrai, faux, doute) représentées par l'ensemble $\{0, 1, 0.5\}$. Cet ensemble a été ensuite étendu à l'intervalle $[0,1]$. Suivant l'idée d'appartenance partielle d'un élément à plusieurs classes, Zadeh [Zadeh 1978] a formellement introduit la logique floue. Cette logique permet de modéliser les connaissances incertaines et imprécises à travers les ensembles flous. Voyons maintenant les concepts de base de la théorie des ensembles flous.

a) Définitions

Soit S un ensemble de référence, les éléments de S qui possèdent une certaine propriété constituent un sous-ensemble A de S . Les éléments de S qui ne possèdent pas cette propriété appartiennent au sous-ensemble complémentaire du précédent. Tout élément de S appartient soit au sous-ensemble ainsi défini, soit à son complémentaire, et à un seul d'entre eux. Par contre, si certains éléments de S ne possèdent pas une propriété de façon absolue, on peut choisir d'indiquer avec quel degré chaque élément la possède. On définit ainsi un sous-ensemble flou A de S . Tout élément de S appartient au sous-ensemble flou, avec un degré qui vaut 1 en cas d'appartenance absolue et qui peut éventuellement être nul.

• **Sous-ensemble classique:** Un sous-ensemble classique A de S est défini par la fonction caractéristique χ_A qui prend la valeur 0 pour les éléments de S n'appartenant pas à A et la valeur 1 dans le cas contraire, telle que :

$$\chi_A = \begin{cases} 1 & \text{si } x \in A \\ 0 & \text{si non} \end{cases} \quad (3.58)$$

• **Sous-ensemble flou:** Un sous-ensemble flou A de S est défini par la fonction d'appartenance qui associe à chaque élément x de S le degré $\mu_A(x)$, compris entre 0 et 1, avec lequel x appartient à A .

$$\mu_A : S \rightarrow [0,1] \quad (3.59)$$

A partir des deux définitions précédentes, nous pouvons remarquer qu'un sous-ensemble flou peut être défini comme une extension d'un sous-ensemble classique, en effet la théorie des sous-ensembles flous permet de s'affranchir du caractère binaire ou booléen de l'appartenance à un ensemble, en introduisant une notion d'appartenance graduelle.

b) Éléments caractéristiques des sous ensembles flous

Un sous-ensemble flou comporte certains éléments caractéristiques, que nous présentons rapidement ci-dessous.

- La *support* d'un sous-ensemble flou A de S , noté $Supp(A)$, est l'ensemble de tous les éléments qui lui appartiennent au moins un petit peu :

$$Supp(A) = \{x \in S / \mu_A(x) > 0\} \quad (3.60)$$

- La *hauteur* d'un sous-ensemble flou A de S , noté $h(A)$ est la valeur maximale atteinte sur tout le support de A .

$$h(A) = \sup_{x \in S} \mu_A(x) \quad (3.61)$$

- A est dit *normalisé* s'il existe au moins un élément de S qui lui appartienne de façon absolue (c.à.d. avec un degré d'appartenance égal à 1). Par conséquent, A est normalisé si sa hauteur est égale à 1.

- La *noyau* d'un sous-ensemble flou A de S , noté $Noy(A)$, est l'ensemble de tous les éléments qui lui appartiennent de façon absolue.

$$Noy(A) = \{x \in S / \mu_A(x) = 1\} \quad (3.62)$$

- La *cardinalité* d'un sous-ensemble flou A de S , notée $|A|$, est le nombre d'éléments appartenant à A pondéré par leur degré d'appartenance. Pour A fini, on a donc :

$$|A| = \sum_{x \in S} \mu_A(x) \quad (3.63)$$

- Le α -*coupe* d'un sous-ensemble flou A de S , notée A_α , est le sous-ensemble classique composé des éléments qui appartiennent à A avec un degré au moins égal à α :

$$A_\alpha = \{x \in S / \mu_A(x) \geq \alpha\} \quad (3.64)$$

Il existe d'autres caractéristiques des sous-ensembles flous telles que les opérations. Les trois opérations les plus importantes sont : l'union, l'intersection et la complémentation.

Soient A et B deux sous-ensembles flous de S , alors les trois opérations sont définies par :

$$U_{A \cap B}(x) = \min(U_A(x), U_B(x)) = U_A(x) \wedge U_B(x) \quad (3.65)$$

$$U_{A \cup B}(x) = \max(U_A(x), U_B(x)) = U_A(x) \vee U_B(x) \quad (3.66)$$

$$U_{\bar{A}}(x) = 1 - U_A(x) \quad (3.67)$$

c) Les relations floues

Les relations floues sont une généralisation des relations classiques. Elles expriment des liaisons imprécises ou graduelles entre les éléments d'un ou plusieurs ensembles. Dans le cas des relations floues, toute valeur d'appartenance dans l'intervalle $[0,1]$ est permise alors que les relations classiques n'autorisent que les valeurs 0 et 1.

Soient deux ensembles de référence $S1$ et $S2$. On peut alors définir une relation floue R entre $S1$ et $S2$ par un sous-ensemble flou de $S1 \times S2$, de fonction d'appartenance $U_R : S1 \times S2 \rightarrow [0, 1]$.

Une relation floue R sur les ensembles de références $S1, S2, \dots, Sn$ est définie comme un ensemble flou du produit cartésien $S1 \times S2 \times \dots \times Sn$ ayant la fonction d'appartenance μ_R .

Prenons l'exemple de la relation floue R : "approximativement égal à". Cette relation peut être définie sur $R \times R$ par la fonction suivante (voir figure 3.16) :

$$U_A(X) = \frac{1}{1 + (x - y)^2} \quad (3.68)$$

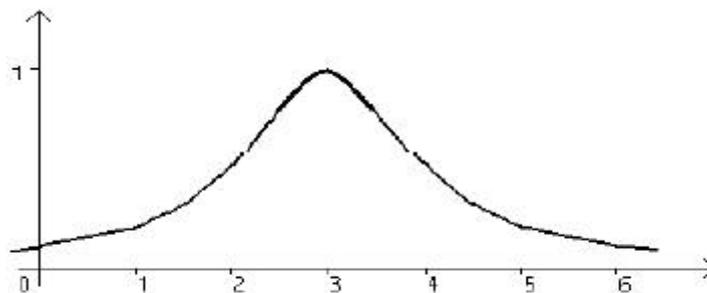


Figure 3. 16 – Graphe de la relation floue « approximativement égal à 3 »

d) T-normes et t-conormes

Les normes et conormes triangulaires, aussi appelées t-normes et t-conormes, sont des fonctions mathématiques généralisant des opérations classiques aux sous-ensembles flous. Elles servent notamment à définir l'union et l'intersection entre deux sous-ensembles flous.

Les t-normes sont utilisées pour définir l'opération d'intersection entre sous-ensembles et Les t-conormes pour définir l'opération d'union. Il existe plusieurs opérateurs T-norme et T-conorme, les plus connus sont les opérateurs de zadeh , les opérateurs probabilistes et les opérateurs de Lukasiewicz. Les expressions de ces trois opérateurs sont données dans le tableau 3.1.

OPERATEUR	EXPRESSION
T-NORME DE ZADEH	$\text{MIN}(X; Y)$
T-CONORME DE ZADEH	$\text{MAX}(X ; Y)$
T-NORME PROBABILISTE	$X \cdot Y$
T-CONORME PROBABILISTE	$X + Y - X \cdot Y$
T-NORME LUKASIEWICZ	$\text{MAX}(X + Y - 1, 0)$
T-CONORME EXPRESSION	$\text{MIN}(X + Y, 1)$

Tableau 3. 1 - Les opérateurs T-norme et T-conorme.

e) Règles floues

Les règles floues sont beaucoup plus faciles à exprimer car elles sont très proches du langage naturel. Une règle floue est une proposition floue de la forme : « Si **P** alors **Q** » utilisant une implication entre deux propositions floues quelconques P et Q.

3.3.2 Système flou

Un système à base de règles floues se compose généralement de trois modules successifs [Chai 2009]: un module de fuzzification , un module d'inférence floue (base de règle et moteur d'inférence), et un module de defuzzification (voir figure 3.17).

A partir des sous-ensembles flous représentant la base de connaissances, le système flou fournit une commande unique et précise en fonction d'une entrée précise donnée. Etant donné un vecteur d'entrée x et un vecteur de sortie y , le système flou applique une loi de commande $y = g(x)$. La structure générale d'un système flou est visible sur la figure 3.17. Où x représente le vecteur des entrées, $xcom$ celui des commandes, $U(x)$ et $U(xcom)$ les fonctions d'appartenance correspondantes.

La première étape du système flou est la définition de l'ensemble de départ parfois appelé l'univers de discours, puis le partitionnement de ce dernier en classes pour chaque entrée, et enfin la définition des fonctions d'appartenance pour chacune de ces entrées.

Les entrées du système flou sont traitées par le module de fuzzification. Le rôle de ce module consiste à attribuer à la valeur réelle de chaque entrée, au temps t , sa fonction d'appartenance à chacune des classes préalablement définies, donc à transformer l'entrée réelle en un sous-ensemble flou.

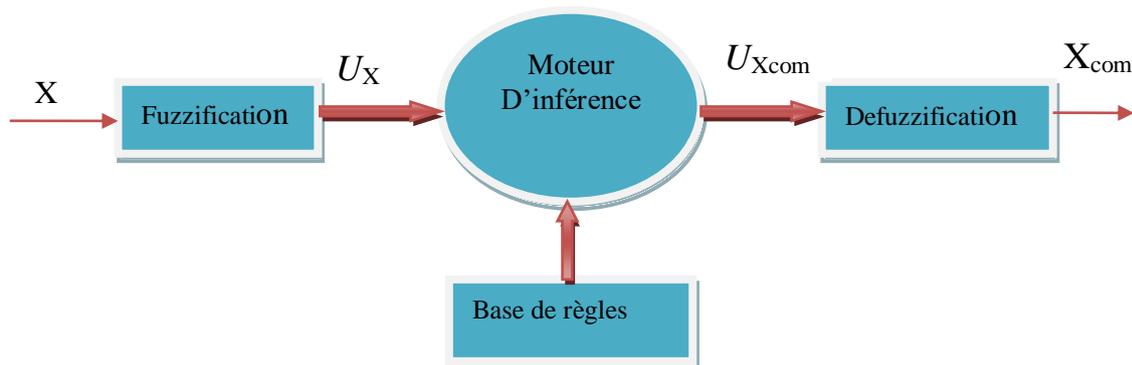


Figure 3. 17 - Schéma général d'un système flou

Le module d'inférence floue consiste en l'application de règles de type « si **condition**, alors **commande**.. ». Ces règles permettent de passer d'un degré d'appartenance d'une grandeur réglant aux degrés d'appartenance d'une commande. Ce module est constitué d'une base de règles et d'un moteur d'inférence qui permet le calcul.

Le module defuzzification est la transformation inverse du premier module. Il permet le passage d'un degré d'appartenance d'une commande à la détermination de la valeur à donner à cette commande.

Il existe deux grandes classes des contrôleurs flous : les contrôleurs de Mamdani et les contrôleurs de Takagi-Sugeno. Les règles pour les deux types de contrôleurs, sont de la forme : « si conditions alors conclusion » mais leur type des conclusions est différent. Les contrôleurs de type Mamdani utilisent des variables linguistiques pour représenter à la fois prémisses et conclusions, alors que ceux de type Takagi-Sugeno fournissent des conclusions de type numérique sous forme de constantes, de polynômes ou de fonctions non-linéaires des entrées.

Les contrôleurs de type Tagaki-Sugeno fusionnent les opérations d'inférence et de defuzzification en un seul opérateur, alors que la décomposition classique en trois étapes fuzzification-inférence-défuzzification est conservée pour les contrôleurs de type Mamdani

a) Fuzzification

Cette première étape consiste à déterminer le degré d'appartenance de chaque variable d'entrée à chaque état. Celui-ci est déterminé à l'aide des fonctions d'appartenance définies dans le système. Pour fuzzifier, il faut donner:

- L'ensemble de départ S , i.e.: Plage de variations possibles de l'entrée considérée.
- Une partition floue de l'ensemble S .
- Les fonctions d'appartenances de chacune de ces classes.

b) Inférence

L'inférence est une opération logique par laquelle on admet une proposition en vertu de sa liaison avec d'autres propositions tenues pour vraies, par exemple : Si (X est A) Alors (Y est B)

- ✓ La variable floue X appartient à la classe floue A avec un degré de d'appartenance $U(x_0)$.
- ✓ La variable floue Y appartient à la classe floue B avec un degré qui dépend du degré d'appartenance $U(x_0)$ de la prémisse.

Les étapes de l'inférence sont les suivantes:

- ✓ Détermination du degré d'appartenance de chacune des conditions des règles.
- ✓ Activation de la règle, détermination de la conséquence (min).
- ✓ Agrégation des règles (max).
- ✓ Choisir une méthode d'inférence

La méthode d'inférence utilisée a peu d'influence sur le résultat final. Trois méthodes d'inférence sont largement utilisées : méthode de Mamdani, méthode de Larsen et la méthode de Takagi-Sugeno.

c) La défuzzification

La défuzzification est le procédé qui consiste à transformer un ensemble flou en une valeur exacte. Soit S un ensemble flou, et dfz l'opérateur de défuzzification. La valeur après une défuzzification $dfz(S)$ est une valeur exacte. Les opérateurs de défuzzification sont multiples, les plus utilisés sont l'opérateur du maximum et du centre de gravité.

c-1) La méthode du maximum

Cette méthode consiste à prendre comme solution l'abscisse du maximum de la fonction d'appartenance des solutions. Si plusieurs points conviennent, on peut prendre comme solution la moyenne des abscisses des maxima « la méthode de la moyenne des maxima », L'avantage principal de cette méthode est sa rapidité. Ses équations de calcul sont les suivantes :

$$Z_U = \frac{\int_G w \cdot dw}{\int_G dw}, \text{ Où } G = \{g \in Z / U_c(g) = \max_{z \in Z} (U_c(z))\} \quad (3.69)$$

$$Z_U = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^n z_i, \text{ Où } z_i \in Z \text{ et } U_i(z_i) = \max_{z_j \in Z} (U_c(z_j)) \quad (3.70)$$

c-2) La méthode du centre de gravité

Cette méthode est la plus souvent utilisée et donne généralement les meilleurs résultats. Elle consiste à prendre comme solution l'abscisse du centre de gravité des solutions. Ses équations de calcul sont les suivantes :

$$Z_U = \frac{\int_Z w \cdot U_c(c) \cdot dw}{\int_Z U_c(c) \cdot dw} \quad \text{ou} \quad (3.71)$$

$$Z_U = \frac{\int_Z w_i \cdot U_c(w_i) \cdot dw}{\int_Z U_c(w_i)} \quad (3.72)$$

Par rapport à la méthode du maximum, elle exige une plus grande puissance de calcul.

3.3.3 Modèles flous

La description des systèmes suffisamment complexes est faite au moyen d'un traitement approprié de l'information, basé sur des règles « Si-Alors », de certaine admission d'incertitude et/ou d'imperfection et d'imitation des mécanismes d'apprentissage (appliquée avec succès par l'être humain) [Hudelot 2008].

Un modèle flou R est un ensemble de règles floues reproduisant approximativement la relation existante entre les données en entrée et les données en sortie d'un système. Ce modèle est dit utile, si les données en entrée x_k et les données en sortie y_k sont représentatives et si $R(x_i) \approx y_i$, tel que $i=1 \dots N$.

Il existe deux types de modélisation floue des systèmes ou modèles flous, où chaque modèle permet de représenter un type particulier d'informations : (1) Le modèle de Mamdani-(MAM) ou le modèle linguistique, basé sur l'expérience et (2) le modèle de Takagi- Sugeno(TS), plus approprié pour une approche basée sur les données.

a) Modèle de Mamdani

Le modèle Mamdani [Mamdani 1975] a été introduit comme un moyen pour capturer les connaissances qualitatives (ou semi-qualitatives) disponibles, en forme de règles « Si-Alors ». Etant données $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\} \times R^p$ l'ensembles d'entrée, $Y = \{y_1, y_2, \dots, y_k\} \times R^q$ l'ensemble de sortie, l'ensemble $Z = \{z_1, z_2, \dots, z_n\} \times R^{p+q}$, où z_i est une concaténation entre un vecteur d'entrée et un vecteur de sortie, et c le nombre de règles. Le modèle Mamdani est alors défini comme suit:

Chaque règle R_i est considérée comme une relation floue, elle est de la forme suivante :

$$R_i : Si \wedge_{l=1..p} U_{il}(x^{(l)}) \text{ alors } V_{im}(y^{(m)}) = U_{i(p+m)}(y^{(m)}), \forall m = 1, \dots, q \quad (3.73)$$

$x = (x^{(1)}, x^{(2)}, \dots, x^{(p)})$: est le vecteur d'entrée du système.

$y = (y^{(1)}, y^{(2)}, \dots, y^{(p)})$: est le vecteur de sortie du système.

$U_{il}, V_{im} : R \rightarrow [0,1]$ $i = 1, \dots, c; l = 1, \dots, p + q; m = 1, \dots, q$.

$U_{il}(x^{(l)})$: est appelé la fonction d'appartenance précédente : $i=1 \dots c ; l=1, \dots, p$.

$U_{i(p+m)}(y^{(m)})$: est appelé la fonction d'appartenance conséquent : $i=1 \dots c ; m=1, \dots, q$.

$\wedge : [0,1]^2 \rightarrow [0,1]$ est une T-norme (conjonction floue).

Chaque $v_{im} = (y^{(m)})$, $i=1, \dots, c$; $m=1, \dots, q$; représente la sortie floue de R_i pour la composante de sortie y^l , elle est calculée par la formule suivante :

$$v_{im}(y^{(m)}) = v_{im}(y^{(m)}) \wedge (\wedge_{l=1..p} u_{il}(x^{(l)})), m = 1, \dots, q. \quad (3.74)$$

Les composantes de sortie totales (de tout le système) sont calculées par :

$$y^{(m)} = d(\vee_{i=1..c} v_{im}(y^{(m)})), m = 1, \dots, q. \quad (3.75)$$

$d : (\{\mu : R \rightarrow [0,1]\}) \rightarrow R$: est une defuzzification.

$\vee : [0,1]^2 \rightarrow [0,1]$ est une T-conorme (Disjonction floue).

Le modèle flou de Mamdani est un modèle très utilisé, car il est intuitif et exprime bien les données en entrée fournies par l'être humain (généralement l'expert).

b) Le modèle de Takagi-sugeno

Le modèle Takagi-sugeno [Takagi 1985] est formé par des règles logiques qui ont un antécédent flou et un conséquent concret présenté sous la forme d'une fonction concrète des variables qui interviennent dans l'antécédent. Les règles de ce modèle sont de la forme :

$$R_i : si \wedge_{l=1..p} U_{il}(x^{(l)}) \text{ alors } y = f_i(x), \quad (3.76)$$

$$f_i : R \rightarrow R, i = 1..c.$$

Les composantes de sortie totales (de tout le système) sont calculées comme suivant:

$$y^{(m)} = \frac{\sum_{i=1}^c \wedge_{l=1}^p (U_{il}(x^{(l)})) f_i^*(x)}{\sum_{i=1}^c \wedge_{l=1}^p U_{il}(x^{(l)})} \quad (3.77)$$

Le modèle Takagi-sugeno bénéficie de plusieurs avantages :

- ✓ Ses applications sont variées, pour les systèmes statiques et dynamiques multi entrée et multi sortie.
- ✓ permet une application relativement facile des techniques d'identification à partir des données, convenables pour les analyses mathématiques.
- ✓ fonctionne mieux avec les techniques adaptatives et celle d'optimisation.

3.3.4 Applications de la logique floue en segmentation d'images cérébrales

La théorie des sous-ensembles flous a été largement utilisée en traitement d'images cérébrales en raison de sa capacité à représenter des connaissances imprécises. D'autre part, les outils disponibles pour mener à bien la tâche de segmentation sont si nombreux que la plupart des méthodes combinent plusieurs approches, et qu'il y a de multiples façons de les classer. Nous donnons dans cette section quelques exemples de techniques où le rôle de la logique floue nous a semblé intéressant. Nous commençons par l'application de la méthode des c-moyennes floues (FCM) pour la segmentation des IRM cérébrales et ses différentes améliorations, et ensuite l'application de la logique floue pour représenter les relations spatiales entre les structures cérébrales et ses applications pour la segmentation des images cérébrales.

a) La méthode des C-moyennes floues (FCM)

Une des premières méthodes visant à représenter des connaissances imparfaites par des sous-ensembles flous qui est appliquée dans le domaine médical est la méthode FCM. Son algorithme prend directement en compte le fait que les images elles-mêmes peuvent être considérées comme des scènes floues, où les objets apparaissent avec des frontières imprécises, en grande partie à cause des limitations de résolution des systèmes d'acquisition (voir chapitre 1).

Le FCM réalise une classification des données en utilisant des sous-ensembles flous pour représenter les classes. Les fonctions d'appartenances de FCM sont construites en calculant le degré d'appartenance de chaque voxel aux différentes classes possibles. Les degrés d'appartenance peuvent être vus comme le degré de similarité entre le niveau de gris du voxel courant et le prototype associé à la classe, aussi appelé centroïde. Cette méthode a l'avantage principal d'être non supervisée, elle ne nécessite pas donc une base d'apprentissage.

L'algorithme de segmentation par FCM est constitué de deux étapes :

1. la division de l'ensemble des voxels en un nombre donné de classes non-disjointes. Durant cette première partie, on cherche à conserver le plus longtemps possible les informations utiles, jusqu'au moment de la prise de décision (défuzzification).
2. la définition des différentes régions contenues dans l'image, qui pourra s'effectuer par seuillage par rapport à un degré d'appartenance donné ou plus simplement en

choisissant d'attribuer chaque voxel à la classe pour laquelle son degré d'appartenance est maximal.

Plus formellement :

Soit une image $I: \Omega \rightarrow Y$, où Ω est le domaine de l'image et Y l'espace des intensités. Supposant la taille de I est égale N voxels, x_i et y_j représentent respectivement les coordonnées spatiales et les valeurs du voxel j .

La méthode FCM effectue une série d'itérations entre l'évaluation de la fonction d'appartenance floue u_{ik} et le calcul des centroïdes des classes c_k . La fonction d'appartenance est calculée en chaque voxel et pour chaque classe. Elle est contrainte de manière à ce que $0 \leq u_{ik} \leq 1$ et $\sum_{k=1}^C u_{ik} = 1$, où C est le nombre de classes, supposé connu. Un degré d'appartenance proche de 1 signifie que la valeur du voxel courant est proche du centroïde de la classe. Ce dernier étant considéré comme représentatif de l'intensité de la classe considérée. L'algorithme FCM minimise la fonction d'énergie (fonction de coût) suivante :

$$J_{FCM} = \sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^C (\mu_{ik})^m (d_{ik})^2 \quad (3.78)$$

Où m est le degré de flou de la segmentation, aussi appelé indice de flou (fuzzy index), généralement cet indice est fixé à 2 et d_{ik} représente une mesure de la distance entre le voxel i et le centroïde de la classe k . Généralement le calcul de la similarité entre l'intensité des voxels et les centroïdes des classes est réalisé par la norme euclidienne.

Le déroulement de l'algorithme suit alors la procédure suivante :

- ✓ Fixation du nombre de classes C .
- ✓ Initialisation des centroïdes (les centroïdes initiaux sont choisis d'une manière aléatoire ou en utilisant une connaissance a priori)
- ✓ Calcul de la fonction d'appartenance floue :

$$\mu_{ik} = \frac{1/(d(x_i, c_k))^{2/(m-1)}}{\sum_{k=1}^C 1/(d(x_i, c_k))^{2/(m-1)}} \quad (3.79)$$

- ✓ Calcul des nouveaux centroïdes :

$$c_k = \frac{\sum_{i=1}^n (\mu_{ik})^m \cdot x_i}{\sum_{i=1}^n (\mu_{ik})^m} \quad (3.80)$$

- ✓ arrêt en cas de convergence, sinon retour à l'étape 2. La convergence est atteinte lorsqu'un minimum local de la fonction d'énergie est détecté.

La méthode FCM a été largement utilisée et améliorée par la suite. Parmi les améliorations du FCM, une version appelée AFCM pour Adaptive FCM propose de prendre en compte les artefacts dus aux inhomogénéités de champ dans la méthode de segmentation [Pham 2001].

L'AFCM utilise une stratégie multi échelle pour réduire le temps de calcul global et modifie aussi la fonction d'énergie de l'algorithme FCM en y ajoutant un gain modélisant la variation du champ dans le volume IRM. Il est testé pour la classification en 3 classes: MB, MG et LCR des volumes IRM cérébraux réels et simulés (les volumes simulés sont obtenus de la base d'images *Brainweb* [Collins 1998]).

Cette approche présente quelques avantages, elle est robuste aux inhomogénéités de champ, contrairement au FCM et aux autres méthodes testées, et donne des résultats encourageants. Cependant, elle présente quelques points faibles, elle n'inclut pas d'information spatiale, et tend, comme le FCM, à rechercher des classes de même forme et de même taille, car elle n'utilise pas la matrice de covariance des tissus, et sa performance se dégrade significativement en présence de bruit.

L'algorithme AFCM a été utilisé comme première étape d'une approche modulaire permettant la segmentation de la surface médiane du cortex [Xue 2011]. L'approche proposée contient trois étapes basées sur les sous-ensembles flous. Tout d'abord, une classification des tissus du cerveau en MB, MG et LCR est réalisée par l'algorithme AFCM. Par la suite, l'isosurface correspondant au degré d'appartenance 0.5 de la matière blanche est extraite et topologiquement corrigée. Enfin, cette surface est déformée pour évoluer vers la surface médiane du cortex via un modèle déformable dont les forces sont définies grâce aux fonctions d'appartenance des sous-ensembles flous obtenus par la classification AFCM.

Cette méthode présente cependant quelques inconvénients, elle n'est pas purement automatique, elle a besoin quelques interactions manuelles, elle est sensible au bruit, et en particulier peut produire de mauvais résultats dans les zones de gyri étroits. Ces limitations ont été traitées en introduisant une nouvelle méthode appelée FANTASM (Fuzzy And Noise Tolerant Adaptive Segmentation Method) [Pham 2004].

La fonction d'appartenance de la méthode FANTASM, inclut un terme de régularisation spatiale et corrige les inhomogénéités du champ [Han 2004]. FANTASM minimise la fonction énergétique suivante:

$$E_{FANTASM} = \sum_{i \in \Omega} \sum_{k=1}^C u_{i,k}^m \|g_i x_i - c_k\|^2 + \beta \sum_{l \in N_i, m \neq k} u_{i,k}^m u_{l,m}^m \quad (3.81)$$

Où $u_{j,k}$ est la fonction d'appartenance floue, c_k les centroïdes, x_i l'intensité, g_i L'inhomogénéité du champ, et m l'indice de flou. Cela conduit aux équations suivantes pour calculer les centroïdes et les fonctions d'appartenance respectivement:

$$c_k = \frac{\sum_j u_{i,k}^m g_i x_i}{\sum_i u_{i,k}^m} \quad (3.82)$$

$$u_{i,k} = \frac{\left(\|g_i x_i - c_k\|^2 + \beta \sum_{l \in N_i, q \neq k} u_{l,q}^m \right)^{1/1-m}}{\sum_k \left(\|g_i x_i - c_k\|^2 + \beta \sum_{l \in N_i, q \neq k} u_{l,q}^m \right)^{1/1-m}} \quad (3.83)$$

Le champ d'inhomogénéité g est généralement modélisé comme une fonction polynomiale tridimensionnelle de faible degré (le degré 3 ou 4 donne généralement une flexibilité suffisante)

$$g_i = \sum_{n=1}^N v_n P_n(i) \quad (3.84)$$

Où P_n est une fonction de base polynomiale de degré $n = \{n_x, n_y, n_z\}$ dans les directions x, y et z . Les coefficients polynomiaux optimaux v_n sont calculés comme la solution de l'équation de moindres carrés suivante :

$$E_{FANTASM} = \sum_{j \in \Omega} \sum_{k=1}^K u_{j,k}^q \left\| y_j - \sum_{n=1}^N v_n P_n(j) c_k \right\|^2 = 0 \quad (3.85)$$

Cette méthode s'est révélée à la fois précise et robuste pour la segmentation des tissus cérébraux sur les IRM [Pham 2004] et donne de bons résultats en particulier dans le cas des images bruitées. Dans [Han 2004] cette méthode est incorporée dans un système global de reconstruction corticale qui a donné d'excellents résultats.

La formulation classique de FCM vise à obtenir une séparation fiable des données par l'utilisation d'un espace plus approprié, cependant elle ne prend pas en compte explicitement la présence de bruit dans l'image.

Une solution à cette problématique est proposée dans l'approche de Yang [Yang 2016], qui propose une nouvelle fonction de la similarité. Cette fonction ajoute un mécanisme d'attraction du voisinage dans la définition de la fonction de similarité classique, ceci est une fonction du niveau de gris et de la distance au voxel courant. Pour régler au mieux les paramètres contrôlant les poids respectifs de ces deux termes, une optimisation par réseau de neurones est utilisée dans le but de minimiser une fonctionnelle caractéristique du réseau. La même problématique est aussi étudiée dans l'approche de Wang [Wang 2015], elle consiste à réaliser une analyse multi-échelle de l'image. Initialement, l'approche commence par application d'un filtre de diffusion plusieurs fois à l'image à traiter, ce qui a pour effet d'obtenir une série d'images avec un niveau de détails de plus en plus réduit. Par la suite, une segmentation par FCM sur l'image la plus grossière est réalisée, et son résultat est utilisé dans la définition de la similarité pour réaliser la segmentation à un niveau de détails plus élevé jusqu'à l'image originale. Le principe de cette approche est donc proche de celui de l'atlas statistique, c-à-dire la segmentation d'une image floue servant d'a priori pour celle d'une image plus détaillée, cependant permet d'éviter les problèmes d'utilisation que peuvent poser un atlas comme le recalage et la construction de l'atlas lui-même.

La nécessité d'une prise en compte du bruit produit par l'imageur IRM a conduit à l'introduction de termes de régularisation dans la fonction d'énergie de l'algorithme FCM. L'idée principale de ce type de méthodes est l'utilisation de l'environnement autour d'un voxel comme a priori pour contraindre sa classification. A titre d'exemple, si un voxel est au milieu d'une zone de matière grise, le processus de segmentation va favoriser sa classification en matière grise de manière à obtenir une continuité des étiquettes des tissus.

L'algorithme MFCM (Modified FCM) [Ahmed 2002] appartient à cette famille d'approches, dans le sens où elle effectue une régularisation par rapport à la similarité entre l'intensité des voxels voisins et le centroïde de la classe courante.

la méthode FCM robuste (en anglais : Robust FCM ou RFCM) [Pham 2011] utilise une régularisation inspirée du formalisme des champs de Markov. La fonction d'énergie pour RFCM est la somme d'un terme d'attache aux données, correspondant à l'algorithme FCM classique, et d'un terme de régularisation tenant compte des voxels voisins afin de corriger les fonctions d'appartenance. Seules les fonctions d'appartenance des voxels voisins sont prises en compte pour contraindre la segmentation. La régularisation dans RFCM permet un lissage des

fonctions d'appartenances. Pour une classe k par exemple, sa fonction d'appartenance ne tient compte que des fonctions des autres classes, en d'autre terme plus la proportion d'autres classes dans l'environnement est importante, plus la classe k doit être pénalisée de manière à favoriser les autres classes.

Plusieurs améliorations de la méthode FCM visant à accélérer son exécution ont été proposées. Les travaux présentés dans [Szilagyí 2003] permettent d'accélérer l'exécution de FCM en particulier pour des données en 3D et 4D en définissant une image intermédiaire. L'avantage de cette image est qu'elle permet de prendre en compte le voisinage du voxel sans avoir à l'explorer à chaque itération de l'algorithme. Le calcul des fonctions d'appartenance est le même que pour l'algorithme FCM classique, la différence se situe au niveau du calcul des centroïdes, ce calcul tient compte alors du nombre de voxels ayant une intensité donnée. Les avantages de cette méthodologie sont donc un traitement accéléré et une robustesse par rapport à l'algorithme FCM classique, l'image d'entrée étant l'image intermédiaire qui prend directement en compte l'attache aux données et le terme de régularisation.

Afin d'accélérer l'exécution d'un algorithme FCM ayant un terme de régularisation, le travail présenté dans [Parker 2014] utilise la moyenne ou la médiane du voisinage plutôt que le calcul d'une image complète. De plus, il ajoute l'utilisation d'un noyau gaussien de manière à ajouter une robustesse au bruit et aux points aberrants. Cet algorithme est appelé KFCM_S (Kernelised FCM with Spatial Constraints).

La plupart des améliorations de FCM reposent sur un paramètre β contrôlant les poids respectifs entre les termes d'attache aux données et de régularisation. Ce paramètre est choisi la plupart du temps par expérimentation et ce choix ne peut pas être fait intuitivement. De plus, ces algorithmes peuvent devenir coûteux en temps de calcul à cause de l'exploration des voisinages. Les travaux présentés dans [Cai 2007] définissent un algorithme FCM généralisé (FGFCM) définissant une image de manière à diminuer les temps de calcul et introduisent une façon d'évaluer localement le poids à attribuer au terme de régularisation en fonction des coordonnées spatiales des voxels et de la similarité des intensités.

Une dernière méthode, appelée Fuzzy Local Information C-Means (FLICM) [Krinidis 2015] constate que le choix des paramètres de régularisation reste malgré tout difficile (en particulier en l'absence d'a priori sur le bruit). Cette méthode introduit un nouveau facteur permettant de définir une régularisation sans paramètre contrôlant le poids entre l'attache aux données et la régularisation. Le poids de la régularisation est déterminé de manière complètement automatique en fonction de la similarité de l'intensité et de la position spatiale des voxels considérés. De plus, l'algorithme FLICM opère directement sur l'image originale et

prend en compte la mise à jour des fonctions d'appartenance à chaque itération, évitant ainsi la perte de détails que peut occasionner le calcul d'une image moyenne.

b) Relations spatiales floues

La notion de modélisation des relations spatiales est un facteur d'amélioration notable des performances en matière de segmentation des images en régions d'intérêt ou de taux de reconnaissance de catégories de forme.

Le fondement théorique de la modélisation des relations spatiales pour la segmentation est initialement bâti par les travaux de Isabelle Bloch. En s'appuyant sur ses travaux théoriques, Hudelot et al. [Hudelot 2008] expose une synthèse originale des possibilités d'utilisation des relations spatiales pour la segmentation d'images anatomiques en particulier la segmentation des structures cérébrales profondes.

Les relations spatiales sont initialement utilisées pour modéliser les interactions entre les différentes structures anatomiques [Udupa 2002]. Elles s'avèrent alors utiles pour segmenter des structures sur lesquelles on a une connaissance anatomique, tout en tenant compte de leur variabilité. L'idée sous jacente est d'utiliser les relations directionnelles sur les positions relatives des objets afin de se repérer par rapport à des structures déjà segmentées. Tout comme les notions de distance, Les relations spatiales peuvent être formalisées dans ce cas grâce à la morphologie mathématique floue [Bloch 2003].

Une autre approche de segmentation des structures internes du cerveau en utilisant les relations spatiales est proposée [Frenoux 2011]. Cette approche permet de reproduire le raisonnement d'un clinicien. Les informations anatomiques sont obtenues en interrogeant un expert, et se traduisent par des propositions telles que « les putamens sont situés dans une direction légèrement postérieure par rapport aux cornes frontales des ventricules » pour les relations directionnelles et « les putamens sont à approximativement 80 mm du plan inter-hémisphérique » pour les distances. La fusion de ces connaissances donne une carte floue correspondant à la fonction d'appartenance de la structure à segmenter. Ensuite cette carte floue constitue une base de connaissance pour guider la segmentation.

Les relations spatiales peuvent être aussi utilisées pour segmenter des structures mais cette fois ci de manière hiérarchisée, en partant de celles qui sont les plus faciles à identifier, puis en traitant progressivement les autres. Le résultat est donc constitué d'un ensemble de structures, et non d'une seule cible. Suivant cette idée, les relations spatiales ont été introduites non seulement dans un processus de localisation hiérarchique des structures, mais également comme contrainte d'évolution d'un modèle déformable, de façon à affiner

localement les résultats de la segmentation [Colliot 2004]. L'application de cette méthode à la segmentation des ventricules et des noyaux gris du cerveau est illustrée sur la figure 3.18.

L'inconvénient majeur de ces approches hiérarchiques est qu'elles interdisent tout retour en arrière en cas de mauvaise segmentation des premières cibles, et peuvent donc introduire des erreurs dans la suite du processus.

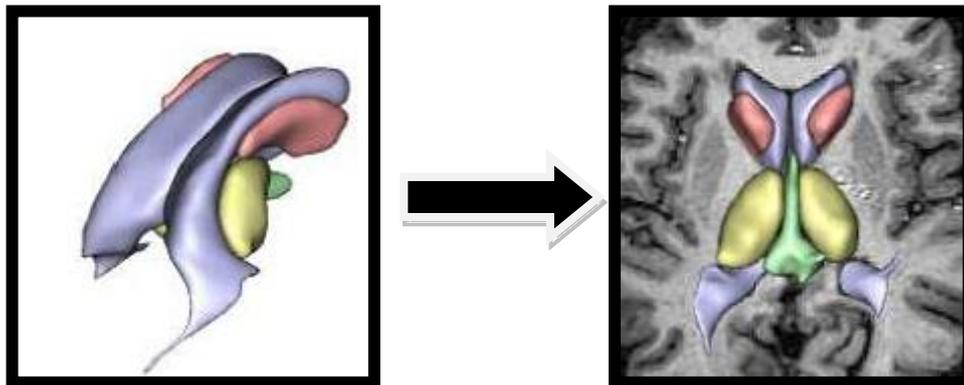


Figure 3.18 - Segmentation des noyaux gris centraux et des ventricules latéraux en utilisant Les relations spatiales [Colliot 2004]. L'image présente un rendu volumique du résultat et sa superposition sur l'IRM originale

Les relations spatiales peuvent être aussi définies directement dans le référentiel des images, c'est à dire que leurs fonctions d'appartenance peuvent être représentées comme des cartes superposables aux images [Fouquier 2012]. Elles sont donc facilement combinées avec les des opérateurs appropriés pour traduire des propositions exprimées en langage naturel et finalement prendre une décision de segmentation. Ce cas là permet de prendre en compte la variabilité des structures à segmenter.

