



Segmentation d'IRM cérébrales multidimensionnelles par coupe de graphe

Jérémy Lecoœur

► To cite this version:

Jérémy Lecoœur. Segmentation d'IRM cérébrales multidimensionnelles par coupe de graphe. Informatique [cs]. Université Rennes 1, 2010. Français. NNT : . tel-00502842

HAL Id: tel-00502842

<https://theses.hal.science/tel-00502842>

Submitted on 15 Jul 2010

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

N° d'ordre : 4024

ANNÉE 2010



THÈSE / UNIVERSITÉ DE RENNES 1

sous le sceau de l'Université Européenne de Bretagne

pour le grade de
DOCTEUR DE L'UNIVERSITÉ DE RENNES 1

Mention : Informatique
École doctorale MATISSE

présentée par

Jérémy LECOEUR

préparée à l'unité de recherche UMR CNRS 6074 / CRIRBA

Équipe d'accueil : VisAGeS - INSERM U746

Composante universitaire : IFSIC

**Segmentation
d'IRM cérébrales
multidimensionnelles
par coupe de graphe**

Thèse soutenue à Rennes

le 26 janvier 2010

devant le jury composé de :

M. Patrick PEREZ

Directeur de recherche INRIA / *Président*

Mme Marinette REVENU

Professeur des universités à l'ENSICAEN /
Rapporteur

M. François MALGOUYRES

Maître de conférence à l'Université Paris XIII /
Rapporteur

Mme Su RUAN

Professeur des universités à l'Université de
Reims / *Examineur*

M. Jean-Yves GAUVRIT

Professeur des universités - praticien hospitalier
au CHU Pontchaillou / *Examineur*

M. Christian BARILLOT

Directeur de recherche à l'IRISA / *Directeur de
thèse*

*Vis comme si tu devais mourir demain.
Apprends comme si tu devais vivre toujours.*
Mahatma Gandhi



Remerciements

Tout d'abord, merci à M. Patrick Perez qui me fait l'honneur de présider le jury de ma thèse.

Je remercie aussi M. François Malgouyres d'avoir bien voulu accepter la charge de rapporteur. Je remercie tout particulièrement Mme Marinette Revenu qui, en plus d'avoir accepté de rapporter cette thèse, m'a aussi donné mes premiers cours de traitement d'images lors de mon Master à l'Université de Caen. C'est grâce à cet enseignement que j'ai décidé de poursuivre par une thèse en segmentation d'images médicales.

Je remercie Mme Su Ruan et M. Jean-Yves Gauvrit d'avoir bien voulu juger ce travail et participer au jury.

Merci aussi à toute l'équipe VisAGes au sein de laquelle s'est déroulée cette thèse. Je remercie tout particulièrement Daniel García-Lorenzo, doctorant dans cette même équipe, pour sa collaboration dans mes travaux de thèse mais aussi pour sa bonne humeur et sa disponibilité. Merci à Nicolas, Benoît et Brivael d'avoir partagé mon bureau et de m'avoir soutenu (et aussi supporté) lors de ces trois années.

Merci aussi aux doctorants qui se sont succédés dans l'équipe : Ammar, Aymeric, Bacem, Cécilia, Florent, Jean-Christophe, Laure, Lynda, Olivier, Omar, Perrine, Pier-rick et Romuald.

Merci à Adrien, Alexandre, Aline, Arnaud, Camille, Daniel M., Élise, Fernanda, Franck, Farooq, Guillaume, Hélène, Isabelle, Jan, Mathieu B., Mathieu M., Pierre-Louis, Romain, Ronan, Sébastien, Simon, Sophie et Vincent qui ont, chacun à leur façon, contribué ou bien à ma thèse ou bien à la bonne ambiance qui régnait dans le laboratoire.

Merci aussi aux chercheurs de l'équipe qui ont su m'aider lorsque j'en ai eu besoin : Bernard, Caroline, Pierre H., Pierre J., Pierre M., Olivier, Sean, Sylvain et Xavier.

Merci enfin à Céline, l'assistante de l'équipe, dévouée corps et âme à son travail et sans qui les missions et autres petites tracasseries administratives seraient devenues des obstacles infranchissables.

Merci à tout le personnel de l'IRISA, c'est un lieu de vie fort agréable. Je tiens à remercier en particulier à Pierrette et Laurence, nos chères hôtesse de la cafétéria, sans qui les journées auraient été bien plus difficiles car sans café et sans sourire !

Je remercie aussi Ryan Datteri, doctorant dans le laboratoire Medical Image Processing de la Vanderbilt University à Nashville (Tennessee), pour sa collaboration autour des a priori par atlas dans mes travaux de thèse.

Je remercie en outre Muriel Chevalier, ma relectrice officieuse qui a accepté la lourde tâche de lire ma prose maladroite et de la remettre dans le droit chemin. Il lui aura fallu bien du courage pour ingurgiter ces pages bien indigestes, en particulier quand on sait qu'elle n'aime pas spécialement les mathématiques. Un grand grand merci pour son aide précieuse.

Un grand merci aussi à tous les amis qui ont égayé ces années de thèse : Agathe, Alizée, Amandine, Amélie, Cédric, Céline, Émeline B., Émeline D., Geoffroy, Jérémy, Julien, Laure, Laurent, Lidwine, Marc, Marie, Mikaël, Sophie, Stéphanie, Vanessa et Vincent.

Je remercie bien évidemment mes parents Guy et Marie-Hélène, mes soeurs Vanessa et Coralie ainsi que toute ma famille pour m'avoir soutenu et permis d'étudier pendant toutes ces années.

Un grand grand merci aussi à tous ceux que j'ai oublié.

“Last but not least”, je remercie M. Christian Barillot qui a dirigé ma thèse. Il a su me guider dans les méandres de la recherche et me prodiguer de judicieux conseils. Sa bonne humeur a rendu ces années très agréables et sa vision globale du domaine m'a permis d'éviter bien des écueils. Ses qualités humaines et son enthousiasme scientifique ont rendu cette expérience très enrichissante.

Table des matières

Table des matières	7
Introduction	13
I État de l’art sur la segmentation d’images cérébrales	17
1 Segmentation d’IRM cérébrales : revue avec classification	19
1.1 Introduction	19
1.2 Qu’est-ce que la segmentation ?	19
1.3 Différents artefacts de l’IRM	21
1.3.1 Volume partiel	21
1.3.2 Bruit aléatoire de mesure	21
1.3.3 Inhomogénéités du champ de radio-fréquence	22
1.3.4 Artefacts de mouvement	22
1.4 Les différentes approches	24
1.4.1 Région	25
1.4.1.1 Classification déterministe supervisée	25
Réseaux de neurones	25
1.4.1.2 Classification déterministe non supervisée	28
K -Moyennes	28
C -moyennes floues et c -moyennes floues adaptatives	29
Mean shift	30
1.4.1.3 Apprentissage statistique paramétrique	32
Mélange de lois	32
1.4.1.4 Apprentissage statistique non-paramétrique	33
Champs aléatoires de Markov	33
Machine à vecteurs de support	35
1.4.2 Contour	37
1.4.2.1 Espace-échelle	37
1.4.2.2 Modèles dérivatifs	39
1.4.3 Approches structurales	42
1.4.3.1 Opérateurs morphologiques	42

1.4.3.2	Ligne de partage des eaux	43
1.4.4	Forme	44
1.4.4.1	Recalage d'atlas	44
1.4.4.2	Transformation dans un sous-espace	46
	Ondelettes	46
	Harmoniques sphériques	48
	Modèle actif de forme	49
	Modèle actif d'apparence	51
1.4.4.3	Forme paramétrique	51
	Contours actifs	51
1.4.4.4	Forme discrète	53
	Ensembles de niveau géométriques	54
	Ensembles de niveau géodésiques	55
1.4.5	Théorie des graphes	56
1.4.5.1	Hypergraphes	56
1.4.5.2	Coupes de graphe	57
1.5	Conclusion	61

II Coupe de graphe et gradient spectral : les préalables indispensables 63

2	Coupe de graphe : principe et algorithmes 65
2.1	Introduction 65
2.2	Définitions et notations 65
2.2.1	Graphe orienté et pondéré 65
2.2.2	Coupe de graphe 66
2.2.3	Flot maximal 68
2.3	Algorithmes de calcul du flot maximal 69
2.3.1	Saturation de chemin 69
2.3.2	Poussée de flot 70
2.3.3	Algorithme de Boykov et Kolmogorov 71
2.4	Segmenter grâce aux coupes de graphe 73
3	Du gradient spectral colorimétrique 75
3.1	Introduction 75
3.2	Formation d'une image et invariants colorimétriques 75
3.3	Modèle gaussien de colorimétrie de Koenderink 78
3.4	Gradient spectral de Geusebroek 81
3.5	Conclusion 82

III	Segmentation multidimensionnelle d'IRM cérébrales par coupe de graphe : notre approche	85
4	Coupe de graphe et gradient spectral colorimétrique	87
4.1	Introduction	87
4.2	Méthodologie	88
4.2.1	Mélange de lois gaussiennes multivariées : les bases	89
4.2.2	Introduction du modèle de mélange de gaussiennes multivariées et du gradient spectral dans une coupe de graphe	92
4.2.3	Coupe de graphe multi-résolution	93
4.2.4	Segmentation hiérarchique descendante : les tuniques d'un oignon	95
4.3	Expérimentations et résultats	96
4.3.1	Influence de l'ordre des séquences	96
4.3.2	Dépendance à l'algorithme de coupe de graphe multi-résolution	97
4.3.3	Validation sur données synthétiques	98
4.3.3.1	Influence du nombre de graines	101
4.3.4	Quantification de la précision de la segmentation de lésions de sclérose en plaques sur diverses combinaisons de séquences	104
4.3.5	Application à la segmentation de tumeurs et d'oedèmes péri-tumoraux	106
4.3.6	Segmentation de structures d'intérêt dans le cadre de l'imagerie de diffusion	111
4.3.6.1	Carte de couleur d'orientation principale pondérée en fraction d'anisotropie	111
4.3.6.2	Expérience : but, cibles et méthode	112
	Description des cibles	113
	Méthode de segmentation	114
4.3.6.3	Résultats	115
4.4	Conclusion	116
5	Automatisation de notre méthode : application aux lésions de SEP	117
5.1	Théorie : modélisation des tissus cérébraux	117
5.1.1	EM robuste et estimateur pondéré de vraisemblance tamisé pour les TCAN	118
5.1.1.1	Initialisation hiérarchique	119
5.1.1.2	Log-vraisemblance tamisée	119
5.1.2	Détection des lésions candidates	121
5.2	Méthodes	121
5.2.1	Le terme de région	122
5.2.2	Post-traitement semi-automatique	125
5.3	Expériences sur le paramètre d'attache aux données	125
5.4	Évaluation	127
5.4.1	Données	127
5.4.1.1	Images synthétiques	127
5.4.1.2	Images cliniques	128

5.4.2	Résultats	129
5.4.2.1	Images synthétiques	129
5.4.2.2	Images cliniques	129
5.5	Comparaison avec l'approche semi-automatique	130
5.6	Conclusion	131
6	Optimisation du gradient spectral	135
6.1	Introduction	135
6.2	Méthodes	136
6.2.1	Gradient spectral colorimétrique	136
6.2.2	Optimisation de l'espace multispectral	137
6.2.2.1	Quelques mots sur NEWUOA	138
6.2.2.2	Critères d'évaluation	139
6.3	Matériel	140
6.4	Résultats	141
6.4.1	Données synthétiques avec sclérose en plaques	141
6.4.2	Données cliniques avec sclérose en plaques	143
6.4.3	Signification statistique des résultats	148
6.5	Extension à plus de 3 modalités	149
6.5.1	Généralisation du calcul du gradient spectral	149
6.5.2	Résultats	150
6.5.2.1	Segmentation de lésions de SEP avec 4 modalités	150
6.5.2.2	Segmentation de lésions de SEP avec 5 modalités	152
6.5.3	Conclusion	152
6.6	Conclusion et perspectives	153
7	Atlas et coupe de graphe multispectral	155
7.1	Introduction	155
7.2	Méthodes	155
7.2.1	Images	156
7.2.2	Recalage à base d'atlas par fonction à base radiale	156
7.2.3	Combinaison des méthodes par coupe de graphe et par atlas	157
7.3	Application à la segmentation du thalamus	158
7.3.1	Quelques mots sur le thalamus	158
7.3.2	Résultats de la segmentation	159
7.4	Discussion	162
7.5	Conclusions	164
IV	Conclusion	167
8	Conclusion générale	169

<i>Table des matières</i>	11
V Annexes	173
A Profils de la fonction à optimiser	175
B Glossaire	181
C Publications	189
Bibliographie	191
Liste des figures	217
Liste des tableaux	221

Introduction

Il vaut mieux savoir tout chercher que chercher à tout savoir.

Patrick Mendelson

Comment fonctionne le cerveau ? La réponse à cette question constitue l'un des défis majeurs du XXI^{ème} siècle. Outre l'espoir de trouver des réponses appropriées à certaines formes de handicap, de troubles psychiatriques (dépression, schizophrénie, autisme) et de maladies neurodégénératives (Parkinson ou Alzheimer), la compréhension du cerveau permet de mieux connaître la façon dont les individus interagissent entre eux ou avec leur environnement.

Depuis une quarantaine d'années, l'exploration du cerveau a connu une effervescence essentiellement due à l'apparition et à la diffusion massive de nouvelles techniques d'imagerie médicale, notamment la tomographie par émission de positon, la magnétoencéphalographie ou l'imagerie par résonance magnétique nucléaire (IRM). D'autres techniques plus anciennes viennent compléter cette gamme d'examen comme le scanner X, l'échographie, l'angiographie ou encore l'électroencéphalographie. Cette énumération sommaire est loin d'être exhaustive, d'autant plus que plusieurs de ces techniques comportent plusieurs modalités. Ainsi nous pouvons aussi compter l'IRM de diffusion, de perfusion, l'IRM anatomique ou bien encore l'IRM fonctionnelle. Cela amène une grande variété de modalités d'imagerie médicale.

Avec l'amélioration de ces techniques et la montée en puissance de l'informatique dans nos sociétés modernes, les données à traiter ont vu leur taille augmenter. La combinaison de ces diverses modalités d'imagerie permet d'apporter les connaissances nécessaires à l'étude et au diagnostic d'une pathologie. Cependant, bien que de plus en plus de modalités soient disponibles pour observer notre cerveau sous toutes ses coutures, la prise en compte de ces multiples modalités n'est pas chose aisée pour le clinicien, notamment à cause du temps à fournir pour explorer toutes ces modalités, par conséquent, les méthodes de traitement et d'analyse d'images médicales se multiplient.

Comme dans tout contexte de traitement d'image, la segmentation de structures d'intérêt est une étape-clé et c'est à ce niveau que se situe cette thèse. Nous avons choisi d'explorer la segmentation de ces structures en utilisant conjointement les informations complémentaires que l'on peut trouver dans les diverses modalités mises à notre disposi-

tion. C'est en tirant parti des spécificités de chacune de ces modalités que nous pouvons enrichir la segmentation.

Les travaux présentés dans ce manuscrit s'inscrivent dans un flot constant de travaux sur ce sujet menés au sein de l'équipe, aussi bien par les doctorants qui s'y sont succédés que par les chercheurs et les cliniciens qui en constituent la partie pérenne. Ces travaux font notamment écho aux travaux de thèse de Cybèle Ciofolo et de Laure Aït-Ali ainsi que, avant elles, de Frédéric Lachman et de Georges Le Goualher en matière de segmentation d'IRM cérébrales.

Ce document est organisé en quatre parties. La partie I présente une revue des différentes méthodes de segmentation d'IRM cérébrales. Elle est constituée du chapitre 1 qui classe ces différentes méthodes selon leur approche, permettant ainsi de mieux situer la nôtre. La partie II revient sur deux notions nécessaires à la compréhension des travaux qui seront exposés ensuite. Elle est constituée des chapitres 2 et 3 qui présentent respectivement les coupes de graphes et le gradient spectral colorimétrique. La partie III expose notre approche de segmentation. Constituée de quatre chapitres, elle décrit nos contributions en mettant tout d'abord l'accent sur la recherche d'une méthode de segmentation multi-spectrale puis sur l'automatisation de cette méthode. Ensuite, le focus est mis sur l'optimisation de la méthode de base pour des images médicales multimodales ainsi que l'ajout d'*a priori* d'atlas avec la présentation des applications associées à ces recherches. Enfin, la quatrième partie dresse les conclusions et perspectives de ces travaux.

Partie I

Chapitre 1

Ce chapitre présente les différentes méthodes de segmentation d'IRM cérébrales. Pour chaque technique, nous donnons les détails de la théorie puis nous décrivons des applications qui y sont liées. L'accent est mis sur la classification de ces méthodes en fonction des approches qui les sous-tendent afin de former un arbre cohérent des techniques, permettant ainsi de situer la nôtre.

Partie II

Cette partie présente deux méthodes largement utilisées dans la thèse et forme donc un préalable nécessaire à la compréhension de la suite.

Chapitre 2

Ce chapitre décrit le principe des coupes de graphe et les algorithmes permettant de les calculer. Après un bref rappel de généralités sur les graphes orientés, les coupes de graphe et, plus particulièrement, les coupes minimales de graphe sont étudiées en étroite relation avec les flots dans un graphe et le calcul du flot minimal d'un graphe. Ensuite, trois algorithmes de calcul de la coupe minimale d'un graphe sont présentés. Enfin, l'application de cette méthode à la segmentation d'image est présentée.

Chapitre 3

Dans ce chapitre, nous exposons les principes théoriques du gradient spectral colorimétrique. Nous présentons quelques éléments issus de la théorie espace-échelle et surtout du modèle gaussien de la couleur de Koenderink puis l'implémentation pratique de cet opérateur.

Partie III

Cette partie expose nos contributions, divisées en quatre chapitres. Le premier expose la méthode générale développée au cours de cette thèse et les trois suivants exposent diverses manières d'améliorer les performances de celle-ci.

Chapitre 4

Ce chapitre présente ce qui forme le socle de notre méthode : la combinaison de la méthode de segmentation par coupe de graphe et du gradient spectral colorimétrique pour la segmentation d'IRM cérébrales multimodales. Nous y montrons une façon de combiner trois modalités d'IRM afin de tirer partie des informations complémentaires qu'elles représentent. Nous présentons l'application de cette méthode pour diverses tâches comme la classification du cerveau en trois tissus, la segmentation de tumeurs et d'oedèmes ainsi que la segmentation de lésions de scléroses en plaques.

Chapitre 5

Dans ce chapitre, nous décrivons une façon d'automatiser notre méthode. L'initialisation de la méthode de segmentation par coupe de graphe est faite par un algorithme d'espérance-maximisation robuste. Nous présentons son application dans le cadre de la segmentation de lésions de sclérose en plaques.

Chapitre 6

Comme le gradient spectral colorimétrique est basé sur un paradigme psycho-visuel, son application aux images médicales multimodales peut soulever des questions d'optimalité. Ainsi dans ce chapitre, nous explorons d'autres espaces spectraux intermédiaires qui permettent d'augmenter la séparabilité des informations présentes dans les IRM multimodales. Nous avons évalué l'efficacité de ces méthodes à segmenter des lésions de sclérose en plaques.

Chapitre 7

Afin de segmenter les structures profondes du cerveau, nous avons introduit des *a priori* d'atlas dans la formulation de notre problème. Nous présentons dans ce chapitre une méthode permettant de les intégrer de façon automatique dans notre algorithme de coupe de graphe multispectral. Cette méthode est ensuite appliquée à la segmentation du thalamus.

Partie IV

Enfin, nous terminons ce manuscrit par nos conclusions sur les travaux présentés et quelques perspectives pour les travaux à venir.

Première partie

État de l'art sur la segmentation d'images cérébrales

Chapitre 1

Segmentation d'IRM cérébrales : revue avec classification

*Puisqu'on ne peut être universel et savoir tout ce
qu'on peut savoir sur tout, il faut savoir un peu de tout.*

Blaise Pascal

1.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous allons nous efforcer d'esquisser un état de l'art de la segmentation d'image. Cette revue des différentes techniques et approches n'a pas pour but d'être exhaustive mais de montrer la grande diversité qui existe au sein de ce vaste domaine. Les références sont légion et celles citées en exemples sont celles qui nous ont semblé les plus à même d'illustrer nos propos.

Dans un premier temps, nous réfléchirons sur les tenants et aboutissants de la segmentation et les critères de véracité d'une segmentation, puis, dans un second temps, nous présenterons les artefacts qui perturbent la segmentation des IRM, enfin, dans un dernier temps, nous nous intéresserons aux différentes méthodes que nous avons classées en quatre grands thèmes que sont les approches basées sur la forme, celles reposant sur un paradigme de régions, celles opérant sur les contours et enfin celles faisant appel à la théorie des graphes. C'est dans ce dernier thème que nous trouverons ce qui va nous intéresser dans la suite du manuscrit, à savoir les coupes de graphe.

1.2 Qu'est-ce que la segmentation ?

Il n'est pas aisé de trouver une seule définition de la segmentation car cette tâche est souvent confondue avec la classification ou l'étiquetage. Nous allons néanmoins en présenter une afin de fixer le cadre dans lequel nous écrirons et ainsi faire disparaître les ambiguïtés.

Segmenter une image signifie trouver ses régions homogènes et ses contours. Ces régions et contours sont supposés être pertinents, c'est-à-dire que les régions doivent

correspondre aux parties significatives des objets du monde réel, et les contours à leurs contours apparents.

Une définition formelle d'un algorithme de segmentation complète d'une image a été donnée par Horowitz et Pavlidis [136, 137] en 1975.

Définition 1.1 *Soit X le domaine de l'image et f la fonction qui associe à chaque pixel une valeur $f(x, y)$. Si nous définissons un prédicat P sur l'ensemble des parties de X , la segmentation de X est définie comme une partition de X en n sous-ensemble $\{R_1, \dots, R_n\}$ tels que :*

1. $X = \bigsqcup_{i=1}^n R_i$
2. $\forall i, R_i$ est connexe
3. $\forall i \in \{1, \dots, n\} P(R_i) = \text{vrai}$
4. $\forall i, j \in \{1, \dots, n\}^2 R_i$ est adjacent à R_j et $i \neq j \Rightarrow P(R_i \cup R_j) = \text{faux}$

où $\sqcup$ représente une union d'ensemble disjoints.

Le prédicat P est utilisé pour tester l'homogénéité des ensembles R_i . Ces sous-ensembles constituent les régions de l'image. Une segmentation de l'image est donc sa décomposition en un ensemble de régions homogènes, le critère d'homogénéité P restant à déterminer.

Zucker [344] a résumé les conditions de la définition d'Horowitz comme suit : la première condition implique que tout pixel de l'image appartienne à une région et une seule. Cela signifie que l'algorithme de segmentation ne doit pas se terminer avant d'avoir traité tous les points. La seconde condition implique que toute région doit être connexe. La connexité des régions est induite par le voisinage défini sur l'image. La troisième condition implique que chaque région doit être homogène. Enfin, la quatrième condition est une condition de maximalité indiquant que la fusion de deux régions ne doit pas être homogène. Il est important de remarquer que le nombre n de régions formant la partition de l'image reste indéterminé. Il peut donc exister plusieurs segmentations possibles pour un prédicat P donné.

Les spécialistes de la Gestalt, tout comme les psycho-physiciens, reconnaissent qu'un processus de segmentation intervient lors des toutes premières étapes du processus de perception visuelle [190, 171, 167]. De plus, ils ont prouvé que ces premières étapes sont totalement indépendantes d'un quelconque apprentissage ou d'une connaissance *a priori* sur le monde. Ainsi, il semble raisonnable de penser qu'un algorithme programmé, traitant des images numériques, est capable de faire la même chose.

Il faut en outre parler, brièvement, des spécificités et des difficultés de la segmentation d'IRM cérébrales. Les facteurs de ces spécificités et difficultés sont nombreux et nous pouvons citer, entre autre, la variabilité biologique des structures qui rend complexe la généralité des méthodes, la différence de topologie des structures étudiées qui demande une haute spécificité de chaque tâche ou bien encore le grand nombre de séquences IRM variées qui, s'il permet d'obtenir des jeux d'images très pointus en termes d'application à une maladie particulière, est un écueil à l'automatisation des techniques de segmentation.

1.3 Différents artefacts de l'IRM

Les artefacts d'acquisition en IRM sont très nombreux et peuvent être liés à différents facteurs. Nous décrirons dans cette partie les artefacts de volume partiel, les problèmes de bruit aléatoire, les inhomogénéités de champ et les artefacts de mouvement.

1.3.1 Volume partiel

L'artefact de volume partiel est lié à la fois à la discrétisation de l'espace imagé et à la réponse impulsionnelle du capteur de la machine IRM : en effet, lorsque l'élément de volume discret (le voxel) contient une surface séparant plusieurs objets, l'intensité mesurée dans ce voxel est le résultat d'un mélange des contributions des divers objets en présence comme l'illustre la figure 1.1. De plus, le support spatial du filtre de convolution des observations par le système de mesure participe aussi à cet effet de volume partiel.

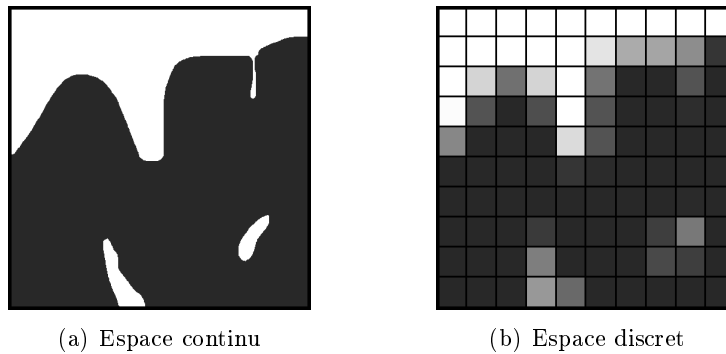


FIG. 1.1 – Artefact de volume partiel.

Dans le cerveau, cet artefact est notamment présent à l'interface entre les tissus (substance blanche, substance grise, liquide céphalo-rachidien, graisse, os) ou bien lorsque de petites structures, trop fines pour être visibles à la résolution de l'image, sont contenues dans un voxel telles que les vaisseaux sanguins dont le diamètre varie de quelques microns à quelques millimètres. L'effet de volume partiel est en particulier constaté à l'interface entre le liquide céphalo-rachidien et la substance grise dans les replis du cortex car l'épaisseur des sillons corticaux est généralement inférieure à la résolution des IRM.

1.3.2 Bruit aléatoire de mesure

En IRM, un bruit aléatoire gaussien apparaît dans le domaine de Fourier de l'image acquise. L'image est obtenue en calculant le module de la transformée de Fourier inverse. Cette distribution gaussienne devient donc une distribution de Rice [282]. La figure 1.2 présente l'effet du bruit sur un volume de la base BrainWeb, base de données simulées que nous utiliserons dans ce manuscrit. Dans les régions où l'intensité n'est pas proche

de zéro, cette distribution est approximativement gaussienne tandis que dans les régions d'intensité proche de zéro, à l'extérieur du crâne par exemple, elle est proche d'une distribution de Raleigh.

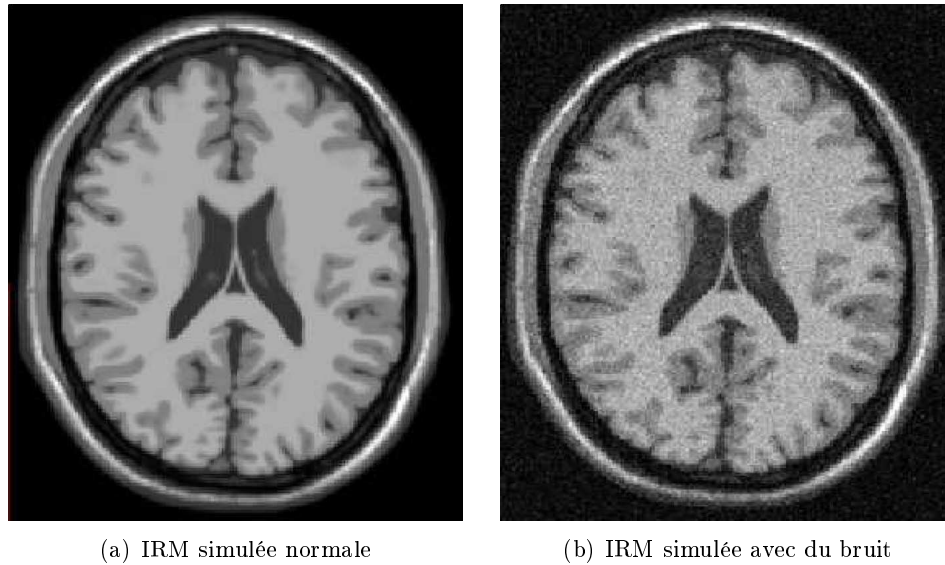


FIG. 1.2 – Problème de bruit aléatoire en IRM. Le bruit d'une IRM suit une distribution de Rice qui peut être approchée par une distribution gaussienne dans les régions où l'intensité de l'image n'est pas proche de zéro.

1.3.3 Inhomogénéités du champ de radio-fréquence

Les inhomogénéités de champ sont des artefacts très courants en IRM. Elles sont responsables de variations lentes de signal en fonction du niveau de coupe et des régions dans une même image. L'image d'un objet dont la densité protonique est homogène n'est donc pas d'un gris uniforme mais présente des modifications du niveau de gris (voir figure 1.3 et figure 1.4). Si ce biais n'est pas gênant pour le clinicien dont l'étude est basée sur l'interprétation visuelle des images, il pose problème pour toutes les méthodes de traitement d'image fondées sur les intensités de l'image (segmentation, recalage, etc.).

1.3.4 Artefacts de mouvement

Les artefacts de mouvement proviennent du mouvement du patient pendant l'examen. Les yeux, la tête peuvent bouger pendant l'acquisition, la pulsation du flux sanguin ainsi que les mouvements respiratoires peuvent aussi avoir une influence sur les images. Selon le moment de l'acquisition où interviennent ces mouvements, l'artefact visible sur l'IRM peut être différent mais en général, il se traduit par des images fantômes de la structure en mouvement qui apparaissent en divers endroits de l'image (voir figure 1.5). Sur certains volumes de la base IBSR [144] par exemple, on voit apparaître des artefacts

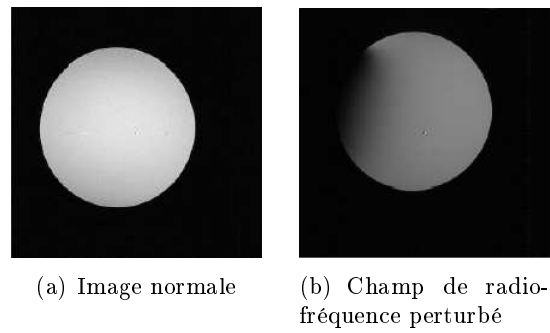


FIG. 1.3 – Artefact provoqué artificiellement en introduisant une plaque métallique afin de produire une distorsion dans le champ de radio-fréquence (source : UCLA)

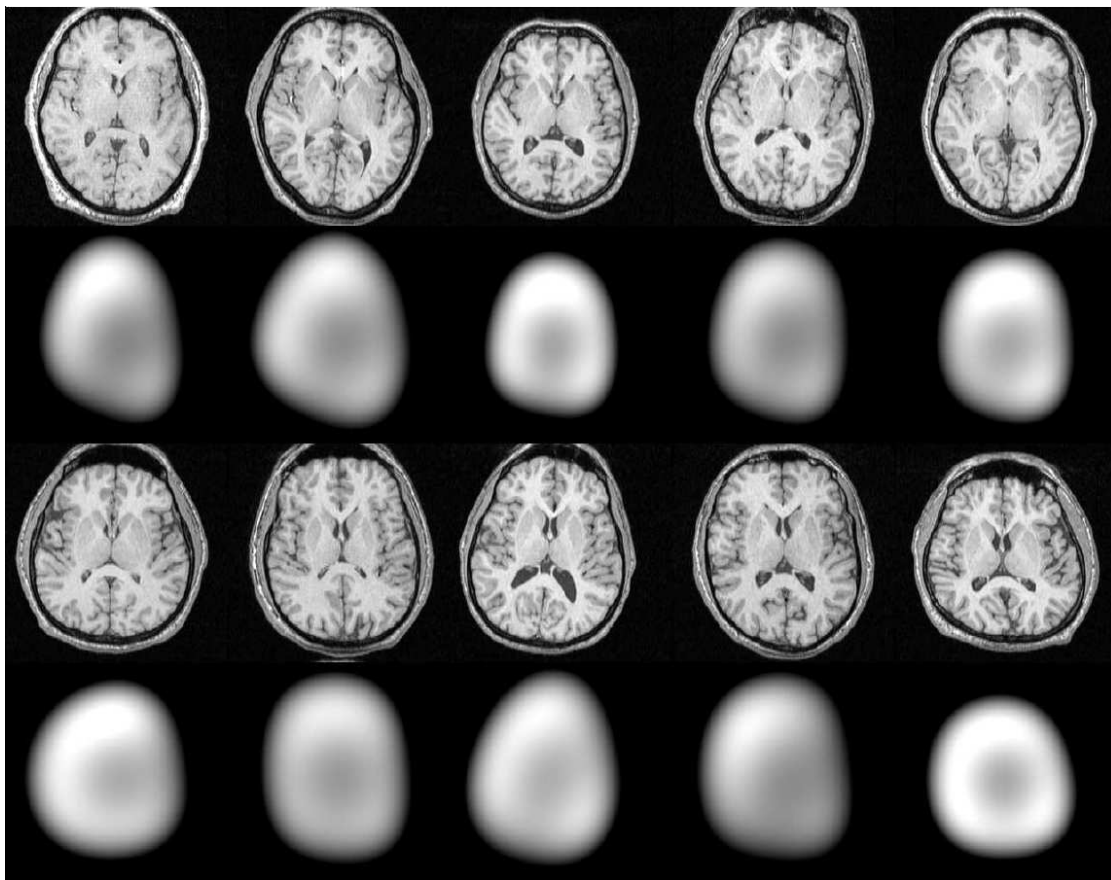


FIG. 1.4 – Images affectées par une inhomogénéité du champ de radio-fréquence, en dessous, l'artefact isolé. Les voxels du lobes temporal et du lobe frontal sont plus intenses que leurs homologues dans l'autre hémisphère; la tendance est inversée pour le lobe occipital (tiré de Prima et coll. [247]).

dus au mouvement de la tête comme le montre la flèche sur la figure 1.6. Lorsque ces images fantômes apparaissent superposées aux structures à segmenter, elles perturbent leur niveau de gris ainsi que les gradients de l'image et rendent la segmentation plus difficile.

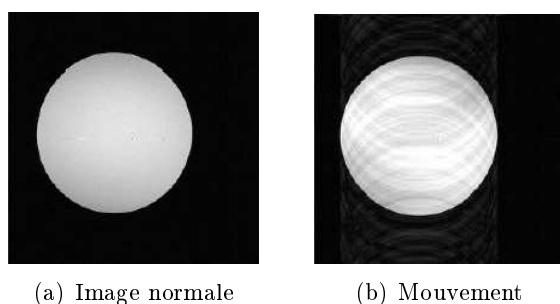


FIG. 1.5 – Artefact de mouvement sur un fantôme (source : UCLA).

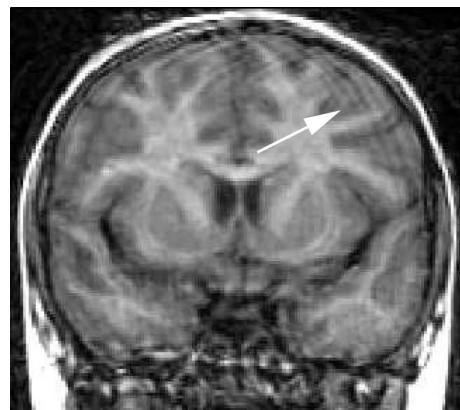


FIG. 1.6 – Artefact dû à un mouvement de la tête sur une IRM de la base IBSR.

D'autres artefacts moins fréquents, qui ne seront pas exposés dans ce manuscrit¹, peuvent apparaître comme des distorsions géométriques dues aux variations dans l'intensité du champ magnétique, éventuellement à cause d'objets dont la susceptibilité magnétique n'est pas constante.

1.4 Les différentes approches

La segmentation est un vaste sujet d'étude et fait partie des grands thèmes de l'imagerie numérique. À ce titre, de nombreuses publications font état de techniques de segmentation. Les raisons de préférer l'une ou l'autre alimentent un débat ouvert qui fait rage dans bien des laboratoires. En effet, pour valider correctement une segmentation d'objets naturels, comme en imagerie médicale, il faut disposer de la vérité terrain ; ce qui est bien difficile dans le cas de la segmentation, car comment définir de façon précise où commencent et où s'arrêtent les objets sur une image ? Il n'y a donc pas une mais des segmentations possibles sur une même image et elles sont bien souvent subjectives. De même, selon ce que nous voulons segmenter, certaines techniques seront plus à même d'y parvenir.

Nous allons donc présenter dans cette section diverses techniques connues de segmentation en les organisant selon l'approche qui les régit. Ainsi, nous avons retenu cinq approches, mais nous verrons que ces catégories ne sont pas rigides et que certaines méthodes se situent à la frontière de nos cinq grands thèmes que sont les segmenta-

¹Des informations plus complètes sont disponibles à l'adresse suivante : <http://wwwrad.pulmonary.ubc.ca/stpaulsstuff/MRartifacts.html>.

tions utilisant les contours comme critère de décision, celles basées sur les régions, celles basées sur la forme, celles optant pour une approche structurale et enfin celles faisant appel à la théorie des graphes. Cette classification et ses ramifications plus poussées sont représentées sur la figure 1.7.

1.4.1 Région

L'approche "région" de la segmentation utilise des techniques d'identification et de localisation d'ensembles connexes de pixels. Les méthodes par classification ont pour but de partitionner les images en plusieurs classes — comme leur nom l'indique — et constituent le plus souvent une étape dans la segmentation d'objet à proprement parler. Cependant, leur utilisation dans les méthodes de segmentation étant très répandue, il nous a paru judicieux d'en expliquer les ressorts.

Ces différentes classifications peuvent être séparées selon plusieurs critères : probabilistes ou déterministes, paramétriques ou non, supervisées ou non. Nous présenterons donc un panel de ces méthodes parmi lesquelles nous trouverons les réseaux de neurones (méthode déterministe supervisée), les approches k -moyennes, c -moyennes floues et mean shift (déterministes non supervisées), les différentes mixtures de lois (probabilistes paramétriques) et les approches markoviennes et par machine à vecteurs de support (probabilistes non-paramétriques).

1.4.1.1 Classification déterministe supervisée

Réseaux de neurones

Un réseau de neurones artificiels [283, 130] est en général composé d'une succession de couches dont chacune prend ses entrées sur les sorties de la précédente. Chaque couche i est composée de N_i neurones — cf. figure 1.8 — prenant leurs entrées sur les N_{i-1} neurones de la couche précédente. À chaque synapse est associé un poids synaptique, de sorte que les N_{i-1} sont multipliés par ce poids, puis additionnés par les neurones de niveau i , ce qui est équivalent à multiplier le vecteur d'entrée par une matrice de transformation. Placer les différentes couches d'un réseau de neurones les unes derrière les autres reviendrait à mettre en cascade plusieurs matrices de transformation et pourrait se ramener à une seule matrice, produit des autres, s'il n'y avait à chaque couche, la fonction de sortie qui introduit une non-linéarité à chaque étape. Ceci montre l'importance du choix judicieux d'une bonne fonction de sortie : un réseau de neurones dont les sorties seraient linéaires, n'aurait aucun intérêt.

Au delà de cette structure simple, le réseau de neurones peut également contenir des boucles qui en changent radicalement les possibilités mais aussi la complexité. De la même façon que des boucles peuvent transformer une logique combinatoire en logique séquentielle, les boucles dans un réseau de neurones transforment un simple dispositif de reconnaissance d'entrées, en une machine complexe capable de toutes sortes de comportements.

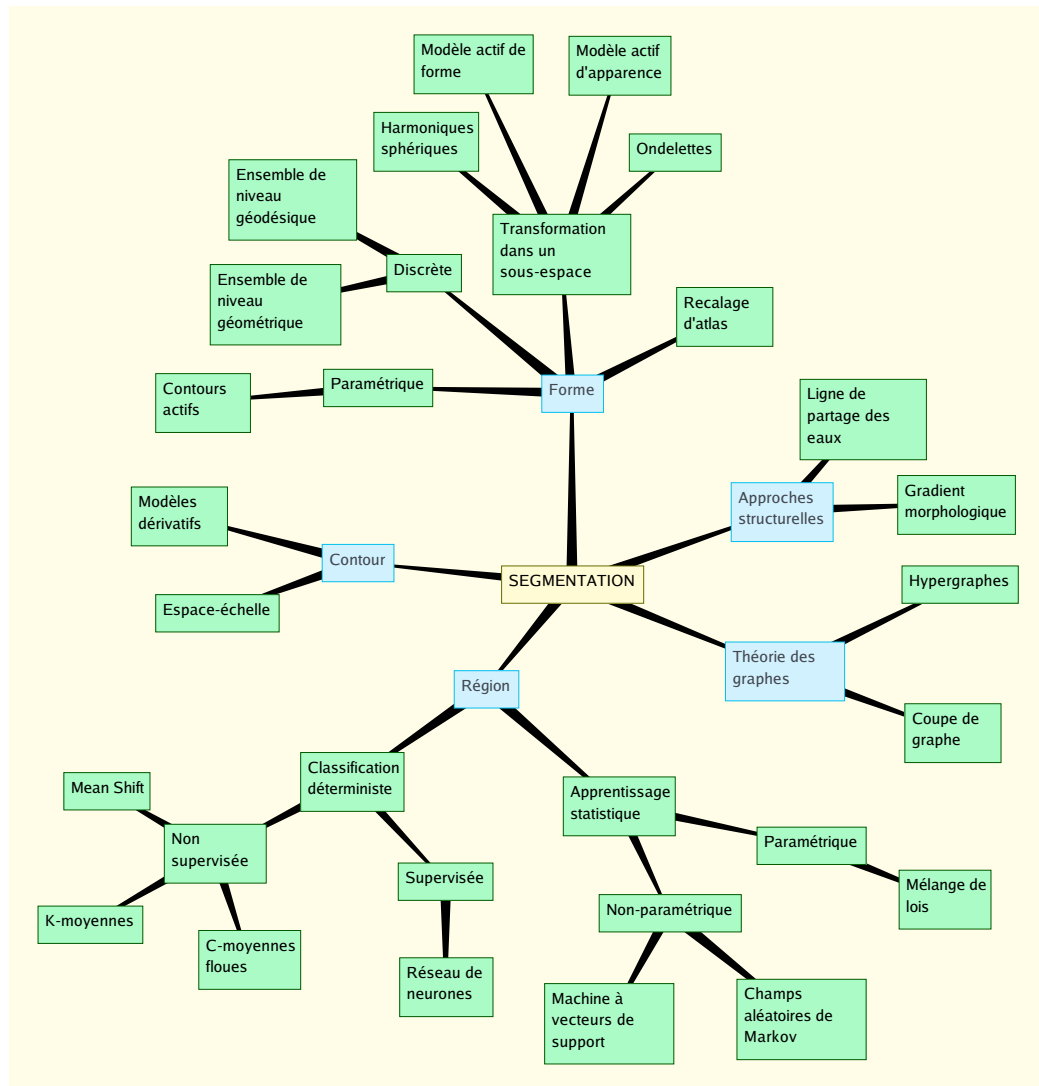


FIG. 1.7 – Classification des différentes méthodes évoquées dans ce rapport.