Enfin, la robustesse des méthodes utilisant les relations spatiales pour la segmentation des structures cérébrales, vient du fait qu'elles bénéficient du cadre méthodologique solide fourni par la morphologie mathématique floue, ainsi que de la grande variété des opérateurs de fusion proposés par la théorie des sous-ensembles flous.

3.4 Conclusion

Ce chapitre a donné un aperçu des méthodes de segmentation d'images médicales par modèles déformables et logiques floues. Etant donné la forme parfois complexe des structures anatomiques, il semble intéressant d'utiliser des méthodes flexibles du point de vue de la

topologie, c'est en particulier le cas pour les modèles déformables. Nous retiendrons donc en particulier les méthodes utilisant le principe des ensembles de niveau. Cependant, la formulation originale de ces méthodes reste trop simple pour pouvoir être appliquée sur des images réelles, il faut donc les adapter en tirant parti du maximum d'informations disponibles pour la segmentation. Comme ces informations sont parfois hétérogènes et peu précises, cela nécessite de se placer dans un cadre méthodologique adapté, comme celui de la logique floue qui permet de bien représenter des connaissances imparfaites. La théorie des sous-ensembles flous est particulièrement adaptée pour raisonner à partir de connaissances vagues et imprécises et traiter des données appartenant à des catégories mal définies. Elle est donc largement employée dans le domaine de la segmentation d'images médicales et en particulier les IRM cérébrales. La logique floue est utilisée de plusieurs manières pour les problèmes de segmentation, elle peut être utilisée dans un but de classification, en exploitant les fonctions d'appartenance à des grandes classes de tissus correspondant à des objets mal définis de l'image, ou de tirer parti des différents éléments théoriques pour modéliser des relations spatiales entre différentes structures anatomiques pour prendre des décisions de segmentation. Enfin une conclusion importante est l'importance d'avoir une approche modulaire de segmentation qui combine la théorie de la logique floue avec les modèles déformables, cette combinaison permet d'augmenter la robustesse de la segmentation des structures cérébrales. Ces deux modèles permettent aussi l'intégration efficace des connaissances a priori, cela constitue un point fort qui doit être pris en compte. Nous verrons dans le chapitre suivant comment nous pouvons utiliser conjointement ces deux modèles avec l'exploitation des connaissances a priori.

CHAPITRE

IV

***Approche proposée pour la
segmentation des
structures cérébrales***

4.1 Introduction

Nous décrivons dans ce chapitre notre approche de segmentation des structures cérébrales FGFMM (Fuzzy Generalized Fast Marching Method) [Baghdadi 2017], en commençant par l'étape préliminaire de construction des différentes cartes d'informations puis en détaillant la segmentation par modèle déformable géométrique GFMM qui représente la base de notre approche, nous présenterons aussi des méthodes dérivées du système proposé, afin de traiter des problèmes de segmentation particuliers.

Chaque structure du cerveau humain a des caractéristiques particulières, afin de traiter efficacement cette variété, plusieurs variantes de FGFMM sont proposées. Ces variantes apportent des informations supplémentaires et plus de connaissances a priori dans le processus de segmentation.

4.2 La méthode proposée pour la segmentation des structures cérébrales FGFMM (Fussy Generalised Fast Marching Method)

L'approche proposée [Baghdadi 2017] est une méthode de segmentation utilisant un modèle déformable géométrique. Elle concerne la segmentation d'une cible unique, éventuellement constituée d'éléments distincts, et se décompose en deux grandes parties. Initialement, une étape préliminaire permet de construire les différentes cartes d'informations. Ensuite, un modèle déformable mis en œuvre avec la méthode de la marche rapide généralisée GFMM évolue vers la structure à segmenter, sous l'action d'une force normale définie à partir de ces cartes d'information. Les différentes étapes de notre approche sont représentées sur la figure 4.1.

Les cartes d'informations utilisées sont construites à partir de l'information floue, qui constitue le choix privilégié et approprié dans le cas de l'IRM cérébrale. En effet on peut ajouter d'autres cartes par exemple une carte de contour et une carte pour la localisation des différents tissus et structures issue d'un atlas anatomique par exemple ou une carte de forme issue d'un modèle de forme ou d'un expert ou encore n'importe quelle information a priori utile pour le processus de segmentation.

L'algorithme FCM est utilisée dans l'étape préliminaire, La vitesse de propagation est définie à partir de la carte floue (*Fuzzy Map*) utilisée comme information a priori pour guider le processus de segmentation.

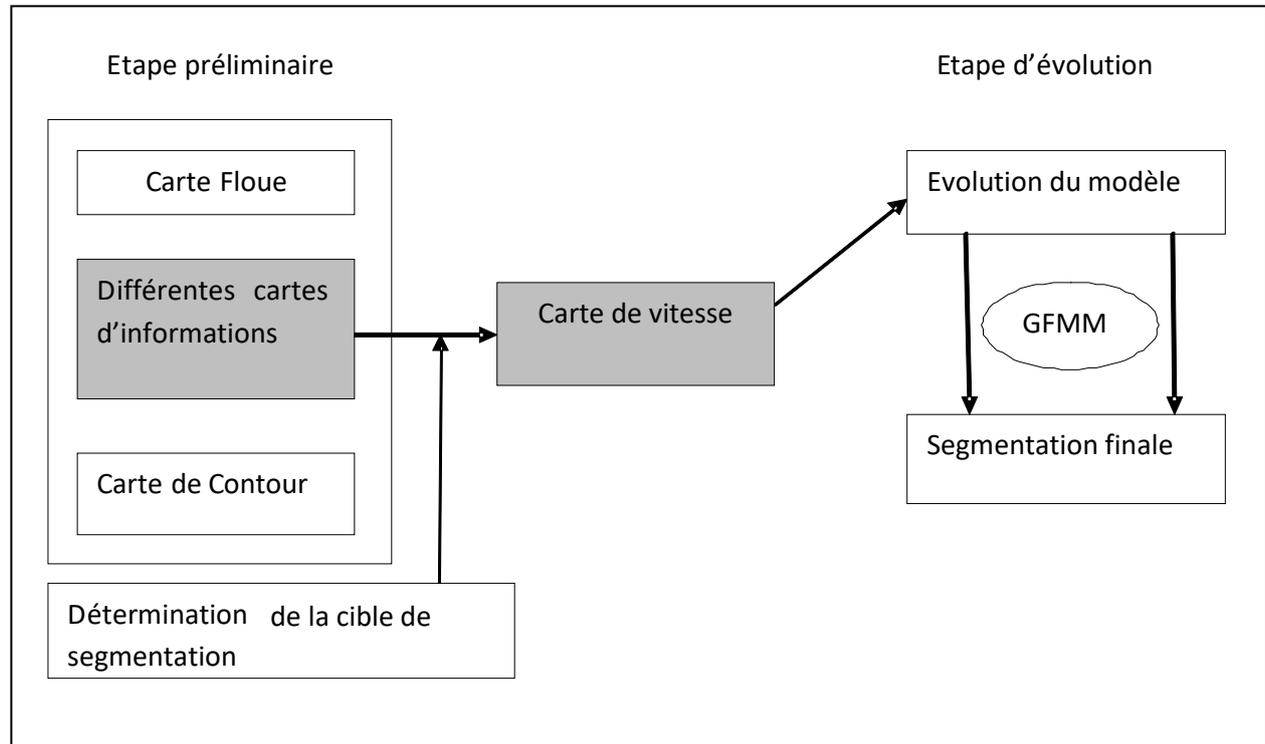


Figure 4. 1 – Schémas général de l'approche proposée

4.2.1 Le choix du modèle déformable utilisé

Pour le choix du modèle déformable, nous avons utilisé la méthode des ensembles de niveau (*level set*), en effet, un autre choix était possible, les contours actifs géodésiques.

La question qui se pose : pourquoi ne pas utiliser la formulation des contours actifs géodésiques, qui permet de replacer la déformation des contours dans un cadre variationnel ? En effet, ce choix est fait dans de nombreux travaux, et peut sembler le plus judicieux sur le plan théorique. Cependant, les points suivants doivent également être pris en compte :

- L'approche variationnelle consiste à trouver le minimum global d'une fonctionnelle énergétique. Par conséquent, l'ajout des contraintes locales, adaptées à des structures anatomiques fines ou complexes est difficile à modéliser.
- L'influence des termes de l'équation d'évolution des contours actifs géodésiques n'est pas toujours facile à quantifier dans un cadre expérimental. Le réglage des paramètres de pondération permettant d'obtenir un comportement donné pour le contour n'est donc pas toujours intuitif et peut se révéler très long. De plus, il existe toujours un

risque de s'éloigner du cadre variationnel en introduisant une force de déformation additionnelle afin d'obtenir le comportement souhaité.

Pour toutes ces raisons nous avons préféré d'utiliser la méthode des ensembles de niveau (*level set*), et plus particulièrement GFMM. Cette méthode bénéficie de plusieurs avantages, une rapidité d'exécution et une performance.

4.2.2 Amélioration de GFMM classique

GFMM est une méthode puissante de segmentation, mais sa performance est diminuée lors du traitement de formes de forte courbure, ce qui peut s'expliquer par le fait que GFMM comme FMM ne connaît pas la courbure du front. A chaque point de la grille x (pixel en 2D, voxel en 3D), la méthode n'utilise que quatre points (6 points pour le cas 3D) pour exploiter uniquement les informations des quatre voisins directs de x , ignorant ainsi l'information fournie par des points diagonaux.

En conséquence, GFMM souffre de quelques erreurs numériques le long des directions diagonales. Comme le montre la figure 4.2 (pour simplifier nous considérons le cas 2D). Les voxels appartenant à la bande étroite sont représentés par les cercles jaunes, et les deux voxels utiles sont représentés par les cercles bleus. La source d'erreur provient du fait que nous n'utilisons que les informations fournies par les voisins perpendiculaires et ignorons complètement les informations diagonales, ce qui diminue considérablement la précision de la méthode en particulier en présence d'une forte courbure.

Pour résoudre ce problème, nous utilisons un schéma de différences finies d'ordre supérieur (second ordre) pour approximer la courbure. Rappelons que l'équation à résoudre dans le cas 3D du GFMM est la suivante:

$$\max(D_1^{-x}, -D_1^{+x}, 0)^2 + \max(D_1^{-y}, -D_1^{+y}, 0)^2 + \max(D_1^{-z}, -D_1^{+z}, 0)^2 = \frac{(\Delta x)^2}{|\hat{c}_r|^2} \quad (4.1)$$

où, D_1^{-x} et D_1^{+x} sont des opérateurs de différence finie de premier ordre définis par:

$$\begin{aligned} D_1^{-x} &= \tilde{u}[x, y, z] - \tilde{u}[x-1, y, z] \\ D_1^{+x} &= \tilde{u}[x+1, y, z] - \tilde{u}[x, y, z] \end{aligned} \quad (4.2)$$

La dérivée partielle carrée \tilde{u} par rapport à x est approximée comme:

$$\left(\frac{\partial \tilde{u}}{\partial x} \right)^2 \cong \max(D_1^{-x}, -D_1^{+x}, 0)^2 \quad (4.3)$$

Les dérivées partielles par rapport à y et z sont calculées de façon similaire, et la longueur de gradient au carré approximée de \tilde{u} devient:

$$|\nabla\tilde{u}|^2 = \left(\frac{\partial\tilde{u}}{\partial x}\right)^2 + \left(\frac{\partial\tilde{u}}{\partial y}\right)^2 + \left(\frac{\partial\tilde{u}}{\partial z}\right)^2 \quad (4.4)$$

Pour intégrer l'information de courbure, nous remplaçons les approximations de premier ordre (D_1^{-x} et D_1^{+x}) de la dérivée partielle par les approximations de second ordre suivantes:

$$D_2^{-x} = \frac{1}{2}(3\tilde{u}[x, y, z] - 4\tilde{u}[x-1, y, z] + \tilde{u}[x-2, y, z]) \quad (4.5)$$

$$D_2^{+x} = \frac{1}{2}(3\tilde{u}[x, y, z] - 4\tilde{u}[x+1, y, z] + \tilde{u}[x+2, y, z])$$

Lorsque ces approximations du second ordre sont utilisées, le schéma fonctionne toujours exactement de la même manière, sauf que nous obtenons des coefficients polynomiaux différents. L'équation à résoudre devient ainsi:

$$\max(D_2^{-x}, -D_2^{+x}, 0)^2 + \max(D_2^{-y}, -D_2^{+y}, 0)^2 + \max(D_2^{-z}, -D_2^{+z}, 0)^2 = \frac{(\Delta x)^2}{|\hat{c}_1|^2} \quad (4.6)$$

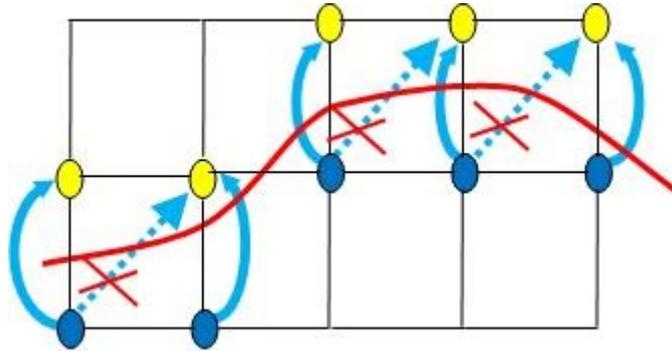


Figure 4. 2 - Illustration du problème avec GFMM classique. Les cercles jaunes représentent les points de la bande étroite, tandis que les cercles bleus représentent les points utiles. Le front est représenté par la courbe rouge. Chaque voxel appartenant à la bande étroite utilise uniquement les informations fournies par son voxel utile voisin dans les directions horizontale et verticale et ignore les informations provenant du voxel utile dans la direction diagonale

Pour utiliser le nouveau schéma, certaines conditions doivent être vérifiées, ces conditions concernent en particulier les voxels à 2 unités de distance. Ces voxels doivent avoir une valeur de θ différente de celle du voxel de la bande étroite, et avoir des valeurs de distance plus petites que celles à une distance de 1 unité de voxel. Si ces deux conditions ne sont pas

vérifiées, les approximations du premier ordre de la dérivée sont utilisées à la place. Observons maintenant l'exemple de la figure 4.3, supposons que l'on veut calculer le temps $u(I)$ des voxels de la bande étroite. Nous avons deux voxels utiles K et J et deux autres voxels qui sont à 2 unités de distance L et M . Nous supposons aussi que la seconde condition est vérifiée, ce qui signifie que $u(L) < u(J)$ et $u(M) < u(K)$. Pour le calcul de $u(I)$ nous utilisons les voxels K, J, L , et nous ignorons M parce qu'il ne respecte pas la première condition (I et M ont la même valeur $\theta_M = \theta_I = +1$).

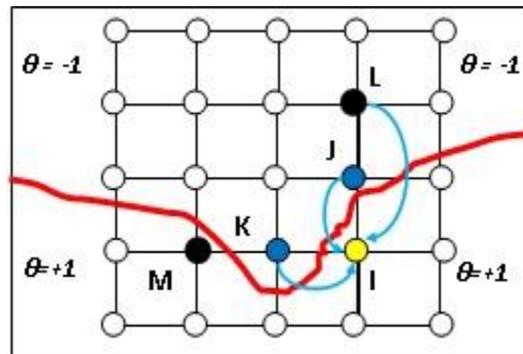


Figure 4. 3 - Illustration des voxels utilisés pour le calcul du temps d'arrivée $u(I)$ pour le voxel de la bande étroite I dans GFMM améliorée. Le cercle jaune représente le point I de la bande étroite, et les cercles bleus représentent les points utiles pour le voxel I , tandis que les cercles noirs représentent les voxels à 2 unités de distance de I . Le front est représenté par la courbe rouge

4.2.3 La construction de la carte floue (*fuzzy Map*)

Nous construisons notre carte floue en utilisant le résultat de l'algorithme *FCM* qui nous donne le degré d'appartenance de chaque pixel ou voxel aux différentes classes, soit $U_k(i)$ le degré d'appartenance du pixel i à la classe k .

4.2.4 La construction de la carte de vitesse (*Velocity Map*)

A partir de la carte floue, nous construisons notre carte de vitesse par la formule suivante :

$$velocity = sign * fuzzy, \quad (4.7)$$

Où *velocity* est la vitesse de propagation de la courbe ou la surface dans le cas 3D, *fuzzy* est un terme de vitesse floue. Enfin *sign* est le signe de propagation qui favorise une contraction ou une expansion locale du contour. Nous donnons dans la section suivante les détails du calcul de chaque terme de cette formule.

4.2.5 Représentation de l'intérieur de la cible de segmentation

Seule une partie des n classes obtenues correspond à l'intérieur de la structure à segmenter. On note alors *Target* ou tout simplement T , l'ensemble des classes correspondant à la cible de segmentation. L'ensemble complémentaire, qui correspond au fond, ou à l'extérieur de la structure, est noté *Background* ou par le symbole B .

Ces deux ensembles peuvent être déterminés de manière interactive ou automatique, selon le choix de l'utilisateur :

- Caractérisation interactive : l'utilisateur indique le nombre de classes de T et précise la cible de segmentation.
- Caractérisation automatique : les classes majoritairement représentées à l'intérieur du volume initial de la segmentation sont affectées à T . Ce procédé est décrit en détails dans le paragraphe suivant.

Pour la description du procédé de détermination automatique de la cible de segmentation nous avons besoin de définir une métrique notée D_k définie pour chaque classe ω_k :

$$D_k = \frac{|\omega_k|}{N} = \frac{\sum_{i \in I} U_k(i)}{N} \quad (4.8)$$

Où I est l'image et N le nombre total de voxels de l'image et $U_k(i)$ est le degré d'appartenance du voxel i à la classe ω_k .

On note aussi $U_T(i)$ le degré d'appartenance du voxel i à la cible de segmentation et $U_B(i)$ son complémentaire i.e. le degré d'appartenance du voxel i à l'extérieur de la cible de segmentation.

En utilisant le résultat de l'algorithme *FCM*, on peut donc définir T de la manière suivante :

$$\omega_k \in T \Leftrightarrow D_k^L > D_k \quad (4.9)$$

Avec :

$$D_k^L = \frac{\sum_{i \in L} U_k(i)}{N^L} \quad (4.10)$$

où L est le volume initial et N^L est le nombre de voxels à l'intérieur du volume initial. En d'autres termes, la classe ω_k du mélange correspond à la structure à segmenter T si la proportion floue de voxels à l'intérieur du volume initial est supérieure à la proportion des mêmes voxels dans le volume total. Cette caractérisation automatique de T est utile pour la suite de la segmentation, en particulier lorsque plusieurs classes sont concernées (segmentation de l'union de la matière grise et de la matière blanche sur une *IRM* cérébrale par exemple).

Après la détermination des deux ensembles T et B , nous calculons le degré d'appartenance de chaque voxel à la structure à segmenter U_T et à son complémentaire U_B de la manière suivante :

$$\begin{cases} U_T(x) = \sum_{k/\omega_k \in T} U_k(x) \\ U_B(x) = \sum_{k/\omega_k \in B} U_k(x) \end{cases} \quad (4.11)$$

4.2.6 Force d'évolution des ensembles de niveau

Une fois la carte floue constituée des degrés d'appartenances de chaque voxel aux différentes classes est construite, un modèle déformable, modélisé par un ensemble de niveau *Fast Marching Généralisée* (GFMM) [Forcadel 2008], évolue depuis le volume initial en direction de la cible de segmentation, sous l'action d'une force normale à sa surface.

Comme il a été déjà mentionné, l'équation de propagation que nous utilisons utilise l'information de région de la carte floue est décrite par la formule (4.7) où :

$$F_{uzzy} = g_1(U_{bridge}) \quad (4.12)$$

Et nous désignons le terme *velocity* tout simplement par F la formule (4.7) devient donc :

$$F = S \cdot g_1(U_{bridge}) \quad (4.13)$$

Où :

- S est le signe de propagation, dont le but est le guidage du contour vers la frontière de la structure à segmenter (cible de segmentation).
- g_1 est une fonction décroissante.

- U_{bridge} est le degré d'appartenance au pont de transition entre l'intérieur et l'extérieur de la cible de segmentation. Le rôle donc du terme U_{bridge} est d'arrêter l'évolution du contour à l'endroit souhaité.

S et U_{bridge} sont obtenus à partir de la carte floue. Les détails du calcul des différents termes de l'équation sont présentés dans les sections suivantes.

4.2.7 Fonction d'arrêt $g_I(U_{bridge})$

Ce terme est un terme de région, qui utilise l'information floue issue de la carte floue, en prenant ses valeurs dans l'intervalle $[0,1]$. En effet, Si sa valeur est proche de 1, la vitesse de propagation du contour est grande, et à l'inverse, si sa valeur est proche de 0, la vitesse de propagation du contour est faible (arrêt d'évolution).

Le rôle de la fonction d'arrêt $g_I(U_{bridge})$ est de stabiliser l'évolution du contour sur la frontière de la cible de segmentation. Pour calculer ce terme nous avons pour chaque voxel x son degré d'appartenance aux différentes classes noté $U_k(x)$, ce degré est obtenu en utilisant l'information de la carte floue. Ensuite nous imaginons les zones de vrai frontières de l'objet d'intérêt i.e les zones où le contour doit s'arrêter comme un pont de transition entre l'intérieur et l'extérieur de la cible de segmentation. Nous avons besoin donc de calculer pour chaque voxel son degré d'appartenance à ce pont qui est noté U_{bridge} .

Soit x un voxel du contour courant, et k la classe estimée de x , nous détectons cette classe en faisant l'analogie suivante :

$$k \text{ est la classe estimée de } x \text{ si : } U_k(i) > U_q(i).$$

(4.14)

Le degré d'appartenance du voxel i au zone de transition est calculé de la manière suivante :

Soit x' un voxel voisin de x , localisé à l'extérieur du volume défini par la frontière courante. Si on prend le cas où il est probable que x soit à l'intérieur de la cible (c'est-à-dire si $U_T(i) > U_B(i)$), alors son degré d'appartenance au pont est le degré d'appartenance de x' à l'extérieur de la cible, et réciproquement.

$$\begin{cases} U_{bridge}(x) = U_B(x') & \text{si } U_T(x) > U_B(x) \\ U_{bridge}(x) = U_T(x') & \text{si } U_T(x) < U_B(x) \end{cases} \quad (4.15)$$

Le critère d'arrêt g_1 est une fonction décroissante de $U_{bridge}(x)$, et il est défini par l'équation suivante :

$$\forall x \in [0,1], g_1(x) = \begin{cases} 1 - kx^n & \text{si } x < 0.5 \\ k(1-x)^n & \text{sinon} \end{cases} \quad (4.16)$$

Où k et n sont des entiers positifs, le graphe associé à cette fonction est donné sur la figure 4.4

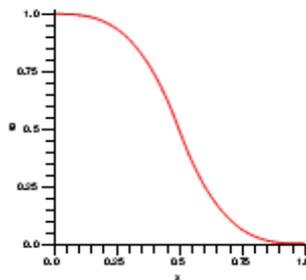


Figure 4.4 - Graphe de la fonction décroissante g_1

4.2.8 Le signe de propagation S

Ce signe favorise une contraction ou une expansion locale du contour en fonction de l'information obtenue à partir de la carte floue. En effet, pour tout point du contour, si ce point est situé à l'intérieur de la cible de segmentation, alors le contour doit localement s'étendre. A l'inverse, si le point est à l'extérieur de la cible, le contour doit localement se contracter. Pour le calcul de S nous utilisons le degré d'appartenance à l'objet d'intérêt U_T et à son complémentaire U_B de la manière suivante :

$$S = \text{sign}(U_T(x) - U_B(x)) \quad (4.17)$$

Ou plus formellement :

$$S = \begin{cases} +1 & \text{si } U_T(x) > U_B(x) \\ -1 & \text{si } U_T(x) < U_B(x) \end{cases} \quad (4.18)$$

4.3 FGFMM avec carte de contour

Nous présentons dans cette section une extension de FGFMM qui est une méthode de segmentation en contours/régions. L'extension réside dans l'ajout de l'information de contour pour gérer l'évolution des contours associés. Les cartes d'informations sont construites à partir de l'information floue et de contour. Ensuite, un modèle déformable, mis en œuvre avec la méthode des ensembles de niveau (Fast Marching Généralisée), évolue en direction de la structure à segmenter, sous l'action d'une force définie à partir de ces deux cartes d'informations.

4.3.1 Ajout d'un terme de gradient dans la fonction d'arrêt

La méthode FGFMM donne de bons résultats de segmentation quand on traite des structures contrastées. Cependant, elle est sensible au phénomène de volume partiel. Considérons par exemple le cerveau tout entier sur une IRM pondérée en T1 et la frontière externe du cortex en particulier. On observe souvent un éclaircissement des voxels correspondant au LCR situé dans les sillons par rapport au LCR extérieur. Cela est évidemment dû à la résolution de l'image et à la finesse des sillons, où les niveaux de gris représentent un mélange de LCR et de matière grise. Dans ce cas, ces voxels risquent de ne pas être réellement classés comme du LCR, et d'être inclus dans une segmentation du cerveau, ce qui donne un résultat un peu trop lisse, où les sillons sont peu creusés. Un autre exemple est l'extrémité des ventricules latéraux, qui apparaît plus claire que l'intérieur des ventricules. Cependant, les ventricules, tout comme les sillons du cortex, sont relativement bien contrastés par rapport aux structures environnantes, ce qui se traduit par un fort gradient local d'intensité le long de leurs frontières. Cette information complémentaire semble donc être intéressante à exploiter pour résoudre les difficultés liées au phénomène du volume partiel.

4.3.2 Les différentes étapes de la méthode

L'équation de propagation que nous utilisons dans cette méthode combine l'information de région de la carte floue et l'information de contour. A partir de ces deux cartes nous construisons notre carte de vitesse par la formule suivante :

$$velocity = sign * (\omega_f \cdot fuzzy + \omega_e \cdot edge), \quad (4.19)$$

Où *velocity* est la vitesse de propagation de la courbe ou la surface dans le cas 3D, *fuzzy* et *edge* sont deux termes de vitesse floue et de contour respectivement pondérés par les deux facteurs w_f et w_c qui donne la priorité d'un terme par rapport à l'autre, et *sign* est le signe de propagation qui prend deux valeurs 1 et -1, la formule globale de l'évolution est la suivante :

$$F = S \cdot (w_f \cdot g_1(U_{bridge}) + w_c \cdot g_2(|\nabla I|)) \quad (4.20)$$

Où :

- ◆ S est le signe de propagation, dont le but est le guidage du contour vers la frontière de la structure à segmenter (cible de segmentation).
- ◆ w_f et w_c sont des poids sur les deux termes flou et gradient qui introduisent l'importance de l'un des deux termes par rapport à l'autre (l'importance qu'on donne à chacun des deux termes).
- ◆ g_1 et g_2 sont deux fonctions décroissantes.
- ◆ $|\nabla I|$ la norme du gradient de l'image.
- ◆ U_{bridge} est le degré d'appartenance au pont de transition entre l'intérieur et l'extérieur de la cible de segmentation. Le rôle donc du terme U_{bridge} est d'arrêter l'évolution du contour à l'endroit souhaité.

En ce qui concerne la construction de la carte floue et le calcul du U_{bridge} et S reste le même qu'avec la méthode FGFMM. Nous détaillerons plus particulièrement sur la construction de la carte de contour et dont la façon que nous injectons cette information dans la fonction d'évolution. En effet, une approche naïve consiste à fixer les valeurs des poids de pondération w_f et w_c au début de la méthode suivant l'importance qu'on veut attribuer à l'un des deux termes par rapport à l'autre. Néanmoins une approche plus poussée consiste à utiliser une heuristique pour injecter ce terme de contour afin de pallier des problèmes de segmentation réels comme la segmentation des ventricules latéraux ou du cerveau tout entier.

4.3.3 Fonction d'arrêt g_2 ($|\nabla I|$)

Ce terme est un terme de contour qui utilise l'information de gradient issue de la carte de contour (*Edge Map*), en prenant ses valeurs dans l'intervalle $[0,1]$. Le terme de contour est calculé de la manière suivante :

$$g_2 = e^{-\alpha|\nabla(G_\sigma * I)|} \quad (4.21)$$

Où I est l'image et G est un noyau gaussien de variance σ^2 , et α est une constante prise entre 0 et 1.

En effet, il est tout à fait possible d'utiliser un autre terme de contour, citons par exemple le terme suivant :

$$g_2 = \frac{1}{1 + \alpha \cdot |\nabla(G_\sigma * I)|} \quad (4.22)$$

L'utilisation du terme de contour permet d'apporter une information locale très utile pour le processus de segmentation.

4.3.4 Utilisation d'une heuristique

En effet si on utilise la règle d'évolution (4. 20) avec une fixation a priori des valeurs des paramètres de pondération w_f et w_c , cela donne de bons résultats dans la plupart des cas, Néanmoins, pour améliorer ces résultats, nous utilisons une heuristique dans la fonction d'évolution. En effet cette heuristique conduit à une amélioration de la précision des résultats, dans le sens où la propagation du contour n'est pas arrêtée par les voxels correspondant au volume partiel, mais se poursuit pour se rapprocher de la frontière réelle de la cible de segmentation.

Cette heuristique est la suivante :

Au début de la propagation nous utilisons seulement l'information floue puis nous injectons l'information de gradient si quelques conditions sont vérifiées. Ce processus est effectué en utilisant les deux règles suivantes :

- 1- si le degré d'appartenance au pont de transition U_{bridge} n'est pas très grand alors la vitesse de propagation du contour est grande c'est-à-dire le contour doit se propager rapidement sans tenir compte de l'information de gradient.

- 2- si le degré d'appartenance au pont de transition U_{bridge} est très grand et le gradient d'intensité $|\nabla I|$ est assez grand, alors la vitesse de propagation est respectivement d'autant plus petite que le gradient d'intensité est grand (le contour se propage plus lentement).

Nous pouvons interpréter ces règles de la manière suivante : le contour est amené à se propager jusqu'au moment où il arrive sur une zone de frontière selon l'information floue. Si l'information de gradient vient confirmer qu'il s'agit d'une frontière, la propagation s'arrête. Sinon, elle se poursuit jusqu'à ce que le gradient local d'intensité soit suffisamment grand pour stopper l'évolution.

Pour cela nous fixons deux seuils s_1 et s_2 : s_1 est le seuil de U_{bridge} qui nous autorise à injecter l'information de gradient. s_2 est un seuil sur le gradient d'intensité à partir duquel la propagation du contour doit s'arrêter.

La règle d'évolution devient donc :

- ◆ Si $U_{bridge} < s_1$ alors :

$$\begin{cases} wf = 1 \\ wc = 0 \end{cases}$$

La fonction d'évolution devient : $F = S \cdot g_1(U_{bridge})$

- ◆ Sinon :

- si $|\nabla I| < s_2$ alors :

$$\begin{cases} wf = U_{bridge} - s_1 \\ wc = 1 - (U_{bridge} - s_1) \end{cases}$$

La fonction d'évolution devient :

$$F = S \cdot ((U_{bridge} - s_1) \cdot g_1(U_{bridge}) + (1 - (U_{bridge} - s_1)) \cdot g_2(|\nabla I(x)|))$$

- sinon :

$$F = 0;$$

4.4 FGFMM multi-objects

Bien que les méthodes précédentes donnent des résultats satisfaisants pour la segmentation des structures de formes complexes, elles ne sont pas adaptées pour distinguer des structures proches et d'intensité similaire sur les images.

Dans cette partie nous présentons une nouvelle dimension de notre méthode de segmentation, en utilisant conjointement plusieurs ensembles de niveau. Les contours associés évoluent donc en concurrence pour segmenter des structures de taille variable, ou contours parfois difficiles à percevoir. Notre modèle évolue selon l'équation d'évolution propre à chaque contour tout en respectant deux contraintes essentielles:

- ✓ Plusieurs contours évoluant en concurrence ne doivent pas se rencontrer même si chacun d'entre eux peut se séparer en plusieurs composantes.
- ✓ L'équation d'évolution est valable si la première condition est respectée.

En effet l'introduction de la première contrainte ne concerne pas uniquement la fonction d'évolution mais aussi le noyau de notre système de segmentation c'est-à-dire GFMM elle-même, donc il faut l'adapter dans un environnement de concurrence.

De ce fait la fonction discontinue O aura plusieurs valeurs $O = \{1, 2, \dots, k\} \cup \{-1\}$, où k est le nombre des ensembles de niveau (GFMM). À l'intérieur de chaque ensemble la valeur de O prend la valeur de l'étiquette de l'ensemble de niveau concerné, et -1 à la surface correspond à l'extérieur de tous les ensembles de niveaux.

La figure 4.5 montre un cas où les ensembles de niveaux évoluent en concurrence, chaque ensemble évolue suivant sa propre fonction d'évolution.

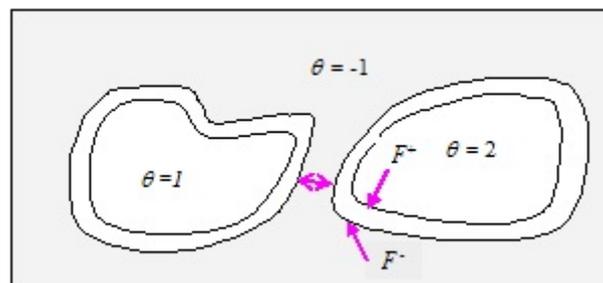


Figure 4. 5 - Deux modèles évoluent en concurrence

Durant l'évolution des ensembles de niveau, on peut avoir un deuxième cas (voir figure 4.6), où deux ensembles se rencontrent dans un point (P_0). En effet, P_0 possède deux fonctions d'évolution différentes, une (F_1) correspond au premier contour et l'autre (F_2) au deuxième contour. Pour régler ce problème il faut ajouter une règle permettant d'arrêter l'évolution du contour dont la vitesse est minimale, et aussi permettant d'imposer une distance minimale d'un seul voxel entre les contours en concurrence, cela est très important, en particulier lorsque les cibles de segmentation sont très proches.

Afin d'ajouter cette règle nous devons faire quelques modifications dans l'algorithme en particulier dans le calcul de la fonction de vitesse normalisée.

Supposons que nous avons m modèles s'évaluent en compétition. Nous aurons donc m fronts (m bandes étroites, et m points Utiles). Afin de simplifier les notations et ainsi éviter les confusions, nous mettons le numéro du modèle entre crochet. La bande étroite dans ce cas est définie par:

$$NB^n[m] = \{I \in Z^N, \exists J \in V(I), \theta_I^n \cdot \theta_J^n < 0 \text{ and } \theta_I^n \cdot \hat{c}_I^n[m] < 0\} \quad (4.23)$$

$$\begin{cases} NB_+^n[m] = NB^n[m] \cap \{I, \theta_I^n = +m\} \\ NB_-^n[m] = NB^n[m] \cap \{I, \theta_I^n = -1\} \end{cases} \quad (4.24)$$

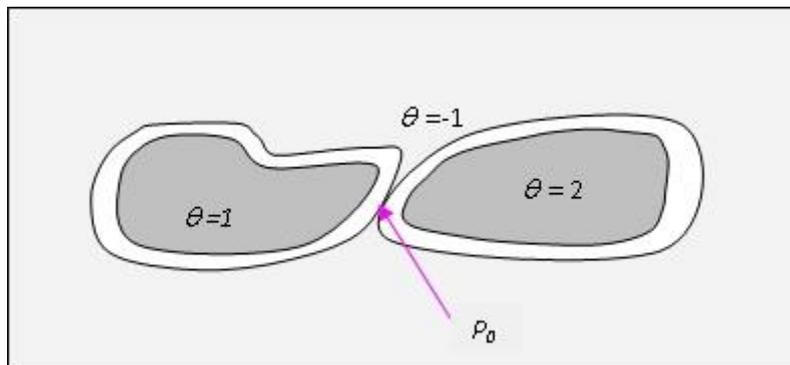


Figure 4. 6 – Un cas où deux modèles se rencontrent en un point P_0

$c_I^n[m]$ est la valeur de la vitesse au point I à l'instant t_n pour le front m , et la vitesse normalisée $\hat{c}_I^n[m]$ est défini par:

$$\hat{c}_I^n(m) \equiv \begin{cases} 0 & \text{si } \exists J \in V(I), (c_I^n[m] \cdot c_J^n[m] < 0 \text{ et } |c_I^n[m]| \leq |c_J^n[m]|), \\ 0 & \text{si } \exists s, I \in F^-(s) \text{ et } (c_I^n[m] < c_I^n[s]), \\ c_I^n[m] & \text{autrement} \end{cases} \quad (4.25)$$

Le deuxième terme de la formule (4.25) vise à arrêter l'évolution du contour dont la vitesse est la plus petite. L'ensemble des points utiles pour un point I pour le front m est défini comme :

$$\begin{cases} U_I^n[m], = \{J \in V(I) \cap NB^n[m], \text{ et } \theta_I^n \cdot \theta_J^n < 0\}, \\ U^n[m] = \cup_{I \in NB^n[m]}, U_I^n[m] \end{cases} \quad (4.26)$$

Le pseudo code de l'algorithme GFMM multi objets est donné comme suit:

Initialisation () {

Définir NM (nombre de modèles).

$n=1$;

// Initialiser le champ θ^0 comme:

$$\theta_I^0 = \begin{cases} m & \text{for } x_I \in \Omega_0[m] \\ -1 & \text{autrement} \end{cases}$$

Où:

$m \in \{1, \dots, NM\}$: le nombre de fronts en évolution (modèles).

$\Omega_0[m]$: est la région initiale pour le front m .

// Initialiser le temps pour I :

$$u_{I \rightarrow K}^0[m] = \begin{cases} t_0 & \text{if } I \in U_K^0[m] \text{ et } K \in NB^0[m] \\ +\infty & \text{autrement} \end{cases}$$

}

Boucle () {

U_Computation:

{

// Calculer $\tilde{u}^{n-1}[m]$ on $NB^{n-1}[m]$ comme suit:

// Soit $I \in NB^{n-1}[m]$ ensuite nous calculons $\tilde{u}_I^{n-1}[m]$ comme la solution de

// l'équation du second ordre suivante:

$$\left(\frac{\partial \tilde{u}^{n-1}[m]}{\partial x}\right)^2 + \left(\frac{\partial \tilde{u}^{n-1}[m]}{\partial y}\right)^2 + \left(\frac{\partial \tilde{u}^{n-1}[m]}{\partial z}\right)^2 = \frac{(\Delta x)^2}{|\hat{c}_I^{n-1}[m]|^2}$$

// Tel que:

$$\frac{\partial \tilde{u}^{n-1}[m]}{\partial x} = \max \left[0, \tilde{u}_{I(x,y,z)}^{n-1}[m] - \tilde{u}_{I(x+1,y,z)}^{n-1}[m], \tilde{u}_{I(x,y,z)}^{n-1}[m] - \tilde{u}_{I(x-1,y,z)}^{n-1}[m] \right]$$

$$\frac{\partial \tilde{u}^{n-1}[m]}{\partial y} = \max \left[0, \tilde{u}_{I(x,y,z)}^{n-1}[m] - \tilde{u}_{I(x,y+1,z)}^{n-1}[m], \tilde{u}_{I(x,y,z)}^{n-1}[m] - \tilde{u}_{I(x,y-1,z)}^{n-1}[m] \right]$$

$$\frac{\partial \tilde{u}^{n-1}[m]}{\partial z} = \max \left[0, \tilde{u}_{I(x,y,z)}^{n-1}[m] - \tilde{u}_{I(x,y,z+1)}^{n-1}[m], \tilde{u}_{I(x,y,z)}^{n-1}[m] - \tilde{u}_{I(x,y,z-1)}^{n-1}[m] \right]$$

} // fin de U_Computation

$$\tilde{t}_n = \min \{ \tilde{u}_I^{n-1}[m], I \in NB^{n-1}[m] \}$$

$$t_n = \max(t_{n-1}, \min(\tilde{t}_n, t_{n-1} + \Delta t))$$

$$\text{if } (t_n == (t_{n-1} + \Delta t) \ \&\& \ t_n < \tilde{t}_n)$$

{

$$n = n + 1;$$

$$\theta^n = \theta^{n-1}; \quad u^n[m] = u^{n-1}[m];$$

Go to (U_Computation);

}

// Initialiser les nouveaux points acceptés pour le front m.

$$\begin{cases} NA_+^n[m] = \{I \in NB_+^{n-1}[m], \tilde{u}_I^{n-1} = \tilde{t}_n\} \\ NA_-^n[m] = \{I \in NB_-^{n-1}[m], \tilde{u}_I^{n-1} = \tilde{t}_n\} \end{cases}$$

$$NA^m[m] = NA_+^n[m] \cup NA_-^n[m]$$

// Réinitialiser θ^n

$$\theta_I^n = \begin{cases} +m & \text{if } I \in NA_-^n \\ -1 & \text{if } I \in NA_+^n \\ \theta_I^{n-1} & \text{otherwise} \end{cases}$$

// Réinitialiser $u_{I \rightarrow K}^n[m]$

$$u_{I \rightarrow K}^n[m] = \begin{cases} \min(u_{I \rightarrow K}^{n-1}[m], t_n) & \text{if } I \in U_K^n[m] \text{ et } K \in NB^n[m] \\ +\infty & \text{autrement} \end{cases}$$

$n=n+1$; Go to (*U_Computation*);

} // Fin de la boucle

4.5 FGFMM avec connaissances a priori

Pour segmenter les structures, les données radiométriques sont insuffisantes et il est nécessaire d'ajouter de l'information a priori [Benoit 2009].

Nous proposons d'intégrer dans FGFMM des connaissances anatomiques a priori. Ces connaissances sont issues de plusieurs sources d'informations :

- (1) des informations sur la topologie des structures et sur les relations spatiales anatomiques, exprimant des distances ou des orientations entre structures et aussi des relations de symétries qui permettent de prendre en compte la semi-symétrie du cerveau. Les relations spatiales sont représentées dans un cadre flou, et sont utilisées pour faire évoluer le modèle déformable multi objets.
- (2) Des informations issues d'un atlas anatomiques. Ces informations sont en particulier utilisées pour l'initialisation du modèle déformable.
- (3) des informations a priori reposant sur un atlas probabiliste et sur des statistiques calculées à partir d'une base d'apprentissage.

Ces connaissances sont intégrées ensuite dans un modèle déformable spécifique pour les structures cérébrales via l'expression d'une nouvelle fonction de vitesse. Nous nous plaçons

dans un environnement de concurrence contenant plusieurs modèles déformables travaillant de manière opportuniste, concurrente et locale et avec une coopération pour la segmentation de plusieurs structures en même temps.

Nous avons préféré de travailler dans un environnement de concurrence en utilisant plusieurs modèles déformables au lieu d'utiliser une approche hiérarchique qui segmente les structures de proche en proche et ne profitent pas de la possibilité de segmenter simultanément plusieurs structures. On peut distinguer au moins deux raisons de vouloir segmenter simultanément les structures cérébrales :

- (1) Celle due à la symétrie du cerveau.
- (2) Celle due à une information suffisante pour commencer à segmenter deux structures différentes. Par exemple, quand on connaît l'étiquetage des cornes frontales, il semble cohérent de vouloir commencer la segmentation à la fois des noyaux caudés et du thalamus. Ensuite des connaissances supplémentaires permettront d'affiner chaque segmentation.

Cette segmentation simultanée est bénéfique, tant du point de vue du temps de calcul que de la robustesse. Il n'y a plus de structure « racine » dont la qualité de la segmentation (réalisée une fois pour toutes) conditionne entièrement les résultats.

Le schéma général de notre approche pour la segmentation des structures cérébrales profondes est présenté dans la figure 4.7.

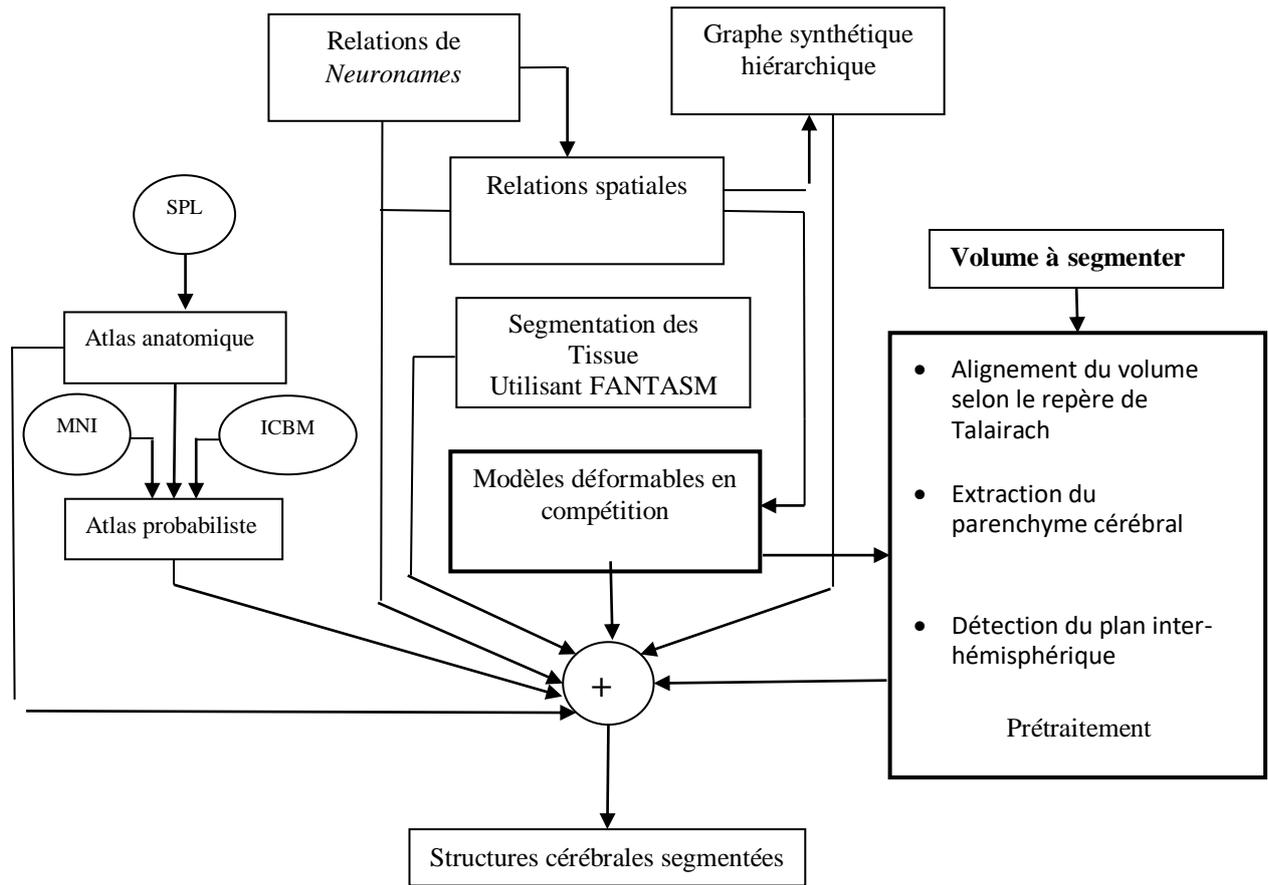


Figure 4. 7 – Les différentes étapes de notre approche de segmentation utilisant des connaissances a priori

Notre approche de segmentation commence par une procédure de prétraitement du volume à segmenter. Le prétraitement comprend 3 étapes :

- (1) Alignement du volume selon le repère de Talairach.
- (2) Extraction du parenchyme cérébral.
- (3) Détection du plan inter-hémisphérique.

Ensuite plusieurs modèles déformables évoluent en concurrence pour la segmentation simultanée des structures cérébrales où chaque modèle déformable est spécifique à une structure particulière. Les modèles sont initialisés automatiquement en utilisant l'information sur la position des structures en utilisant un atlas anatomique. La fonction d'évolution de chaque modèle déformable est construite en utilisant les informations sur la géométrie de la surface en évolution, des informations issues de l'atlas probabiliste et des informations sur les relations spatiales anatomiques exprimées dans un cadre flou.

Nous présentons dans les sections suivantes les différentes étapes de notre approche de segmentation avec connaissances a priori, ces étapes se résument en cinq points essentiels : (1) la stratégie de prétraitement utilisée , (2) les relation spatiales et leur représentation dans le cadre flou , (3) l'atlas anatomique utilisé , (4) l'atlas probabiliste utilisé et la construction des informations statistiques des différentes structures et enfin (5) le modèle déformables mis en œuvre ainsi que l'expression de la fonctionnelle énergétique (la fonction d'évolution) utilisée permettant l'intégration des connaissances a priori dans les modèles déformables.

4.5.1 Prétraitement

a) Alignement des volumes

Pour chaque volume de la base, une transformation rigide permettant de passer du repère du sujet au repère de Talairach [Poupon 1998] est calculée. Ces transformations permettent de placer tous les volumes dans un référentiel commun.

Nous utilisons le recalage rigide pour l'alignement des images à un espace commun, car il présente l'avantage de préserver la forme des images, c-à-dire les images d'entrée ne sont pas déformées, par conséquent, les mesures effectuées dans cet espace n'ont pas besoin d'être ajustées. Le recalage est effectué en utilisant une transformation rigide standard avec une métrique basée sur des informations mutuelles normalisées [Johnson 2007].

b) Extraction du parenchyme cérébral

Nous présentons dans cette section la procédure utilisée pour l'extraction du parenchyme cérébral. Cela permet d'éliminer les classes radiométriques qui ne nous intéressent pas (peau, air, os, graisse) et de déterminer la surface du cerveau qui sert de référence pour le reste de traitement en particulier pour calculer les relations spatiales de distance.

Pour le calcul du parenchyme cérébral nous utilisons une méthode constituée de trois étapes :

- (1) Utiliser la méthode d'Otsu étendue en 3D suivie des opérations morphologiques (fermeture et ouverture). Ce qui nous donne une estimation initiale du cerveau.
- (2) Sur le résultat de la première étape nous appliquons une segmentation des trois tissus : matière blanche, matière grise et liquide céphalo-rachidien, en utilisant une méthode qui se base seulement sur la radiométrie, c'est-à-dire sur la distribution

d'intensité dans l'image. Pour cette étape nous avons choisis d'utiliser une méthode de classification floue FANTASM ((Fuzzy and Noise Tolerant Adaptive Segmentation Method)) [Bazin 2007]. Cette méthode nous permet de calculer pour chaque voxel i son degré d'appartenance aux différentes classes de tissus $\{u_{mb}, u_{mg}, u_{lcr}\}$.

- (3) Ensuite le modèle déformable GFMM initialisé avec le résultat de l'étape 2 est utilisé. La fonction d'évolution du modèle déformable utilise une force de pression, c'est-à-dire une force normale à la surface et dont le module est calculé à partir des ensembles flous obtenus de la classification floue :

$$F_{parenchyme} = \begin{cases} 0 & \text{si } |2\mu_{mb} + \mu_{mg} - 1| \leq \varepsilon \\ 2\mu_{mb} + \mu_{mg} - 1 & \text{sinon} \end{cases} \quad (4.27)$$

Où μ_{mb} est le degré d'appartenance à la matière blanche, μ_{mg} à la matière grise, et ε un seuil constant. Le sens de l'évolution (gonfler ou dégonfler la surface) est déterminé naturellement par l'équation précédente. En effet, $F_{parenchyme}$ est positif quand la surface se trouve dans la matière blanche, nul quand elle se trouve dans la matière grise et négatif quand elle se trouve dans le liquide céphalo-rachidien ou le fond de l'image.

c) Détection du plan inter-hémisphérique

Le cerveau présente une symétrie bilatérale. Il se compose de deux hémisphères dans lesquels chaque structure possède un homologue du côté opposé. Ces deux hémisphères sont séparés par un sillon planaire, appelé plan médian sagittal (le sillon inter-hémisphérique).

En raison du positionnement arbitraire de la tête du patient dans l'appareil d'acquisition et aussi pour d'autres raisons comme par exemple le processus d'acquisition et de reconstruction des images 3D....., le plan médian se trouve rarement au centre des images médicales tridimensionnelles. Le développement d'une méthode permettant de calculer, recentrer et réorienter le plan médian, de manière automatique, dans des images médicales tridimensionnelles anatomiques ou fonctionnelles, présente donc un intérêt majeur, et constitue une étape essentielle dans le traitement des images cérébrales en particulier pour la segmentation.

Afin de calculer de manière automatique dans des images 3D de cerveau le plan inter-hémisphérique, nous avons utilisé la méthode de Tuzikov [Tuzikov 2013]. Cette méthode

repose sur le fait que ce plan doit superposer au mieux les deux hémisphères du cerveau par réflexion, elle est itérative et se base sur un critère de symétrie.

Cette méthode est une technique puissante pour détecter le meilleur plan de symétrie dans les images cérébrales 3D. Ce problème est exprimé en tant que problème de recalage et un degré de similarité entre l'image et sa réflexion par rapport à un plan est calculé. Le meilleur plan est alors obtenu en maximisant la mesure de similarité. Cette optimisation est réalisée à l'aide de la méthode downhill simplex [Tuzikov 2013] et est initialisée par un plan obtenu à partir des axes d'inertie principaux, ce qui s'avère proche de l'optimum global.

Nous avons utilisé cette méthode pour la détection du plan inter-hémisphérique car elle produit d'excellents résultats pour les images MR cérébrales et peut parfaitement détecter le plan de symétrie du cerveau.

Cette méthode permet de calculer de manière automatique et efficace le plan médian dans des images tridimensionnelles du cerveau. Une fois détecté ce plan peut être utilisé dans plusieurs étapes du processus de segmentation des structures cérébrales en exploitant ses propriétés naturelles. Rappelons ici que le plan inter-hémisphérique a deux propriétés intéressantes : (1) ce plan est celui passant au mieux le long de la fissure inter-hémisphérique, (2) ce plan est celui permettant de superposer au mieux les deux hémisphères du cerveau par réflexion. De ce fait ce plan nous permet d'estimer la position des noyaux centraux (structures sous corticales) et aussi il divise le cerveau en deux parties symétriques (cette symétrie est aussi située au niveau des structures). Dans notre système de segmentation des structures cérébrales profondes ce plan est utilisé pour le calcul et la définition des relations floues de symétrie d'orientation et de distance.

4.5.2 Relations Spatiales floues

La seule donnée d'une intensité est insuffisante pour connaître l'appartenance à une structure, il faut apporter une connaissance a priori supplémentaire. Celle-ci peut être exprimée sous forme de relations spatiales imprécises entre structures permettant de décrire l'anatomie du cerveau [Benoit 2009].

Par définition les relations spatiales sont des relations binaires entre une structure de référence (R) et la structure cible (S). Par exemple : « le putamen (S) est à environ 18 mm du ventricule latéral (R) ». Le caractère imprécis est issu de l'imprécision des informations anatomiques fournies par le médecin et de la variabilité interindividuelle. Généralement on distingue deux types d'approches pour traduire l'information apportée par les relations spatiales :

- ✓ Les approches liées à la logique formelle et à l'inférence, ces approches sont difficilement intégrables dans un domaine numérique.
- ✓ Les approches liées à la logique floue.

Ces dernières approches permettent d'exprimer numériquement la possibilité d'appartenance à une structure en chaque voxel grâce à des cartes floues 3D (aussi appelées paysage flou). La figure 4.8 illustre la carte floue 3D d'une relation d'orientation « à droite de ».



Figure 4. 8 - Structure de référence (image gauche), et carte floue correspondant à la relation "à droite de" (image droite). Le blanc dans la carte floue traduit une forte possibilité et le noir une possibilité nulle

Nous considérons par la suite trois types de relations spatiales :

- ✓ Des relations de distance, de la forme : « S est à une distance {d'environ, supérieure à, inférieure à} distance en mm de R »
- ✓ Des relations d'orientation, qui visent à contraindre la position de la structure S dans la direction D par rapport à la structure R.
- ✓ Des relations de symétrie, afin de prendre en compte la semi-symétrie du cerveau.

Chaque relation spatiale est traduite par une carte floue calculée comme décrit ci-dessous.

a) Calcul de la relation de distance

Le calcul du paysage flou d'une relation de distance est effectué en deux étapes:

- (1) Calcul d'une carte de distance à l'objet R. pour le calcul de la carte de distance nous utilisons la distance euclidienne, mais un autre choix est possible c'est la distance de chanfrein en particulier pour accélérer le calcul. Un exemple de la carte de distance est illustré sur la figure 4.9.

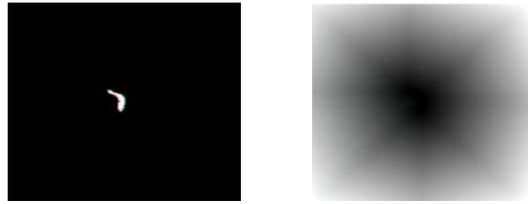


Figure 4. 9 - Objet de référence (image gauche) et sa carte de distance (image droite)

(1) Fuzzification de la carte de distance avec une fonction d'appartenance. Pour cette étape plusieurs fonctions de fuzzification existent. Nous utilisons une fonction trapèze définie par quatre paramètres $0=n1=n2=n3=n4$, $[n1, n4]$ étant le support et $[n2, n3]$ le noyau. Un exemple de la fuzzification de la carte de distance est illustré sur la figure 4.10.

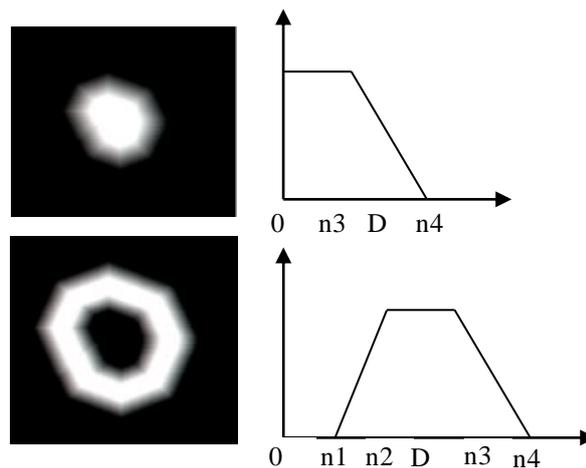


Figure 4. 10 - Paysages flous obtenus pour les relations « inférieure à » et « environ à » avec leur fonction d'appartenance

b) Calcul de la relation d'orientation

Ces relations visent à déterminer l'orientation D de la structure S par rapport à R selon les six directions (volume 3D) : Supérieur, Inférieur, Antérieur, Postérieur, Droite et Gauche. Elles s'expriment dans un repère de référence de Talairach. La représentation standard de ces directions est présentée dans la figure 4.11.

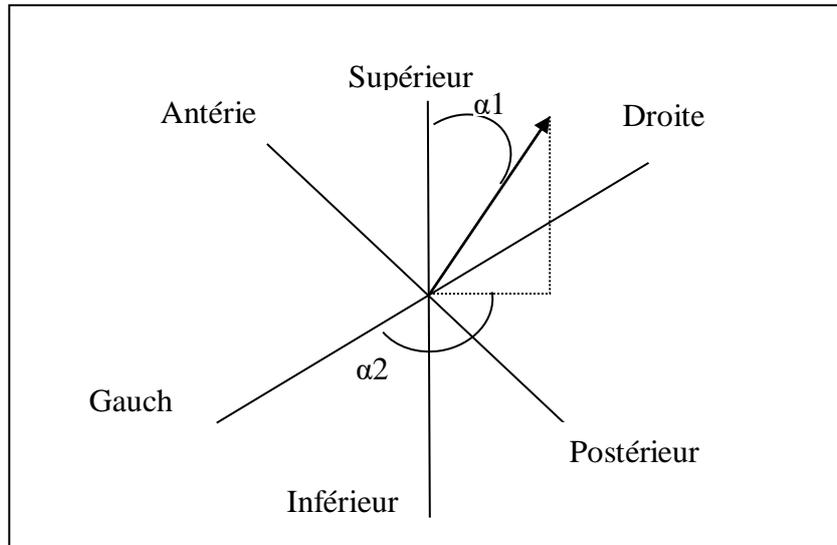


Figure 4. 11 - Représentation des directions en 3D selon le repère de Talairach

Le calcul du paysage flou modélisant la relation de rotation est obtenu par diffusion sur R d’une carte floue initiale représentant la direction D. Ce calcul se déroule en deux étapes:

- (1) Pour tout voxel V, on mesure l’angle minimal à la structure de référence R selon la direction D (voir figure 4.12) en utilisant la formule suivante:

$$\beta_{\min}(v) = \begin{cases} 0 & \text{si } v \in R \\ \text{Min}_{r \in R} \left[\text{Ar cos} \left(\frac{\vec{rv} \cdot \vec{D}}{\|\vec{rv}\| \cdot \|\vec{D}\|} \right) \right] & \text{sin on} \end{cases} \quad (4.28)$$

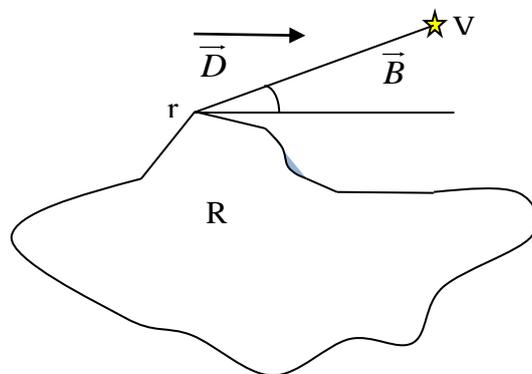


Figure 4. 12 - Angle minimal à R selon D

(2) Fuzzification de la carte d'orientation obtenue, avec une fonction décroissante de $[0 \pi]$ vers $[0 1]$:

$$c(v) = \begin{cases} 0 & \text{si } v \in R \\ f(\beta_{\min}(V)) & \text{sin on} \end{cases} \quad \text{Avec : } f(\theta) = \max\left(0, 1 - \frac{2\theta}{\pi}\right) \quad (4.29)$$

La figure 4.13 illustre un exemple de la construction du paysage flou pour la relation « en position postérieure à » suivie de la relation « à droite de ».

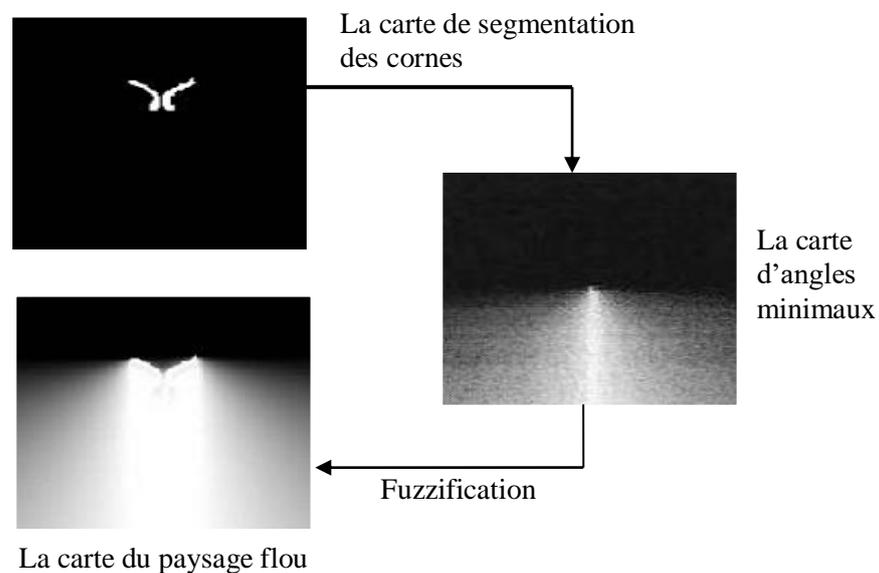


Figure 4. 13 - Exemple de la construction du paysage flou pour la relation « en position postérieure aux cornes frontales »

c) Calcul de la relation de symétrie

L'utilisation de ce type de relation est bénéfique afin de prendre en compte la semi-symétrie naturelle du cerveau. Cependant le calcul de cette relation et sa traduction en paysage flou nécessite plusieurs étapes :

- La détection du parenchyme du cerveau qui représente les frontières extérieures du cerveau
- La détection du plan inter-hémisphérique : car le cerveau présente une semi-symétrie évidente par rapport au plan inter-hémisphérique.

- Calcul du symétrique de la segmentation de référence \mathbf{R} par rapport à l'axe avec une relation de rotation floue.
- Calcul d'une relation de distance relative à la carte obtenue dans l'étape précédente.

d) Fusion de relations spatiales

Afin d'obtenir la carte floue finale pour chaque structure nous utilisons la fusion T-norme de Zadeh de plusieurs paysages flous, cette fusion permet la traduction de l'information issue de plusieurs relations spatiales. L'ensemble des connaissances anatomiques sur une structure S permet donc après l'opération de fusion sa localisation floue.

Après l'étape de fusion on obtient en chaque voxel i une valeur $\mu_{\mathbf{R}}(i,S)$ représentant la possibilité que le voxel i appartienne à la structure S . cette valeur est calculée pour chaque volume et pour toutes les structures du cerveau.

Les informations sur les relations spatiales des différentes structures du cerveau utilisent le standard de Neuronames et sont représentées via l'arbre de structures.

e) Arbre de structures utilisées

La description de l'anatomie cérébrale est faite de façons hiérarchique : chaque partie du cerveau est divisée en sous-parties jusqu'à un niveau considéré comme suffisamment fin. Nous avons utilisé l'hiérarchie de Neuronames.

l'hiérarchie de Neuronames comporte 863 structures cérébrales qui forment une partition du cerveau à chaque niveau de l'hiérarchie (voir figure 4.14). Cette hiérarchie commence par Le système nerveux central (SNC) qui comprend le cerveau (encéphale) et la moelle épinière. Le cerveau est divisé en prosencéphale (lui-même divisé en télencéphale et diencéphale), mésencéphale et rhombencéphale (lui-même divisé en métencéphale et myélocéphale).

- Prosencéphale
 - Télencéphale- TEL
 - Ventricules Latéraux – VL
 - Corne Frontale – CF
 - Corps Ventriculaire – BLV
 - Carrefour Ventriculaire – CLV
 - Corne Temporale - TLV
 - Corne Occipitale – OLV
 - Noyaux de la Base – NB
 - Striatum – Str
 - Noyau codé - Cd
 - Putamen – Pu
 - Globus Pallidus – GP
 - Globus Pallidus externe – LGP
 - Globus Pallidus interne – MGP
 - Claustrum – CL
 - Substance blanche cérébrale – cw
 - Corps calleux – cc
 - Commissure antérieure – ac
 - Capsule interne – ic
 - Bras antérieur – aic
 - Bras postérieur – pic
 - Capsule externe - emc
 - Capsule extrême – exc
 - Septum – Spt
 - Fornix - fx
 - Cortex cérébral – Cx
 - Diencéphale – Die
 - Thalamus – Th
 - Troisième ventricule – V3
- Méencéphale – MB
- Rhombencéphale – HB
 - Métencéphale –Met
 - Pont de Varole – Pons
 - Quatrième ventricule – 4V
 - Cervelet – Cb
 - Myélocéphale ou medulla oblongata – MO

Figure 4. 14 - Description des structures cérébrales d'après *Neuronames*. Cette description n'est pas complète, la description complète comprend 863 structures

Pour la description de l'anatomie nous utilisons le système de référence selon le repère de Talairach défini par les trois axes : l'axe vertical (perpendiculaire au sol), l'axe sagittal (derrière en avant) et l'axe transversal. Un exemple de l'arbre de relation pour 15 structures est présenté sur la figure 4.15.

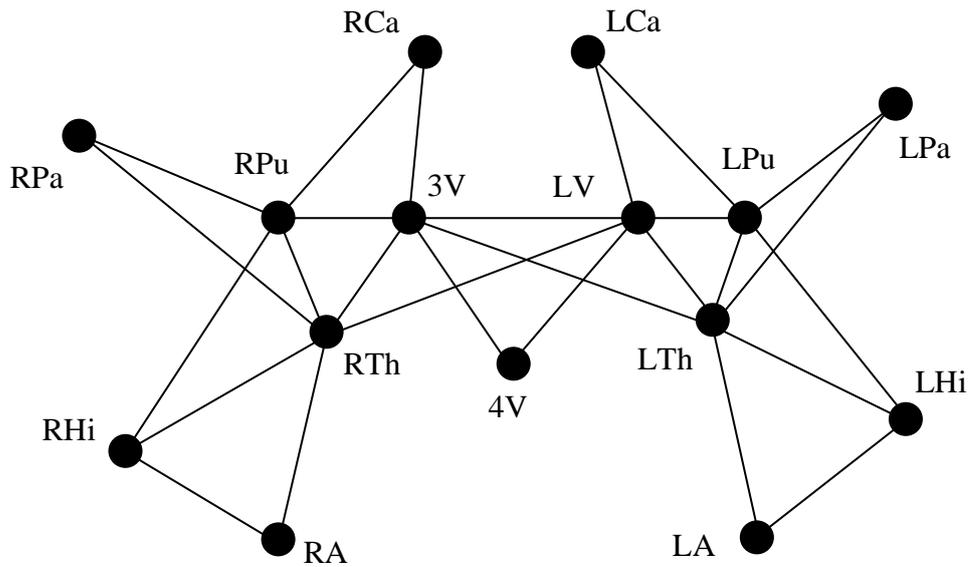


Figure 4. 15 - Le graphe de relation pour 15 structures cérébrales. L/R Ca: le noyau Caudé gauche/droit, L/R Pu: Le putamen gauche /droit, L/R Pa: le pallidum gauche/droit, LV: Ventricule latéral, 3V: Le troisième ventricule, 4V: Le quatrième ventricule, L/R Th: le thalamus gauche /droit, L/R Hi: hippocampe gauche /droit, L/R Am: amygdale gauche /droit

Les structures cérébrales sont décrites par le biais de relations spatiales d'adjacence, de direction et de symétrie comme décrit précédemment. Nous avons construit une description détaillée des structures corticales et non corticales au moyen de ces relations. Cette description est formalisée en utilisant le Graphe hiérarchique synthétique permettant la visualisation de façons synthétique de la description et sera utilisé pour guider les structures de reconnaissance.

4.5.3 Atlas anatomique

L'utilisation d'atlas anatomique à des fins de segmentation est très fréquente. Dans le domaine de la neuro-imagerie, une référence classique est l'atlas de Talairach [Poupon 1998]. Il permet de replacer le cerveau dans un référentiel défini à partir d'amers standard et peu variables d'un sujet à l'autre, en l'orientant et en appliquant des facteurs de proportion. L'utilisation de l'atlas lui-même est plutôt dédiée au repérage des noyaux internes pour la chirurgie, mais le référentiel associé est considéré comme standard et utilisé dans de nombreuses méthodes de segmentation automatique.

L'intérêt des atlas anatomiques réside dans la connaissance de forme qu'ils apportent sur les structures qu'ils décrivent. Ainsi, la zone étiquetée comme appartenant à une structure donnée sur un atlas peut être transposée sur un volume à traiter au moyen d'un algorithme de recalage.

L'atlas anatomique peut être utilisé dans le processus de segmentation de trois manières :

- (1) Comme noyau de la segmentation, dans ce cas la segmentation est uniquement fondée sur le recalage à partir d'un atlas. En général, la correspondance entre un volume de référence et le volume traité est établi en deux étapes, d'abord avec un recalage rigide ou affine, puis à l'aide d'un algorithme élastique. L'atlas associé au volume de référence peut alors être projeté sur le volume traité au moyen de cette transformation. Le résultat de cette projection fournit la segmentation des structures délimitées dans l'atlas [Koch 2016].
- (2) Pour initialiser ou guider un processus de segmentation [Xue 2011].
- (3) Les informations fournies par un atlas peuvent être combinées à certaines connaissances anatomiques sur la courbure, l'épaisseur ou le positionnement relatif des structures cibles afin d'affiner petit à petit une image d'étiquettes pour conduire à une segmentation simultanée de plusieurs structures [Dolz 2015].

Le principe de notre méthode est proche des deux dernières classes de méthodes, dans la mesure où nous souhaitons : (1) utiliser les informations sur la localisation des structures à segmenter issues d'un atlas via une procédure de recalage pour initialiser les modèles déformables et (2) combiner ces informations avec des règles d'évolution dictées par le bon sens, de façon à ajuster localement le paramètre de régularisation des modèles déformables en évolution.

Notre approche aussi n'utilise pas l'atlas comme la seule source d'informations mais elle combine l'information utile issue de l'atlas avec d'autres informations en particulier des connaissances a priori sur les relations spatiales entre les différentes structures. Ce choix est justifié par le fait que toutes les méthodes qui sont basées complètement sur l'atlas anatomique souffrent d'un inconvénient majeur : l'atlas ne tient pas nécessairement compte de la variabilité anatomique des structures qu'il décrit, et de ce fait, l'utilisation d'un recalage seul n'est souvent pas suffisante pour obtenir une segmentation précise en particulier pour les structures cérébrales profondes.

Nous avons choisis comme atlas iconique celui développé par le Surgical Planning Laboratory SPL [Kikinis 1996] [Cuadra 2004] pour sa grande richesse (plus de 150 structures étiquetées). Il s'agit d'une acquisition IRM T1 modifié d'une façon semi-automatique.

4.5.4 Atlas probabiliste

Nous présentons dans cette partie les informations a priori reposant sur un atlas probabiliste et sur des statistiques calculées à partir d'une base d'apprentissage pour laquelle les structures d'intérêt ont été étiquetées manuellement. Ces informations a priori sont par la suite injectées dans le modèle déformable.

Nous avons utilisé comme base d'apprentissage l'atlas anatomique SPL [Kikinis 1996] et l'atlas MNI (Montreal Neurological Institute McGill university) [Collins 1998]. Ces atlas comportent plusieurs sujets et plus de 150 structures. Dans cette base les structures ont été étiquetées par des experts, les structures les plus importantes sont les suivantes : Les noyaux caudés (Cd), les ventricules latéraux (LV), les putamens (Pu), les globus pallidus (Gp), les thalamis (Th), le troisième ventricule (3V) et le quatrième ventricule (4V).

Ensuite nous avons estimé diverses informations a priori sous forme de paramètres statistiques et de probabilités d'appartenance à une structure.

a) Calcul des paramètres statistiques

Pour chaque sujet et pour chaque structure S , nous avons calculé des paramètres de forme (volume $Vol(S)$ et surface $Surf(S)$) et des paramètres caractéristiques des niveaux de gris. Les paramètres caractéristiques des niveaux de gris sont les suivantes : la moyenne $m(S)$ et l'écart type $\sigma(S)$ des niveaux de gris pour chaque structure S . avec les coefficients barycentriques $\alpha(S)$ et $\beta(S)$ qui normalisent les niveaux de gris par rapport aux modes de la matière blanche et de la matière grise et qui permettent de corriger la dépendance par rapport aux paramètres d'acquisition. Pour l'ensemble des paramètres de forme et d'intensité du niveau de gris, nous calculons les moyennes, $m_{Vol(S)}$, $m_{Surf(S)}$, $m(S)$, $m_{\alpha(S)}$, $m_{\beta(S)}$ et les écart-types $\sigma_{Vol(S)}$, $\sigma_{Surf(S)}$, $\sigma(S)$, $\sigma_{\alpha(S)}$, $\sigma_{\beta(S)}$ sur l'ensemble des sujets de la base d'apprentissage.