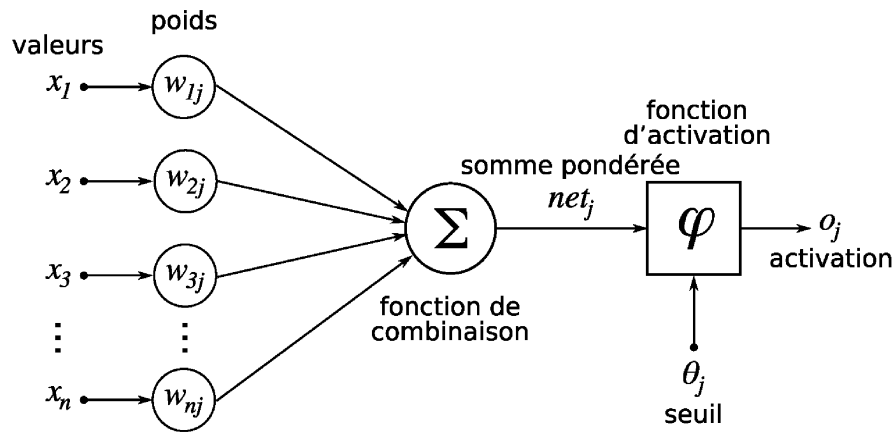


FIG. 1.8 – Structure d'un neurone artificiel. Le neurone calcule la somme de ses entrées puis cette valeur passe à travers la fonction d'activation pour produire sa sortie.

Classiquement, en segmentation d'images médicales, les réseaux de neurones sont utilisés comme classifieurs. Les poids synaptiques sont déterminés par apprentissage sur une base d'images dont le résultat de segmentation est connu, on parle alors de réseau de neurones *supervisé*. Souvent, les neurones d'entrée sont les différentes IRM disponibles et les neurones de sortie nous donnent alors les différentes classes recherchées.

Sammouda et coll. [269, 270] ont choisi d'utiliser les réseaux de neurones de Hopfield (réseaux à deux couches) pour la segmentation de cerveaux pathologiques, *e.g.* tumeurs, lésions de sclérose en plaques (SEP). Ils ont ajouté un bruit stochastique au terme de coût comme excitation du réseau pour s'extraire des minima locaux. Blonda [26, 27] a introduit la théorie des ensembles flous dans les réseaux de neurones pour la segmentation des tissus cérébraux et des lésions de SEP. Li et coll. [188] ont utilisé un réseau de neurones booléens pour la segmentation des tissus cérébraux mais ils ne considèrent que des données en deux dimensions et leur méthode manque donc de cohérence spatiale pour les IRM de cerveaux. Alirezaie et coll. [7] ont proposé un réseau de deux couches de neurones appelé *Learning Vector Quantization* (LVQ) et ont démontré sa supériorité par rapport aux habituels réseaux de quatre couches à rétropropagation, grâce notamment à son insensibilité aux variations de niveaux de gris entre les différentes coupes des IRM.

Wang [313] a exprimé le problème de la segmentation en termes d'appariement de modèles d'histogrammes et de cohérence globale d'étiquetage avec un réseau probabiliste. Li et coll. [189] ont créé un réseau à trois couches de neurones à rétropropagation aux moindres carrés et ont montré que le temps de calcul est grandement réduit par rapport aux réseaux à rétropropagation classique. Rivière et coll. [258] ont automatisé la segmentation des sillons corticaux par l'utilisation d'une association de perceptrons multi-couche (PMC). Dokur et coll. [89] ont comparé les approches LVQ, PMC et QNN (Quantizer Neural Network) pour la segmentation des IRM et scanners de cerveaux. Le QNN est un réseau à 3 couches fonctionnant avec des mots-codes et une stratégie du type "le

vainqueur emporte tout”.

Hult et coll. [141] ont proposé un mélange de morphologie mathématique et de réseaux de neurones pour la segmentation multimodale de l'hippocampe. Popple [243] a utilisé une combinaison des atlas de Talairach et des réseaux de neurones pour la segmentation automatique de cerveau pour des applications en dosimétrie pour la radiothérapie. Il est en outre possible d'introduire des informations *a priori* en plus des volumes et donc de donner plus de robustesse à cette classification ainsi que l'a montré Powell [245]. Yeh et coll. [335] ont créé une méthode basée sur l'algorithmique génétique, la logique floue et les LVQ pour la segmentation des IRM cérébrales.

Mais l'inconvénient majeur de cette méthode par réseaux de neurones est l'étape d'apprentissage qui demande une intervention manuelle pour fournir cette vérité terrain dont le réseau a besoin pour calculer les poids synaptiques.

1.4.1.2 Classification déterministe non supervisée

K-Moyennes

L'algorithme des *k*-moyennes [199] classe les objets selon leurs attributs en *k* regroupements (ou *clusters*) en supposant que les attributs des objets forment un espace vectoriel. L'objectif est de minimiser la variance intra-regroupement :

$$V = \sum_{i=1}^k \sum_{x_j \in S_i} |f(x_j) - m_i|^2 \quad (1.1)$$

où $S_i, i = 1, 2, \dots, k$ sont les *k* regroupements et m_i est le centroïde ou point moyen des points $x_j \in S_i$.

Cette approche commence par partitionner les points en *k* ensembles initiaux, soit au hasard, soit en utilisant une heuristique. Il calcule ensuite le centroïde de chaque ensemble et construit une nouvelle partition en associant chaque point avec le centroïde le plus proche. S'ensuit une alternance entre calcul des centroïdes des nouveaux regroupements et appariement des points avec le centroïde le plus proche jusqu'à convergence. Celle-ci est obtenue quand plus aucun point ne change de groupe (ou bien quand les centroïdes ne changent plus).

Cet algorithme est très populaire car extrêmement rapide en pratique. En effet, le nombre d'itérations est typiquement inférieur au nombre de points. En terme de performance, cet algorithme ne garantit pas un optimum global. La qualité de la solution dépend grandement des ensembles initiaux et peut être bien en deçà de l'optimum global. Comme l'algorithme est très rapide, une méthode courante est de le lancer plusieurs fois et de retourner la meilleure partition. Un autre problème est qu'il est nécessaire de donner le nombre de regroupements (*i.e.* le paramètre *k*) à trouver ; cela n'étant pas réellement handicapant dans le cas de la segmentation cérébrale puisque le nombre de classes est, le plus souvent, connu.

Lachman et coll. [173] ont proposé d'utiliser les statistiques de co-occurrence dans l'algorithme des k -moyennes pour segmenter les tissus cérébraux. Une version adaptative de cet algorithme a été utilisée par Yan et coll. [333] pour segmenter le cerveau avec des résultats plutôt satisfaisants mais la qualité variable de la solution en fait un algorithme à proscrire pour une automatisation du travail. Vemuri et coll. [308] ont développé une version multi-résolution de cet algorithme avec des ondelettes afin d'améliorer la qualité de segmentation. Bustillo [42] a utilisé les k -moyennes pour calculer la variation de volume des noyaux caudés chez des patients atteints de schizophrénie.

À partir de données DTI (Diffusion Tensor Imaging), Wiegell [318] a proposé un schéma de segmentation des noyaux thalamiques basé sur les k -moyennes. La technique des k -moyennes peut aussi s'appliquer à des données multimodales comme l'a montré Abras [1] en utilisant une version pondérée pour segmenter les tissus à partir d'images T1-w, T2-w et PD (Proton Density). Deoni et coll. [82] ont combiné les k -moyennes avec un algorithme génétique sur des IRM à haute résolution pour la segmentation des noyaux thalamiques.

Les k -moyennes sont aussi le point de départ de schémas plus complexes ; en effet, Jonasson et coll. [152] ont utilisé le résultat d'une segmentation par les k -moyennes comme initialisation d'une méthode par ensembles de niveau pour la segmentation du thalamus avec des données DTI. De même, Manjón et coll. [205] ont utilisé les k -moyennes comme initialisation d'un estimateur tamisé aux moindres carrés pour la segmentation d'IRM cérébrales.

Les k -moyennes ont été utilisées pour segmenter le cerveau [308, 333] avec des résultats plutôt satisfaisants mais la qualité non constante de la solution en fait un algorithme à proscrire pour une automatisation du travail.

C -moyennes floues et c -moyennes floues adaptatives

L'algorithme des c -moyennes floues (ou *fuzzy c-means*, FCM, en anglais) introduit par Dunn [95] généralise l'algorithme des k -moyennes en permettant la *classification floue* basée sur la théorie des ensembles flous. Bezdek s'y est intéressé [22, 23] et a développé cet algorithme. Dans le cas des c -moyennes floues, la fonctionnelle $\mathfrak{L}$ à minimiser est :

$$\mathfrak{L} = J_w(\mathbf{x}, \mathbf{v} : \mathbf{y}) = \sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^k (x_{ij})^w \|y_j - v_i\|_A^2 \quad (1.2)$$

où n est le nombre de points à traiter, k le nombre de classes désirées, $w \in [1; +\infty[$ est le poids de *fuzzyfication*, $\mathbf{v} = (v_1, \dots, v_k)$ est le vecteur des centres de classes, $\|\cdot\|_A$ est un produit scalaire où A est une matrice définie positive et $\mathbf{x} = [x_{ij}] \in \mathbb{R}^{k \times n}$, avec $x_{ij} \in [0, 1] \forall 1 \leq i \leq k$ et $1 \leq j \leq n$, est la k -partition floue de $\mathbf{y}$ et doit vérifier :

$$\sum_{i=1}^k x_{ij} = 1 \text{ pour } 1 \leq j \leq n, \quad \sum_{j=1}^n x_{ij} > 0 \text{ pour } 1 \leq i \leq k \quad (1.3)$$

Phillips et coll. [241] ont créé un algorithme FCM vectoriel sur des IRM T1, T2 et DP pour la segmentation de tumeurs cérébrales. Xue et coll. [331] ont utilisé les FCM

pour combiner le filtre moyen au filtre médian local afin de réaliser la segmentation locale de volumes IRM de cerveaux. Pham et coll. [238, 239] ainsi que Jiang et coll. [149] ont utilisé les inhomogénéités d'intensité des volumes IRM dans la fonctionnelle $\mathfrak{L}$ et obtenu ainsi des FCM adaptatifs qui permettent une meilleure segmentation. Pham et coll. [237] ont forcé le lissage spatial de la solution par des contraintes supplémentaires.

En utilisant la normalisation d'intensité et les FCM en ajoutant un terme de dépendance entre voisins, Hou et coll. [139] ont créé une régularisation des c -moyennes floues basée sur la variation totale dans le cadre de la segmentation des tissus cérébraux. Murugavalli et coll. [226] ont proposé d'utiliser des cartes auto-organisées conjointement avec les FCM pour la segmentation de tumeurs. Ardizzzone et coll. [8] ont développé une méthode à base de c -moyennes floues prenant en compte les inhomogénéités de radio-fréquence pour améliorer la segmentation des structures cérébrales. Wang et coll. [312] ont introduit la notion de voisinage spatial dans les c -moyennes floues afin de modifier les poids d'appartenance aux regroupements. En changeant le terme de pénalité dans la fonction objectif, Yang et coll. [334] ont proposé des FCM plus robustes pour la segmentation d'IRM cérébrales.

Mean shift

L'algorithme du mean shift, introduit par Fukunaga [107] puis remis au goût du jour par Comaniciu [66], recherche le "mode" ou point de plus haute densité d'une distribution de données. Dans cet article, les auteurs décrivent 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 :

$$\hat{\nabla} f(x) = \nabla \hat{f}(x) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \nabla K_H(x - x_i) \quad (1.4)$$

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

$$K_H(\mathbf{x}) = |H|^{-1/2} K(H^{-1/2} \mathbf{x}) \quad (1.5)$$

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

$$\nabla K_H(\mathbf{x}) = |H|^{-1/2} \cdot \nabla K(H^{-1/2} \mathbf{x}) \quad (1.6)$$

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

$$K(\mathbf{x}) = C_k \cdot k(\mathbf{x}^T \mathbf{x}) \quad (1.7)$$

alors on obtient l'expression :

$$\nabla K_H(\mathbf{x}) = 2C_k |H|^{-1/2} H^{-1} \mathbf{x} k'(\mathbf{x}^T H^{-1} \mathbf{x}) \quad (1.8)$$

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

$$\nabla \hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{2C_k H^{-1}}{n|H|^{1/2}} \cdot \sum_{i=1}^n z(d_M^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, H)) \cdot \left[\frac{\sum_{i=1}^n z(d_M^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, H)) \cdot \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^n z(d_M^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, H))} - \mathbf{x} \right] \quad (1.9)$$

où d_M représente la distance de Mahalanobis. Le but est de trouver les valeurs de $\mathbf{x}$ 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.

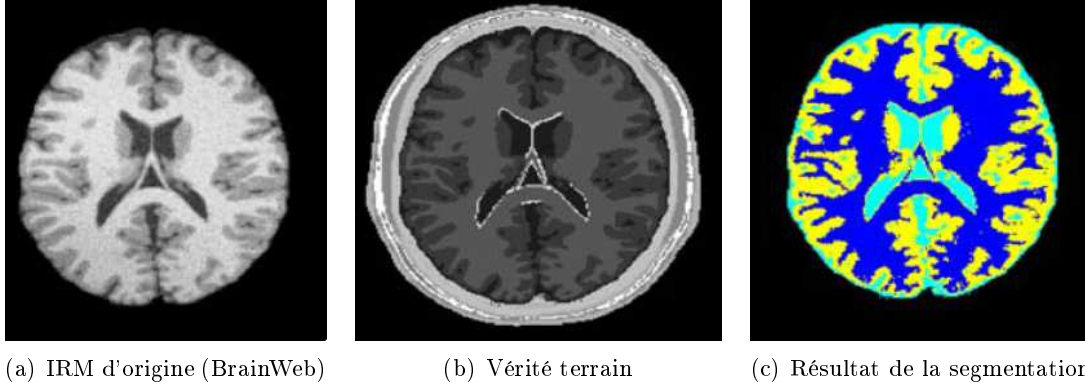


FIG. 1.9 – Résultats de segmentation obtenus par mean shift - tiré de [214].

La procédure de segmentation dans ce cadre est la suivante :

1. Considérer les images en termes de caractéristiques (via couleur, gradient, mesures de texture, etc.)
2. Choisir une répartition uniforme des fenêtres de recherche initiales.
3. Calculer le centroïde des données pour chaque fenêtre.
4. Centrer la fenêtre de recherche sur le centroïde de l'étape 3.
5. Répéter les étapes 3 et 4 jusqu'à convergence.
6. Fusionner les fenêtres se trouvant au même point final.
7. Grouper les données traversées par les fenêtres fusionnées.

Keselman et Micheli-Tzanakou ont montré dans [158] que cet algorithme était applicable pour l'extraction et la caractérisation de régions d'intérêts dans les images biomédicales. Mayer et coll. utilisent ce paradigme de manière adaptative pour segmenter les IRM cérébrales [214]. Jiménez-Alaniz et coll. [150] ont proposé de faire une estimation de densité non-paramétrique par un mean shift conjointement avec une carte de confiance de bords. Duan et coll. [92] ont développé une technique de segmentation des thalamus à partir de données DTI basée sur l'algorithme mean shift. Enfin, García-Lorenzo et coll. [110, 109] ont combiné le mean shift avec une méthode de type espérance-maximisation pour segmenter les lésions de SEP.

1.4.1.3 Apprentissage statistique paramétrique

Mélange de lois

Dans la formulation classique d'un problème de classification automatique, on considère qu'un échantillon de données provient d'un nombre de groupes *a priori* inconnu qu'il faut retrouver. Lorsque l'on part du postulat que chacun de ces groupes suit une loi de probabilité (quelconque), alors on se place nécessairement dans le cadre des modèles de mélanges. Si, en plus, on considère que les lois que suivent les groupes sont normales, alors on se place dans le cadre des modèles de mélanges gaussiens.

Par la suite, on notera $\mathbf{e}$, un échantillon composé de q individus $(\mathbf{e}_1, \dots, \mathbf{e}_q)$ appartenant à $\mathbb{R}^p$ (*i.e.* caractérisés par p variables continues). Dans le cadre des modèles de mélanges gaussiens, on considère que ces individus appartiennent chacun à un des k groupes $G_1, \dots, G_k$ (k étant fixé a priori) suivant chacun une loi normale de moyenne $\boldsymbol{\mu}_i$ ($i \in [1; k]$) et de matrice de variance-covariance $\boldsymbol{\Sigma}_i$. D'autre part, en notant $\pi_1, \dots, \pi_k$ les proportions des différents groupes, $\boldsymbol{\theta}_i = (\boldsymbol{\mu}_i, \boldsymbol{\Sigma}_i)$ le paramètre de chaque loi normale, et $\boldsymbol{\Phi} = (\pi_1, \dots, \pi_k, \boldsymbol{\theta}_1, \dots, \boldsymbol{\theta}_k)$ le paramètre global du mélange, la loi de mélange que suit l'échantillon peut s'écrire :

$$g(\mathbf{e}, \boldsymbol{\Phi}) = \sum_{i=1}^k \pi_i \mathcal{N}(\mathbf{e}, \boldsymbol{\theta}_i), \quad (1.10)$$

avec $\mathcal{N}(\mathbf{e}, \boldsymbol{\theta}_i)$ la loi normale multidimensionnelle paramétrée par $\boldsymbol{\theta}_i$.

La principale difficulté de cette approche consiste à déterminer le meilleur paramètre $\boldsymbol{\Phi}$. Pour cela, on cherche habituellement le paramètre qui maximise la vraisemblance, donnée dans ce cas, par

$$L(\mathbf{e}; \boldsymbol{\Phi}) = \sum_{j=1}^q \log \left(\sum_{i=1}^k \pi_i \mathcal{N}(\mathbf{e}_j, \boldsymbol{\theta}_i) \right) \quad (1.11)$$

Une fois l'estimation effectuée, il s'agit d'attribuer à chaque individu la classe à laquelle il appartient le plus probablement. Pour cela, on utilise la règle d'inversion de Bayes. D'après celle-ci, on a

$$P(G_i | \mathbf{e}) = \frac{P(\mathbf{e} | G_i) \cdot P(G_i)}{P(\mathbf{e})} \quad (1.12)$$

ce qui se traduit, dans notre cas, par

$$P(G_i | \mathbf{e}_j) = \frac{\pi_i \mathcal{N}(\mathbf{e}_j, \boldsymbol{\theta}_i)}{\sum_{\ell=1}^k \pi_\ell \mathcal{N}(\mathbf{e}_j, \boldsymbol{\theta}_\ell)} \quad (1.13)$$

Il suffit alors d'attribuer à chaque individu $\mathbf{e}_j$ la classe G_i pour laquelle la probabilité *a posteriori* $P(G_i | \mathbf{e}_j)$ est la plus grande.

Bien que ce problème puisse sembler relativement ardu, l'algorithme EM [81] (espérance-maximisation), en anglais *expectation-maximisation*, permet de lever la difficulté de la détermination de $\boldsymbol{\Phi}$: il alterne des étapes d'évaluation de l'espérance (E), où l'on calcule

l'espérance de la vraisemblance en tenant compte des dernières variables observées, et une étape de maximisation (M), où l'on estime le maximum de vraisemblance des paramètres en maximisant la vraisemblance trouvée à l'étape E. On utilise ensuite les paramètres trouvés en M comme point de départ d'une nouvelle phase d'évaluation de l'espérance, et l'on itère ainsi les phases E et M.

Afin de réduire le risque de tomber dans un maximum local de vraisemblance, Celeux et Diebolt proposent dans [49, 50] d'intercaler une étape stochastique de classification entre les étapes E et M. Hashimoto et coll. utilisent les sous-ensembles ordonnés pour améliorer l'EM [129].

De nombreux travaux sont basés sur les mélanges de lois gaussiennes, habituellement, un tissu est représenté par une gaussienne simple [316, 305, 210]. L'EM est utilisé conjointement avec les champs de Markov par Li et coll. pour classifier les tissus cérébraux à partir d'images IRM de tenseurs [187] et ainsi donner une cohérence spatiale à la solution. Dugas-Phocion et coll. [94] ont introduit l'utilisation de la distance de Mahalanobis directement dans l'EM pour améliorer les performances de ces algorithmes. Greenspan [120] propose d'utiliser plusieurs gaussiennes pour chaque tissu et de les mélanger en suivant une règle de similarité afin de pouvoir intégrer au modèle les petites différences d'intensité à l'intérieur d'un même tissu (comme par exemple les effets d'un champ d'inhomogénéité dans une IRM).

Cette modélisation par mélange de lois gaussiennes peut aussi s'avérer fort utile dans le cas des cerveaux pathologiques. Ainsi, les tumeurs ou les lésions de sclérose en plaques sont vues comme des cas marginaux et peuvent ainsi être facilement détectées. Une version robuste et spatio-temporelle de l'EM a été développée par Aït-Ali et coll. dans [3] en utilisant l'estimateur tamisé de vraisemblance [228] puis améliorée par García-Lorenzo et coll. [110].

1.4.1.4 Apprentissage statistique non-paramétrique

Champs aléatoires de Markov

La classification par mélange de lois ne tient pas compte de la répartition spatiale des voxels. Pour ajouter cette information, on utilise les champs de Markov [111] qui modélisent les interactions entre un voxel et son voisinage. Notons d_s la valeur du descripteur au site s , $(d^s) = (d_t)_{t \neq s}$ la configuration de l'image excepté le point s , N_s le système de voisinage, C l'ensemble des cliques et $U(d) = \sum_{c \in C} U_c$ l'énergie globale de l'image (c'est la somme des potentiels de toutes les cliques $c \in C$). M est un champ de Markov si et seulement si :

$$P(M_s = d_s/d^s) = P(M_s = d_s/d_t, t \in N_s) \quad (1.14)$$

Autrement dit, le niveau de gris d'un site ne dépend que des niveaux de gris des pixels voisins. Les probabilités conditionnelles locales définies ci-dessus seront calculées par le théorème de Hammersley-Clifford grâce au champ de Gibbs donné par :

$$P(M = d) = \frac{1}{Z} \exp(-U(d)) \quad (1.15)$$

où $Z = \sum_{d \in \Omega} \exp(-U(d))$. La définition du champ de Markov peut se réécrire alors :

$$P(M_s = d_s/d^s) = \frac{\exp(-U_s(d_s/N_s))}{\sum_{\xi \in E} \exp(-U_s(\xi/N_s))} \quad (1.16)$$

Le formalisme des champs de Markov permet d'effectuer une segmentation de l'image en prenant en compte les interactions avec les pixels voisins. On considère que les k régions que l'on souhaite segmenter forment une partition de l'image. Chaque région est représentée par une fonction caractéristique et identifiée par une étiquette dans $\{1, \dots, k\}$. Le but de la segmentation est d'estimer le champ des étiquettes M à partir d'une réalisation bruitée de l'image Y . La démarche de la segmentation peut se formaliser comme un problème d'estimation bayésienne.