L'étape qui suit est la construction de l'atlas probabiliste contenant ces différents paramètres avec un autre paramètre calculé en chaque voxel et qui contient le nombre d'occurrence de chacune des structures. Nous construisons ainsi un atlas probabiliste correspondant à un

volume 4D dont la quatrième dimension correspond aux différentes structures. Ces différentes informations vont être injectées dans le modèle déformable.

4.5.5 La Force d'évolution du modèle déformable intégrant des connaissances a priori

Dans notre cas, la force d'évolution du modèle déformable n'est pas seulement issue des informations de l'image ou des informations sur la géométrie de la surface en évolution mais contraint également le modèle déformable à satisfaire à la description de la structure recherchée (les relations spatiales entre structures,) On peut l'écrire comme une combinaison linéaire :

$$F = \beta.F_R + \delta.F_{atlas} \quad (4.30)$$

Où : β et δ sont des coefficients de pondération.

F_R est la force associée aux relations spatiales.

F_{atlas} est la force issue de l'atlas probabiliste.

a) Construction de la force représentant les relations spatiales

Nous proposons d'introduire les relations spatiales dans le modèle déformable via la définition d'une nouvelle fonction d'évolution correspondant à l'ensemble flou représentant la relation. Nous imposons à notre force de vérifier les propriétés suivantes : être nulle là où la relation est satisfaite (c'est-à-dire dans le noyau de R), être non nulle ailleurs, être dirigée vers les points où la relation est satisfaite et avoir une norme proportionnelle à $1 - \mu_R$.

Le potentiel $P_R = 1 - \mu_R$ bien que approprié ne peut pas être utilisé directement pour deux raisons : (1) ce potentiel est toujours d'un signe positif, (2) la force dérivée serait nulle en dehors du support de R . Pour remédier à cela nous proposons de prolonger ce potentiel par la distance au support et au noyau de R et le définir comme l'addition de deux sous-potentiels

P_{spp} et P_{dist} :

$$P_{spp}(x, y, z) = 1 - \mu_R(x, y, z) + d_{spp(R)}(x, y, z) \quad (4.31)$$

Où $d_{spp(R)}(x, y, z)$ est la distance au support de R . Il suffit ensuite de normaliser la force correctement pour construire la force de support pour la relation R :

$$F_R^{spp} = -(1 - \mu_R) \frac{\nabla P_{spp}(x, y, z)}{\|\nabla P_{spp}(x, y, z)\|} \quad (4.32)$$

Pour le deuxième sous potentiel la distance au noyau de R est utilisée pour nous ramener à un objet binaire:

$$P_{dist}(x, y, z) = g(d_{Noyau(R)}(x, y, z)) \quad (4.33)$$

Où $d_{Noyau(R)}(x, y, z)$ est une carte de distance au noyau de R et g est une fonction décroissante. La fonction décroissante g est une fonction exponentielle de la forme suivante :

$$g(x) = -ke^{-x^2}.$$

La force de distance F_R^{dist} est dérivée comme :

$$F_R^{dist} = -(1 - \mu_R) \frac{\nabla P_{dist}(x, y, z)}{\|\nabla P_{dist}(x, y, z)\|} \quad (4.34)$$

La fonction globale pour les relations spatiales est donnée par la formule suivante :

$$F_R = -\frac{(1 - \mu_R)}{2} \left(\frac{\nabla P_R^1(x, y, z)}{\|\nabla P_R^1(x, y, z)\|} + \frac{\nabla P_R^2(x, y, z)}{\|\nabla P_R^2(x, y, z)\|} \right) \quad (4.35)$$

b) Construction de la force représentant les informations a priori de l'atlas probabiliste

La fonction d'évolution utilisant l'information a priori issue de l'atlas probabiliste est calculée de la manière suivante :

$$F_{atlas} = F_{donnees} + F_{forme} \quad (4.36)$$

$F_{Donnees}$ est une énergie d'attache aux données qui regroupe les écarts à la moyenne des niveaux de gris $m(S)$ de chacune des structures, cette énergie est décrite comme suit :

$$F_{donnees} = \sum_S V_{donnees}(S) \quad (4.37)$$

$$\text{avec } V_{donnees}(S) = K(S) \sum_v \frac{(I(v) - m(S))^2}{2\sigma(S)^2} \quad (4.38)$$

$K(S)$ est une constante de pondération qui traduit le degré de confiance que l'on a sur l'information de la structure S , et $I(v)$ est l'intensité mesurée au point v dans le volume de données.

F_{Forme} est une énergie de forme qui mesure pour chaque structure S : l'écart par rapport au volume moyen $m_V(S)$, l'écart par rapport à la surface moyenne $m_S(S)$ et une fonction de la

probabilité d'appartenance à la structure en chaque voxel v . cette énergie est calculée par formule suivante :

$$F_{Forme} = K_{vol} \sum_S V_{volume}(S) + K_{surf} \sum_S V_{surface}(S) + K_a \sum_S V_{app}(S) \quad (4.39)$$

avec :

$$V_{volume}(S) = \frac{(Vol(S) - m_{Vol}(S))^2}{2\sigma_{Vol}(S)^2} \quad (4.40)$$

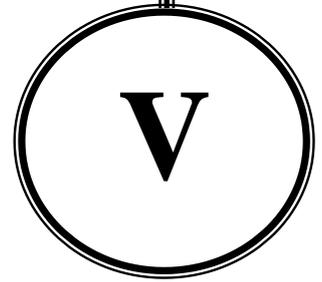
$$V_{surface}(S) = \frac{(Surf(S) - m_{Surf}(S))^2}{2\sigma_{Surf}(S)^2} \quad (4.41)$$

$$V_{app}(S) = \sum_v -\log(p(T_S(v))) \quad (4.42)$$

4.6 Conclusion

Nous avons décrit dans ce chapitre les différentes étapes de notre approche de segmentation FGFMM, cette méthode est basée sur une combinaison des modèles déformables et de la logique floue. Plusieurs variantes de cette méthode ont été proposées, en particulier le modèle multi-objets permettant la segmentation simultanée de plusieurs objets et le modèle avec connaissances apriori, ces deux variantes sont très intéressantes en particulier pour la segmentation des structures cérébrales complexes et profondes comme les noyaux gris centraux. Le chapitre suivant sera consacré aux différentes applications de l'approche proposée pour la segmentation des structures cérébrales.

CHAPITRE



Résultats expérimentaux et discussions

5.1 Introduction

Dans le présent chapitre, nous abordons l'étude expérimentale de notre méthode de segmentation des structures cérébrales.

Nous testerons la méthode proposée sur plusieurs structures, et sur des bases d'images réelles et simulées afin d'évaluer qualitativement et quantitativement les résultats de segmentation. Ces bases d'images sont brièvement présentées ci-dessous.

5.2 Bases d'images utilisées

5.2.1 Base BrainWeb

La base de données *BrainWeb* est une base de volumes IRM simulés. Pour cette base, nous utilisons des volumes pondérés en T1, correspondant à un modèle sain, de taille $181 \times 217 \times 181$, avec des voxels isotropes d'1mm de coté.

5.2.2 Base IBSR (Internet Brain Segmentation Repository)

La base IBSR est une base de volumes IRM réels, constituée de 18 volumes pondérés en T1, acquis en orientation coronale sur des sujets sains. Les volumes sont constitués de 128 coupes de taille 256×256 . Le coté des pixels de chaque coupe varie entre 0.84 mm et 1mm d'un volume à l'autre, et l'écart entre les coupes est égal à 1,5 mm.

L'intérêt de cette base de données réside dans la présence de segmentation manuelle de la matière blanche, de la matière grise et du liquide céphalo-rachidien, ainsi que de 43 structures cérébrales, ce qui en fait le jeu de données idéal pour l'évaluation quantitative des résultats.

5.3 Mesure utilisée pour la validation

Plusieurs coefficients ont été proposés dans la littérature pour évaluer les méthodes de segmentation des structures cérébrales, les plus importants sont : Dice Similarity Coefficient (DSC) [Zijdenbos 1994] [Bharatha 2001] [Lucas 2012], le coefficient de Jaccard [Vovk

2007], le coefficient de sensibilité et de spécificité [Shattuck 2001], Precision-Recall [Martin 2004], la distance moyenne [Yang 2004], la distance de Hausdorff [Dubuisson 1994], la Distance de Hausdorff modifiée (MHD) [Loncaric 1998], Misclassification rate (MCR) [Tsang 2008] [Song 2007], l'erreur RMS utilisé par shatuck [Shattuck 2001],...ect. Un bon résumé des différents critères d'évaluation est présenté par shatuck [Shattuck 2009], voir aussi [Chupin 2007] et [Lladó 2012].

Afin d'évaluer quantitativement nos résultats, nous avons choisi l'indice de similarité DSC (*Dice Similarity Coefficient*) proposé dans [Zijdenbos 1994]. Ce coefficient calcule la similarité entre la segmentation manuelle et le volume segmenté par notre approche pour chaque structure cérébrale. Ce coefficient est largement utilisé ce qui facilite les comparaisons directes avec d'autres résultats publiés. Ce coefficient est formulé comme suit :

$$Dice = \frac{2 \times |R \cap S|}{|R| + |S|} \quad (5.1)$$

Où R est le résultat de la segmentation et S la vérité terrain. $|\cdot|$ est le nombre de voxels de l'ensemble concerné. Plus la segmentation est conforme à la vérité terrain, plus l'indice est proche de 1. En effet la mesure DSC est équivalente au coefficient de similarité kappa (κ) [Cohen 1960], une preuve peut être trouvée dans l'article [Zijdenbos 1994], qui permet d'estimer l'accord entre plusieurs observateurs ou techniques. Une valeur de DSC supérieure à 0,7 est généralement considérée comme très bonne, en particulier lorsque les structures segmentées sont petites [Zijdenbos 1994] [Bartko 1991].

En plus de DSC, il est intéressant de mentionner quelques autres coefficients qui sont utilisés dans plusieurs publications et qui sont reliés au DSC (nous pouvons facilement convertir ces coefficients en DSC en utilisant des équations simples), ces coefficients sont les suivants :

le coefficient de Jaccard (JSC): JSC [Vovk 2007], aussi appelé le coefficient de Tanimoto, est un coefficient populaire qui est utilisé dans plusieurs publications. Le coefficient de Jaccard pour deux ensembles est défini comme la taille de l'intersection des deux ensembles divisé par la taille de leur union. Ce coefficient est défini comme suit:

$$JSC = \frac{|R \cap S|}{|R \cup S|} = \frac{|R \cap S|}{|R| + |S| - |R \cap S|} \quad (5.2)$$

Où R est le résultat de la segmentation et S la vérité terrain. $|\cdot|$ est le nombre de voxels de l'ensemble concerné. Le coefficient DSC peut être facilement calculé à partir de JSC en utilisant la formule suivante:

$$Dice = \frac{2 \times JSC}{1 + JSC} \quad (5.3)$$

Précision-recall [Martin 2004]: Soit R l'ensemble de voxels annotés par un expert et S les voxels segmentés par la méthode proposée. Ces deux coefficients sont définis respectivement comme :

$$Precision = \frac{|R \cap S|}{|S|} \quad \text{et} \quad Recall = \frac{|R \cap S|}{|R|} \quad (5.4)$$

Le coefficient DSC peut être directement calculé à partir de ces deux coefficients en utilisant la formule suivante:

$$Dice = \frac{2 \times precision \times recall}{(precision + recall)} \quad (5.5)$$

Il existe d'autres mesures importantes telles que la mesure de sensibilité (Se), de spécificité (Sp), et de performance (Pe). Rappelons d'abord les quatre populations recherchées dans le cadre de ces mesures.

- Un vrai positif (VP) est un voxel classé par la méthode comme appartenant à la classe cible et lui réellement appartient selon la vérité terrain.
- Un faux négatif (FN) est un voxel n'étant pas classé par la méthode comme appartenant à la classe cible mais lui appartient selon la vérité terrain.
- Un faux positif (FP) est un voxel n'étant pas classé par la méthode comme appartenant à la classe cible et ne lui appartient pas selon la vérité terrain.
- Un vrai négatif (VN) est un voxel classé par la méthode comme appartenant à la classe cible mais ne lui appartient pas selon la vérité terrain.

Suivant la même notation, l'ensemble de vrai positif est défini comme : $VP = R \cap S$, i.e., l'ensemble de voxels commun entre R et S . l'ensemble de vrai négatif est défini comme: $TN = \bar{R} \cap \bar{S}$, i.e., l'ensemble de voxels qui sont étiquetés comme non-appartenant à la structure T dans les deux ensembles (l'ensemble de voxels de la structure T classifié comme autre structures). Similairement, l'ensemble de faux positif est $FP = \bar{R} \cap S$ et l'ensemble de

faux négatif est $FN = R \cap \bar{S}$. Les coefficients DSC et Jaccard sont exprimés avec ces quatre coefficients comme suivant:

$$Jaccard = \frac{|TP|}{|TP| + |FP| + |FN|} \quad (5.6)$$

$$Dice = \frac{2 \times |TP|}{(2 \times |TP|) + |FP| + |FN|} \quad (5.7)$$

Où $|\cdot|$ est le nombre de voxels de l'ensemble spécifié.

La sensibilité est la proportion de vrais positifs :

$$Se = \frac{VP}{VP + FN} \quad (5.8)$$

La spécificité est la proportion de vrais négatifs :

$$Sp = \frac{VN}{VN + FP} \quad (5.9)$$

Et enfin la mesure de performance :

$$Pe = \frac{VN + VP}{VN + FP + VP + FN} \quad (5.10)$$

Plus la segmentation est conforme à la vérité terrain, plus ces mesures sont toutes les trois proches de 1.

5.4 Prétraitement : génération d'un masque du cerveau

Pour la construction du masque de cerveau nous avons utilisé la méthode Otsu [Otsu 1979] étendu en 3D suivi par des opérations morphologiques (ouverture, fermeture) pour éliminer les trous et connecter les différentes parties du masque. Le principe de la méthode Otsu est le suivant, premièrement l'histogramme de l'image est divisé en deux classes et la variance inter classe est minimisée jusqu'à convergence. Comme exemple, la figure 5.1 présente les différentes étapes du processus appliqué à un volume IRM pondéré en T1 (vue coronale).

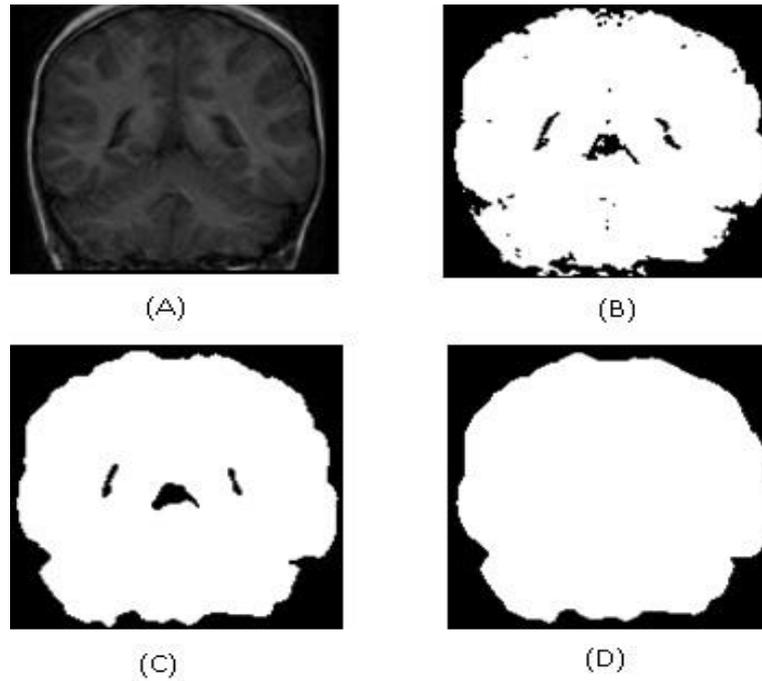


Figure 5. 1 – Les différentes étapes de construction du masque de cerveau. (a) image originale. (b) le résultat obtenu après l’application de la méthode Otsu. (c) le résultat obtenu après l’application successive des opérateurs morphologiques. (d) le résultat final

5.5 Validation de la méthode proposée (FGFMM) sur des volumes simulés

Les volumes simulés pondérés en T1 (taille du voxel: $1 \times 1 \times 1 \text{ mm}^3$ et dimension: $181 \times 217 \times 181$ voxels) sont obtenus de la base BrainWeb de l’institut Neurologique de Montréal (MNI) [Cocosco 1997] "<http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb>". Le simulateur MNI permet l’ajustement de quelques paramètres (bruit, inhomogénéités de champ) indépendamment. L’avantage principal de cette base de données est qu’elle nous permet de tester la méthode proposée sur des images de différentes qualités, ainsi fournir un système quantitatif pour évaluer la performance dans différentes situations.

Pour montrer la performance de la méthode proposée, nous avons effectué plusieurs expériences sur la base de données Brainweb. Globalement nous avons testé notre méthode sur 18 images Brainweb pondérées en T1 qui correspondent à une combinaison des différents niveaux de bruit (0, 1, 3, 5, 7, 9) et d’inhomogénéité (0%, 20%, 40%).

Un exemple des résultats obtenus pour la matière blanche (MB), la matière grise (MG) et le liquide céphalo rachien (LCR) sur une image avec 3% de bruit et 20% d’inhomogénéité est montré sur la figure 5.2.

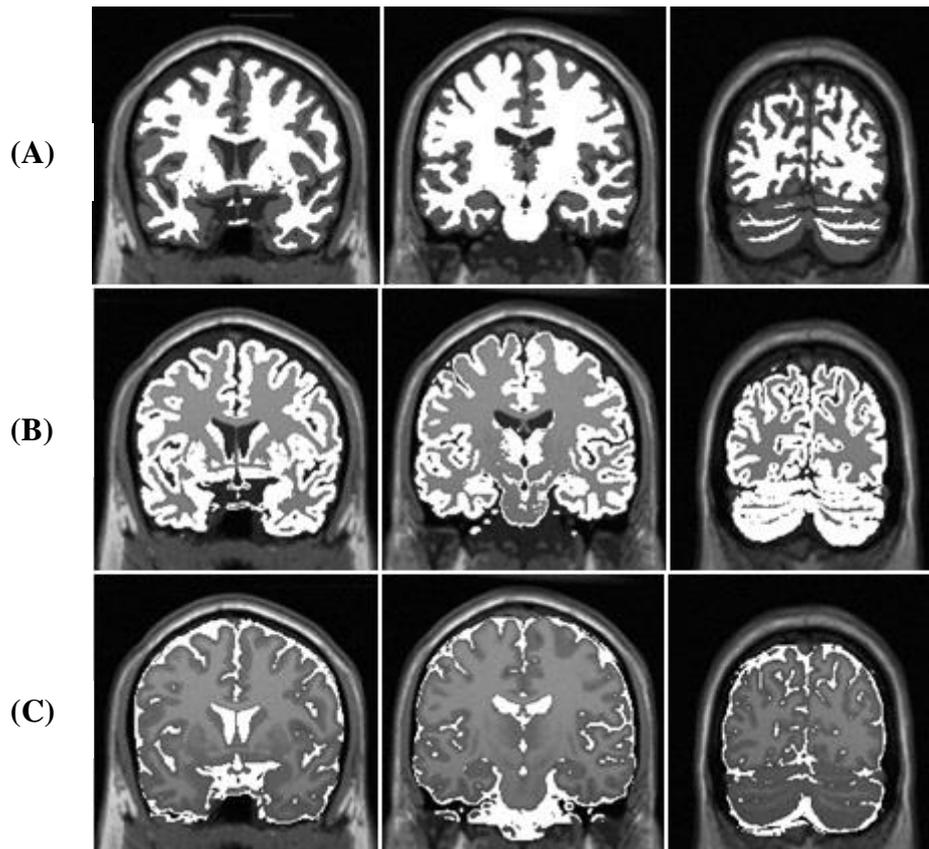


Figure 5. 2 – Résultats de segmentation de la matière blanche (A), la matière grise (B) et le liquide Céphalo-rachidien (C) en utilisant notre méthode sur des volumes T1 simulés (bruit=3%, Inhomogénéité =20%)

Les résultats obtenus sont très satisfaisants dans les différentes situations: (1) dans le cas le plus simple avec les paramètres suivants: bruit=0%, 1%, et 3%, inhomogénéité =0%, (2) sur des images avec une quantité modérée de bruit=5%, 7% et d'inhomogénéité =20%, (3) sur des images très bruitées (images avec 9% de bruit) et (4) dans la présence des inhomogénéités extrêmes (images avec 40% d'inhomogénéités), (5) les résultats obtenus sont aussi très bons dans la situation la plus difficile avec les paramètres suivants: bruit=9%, inhomogénéité=40%, il faut noter qu'un tel niveau d'inhomogénéité est considéré comme le niveau maximum obtenu avec les scanners modernes.

Afin d'évaluer quantitativement les résultats de segmentation, la mesure DSC a été calculée. Les résultats quantitatifs de la méthode proposée en termes de DSC pour différents niveaux de bruit (0%, 1%, 3%, 5%, 7%, 9%) et d'inhomogénéité (0%, 20%, 40%) sont présentés sur la figure 5.3.

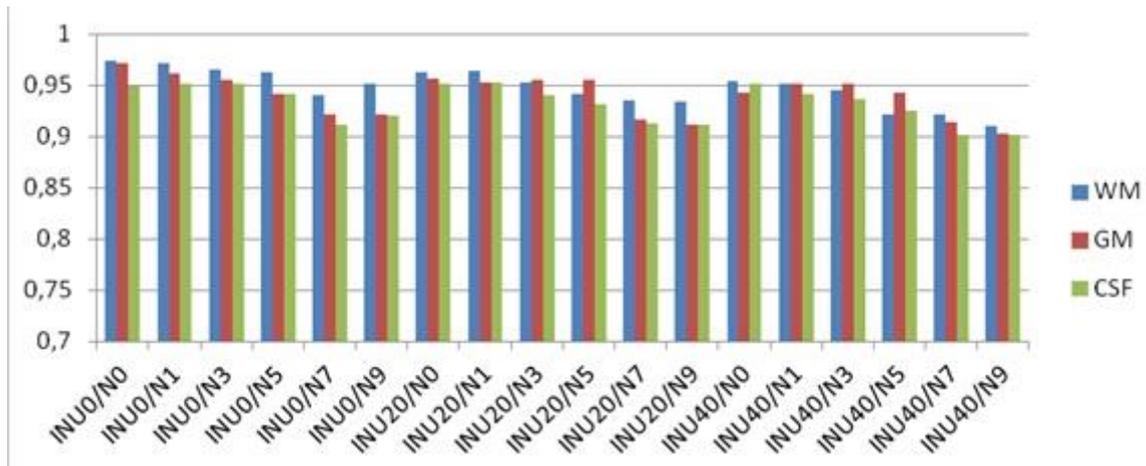


Figure 5. 3 - Evaluation de la méthode proposée sur dix-huit images BrainWeb, pour différentes valeurs de bruit et d'inhomogénéité. Par exemple "INU20 / N3" signifie "image avec 3% de bruit et 20% d'inhomogénéité". Les valeurs DSC correspondantes sont montrées pour la matière blanche, la matière grise et le liquide céphalo-rachidien.

Les résultats quantitatifs sur la figure 5.3 ont montré une très bonne ressemblance entre la vérité terrain fournie par Brainweb et les résultats de segmentation de la méthode proposée exprimée par des valeurs élevées de DSC, et ont montré aussi en moyenne pour tous les niveaux de bruit et d'inhomogénéité que la méthode proposée a atteint des résultats de segmentation toujours précis pour MB, MG et LCR.

Les valeurs de DSC moyennes pour toutes les expériences est de 0,947 pour la MB, 0,94 pour la MG et 0,932 pour le LCR avec un écart-type de 0,0176, 0,0196 et 0,0178 pour la MB, MG et le CSF, respectivement. Selon Zijdenbos [Zijdenbos 1994] une valeur de DSC > 0,7 indique un excellent accord; notre méthode a la performance souhaitée pour la segmentation des tissus cérébraux.

Les résultats quantitatifs montrent que notre méthode fonctionne bien pour la segmentation des trois structures même pour des images avec des niveaux élevés de bruit et d'inhomogénéité. A partir de ces résultats, nous avons également constaté que, parce que notre méthode compense les inhomogénéités d'intensité et l'effet de volume partiel, la variation du paramètre d'inhomogénéité dans la simulation a eu peu d'impact sur les résultats, même à des niveaux de bruit plus élevés. Dans l'ensemble, nous concluons de ces résultats quantitatifs que notre méthode est robuste au bruit et aux inhomogénéités de champ.

5.5.1 Comparaison avec d'autres techniques

Dans cette section, la méthode proposée pour la segmentation des structures cérébrales est comparée à diverses techniques. Nous comparons d'abord notre méthode avec les méthodes floues FCM classique [Bezdek 1980] et la méthode FANTASM [Pham 2001] [Han 2004], nous comparons également la méthode proposée avec BGFMM [Baghdadi 2010], aussi avec d'autres techniques: GA-EM [Tohka 2007], eHMRF [Zhang 2012], HMRF-CSA [Zhang 2013].

La figure 5.4 montre la comparaison de notre méthode avec ces différentes méthodes sur 18 expériences pour différents niveaux de bruit (0%, 1%, 3%, 5%, 7%, 9%) et d'inhomogénéité (0%, 20%, 40%). Les résultats moyens obtenus pour les différentes méthodes sont présentés dans le tableau 5.1. Comme on peut l'observer à partir du tableau 5.1, la méthode proposée fournit des résultats de préférence notables par rapport aux autres techniques exprimées en termes de moyenne et d'écart-type. Cette comparaison vérifie la haute performance et la robustesse de la méthode proposée.

Nous comparons ensuite notre méthode avec les trois outils de segmentation des tissus cérébraux largement utilisés: FAST (FMRIB's Automated Segmentation Tool) [Zhang 2001] [Bricq 2008] de FSL (FMRIB Software Library, dans <http://fsl.fmrib.ox.ac.uk/fsl/>) [Kikinis 1996], SPM8 (Statistical Parametric Mapping, dans <http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/software/spm8/>) [Ashburner 2005] [Tzourio-Mazoyer 2002] [Van Leemput 1999] et FreeSurfer [Fischl 2002] [Fischl 2004]. FAST utilise la méthode du champ aléatoire de Markov et de la méthode EM [Zhang 2001] pour la segmentation des tissus. SPM (Statistical Parametric Mapping) est un logiciel qui fonctionne sous MatLab et qui est conçu pour effectuer une segmentation de la matière grise, la matière blanche et le LCR. Il est basé sur un algorithme de classification de modèles de mélange GMM qui a été étendu pour inclure des cartes de probabilité. FreeSurfer utilise un algorithme de segmentation automatique, qui segmente le cerveau en une série de structures corticales et sous-corticales, mais il est également utilisé pour la segmentation de la MB, MG et du LCR.

La précision de segmentation obtenue par ces trois outils de segmentation et notre méthode est présentée sur la figure 5.5, elle montre l'évaluation réalisée sur dix-huit images de BrainWeb, pour 0%, 1%, 3%, 5%, 7% et 9% de bruit avec 0%, 20% et 40% d'inhomogénéité pour chaque niveau de bruit. Les résultats moyens obtenus sur les 18 images pour chaque tissu (MB, MG et LCR) sont rapportés dans le tableau 5.2. On peut observer à partir de ces

résultats que le DSC obtenu par notre méthode est globalement plus élevé qu'avec les 3 autres techniques.

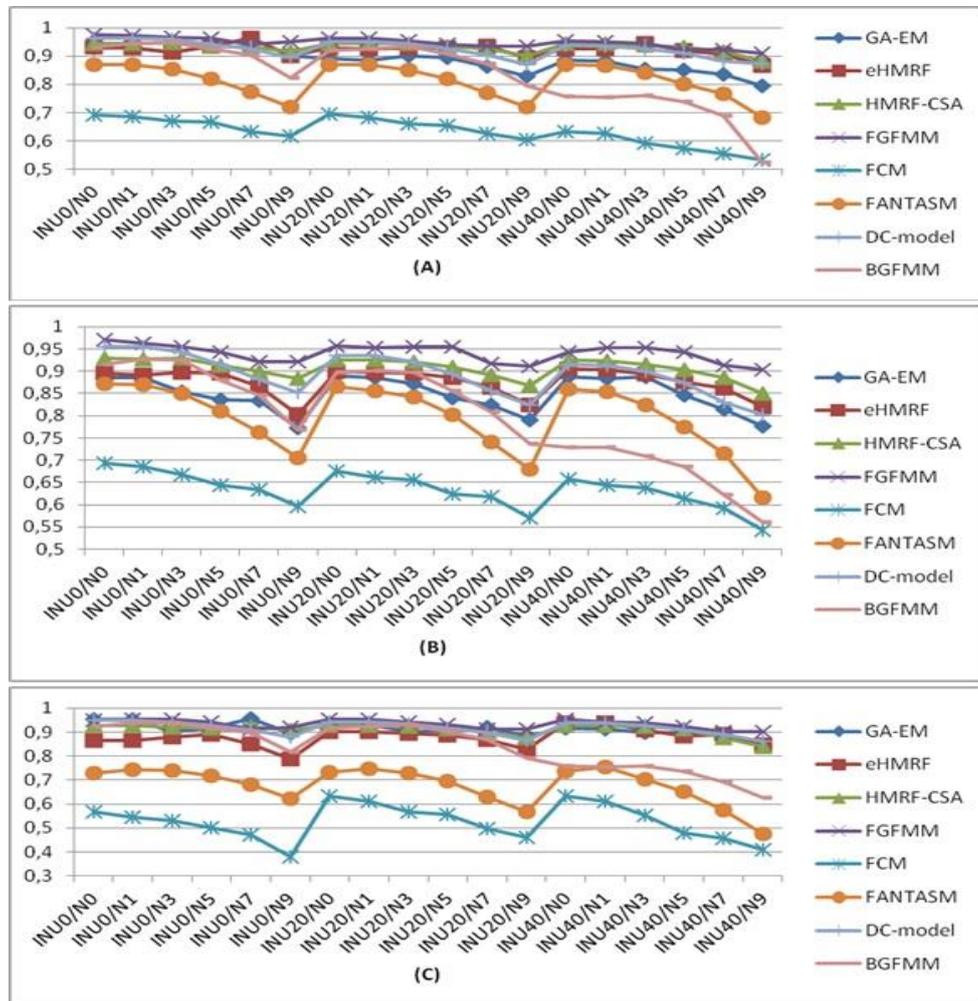


Figure 5. 4 - Évaluation de la méthode proposée et comparaison avec d'autres méthodes sur dix-huit volumes de BrainWeb pour différentes valeurs de bruit et d'inhomogénéité. Les valeurs de DSC correspondantes sont montrées pour (A) MB, (B) MG et (C) LCR

Méthodes	Moyenne (MB)	E-type (MB)	Moyenne (MG)	E-type (MG)	Moyenne (LCR)	E-type (LCR)
GA-EM	0.885	0.040	0.848	0.038	0.910	0.027
eHMRF	0.922	0.020	0.876	0.030	0.879	0.035
HMRF-CSA	0.931	0.017	0.906	0.022	0.911	0.023
FCM	0.633	0.046	0.634	0.039	0.525	0.071
FANTASM	0.812	0.059	0.794	0.073	0.679	0.075
DC-model	0.925	0.029	0.894	0.044	0.917	0.027
BGFMM	0.836	0.111	0.799	0.108	0.838	0.095
FGFMM	0.947	0.017	0.940	0.019	0.932	0.017

Tableau 5. 1 - Moyenne et écart-type (E-type) du coefficient de similarité DSC de différentes méthodes de l'état art et notre méthode de segmentation pour différentes valeurs de bruit (0%, 1%, 3%, 5%, 7%, 9%) et d'Inhomogénéité (0%, 20% , 40%)

Méthodes	Moyenne (MB)	E-type (MB)	Moyenne (MG)	E-type (MG)	Moyenne (LCR)	E-type (LCR)
SPM8	0.922	0.048	0.928	0.017	0.910	0.024
FAST/FSL	0.827	0.058	0.829	0.026	0.675	0.031
Freesurfer	0.852	0.005	0.799	0.004	0.501	0.002
FGFMM	0.947	0.017	0.940	0.019	0.932	0.017

Tableau 5. 2 - Moyenne et écart-type (E-type) du coefficient de similarité DSC pour SPM8, FAST/FSL, et Freesurfer et notre méthode de segmentation pour différentes valeurs de bruit (0%, 1%, 3%, 5%, 7%, 9%) et d'Inhomogénéité (0%, 20% , 40%)

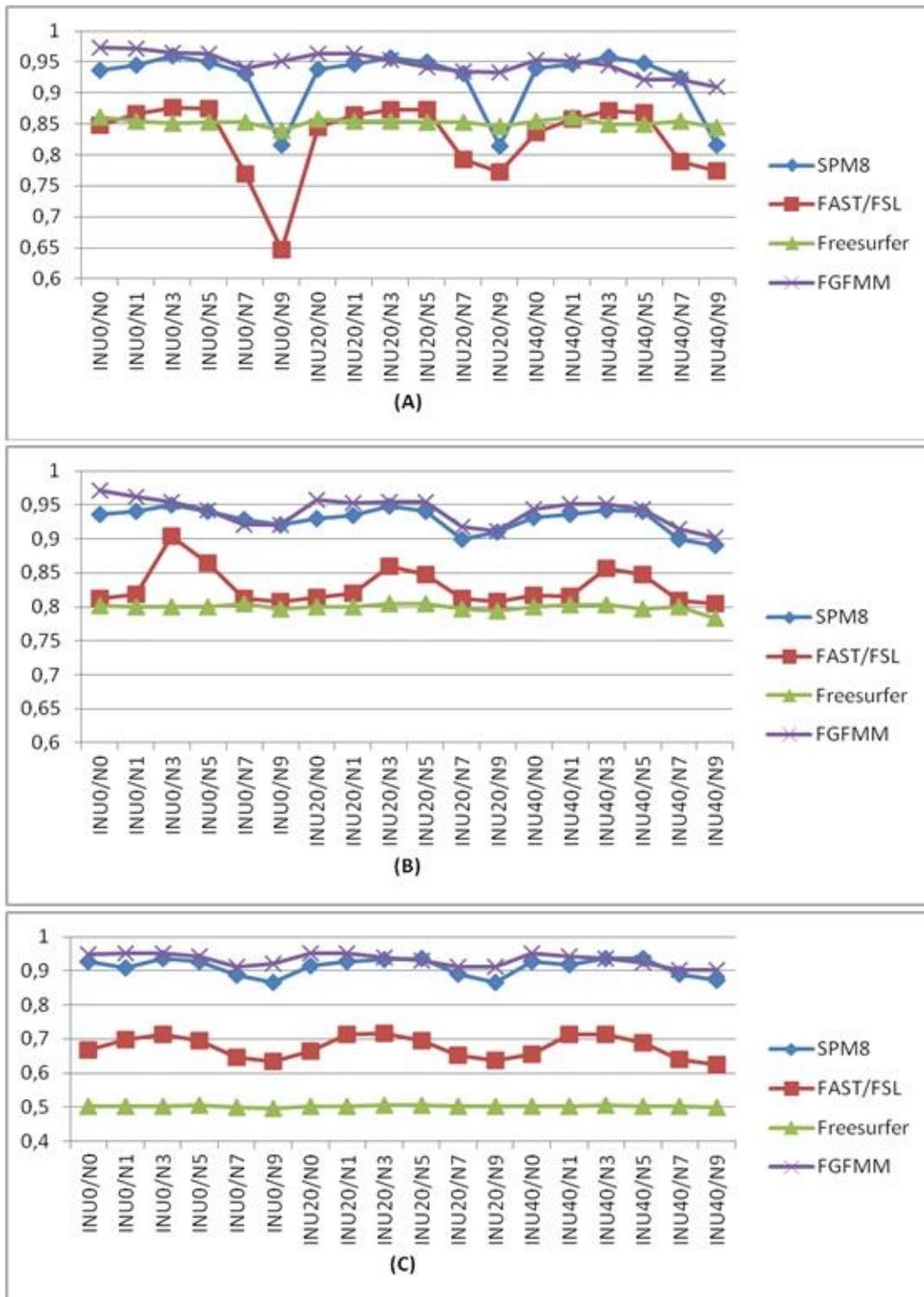


Figure 5. 5 - Évaluation de la méthode proposée et comparaison avec SPM8, FAST / FSL et Freesurfer sur dix-huit volumes BrainWeb, pour différentes valeurs de bruit et d'inhomogénéité. Les valeurs de DSC correspondantes sont montrées pour (A) MB, (B) MG et (C) LCR

A partir de ces résultats, nous pouvons également conclure que notre méthode est plus robuste au bruit et aux inhomogénéités de champ et qu'elle est en moyenne plus performante que les trois autres méthodes pour les différents niveaux de bruit et d'inhomogénéité. Nous remarquons également à partir de ces résultats que SPM, FSL et Freesurfer ne sont pas très influencés par les inhomogénéités de champ cela est due aux algorithmes de correction de biais implémentés dans ces outils de segmentation, mais ils sont tous influencés par le bruit. Nous observons également que les meilleurs résultats pour les trois outils de segmentation (en particulier pour SPM et FSL) ont été obtenus en utilisant des images simulées avec un niveau de bruit modéré (3%, 5%), par opposition aux images sans bruit. Ceci est également noté par Ferreira da Silva [Ferreira da Silva 2007] et Tsang [Tsang 2008] puisque le bruit d'imagerie est une partie inévitable de l'acquisition d'image, mais pour des valeurs de bruit supérieures à 5% la performance de ces trois méthodes diminuent considérablement et donnent des valeurs de DSC inférieures à notre méthode. Nous notons également que la performance de ces 3 outils de segmentation n'est pas bonne pour la segmentation du LCR en particulier pour Freesurfer alors que notre méthode donne de bons résultats pour ce type de tissu.

Comme une faible variabilité d'inhomogénéité a été observée pour SPM, FSL, Freesurfer et aussi pour notre méthode, la Figure 5.6 montre seulement la variation des résultats sur les différents niveaux de bruit, les valeurs représentées de cette figure correspondent à la moyenne sur tous les niveaux d'inhomogénéité (0%, 20% et 40%) pour chaque niveau de bruit. On déduit de la figure 5.6 que la méthode proposée permet d'obtenir une meilleure précision dans la segmentation de chaque tissu cérébral dans la plupart des images. FGFMM apparaît plus robuste au bruit que les autres techniques, d'ailleurs, avec la croissance de bruit, la précision de l'algorithme proposé se dégrade moins que la précision de SPM, FSL et Freesurfer. Ces résultats démontrent qu'en plus de son efficacité vis-à-vis de l'inhomogénéité, la méthode proposée a une meilleure capacité de résistance à l'impact du bruit.

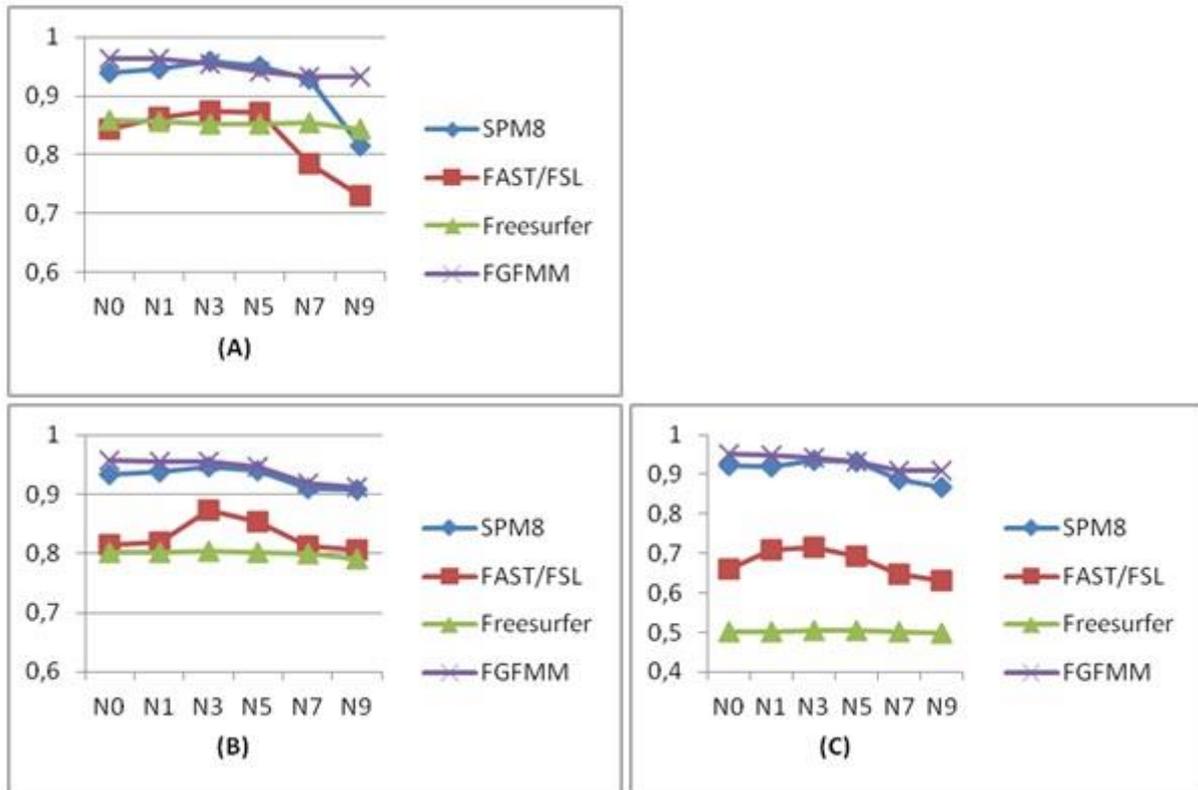


Figure 5. 6 - Évaluation de la méthode proposée et comparaison avec SPM8, FAST / FSL et Freesurfer. Cette figure montre la variation des résultats sur les différents niveaux de bruit (les valeurs représentées sur cette figure correspondent à la moyenne sur tous les niveaux d'inhomogénéité pour chaque niveau de bruit). Les valeurs de DSC correspondantes sont montrées pour (A) MB, (B) MG et (C) LCR

Notons à la fin que le temps de calcul dans toutes les expériences sur l'ensemble de données Brainweb ne dépasse pas une minute pour les trois tissus (MB, MG et LCR). Ce temps de calcul concerne donc la construction de la carte floue, le calcul de la fonction d'évolution et l'évolution du modèle jusqu'à l'obtention du résultat final. Ce temps est très faible compte tenu de la grande taille et la forme complexe de ces trois structures et également par rapport aux méthodes de l'état de l'art dans la plupart des cas prennent plus de temps.

5.6 Validation de la méthode proposée (FGFMM) sur des volumes IRM réels

Pour évaluer la performance de notre méthode dans diverses conditions, nous avons utilisé des données IRM réelles pondérées en T1 et les résultats de segmentation de la méthode

proposée ont été comparés avec des images segmentées manuellement. L'évaluation quantitative est effectuée en calculant l'indice de similarité DSC. Nous comparons également notre méthode avec les méthodes de l'état de l'art et avec les trois outils de segmentation populaires: SPM, FSL et Freesurfer. Les données cérébrales et leurs segmentations manuelles correspondantes proviennent de l'Internet Brain Segmentation Repository (IBSR, Version 2.0), fourni par le Center for Morphometric Analysis du Massachusetts General Hospital et est disponible à l'adresse <http://www.cma.mgh.harvard.edu/ibsr/> ".

Le but de la base d'images IBSR est d'encourager le développement et l'évaluation des méthodes de segmentation en fournissant des 'images de test et des résultats de segmentation manuels. Les données sont composées de 18 volumes IRM cérébraux pondérés en T1 à haute résolution avec des segmentations d'experts. La résolution de chaque volume est de $256 \times 256 \times 128$ voxels. La taille du voxel est de $0,9375 \times 0,9375 \times 1,5 \text{ mm}^3$ pour 8 volumes, de $1,0 \times 1,0 \times 1,5 \text{ mm}^3$ pour 6 volumes et de $0,8371 \times 0,8371 \times 1,5 \text{ mm}^3$ pour 4 volumes. Tous les volumes de cet ensemble de données ont été transformés en convention radiologique au préalable en se basant sur les informations d'orientation obtenues de l'IBSR.

Nous avons utilisé le jeu de données IBSR Version 2.0 pour les raisons suivantes: 1) il est de bonne qualité, 2) la présence de la segmentation manuelle de plusieurs structures, cette segmentation manuelle est utilisée pour l'évaluation quantitative de nos résultats et 3) ce jeu de données a été largement utilisé pour l'évaluation dans divers articles (voir: <http://www.cma.mgh.harvard.edu/ibsr/PubsUsingIBSR.html>), ce qui nous permet de comparer directement nos résultats avec ceux rapportés dans les différents travaux .

Pour montrer l'efficacité et la robustesse de notre méthode, nous l'appliquerons à plusieurs types de cibles (structures). Chaque cible a ses propres caractéristiques; cela nous permet de montrer tous les avantages de notre méthode. Les cibles traitées sont les suivantes:

- Les tissus cérébraux (matière blanche, matière grise).
- Le cerveau tout entier et les ventricules cérébraux.
- Les hémisphères cérébraux et le cervelet.

5.6.1 Segmentation des tissus cérébraux (matière blanche, matière grise)

La segmentation des tissus sur des IRM cérébrales est un problème médical réel, dont les applications sont variées. En particulier, l'analyse de la modification du volume occupé par

les différents tissus d'un patient au cours du temps peut permettre de mieux comprendre certaines pathologies, comme la sclérose en plaques.

Notre méthode FGFMM a été initialement testée pour la segmentation des tissus cérébraux (matière blanche et matière grise). Pour ces séries d'expériences, nous avons utilisé FGFMM avec une seule carte d'information (carte floue), et la segmentation a été initialisée avec un petit cube situé à l'intérieur de la cible de segmentation (matière blanche ou matière grise). Notons que comme les segmentations d'experts de la base IBSR n'incluent que le LCR interne alors que notre méthode segmente également le LCR externe (CSF sulcal), nous ne rapportons pas les résultats pour le liquide céphalo-rachidien.

Un exemple des résultats sur l'ensemble de données de la base IBSR est visible sur les figures 5.7 et 5.9 pour la segmentation de la matière blanche et la matière grise respectivement, et leurs différentes vues 3D sont montrées sur les figures 5.8 et 5.10. La méthode donne généralement des résultats satisfaisants pour tous les sujets de la base IBSR. Les deux structures étaient bien segmentées, en particulier dans les zones sensibles situées entre la matière grise et la matière blanche et entre la matière grise et le liquide céphalo-rachidien. La partie externe de la matière grise et la partie interne de la matière blanche proche des cornes des ventricules sont toutes les deux correctement segmentées.

Nous avons aussi évalué la méthode proposée en calculant le DSC entre la segmentation manuelle de chaque tissu fourni avec l'ensemble de données IBSR, considéré comme vérité de terrain, et notre méthode FGFMM. Les valeurs obtenues pour les 18 volumes traités pour chaque tissu sont présentées sur la figure 5.11. Ici encore, nous observons que la segmentation des deux structures donne de bons résultats pour tous les volumes de l'ensemble de données IBSR, traduites par des valeurs de DSC supérieures à 0.85 pour MB, et 0,83 pour MG.

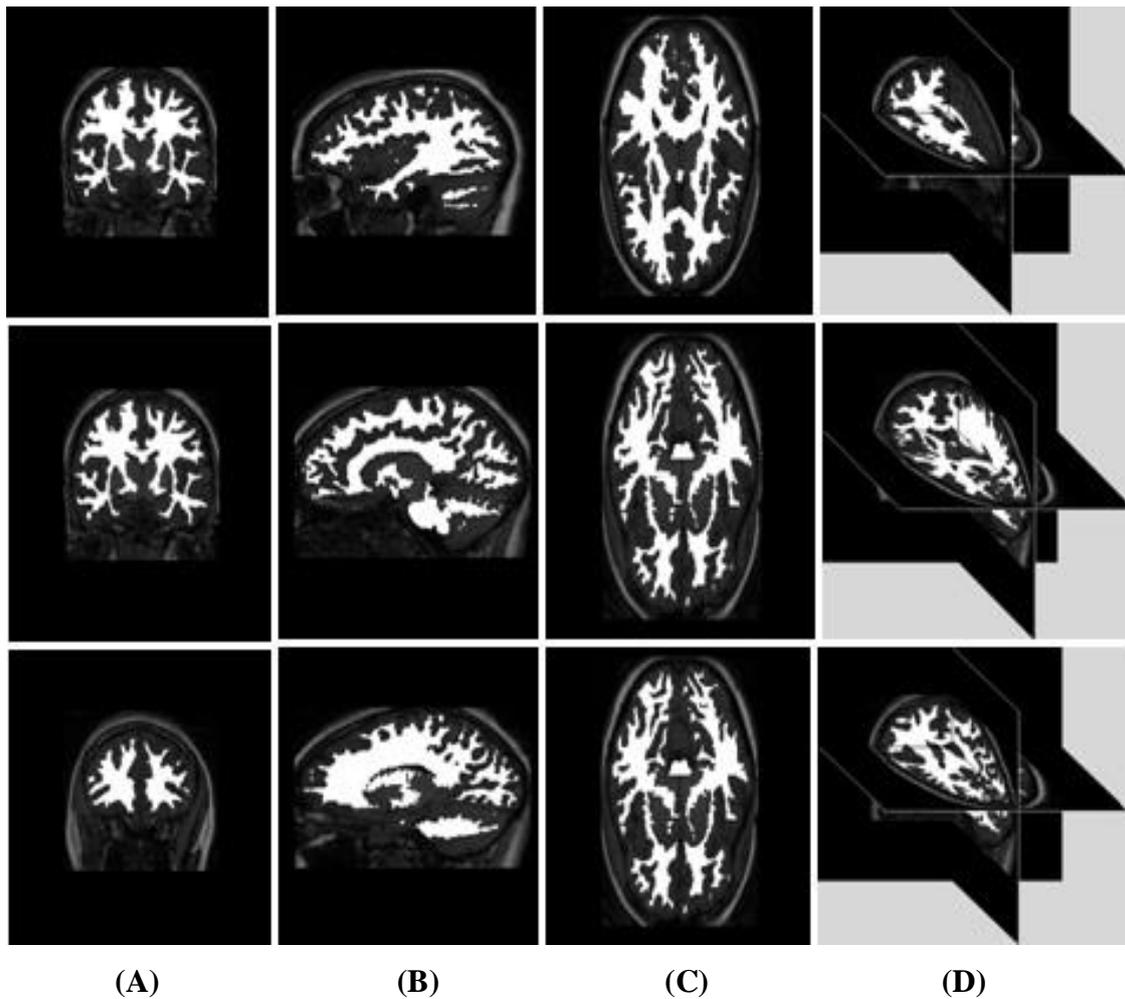


Figure 5. 7 - Résultats de la segmentation de la matière blanche pour un sujet de la base IBSR. Les trois premières colonnes (A) , (B), et (C) montrent des coupes coronales, sagittales et axiales, respectivement. La dernière colonne (D) montre une vue 3D du résultat (trois coupes). La surface de la matière blanche est présentée en couleur blanche.

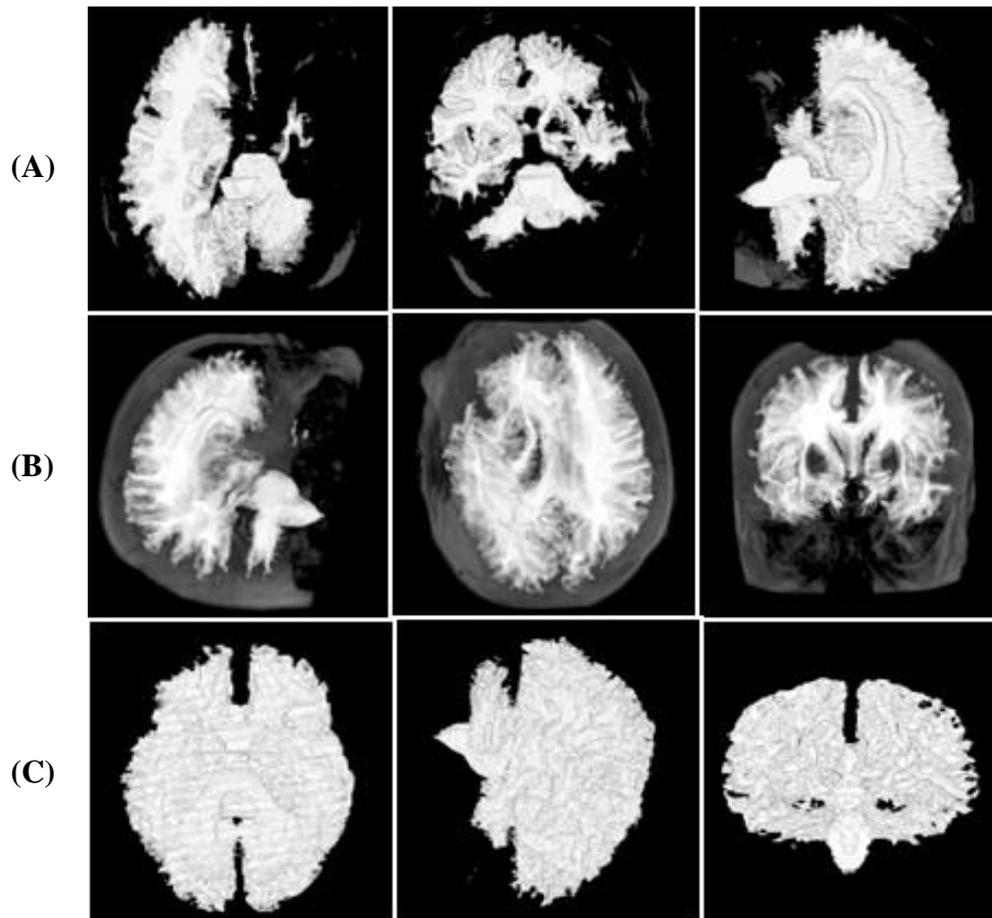


Figure 5. 8 - Vue 3D des résultats de la segmentation de la matière blanche pour un sujet de la base IBSR. (A), (B) et (C) présentent des méthodes de visualisation différente.

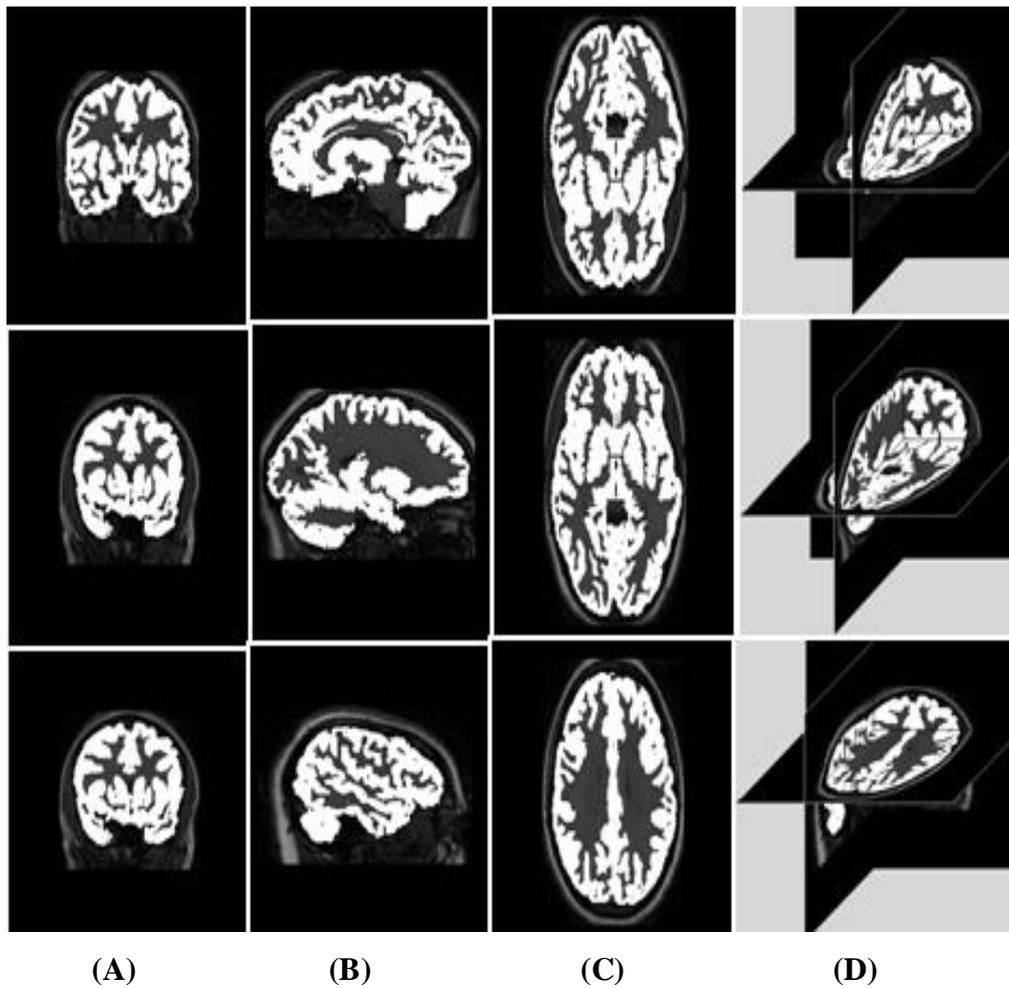


Figure 5. 9 - Résultats de la segmentation de la matière grise pour un sujet de la base IBSR. Les trois premières colonnes (A), (B) et (C) montrent des coupes coronales, sagittales et axiales, respectivement. La dernière colonne (D) montre une vue 3D du résultat. La surface de la matière grise est présentée en couleur blanche.

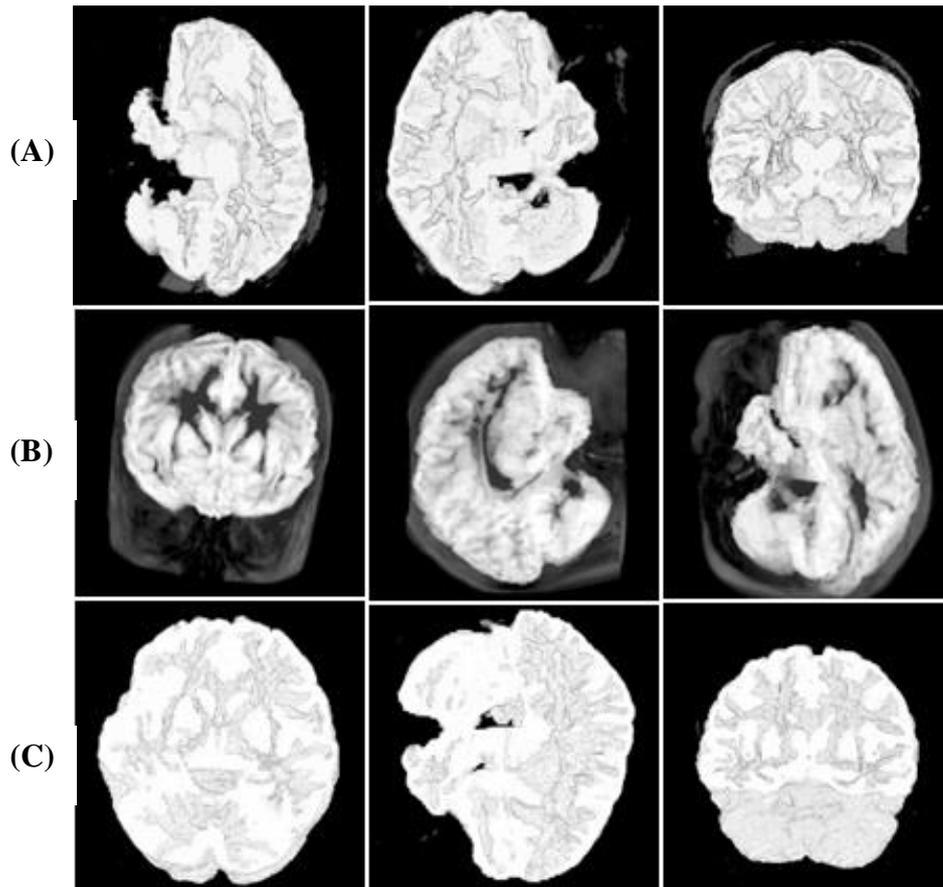


Figure 5. 10 - Vue 3D des résultats de la segmentation de la matière grise pour un sujet de la base IBSR. (A), (B) et (C) présentent trois méthodes de visualisation 3D différentes.

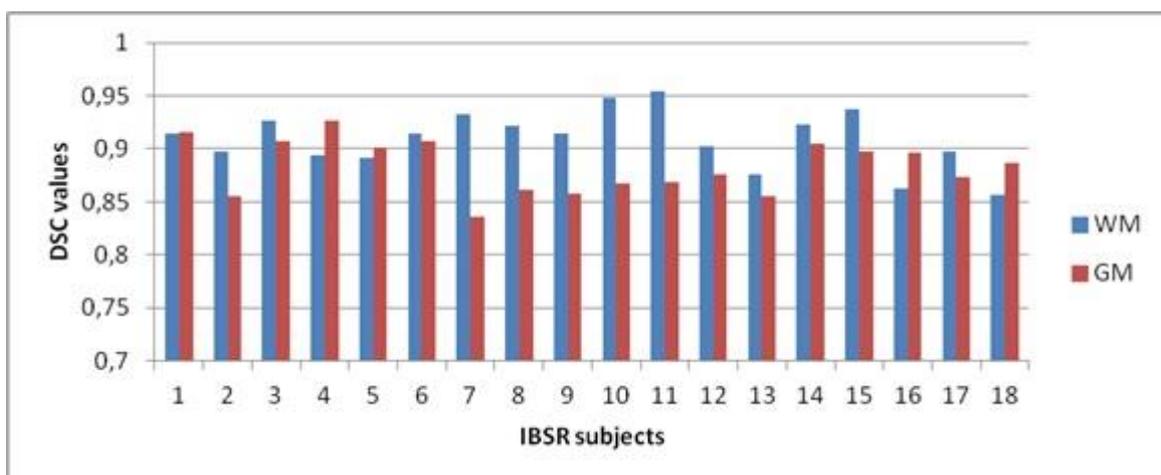


Figure 5. 11 - Evaluation de la méthode proposée sur 18 images de la base IBSR pour la segmentation de la matière blanche (MB) et la matière grise (MG)

Nous comparons ensuite la méthode proposée avec deux groupes de méthodes: Le premier groupe contient la méthode GFMM bayésienne [Baghdadi 2010] et la méthode GA-EM [Tohka 2007] qui sont basées sur un modèle Bayésien, avec certaines techniques floues en particulier FCM [Bezdek 1980], FANTASM [Pham 2001] [Han 2004], avec des techniques qui sont basées sur le modèle markovien: eHMRF [Zhang 2012], HMRF-CSA [Zhang 2013]. Et enfin avec la méthode D-C [Zhang 2012] qui repose, comme notre méthode, sur un modèle déformable géométrique.

Les valeurs de DSC de ces méthodes obtenues pour chaque image de l'ensemble de données IBSR sont montrées sur la figure 5.12 et leur moyenne est comparée dans le tableau 5.3. D'après les mesures du tableau 5.3 et de la figure 5.12, la méthode proposée donne de meilleurs résultats pour MB et MG que les autres méthodes de l'état de l'art (à la fois en termes de valeur moyenne et d'écart-type).

Nous pouvons aussi remarquer que FGFMM améliore les résultats de segmentation par rapport à la méthode GFMM Bayésienne. La comparaison entre FGFMM et GFMM bayésienne montre que l'utilisation d'un modèle flou dans l'étape préliminaire (FGFMM) au lieu d'un modèle bayésien conduit à des améliorations significatives notamment pour les zones entre MG et MB. La figure 5.13 fournit une illustration de ces améliorations. Les différences observées peuvent être dues au phénomène de volume partiel entre MG et MB (également entre MG et LCR) qui peut cependant être correctement traité par FGFMM.

De plus, nous observons que les résultats du FGFMM résolvent plus clairement les structures fines, en particulier dans les frontières entre les ventricules et la MG, et autour des sillons corticaux. Certaines de ces améliorations sont représentées par les vues agrandies des figures 5.13 (g) et 5.13 (f), par rapport à la vérité terrain de la figure 5.13 (e). Ces différences majeures proviennent de deux points:

- Dans FGFMM, nous utilisons une fonction d'évolution basée sur les termes d'appartenance floue au lieu des termes de probabilité dans le cas de GFMM Bayésienne.
- Dans GFMM Bayésienne la méthode AFCM est utilisée pour calculer les termes de probabilité (rappelons que l'AFCM sépare les niveaux de gris présents dans l'image en différentes classes et non les valeurs de chaque voxel) ce qui peut diminuer la performance du résultat dans l'étape préliminaire et par conséquent de la méthode GFMM Bayésienne (puisque le modèle d'évolution dépend des résultats obtenus à l'étape préliminaire).

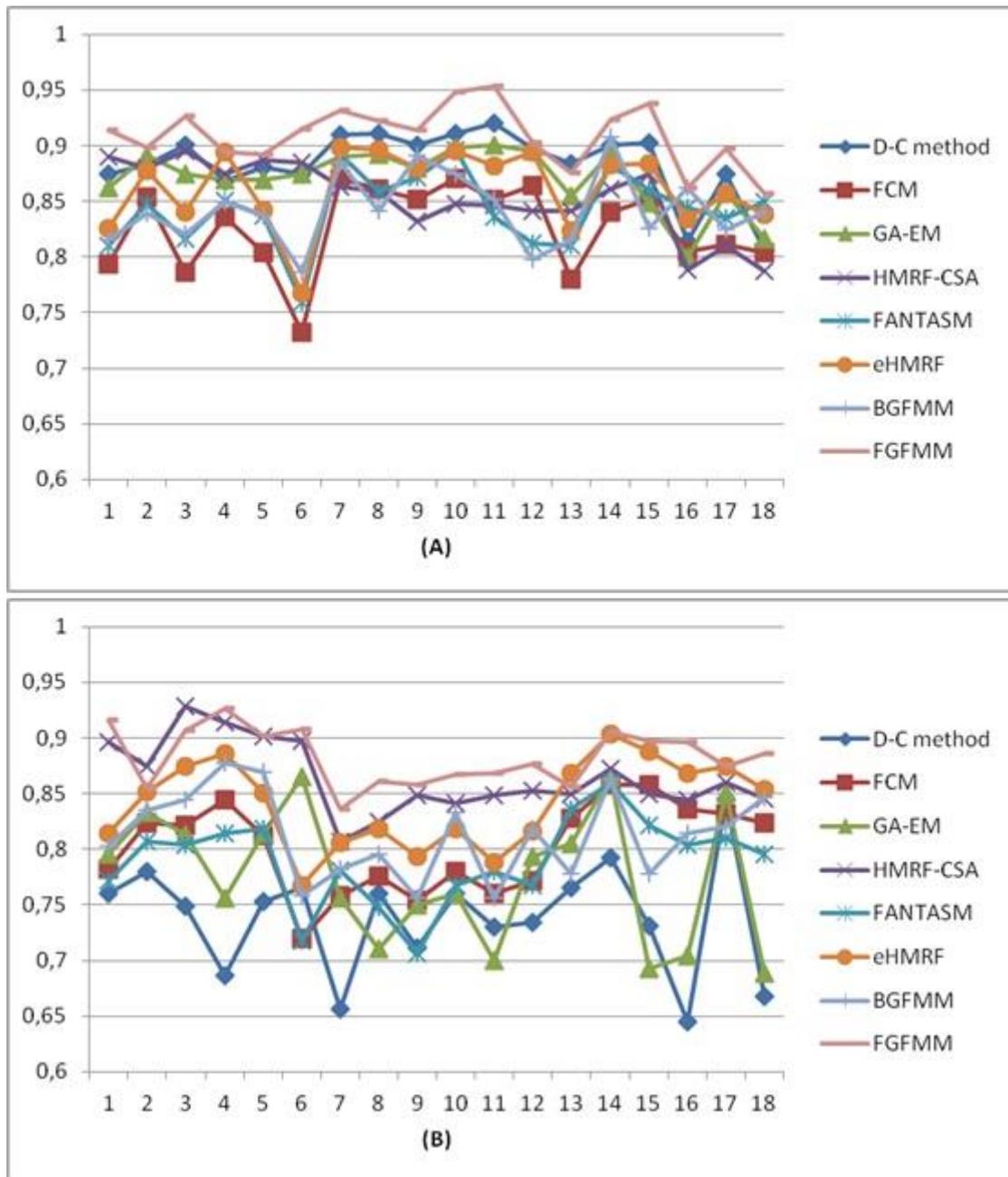


Figure 5. 12 - Evaluation de la méthode proposée et comparaison avec différentes méthodes de l'état de l'art sur 18 volumes de la base IBSR. Les valeurs de DSC correspondantes sont montrées pour (A) MB, et (B) MG

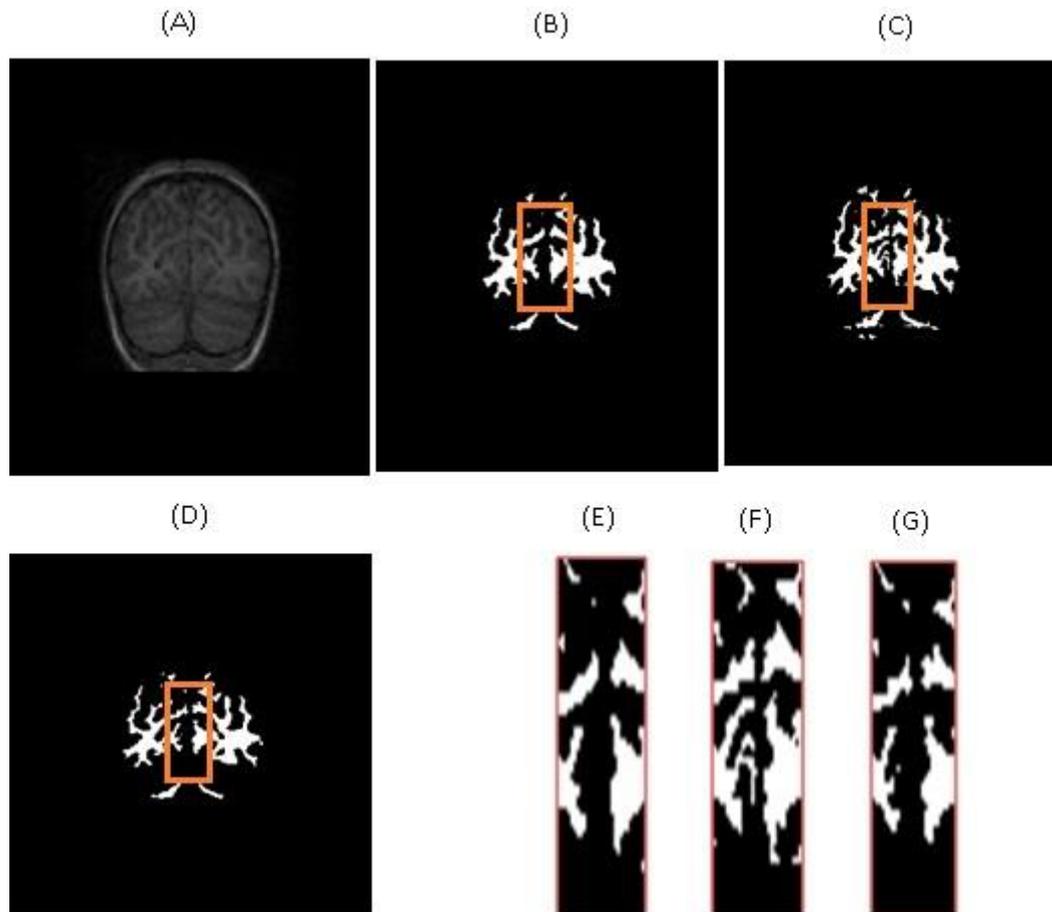


Figure 5. 13 - Résultats de segmentation de la matière blanche sur une image de la base IBSR (volume 13, coupe coronale 22). (a) image originale, (b) zoom sur la vérité terrain de la segmentation IBSR, (c) segmentation par GFMM Bayésienne, (d) segmentation par FGMM, (e) zoom sur la vérité terrain de la segmentation IBSR, (f) zoom sur la segmentation par GFMM Bayésienne, (g) zoom sur la segmentation par FGMM

Méthodes	Moyenne (MB)	E-type (MB)	Moyenne (MG)	E-type (MG)
D-C method	0.884	0.029	0.738	0.049
FCM	0.825	0.037	0.802	0.039
GA-EM	0.870	0.026	0.775	0.058
HMRFCSA	0.853	0.031	0.864	0.031
FANTASM	0.842	0.032	0.789	0.037
eHMRFC	0.861	0.034	0.841	0.038
GFMM Bayesienne	0.842	0.031	0.812	0.038
FGFMM	0.909	0.026	0.883	0.024

Tableau 5. 3 - Valeurs moyennes et écarts types (E-type) du Coefficient de similarité DSC des différentes méthodes de l'état de l'art et notre méthode de segmentation pour MB et MG sur l'ensemble de données IBSR

Le deuxième groupe de comparaison contient les trois outils de segmentation, Statistical Parametric Mapping (SPM 8), FAST / FSL et Freesurfer qui sont très largement utilisés dans la communauté de neuro-imagerie. Dans chaque algorithme, nous avons utilisé les paramètres par défaut suggérés.

Le DSC a été calculé pour la matière blanche et la matière grise et la moyenne des résultats obtenus sur les 18 images IBSR est présentée dans le tableau 5.4. La figure 5.14 compare la performance des différentes méthodes sur chaque image de l'ensemble de données IBSR. La méthode proposée a obtenu des DSC plus élevés que SPM8, FSL et Freesurfer pour la matière blanche et la matière grise. Le DSC pour la matière blanche se situe entre 0,856 et 0,953. La moyenne des 18 images est de 0,909 avec un faible écart-type. En ce qui concerne la matière grise, le DSC se situe entre 0,836 et 0,926, avec une moyenne de 0,883. Nous remarquons de ces résultats que la moyenne de DSC pour notre méthode est plus élevée que la moyenne obtenue avec les trois autres méthodes et un écart-type plus faible.