On note S l'ensemble des sites de l'image, M le champ des étiquettes et Y le champ des observations (image de départ), on a donc dans le cas d'une image en 256 niveaux de gris :

$$M \begin{cases} S & \rightarrow \{1, \dots, k\} \\ s & \mapsto x_s \end{cases} \quad \text{et} \quad Y \begin{cases} S & \rightarrow [0, \dots, 255] \\ s & \mapsto y_s \end{cases} \quad (1.17)$$

En supposant que la réalisation de l'image est indépendante pour chaque pixel on a :

$$P(Y|M) = \prod_{s \in S} P(y_s/d_s) \quad (1.18)$$

Grâce au théorème de Bayes, il est possible d'exprimer la probabilité *a posteriori* d'un champ d'étiquettes étant donnée une observation Y . Connaissant Y , le champ des étiquettes est un champ aléatoire de distribution :

$$P(M|Y) = \frac{P(Y|M) \times P(M)}{P(Y)} \quad (1.19)$$

$P(Y)$ est un terme constant et ne nous intéresse pas pour l'estimation de M .

$P(X|M)$ mesure la similarité de la classification aux données que l'on observe, c'est le terme d'attache aux données.

$P(M)$ est une probabilité a priori sur la distribution du champ d'étiquettes. On peut modéliser cet a priori grâce au modèle de Potts qui tend à favoriser des zones compactes et uniformes.

$$P(M) = \frac{1}{Z} \exp(-\beta \sum_{C=\{s,t\}} \phi(d_s - d_t)) \quad (1.20)$$

β joue le rôle de coefficient de régularisation. Plus β est grand, plus la transition entre régions est pénalisée et plus les régions obtenues sont grandes.

Grâce au théorème de Hammersley-Clifford [124], on peut passer de la représentation probabiliste à une représentation en énergie. En prenant le logarithme des probabilités on obtient :

$$U(x) = \sum_{s \in S} \left[\frac{(y_s - \mu_{d_s})^2}{2\sigma_{d_s}} + \frac{1}{2} \log(2\pi)\sigma_{d_s} \right] + \beta \sum_{C=\{s,t\}} \phi(d_s - d_t) \quad (1.21)$$

Le choix de la fonction ϕ influe grandement sur le résultat (notamment en ce qui concerne la convexité de $U(d)$), ainsi, le choix d'une forme quadratique pure qui correspond à la régularisation de Tikhonov [300, 301] pénalise les forts gradients, donnant alors une segmentation plus lisse.

Une estimation du champ des étiquettes peut se faire suivant le critère du Maximum a posteriori. Cela se fait en minimisant l'énergie grâce à l'algorithme des modes conditionnels itérés [295, 45] ou du recuit simulé [279]. Une autre façon d'estimer le champ des étiquettes est d'utiliser une fonction de coût proportionnelle au nombre de pixels mal classifiés ce qui conduit à l'algorithme du maximum a posteriori de la marginale.

Les premières techniques [298, 252, 131] ont utilisé ces algorithmes sur des IRM de cerveaux avec des résultats prometteurs. Zhang [339] a proposé d'ajouter un champ aléatoire de Markov caché à un algorithme de type EM pour améliorer les performances de la segmentation. Comme les profils de classes peuvent s'avérer différents d'une partie de l'image à l'autre, Chen [54] a utilisé un champ aléatoire de Markov basé sur les informations de régions afin de prendre en compte ce phénomène.

Les effets de volumes partiels des IRM sont problématiques pour les champs aléatoires de Markov puisqu'ils peuvent mener à une mauvaise classification des voxels. Salzenstein [268] a introduit la théorie des ensembles flous dans les champs aléatoires de Markov et cette idée a depuis été reprise avec de légères variations [266, 332, 331] pour améliorer la segmentation d'IRM cérébrales.

Machine à vecteurs de support

Le principe des machines à vecteurs de support (en anglais Support Vector Machine ou SVM) [307] est simple : nous allons déplacer un problème complexe, souvent non-linéaire, dans un espace où le problème est plus simple (*i.e.* linéaire). Ainsi, on va projeter les données par une transformation Ψ dans un espace de dimension supérieure et calculer un séparateur dans cet espace de Hilbert séparable.

L'algorithme SVM exploite une fonction noyau pour effectuer une classification non linéaire. Un noyau est une fonction $K : \mathbb{R}_n \mapsto \mathbb{R}_m$ tel que pour une fonction de correspondance $\Psi : \mathbb{R}_n \times \mathbb{R}_n \mapsto \mathbb{R}$ de l'espace original vers un espace de dimension supérieure ($n \leq m$), la valeur du produit scalaire $\mathbb{R}_m$ peut être calculé en appliquant K aux vecteurs dans $\mathbb{R}_m$:

$$K(u, v) = \langle \Psi(u) \cdot \Psi(v) \rangle, \forall u, v \in \mathbb{R}_n \quad (1.22)$$

Ce séparateur est appelé *hyperplan* et les points de caractéristiques les plus proches de celui-ci définissent des plans appelés *vecteurs de support*. Pour obtenir une segmentation robuste, il faut maximiser la marge, *i.e.* la distance entre l'hyperplan et les vecteurs de support.

Pour un jeu d'entraînement de N paires (y_i, l_i) données où les $y_i \in \mathbb{R}_n$ sont les observations et les l_i sont les étiquettes correspondantes, les machines à vecteurs de

support trouvent l'hyperplan discriminant qui sépare les classes avec la marge maximale en optimisant la fonction de classification :

$$cl_i(x) = \sum_{i=1}^N \alpha_i l_i \langle \Psi(y) \cdot \Psi(y_i) \rangle + b = \sum_{i=1}^N \alpha_i x_i K(y, y_i) + b \quad (1.23)$$

Dans l'espace de dimension supérieure défini par la fonction de correspondance Ψ , la frontière de séparation est un hyperplan h dont la normale n_h est une combinaison linéaire des $\Psi(y_i)$:

$$n_h = \sum_{i=1}^N \alpha_i l_i \Psi(y_i) \quad (1.24)$$

mais elle est en général une surface complexe arbitraire dans l'espace original.

L'étape d'apprentissage de cet algorithme aura pour but de déterminer les valeurs de α_i et b .

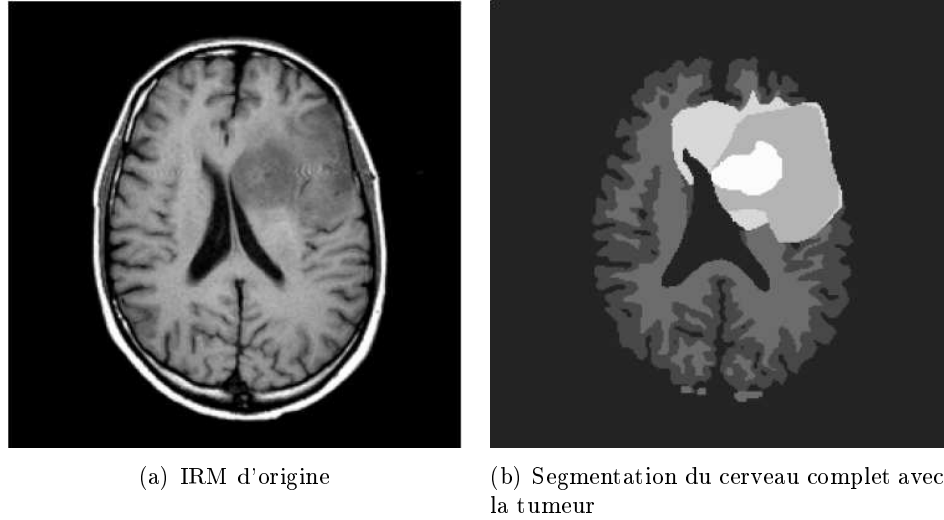


FIG. 1.10 – Segmentation par SVM - tiré de [181]

Ce principe de séparation de l'espace de caractéristiques s'applique très bien à la segmentation d'image [53]. Les machines à vecteurs de support sont utilisées pour la détection de visages dans une image [198, 280], pour la classification des cerveaux [175], mais aussi pour segmenter les lésions de la matière blanche dans les IRM cérébrales [174, 250]

Lee et coll. proposent d'utiliser conjointement les SVM avec les champs de Markov pour créer les Support Vector Random Fields qui leur permettent de segmenter aisément des tumeurs cérébrales de façon robuste [181]. En utilisant une combinaison d'atlas et de machines à vecteurs de support, Akselrod-Ballin et coll. [5] ont proposé une nouvelle approche de segmentation des tissus cérébraux. Ruan et coll. [267] ont utilisé des

données multimodales (IRM de type T1, T2, PD et FLAIR) dans une approche SVM pour la segmentation de tumeurs cérébrales. En combinant des techniques à base de connaissances et une analyse multi-spectrale basé sur les machines à vecteurs de support, Shubhangi et coll. [281] ont réalisé une segmentation en temps réel de tumeurs cérébrales. Ayachi et coll. [11] ont choisi de considérer la texture et l'intensité comme vecteurs de caractéristiques dans une approche SVM pour segmenter des gliomes.

1.4.2 Contour

Dans l'approche "contour" (ou "frontière"), on considère que les primitives à extraire sont les lignes de contrastes séparant des régions de niveaux de gris différents et relativement homogènes, ou bien des régions de textures différentes. En pratique, il s'agit de reconnaître les zones de transition et de localiser au mieux la frontière entre les régions.

On distingue notamment les modèles dérivatifs et les modèles d'espace-échelle.

1.4.2.1 Espace-échelle

La notion d'espace-échelle (en anglais *scale-space*) est générale et s'applique dans des dimensions arbitraires. C'est une théorie formelle pour manipuler des structures d'image à différentes échelles de telle manière que les structures puissent être successivement supprimées et qu'un paramètre d'échelle t puisse être associé à chaque niveau dans la représentation de l'espace-échelle. Pour simplifier, nous ne décrivons ici que le cas des images en deux dimensions.

Pour une image donnée $f(x, y)$, sa représentation linéaire en espace-échelle est une famille de signaux dérivés $L(x, y, t)$ définie par la convolution de $f(x, y)$ avec le noyau gaussien :

$$K_g(x, y, t) = \frac{1}{\sqrt{(2\pi t)}} e^{-(x^2+y^2)/2t}. \quad (1.25)$$

telle que :

$$L(x, y, t) = K_g(x, y, t) * f(x, y). \quad (1.26)$$

où $t = \sigma^2$ est la variance de la gaussienne. De façon équivalente, la famille d'espace-échelle peut être générée à partir des solutions de l'équation de la chaleur :

$$\partial_t L = \frac{1}{2} \nabla^2 L, \quad (1.27)$$

avec la condition initiale $L(x, y, 0) = f(x, y)$

Les travaux de Witkin sur l'espace-échelle [322, 323] introduisent l'idée qu'un signal en une dimension peut être segmenté sans ambiguïté en régions, avec un paramètre d'échelle. L'observation clef est que le passage par zéro des dérivées secondes des versions lissées multi-échelle d'un signal forment un arbre d'imbrication qui définit les relations hiérarchiques entre les segments à différentes échelles. La structure d'imbrication de Witkin est spécifique aux signaux en une dimension ; néanmoins, cette idée générale a inspiré plusieurs auteurs pour trouver des schémas de raffinements successifs pour la segmentation d'image. En lien avec ces travaux fondateurs, on trouve les théories de Marr, basées

notamment sur la vision stéréoscopique humaine [206, 207, 208, 209], qui expliquent la rémanence de structures spatiales à différentes échelles et son utilité dans les méthodes informatiques de segmentation.

Koenderink a établi dans [163] que l'équation génératrice d'un espace-échelle linéaire en deux dimensions est l'équation de diffusion suivante :

$$\frac{\partial L}{\partial s} = \vec{\nabla} \cdot \vec{\nabla} L = \delta L = L_{xx} * L_{yy}. \quad (1.28)$$

Quand cette diffusion est identique dans toutes les directions, on parle de diffusion *isotropique* ; si elle est identique en tout point de l'image, elle est dite *homogène*. À cause de l'équation de diffusion, le procédé de génération d'une représentation multi-échelle est aussi connu sous le nom d'*évolution de l'image*. La dérivation de cette équation a été faite de plusieurs façons [12], parmi lesquelles :

- La causalité [163] : ce qui est à une échelle donnée ne peut qu'être "causé" par les échelles inférieures.
- Le principe du maximum [142] : pour tout changement d'échelle, la luminance maximale à l'échelle supérieure est toujours plus petite que l'intensité maximale à l'échelle plus fine.
- Pas de nouvel extremum dans les échelles plus larges [12, 192] : cela n'est valable que pour les signaux 1D.
- Physique de la diffusion de la luminance : la décroissance de la luminance dans le temps [165] (ou les échelles [163], ce qui est ici équivalent) est égale à la divergence d'un flux, *i.e.*, égale à la divergence du gradient de luminance.

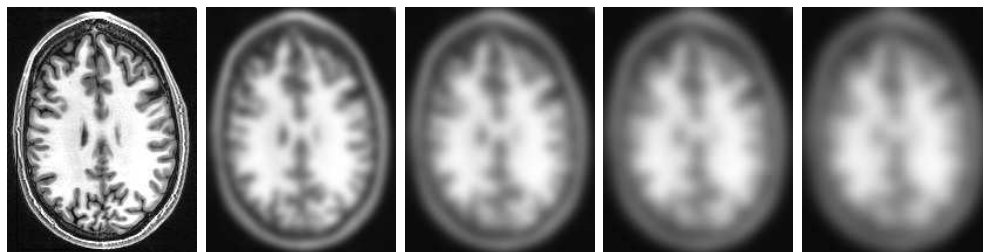


FIG. 1.11 – Exemple de scale space gaussien

Lindeberg [193] a cherché à lier les extrema locaux et les points-selles à travers les échelles et a proposé une représentation d'image appelée *scale-space primal sketch* qui explicite les relations entre structures à différentes échelles et quelles caractéristiques de l'image sont stables le long d'un grand intervalle d'échelle. Bergholm [20] a proposé de détecter les contours dans les échelles brutes de l'espace-échelle et de les retrouver par *track-back* dans les échelles fines. On retrouve le principe d'approche hiérarchique multi-résolution, cette fois basé sur les extrema d'intensité, dans les travaux de Lifshitz [191] qui applique l'espace-échelle sur un espace discret. Rahman et coll. proposent dans [251] d'exploiter le gradient à différentes échelles pour segmenter les images.

Lachmann [172] a exploré différentes techniques basées sur l'espace-échelle et les a appliquées à l'imagerie médicale 3D. Une revue des différentes techniques de segmentation en espace-échelle a été faite par Henkel en 1995 dans [132]. En combinant la morphologie mathématique et une analyse espace-échelle de l'histogramme, Mangin et coll. [204] ont proposé une technique robuste de segmentation de cerveau. Ces idées de segmentation multi-échelle liant les structures d'images au travers des différentes échelles ont été reprises par Florack and Kuijper dans [102]. Ils ont étudié [169, 170] les catastrophes (apparition et disparition de maxima) au travers des échelles afin d'améliorer les techniques préexistantes mais aussi de les adapter spécifiquement à la segmentation de structures cérébrales en IRM. Niessen et coll. [230] ont introduit un nouveau modèle de lien multi-échelle pour la segmentation de tissus cérébraux.

1.4.2.2 Modèles dérivatifs

Les modèles dérivatifs consistent à modéliser les contours ou des zones d'images et supposent que l'image numérique provient de l'échantillonnage d'une fonction scalaire à support borné et dérivable en tout point. Ces variations d'intensité de l'image peuvent correspondre à des variations d'illuminations (ombres), des changements d'orientation ou de distance à l'observateur, des changements de réflectance de surface, des variations d'absorption des rayons, etc. Or, dans le traitement d'une image numérique, toutes ces grandeurs sont condensées en une seule variable bi ou tridimensionnelle ; dans le cas monochrome, c'est l'intensité lumineuse.

On distingue trois types de contours simples :

- Marche d'escalier : le contour est net (contour idéal).
- Rampe : le contour est plus flou.
- Toit : il s'agit d'une ligne sur un fond uniforme.

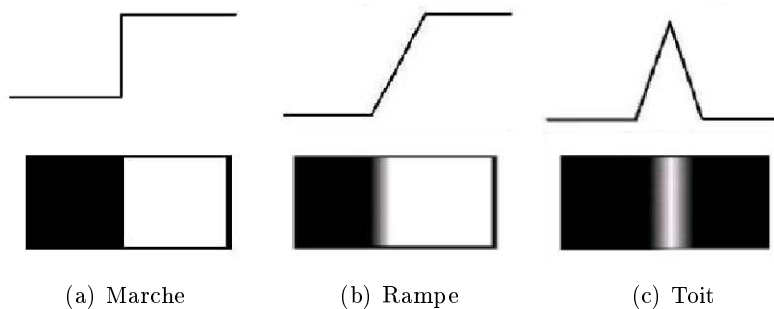


FIG. 1.12 – Modèles de contours

Ce sont des contours idéaux — cf. figure 1.12 — qui ont permis une approche de détection par les opérateurs gradient et laplacien. Les variations locales d'intensité constituent la source de ces opérateurs ; ainsi, le gradient est une fonction vectorielle des pixels $[i, j]$:

$$\nabla f[i, j] = \left(\frac{\partial f}{\partial x}[i, j], \frac{\partial f}{\partial y}[i, j] \right) \quad (1.29)$$

alors que le laplacien est une fonction scalaire de $[i, j]$:

$$\Delta f[i, j] = \left(\frac{\partial^2 f}{\partial x^2}[i, j] + \frac{\partial^2 f}{\partial y^2}[i, j] \right) \quad (1.30)$$

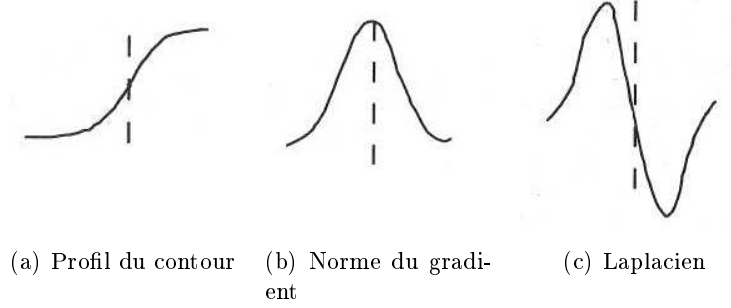


FIG. 1.13 – Opérateurs dérivatifs

Comme on le voit sur la figure 1.13, on peut trouver le point de contour en déterminant le maximum de la norme du gradient ou bien en étudiant le passage par zéro du laplacien. Ainsi, les opérateurs de Roberts, Prewitt et Sobel [286] donnent une estimation de la dérivée directionnelle de l'image par rapport à un axe. Ces opérateurs sont très sensibles au bruit mais ils ont le mérite d'avoir posé les bases de la détection de contours.

Les opérateurs laplaciens ne sont pas directionnels. En effet, si, par hypothèse de départ, la fonction image est supposée continue, alors les propriétés de la dérivée seconde d'une fonction sont utilisées pour caractériser un contour par le passage à zéro de la dérivée seconde. Ainsi, en utilisant également les propriétés de dérivation, l'opérateur laplacien peut s'écrire sous la forme suivante :

$$\Delta f(x, y) = f(x + 1, y) + f(x - 1, y) + f(x, y + 1) + f(x, y - 1) - 4f(x, y) \quad (1.31)$$

Ce qui s'écrit généralement à l'aide du masque de convolution suivant :

$$\begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & -4 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{bmatrix} \quad (1.32)$$

Nous remarquons que l'opérateur laplacien est symétrique quelle que soit l'orientation choisie (il n'est donc pas directionnel). L'opérateur laplacien est lui aussi fortement sensible au bruit. On peut aussi approximer le laplacien par la différence de deux lissages, l'un étant un lissage fort, l'autre un lissage faible. En employant un filtre gaussien, on a alors l'opérateur DOG (Difference Of Gaussians) de Marr et Hildreth [207].

Canny [43, 44], qui est l'instigateur d'une technique d'optimisation, démontre qu'on ne peut pas obtenir à la fois une bonne détection et une bonne localisation du contour. Pour pallier cela, Canny propose un critère supplémentaire pour définir un détecteur optimal : la non-multiplicité des maxima locaux. Le filtre résultant a une réponse impulsionnelle finie. L'approche de Deriche [84, 83] a été de développer un filtre optimal à réponse impulsionnelle infinie. Toutes les sources bibliographiques présentent la technique de Deriche comme étant une référence dans la détection de contours. Deriche met en oeuvre un opérateur particulier permettant la recherche des maxima du gradient dans la direction du gradient :

$$h(x) = \frac{c}{\omega} e^{-\alpha|x|} \sin \omega x \quad \text{avec } \alpha, \omega, c \in \mathbb{R} \quad (1.33)$$

Les performances de ce filtre sont maximales quand ω est proche de 0. Selon la valeur de α , la qualité de segmentation diffère : quand α est petit, il y a peu de contours et une bonne qualité de détection mais les contours sont délocalisés ; quand α est grand, la localisation est meilleure, le nombre de contours est plus grand mais la qualité de détection est moins bonne.

Shen et Castan [277] ont proposé un opérateur optimisant un critère incluant la détection et la localisation. Les critères qu'ils obtiennent correspondent aux critères de détection et de localisation de Canny et les filtres obtenus sont assez similaires dans la pratique. Le calcul du filtre de lissage optimal se fait par modélisation de la frontière à l'aide d'un échelon noyé dans un bruit blanc stationnaire additif de moyenne nulle. Le filtre de lissage obtenu par Shen et Castan s'écrit :

$$S(x) = pe^{-\alpha|x|} \quad (1.34)$$

$$p = \frac{1 - e^{-\alpha}}{1 + e^{-\alpha}} \quad (\text{pour avoir un filtre normalisé}) \quad (1.35)$$

et le filtre de dérivation correspondant :

$$h(x) = \begin{cases} b.e^{-\alpha x} & \text{si } x \geq 0 \\ b.e^{\alpha x} & \text{si } x \leq 0 \end{cases} \quad (1.36)$$

avec $b = 1 - e^{-\alpha}$. Le paramètre α définit la "largeur" du filtre : plus α est petit, plus le lissage effectué par le filtre est important. Remarquons que la discontinuité d'ordre 1 au point 0 du filtre de Shen permet d'éviter une délocalisation importante des contours dans l'image lissée, même avec des valeurs faibles de α . Cependant, cette discontinuité peut entraîner la détection de contours multiples.

Monga et coll. ont utilisé le paradigme des dérivées partielles dans le cadre de la segmentation d'images biomédicales dans [224], notamment appliqué aux IRM et aux scanners cardiaques. Ils ont adapté les filtres de Deriche et de Shen à des images en 3 dimensions via une implémentation récursive [223] et ont fait le lien entre ces techniques de détection de contours et la modélisation de surface [220, 221, 222].

Xuan et al. [330] ont fusionné les techniques de "region growing" et de détection d'arête pour la segmentation de tissus cérébraux. Un schéma coopératif de segmentation de tissus cérébraux, mélangeant un ensemble d'agents de région et d'arête, a été développé

par Germond et coll. [113]. Tang et coll. [296] ont proposé une version multi-résolution des détecteur d'arêtes et l'ont appliqué à la segmentation des tissus cérébraux.

Ces techniques de détection d'arête sont aussi un bon point de départ pour des méthodes plus évoluées. Ainsi, Liu et coll. [194] ont utilisé un réseau de neurones, dont les données en entrée sont les résultats d'un détecteur de Canny, pour la segmentation du putamen alors que Qin et coll. [249] ont préféré utiliser ce même opérateur comme base d'une méthode par ensembles de niveau pour la segmentation du cerveau en IRM.

1.4.3 Approches structurales

1.4.3.1 Opérateurs morphologiques

La morphologie mathématique, introduite par Matheron [212] et Serra [274], nous donne un cadre intéressant pour l'approche contour de la segmentation. Rappelons les définitions des deux opérations de base que sont l'érosion et la dilatation.

Soit B un élément structurant et B_x cet élément centré en un pixel x . L'érosion consiste à poser en chaque pixel x d'un objet O , la question : " B_x est-il contenu entièrement dans O ?". L'ensemble des positions x correspondant à une réponse positive forme le nouvel ensemble $\epsilon_B(O)$, appelé érodé de O par B . Autrement dit :

$$\epsilon_B(O) = \{x | B_x \subseteq O\} \quad (1.37)$$

L'opération de dilatation se définit de manière analogue à l'érosion. En prenant le même élément structurant B , on pose pour chaque point z de l'image la question " B_z touche-t-il l'ensemble O ?". C'est-à-dire, y a-t-il une intersection non vide entre B_z et O ? L'ensemble des points de l'image correspondant aux réponses positives forme le nouvel ensemble $\delta_B(O)$, appelé dilaté de O par B . C'est-à-dire :

$$\delta_B(O) = \{z | B_z \cap O \neq \emptyset\} \quad (1.38)$$

La différence symétrique entre l'image dilatée et érodée par le même élément structurant de taille unitaire donne le gradient morphologique qui est un opérateur de détection de contour et qui peut se résumer par l'équation :

$$mgrad_{1B}(X) = \delta_{1B}(O) / \epsilon_{1B}(O) \quad (1.39)$$

Höhne et Hanson [143] ont proposé une approche de la segmentation d'IRM 3D en quatre étapes : seuillage, érosion binaire 3D, recherche de la plus grande composante connexe et enfin dilatation conditionnelle 3D. Cette méthode peut aussi être suivie d'un remplissage de la structure obtenue. Cette technique, tout comme ses améliorations [204, 309, 336], est faussée par l'opération d'ouverture (érosion suivie d'une dilatation). Par conséquent, ces approches ne donnent qu'une approximation du résultat mais sont vraiment reconnues et utilisées pour réaliser une segmentation rapide comme première étape d'un flot de traitements.

En se basant sur le gradient morphologique, Stokking [288] a développé une technique de segmentation automatique du cerveau. Bocioaca et coll. [28] ont créé un logiciel

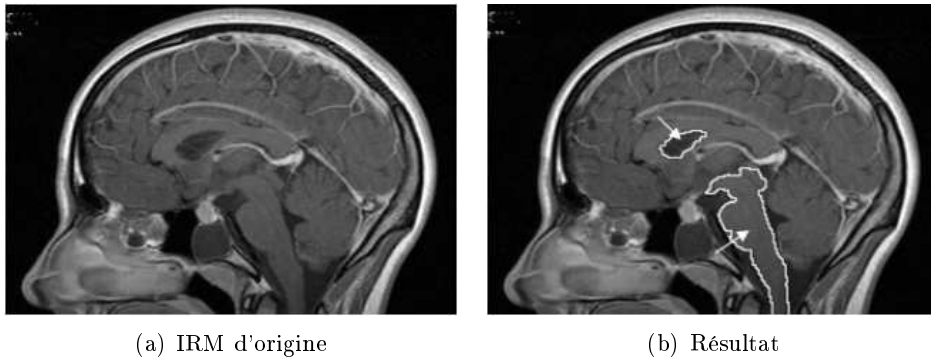


FIG. 1.14 – Segmentation par gradient morphologique - tirée de [140].

d'extraction semi-automatique du cerveau en IRM basé sur plusieurs opérateurs morphologiques. Hsiao et coll. [140] ont proposé une méthode de segmentation de tumeurs cérébrales basée sur le gradient morphologique et une étape de croissance et fusion de régions. Park et coll. [234] ont présenté une méthode automatique de segmentation de cerveaux basée sur l'utilisation de divers opérateurs morphologiques. Chiverton et coll. [55] ont créé un extracteur automatique de cerveau, basé sur la morphologie statistique, pour des données IRM pédiatriques et aussi pour des adultes.

1.4.3.2 Ligne de partage des eaux

La morphologie mathématique consiste à comparer une structure inconnue (*i.e.* l'image que l'on étudie) à un ensemble de formes, les *éléments structurants*, dont on maîtrise toutes les caractéristiques. Ces comparaisons s'effectuent au moyen d'opérations booléennes telles que l'intersection et l'inclusion.

L'algorithme de la ligne de partage des eaux (LPE), proposé par Digabel et Lantuéjoul [87], utilise la description des images en termes géographiques. Une image peut en effet être perçue comme un relief si l'on associe le niveau de gris de chaque point à une altitude. Il est alors possible de définir la ligne de partage des eaux comme étant la crête formant 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.

Une des difficultés à la mise en oeuvre de cette analogie intuitive est qu'elle laisse beaucoup de liberté quant à sa formalisation. Il existe deux classes principales d'implémentation : l'une est basée sur un algorithme récursif d'immersion [311] et une autre basée sur l'utilisation de fonctions de distances géodésiques [219]. Leur définition algorithmique ainsi que leur analyse critique est donnée dans l'article de Roerdink et Meijster [259].

Cette technique est souvent associée à une méthode de fusion de régions puisqu'elle donne une sur-segmentation de l'image. On trouve cette utilisation conjointe dans les travaux de Thiran [299] pour des images multidimensionnelles et notamment des IRM de

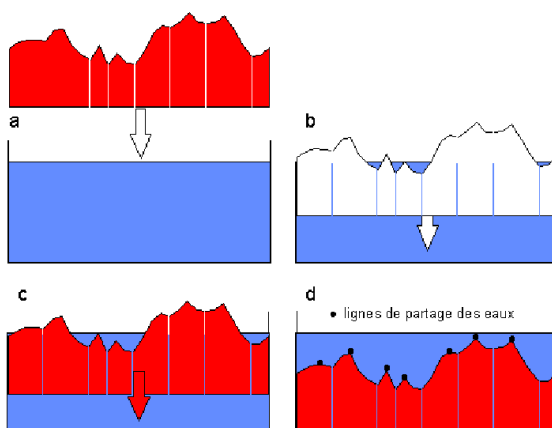


FIG. 1.15 – Principe de la ligne de partage des eaux

cerveaux. Bueno et coll. [41] ont proposé une segmentation en trois dimensions basée sur la ligne de partage des eaux pour les structures internes du cerveau. Mancas et coll. [203] ainsi que Letteboer et coll. [185] ont créé deux techniques très similaires qui utilisent la ligne de partage des eaux pour la segmentation de la partie solide des tumeurs cérébrales ; néanmoins, cette méthode ne prend pas en compte l'oedème et la nécrose alentour.

Peng et coll. proposent d'utiliser une immersion multi-degré pour améliorer l'algorithme de LPE [236]. Betser et coll. utilisent la LPE dans un contexte de segmentation hiérarchique [21]. Rettmann [253, 254] a automatisé la segmentation des sillons de la surface corticale en utilisant la ligne de partage des eaux. Basée sur des données multi-modales (IRM et Angiographie par Résonance Magnétique), la technique de Passat [235] pour la segmentation des vaisseaux sanguins cérébraux a été appliquée à la segmentation du sinus sagittal supérieur.

1.4.4 Forme

Les approches basées sur la forme tendent à rechercher des régions qui dérivent d'une forme donnée comme *a priori*. Nous avons choisi de présenter quatre types de techniques qui en sont représentatives bien que d'autres puissent s'y ajouter.

1.4.4.1 Recalage d'atlas

L'utilisation d'un atlas consiste à apparier une image de référence (l'atlas) et l'image à traiter grâce à un algorithme de mise en correspondance. On superpose alors les informations contenues dans l'image d'atlas et l'image à segmenter. Ainsi, les structures anatomiques constituant la matière grise peuvent être recalées simultanément et permettent d'obtenir une segmentation globale [62].

Dans le domaine de la neuro-imagerie, la référence est l'atlas stéréotaxique de Ta-

The diagram shows a circular sector divided into 12 segments, labeled I through A. The vertical axis is labeled 'level' and ranges from 1 to 12. The horizontal axis is labeled 'sector' and ranges from I to A. The segments are labeled with various codes: VCP, VCA, CA-CP, and others. The diagram is used to illustrate the calculation of the area of the sector.

Dawant, Hartmann et coll. utilisent le recalage d'atlas pour segmenter le cerveau, le cervelet et les noyaux caudés sur une série de volumes IRM [80] puis utilisent cette méthode pour quantifier des atrophies cérébrales [128]. 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.

L’International Consortium for Brain Mapping, plus connu sous le sigle ICBM, a développé plusieurs atlas probabilistes du cerveau. Leur but principal, comme l’ont écrit Mazziotta et coll. [215], était de “*développer un atlas probabiliste du cerveau pour des*

L'International Consortium for Brain Mapping, plus connu sous le sigle ICBM, a développé plusieurs atlas probabilistes du cerveau. Leur but principal, comme l'ont écrit Mazziotta et coll. [215], était de “*développer un atlas probabiliste du cerveau pour des*

sujets sains âgés de dix-huit à quatre-vingt dix ans, toutes origines ethniques et raciales confondues”. En outre, ils ont créé un autre atlas du cerveau à partir de sujets pédiatriques sains mais aussi pour différentes maladies comme la sclérose en plaques, la schizophrénie, la maladie d’Alzheimer, etc. Ces atlas sont très largement utilisés de nos jours pour différents types d’études.

Evans et coll. [98] ont créé des cartes statistiques d’atlas probabiliste (en anglais *statistical probability atlas maps* ou SPAM) : par définition, le SPAM est, pour une structure donnée, un jeu de données volumétriques échantillonnées dans l’espace stéréotaxique, où la valeur de chaque voxel représente la probabilité d’existence de cette structure à cet emplacement dans le système de coordonnées du cerveau. En chaque voxel, la probabilité est proportionnelle au nombre de volumes contenant l’étiquette de la structure, divisé par le nombre total de volumes. Ces SPAM ont été intégrés dans les travaux de Collins [64] pour améliorer la segmentation des structures corticales.

Cocosco et coll. [60] ont proposé une base de données simulées d’IRM 3D de cerveaux nommée BrainWeb qui est largement utilisée dans les processus de validation. Ces simulations sont basées sur un fantôme réaliste de cerveau créé par Collins et coll. [65]. Ce fantôme provient d’une série d’acquisitions de 27 IRM du même sujet. BrainWeb propose une large gamme de bruit et de champ d’inhomogénéité pour des cerveaux sains ou des cerveaux atteints de sclérose en plaques.

1.4.4.2 Transformation dans un sous-espace

Un sous-espace est l’ensemble de toutes les approximations possibles d’un même signal à la résolution associée au sous-espace. A chaque étape de ces transformations, on élimine des détails et ainsi on se focalise sur la forme. L’analyse par ondelettes et par harmoniques sphériques sont par essence-même les techniques les plus représentatives de cette approche. On y trouvera aussi les Modèles Actifs de Forme et d’Apparence qui sont apparentés par leur décomposition des variations de formes à une transformation dans un sous-espace déterminé sur le plan statistique.

Ondelettes

Cette technique repose sur un principe de décomposition en sous-bandes et de transformation mathématique par projection sur des bases orthogonales. L’analyse par ondelettes peut être considérée, en première approximation, comme une alternative à la Transformée de Fourier (en anglais *Fourier Transform* ou FT). Là où la FT décompose l’image en phase et en amplitude, les ondelettes la décomposent dans une base orthogonale. Elle peut être vue comme une FT dans laquelle la fenêtre d’analyse peut être optimisée dans sa forme et possède en outre la propriété essentielle d’opérer sur une durée variant avec la fréquence. Il en résulte des possibilités accrues de filtrage avec des temps de calcul raisonnables.

La transformée en ondelettes est définie par :

$$Wf(u, s) = \langle f, \psi_{u,s} \rangle = \int_{-\infty}^{+\infty} f(t) \psi_{u,s}(t) dt \quad (1.40)$$

où l'atome de base ψ est une fonction de moyenne nulle, centrée au voisinage de 0 et d'énergie finie. La famille de vecteurs est obtenue par translation et dilatation de l'atome de base :

$$\psi_{u,s}(t) = \frac{1}{\sqrt{s}} \psi\left(\frac{t-u}{s}\right) \quad (1.41)$$

La fonction précédente est centrée au voisinage de u , comme l'atome de Fourier fenêtré. Si le centre de fréquence de ψ est h , le centre de fréquence de la fonction dilatée est en h/s .

La transformée en ondelettes a donc une résolution temps-fréquence qui dépend de l'échelle s . Sous la condition

$$C_\psi = \int_0^{+\infty} \frac{|\psi^w|^2}{w} dw < +\infty \quad (1.42)$$

c'est une représentation complète, stable et redondante du signal ; en particulier, la transformée en ondelettes est inversible à gauche. La redondance se traduit par l'existence d'un noyau reproduisant.

Une ondelette est donc un signal oscillant dont la moyenne est nulle et dont l'énergie tend vers zéro à l'infini. Les ondelettes sont regroupées en familles de courbes formant chacune une base de l'espace vectoriel des signaux. Pour plus de détails, on pourra se reporter aux travaux de Mallat [201, 202].

A chaque étape on applique en fait dans la cellule de décomposition deux filtres : un passe-bas, dont sera issue une approximation A_{k-1} , et un passe-haut, dont on obtiendra les détails D_{k-1} . En procédant à une décimation d'ordre 2 sur A_{k-1} on pourra à l'étage suivant utiliser les mêmes filtres ce qui simplifie fortement l'architecture du système.

La décomposition en ondelettes est notamment utilisée par Wu et coll. dans [324] pour le recalage de volumes IRM multimodaux de cerveaux. Zhou et Ruan [341, 342] appliquent un seuillage multicontexte sur la transformée en ondelettes de l'histogramme pour déterminer la probabilité d'appartenance du voxel aux différents tissus considérés.

En dehors de l'imagerie médicale, on trouve les travaux de Choi et Baraniuk [56] qui utilisent les ondelettes de Haar ainsi que ceux de Figueiredo pour tous types d'ondelettes [101]. On pourra trouver des méthodes intéressantes de segmentation et de caractérisation de texture par ondelettes de Gabor dans les travaux de Jain [145, 146] et Prabhakar [246] en biométrie des empreintes digitales.

Hou et Koh [138] appliquent la méthode des c -moyennes floues avec un filtrage par ondelettes et comparent cette méthode avec d'autres segmentations à la fois sur fantôme et données réelles. Nain et coll. ont présenté dans [227] une nouvelle représentation multi-échelle de forme basée sur les ondelettes sphériques et ont utilisé ses propriétés pour réaliser la segmentation de structures cérébrales.

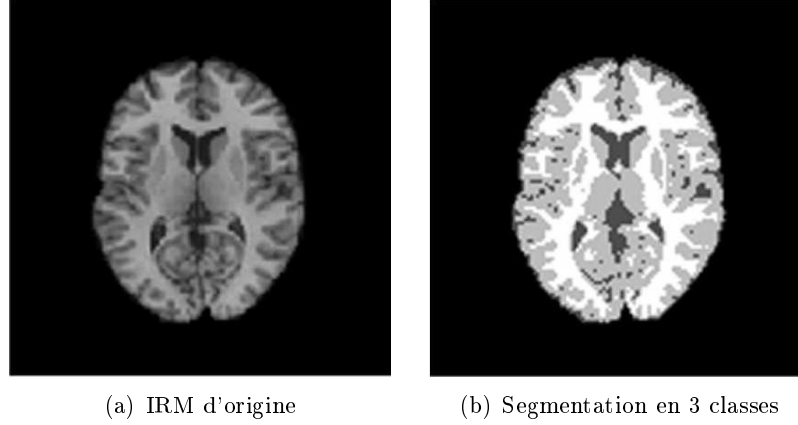


FIG. 1.17 – Segmentation par ondelettes - tiré de [342]

Harmoniques sphériques

Les polynômes $P(x, y, z)$ de degré l dont le laplacien est nul sont appelés harmoniques et forment un espace vectoriel de dimension $2l + 1$. Ils peuvent s'exprimer en coordonnées sphériques (r, θ, φ) à l'aide de $2l + 1$ combinaisons :

$$r^l \cdot T_l^m(\theta, \varphi), \quad (1.43)$$

avec $-l \leq m \leq +l$.

Les coordonnées sphériques (r, θ, φ) sont, respectivement, la distance au centre de la sphère, la colatitude et la longitude. Tout polynôme homogène est entièrement déterminé par sa restriction à la sphère unité S^2 . Ainsi, les fonctions sur la sphère obtenues par restriction de polynômes homogènes harmoniques sont des harmoniques sphériques. C'est pourquoi la partie radiale de l'équation de Laplace, différente selon le problème étudié, n'apparaît pas ici.

Les harmoniques sphériques formant une base orthogonale sur la sphère unité, toute fonction continue $f(\theta, \varphi)$ se décompose en une série d'harmoniques sphériques :

$$f(\theta, \varphi) = \sum_{l=0}^{+\infty} \sum_{m=-l}^{+l} C_l^m \cdot T_l^m(\theta, \varphi) \quad (1.44)$$

où l et m sont des indices entiers, C_l^m est un coefficient constant et souvent en mathématiques prend le nom de coefficient de Fourier généralisé relativement à cette base. En effet, le développement en harmoniques sphériques est l'équivalent, appliqué aux fonctions angulaires, du développement en séries de Fourier pour les fonctions périodiques.

Ces fonctions permettent d'appréhender des formes très variées quand le degré l augmente avec la restriction de respecter une topologie sphérique.

Dans son article, Gerig [112] explique que la description en harmoniques sphériques est hiérarchique, globale, multi-échelle mais ne peut seulement représenter que les objets

de topologie sphérique puisque les fonctions de base de la surface paramétrée sont des harmoniques sphériques. Ces contraintes de topologie sphérique doivent donc être vérifiées au préalable par diverses méthodes parmi lesquelles on peut citer celle de Malandain [200].

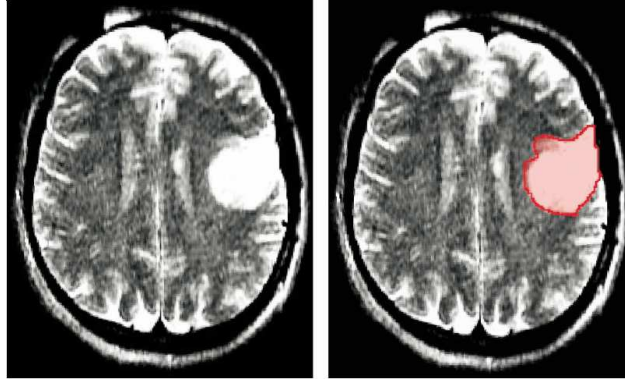


FIG. 1.18 – Segmentation d’un oligodendrogliome par Harmoniques Sphériques - tiré de [117]

Kelemen [157] a démontré que les harmoniques sphériques peuvent être utilisées pour exprimer les déformations d’une forme. Tronquer la série d’harmoniques sphériques à différents degrés donne des représentations de l’objet à différents niveaux de détails. Il utilise cette approche pour caractériser la forme des ventricules cérébraux. Golberg-Zimring et coll. utilisent les harmoniques sphériques pour approximer la forme des tumeurs cérébrales afin de les segmenter dans un contexte de neurochirurgie assistée par ordinateur [117]. Székely et coll. [291] ont créé une méthode basée sur les harmoniques sphériques en utilisant les déformations élastiques de contour flexible de Fourier et des modèles de surface pour la segmentation de structures cérébrales profondes. Shenton et coll. [278] ont utilisé un algorithme de recherche, semblable aux modèles actifs d’apparence, couplé aux harmoniques sphériques pour segmenter l’hippocampe. À partir des harmoniques sphériques, Tao et coll. [297] ont utilisé les “déformations sphériques” (en anglais *spherical warps*), introduisant ainsi les champs de déformation pour l’extraction des sillons corticaux.

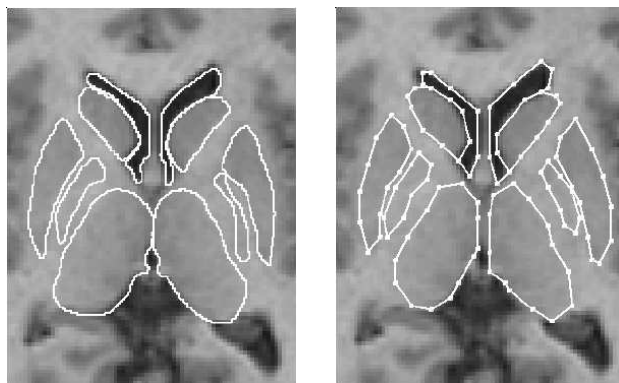
Modèle actif de forme

Les modèles actifs de forme (en anglais *Active Shape Models* ou ASM) [70] 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 [72] (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 composantes principales, ce qui nous donnera les variations autorisées de la forme, constituant ainsi 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 :

- On cherche le long de la normale aux points le meilleur appariement possible pour le modèle (*i.e.* on privilégie les arêtes)
- On met à jour les paramètres de la forme pour être le plus en adéquation avec le modèle.