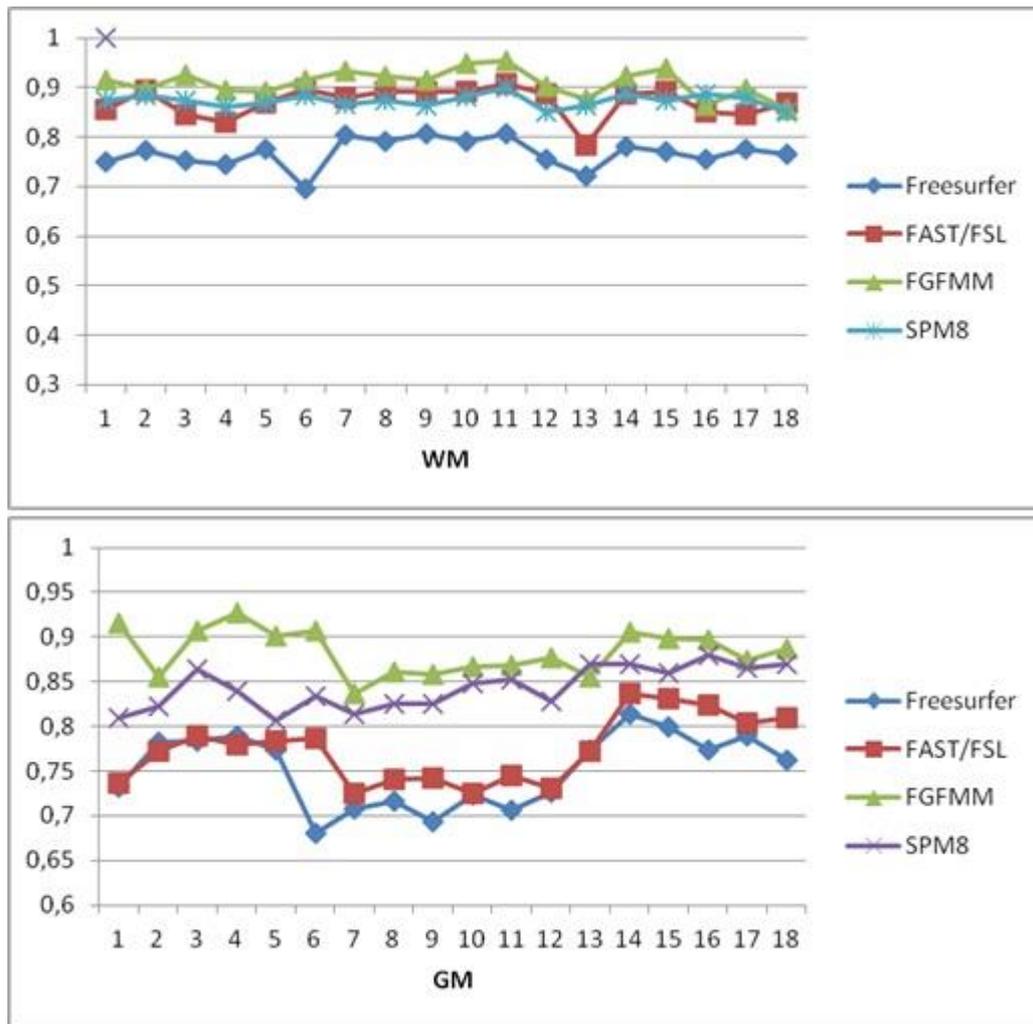


Figure 5. 14 - Évaluation de la méthode proposée et SPM8, FAST / FSL, Freesurfer sur 18 volumes de la base IBSR. Les valeurs de DSC correspondantes sont montrées pour (A) MB, (B) MG

Méthodes	Moyenne (MB)	E-type (MB)	Moyenne (MG)	E-type (MG)
Freesurfer	0.767	0.028	0.751	0.039
FAST/FSL	0.870	0.029	0.773	0.036
SPM8	0.873	0.012	0.843	0.022
FGFMM	0.909	0.026	0.883	0.024

Tableau 5. 4 - Moyennes et écarts-types (E-type) du coefficient de similarité DSC pour SPM8, FAST / FSL, Freesurfer et notre méthode pour la segmentation de MB et MG sur l'ensemble de données IBSR

5.6.2 Segmentation du cerveau tout entier et des ventricules latéraux

En raison de ses nombreuses circonvolutions, le cerveau est assez difficile à segmenter précisément. L'enveloppe cérébrale se distingue assez facilement sur les IRM pondérées en T1, car elle est entourée de liquide céphalo-rachidien qui apparaît sombre sur les images. En revanche, il peut arriver que cette couche de liquide soit très mince et donc que le cerveau apparaisse collé aux tissus non cérébraux proches du crâne ou du cou. La segmentation du cerveau est un problème un peu différent de la segmentation des tissus. Les frontières du cerveau sont en général assez visibles en raison du LCR qui l'entoure et apparaît sombre sur les IRM pondérées en T1. C'est au niveau de l'intérieur des sillons que la segmentation est la plus délicate à effectuer, en raison de l'éclaircissement du LCR à cet endroit. Pour cette tâche très difficile donc, nous avons utilisé FGFMM, qui tient compte de cette variabilité et complexité de forme et de l'imprécision liées au phénomène de volume partiel.

La segmentation des ventricules latéraux du cerveau est aussi intéressante, car une segmentation précise peut être utile pour pouvoir étudier dans le temps une évolution du volume ventriculaire chez certains patients atteints de sclérose en plaques ou de maladie d'Alzheimer par exemple. Cependant au niveau application, cette tâche reste difficile à mener, en raison de plusieurs difficultés. La forme des ventricules est variable d'un sujet à l'autre. En particulier, sur certains volumes, les ventricules s'amincissent tellement à certains endroits que les cornes apparaissent très peu contrastées. Par ailleurs, dans ce cas il arrive que le troisième ventricule soit peu visible et plus clair que les ventricules latéraux, ce qui est favorable à la segmentation des ventricules latéraux seuls. En revanche, il est possible au contraire que non seulement le troisième ventricule apparaisse connecté aux ventricules latéraux, mais que le LCR situé entre le cerveau et le cervelet le soit également. De même, la membrane séparant les ventricules latéraux est plus ou moins visible selon les sujets. Pour pouvoir traiter ces différents cas sans avoir à régler manuellement les paramètres de segmentation pour chaque sujet de la base, il est donc nécessaire de disposer d'une méthode suffisamment flexible et robuste aux variations de forme et d'intensité, qui tient compte à la fois des informations de région et de gradient, c'est le cas pour notre FGFMM.

Plusieurs séries d'expériences ont été réalisées pour la segmentation du cerveau tout entier et des ventricules cérébraux. Puisque ces deux cibles ont des bordures claires caractérisées par un gradient de forte intensité, nous utilisons notre modèle flou enrichi d'informations de contour. Nous avons donc deux cartes d'information (carte floue et carte de contour).

L'évolution du modèle est gérée par l'ensemble des règles décrites dans la section 4.3.4, avec les paramètres $T1 = 0.5$ et $T2 = 0.90$. Ces deux paramètres sont fixés pour toutes les expériences.

Pour le cerveau tout entier, la segmentation a été initialisée avec un cube de taille $90 \times 90 \times 90$, et les classes d'intérêt (matière grise + matière blanche) sont automatiquement déterminées comme décrit dans la section 4.2.5. Un exemple des résultats obtenus est montré sur la figure 5.15.

Pour la segmentation des ventricules, le processus est le même que pour le cerveau, seule l'initialisation diffère. Dans ce cas, nous avons initialisé la méthode avec un cube situé grossièrement à l'intérieur des ventricules. Un exemple des résultats obtenus est montré sur la figure 5.16. Les résultats de segmentation pour le cerveau et les ventricules sont généralement bons. En particulier dans les zones sensibles où la segmentation est généralement délicate à effectuer, comme les sillons du cerveau et les contours des ventricules.

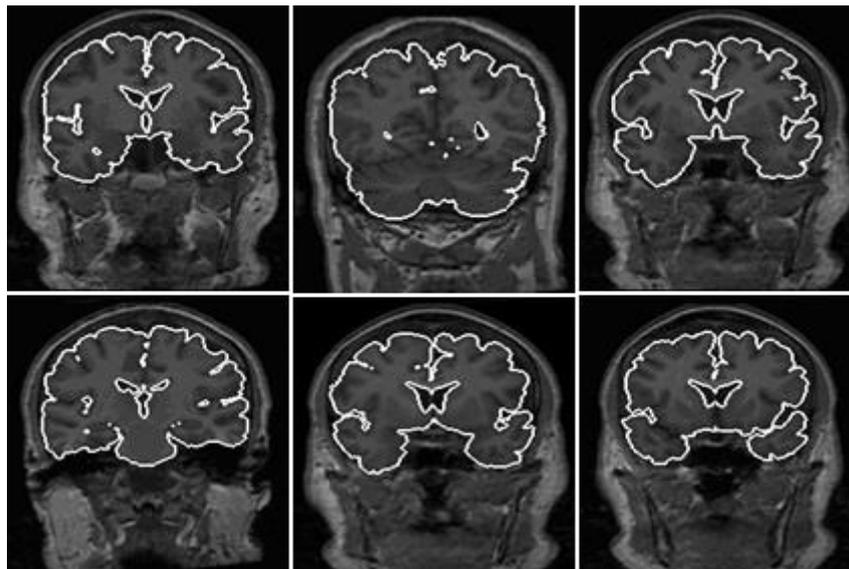


Figure 5. 15 - Différents Résultats de la segmentation du cerveau d'un sujet de la base IBSR. Chaque image présente une coupe différente du volume segmenté (vue coronale). Le contour du résultat de la segmentation apparaît en blanc

Afin d'évaluer quantitativement les résultats de la segmentation, la mesure DSC a été calculée. Les valeurs DSC obtenues pour 18 volumes de la base IBSR pour les ventricules et le cerveau sont présentées sur la figure 5.17. Nous observons sur la figure 5.17 que les valeurs DSC entre les résultats de segmentation et la vérité terrain pour le cerveau tout entier sont très

bonnes. Les valeurs DSC des ventricules sont inférieures à celles du cerveau, ce qui peut s'expliquer par le fait que les ventricules sont des structures de petite taille et par conséquent une petite erreur peut réduire considérablement les valeurs DSC, mais globalement les résultats sont également très bons pour les ventricules.

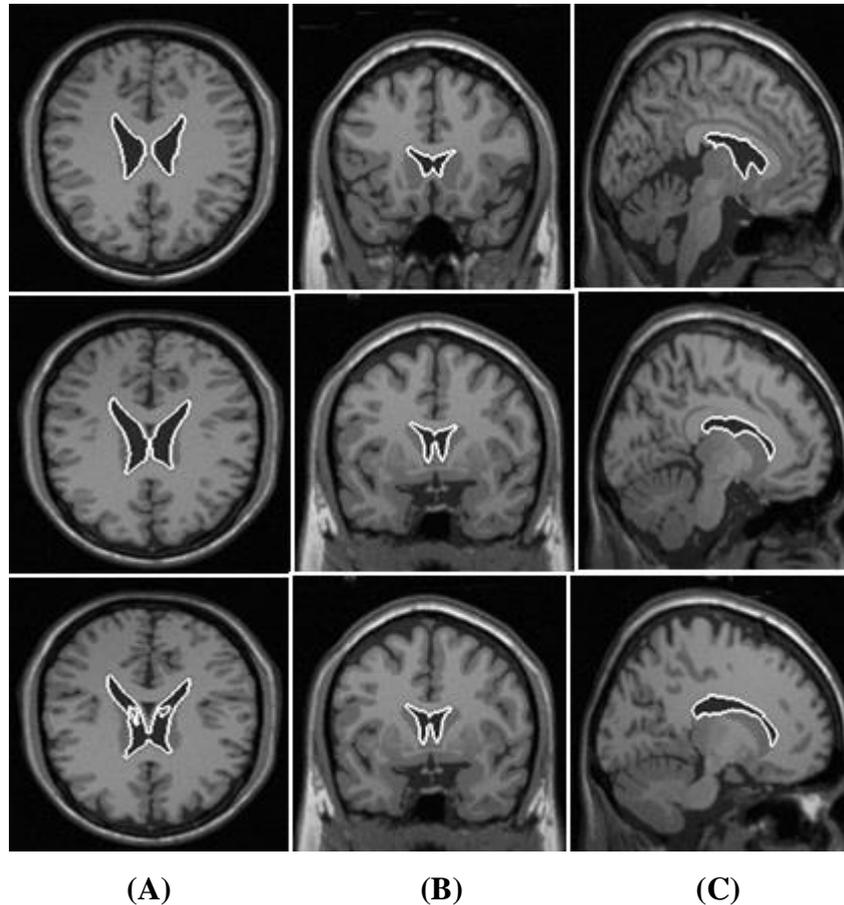


Figure 5. 16 - Résultats de la segmentation des ventricules latéraux. (A), (B) et (C) montrent respectivement des coupes axiales, coronales et sagittales. Le contour du résultat de la segmentation apparaît en blanc

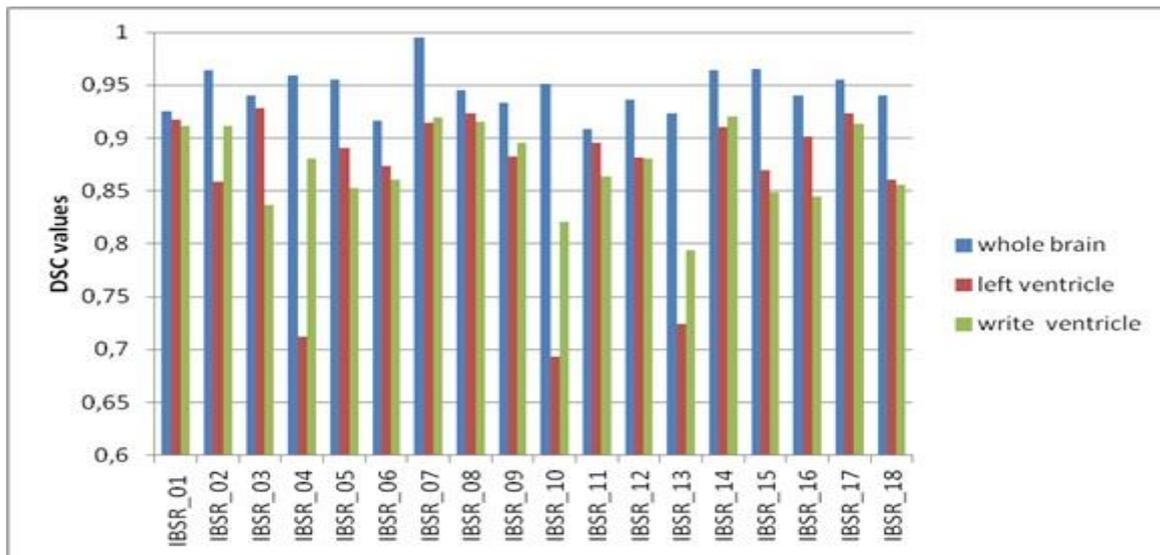


Figure 5. 17 - Evaluation de la méthode proposée sur 18 volumes IBSR pour la segmentation du ventricule gauche, du ventricule droit et du cerveau tout entier

Les résultats obtenus du cerveau tout entier ont été comparés aux trois outils de segmentation SPM8, FAST / FSL et Freesurfer en plus de la méthode GFMM Bayésienne [Baghdadi 2010]. L'évaluation quantitative de ces méthodes présentée sur la figure 5.18 montre l'efficacité de la méthode proposée par rapport aux autres techniques en particulier avec GFMM Bayésienne. Ces résultats peuvent être expliqués par deux faits, d'abord l'utilisation du modèle flou au lieu d'un modèle bayésien plus sensible au bruit et à l'effet de volume partiel, ensuite l'addition de la carte de contour. Le tableau 5.5 présente les valeurs moyennes et les écarts-types de ces différentes méthodes.

Pour les ventricules, les résultats sont comparés à ceux du FSL en utilisant FIRST (FMRIB's Integrated Registration and Segmentation Tool) [Fischl 1999] [Patenaude 2007] [Woolrich 2009] [Patenaude 2011], Freesurfer et GFMM Bayésienne. Notons que SPM est exclu de la comparaison car SPM est utilisé uniquement pour la segmentation des tissus (MB, MG, LCR) et nous avons utilisé FIRST de FSL au lieu de FAST / FSL qui est également utilisé que pour la segmentation des tissus (MB, MG, LCR). L'évaluation quantitative de ces méthodes est montrée sur la figure 5.19 et leurs moyennes sur 18 images de l'ensemble de données IBSR sont présentées dans le tableau 5.6. La méthode proposée a obtenu un DSC supérieur à SPM8, FIRST / FSL et Freesurfer et GFMM Bayésienne. Le DSC de notre méthode se situe entre 0,693 et 0,928 pour le ventricule gauche et entre 0,794 et 0,92 pour le ventricule droit. La moyenne des 18 images est de 0,870 avec un faible écart-type. A partir des mesures de la figure 5.19 et du tableau 5.6, il apparaît que FGFM conduit globalement à de meilleurs

résultats que les autres méthodes de l'état de l'art (à la fois en termes de valeurs moyennes et d'écart-types).

Pour le cerveau tout entier, le temps de calcul est inférieur à une minute pour les différents sujets de la base IBSR. Pour les ventricules qui sont de petite taille, la méthode converge rapidement et le temps de calcul ne dépasse pas 15 secondes pour tous les sujets.

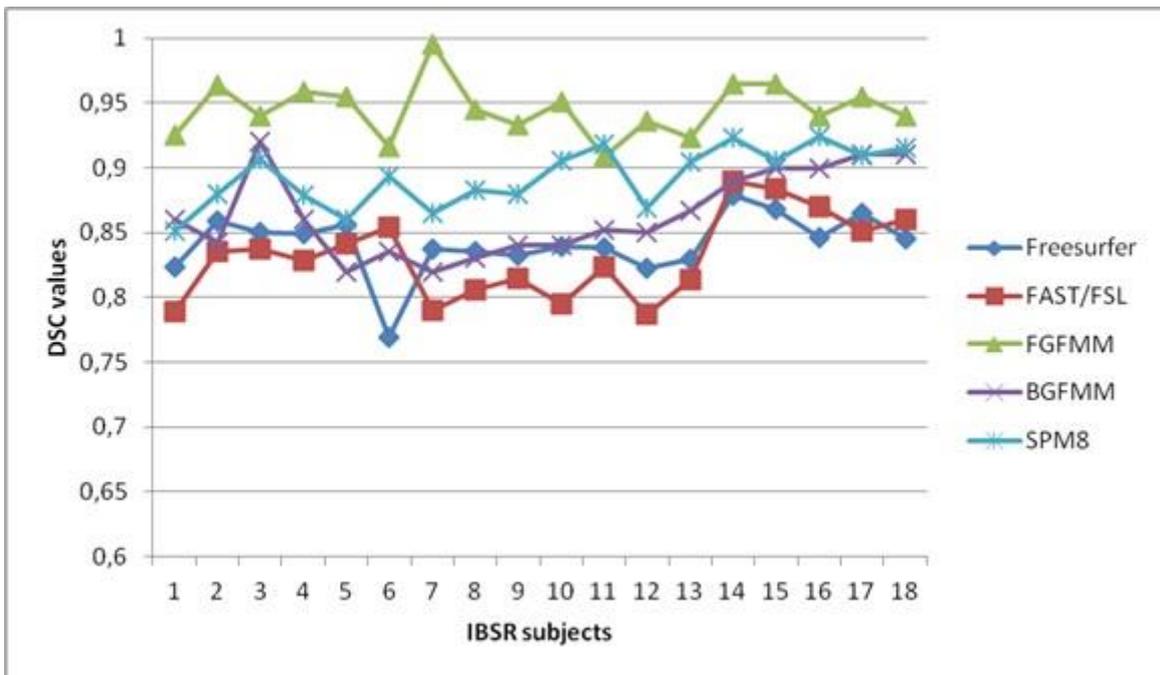


Figure 5. 18 - Évaluation de la méthode proposée et comparaison avec SPM8, FAST / FSL, Freesurfer et GFMM Bayésienne, sur 18 volumes IBSR pour la segmentation du cerveau tout entier.

Méthodes	Moyenne (cerveau)	E-type (cerveau)
Freesurfer	0.841	0.022
FAST/FSL	0.831	0.031
GFMM Bayésienne	0.863	0.032
SPM8	0.892	0.022
FGFMM	0.945	0.020

Tableau 5. 5 - Moyennes et écarts-types (E-type) des coefficients de similarité DSC obtenus avec les techniques FIRST / FSL, Freesurfer, GFMM Bayésienne et notre méthode FGFMM pour la segmentation du cerveau tout entier sur l'ensemble de données IBSR.

Méthodes	Moyenne (VG)	E-type (VG)	Moyenne (VD)	E-type (VD)
FIRST/FSL	0.753	0.066	0.762	0.068
Freesurfer	0.774	0.128	0.750	0.155
GFMM Bayésienne	0.676	0.074	0.685	0.155
FGFMM	0.864	0.072	0.873	0.036

Tableau 5. 6 - Moyennes et écarts-types des coefficients de similarité DSC obtenus avec les techniques FIRST / FSL, Freesurfer, GFMM Bayésienne et notre méthode pour la segmentation du ventricule gauche (VG) et du ventricule droit (VD) sur l'ensemble de données IBSR

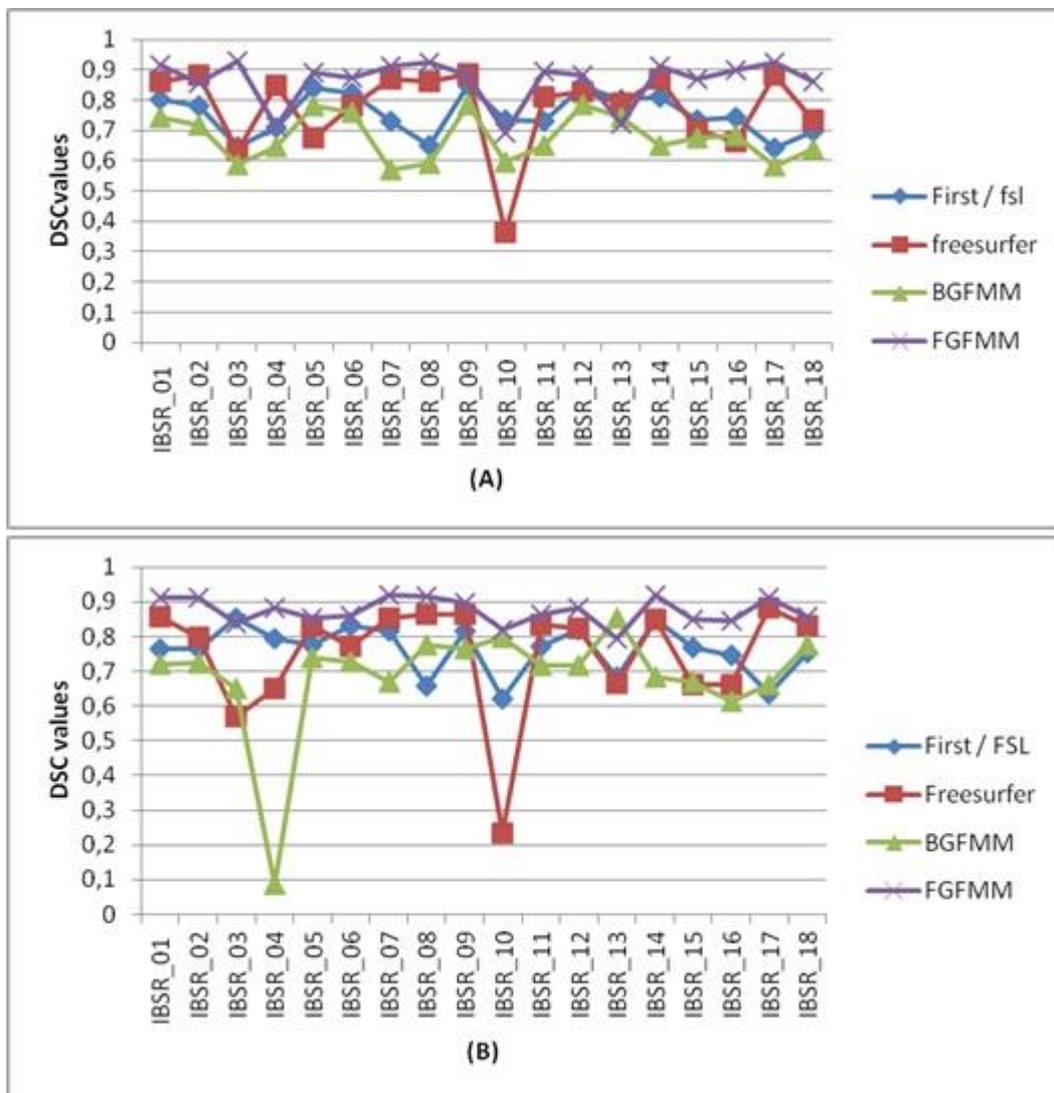


Figure 5. 19 - Évaluation de la méthode proposée et comparaison avec SPM8, FIRST / FSL, Freesurfer et GFMM Bayésienne, sur 18 volumes IBSR pour la segmentation du cerveau tout entier. Les valeurs de DSC correspondantes sont indiquées pour (A) le ventricule gauche, (B) le ventricule droit

5.6.3 Segmentation des hémisphères cérébraux et du cervelet

Les hémisphères cérébraux et le cervelet sont des structures de grande taille et de forme assez complexe, dont les intensités sont tout à fait similaires, au moins pour les deux hémisphères. Les frontières entre les trois structures sont visibles mais assez peu contrastées, alors que les frontières extérieures apparaissent assez clairement grâce au liquide-céphalo rachidien environnant, sombre sur les images, il reste toutefois quelques régions où la couche de LCR est assez fine, ce qui nuit à la délimitation de ces structures.

La troisième série d'expériences est réalisée sur les deux hémisphères et le cervelet; ces trois cibles sont de grande taille, ont des formes complexes et ont des distributions d'intensité totalement similaires, au moins pour les deux hémisphères. Les frontières entre les cibles de segmentation sont parfois peu visibles et faiblement contrastées. La segmentation de ces trois structures est particulièrement importante pour tester notre modèle de segmentation multi-objets décrit dans la section 4.4. Dans cette série d'expériences, nous faisons évoluer simultanément trois modèles. Chaque modèle est associé à une cible correspondant aux hémisphères gauche et droit et au cervelet. Pour l'initialisation de la méthode, nous avons utilisé trois cubes situés approximativement à l'intérieur de la cible de segmentation (hémisphère gauche, hémisphère droit et cervelet). Notons que les boîtes initiales n'ont pas besoin d'être positionnées symétriquement par rapport au plan sagittal médian. Un exemple des résultats est présenté sur la figure 5.20. En général, notre modèle de segmentation multi-objets des trois structures donne de bons résultats pour tous les volumes de la base IBSR. Le plan sagittal médian entre les hémisphères est toujours bien localisé et les contours entre les hémisphères et le cervelet sont bien délimités (aucun débordement n'a été observé sur tous les sujets de la base IBSR), ce qui montre la robustesse de l'évolution simultanée des trois modèles, même si l'initialisation est effectuée de manière non symétrique ou éloignée des frontières de la cible.

Ces résultats sont évalués quantitativement sur la base IBSR et les différentes valeurs de DSC obtenues pour les 18 volumes traités sont montrées sur la figure 5.21. Les valeurs de DSC obtenues montrent que dans la majorité des cas la segmentation donne de bons résultats. Les valeurs de DSC pour les deux hémisphères sont presque similaires et se situent entre 0,84 et 0,93. Ces valeurs sont un peu plus faibles pour le cervelet, mais restent bonnes. Il y a deux raisons à ce résultat. D'abord, la frontière entre les hémisphères et le cervelet est parfois décalée, ce qui diminue la valeur de DSC. Deuxièmement, le cervelet est une structure plus petite que les hémisphères, ce qui implique que la valeur DSC dépend davantage des erreurs

de segmentation le long de la frontière, car le rapport entre le nombre de voxels sur la surface externe et le volume de la structure est plus élevé.

Notre modèle de segmentation multi-objets de FGFMM a été comparé aux deux approches bien connues de FIRST / FSL et FreeSurfer. Nous avons utilisé FIRST/FSL au lieu de FAST car cette dernière n'est utilisée que pour la segmentation des tissus (MB, MG, LCR), aussi nous ne pouvons pas utiliser SPM pour cette tâche (SPM est exclue de la comparaison car aussi elle n'est utilisée que pour la segmentation des tissus).

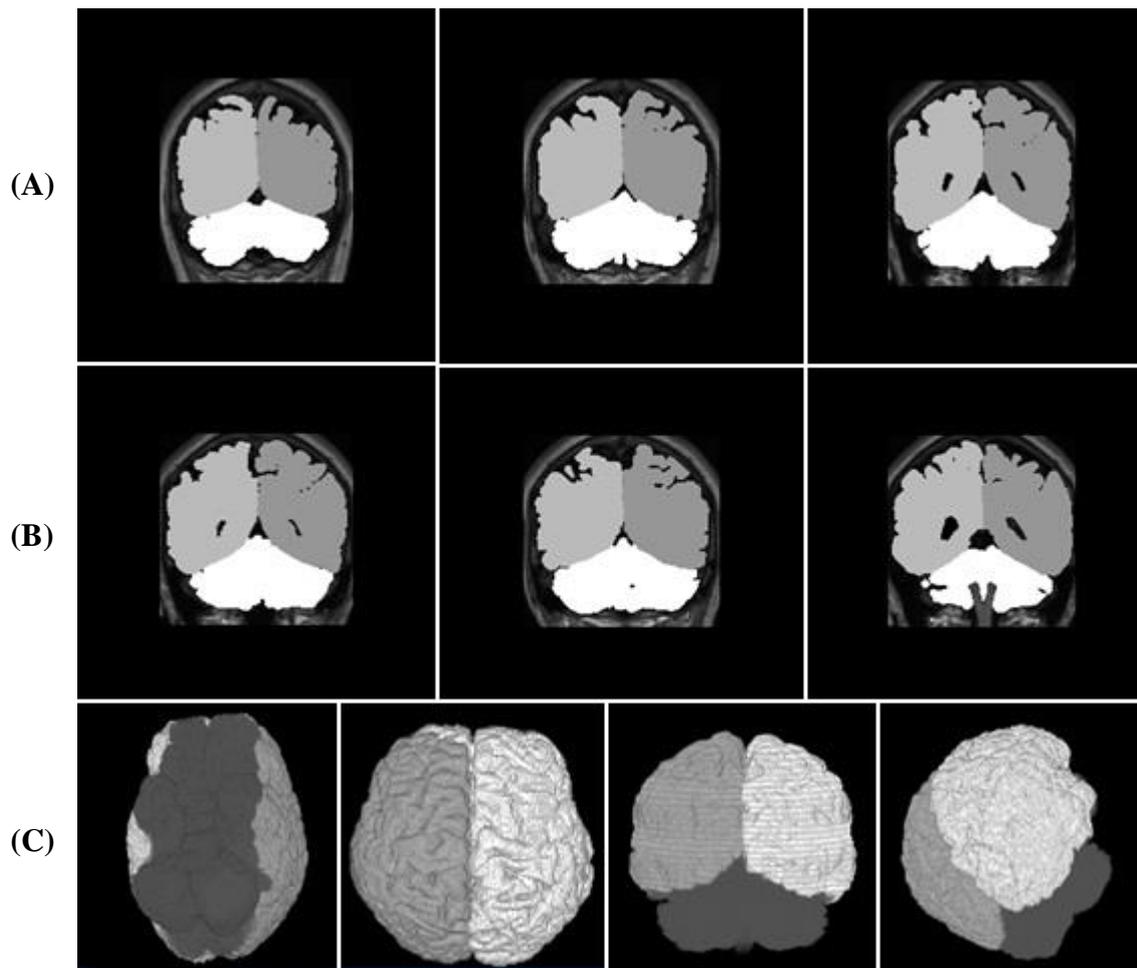


Figure 5. 20 - Résultats de la segmentation des deux hémisphères et du cervelet. La troisième ligne (C) présente des différentes vues 3D des résultats.

La précision de ces deux algorithmes et de notre méthode pour toutes les expériences est montrée sur la figure 5.22 et leur précision moyenne a été comparée dans le tableau 5.7. En comparaison avec les deux autres approches largement utilisées First/FSL et Freesurfer, la

méthode proposée donne de meilleurs résultats pour la segmentation de ces trois structures dans la plupart des cas. Les valeurs moyennes des DSC étaient respectivement de 0,892, 0,895 et 0,839 pour les hémisphères gauches, les hémisphères droits et le cervelet, ce qui est meilleur que les valeurs obtenues en utilisant les deux autres méthodes (voir tableau 5.7).

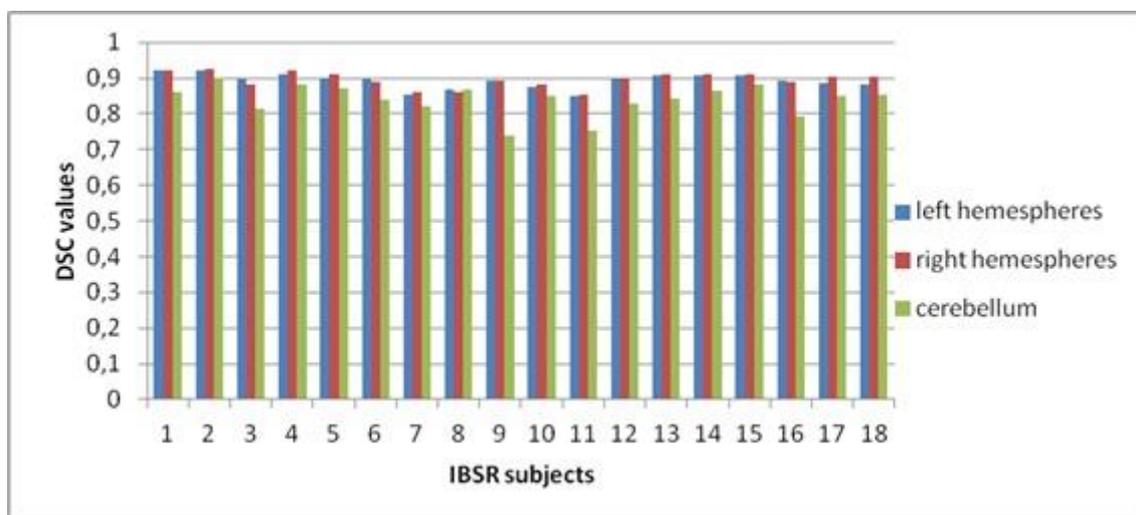


Figure 5. 21 - Les différentes valeurs de DSC obtenues en utilisant FGFMM Multi-objets pour la segmentation de l'hémisphère gauche, l'hémisphère droit et du cervelet

Méthodes	Moyenne (HG)	E-type (HG)	Moyenne (HD)	E-type (HD)	Moyenne (CV)	E-type (CV)
First/FSL	0.888	0.023	0.890	0.028	0.790	0.051
Freesurfer	0.855	0.086	0.858	0.066	0.794	0.103
FGFMM	0.892	0.020	0.895	0.021	0.839	0.041

Tableau 5. 7 - Moyennes et écarts-types (E-type) des coefficients de similarité DSC obtenus avec FIRST / FSL, Freesurfer, et notre méthode pour la segmentation des hémisphères gauche (HG) et droit (HD) et du cervelet (CV) sur l'ensemble de données IBSR

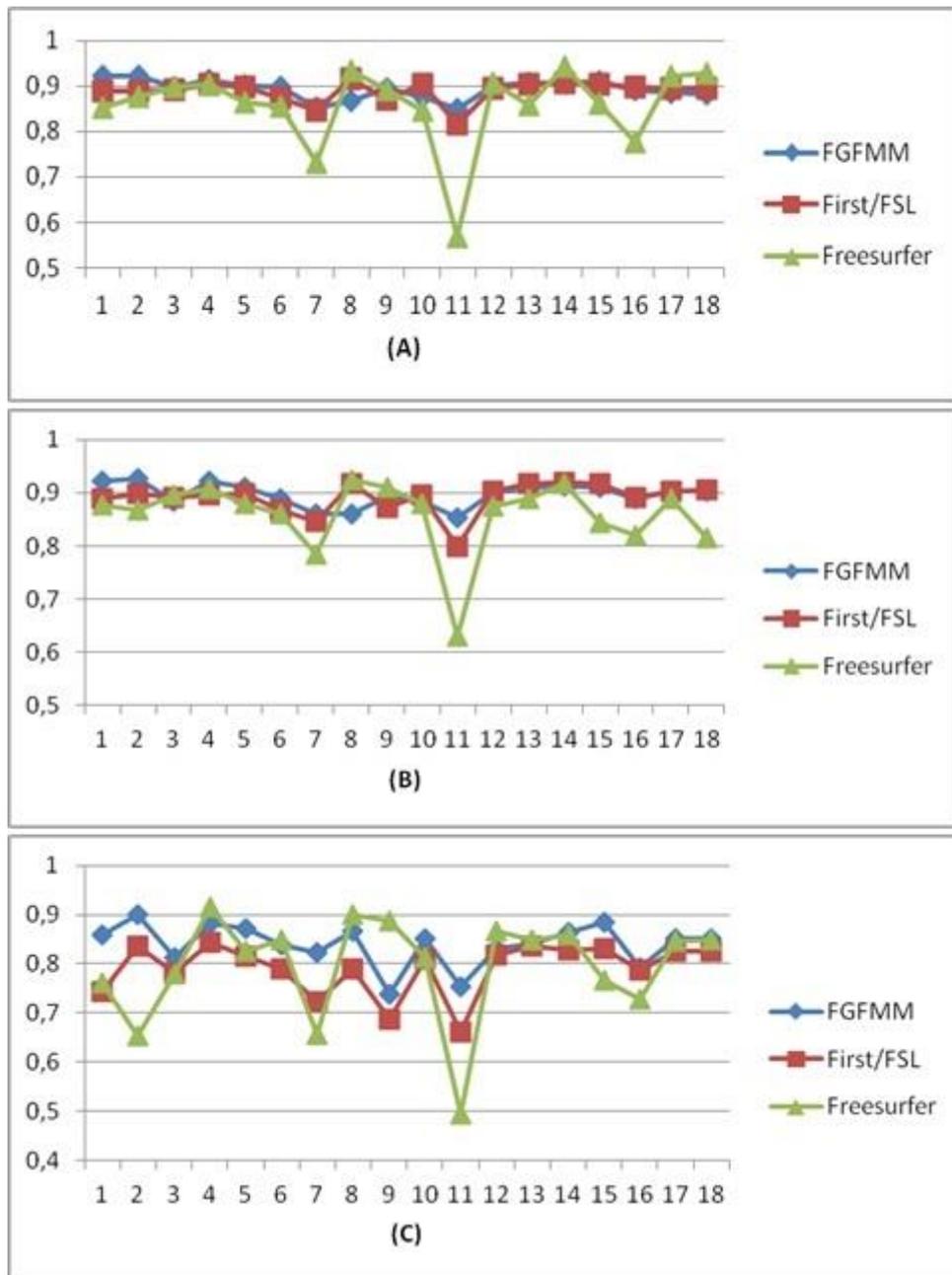


Figure 5. 22 - Evaluation de la méthode proposée et comparaison avec FIRST / FSL, Freesurfer sur 18 volumes de la base IBSR. Les valeurs de DSC correspondantes sont montrées pour (A) l'hémisphère gauche, (B) l'hémisphère droites et (C) le cervelet

Enfin, le temps de calcul de la segmentation des deux hémisphères et du cervelet ne dépasse pas 1 minute, comme indiqué sur le tableau 5.8, pour toutes les expériences.

IBSR	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
Temps	39s	40s	37s	36s	37s	37s	32s	31s	33s	32s	35s	35s	38s	41s	44s	37s	44s	44s

Tableau 5. 8 - Temps de calcul (en secondes) de la segmentation des deux hémisphères et du cervelet

5.7 Résultats de FGFMM avec connaissances a priori

Plusieurs séries d'expériences ont été effectuées pour tester notre méthode FGFMM avec connaissances a priori pour la segmentation 3D des structures cérébrales. Tout d'abord, la méthode a été évaluée qualitativement sur des volumes issus de la base IBSR, puis des mesures quantitatives ont été effectuées afin de monter l'efficacité et la performance de notre approche.

Nous avons testé cette méthode sur deux types de structures :

- les hémisphères cérébraux et le cervelet, qui sont de grande taille et de forme complexe;
- les noyaux gris, structures de petite taille, aux frontières très mal définies, et assez difficiles à repérer même à l'œil nu.

5.7.1 Segmentation des hémisphères cérébraux et du cervelet

Cette série d'expériences permet de tester la méthode sur des structures de grande taille et de forme assez complexe, dont les intensités sont tout à fait similaires.

Deux problèmes apparaissent lors de la segmentation des hémisphères et du cervelet : (1) Les frontières internes entre ces trois structures sont assez peu contrastées et parfois peu visibles en particulier entre les hémisphères et le cervelet, (2) bien que les frontières extérieures sont mieux visibles grâce au liquide-céphalo rachidien environnant, qui apparaît sombre sur les images. Toutefois on peut trouver des cas où la couche de LCR est assez fine, ce qui nuit à la délimitation de la structure.

La segmentation des ces trois structures a donnée de bons résultats sur tous les sujets de la base IBSR. Un exemple de résultat est montré sur la figure 5.23. On observe que le plan inter-hémisphérique est généralement bien segmenté, la concurrence entre les deux

hémisphères étant efficace. Aussi la frontière entre les hémisphères et le cervelet est toujours bien localisée en plus aucun débordement du contour dans cette zone n'a été remarqué pour tous les volumes de la base.

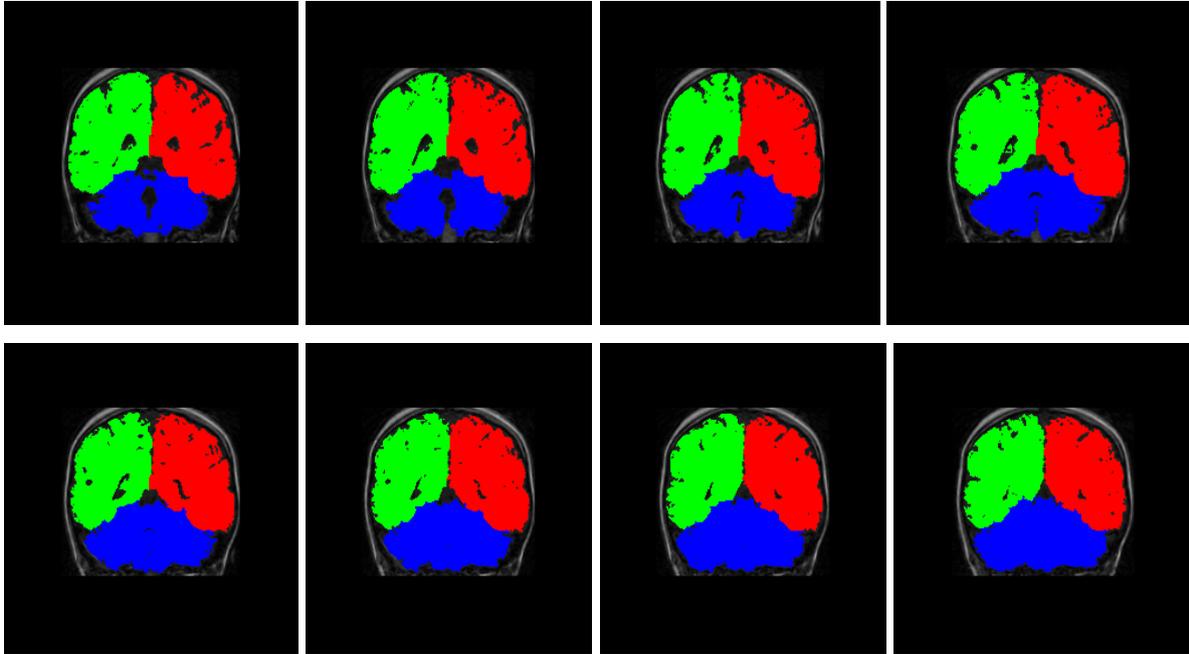


Figure 5. 23 - Exemples de segmentation des hémisphères (rouge et vert) et du cervelet (bleu) sur la base IBSR

Les valeurs de similarité DSC ont été calculées pour tous les volumes et leurs moyennes sont consignées dans le tableau 5.9. On trouve dans ce même tableau les valeurs obtenues en utilisant la méthode AVM (Active Volume Model) [Shen 2009] à des fins de comparaison. On observe que les valeurs de similarité sont très bonnes (> 0.88) aussi bien pour les hémisphères que pour le cervelet et sont supérieures aux valeurs obtenues par la méthode AVM.

	La méthode AVM	FGFMM avec connaissances apriori
H G	0.625	0.938
HD	0.612	0.882
CV	0.784	0.914

Tableau 5. 9 - Valeurs moyennes et écarts-types de l'indice de similarité DSC pour la segmentation de l'hémisphère gauche (HG), l'hémisphère droit (HD) et du cervelet (CV) sur la base IBSR. Ce tableau contient aussi les valeurs obtenues par la méthode AVM

5.7.2 Segmentation des noyaux gris centraux

Cette partie décrit les expériences menées pour illustrer la segmentation simultanée des noyaux gris : le noyau caudé, le pallidum, le putamen et le thalamus. Ces petites structures sont impliquées dans un grand nombre de pathologies neurologiques ou psychiatriques et leur segmentation est une étape importante pour l'étude de ces maladies. La segmentation de ces structures est très difficile car elles sont de petite taille, de forme assez complexes et leurs frontières sont en général peu visibles sur les images IRM.

Quelques exemples de résultats obtenus pour cette série d'expériences sur la base d'images IBSR sont visibles sur la figure 5.24.

Les noyaux gris traités semblent globalement bien localisés en particulier le noyau lenticulaire (pallidum et putamen). Les frontières sont plus précisément localisées. Notons que l'allure générale des résultats est semblable sur tous les sujets de la base. Sur le plan qualitatif, on ne constate donc aucun cas d'échec. La qualité visuelle des résultats est bonne.

En plus de l'évaluation qualitative, nous avons aussi calculé les valeurs de l'indice de similarité DSC pour tous les sujets traités. Les valeurs par sujet sont présentées sur le tableau 5.10 et la figure 5.25 pour la base IBSR.

Les valeurs moyennes de DSC pour le corps strié englobant les trois structures le thalamus, le putamen, et le noyau caudé sont consignées dans le tableau 5.11. Nous avons également inclus dans ce tableau les résultats obtenus avec huit autres méthodes à des fins de comparaison.

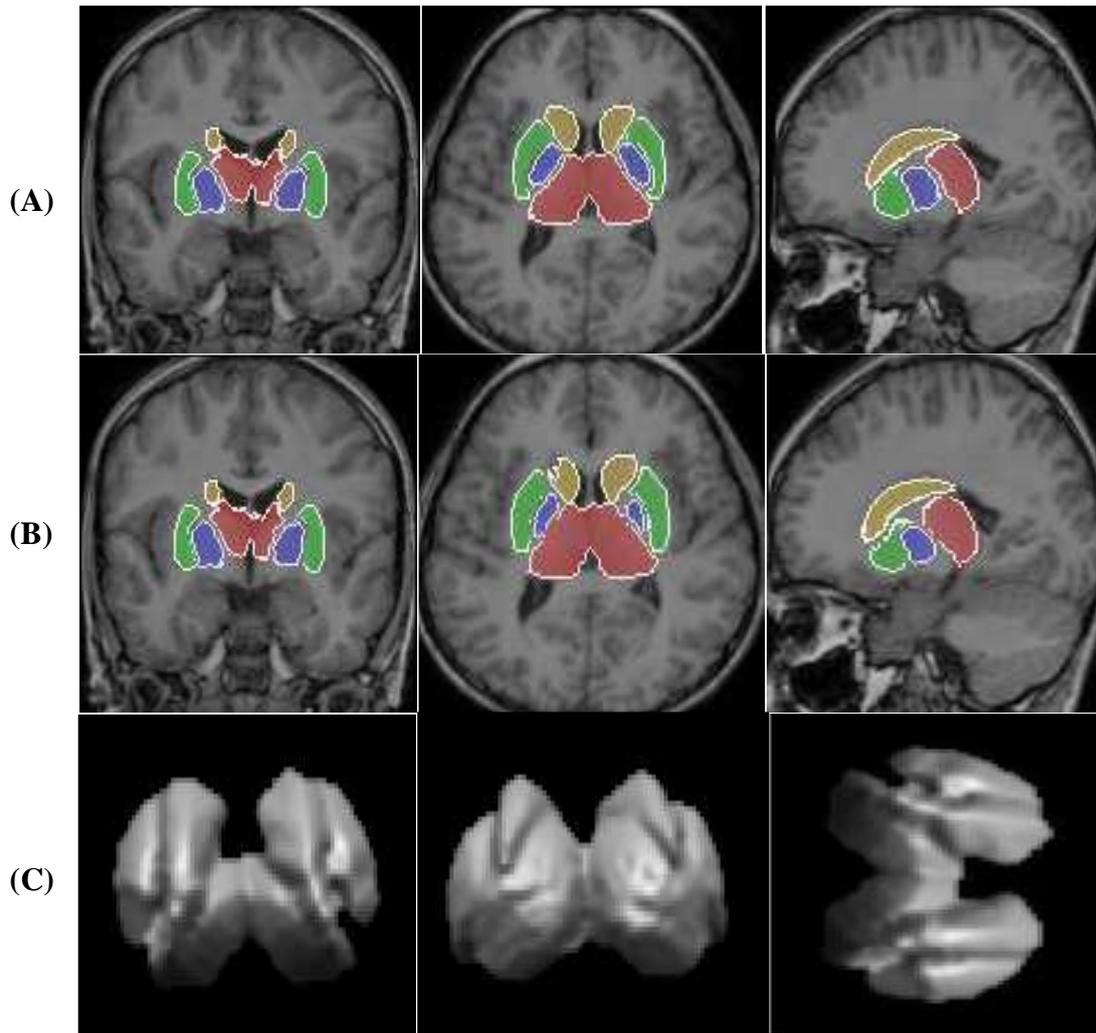


Figure 5. 24 - Résultats de Segmentation pour les noyaux caudés (jaune), putamens (vert), pallida (bleu) et thalami (rouge) sur la base IBSR. La dernière ligne (C) montre quelques vues 3D du résultat.

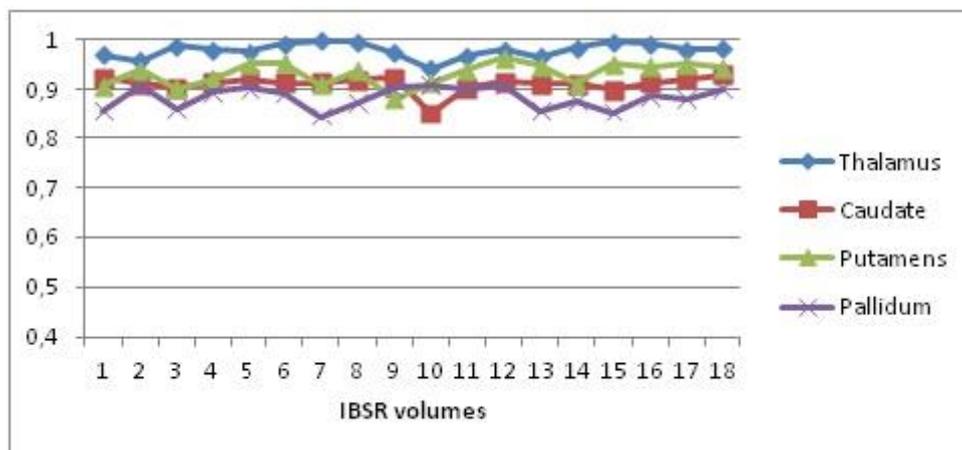


Figure 5. 25 - Valeurs DSC pour la segmentation des noyaux gris sur la base IBSR

Volume	thalamus	Noyau Caudé	Putamen	Pallidum
1	0,945	0,898	0,881	0,832
2	0,933	0,885	0,914	0,882
3	0,963	0,878	0,876	0,836
4	0,954	0,887	0,895	0,870
5	0,951	0,896	0,925	0,878
6	0,966	0,887	0,928	0,867
7	0,972	0,888	0,884	0,820
8	0,981	0,894	0,912	0,847
9	0,948	0,898	0,856	0,878
10	0,915	0,826	0,888	0,884
11	0,942	0,878	0,914	0,876
12	0,954	0,889	0,938	0,884
13	0,941	0,886	0,922	0,831
14	0,958	0,886	0,885	0,851
15	0,999	0,874	0,925	0,827
16	0,967	0,888	0,919	0,862
17	0,954	0,896	0,925	0,855
18	0,956	0,904	0,918	0,876
Moy	0.955	0.885	0.905	0.858

Tableau 5. 10 - Les valeurs de similarité DSC par volume pour la segmentation des noyaux gris sur la base IBSR

Méthodes	Thalamus	Putamen	Noyau Caudé
[Luo 2011]	0.840	0.800	0.780
[Van Leemput 2009]	0.600	0.490	0.540
[Shattuck 2007]	0.770	0.700	0.650
[Aljabar 2009]	0.858	0.884	0.756
[Akselrod-Ballin 2007]	0.861	0.790	0.800
[Gouttard 2007]	0.827	0.780	0.760
[Bazin 2008]	0.845	0.810	0.780
[Wels 2009]	0.870	0.823	0.804
Méthode proposée	0.955	0.905	0.885

Tableau 5. 11 - Valeurs moyennes de l'indice de similarité DSC obtenues avec la méthode proposée pour la segmentation du Thalamus, Putamen et du Noyau caudé. Une comparaison des valeurs de DSC entre la méthode proposée et d'autres travaux est aussi présentée dans ce tableau

On remarque que les valeurs de similarité DSC entre les résultats de segmentation et la vérité terrain sont voisines de 0,90 pour les structures du corps strié (noyau caudé, pallidum et putamen) et de 0,95 pour les thalami, qui sont de plus grande taille. Notons ici que ces valeurs sont dépendantes de la taille des structures et les erreurs de localisation le long de leurs frontières se répercutent plus fortement lorsque les cibles sont petites, malgré cela nous avons

obtenu de très bonnes valeurs pour tous les volumes même pour les structures de petite taille (le pallidum par exemple,...). On peut également remarquer que pour les noyaux caudés, les thalami et les putamens, la segmentation donne de meilleurs résultats que les autres techniques, comme le montre le tableau 5.11. On constate aussi que, comme pour la qualité visuelle des images, la méthode préposée donne de très bons résultats quantitatifs pour la segmentation des structures cérébrales internes ce qui se traduit par des valeurs de similarité supérieures à 0.9 et atteignant parfois des valeurs excellentes en particulier pour le thalamus (0.985 pour le volume 19 sur la base IBSR et 0.999 pour le volume 15 sur la base IBSR).

De manière générale, notre méthode donne d'excellents résultats pour la segmentation des structures cérébrales internes, cela est due en grande partie : (1) à la puissance du modèle déformable utilisé et à l'efficacité de l'évolution simultanée, (2) et aux informations a priori utilisées.

5.8 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté les résultats expérimentaux de l'approche proposée pour la segmentation des structures cérébrales.

Nous avons appliqué notre méthode pour la segmentation de plusieurs structures cérébrales (les tissus cérébraux matières blanche matière grise, le cerveau tout entier, les ventricules latéraux, les hémisphères cérébraux et le cervelet, et enfin les noyaux gris). Des bases d'images réelles et simulées ont été utilisées pour valider notre approche, cela permet de la tester dans des situations différentes.

Les résultats expérimentaux obtenus sur les bases d'images utilisées sont satisfaisants, de plus notre approche permet de s'adapter aux contraintes de problèmes médicaux réels tels que la segmentation des structures fines et complexes.

Dans ce chapitre nous avons aussi présenté une étude comparative avec d'autres approches rapportées dans la littérature, afin de mieux évaluer notre approche et de faire ressortir ses points forts et ses points faibles.



Conclusion

Générale

Conclusion Générale

Nous avons proposé dans cette thèse une technique de segmentation d'images médicales 3D, appliquée plus spécifiquement aux volumes d'IRM cérébraux.

Dans une première partie, nous avons donné les éléments d'état de l'art permettant de situer notre approche par rapport aux méthodes existantes. Pour cela, nous avons exploré deux thématiques de recherche : la segmentation d'images IRM cérébrales par modèles déformables et l'utilisation de la logique floue pour la segmentation d'images IRM cérébrales. La première thématique montre que les modèles déformables géométriques sont une méthode très largement employée à des fins de segmentation, notamment en raison de leur grande flexibilité, de leur capacité à traiter des formes complexes et de leur utilisation aisée en 3D. Le second axe de recherche permet de formaliser de façon explicite des connaissances imparfaites au moyen de la théorie des sous-ensembles fous. Ces connaissances sont alors exploitables pour guider un processus de segmentation.

La deuxième partie de cette thèse a permis de décrire plus précisément notre approche, en commençant par la méthode de segmentation par GFMM, qui constitue le fondement de notre méthode. La suite de cette partie a exposé nos différentes contributions.

L'approche proposée est basée sur la méthode de segmentation par ensembles de niveau ou plus particulièrement la méthode GFMM (*Generalised Fast Marching Method*) qui constitue le noyau de notre système, qui a été par la suite améliorée pour traiter des problèmes de segmentation spécifiques :

- ❖ la méthode FGFMM, utilise une carte floue pour guider le processus de segmentation, cette méthode a été appliquée à la segmentation des tissus cérébraux (matière blanche, matière grise, liquide céphalo-rachidien).
- ❖ la méthode FGFMM avec carte de contours permet l'utilisation conjointe des informations de région et de contour afin de segmenter des formes complexes, appliquée à la segmentation des ventricules latéraux et de cerveau tout entier.
- ❖ Une autre dimension de notre méthode a été proposée FGFMM multi-objets qui utilise conjointement plusieurs ensembles de niveau évoluant en concurrence pour la segmentation des structures proches et d'intensité similaire sur les images, cette

méthode a été appliquée particulièrement à la segmentation des hémisphères cérébraux et au cervelet.

- ❖ La méthode FGFMM avec connaissances a priori qui consiste à utiliser des modèles déformables compétitifs guidés par des connaissances a priori. Pour ce faire, plusieurs contours (surfaces en 3D) évoluent simultanément vers des cibles anatomiques préalablement définies. Cette méthode utilise plusieurs sources d'informations, (1) des informations sur les relations spatiales entre les structures, (2) des informations a priori sur la forme et la position des structures issues d'un atlas anatomique, et des données statistiques résultant d'un atlas probabiliste. L'ensemble des informations a priori est ensuite utilisé pour initialiser et faire évoluer en concurrence plusieurs modèles déformables où chaque modèle est spécifique à une structure particulière. Cette méthode a été appliquée plus particulièrement à la segmentation des noyaux gris (noyau caudé, pallidum, putamen, thalamus) qui peut être utile dans un contexte pré-opératoire, pour l'implantation des électrodes dans le traitement de la maladie de Parkinson, et aussi pour les analyses morphométriques liées à de nombreuses maladies neurologiques.

La méthode que nous avons proposée dans cette thèse doit pouvoir servir de prétraitement pour diverses applications. Les données segmentées constituent alors les données d'entrée pour d'autres séries de traitements, nous pouvons par exemple utiliser la segmentation des hémisphères et du cervelet afin d'extraire le sillon calcarin. Une autre application possible est l'utilisation de la matière blanche segmentée pour faciliter l'étude des lésions de sclérose en plaques. En effet, au moment de la détection des lésions, une segmentation précise de la matière blanche permettrait d'éliminer les faux-positifs localisés dans les ventricules.

Enfin, il est nécessaire de tester la méthode sur des bases de données de plus grande taille pour en dégager clairement les points forts et les limitations. Cette étape est notamment indispensable avant d'exporter notre algorithme dans un contexte clinique. En particulier, il serait intéressant d'évaluer la variabilité inter et intra-observateur dans le processus de segmentation manuelle, pour situer les performances de notre algorithme de ce point de vue. Cela permettrait également d'avoir accès à une vérité terrain plus fiable. L'utilisation d'autres mesures de similarité donnerait aussi une évaluation plus complète de nos résultats. Après une telle étude, notre méthode pourra donc être intégrée dans la conception d'applications variées.

Références

Bibliographiques

Références Bibliographiques

- [Adalsteinsson 1995] D. Adalsteinsson, J.A. Sethian. A fast level set method for propagating interfaces. *Journal of Computational Physics*, vol. 118, n. 2, pp. 269–277, 1995.
- [Adalsteinsson 1999] D. Adalsteinsson, J. Sethian. The fast construction of extension velocities in level set methods. *Journal of Computational Physics*, vol. 148, n. 1, pp. 2–22, 1999.
- [Adhikari 2015] S.K. Adhikari, J.K. Sing, D.K. Basu, M. Nasipuri, Conditional spatial fuzzy C-means clustering algorithm for segmentation of MRI images, *Applied Soft Computing*, vol. 34, pp. 758–769, 2015.
- [Ahmed 2002] 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 transactions on medical imaging*, vol. 21, pages 193-9, 2002.
- [Aït-Ali 2005] L.S. Aït-Ali, S. Prima, P. Hellier, B. Carsin, G. Edan, C. Barillot. STREM: a robust multidimensional parametric method to segment MS lesions in MRI. In *MICCAI 2005 Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 3749 of Lecture Notes in Computer Science, pp. 409-416. Springer, 2005.
- [Aljabar 2009] P. Aljabar, R.A. Heckemann. Multi-atlas based segmentation of brain images: Atlas selection and its effect on accuracy. *Neuro Image*, vol. 46, pp. 726-738. 2009.
- [Akselrod-Ballin 2007] A. Akselrod-Ballin. M. Galun, J.M. Gomori, A. Brandt, R. Basri. Prior knowledge driven multiscale segmentation of brain MRI. Dans: *Proc. MICCAI, Brisbane, Australia*, pp. 118–126, 2007.
- [Alaniz 2006] J. Jimnez-Alaniz, V. Medina-Baueles, O. Yez-Surez. Data-driven brain MRI segmentation supported on edge confidence and a priori tissue information. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 25, n. 1, pp. 74–83, janvier 2006.
- [Alfonse 2016] M. Alfonse, A.B.M Salem. An automatic classification of brain tumors through MRI using support vector machine. *Egyptian Computer Science Journal (ISSN: 1110–2586)*, vol. 40, n. 03, Septembre 2016.
- [Angelini 2003] E. Angelini, Y. Jin, and A. Laine. State of the Art of Level Set Methods in Segmentation and Registration of Medical Imaging Modalities. *Columbia University, New York, NY, USA*, 2003.
- [Arthofer 2016] C. Arthofer, P.S. Morgan, A. Pitiot. Hierarchical Multi-Atlas Segmentation Using Label-Specific Embeddings, Target-Specific Templates and Patch Refinement. *International Workshop on Patch-based Techniques in Medical Imaging Patch-MI 2016: Patch-Based Techniques in Medical Imaging*, pp. 84-91. 2016.
- [Ashburner 2005] J. Ashburner, K. J. Friston. Unified segmentation, *NeuroImage*, vol. 26, pp. 839–851, 2005.
- [Baghdadi 2010] M. Baghdadi, N. Benamrane, L. Sais. Segmentation of 3D Brain Structures Using the Bayesian Generalized Fast Marching Method. *Brain Informatics 2010*, pp. 156-167, *lecture Notes in Computer Science, Springer Verlag LNCS 6334*, 2010.
- [Baghdadi 2017] M. Baghdadi, N. Benamrane, L. Sais. Fuzzy Generalized Fast Marching Method for 3D Segmentation of Brain Structures. *International Journal of Imaging Systems and Technology*, vol. 27, n. 3, pp. 281-306, septembre 2017.

- [Bai 2014] Y. Bai, X. Han, J. Prince. Octree Grid Topology-Preserving Geometric Deformable Model (OTGDM). Dans: *Advances in Imaging and Electron Physics*, vol. 181, pp. 1-34, Décembre 2014.
- [Bal 2018] A. Bal, M. Banerjee, P. Sharma, M. Maitra. Brain Tumor Segmentation on MR Image Using K-Means and Fuzzy-Possibilistic Clustering. *2018 2nd International Conference on Electronics, Materials Engineering & Nano-Technology (IEMENTech)*, pp. 1-8, 2018.
- [Banerjee 1999] S. Banerjee, D.P. Mukherjee, D. Dutta Majumdar. Fuzzy c-means approach to tissue classification in multimodal medical imaging. *Information Sciences*, vol. 115, pp. 261–279, 1999.
- [Baillard 2001] C. Baillard, P. Hellier, C. Barillot. Segmentation of 3D MR images using level sets and dense registration. *Medical Image Analysis*, vol. 5, n. 3, pp. 185-194, 2001.
- [Bartko 1991] J.J. Bartko. Measurement and reliability: statistical thinking considerations. *Schizophr, Bull*, vol. 17, pp. 483–489, 1991.
- [Bauer 2011] S. Bauer, LP. Nolte, M. Reyes. Fully Automatic Segmentation of Brain Tumor Images Using Support Vector Machine Classification in Combination with Hierarchical Conditional Random Field Regularization. Dans: *Fichtinger G., Martel A., Peters T. (eds) Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2011. MICCAI 2011. Lecture Notes in Computer Science*, vol. 6893. Springer, Berlin, Heidelberg, 2011.
- [Bazin 2007] P. L. Bazin, D. Pham. Statistical and topological atlas based brain image segmentation. Dans: *Proceedings of the 9th International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'07), Brisbane, 2007*.
- [Bazin 2008] P.L. Bazin, D.L. Pham. Homeomorphic brain image segmentation with topological and statistical atlases. *Medical Image Analysis*. vol. 12, n. 5, pp. 616–625, 2008.
- [Beichel 2005] R. Beichel, H. Bischof, F. Leberl, M. Sonka. Robust active appearance models and their application to medical image analysis. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 24, n. 9, pp. 1151–1169, septembre 2005.
- [Benoit 2009] S. Benoit, F. Florence, G. Catherine, D. Michel. Distributed Local MRF Models for Tissue and Structure Brain Segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 28, n. 8, pp. 1278–1295, 2009.
- [Ben Rabeah 2017] A. Ben Rabeah, F. Benzarti, H. Amiri. Segmentation of brain MRI using active contour model. *International Journal of Imaging Systems and Technology (IMA)*. vol. 27, n. 1, pp. 3-11, 2017.
- [Bertrand 1994] G. Bertrand. Simple points, topological numbers and geodesic neighborhood in cubic grids. *Pattern Recognition Letters*, vol. 15, n. 10, pp. 1003 1011, 1994.
- [Besag 1986] J. Besag. On the statistical analysis of dirty pictures. *Journal of the Royal Statistical Society*, vol. B-48, n. 3, pp. 259 302, 1986.
- [Bezdek 1980] J. C. Bezdek. A Convergence Theorem for the Fuzzy ISODATA Clustering Algorithms. *IEEE Transaction, Pattern Analysis. Machine Intelligence*, vol. 2, n. 1, pp. 1-8, Janvier 1980.
- [Bharatha 2001] A. Bharatha, M. Hirose, N. Hata, S.K. Warfield, M. Ferrant, K.H. Zou, E. Suarez-Santana, J. Ruiz-Alzola, A.D. Amico, R.A. Cormack, R. Kikinis, F.A. Jolesz, C. M. Tempany,

Evaluation of three-dimensional finite element-based deformable registration of pre- and intra-operative prostate imaging, *Medical Physics*, vol. 28, 2001.

[Bloch 2003] I. Bloch. Unifying quantitative, semi-quantitative and qualitative spatial relation knowledge representations using mathematical morphology. *Springer-Verlag, Theoretical Foundations of Computer Vision, collection Lecture Notes in Computer Science*, vol. 2616, pp. 153–164, 2003.

[Bricq 2008] S. Bricq, C. Collet, J.P. Armspach, Unifying framework for multimodal brain MRI segmentation based on Hidden Markov Chains. *Medical Image Analysis*, vol. 12, n. 6, pp. 639–652, 2008.

[Cai 2007] W. Cai, S. Chen, D. Zhang. Fast and robust fuzzy c-means clustering algorithms incorporating local information for image segmentation. *Pattern Recognition*.vol. 40, n. 3, pp. 825–838, Mars 2007.

[Cardoso 2011] M.J. Cardoso, M.J. Clarkson, G.R. Ridgway, M. Modat, N.C. Fox. LoAd: a locally adaptive cortical segmentation algorithm. *NeuroImage*, vol. 56, n. 3, pp. 1386–1397, 2011.

[Carlini 2011] E. Carlini, N. Forcadel, R. Monneau, Generalized fast marching method for dislocation dynamics. *SIAM Journal on Numerical Analysis*, vol. 49, pp. 2470–2500, 2011.

[Caselles 1993] V. Caselles, F. Catte, T. Coll, F. Dibos. A geometric model for active contours in image processing. *Numerische Mathematik*, vol. 66, n. 1, pp. 1–31, 1993.

[Caselles 1997] V. Caselles, R. Kimmel, G. Sapiro. Geodesic active contours. *International Journal of Computer Vision*, vol. 22, n. 1, pp. 61–79, 1997.

[Chai 2009] Y. Chai, L. Jia, Z. Zhang. Mamdani Model based Adaptive Neural Fuzzy. *Inference System and its Application. International Journal of Computer, Electrical, Automation, Control and Information Engineering*, vol. 3, n. 3, 2009.

[Chan 2001] T.F. Chan, L.A. Vese, Active contours without edges, *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 10, n. 2, pp. 266–277, 2001.

[Chen 2005] X. Chen, E. K. Teoh. 3D object segmentation using B-Surface, *Image and Vision Computing*, vol. 23, n. 14, pp. 1237–1249, 2005.

[Cheng 1995] Y. Cheng. Mean shift, mode seeking and clustering. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 17, n. 8, pp. 790–799, 1995.

[Chiverton 2017] J. Chiverton, K. Wells, E. Lewis, C. Chen, B. Podda, D. Johnson. Statistical morphological skull stripping of adult and infant MRI data. *Computers in Biology and Medicine*, vol. 37, n. 3, pp. 342–357, 2017.

[Chuang 2006] K.S. Chuang, H.L. Tzeng, S. Chen, J. Wu, T.J. Chen. Fuzzy c-means clustering with spatial information for image segmentation. *Computerized Medical Imaging and Graphics: The Official Journal of the Computerized Medical Imaging Society*, vol. 30, pp. 9–15, 2006.

[Chupin 2007] M. Chupin, A.R. Mukuna-Bantumbakulu, D. Hasboun, E. Bardinet, S. Baillet, S. Kinkingnéhun, L. Lemieux, B. Dubois, L. Garnerob. Anatomically constrained region deformation for the automated segmentation of the hippocampus and the amygdale. *Method and validation on controls and patients with Alzheimer's disease, Neuroimage*, vol. 34, pp. 996–1019, 2007.

[Cocosco 1997] C.A. Cocosco, V. Kollokian, R.K.S. Kwan, A.C. Evans, BrainWeb: online interface to a 3D MRI simulated brain database. *NeuroImage*, vol. 5, n. 4, 1997.

[Cocosco 2003] C.A. Cocosco, A.P. Zijdenbos, A.C. Evans. A fully automatic and robust brain MRI tissue classification method. *Medical Image Analysis*, vol. 7, n. 4, pp. 513–527, 2003.

- [Cohen 1960] J. Cohen. A coefficient of agreement for nominal scales. *Educational and Psychological Measurements*, vol. 20, n. 3, pp. 27–46, 1960.
- [Cohen 1991] L. D. Cohen. On active contours models and balloons. *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, vol. 53, n. 2, pp. 211–218, 1991.
- [Cohen 1992] I. Cohen, L. D. Cohen, N. Ayache, Using deformable surface to segment 3D images and infer deferential structures. *Computer Vision, graphics and image processing: image understanding*, vol. 56, n. 2. pp. 242-263, 1992.
- [Cohen 1993] L. D. Cohen, I. Cohen, Finite element methods for active contour models and ballons for 2D and 3D images. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 15, pp. 1131-1147, 1993.
- [Colliot 2004] O. Colliot, O. Camara, I. Bloch. Combination of space relations of deformable models for the segmentation of the intern cerebral structures in IRM. Dans: *RFIA'04*, pp. 563-572, 2004.
- [Colliot 2006] O. Colliot, O. Camara, I. Bloch. Integration of fuzzy spatial relations in deformable models application to brain MRI segmentation. *Pattern Recognition*, vol. 39, n. 8, pp. 1401–1414, 2006.
- [Comaniciu 2002] D. Comaniciu, P. Meer. Mean Shift: A robust approach toward feature space analysis. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 24, n. 5, pp. 603-619. 2002.
- [Corouge 2003] I. Corouge. Modélisation statistique de formes en imagerie cérébrale. Thèse de Doctorat, *Université de Rennes 1 - IRISA*, 2003.
- [Corouge 2014] I. Corouge, P. Hellier, B. Gibaud, C. Barillot. Inter-individual functional mapping : a nonlinear local approach. *NeuroImage*, vol. 19, n. 4, pp. 1337–1348, 2014.
- [Corouge 2015] I. Corouge, M. Dojat, C. Barillot. Statistical shape modeling of low level visual area borders. *Medical Image Analysis*, vol. 8, n. 3, pp. 353–360, 2015.
- [Collins 1998] D. L. Collins, A. P. Zijdenbos, V. Kollokian, J. G. Sled, N. J. Kabani, C. J. Holmes, A. C. Evans. Design and construction of A realistic digital brain phantom. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 17, n. 3, pp. 463–468, 1998.
- [Cootes 1992] T. Cootes, C. Taylor. Active shape models - smart snakes. Dans: *Proceedings of British Machine Vision Conference*, 1992.
- [Cootes 1993] T. Cootes, C. Taylor, D. Cooper, J. Graham. Training models of shape from sets of examples. Dans: *Proceedings of British Machine Vision Conference*, pp. 266–275. Springer, 1993.
- [Cootes 1999] T. Cootes, C. Beeston, G. Edwards, C. Taylor. A unified framework for atlas matching using active appearance models. Dans: *IEEE International Conference on Information Processing in Medical Imaging*, vol. 1613, pp. 322–333, 1999.
- [Cootes 2001] T. Cootes, C. Taylor. Statistical models of appearance for medical image analysis and computer vision. Dans: *SPIE Medical Imaging*, 2001.
- [Cootes 2002] T. Cootes, G. Edwards, C. Taylor. Active appearance models. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 23, n. 6, pp. 681–685, 2002.
- [Courant 1967] R. Courant, K. O. Friedrichs, H. Lewy. On the partial difference equations of mathematical physics. *IBM Journal*, vol. 11, pp. 215–235, 1967.

- [Cuadra 2004] M. Cuadra, C. Pollo, A. Bardera, O. Cuisenaire, J.-G. Villemure, J.-P. Thiran. Atlas-based segmentation of pathological MR brain images using a model of lesion growth. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 23, n. 10, pp. 1301–1314, Octobre 2004.
- [Danielsson 2003] P.E. Danielsson, Q. Lin, A modified fast marching method, Dans: *Proceedings of the 13th Scandinavian conference, SCIA 2003, Lecture notes in computer science 2749*, Berlin: Springer, pp. 1154–1161, 2003.
- [Das 2007] B. Das, S. Banerjee. Parametric Contour Model In Medical Image Segmentation. In: Deformable Models. *Topics in Biomedical Engineering. International Book Series. Springer, New York, NY*, 2007.
- [Davatzikos 2013] C. Davatzikos, X. Tao, D. Shen. Hierarchical active shape models, using the wavelet transform. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 22, n. 3, pp. 414–423, Mars 2013.
- [Dawant 2002] B.M. Dawant, S.L. Hartmann, S. Pan, S. Gadamsetty. Brain Atlas Deformation in the Presence of Small and Large Space-Occupying Tumors. Dans: *Computer Aided Surgery*, vol. 7, n. 1, pp. 1-10 . Janvier 2002.
- [Dempster 1977] A. P. Dempster, N. M. Laird, D. B. Rubin. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of Royal Statistical Society : Series B*, vol. 39, n. 1, pp. 1–38, 1977.
- [Dervieux 1979] A. Dervieux, F. Thomasset. A finite element method for the simulation of Rayleigh-Taylor instability. *Lecture Notes in Mathematics*, vol. 771, pp. 145–159, 1979.
- [Dervieux 1981] A. Dervieux, F. Thomasset. Multifluid incompressible flows by a finite element method. *Lectures Notes in Physics*, vol. 141, pp. 158–163, 1981.
- [Dokládál 2003] P. Dokládál, I. Bloch, M. Couprie, D. Ruijters, R. Urtasun, L. Garnero. Topologically controlled segmentation of 3D magnetic resonance images of the head by using morphological operators. *Pattern recognition*, vol. 36, n. 10, pp. 2463-2478. 2003.
- [Dolz 2015] J. Dolz, L. Massoptier, M. Vermandel, Segmentation algorithms of subcortical brain structures on MRI for radiotherapy and radiosurgery: A survey. *IRBM*, vol. 36, n. 4, pp. 200–212, 2015.
- [Dubuisson 1994] M.P. Dubuisson, A.K. Jain. A modified Hausdorff distance for object matching. *Pattern Recognition*, vol. 1, pp. 566–568, 1994.
- [Dugas-Phocion 2004] G. Dugas-Phocion, M. Ballester, G. Malandain, C. Lebrun, N. Ayache. Improved EM-based tissue segmentation and partial volume effect quantification in multi-sequence brain MRI. Dans: *MICCAI 2004 Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 3216 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 26-33. Springer, 2004.
- [Duta 1997] N. Duta, M. Sonka. Segmentation and interpretation of MR brain images using an improved knowledge-based active shape model. Dans: *Information Processing in Medical Imaging*, pp. 375–380, 1997.
- [Dunan 2004] J.S. Dunan, X. Papademetris, J. Yand, M. Ja kowski, X. Zeng, L.H. Staib. Geometric strategies for neuroanatomic analysis from MRI. *NeuroImage*, vol. 23, n. 1, pp. 34-45, 2004.
- [Ferreira da Silva 2007] A.R. Ferreira da Silva, A Dirichlet Process Mixture Model for Brain MRI Tissue Classification. *Medical Image Analysis*, vol. 11, n. 2, pp. 169-182, 2007.