(a) Segmentation Manuelle (b) Segmentation par ASM

FIG. 1.19 – Exemple de Modèle Actif de Forme - tiré de [96]

Duta et coll. [96] ont utilisé ce paradigme avec une base de connaissance pour segmenter les images de volumes IRM de cerveaux. Shen et coll. ont ajouté des informations locales à ce modèle pour créer un ASM adaptatif [276]. Rousson et coll. se sont, eux, intéressés à la relation existant entre les ASM et les ensembles de niveau [263, 264]. D'autres applications peuvent être trouvées, notamment la modélisation de sillons corticaux [73] et leur mise en correspondance [75] ou bien encore la modélisation des aires visuelles fonctionnelles [74].

Davatzikos et coll. proposent [79] d'utiliser les propriétés des transformées en ondelettes pour réaliser une segmentation par ASM hiérarchique, notamment dans le cadre des images biomédicales comme la segmentation du corps calleux. Bailleul et coll. [15] ont testé différents modèles d'intensité pour circonvier certaines limitations de la version standard des modèles actifs de forme (principalement des problèmes de normalisation). Caunce et Taylor [48] ont proposé l'introduction d'informations structurelles et configurationnelles dans les modèles actifs de forme pour extraire les sillons corticaux en 3D. Zhao et coll. [340] ont créé un ASM partitionné pour les structures cérébrales sous-corticales. Ils considèrent les facettes du maillage plutôt que le maillage en lui-même, donnant ainsi une plus grande élasticité au modèle.

La qualité de la segmentation étant très dépendante de l'initialisation, celle-ci doit se faire à une distance relativement faible de la cible. Pour améliorer son idée, Cootes a proposé d'inclure une information d'intensité de niveau de gris. Ce sont les Modèles Actifs d'Apparence que nous présentons ci-après.

Modèle actif d'apparence

Les modèles actifs d'apparence (en anglais *Active Appearance Model* ou AAM) [71, 69] sont une généralisation de l'approche ASM, mais utilisent toute l'information contenue dans la région d'image couverte par l'objet cible au lieu de ne la prendre qu'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.

On peut observer qu'éloigner chaque paramètre du modèle de la valeur de référence 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.

Beichel et coll. proposent dans [18] d'utiliser le mean-shift pour caractériser les résidus et donner ainsi plus de robustesse à l'algorithme. Klemencic et coll. quant à eux utilisent l'AAM comme une étape de recalage en vue de la segmentation d'IRM de cerveaux [162]. Cootes et coll. [68] proposent en outre d'utiliser les AAM pour réaliser un recalage d'atlas. Duchesne et coll. [93] utilisent un modèle de distribution de déformation (en anglais *Warp Distribution Model* ou WDM) au lieu du classique modèle de distribution de points et introduisent ainsi les champs vectoriels de déformations dans les modèles actifs d'apparence.

1.4.4.3 Forme paramétrique

Le principe des approches par forme paramétrique 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*. Cette déformation est ici exprimée par des forces qui s'appliquent sur les points de contrôle du contour paramétré.

Contours actifs

Les contours actifs, ou *snakes*, ont été introduits par Kass en 1987 [156] et sont toujours utilisés aujourd'hui sous des formes plus évoluées. L'idée sous-jacente est de déterminer la déformation d'un contour en minimisant une fonctionnelle énergétique qui traduit les forces appliquées aux points de contrôle du contour $\mathcal{C} : [a, b] \rightarrow \mathbb{R}^2$. La fonctionnelle associée au *snake* en 2D est :

$$E(\mathcal{C}(p)) = \alpha \int_a^b E_{int}(\mathcal{C}(p)) dp + \beta \int_a^b E_{don}(\mathcal{C}(p)) dp + \lambda \int_a^b E_{con}(\mathcal{C}(p)) dp \quad (1.45)$$

avec α , β et λ des constantes positives.

E_{int} est une contrainte de régularisation pour obtenir un contour lisse, E_{don} est le terme d'attache aux données qui dépend du gradient de l'image et E_{con} exprime des

contraintes externes définies en lien avec l'application et favorisent un type de déformation donnée.

Par la technique de descente de gradient, cette fonctionnelle est minimisée pour aboutir aux équations d'Euler-Lagrange qui déterminent l'évolution du contour. Cette formulation originelle est très sensible à l'initialisation et est facilement attirée par les minima locaux d'énergie. Pour contrer cela, Cohen [61] a proposé l'incorporation d'une énergie dite *de ballon* par l'ajout d'un terme E_{bal} dans l'équation précédente. Celle-ci devient donc :

$$E(\mathcal{C}(p)) = \alpha \int_a^b E_{int}(\mathcal{C}(p))dp + \beta \int_a^b E_{don}(\mathcal{C}(p))dp + \lambda \int_a^b E_{con}(\mathcal{C}(p))dp + \delta \int_a^b E_{bal}(\mathcal{C}(p))dp \quad (1.46)$$

où E_{bal} définit un potentiel de pression qui permet de "gonfler" ou de "dégonfler" le contour en fonction du signe de δ et rend le *snake* plus robuste à l'initialisation et au bruit sur l'image. Cette énergie compense aussi la tendance naturelle du *snake* à se rétracter en raison de la contrainte de régularisation. Le réglage du poids δ reste en revanche très dépendant de l'application visée et nécessite le plus souvent une intervention de l'utilisateur.

D'autres travaux se sont intéressés à l'utilisation de modes différents de paramétrisation tels que les spline snakes de Leitner et coll. [183] ou les plus récents B-splines [218] ou bien encore les gaussiennes rationnelles [338]. Les récents travaux de Lecellier et coll. [178, 177], inspirés de ceux de Jehan-Besson [147], utilisent les contours actifs en y introduisant un *a priori* de forme.

Xu et Prince [327, 328] ont développé un nouveau type de *snake* qui permet une initialisation éloignée de l'objet et arrive à segmenter de façon correcte en levant l'écueil des concavités. Ce nouveau *snake* est basé sur un nouveau type de champ de force externe, appelé *gradient vector flow* ou GVF. Ce champ est calculé comme la diffusion spatiale du gradient d'une carte d'arête (ou *edge map*). Combiné aux forces usuelles, ce GVF améliore grandement la qualité de la segmentation, notamment pour les images de coeur et de cerveau où les frontières sont très complexes.

Atkins [10] utilise une combinaison de seuillage et de morphologie mathématique conjointement aux snakes pour la segmentation d'IRM cérébrales PD. Son principal défaut est que cette technique n'est pas assez robuste pour capturer toutes les circonvolutions du cerveau. De la même façon, Kim et coll. [161] proposent d'utiliser un schéma classique de snake avec un seuillage de l'histogramme et des opérations de morphologie mathématique pour l'extraction de cerveau dans les IRM. Cette méthode est très simple et cependant efficace puisqu'elle parvient à segmenter correctement le cerveau en ne considérant que deux classes.

Dans le domaine des tumeurs cérébrales, Jiang et coll. [148] décident d'utiliser la norme du gradient comme force externe pour segmenter et quantifier ces tumeurs. Luo et coll. [197], quant à eux, utilisent deux forces externes : une force adaptative de ballon et un GVF dynamique. En effet, quand le GVF passe un contour, sa direction change. Ainsi, ils ont adapté le GVF à cette caractéristique. Leur force de ballon reçoit un poids important par rapport au GVF aux premiers stades de l'algorithme mais celui-ci est

progressivement réduit au cours des itérations.

1.4.4.4 Forme discrète

Le paradigme des *snakes* posant des problèmes de topologie (ils sont incapables de gérer les changements de topologies), d'autres techniques se sont développées en parallèle, il s'agit des contours actifs non-paramétriques, ou *implicites*, encore appelés **ensembles de niveau**. Ces travaux sont inspirés des théories de la propagation des fronts et des interfaces entre fluides et/ou solides de natures différentes sous l'action d'une force dépendant de leur courbure [275, 231].

Le contour $\mathcal{C}$ (ou interface) de dimension n évolue ici selon une force telle que :

$$\frac{\partial \mathcal{C}}{\partial t} = F(\kappa) \mathbf{n} \quad (1.47)$$

où $\mathbf{n}$ est le vecteur normal à l'interface, orienté vers l'extérieur, et κ la courbure.

Les ensembles de niveau considèrent cette interface $\mathcal{C}$ comme l'ensemble de niveau zéro d'une hypersurface de dimension $n + 1$, notée Ψ et définie par :

$$\Psi : \begin{cases} \mathbb{R}^n \times [0, \infty[& \rightarrow \mathbb{R} \\ (\mathbf{x}, t) & \mapsto \Psi(\mathbf{x}, t) \end{cases} \quad (1.48)$$

On obtient alors l'expression suivante pour l'interface :

$$\mathcal{C}(t) = \{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n \mid \Psi(\mathbf{x}(t), t) = 0\} \forall t \in [0, \infty[\quad (1.49)$$

On peut alors définir l'ensemble de niveau k , où $k \in \mathbb{Z}^+$:

$$\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n \mid \Psi(\mathbf{x}(t), t) = k, \forall t \in [0, \infty[\quad (1.50)$$

On ne modélise pas directement l'évolution $\mathcal{C}$, on s'intéresse à l'évolution de Ψ en sachant qu'à chaque instant on pourra retrouver $\mathcal{C}$ en prenant l'ensemble de niveau zéro de Ψ . On peut, en outre, calculer l'équation d'évolution de l'hypersurface par la formule de Hamilton-Jacobi, telle que $\mathcal{C}$ soit toujours son ensemble de niveau zéro :

$$\frac{\partial \Psi}{\partial t} + F(\kappa) |\nabla \Psi| = 0 \quad (1.51)$$

avec $\Psi(t = 0) = \Psi_0$ où $\Psi_0 : \mathbb{R}^{n+1} \rightarrow \mathbb{R}$ est une fonction telle que $\Psi_0(\mathcal{C}(0)) = 0$. C'est une équation de Hamilton-Jacobi dont on peut trouver une solution en utilisant les lois de conservation hyperboliques [275]. On notera notamment que Osher et Sethian ont défini la fonction de "vitesse" par $F(\kappa) = 1 - \epsilon \kappa$.

Cette formulation permet les changements de topologie sans implémentation particulière, il n'y a pas de paramétrisation du contour de l'interface, l'utilisation en dimension supérieure ou égale à 3 est aisée et on peut calculer les caractéristiques géométriques de

l'interface $\mathcal{C}$ implicitement représentée par Ψ . Ainsi, en 2D, la courbure locale est donnée par :

$$\kappa = \operatorname{div} \left(\frac{\nabla \Psi}{|\nabla \Psi|} \right) = \frac{\Psi_{yy}\Psi_x^2 - 2\Psi_x\Psi_y\Psi_{xy} + \Psi_{xx}\Psi_y^2}{(\Psi_x^2 + \Psi_y^2)^{\frac{3}{2}}} \quad (1.52)$$

et le vecteur normal au contour par :

$$\mathbf{n} = \frac{\nabla \Psi}{|\nabla \Psi|} \quad (1.53)$$

Ensembles de niveau géométriques

Caselles et coll. [46] ont introduit un modèle géométrique des contours actifs formulé par des équations aux dérivées partielles d'évolution de courbes. Chaque point de la courbe se déplace dans la direction de son vecteur normal à une vitesse proportionnelle à la courbure.

$$F = -g(|\nabla I|)(c + \epsilon\kappa) \quad (1.54)$$

où g est une fonction décroissante qui ralentit le contour dans les zones de fort gradient, c est une force d'expansion du contour (à rapprocher de l'énergie de ballon des *snakes*), κ est la courbure locale du gradient et ϵ est un facteur de pondération.

Cette approche est une alternative à la minimisation d'énergie qui peut être vue comme la recherche de la solution d'une équation de Hamilton-Jacobi, et être ainsi résolue de façon efficace par la méthode des courbes de niveau de Osher et Sethian.

Faugeras et Keriven [100] ont montré qu'il était possible d'utiliser ce principe pour résoudre les problèmes de la stéréoscopie dans lesquels la segmentation est une étape-clé pour l'appariement des images. Paragios et Deriche [233] proposent son utilisation pour la détection et le suivi d'objet en mouvement, utilisant des méthodes d'accélération connues sous le nom de *Narrow Band* et *Fast Marching* [275]. Prinnet et Bailloeu [248, 16] introduisent un *a priori* de forme spatio-temporel pour contraindre et orienter la segmentation par ensembles de niveau géométriques.

Maurel et coll. [213] proposent de mêler efficacement amers et ensemble de niveaux pour la segmentation des structures cérébrales. Han et coll. [126, 127] ont créé une variante des ensembles de niveau géométriques préservant la topologie. En effet, dans leur implémentation, la topologie du résultat final est la même que la courbe fermée donnée comme initialisation, ce qui est d'une grande aide dans le cas de la segmentation d'image médicale. Droske [91] présente une méthode basée sur les ensembles de niveau géométriques pour la segmentation de tumeurs cérébrales (gliomes de grade II et III). Cependant, les tumeurs étant ici segmentées sur chaque coupe 2D, la cohérence spatiale est en défaut. Faugeras [99] propose d'introduire les champs aléatoires cachés de Markov dans les ensemble de niveau à préservation de topologie pour améliorer cette cohérence spatiale des résultats.

Drapaca et coll. [90] ont créé des ensembles de niveau multi-phase pour l'extraction du liquide céphalo-rachidien dans des séries temporelles d'IRM. Ils calculent un contour 4D en utilisant une fonction implicite 5D. Xie et coll. [326] utilisent des ensembles de niveau

hybrides mêlant informations de frontières et de régions pour la segmentation de tumeurs et d'oedèmes. Ils comparent leur résultat avec des segmentations manuelles (similarité : $85.67 \pm 4.38\%$ pour les tumeurs et $79.54 \pm 4.18 \%$ pour les oedèmes). Khotanlou et coll. [160, 159] utilisent des informations extraites d'ontologies et de logique floue dans un schéma d'ensemble de niveau pour la segmentation de tumeurs et de structures cérébrales internes. Leventon [186] propose une revue des méthodes combinant des approches à base de connaissance avec les ensembles de niveau (distribution de probabilité de formes). Bourouis et coll. [29] combinent une classification basée sur un atlas et une approche par ensemble de niveau pour automatiser la segmentation d'IRM cérébrales.

Ensembles de niveau géodésiques

Caselles et coll. [47] ont proposé par la suite un problème équivalent de minimisation d'énergie fondé sur la recherche d'un chemin géodésique minimal dans un espace de Riemann, ce qui revient à minimiser la fonctionnelle suivante :

$$E(\mathcal{C}) = \int_0^1 g(|\nabla I(\mathcal{C}(p))|) |\mathcal{C}'(p)| dp \quad (1.55)$$

On obtient alors l'équation suivante pour l'hypersurface Ψ :

$$\frac{\partial \Psi}{\partial t} + g(|\nabla I|) |\nabla \Psi| \kappa - \nabla g \cdot \nabla \Psi = 0 \quad (1.56)$$

Cette formulation, grâce au terme ∇g , améliore la robustesse aux hétérogénéités de gradient le long de la frontière. Dans le cas où la fonction g n'est pas exactement nulle sur le contour, la segmentation est améliorée. En outre, ce terme ∇g , qui attire l'interface vers la frontière de la cible de segmentation, réduit la nécessité d'utiliser une force de type ballon pour contrer la rétraction du contour.

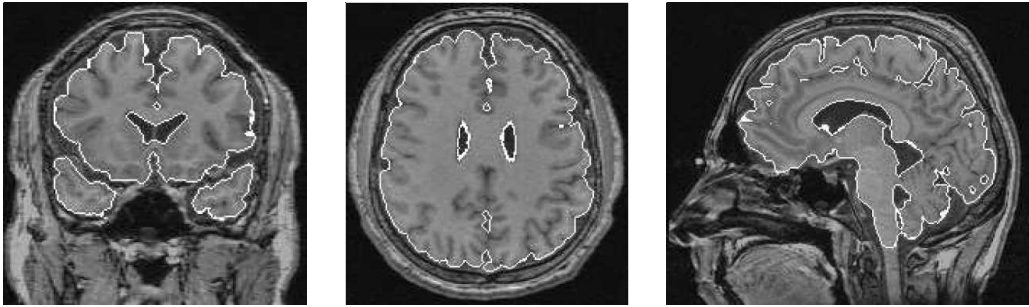


FIG. 1.20 – Segmentation par ensembles de niveau - tiré de [57]

Lorigo [196] a créé un modèle d'ensembles de niveau géodésiques pour la segmentation des vaisseaux sanguins cérébraux en ARM (Angiographie par Résonance magnétique). Baillard et coll. ont appliqué la méthode des ensembles de niveau géodésiques à la segmentation et au recalage d'image médicale 3D [14, 13]. Goldenberg et coll. ont proposé

une méthode rapide de contours actifs géodésiques dans [118] basée sur le schéma AOS (*Additive Operator Splitting*) de Weickert-Romeny-Viergever [314]. Chan et Vese [51] ont développé une amélioration de la version de base permettant ainsi de s'affranchir des problèmes observés lors de la segmentation de structures dont les contours sont doux. Juan et coll. proposent dans [154] d'introduire un élément stochastique dans l'évolution du contour, permettant ainsi de ne pas rester bloqué dans un minimum local.

Tsai et coll. se sont intéressés dans [302] à l'apport d'un *a priori* de forme dans cette formulation des ensembles de niveau géodésiques. Ciofolo et coll. ont montré l'intérêt d'utiliser une commande floue pour combiner les ensembles de niveau avec différents *a priori* pour la segmentation de structures cérébrales [59, 57, 58].

Ho et coll. [134] utilisent la compétition entre les régions conjointement aux ensembles de niveau géodésiques afin de segmenter les structures cérébrales sous-corticales. Ils ont aussi développé un logiciel nommé SNAP [135] utilisant cette approche par ensemble de niveau géodésique. Leventon [186] a proposé une revue des différentes méthodes mélangeant les approches à base de connaissance et les ensembles de niveau géodésiques (en particulier celles utilisant des *a priori* de forme et les ensembles de niveau géodésiques). Taheri et coll. [292] utilisent une fonction de vitesse basée sur un seuillage dans une technique à base d'ensembles de niveau pour la segmentation des tumeurs cérébrales.

1.4.5 Théorie des graphes

Dans les approches utilisant la théorie des graphes, l'idée directrice est de créer un graphe à partir de l'image selon des procédés assez simples et de travailler sur ces graphes, nous permettant ainsi d'utiliser toute la panoplie d'outils développés dans le cadre de cette théorie. Un travail relativement important sera de valuer les arêtes puisque ce sont elles qui permettront de donner les caractéristiques de l'image à notre graphe.

Nous verrons deux méthodes : celle qui utilise les hypergraphes (une famille de graphe aux caractéristiques insolites) et la méthode de coupe minimale de graphe, héritée des travaux d'optimisation de flux.

1.4.5.1 Hypergraphes

Les hypergraphes, introduit par Claude Berge en 1969 [19] généralisent la notion de graphe dans le sens où les arêtes ne relient plus un ou deux sommets, mais un nombre quelconque de sommets (compris entre un et le nombre de sommets de l'hypergraphe).

Soient $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$ un ensemble, $E = \{E_1, E_2, \dots, E_m\}$ une famille de parties de V , avec $(m, n) \in \mathbb{N}^* \times \mathbb{N}^*$ deux entiers non nuls.

Un hypergraphe H est un couple (V, E) tel que :

$$\begin{aligned} \forall i \in ([1, m] \cap \mathbb{N}) \quad E_i \neq \emptyset \\ \bigcup_{i=1}^m E_i \subseteq V \end{aligned} \tag{1.57}$$

A l'instar des graphes classiques, on dit que :

- Les éléments de V sont les *sommets* de H .
- Le nombre de sommets n est l'*ordre* de l'hypergraphe.
- Les éléments de E sont les arêtes ou *hyper-arêtes* de H .

Un apport intéressant pour le traitement d'images est la notion d'*hypergraphe de voisinage*. Dans cet hypergraphe, les sommets sont les pixels de l'image et les hyper-arêtes relient les pixels voisins. En ajoutant un paramètre de sélection sur la distance colorimétrique (*i.e.* les hyper-arêtes ne contiennent que les pixels de couleurs "proches"), on obtient un hypergraphe de voisinage colorimétrique qui nous donne une notion de gradient d'intensité. D'autres critères peuvent être employés pour créer les hyper-arêtes, permettant ainsi la création d'hypergraphes de voisinage adaptatifs [39, 52].

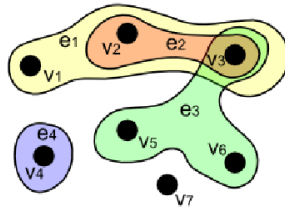


FIG. 1.21 – Exemple d'hypergraphe - par Claudio Rocchini

Bretto et coll. proposent dans [38] une revue de l'apport des hypergraphes dans le traitement d'image et notamment dans la segmentation et la détection de contours par l'utilisation des familles d'arêtes intersécantes dites *étoiles*. La caractéristique de ces *étoiles* est que leur intersection est non nulle, on peut alors exploiter cet (ou ces) élément(s) commun(s) comme critère de sélection. Rital et coll. [257, 255] proposent d'utiliser la partition multi-échelle de l'hypergraphe de voisinage colorimétrique d'une image pour réaliser la segmentation, aussi bien sur des images 2D que 3D, en couleurs ou en niveaux de gris. L'application des hypergraphes dans la segmentation des tissus cérébraux est notamment visible dans [257, 256].

1.4.5.2 Coupes de graphe

Tout comme les méthodes de type *contours actifs*, la segmentation par coupes de graphe (en anglais *Graph Cut*) est une méthode agissant par minimisation d'énergie. Cette énergie est de la forme :

$$E(x) = \sum_i D_i(x_i) + \sum_{i,j} R_{ij}(x_i, x_j) \quad (1.58)$$

où D_i représente le terme d'attache aux données, R_{ij} est un terme de régularisation portant sur les pixels voisins, x est l'image, x_i est le pixel i de l'image et x_j le pixel j du voisinage de x_i . Greig et coll. ont montré que cette minimisation (de type estimation du maximum a posteriori d'un champ aléatoire de Markov) peut être réalisée par la coupe minimale d'un graphe à deux noeuds terminaux pour la restauration d'image

binaire [121]. Ces résultats n'ont pas été remarqués pendant près de dix ans principalement parce que cette restauration d'image binaire semblait d'une portée limitée mais à la fin des années 1990, des travaux ont réutilisé cette méthode dite "S-T Graph Cut" pour des problèmes non-binaires, notamment en stéréo-vision [265] et en segmentation [36]. L'intérêt principal de cette méthode est l'assurance d'arriver à un minimum global. Kolmogorov et Zabih ont montré dans [168] quelles sont les fonctionnelles minimisables par les coupes de graphe.

Cette méthode repose sur les graphes de voisinage. C'est-à-dire que chaque pixel de l'image (cet ensemble est noté $\mathcal{P}$) devient un noeud du graphe et les arêtes issues de ce noeud rejoignent les noeuds représentant les pixels voisins. Ces arêtes sont valuées et leur valeur est d'autant plus petite que la dissimilarité entre les pixels voisins est grande. On adjoint à ce graphe deux noeuds spéciaux, ou *terminaux*, liés respectivement à l'objet (ce terminal est appelé *source* et noté S) et au fond (c'est le *puits*, noté T). Le choix du système de voisinage $\mathcal{N}$ influe grandement sur la complexité du graphe.

Une coupe de graphe est une bi-partition des sommets, considérée comme l'ensemble des arêtes qui vont d'une partie à l'autre. La coupe de poids minimal est celle dont la somme des valeurs des arêtes est minimale et cette valeur est égale au flot maximal transitant par ce graphe. Les problèmes de calcul de flot maximal étant bien connus et résolus, on peut alors utiliser toute la gamme d'algorithmes déjà existants dont ceux de Ford-Fulkerson [104] et de Dinic [88].

Le terme de régularisation est représenté par les arêtes entre noeuds (appelées n -liens) et traduit la notion de régionalité. Le terme d'attache aux données est codé par les arêtes entre les terminaux et les noeuds (appelés t -liens) et traduit les propriétés de contour. La figure 1.22 expose le fonctionnement d'une segmentation en deux dimensions par les coupes de graphe.

La méthode classique, décrite notamment par Boykov et Jolly dans [31, 33, 32], utilise à la fois des contraintes rigides et non-rigides. L'utilisateur sélectionne des pixels de l'objet à segmenter et des pixels du fond (ce sont les graines). Ces pixels sont alors reliés de façon rigide aux noeuds terminaux ; les graines-objet (notées O) étant reliées au noeud source et les graines-fond (notées F) au noeud puits. La valeur de ces t -liens doit être suffisamment grande pour s'assurer qu'ils ne fassent pas partie de la coupe. Ces graines servent ensuite à calculer des distributions d'intensité de l'objet $P(I|O)$ et du fond $P(I|F)$ et les t -liens de chaque pixel non graine sont calculés en fonction de ceux-ci (contraintes non-rigides). Enfin, les n -liens sont fonctions du gradient. On peut résumer tout cela par un tableau :

Arête	Cas	Poids
$\{p, q\}$	$\{p, q\} \in \mathcal{N}$	$R_{\{p,q\}}$
$\{p, S\}$	$p \in \mathcal{F}$	0
	$p \in \mathcal{O}$	K
	$p \in \mathcal{P}, p \notin \mathcal{O} \cup \mathcal{F}$	$D_p(\text{"fond"})$
$\{p, T\}$	$p \in \mathcal{F}$	K
	$p \in \mathcal{O}$	0
	$p \in \mathcal{P}, p \notin \mathcal{O} \cup \mathcal{F}$	$D_p(\text{"objet"})$

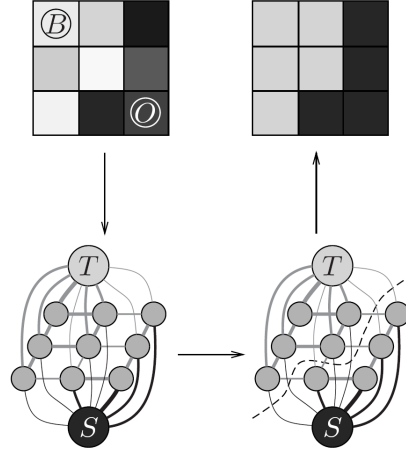


FIG. 1.22 – Exemple de segmentation par la méthode des coupes de graphe pour une image en deux dimensions de taille 3×3 . En haut à gauche : Image d'origine avec les graines. Les graines “objet” et “fond” sont marquées respectivement O et B . En bas à gauche : Graphe correspondant à l'image. Les noeuds terminaux “source” et “puits” sont étiquetés respectivement S et T . Le poids des différentes arêtes est proportionnel à leur largeur. En bas à droite : Coupe du graphe (courbe en pointillé). En haut à droite : Segmentation obtenue.

où

$$K = 1 + \max_{p \in \mathcal{P}} \sum_{q: \{p,q\} \in \mathcal{N}} R_{\{p,q\}} \quad (1.59)$$

Le terme de régularisation est une fonction *ad-hoc* de pénalité de contour :

$$R_{\{p,q\}} \propto \exp\left(-\frac{I_p - I_q}{2\sigma^2}\right) \cdot \frac{1}{\text{dist}(p,q)} \quad (1.60)$$

avec I_p l'intensité du pixel p .

Enfin, le terme d'attache aux données est l'opposé de la log-vraisemblance aux distributions calculées précédemment :

$$D_p(\text{"fond"}) = -\ln P(I_p | \mathcal{O}) \quad (1.61)$$

$$D_p(\text{"objet"}) = -\ln P(I_p | \mathcal{F}) \quad (1.62)$$

Cette méthode est utilisée dans la comparaison d'algorithmes de calcul de coupe minimale dans [35]. En termes de qualité les algorithmes testés sont équivalents mais en termes de rapidité, l'algorithme proposé par Boykov est plus rapide que ceux testés (dont l'algorithme Dinic). Les résultats de la segmentation par la méthode Boykov-Jolly et l'algorithme Boykov-Kolmogorov sont visibles sur la figure 1.23.

Boykov et Kolmogorov profitent à la fois des bénéfices des coupes de graphe et de ceux des contours actifs géodésiques dans [34]. Ils y montrent notamment qu'un voisinage étendu permet à la valeur de la coupe de s'approcher de la longueur du contour correspondant pour toute métrique riemannienne anisotropique.

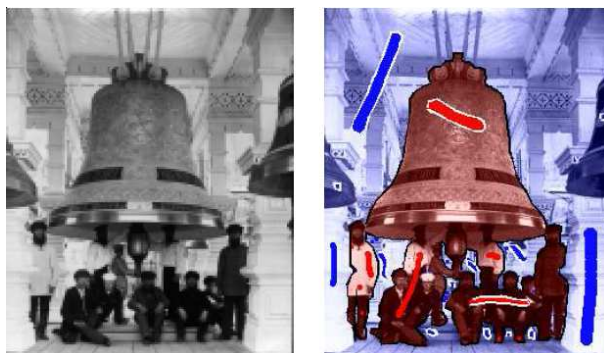


FIG. 1.23 – Coupe de graphe sur une photo de groupe - tiré de [35]

Xu et coll. [329] proposent une approche de contours actifs par coupes de graphe. Le principe est le même que précédemment si ce n'est que le point de départ est un contour approximatif qui est étendu en bande étroite. Son côté intérieur est contraint comme source, et son côté extérieur comme puits. En appliquant itérativement jusqu'à convergence l'algorithme de calcul de coupe minimale, on s'assure de l'obtention d'un minimum global dans la bande. Toujours dans l'esprit d'utilisation de bande étroite, Lombaert et coll. utilisent une approche multi-échelle dans [195]. Le calcul du Graph Cut est effectué sur une image basse résolution puis étendu en bande étroite sur l'image de résolution supérieure, en itérant ainsi jusqu'à l'image d'origine. Les résultats obtenus sont similaires à ceux de Boykov et Jolly pour des temps encore meilleurs.

Zabih et Kolmogorov ont appliqué le paradigme EM aux coupes de graphe dans [337]. Ainsi, dans la phase E, les regroupements étant fixés, on utilise les coupes de graphe pour classifier les pixels ; à l'étape M, on fixe l'étiquetage et ce sont les paramètres de descriptions des regroupements qui sont optimisés. Dans la même approche, on peut citer Rother et coll. [261] ainsi que Blake et coll. [25] qui utilisent des modèles paramétriques du fond et de l'objet, notamment des mixtures de gaussiennes. Juan et Keriven [153] rajoutent à ces méthodes la notion de α -matting pour la zone où les deux objets cohabitent par transparence.

Freedman et Zhang [105] proposent d'introduire un *a priori* de forme dans la formulation classique en ajoutant un terme de distance à une forme prédéfinie dans le terme de régularisation. Song et coll. [287] préfèrent un *a priori* d'atlas pour la segmentation d'IRM par l'ajout d'un terme de probabilité d'appartenance à un tissu au terme d'attache aux données.

Boykov et Funka-Lea ont montré, dans [30], l'optimalité de la solution apportée par les coupes de graphe ainsi que l'apport des graphes orientés par rapport aux graphes non-orientés.

Enfin, Weldeslassie et Hamarneh ont étendu les coupes de graphe aux images DTI dans [315] et ont notamment introduit une mesure de similarité robuste pour valuer les arêtes du graphe.

1.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons proposé une classification des méthodes de segmentation d'IRM cérébrales en explicitant les techniques les plus connues et les plus employées. Cependant chacune d'entre elles a ses qualités et ses défauts, et c'est sur cette base que doit se faire le choix de l'emploi de l'une ou l'autre de ces techniques.

Ainsi, les différentes méthodes de segmentation par ligne de partage des eaux sont très efficaces pour la segmentation de tumeurs ou de structures cérébrales profondes mais montrent vite leur limites pour la segmentation en trois tissus du cerveau ou bien encore pour des structures plus diffuses comme les lésions de sclérose en plaques.

Les techniques de segmentation par ensembles de niveaux se révèlent, quant à elles, diablement efficaces (si tant est que l'initialisation soit faite correctement) mais sont aussi terriblement lentes et donc peu utilisables en routine clinique.

Les ondelettes ou bien encore les méthodes de recalages par atlas sont inadaptées pour la segmentation de lésions de sclérose en plaques bien qu'elles soient très employées pour la segmentation en tissus.

Les techniques à base de mélanges de lois sont, elles aussi, très correctes pour la segmentation en tissus (sains ou pathologiques) mais butent sur l'écueil que représente la segmentation de structures sous-corticales localisées.

Enfin, les méthodes par coupe de graphe ne sont ni multi-modales ni adaptées pour la segmentation de structures localisées. Cependant, leur formulation permet une grande flexibilité et laisse entrevoir une adaptation plus facile aux différents problèmes.

Puisque le but de cette thèse est de proposer une méthode de segmentation d'IRM cérébrales multidimensionnelles pour des structures d'intérêts aussi bien saines que pathologiques, nous avons pris la technique de segmentation par coupe de graphe comme socle de nos recherches. En jouant sur les différents termes de la formulation mathématiques sous-jacente, nous sommes capables d'introduire différents a priori afin de créer une méthode qui sied à nos attentes.

Deuxième partie

Coupe de graphe et gradient spectral : les préalables indispensables

Chapitre 2

Coupe de graphe : principe et algorithmes

*Savoir ce que tout le monde sait, c'est ne rien savoir.
Le savoir commence là où commence ce que le monde ignore.*
Rémy de Gourmont

2.1 Introduction

La théorie des graphes, branche commune à l'informatique et aux mathématiques, étudie les graphes et les objets qui lui sont propres, comme par exemple les chemins. Le concept de graphe permet d'étudier les propriétés de certaines structures comme les réseaux ou, plus largement, les relations binaires. La nature particulière des relations entre les objets de cette théorie, ou les propriétés structurelles qu'elle révèle, ont influencé considérablement l'optimisation combinatoire.

La majeure partie de ce manuscrit de thèse va s'intéresser à des travaux de segmentation basés en partie sur le calcul de coupe de graphe (en anglais *Graph Cut*), héritage de l'optimisation combinatoire. Aussi nous a-t-il semblé opportun de redéfinir les différentes notions mises en jeu dans ces algorithmes de coupe de graphe.

2.2 Définitions et notations

Dans cette section, nous allons établir quelques notions basiques à propos des graphes dans le cadre des méthodes de minimisation d'énergie en vision par ordinateur.

2.2.1 Graphe orienté et pondéré

Un graphe orienté et pondéré $\mathcal{G} = \langle \mathcal{V}, \mathcal{E} \rangle$ est un ensemble de noeuds (appelés aussi sommets) $\mathcal{V}$ et un ensemble d'arêtes (appelés aussi arcs) orientées et pondérées $\mathcal{E} \subset \mathcal{V}^2$ reliant ces noeuds. Une arête relie deux noeuds et, si les arêtes sont orientées, l'arête

$a \rightarrow b$, notée (a, b) , est différente de l'arête $a \leftarrow b$, notée (b, a) . Il existe une fonction $w : \mathcal{E} \rightarrow \mathbb{R}^+$ qui à chaque arête associe un poids (ou capacité), nécessairement positif.

Dans les problèmes que nous allons rencontrer, nous distinguerons, en outre, deux noeuds particuliers qui sont la *source*, notée $\mathcal{S}$, et le *puits*, noté $\mathcal{T}$. Ces deux noeuds sont appelés noeuds *terminaux*. Il n'existe pas d'arête entrante dans $\mathcal{S}$ ni d'arête sortante de $\mathcal{T}$.

Les arêtes entre un noeud terminal et un noeud "classique" sont appelées *t*-arêtes tandis que les arêtes reliant deux noeuds classiques sont appelées *n*-arêtes.

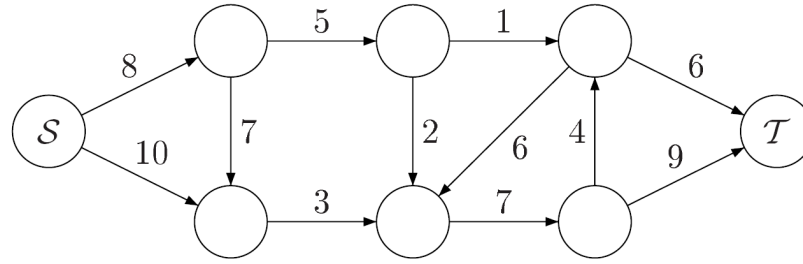


FIG. 2.1 – Exemple de graphe orienté et pondéré

2.2.2 Coupe de graphe

Une notion importante dans la suite de ce manuscrit est la notion de *coupe de graphe*. On trouve deux définitions équivalentes de cette coupe, selon que l'on considère les noeuds ou les arêtes.

Définition 2.1 (Coupe de graphe - version noeud) *On appelle coupe de graphe une partition des noeuds en deux ensembles disjoints $\mathbf{O}$ et $\mathbf{R}$ (i.e. $\mathbf{O} \cup \mathbf{R} = \mathcal{V}$ et $\mathbf{O} \cap \mathbf{R} = \emptyset$) telle que $\mathcal{S} \in \mathbf{O}$ et $\mathcal{T} \in \mathbf{R}$.*

Définition 2.2 (Coupe de graphe - version arête) *On appelle coupe de graphe un sous-ensemble d'arêtes $F \subset \mathcal{E}$ tel que, dans $\mathcal{G} = \langle \mathcal{V}, \mathcal{E} - F \rangle$, il n'y ait pas de chemin de $\mathcal{S}$ à $\mathcal{T}$ et tel qu'aucune sous-partie stricte de F ne vérifie cette propriété.*

La figure 2.2 illustre cette notion de coupe. Il convient de noter qu'une des arêtes traversée par la coupe (ligne pointillée) n'est pas incluse dans le sous-ensemble F . En effet, cette arête est orientée de $\mathbf{R}$ vers $\mathbf{O}$ et donc ne joue pas de rôle dans la coupe.

Il existe donc beaucoup de coupes pour un même graphe. Cependant, une autre notion permet de les valuer, celle du poids d'une coupe. Ici encore deux définitions équivalentes existent.

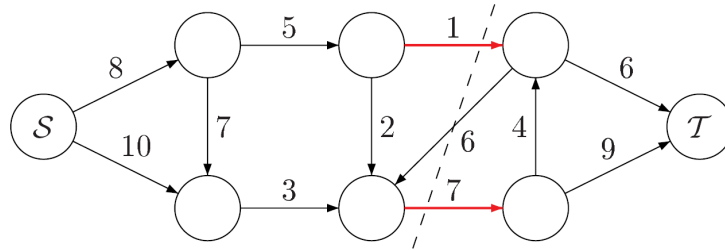


FIG. 2.2 – Coupe d'un graphe. La ligne pointillée sépare le graphe en deux ensembles disjoints. Les arêtes en rouge forment le sous-ensemble F de la définition 2.2

Définition 2.3 (Poids d'une coupe - version noeud) On appelle poids d'une coupe $(\mathbf{O}, \mathbf{R})$ le réel positif :

$$\mathcal{W} = \sum_{\substack{(p,q) \in \mathcal{E} \\ p \in \mathbf{O}, q \in \mathbf{R}}} w(p,q)$$

De façon équivalente, la définition de la coupe, version arête, nous dit qu'on appelle poids d'une coupe la somme des poids des arêtes de F .

Cette notion amène tout naturellement la suivante : la coupe minimale d'un graphe.

Définition 2.4 (Coupe minimale d'un graphe) Une coupe minimale d'un graphe $\mathcal{G}$ est une coupe de poids minimal.

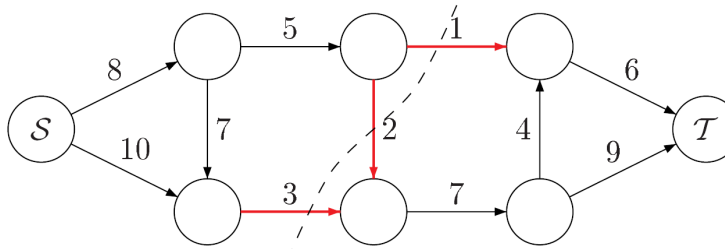


FIG. 2.3 – Coupe minimale du graphe. Ici le poids de la coupe minimale est $\mathcal{W} = 6$

Il peut bien sûr exister plusieurs coupes minimales pour un même graphe (cf. figure 2.4).

Beaucoup de problèmes rencontrés en vision par ordinateur (et dans d'autres domaines d'ailleurs) peuvent être reformulés en recherche d'une coupe minimale d'un graphe. L'avantage à cela est que rechercher une coupe minimale dans un graphe est un problème **P**, donc résoluble en un temps polynomial. Le problème du calcul d'une coupe minimale est lié très étroitement au problème bien connu du calcul du flot maximal d'un graphe.

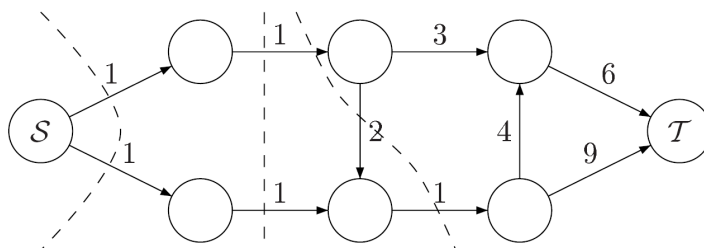


FIG. 2.4 – Plusieurs coupes minimales peuvent exister pour un même graphe

2.2.3 Flot maximal

Le problème du flot maximal est un problème bien connu, notamment dans le cas de réseau de transport. Il convient cependant de définir ce qu'est un *flot*.

Définition 2.5 (Flot) *Un flot est une application $\phi : \mathcal{E} \rightarrow \mathbb{R}$ telle que :*

1. *Pour chaque arête (p, q) , $\phi(p, q) \leq w(p, q)$.*
2. *Pour chaque noeud différent de $\mathcal{S}$ ou $\mathcal{T}$, la somme des flots entrants égale celle des flots sortants.*
3. *La valeur du flot égale la somme des flots sortants de $\mathcal{S}$ (et la somme des flots entrants en $\mathcal{T}$).*

La propriété 2, étant une contrainte de conservation du flot en chaque noeud, est une loi de Kirchhoff. Une arête sera dite *saturée* si son flot est égal à sa capacité. Un flot sera dit saturé si, pour tout chemin de $\mathcal{S}$ à $\mathcal{T}$, il existe une arête saturée.

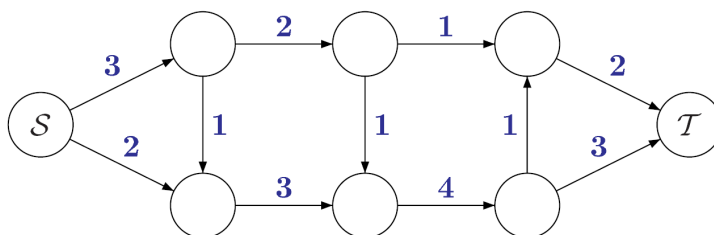


FIG. 2.5 – Exemple de flot sur le graphe de la figure 2.3.

Le *flot maximal* se définit naturellement comme étant un flot de valeur maximale. Dantzig et Fulkerson [78], ainsi que Elias, Feinstein et Shannon [97] indépendamment, ont énoncé le théorème suivant :

Théorème 2.1 *La valeur d'un flot maximal est égale à la valeur d'une coupe minimale.*

De plus, toute arête contenue dans une coupe minimale est saturée. Ainsi, une fois le flot maximal d'un graphe calculé, il est aisé de trouver sa coupe minimale puisqu'il s'agit de prendre l'ensemble des arêtes saturées.