- [Filho 2015] T.M.S. Filho, B.A. Pimentel, R. Souza, A. Oliveira. Hybrid methods for fuzzy clustering based on fuzzy c-means and improved particle swarm optimization. *Expert Systems with Applications*, vol. 42, n. (17–18), pp. 6315–6328. 2015.
- [Fischl 1999] B. Fischl, M.I. Sereno, A.M. Dale. Cortical surface-based analysis. II: Inflation, flattening, and a surface-based coordinate system, *Neuroimage*, vol. 9, n. 2, pp. 195-207, 1999.
- [Fischl 2002] B. Fischl, D.H. Salat, E. Busa, M. Albert, M. Dieterich, C. Haselgrove, A.J. van der Kouwe, R. Killiany, D. Kennedy, S. Klaveness, A. Montillo, N. Makris, B. Rosen, A.M. Dale. Whole brain segmentation: Automated labeling of neuroanatomical structures in the human brain. *Neuron*, vol. 33, pp. 341-355. 2002.
- [Fischl 2004] B. Fischl, D.H. Salat, A.J. van der Kouwe, N. Makris, F. Segonne, B.T. Quinn, A.M. Dale, Sequence-independent segmentation of magnetic resonance images. *NeuroImage Math, Brain Imaging*, vol. 23, n. 1, pp. S69-S84, 2004.
- [Fletcher 2013] E. Fletcher, O. Carmichael, C. DeCarli. MRI Non-Uniformity Correction Through Interleaved Bias Estimation and B-Spline Deformation with a Template. *IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC)*. vol. 23, pp. 106-129, Septembre 2013.
- [Forcadel 2008] N. Forcadel, C. Le Guyader, C. Gout. Generalized fast marching method: applications to image segmentation. *Numerical Algorithms*, vol. 48, n. (1-3), pp. 189-211, 2008.
- [Forcadel 2009] N. Forcadel, Comparison principle for the generalized fast marching method. *SIAM Journal on Numerical Analysis*, vol. 47, pp. 1923-1951, 2009.
- [Fouquier 2012] G. Fouquier, J. Atif, I. Bloch. Sequential model-based segmentation and recognition of image structures driven by visual features and spatial relations. *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 116, n. 1, pp. 146-165, 2012.
- [Frenoux 2011] E. Frenoux, V. Barra, J. Y. Boire. Segmentation of the striatum using data fusion. *23rd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBS)*, vol. 3, pp. 2630–2633, 2011.
- [Fukunaga 1975] K. Fukunaga, L.D. Hostetler. The estimation of the gradient of a density function, with application to pattern recognition. *IEEE Transactions on Information Theory*, vol. 21, n. 1, pp. 32-40, 1975.
- [Garcia-Lorenzo 2008] D. García-Lorenzo, S. Prima, L. Collins, D.L. Arnold, S.P. Morrissey, C. Barillot. Combining Robust Expectation Maximization and Mean Shift algorithms for Multiple Sclerosis Brain Segmentation . *MICCAI workshop on Medical Image Analysis on Multiple Sclerosis (validation and methodological issues) (MIAMS'2008)*, pp.82-91. September 2008.
- [Gastaud 2005] M. Gastaud, Active contours models for the segmentation of images and videos. PHD Thesis, University of Nice Sophia-Antipolis, 2005.
- [Guerrero 2018] R. Guerrero, C. Qin, O. Oktay, C. Bowles, L. Chen, R. Joules, R. Wolz, M.C.Valdés-Hernández, D.A. Dickie, J. Wardlaw, D. Rueckert. White matter hyperintensity and stroke lesion segmentation and differentiation using convolutional neural networks. *NeuroImage: Clinical*, vol. 17, pp. 918-934, 2018.
- [Geman 1984] S. Geman, D. Geman. Stochastic relaxation, Gibbs distribution, and the Bayesian restoration of images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 6, pp. 721–741, 1984.
- [Gouttard 2007] S. Gouttard, M. Styner, C.J. Sarang, G. Gerig. Subcortical structure segmentation using probabilistic atlas priors. Dans: *Proc. SPIE Medical. Imaging, San Diego, CA, USA*, 65122 J–1–11, 2007.

- [Guillemaud 2015] R. Guillemaud, M. Brady. Estimating the bias field of MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 16, n. 3, pp. 238-251, 2015.
- [Hahn 2000] H.K. Hahn, H.O. Peitgen. The skull stripping problem in MRI solved by a single 3D watershed transform. Dans: *MICCAI 2000 Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 1935 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 134-143. Springer, 2000.
- [Han 2002] X. Han, C. Xu, U. Braga-Neto, J.L. Prince. Topology correction in brain cortex segmentation using a multiscale, graph-based algorithm. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, n. 2, pp. 109-121, 2002.
- [Han 2003] X. Han, C. Xu, J.L. Prince. A topology preserving level set method for geometric deformable models. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 25, n. 6, pp. 755-768, 2003.
- [Han 2004] X. Han, D. Pham, D. Tosun, M. Rettmann, C. Xu, J. Prince. Cruise: Cortical reconstruction using implicit surface evolution. *NeuroImage*, vol. 23, n. 3, pp. 997-1012, 2004.
- [Han 2007] X. Han, B. Fischl. Atlas renormalization for improved brain MR image segmentation across scanner platforms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 26, n. 4, pp. 479-486, Avril 2007.
- [Hassouna 2007] M.S. Hassouna, A.A. Farag, Multi-stencils fast marching methods: a highly accurate solution to the eikonal equation on cartesian domains. *IEEE transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 29, n. 9, pp. 1563-1574, 2007.
- [Heaton 2016] L. Heaton. *A Brief History of Mathematical Thought*. MAA pub, Oxford University Press, 2016.
- [Heimann 2009] T. Heimann, H. Meinzer. Statistical shape models for 3D medical image segmentation: A review. *Medical Image Analysis*, vol. 13, pp. 543-563. 2009.
- [Heckemann 2006] R.A. Heckemann, J.V. Hajnal, P. Aljabar, D. Rueckert, A. Hammers. Automatic anatomical brain MRI segmentation combining label propagation and decision fusion. *NeuroImage*, vol. 33, n. 1, pp. 115-126, 2006.
- [Hickman 2004] S. J. Hickman, A. Hadjiprocopis, Cervical spinal cord MTR histogram analysis in multiple sclerosis using a 3D acquisition and a B-spline active surface segmentation technique. *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 22, n. 6, pp. 891-895, 2004.
- [Höhne 1992] K.H. Höhne, W.A. Hanson. Interactive 3D segmentation of MRI and CT volumes using morphological operations. *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 16, n. 2, pp. 285-294, 1992.
- [Hudelot 2008] C. Hudelot, J. Atif, I. Bloch. An ontology of spatial relations. *Fuzzy Sets and Systems*, vol. 159, pp. 1929-1951. 2008.
- [Iochum 2001] S. Iochum, T. Ludig, F. Walter, A. Fuchs, P. Henrot, A. Blum. Intérêt de la technique de rendu volumique en pathologie ostéo-articulaire. *Journal de radiologie*, vol. 82, n. 3, pp. 221. Mars 2001.
- [Ism 2016] A. Ism, C. Direkoglu, M. Sah. Review of MRI based brain tumor image segmentation using deep learning methods. Dans: *proceedings of 12th international conference on application of fuzzy systems and soft computing, Review of MRI based brain tumor image segmentation using deep learning methods, Vienna, Austria*. 2016.
- [Ivanovska 2015] T. Ivanovska, R. Laqua, L. Wang, A. Schenk, J.H. Yoon, K. Hegenscheid, H. Völzke, V. Liebscher. An efficient level set method for simultaneous intensity inhomogeneity correction and segmentation of MR images. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 48, pp. 9-20, 2015.

- [Johnson 2007] H. Johnson, G. Harris, K. Williams. BRAINSFit: mutual information registration for whole-brain 3D images using the insight toolkit. *Insight J.* 2007.
- [Johnston 1996] B. Johnston, M.S. Atkins, B. Mackiewicz, M. Anderson. Segmentation of multiple sclerosis lesions in intensity corrected multispectral MRI. *IEEE transactions on Medical Imaging*, vol. 15, n. 2, pp. 154-169, 1996.
- [Jonasson 2004] L. Jonasson, C.R. Wilson, X. Bresson, P. Hagmann, R. Meuli, J. Thiran, Coupled region based level sets for segmentation of the thalamus and its subnuclei in DT-MRI. *Technical report ITS 20.2004*, Septembre 2004.
- [Kass 1987] M. Kass, A. Witkin, D. Terzopoulos. Snakes: active contour models. *International Journal of Computer Vision*, vol. 1, n. 4, pp. 321–331, 1987.
- [Kemnitz 2017] J. Kemnitz, F. Eckstein, A.G. Culvenor, A. Ruhdorfer, T. Dannhauer, S. Ring-Dimitriou, A.M. Sängler, W. Wirth. Validation of an active shape model-based semi-automated segmentation algorithm for the analysis of thigh muscle and adipose tissue cross-sectional areas. *MAGMA*, vol. 30, n. 5, pp. 489-503. 2017.
- [Keriven 1997] R. Keriven. Equations aux dérivées partielles, évolution de courbes et de surfaces et espaces d'échelle : Application à la vision par ordinateur. PhD Thesis, Ecole Nationale des Ponts et Chaussées, Décembre 1997.
- [Kikinis 1996] R. Kikinis, et al., A digital brain atlas for surgical planning, model driven segmentation and teaching. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, vol. 2, n. 3, pp. 232–241, 1996.
- [Kim 2000] S. Kim, D. Folie. The Group Marching Method: An O(N) Level Set Eikonal Solver. Dans: *proceedings of Society of Exploration Geophysicists*, 2000.
- [Kim 2001] S. Kim. An o(n) level set method for eikonal equations. *SIAM Journal on Scientific Computing (SISC)*, vol. 22, n. 6, pp. 2178–2193. 2001.
- [Kittler 1998] J. Kittler, M. Hatef, R.P.W. Duin, J. Matas. On combining classifiers. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 20, n. 3, pp. 226 – 239, Mars 1998.
- [Klemencic 2004] J. Klemencic, J. Pluim, M. Viergever, H. Schnack, V. Valencic. Non-rigid registration based active appearance models for 3D medical image segmentation. *Journal of Imaging Science and Technology*, vol. 48, n. 2, pp. 166–171, 2004.
- [Koch 2016] L. Koch, M. Rajchl, W. Bai. Multi-Atlas Segmentation Using Partially Annotated Data: Methods and Annotation Strategies. Dans: *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, pp. 99, Avril 2016.
- [Kovacevic 2002] N. Kovacevi, N.J. Lobaugh, M.J. Bronskill, B. Levine, A. Feinstein, S.E. Black. A robust method for extraction and automatic segmentation of brain images. *NeuroImage*, vol. 17, no. 3, pp. 1087-1100, 2002.
- [Krinidis 2015] S. Krinidis. Generalised fuzzy local information C-means clustering algorithm. *Electronics Letters*, vol. 48, n. 23, pp. 1468-1470, Novembre 2015.
- [Lee 2005] C.H. Lee, M. Schmidt, A. Murtha, A. Bistritz, J. Sander, R. Greiner. Segmenting brain tumors with conditional random fields and support vector machines. Dans: *Computer Vision for Biomedical Imaging Applications*, pp. 469–478, 2005.
- [Liew 2003] A.W. Liew, H. Yan. An adaptive spatial fuzzy clustering algorithm for 3-D MR image segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 22, pp. 1063–1075, 2003.

- [Lin 2010] X. Lin, S. Ruan, T. Qiu, D. Guo. Nonrigid Medical Image Registration Based on Mesh Deformation Constraints. Dans: *Computational and Mathematical Methods in Medicine* 2013, vol. 3, Article ID: 373082, Février 2013.
- [Liu 2015] J. Liu, L. Guo. An Improved K-means Algorithm for Brain MRI Image Segmentation. *Advances in Computer Science Research : Proceedings of the 3rd International Conference on Mechatronics, Robotics and Automation*. 2015.
- [Lladó 2012] X. Lladó, A. Oliver, M. Cabezas, J. Freixenet, J.C. Vilanova, A. Quiles, L. Valls, L. Ramió-Torrentà, À. Rovira, Segmentation of multiple sclerosis lesions in brain MRI: a review of automated approaches. *Information Sciences*, vol. 186, pp. 164–185, 2012.
- [Loncaric 1998] S. Loncaric, A survey of shape analysis techniques. *Pattern Recognition*, vol. 31 n. 8, pp. 983–1001, 1998.
- [Lucas 2012] B.C. Lucas, M. Kazhdan, R. H. Taylor. Multi-object geodesic active contours (MOGAC), Dans: *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention 7511*. New York: Springer, *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 404-412, 2012.
- [Luo 2011] Y. Luo, A.C.S. Chung. An atlas deep structure segmentation method: from coarse positioning to fine shaping. *IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing (ICASSP)*, pp. 1085-1088, 2011.
- [Lynch 2006] M. Lynch, O. Ghita, P.F. Whelan. Left-ventricle myocardium segmentation using a coupled level-set with a priori knowledge. *ELSEVIER, Computerized Medical Imaging and Graphics* vol. 30, pp. 255–262, 2006.
- [MacDonald 2000] D. MacDonald, N. Kabani, D. Avis, A.C. Evans. Automated 3D extraction of inner and outer surfaces of cerebral cortex from MRI. *NeuroImage*, vol. 12, n. 3, pp. 340-356, 2000.
- [MacQueen 1967] J. MacQueen. Some methods for classification and analysis of multivariate observations. Dans: *Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability*, vol. 1, pp. 281–297. University of California Press, 1967.
- [Madheswaran 2015] M. Madheswaran, D.A. Dhas. Classification of brain MRI images using support vector machine with various Kernels. *Biomedical Research (2015)* , vol. 26, n. 3, 2015.
- [Malladi 1995] R. Malladi, J.A. Sethian, C. Vemuri. Shape modeling with front propagation: a level set approach. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 17, n. 2, pp. 158–175, 1995.
- [Mamdani 1975] E.H. Mamdani , S. Assilian. An experiment in linguistic synthesis with a fuzzy logic controller. *International Journal of Man-Machine Studies*, vol. 7, n. 1, pp. 1-13,1975.
- [Mangin 1995] J.F. Mangin, V. Frouin, I. Bloch, J. Régis, J. López-Krahe. From 3D magnetic resonance images to structural representations of the cortex topography using topology preserving deformations. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, vol. 5, n. 4, pp. 297 318, 1995.
- [Mangin 1998] J.F. Mangin, O. Coulon, V. Frouin. Robust brain segmentation using histogram scale-space analysis and mathematical morphology. Dans: *MICCAI 1998 Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 1496 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 1230 1241. Springer, 1998.
- [Marroquin 2002] J.L. Marroquin, B.C. Vemuri, S. Botello, F. Calderon, A. Fernandez-Bouzas. An accurate and efficient Bayesian method for automatic segmentation of brain MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, n. 8, pp. 934-945, 2002.
- [Martin 2004] D. Martin, C. Fowlkes, J. Malik, Learning to detect natural image boundaries using local brightness, color and texture cues. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*. Vol. 26, n. 5, pp. 530–549, 2004.

- [Mayer 2006] A. Mayer, H. Greenspan. An adaptative Mean-Shift framework for MRI brain segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 28, n. 8, pp. 1238-1250, 2009.
- [McInerney 1996] T. McInerney, D. Terzopoulos. Deformable Models in Medical Image Analysis: A Survey. *Medical Image Analysis*, vol. 1, n. 2, pp. 91-108, 1996.
- [Mesejo 2015] P. Mesejo, A. Valsecchi, L. Marrakchi-Kacem, S. Cagnoni, S. Damas, Biomedical image segmentation using geometric deformable models and metaheuristics. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 43, pp. 167–178, 2015.
- [Miri 2008] S. Miri, N. Passat, J. Armspach. Topology-Preserving Discrete Deformable Model: Application to Multi-segmentation of Brain MRI. *Image and Signal Processing: 3rd International Conference, ICISP 2008, Proceedings*, pp.67-75, 2008.
- [Monaco 2012] J.P. Monaco, A. Madabhush. Class-specific weighting for Markov random field estimation: Application to medical image segmentation. *Medical Image Analysis*, vol. 16, n. 8, pp. 1477-1489, Décembre 2012.
- [Moreno 2014] J.C. Moreno, V. Prasath, H. Proença, K. Palaniappan. Fast and globally convex multiphase active contours for brain MRI segmentation. *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 125(2014), pp. 237–250, 2014.
- [Mumford 1985] D. Mumford, J. Shah, Boundary detection by minimizing functional, Dans: *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, San Francisco, CA, USA, pp. 22–26, 1985.
- [Najman 2010] L. Najman, H. Talbot. Mathematical morphology: from theory to applications. *Book: ISTE/J. Wiley & Sons*, 2010.
- [Nguyen 2015] D.D. Nguyen, L.T. Ngo, L. Pham, W. Pedrycz, Towards hybrid clustering approach to data classification: Multiple kernels based interval-valued Fuzzy C-Means algorithms. *Fuzzy Sets and Systems*, vol. 279, pp. 17–39, Novembre 2015.
- [Osher 1988] S. Osher, J.A. Sethian, Fronts propagating with curvature dependant speed: Algorithms based on Hamilton-Jacobi formulation. *Journal of Computational Physics*. vol. 79, pp. 12-49, 1988.
- [Otsu 1979] N. Otsu. A Threshold Selection Method from Grey-Level Histogram, *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, vol. 9, pp. 62-66, 1979.
- [Paragios 1999] N. Paragios, R. Deriche. Geodesic active contours and level sets for the detection and tracking of moving objects. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 20, n. 15, pp. 100-115, 1999.
- [Paragios 2002] N. Paragios, R. Deriche. Geodesic active regions: a new paradigm to deal with frame partition problems in computer vision. *Journal of Visual Communication and Image Representation, Special Issue on Partial Differential Equations in Image Processing, Computer Vision and Computer Graphics*, vol. 13, pp. 249–268, 2002.
- [Park 2007] J.G. Park, T. Jeong, C. Lee. Automated brain segmentation algorithm for 3D magnetic resonance brain images. Dans: *SOFA 2007 International Workshop on Soft Computing Applications*, pp. 57-61, 2007.
- [Patenaude 2007] B. Patenaude. Bayesian Statistical Models of Shape and Appearance for Subcortical Brain Segmentation, PhD thesis, Oxford University, UK, 2007.
- [Patenaude 2011] B. Patenaude, S.M. Smith, D.N. Kennedy, M. Jenkinson, A Bayesian model of shape and appearance for subcortical brain segmentation. *NeuroImage*, vol. 56, n. 3, pp. 907-922, 2011.

- [Peng 2005] S. Peng, L. Gu. A novel implementation of watershed transform using multi-degree immersion simulation. Dans: *International Conference of the Engineering in Medicine and Biology Society*, pp. 1754–1757, septembre 2005.
- [Pham 2001] D.L. Pham. Spatial models for fuzzy clustering, *Computer Vision Image Understanding*, vol. 84, pp. 285–297, 2001.
- [Pham 2004] D. L. Pham, J. L. Prince. Robust Unsupervised Tissue Classification in MR Images. *Proceedings of 2nd International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, pp. 109-112, Avril 2004.
- [Pham 2010] D.L. Pham, P.-L. Bazin, J.L. Prince. Digital topology in brain imaging. *IEEE Signal Processing Magazine*, vol. 27, n. 4, pp. 51-59, 2010.
- [Pham 2011] D. L. Pham. Robust Fuzzy Segmentation of Magnetic Resonance Images. *Proceedings of the Fourteenth IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems (CBMS2001)*, pp. 127-131, Juillet 2011.
- [Parker 2014] J.K. Parker, L.O. Hall. Accelerating Fuzzy-C Means Using an Estimated Subsample Size. *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, vol. 22, n. 5, pp. 1229–1244, Octobre 2014.
- [Poupon 1998] F. Poupon, J.F. Mangin, D. Hasboun, C. Poupon, I. Magnin, V. Frouin. Multi-object deformable templates dedicated to the segmentation of brain deep structures. Dans : *MICCAI*, pp. 1134–1143, 1998.
- [Price 2014] M. Price, V.A. Cardenas, G. Fein. Automated MRI cerebellar size measurements using active appearance modeling. *NeuroImage*, vol. 103, pp. 511-521. Décembre 2014.
- [Prima 2001] S. Prima, N. Ayache, T. Barrick, N. Roberts. Maximum likelihood estimation of the bias field in MR brain images: investigating different modelings of the imaging process. Dans: *Proceedings of the 4th International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, Springer- Verlag, Utrecht, The Netherlands, pp. 811–819, 2001.
- [Quddus 2005] A. Quddus, P. Fieguth, O. Basir. Adaboost and Support Vector Machines for White Matter Lesion Segmentation in MR Images. *Computer Science, Medicine, Published in IEEE Engineering in Medicine and Biology 27th Annual Conference*. 2005.
- [Rey 2002] D. Rey, G. Subsol, H. Delingette, N. Ayache. Automatic detection and segmentation of evolving processes in 3D medical images: Application to multiple sclerosis. *Medical Image Analysis*, vol. 6, n. 2, pp. 163–179, juin 2002.
- [Richard 2004] N. Richard, M. Dojat, C. Garbay. Automated segmentation of human brain MR images using a multi-agent approach. *Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 30, n. 2, pp. 153-176, 2004.
- [Roerdink 2000] J. Roerdink. A. Meijster. The watershed transform : Definitions, algorithms and parallelization strategies. *Fundamenta Informaticae*, vol. 41, n. (1-2), pp. 187–228, 2000.
- [Rousson 2003] M. Rousson, N. Paragios, R. Deriche. Active shape models from a level set perspective. Rapport de Recherche 4984, Inria, 2003.
- [Rousson 2004] M. Rousson, N. Paragios, R. Deriche. Implicit active shape models for 3d segmentation in MR imaging. Dans: *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 3216 de Lecture Notes in Computer Science, pp. 209–216. Springer Berlin / Heidelberg, 2004.

- [Roy 2011] S. Roy, A. Carass, J.L. Prince. Compressed Sensing Based Intensity Non-Uniformity Correction. *Procceeding IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, pp. 101–104, Décembre 2011.
- [Ruan 2002] S. Ruan, B. Moretti, J. Fadili, D. Bloyet. Fuzzy Markovian segmentation in application of Magnetic Resonance Images. *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 85, n. 1, pp. 54–69, 2002.
- [Rueda 2010] A. Rueda, O. Acosta, M. Couprie, P. Bourgeat, J. Fripp, N. Dowson, E. Romero, O. Salvado. Topology-corrected segmentation and local intensity estimates for improved partial volume classification of brain cortex in MRI. *Journal of Neuroscience Methods*, vol. 188, n. 2, pp. 305-315, 2010.
- [Ségonne 2004] F. Ségonne, A.M. Dale, E. Busa, M. Glessner, D. Salat, H.K. Hahn, B. Fischl. A hybrid approach to the skull stripping problem in MRI. *NeuroImage*, vol. 22, n. 3, pp. 1060-1075, 2004.
- [Sharva 2016] V.H. Sharva, J. Rajat, P. Pooja, H. Anitha. Integrated procedure for segmentation of cortical surface from brain MRI. *2016 IEEE International Conference on Recent Trends in Electronics, Information & Communication Technology (RTEICT)*, pp. 813-816. 2016.
- [Shattuck 2001] D. Shattuck, S. Sandor-Leahy, K. Schaper, D. Rottenberg, and R. Leahy, Magnetic resonance image tissue classification using a partial volume model, *Neuroimage*, vol. 13, n. 5, pp. 856–76, 2001.
- [Shattuck 2007] D.W. Shattuck, A.A. Joshi, P.M. Thompson. Surface constrained volumetric brain registration using harmonic mapping. Dans: *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 26, n. 12, pp. 1657-69, 2007.
- [Shattuck 2009] D.W. Shattuck, G. Prasad, M. Mirza, K.L. Narr, A.W. Toga, Online resource for validation of brain segmentation methods, *NeuroImage*, vol. 45, pp. 431–439, 2009.
- [Shen 2009] T. Shen, H. Li, Z. Qian, X. Huang. Active volume models for 3d medical image segmentation. Dans: *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, CVPR 2009*, pp. 1–8, 2009.
- [Scherrer 2008] B. Scherrer. Segmentation des tissus et structures sur les IRM cérébrales : agents markoviens locaux coopératifs et formulation bayésienne. Thèse de doctorat, Institut National Polytechnique de Grenoble, 2008.
- [Scherrer 2009] B. Scherrer, F. Forbes, C. Garbay, M. Dojat. Distributed local MRF models for tissue and structure brain segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 28, n. 8, pp. 1278-1295, 2009.
- [Sethian 1999] J. Sethian. Level set methods and fast marching methods. Evolving interfaces in computational geometry, fluid mechanics, computer vision and material science. Cambridge University Press, 1999.
- [Song 2004] T. Song, E.D. Angelini, B.D. Mensh. Comparison study of clinical 3D MRI brain segmentation evaluation, Dans: *Annual International Conference IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBS)*, San Francisco, CA, USA, pp. 1671–1674, 2004.
- [Song 2007] T. Song, M.M. Jamshidi, R.R. Lee, M. Huang. A Modified Probabilistic Neural Network for Partial Volume Segmentation in Brain MR Image. *IEEE Transactions on Neural Networks*, vol. 18, n. 5, pp. 1424-1432, 2007.
- [Steinmetz 2007] W. E. Steinmetz, C. R. Maher. Magnetic resonance imaging on an NMR spectrometer. An experiment for the physical chemistry laboratory. *Concepts in Magnetic Resonance Part A 2007*, vol. 30, n. 3, pp. 133-164, 2007.

- [Stokking 2000] R. Stokking, K.L. Vincken, M.A. Viergever. Automatic morphology-based brain segmentation (MBRASE) from MRI-T1 data. *NeuroImage*, vol. 12, pp. 726-738, 2000.
- [Styner 2000] M. Styner, C. Brechbuhler, G. Szekely, G. Gerig. Parametric estimate of intensity inhomogeneity applied to MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 19, pp. 153–165, 2000.
- [Szilagyi 2003] L. Szilagyi, Z. Benyó, S.M. Szilagyi, H.S. Adam. MR Brain Image Segmentation Using an Enhanced Fuzzy C-Means Algorithm. *Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology - Proceedings*. vol. 1, pp. 724 – 726, 2003.
- [Takagi 1985] T. Takagi, M. Sugeno. Fuzzy Identification of Systems and its Application to Modeling and Control. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, vol. 15, pp. 15-56, 1985.
- [Tankyevych 2009] O. Tankyevych, H. Talbot, P. Dokládál, N. Passat. Direction-adaptive grey-level morphology. Application to 3D vascular brain imaging. *2009 16th IEEE International Conference on Image Processing (ICIP)*, pp. 2261-2264. 2009.
- [Thiran 1997] J.P. Thiran, V. Warsotte, B. Macq. A queue-based region growing algorithm for accurate segmentation of multi-dimensional digital images. *Signal Processing*, vol. 60, n. 1, pp 1-10, 1997.
- [Tohka 2007] J. Tohka, E. Krestyannikov, I.D. Dinov, A.M. Graham, D.W. Shattuck, U. Ruot salainen, A.W. Toga. Genetic algorithms for finite mixture model based voxel classification in neuroimaging. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 26, pp. 696–711, 2007.
- [Tsang 2008] O. Tsang, A. Gholipour, N. Kehtarnavaz, K. Gopinath, R. Briggs, and I. Panahi. Comparison of tissue segmentation algorithms in neuroimage analysis software tools. *30th Annual International IEEE EMBS Conference Vancouver*, British Columbia, Canada, aout 2008.
- [Tzourio-Mazoyer 2002] N. Tzourio-Mazoyer, B. Landeau, D. Papathanassiou, F. Crivello, O. Etard, N. Delcroix, B. Mazoyer, M. Joliot. Automated anatomical labeling of activations in SPM using a macroscopic anatomical parcellation of the MNI MRI single-subject brain. *Neuroimage*, vol. 15, n. 1, pp. 273-289, 2002.
- [Tuzikov 2013] A. Tuzikov, O. Collio, I. Bloch. Evaluation of the symmetry plane in 3D MR brain images. *Pattern Recognition Letters*, vol. 24, n. 14, pp. 2219–2233, 2013.
- [Van Leemput 1999] K. Van Leemput, F. Maes, D. Vandermeulen, P. Suetens. Automated model-based tissue classification of MR images of the brain. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 18 n. 10, pp. 897–908, 1999.
- [Van Leemput 2009] K. Van Leemput. Encoding Probabilistic Brain Atlases Using Bayesian Inference. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 28, pp. 822-837, 2009.
- [Vapnik 1982] K. Vapnik. Estimation of dependences based on empirical data. Book: *Springer Series in Statistics*, Springer-Verlag Berlin, Heidelberg, Springer, 1982.
- [Vovk 2007] U. Vovk, F. Pernus, B. Likar. A review of methods for correction of intensity inhomogeneity in MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 26, pp. 405–21, 2007.
- [Udupa 2002] J. K. Udupa, P. K. Saha, R. A. Lotufo. Relative fuzzy connectedness and object definition: theory, algorithms and applications in image segmentation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 24, n. 11, pp. 1485–1500, 2002.
- [Vigneaux 2007] P. Vigneaux. Méthode Level Set pour des problèmes d’interface en microfluidique. Thèse de doctorat. Université Sciences et Technologies – Bordeaux, Juillet 2007.
- [Vincent 1991] L. Vincent, P. Soille. Watershed in digital spaces, an efficient algorithm based on immersion simulation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 13, n. 6, pp. 583–598, juin 1991.

- [Wang 2006] C. Wang, C. Guo. An SVM Classification Algorithm with Error Correction Ability Applied to Face Recognition. *International Symposium on Neural Networks, ISNN 2006: Advances in Neural Networks - ISNN 2006*, pp. 1057-1062, 2006.
- [Wang 2011] L. Wang, F. Shi, W. Lin, J.H. Gilmore, D. Shen. Automatic segmentation of neonatal images using convex optimization and coupled level sets. *NeuroImage*, vol. 58, n. 3, pp. 805-817, 2011.
- [Wang 2015] C.Y.Q. Wang, W. Wua, Y. Xue, W. Luc, S. Wua. Thalamic segmentation based on improved fuzzy connectedness in structural MRI. *Computers in Biology and Medicine* vol. 66, pp. 222–234, 2015.
- [Warfeld 2000] S.K. Warfeld, M. Kaus, F.A. Jolesz, R. Kikinis. Adaptive, template moderated, spatially varying statistical classification. *Medical Image Analysis*, vol. 4, n. 1, pp. 43-55, 2000.
- [Watkins 2016] K. E. Watkins, N. Jenkinson. The Anatomy of the Basal Ganglia. Dans: *Neurobiology of Language*, pp.85-94. 2016.
- [Wells 2013] W.M. Wells, W.E.L. Grimson, R. Kikinis, F.A. Jolesz. Adaptive segmentation of MRI data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 15, n. 4, pp. 429-442, 2013.
- [Wels 2009] M. Wels, Y. Zheng , G. Carneiro , M. Huber , J. Hornegger , D. Comaniciu. Fast and Robust 3-D MRI Brain Structure Segmentation. *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2009*, pp. 575-583, 2009.
- [Wels 2011] M. Wels, Y. Zheng, M. Huber, J. Hornegger, D. Comaniciu. A discriminative model-constrained EM approach to 3D MRI brain tissue classification and intensity non-uniformity correction. *Physics in Medicine and Biology*, vol. 56, n. 11, pp. 3269, 2011.
- [Woolrich 2009] M.W. Woolrich, S. Jbabdi, B. Patenaude, M. Chappell, S. Makni, T. Behrens, C. Beckmann, M. Jenkinson, S. M. Smith. Bayesian analysis of neuroimaging data in FSL. *NeuroImage* vol. 45, n. 1, pp. 173-186, 2009.
- [Wu 2015] G. Wu, M. Kim, G. Sanroma. Hierarchical multi-atlas label fusion with multi-scale feature representation and label-specific patch partition, *NeuroImage*, vol. 106, pp. 34-46, 2015.
- [Xu 1997] C. Xu, J. Prince. Gradient vector flow: a new external force for snakes. Dans: *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 66–71, juin 1997.
- [Xu 1999] C. Xu, D.L. Pham, M.E. Rettmann, D.N. Yu, J.L. Prince. Reconstruction of the human cerebral cortex from magnetic resonance images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 18, n. 6, pp. 467–480, 1999.
- [Xu 2000] C. Xu, Y. Anthony, J.L. Prince. On the relationship between parametric and geometric active contours. Dans: *Proceedings of the 34th Asilomar conference on signals, systems, and computers*, Washington, DC: IEEE Computer Society, pp. 483–489, 2000.
- [Xue 2007] H. Xue, L. Srinivasan, S. Jiang, M. Rutherford, A.D. Edwards, D. Ruekert, J.V. Hajnal. Automatic segmentation and reconstruction of the cortex from neonatal MRI. *NeuroImage*, vol. 38, n. 3, pp. 461-477, 2007.
- [Xue 2011] J. H. Xue, S. Ruan, B. Moretti, M. Revenu, D. Bloyet. Knowledge-based segmentation and labeling of brain structures from MRI images. *Pattern Recognition Letters*, vol. 22, n. 34, pp. 395–495, 2011.
- [Yang 2004] J. Yang, J. S. Duncan. 3D image segmentation of deformable objects with joint shape-intensity prior models using level sets. *Medical Image Analysis*, vol. 8, n. 3, pp. 285–294, 2004.

- [Yang 2016] M.S. Yang, Y.Z. Chen, Y. Nataliani. Bias-Correction Fuzzy C-Regressions Algorithm. Dans: *Artificial Intelligence and Soft Computing. Lecture Notes in Computer Science*, vol. 9119, pp. 283-293, 2016.
- [Yatziv 2006] L. Yatziv, A. Bartesaghi, G. Sapiro. A fast $o(n)$ implementation of the fast marching algorithm. *J Comput Phys*, vol. 212, pp. 393–399, 2006.
- [Yezzi 2002] A. Yezzi, A. Tsai, A. Willsky. A fully global approach to image segmentation via coupled curve evolution equations. *Journal of Visual Communication and Image Representation*. vol. 13, pp. 195–216, 2002.
- [Zadeh 1978] L. A. Zadeh. Fuzzy Sets as a Basis for a Theory of Possibility. *Fuzzy Sets and Systems*, vol. 1, pp. 3-28, 1978.
- [Zainuddin 2015] Z. Zainuddin , O. Pauline. An effective fuzzy C-means algorithm based on symmetry similarity approach. *Applied Soft Computing*, vol. 35, pp. 433–448, 2015.
- [Zeng 1999] X. Zeng, L.H. Staib, R.T. S hultz et J.S. Dunan. Segmentation and measure- ment of the ortex from 3-D MR images using coupled-surfaces propagation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 18, n. 10, pp. 927-937, 1999.
- [Zhang 2001] Y. Zhang, M. Brady, S. Smith. Segmentation of brain MR images through a hidden Markov random field model and the expectation-maximization algorithm. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, n. 1, pp. 45-57, 2011.
- [Zhang 2004] D.Q. Zhang, S.C. Chen. A novel kernelized fuzzy C-means algorithm with application in medical image segmentation. *Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 32, pp. 37 – 50, 2004.
- [Zhang 2012] T. Zhang , Y. Xia , D.D. Feng, A deformable cosegmentation algorithm for brain MR images. *Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC)*, vol. 8, 2012.
- [Zhang 2013] T. Zhang, Y. Xia, D. DaganFeng. Hidden Markov random field model based brain MR image segmentation using clonal selection algorithm and Markov chain Monte Carlo method. *Biomedical Signal Processing Control*, vol. 12, pp. 10-18, 2013.
- [Zhang 2015] W. Zhang, W. Wang. Face recognition based on local binary pattern and deep learning. *Journal of Computer Applications*, vol. 35, n. 5, pp. 1474-1478, 2015.
- [Zhou 2005] J. Zhou, J.C. Rajapakse. Segmentation of subcortical brain structures using fuzzy templates. *Neuroimage*, vol. 28, pp. 915 – 924, 2005.
- [Zhou 2007] Y. Zhou, J. Bai, Atlas-based fuzzy connectedness segmentation and intensity nonuniformity correction applied to brain MRI. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 54, pp. 122 – 129, 2007.
- [Zijdenbos 1994] A.P. Zijdenbos, B.M. Dawant, R.A. Margolin, A.C. Palmer. Morphometric analysis of white matter lesions in MR images: method and validation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 13, n. 4, pp. 716–724, 1994.