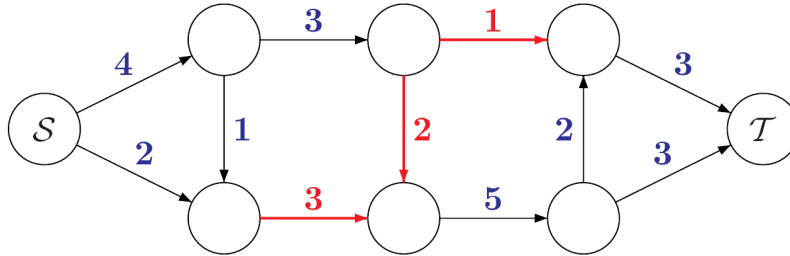


FIG. 2.6 – Flot maximal sur le graphe de la figure 2.3. Les arêtes saturées sont en rouge.

2.3 Algorithmes de calcul du flot maximal

Différents algorithmes ont été développés pour ce calcul de flot maximal, on distingue néanmoins deux approches majeures que sont la poussée de flot [116] (en anglais *push-relabel*) et la saturation de chemin [104, 88] (en anglais *augmenting paths*). Récemment, un nouvel algorithme [35] a vu le jour à partir des algorithmes de saturation de chemin. Nous allons donc présenter succinctement ces trois méthodes, désormais grands classiques dans la théorie des graphes. Pour plus de détails sur ces techniques, consulter le livre de Cook et coll. [67].

2.3.1 Saturation de chemin

Les algorithmes standards de saturation de chemin fonctionnent en poussant un flot le long d'un chemin non saturé de la source $\mathcal{S}$ au puits $\mathcal{T}$ jusqu'à ce que le flot maximal du graphe $\mathcal{G}$ soit atteint. Un algorithme typique de saturation de chemin stocke les informations sur la distribution du flot $\phi_{\mathcal{S} \rightarrow \mathcal{T}}$ courant dans un *graphe résiduel* $\mathcal{G}_\phi$. La topologie de $\mathcal{G}_\phi$ est identique à celle de $\mathcal{G}$ mais la capacité d'une arête de $\mathcal{G}_\phi$ reflète la *capacité résiduelle* de la même arête de $\mathcal{G}$.

Définition 2.6 (Capacité résiduelle) On appelle *capacité résiduelle* de $(p, q) \in \mathcal{E}^*$ et on note $r(p, q)$ la quantité $w(p, q) - \phi(p, q)$. $\mathcal{E}^*$ est l'ensemble des arêtes et leurs inverses.

À l'initialisation, il n'y a pas de flot de la source au puits ($\phi = 0$) et la capacité résiduelle des arêtes dans le graphe résiduel $\mathcal{G}_{\phi_0}$ est égale à la capacité originelle de ces mêmes arêtes dans $\mathcal{G}$. À chaque itération, l'algorithme trouve le plus court chemin $\mathcal{S} \rightarrow \mathcal{T}$ le long des arêtes non saturées du graphe résiduel. Si un chemin est trouvé, l'algorithme le sature en y faisant passer le flot $d\phi$ qui sature au moins une des arêtes du chemin. La

capacité résiduelle des arêtes de ce chemin est alors diminuée de $d\phi$ alors que la capacité résiduelle des arêtes inverses est augmentée de la même quantité. Chaque saturation augmente le flot total de la source au puits $\phi = \phi + d\phi$. Le flot maximal est atteint lorsque tous les chemins $\mathcal{S} \rightarrow \mathcal{T}$ passent par au moins une arête saturée dans le graphe résiduel $\mathcal{G}_\phi$.

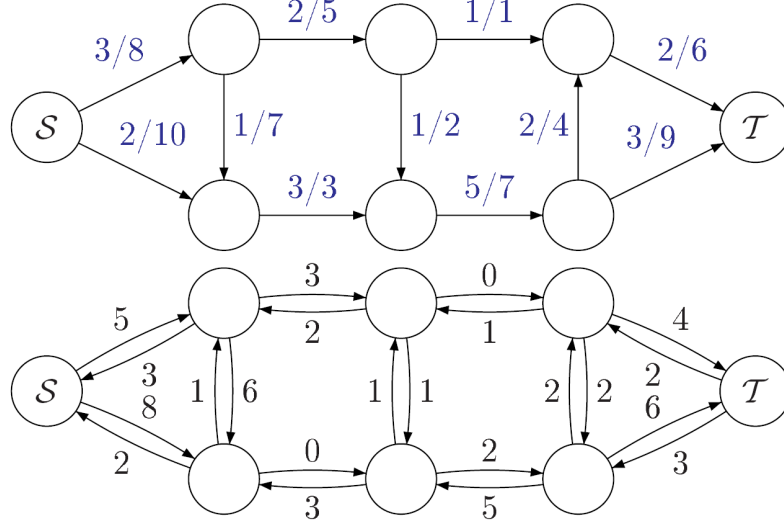


FIG. 2.7 – Un flot dans un graphe et le graphe résiduel en résultant.

L'algorithme de Dinic [88] utilise une recherche en largeur pour trouver le plus court chemin de $\mathcal{S}$ à $\mathcal{T}$ dans le graphe résiduel $\mathcal{G}_\phi$. Quand tous les chemins d'une longueur k fixée sont saturés, l'algorithme recommence de zéro une nouvelle recherche en largeur de chemin $\mathcal{S} \rightarrow \mathcal{T}$ de longueur $k + 1$. La complexité dans le pire des cas de l'algorithme de Dinic est $O(|\mathcal{V}||\mathcal{E}|^2)$.

2.3.2 Poussée de flot

Les algorithmes de poussée de flot [116] utilisent une approche complètement différente. Ils ne maintiennent pas de flot valide durant toute l'opération ; il y a des "noeuds actifs" qui ont un "excès de flot" positif. Un noeud est dit actif s'il contredit la loi de Kirchhoff sur la conservation du flot ; l'excès de flot est, naturellement, la quantité de flots entrants dépassant la somme des capacités des arêtes sortantes de ce noeud.

L'algorithme maintient un étiquetage des noeuds donnant une sorte de distance au puits le long d'arêtes non saturées. À l'initialisation, la source $\mathcal{S}$ reçoit l'étiquette $d(\mathcal{S}) = |\mathcal{V}|$, le puits $\mathcal{T}$ reçoit l'étiquette $d(\mathcal{T}) = 0$, tout autre noeud p reçoit $d(p) = 1$ et $\phi(\mathcal{S}, p) = w(\mathcal{S}, p)$ pour toute arête $(\mathcal{S}, p)$.

L'algorithme tente alors de pousser l'excès de flot vers les noeuds avec une plus petite distance au puits. Typiquement, l'opération de poussée est appliquée aux noeuds avec

la plus grande distance au puits en se basant sur une stratégie de sélection par file (ou FIFO : *First In, First Out*). À chaque itération, on essaye de pousser le flot vers le puits. Si cela n'est pas possible, l'étiquetage du noeud augmente, ce qui l'"éloigne" du puits, et la poussée vers ce noeud sera plus difficile par la suite. Les distances (ou étiquettes) augmentent progressivement lorsque les arêtes sont saturées par les opérations de poussée. Les flots non "livrables" sont finalement redéposés à la source.

Notre graphe, après initialisation est :

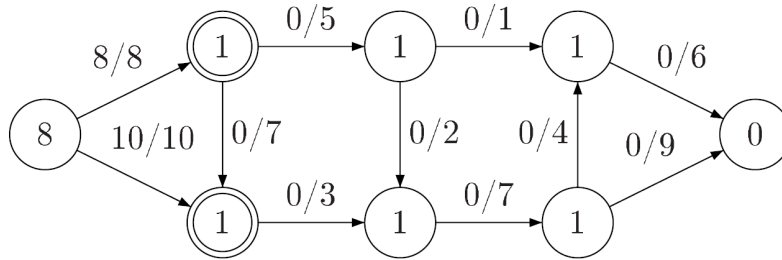


FIG. 2.8 – Stade d'initialisation de l'algorithme de poussée de flot. Les noeuds actifs sont entourés

La première étape consistera à sélectionner un des deux noeuds actifs puis de le ré-étiqueter à 2 afin qu'il puisse pousser son flot vers un noeud d'étiquette inférieure.

On obtient un algorithme dont la complexité dans le pire des cas est $O(|V|^3)$ mais des heuristiques permettent d'améliorer ses capacités. Ainsi, en initialisant les noeuds centraux non plus à 1 mais à la distance réelle au puits, on évite des étapes de ré-étiquetage inutiles.

2.3.3 Algorithme de Boykov et Kolmogorov

Habituellement, les méthodes de saturation de chemin commencent par une recherche en largeur de chemin de $\mathcal{S}$ à $\mathcal{T}$ dès que les chemins d'une longueur donnée sont épuisés. Dans le contexte des graphes en vision par ordinateur, un arbre de recherche en largeur implique de scanner la majorité des pixels de l'image. Ce qui peut se révéler fort coûteux si cela doit arriver souvent. Dans l'Algorithme de Boykov et Kolmogorov (ABK), deux arbres de recherche disjoints sont maintenus. L'arbre A a sa racine à la source $\mathcal{S}$ et les arêtes de chaque noeud père à chaque noeud fils sont non saturées. De la même manière, l'arbre B a sa racine à la source $\mathcal{T}$ mais cette fois, ce sont les arêtes de chaque noeud fils à chaque noeud père qui sont non saturées. Les noeuds qui ne sont ni dans S ni dans T sont dit *libres*. On a donc :

$$S \subset \mathcal{V}, \quad \mathcal{S} \in A, \quad T \subset \mathcal{V}, \quad \mathcal{T} \in B, \quad A \cap B = \emptyset$$

Les noeuds des arbres de recherche peuvent être soit *actifs*, soit *passifs*. Les noeuds actifs représentent la bordure extérieure de chaque arbre tandis que les noeuds passifs

sont internes. Les noeuds actifs permettent aux arbres de “pousser” en acquérant, parmi l’ensemble des noeuds libres, de nouveaux *enfants* le long des arêtes non saturées. Les noeuds passifs ne peuvent pas pousser puisque complètement bloqués par les autres noeuds du même arbre. Il convient aussi de noter l’importance de la possibilité de contact entre noeuds de chaque arbre. En effet, un chemin est trouvé dès qu’un noeud actif d’un arbre détecte un noeud appartenant à l’autre arbre.

L’algorithme répète itérativement trois étapes :

- Croissance : les arbres de recherche A et B croissent jusqu’à se toucher, créant ainsi un chemin de $\mathcal{S}$ à $\mathcal{T}$,
- Saturation : le flot du chemin trouvé est augmenté jusqu’à saturation, les arbres de recherche se divisent en forêts,
- Adoption : les arbres A et B sont restaurés.

À l’étape de croissance, les arbres grandissent. Les noeuds actifs explorent les arêtes non saturées adjacentes et acquièrent de nouveaux enfants dans l’ensemble des noeuds libres. Les noeuds nouvellement acquis deviennent des noeuds actifs de l’arbre correspondant. Dès que tous les voisins d’un noeud actif ont été explorés, celui-ci devient passif. L’étape de croissance se termine si un noeud actif rencontre un noeud voisin appartenant à l’arbre opposé. Dans ce cas, un chemin de $\mathcal{S}$ à $\mathcal{T}$ est détecté, comme le montre la figure 2.9

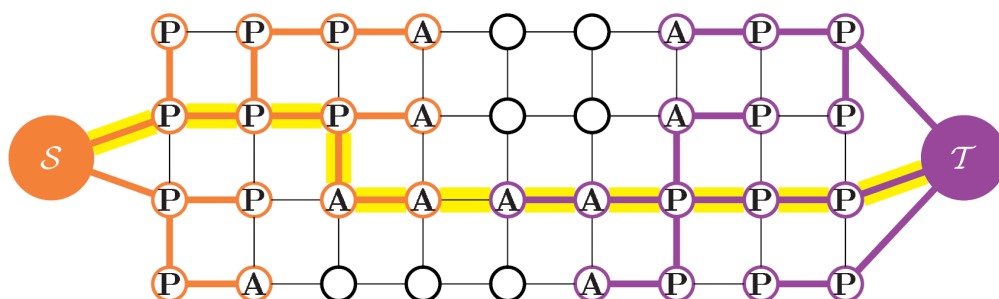


FIG. 2.9 – Exemple des arbres de recherche A (noeuds oranges) et B (noeuds violets) à la fin du stade de croissance quand un chemin (ligne jaune) est trouvé de la source $\mathcal{S}$ au puits $\mathcal{T}$. Les noeuds Actifs et Passifs sont respectivement étiquetés A et P. Les noeuds *libres* apparaissent en noir.

L’étape de saturation augmente le flot du chemin trouvé à l’étape de croissance. Puisqu’on y fait transiter le plus grand flot possible, certaines arêtes peuvent devenir saturées. Ainsi, certains noeuds des arbres A et B peuvent devenir *orphelins*, *i.e.* les arêtes les reliant à leur parent ne sont plus valides car saturées. En fait, dans l’étape de saturation, les arbres de recherche peuvent se séparer en forêts. La source $\mathcal{S}$ et le puits $\mathcal{T}$ sont toujours les racines des arbres de recherche, tandis que les orphelins deviennent racine de leur propre arbre.

Le but de l’étape d’adoption est de restaurer la structure d’arbre simple aux potentielles forêts créées à l’étape précédente. Dans cette étape, on recherche un parent valide

pour chaque orphelin. Un nouveau parent doit appartenir au même ensemble A ou B que l'orphelin et être relié à l'orphelin par une arête non saturée. S'il n'y pas de parent qualifié, l'orphelin est enlevé de A ou de B et devient un noeud libre et ses anciens enfants sont déclarés orphelins. Cette étape se termine lorsqu'il n'y a plus d'orphelins et qu'ainsi les structures d'arbres de recherche A et B sont restaurées. Puisque des orphelins de A et B peuvent devenir libres, l'étape d'adoption résulte en une contraction de ces ensembles.

Quand l'étape d'adoption est terminée, l'algorithme retourne à l'étape de croissance. Cet algorithme se termine lorsque les arbres de recherche S et T ne peuvent plus grandir (plus de noeuds actifs) et que les arbres ne sont séparés que par des arêtes saturées. Cela implique qu'un flot maximal est atteint. La coupe correspondante peut alors être déterminée par $\mathbf{O} = A$ et $\mathbf{R} = B$ s'il n'y a pas de noeuds libres lors de la terminaison de l'algorithme, *i.e.* $A \cup B = \mathcal{V}$. S'il y a des noeuds isolés à la fin, la coupe minimum sera déterminée par $\{A, \mathcal{V} - A\}$ ou $\{\mathcal{V} - B, B\}$, les deux solutions ayant le même coût.

La complexité de cet algorithme dans le pire des cas est directement liée au poids $\mathcal{W}$ de la coupe minimale : $O(|\mathcal{V}||\mathcal{E}|^2|\mathcal{W}|)$. Théoriquement, elle est plus grande que la complexité de chacun des deux autres algorithmes présentés. Cependant, les expériences [35] prouvent que dans le cadre des instances typiques de nos problèmes en vision par ordinateur, cet algorithme “bat” significativement les deux autres méthodes.

2.4 Segmenter grâce aux coupes de graphe

Selon le schéma décrit par Boykov et coll. [33, 30], le problème de la segmentation est décrit par un graphe de flot directionnel $\mathcal{G} = \langle \mathcal{V}, \mathcal{E} \rangle$ qui représente l'image. L'ensemble des noeuds est défini par, d'une part, deux noeuds particuliers nommés noeuds terminaux (aussi appelés “source” et “puits”) qui représentent respectivement la classe “objet” et la classe “fond”, et d'autre part par les autres noeuds correspondant aux voxels du volume 3D. Les noeuds sont reliés entre eux par des arêtes orientées qui reflètent la similarité entre les deux voxels considérés. cette méthode est semi-automatique puisque l'utilisateur doit sélectionner deux ensembles de voxels dans l'image, l'ensemble “objet” v_o contenant des voxels de l'objet à segmenter et l'ensemble “fond” v_f contenant des voxels du fond par rapport auquel nous souhaitons détacher notre objet.

Soient $\mathcal{P}$ l'ensemble contenant tous les voxels p de l'image, $\mathcal{N}$ l'ensemble de toutes les paires $\{p, q\}$ des éléments du voisinage de $\mathcal{P}$ et $V = (V_1, V_2, \dots, V_{|\mathcal{P}|})$ un vecteur binaire où chaque V_p peut être une des deux étiquettes “objet” ou “fond”. Par conséquent, le vecteur V définit une segmentation. Les ensembles de points $\mathcal{B}$ et $\mathcal{O}$ sont, respectivement, les graines du fond et de l'objet. L'énergie que nous cherchons à minimiser par une coupe de graphe est de la forme :

$$E(V) = \alpha \cdot \sum_{p \in \mathcal{P}} R_p(V_p) + \sum_{\substack{\{p, q\} \in \mathcal{N} \\ V_p \neq V_q}} B_{\{p, q\}} \quad (2.1)$$

Le terme $R_p(\cdot)$, communément appelé terme de région, exprime la similarité du voxel p à des modèles donnés d'objet et de fond. Le terme $B_{\{p, q\}}$, appelé terme de frontière,

reflète la similarité entre les voxels p et q . Ainsi, ce terme est grand quand p et q sont semblables et il chute à zéro quand ils sont très différents. Le coefficient α est utilisé pour ajuster l'importance des termes de région et de frontière.

L'arête reliant une paire de voxel voisins est appelé un n -lien et son poids peut être basé sur différentes métriques comme le gradient local d'intensité, les passages par zéro du laplacien, la direction du gradient ou d'autres critères, tant que la condition de positivité du poids est respectée. Ce poids est le terme de frontière $B_{\{p,q\}}$ de l'équation 2.1. L'implémentation la plus simple du poids d'un n -lien reliant les voxels p et q est alors $w_{\{p,q\}} = K \cdot \exp(-\frac{|I_p - I_q|}{\sigma^2})$ où I_p et I_q sont les intensités des voxels p et q . La fonction de poids contraint la frontière de la segmentation aux endroits de forts gradients.

Tous les noeuds de v_o sont connectés à la source et tous les points-graines du fond (v_b) sont connectés au puits. Ces deux ensembles d'arêtes sont appelés t -liens (ou liens *terminaux*). Ces t -liens encodent le terme de région $R_p(V_p)$ de l'équation 2.1. L'implémentation la plus simple implique un poids infini pour tous les t -liens reliant les graines et les noeuds terminaux. Dans les travaux plus évolués, le poids est basé sur la similarité du voxel p avec des modèles donnés d'intensité (*e.g.* histogrammes) de l'objet et du fond, donnant ainsi une information de région.

Le graphe est complètement défini et le contour de segmentation est calculé en trouvant la coupe minimale de ce graphe. Une coupe est un sous-ensemble d'arêtes qui réalise une bi-partition du graphe : d'un côté la partie contenant la source et de l'autre la partie contenant le puits, séparant ainsi l'objet d'un fond dans une segmentation binaire — le poids d'une coupe étant égal à la somme des poids de ses arêtes. La coupe minimale est donc la coupe de poids minimal et peut être calculée en un temps polynomial en utilisant un algorithme de calcul du flot maximal par saturation de chemin [103], poussée de flot [116] ou l'ABK [35]¹.

¹Code disponible à : <http://www.cs.ucl.ac.uk/staff/V.Kolmogorov/software.html>.

Chapitre 3

Du gradient spectral colorimétrique

*Ce qu'on sait, savoir qu'on le sait ;
ce qu'on ne sait pas, savoir qu'on ne le sait pas :
c'est savoir véritablement.*

Confucius

3.1 Introduction

La couleur est une importante dimension supplémentaire par rapport aux images en niveaux de gris ; en effet, elle apporte plus de connaissance que la seule intensité lumineuse. Les informations extraites de la couleur sont utiles dans presque toutes les tâches d'imagerie comme la segmentation, la caractérisation de surfaces, etc. Le domaine de la *colorimétrie* est large [325] et beaucoup de théories existent. Nous ne tenterons pas de couvrir toutes les approches existantes de ces théories et nous nous focaliserons sur une seule théorie récente, basée sur les récepteurs sensitifs de la couleur dans le système visuel humain. Nous nous intéresserons en particulier à l'extraction d'une structure différentielle multi-échelle dans le domaine spatial et colorimétrique des images couleurs. Cette approche espace-échelle a été récemment introduite par Geusebroek [114, 115] et est basée sur les travaux préliminaires du modèle gaussien colorimétrique de Koenderink [166]. Ce chapitre présente cette théorie ainsi qu'un invariant en particulier : le gradient spectral colorimétrique.

3.2 Formation d'une image et invariants colorimétriques

Qu'est-ce qu'une structure invariante colorimétrique ? Pour comprendre cette notion, nous devons tout d'abord étudier le processus de formation d'une image en couleur.

Le spectre réfléchi d'un objet est le résultat de la lumière incidente, dont une partie seulement de l'énergie spectrale est réfléchie vers l'observateur. Ainsi, le spectre lumineux qui arrive sur l'oeil est le résultat de l'interaction entre la source lumineuse, l'objet et l'observateur. La couleur peut donc être considérée comme la mesure de l'énergie spectrale, et sera considérée comme telle dans la suite du présent manuscrit. Ici, nous ne considérerons que l'interaction entre la source lumineuse et le matériau.

Avant que nous ne voyions un objet d'une couleur particulière, ce dernier nécessite d'être illuminé. Après tout, en absence de lumière, tout objet est simplement noir. Les spectres d'émission $l(\lambda)$ des sources communes de lumière sont proches de la formule de Planck :

$$l(\lambda, T) = 8\pi hc\lambda^{-5}(e^{\frac{hc}{kT\lambda}} - 1)^{-1} \quad (3.1)$$

où h est la constante de Planck, k la constante de Boltzmann et c la célérité de la lumière dans le vide. La *température de la couleur* de la lumière émise est donnée par T et varie typiquement de 2500 K (lumière rouge) à 10000 K (lumière bleue). La température de la lumière blanche classique est, par convention, choisie à 6500 K . Cependant, en pratique, toutes les sources lumineuses entre 2500 et 10000 K peuvent être rencontrées. L'équation de Planck est adaptée aux sources lumineuses à incandescence ou halogène. Le spectre de la lumière naturelle est légèrement différent et est représenté par une *température de couleur corrélée*. Il est cependant suffisamment proche du modèle de Planck pour être caractérisé par un paramètre équivalent.

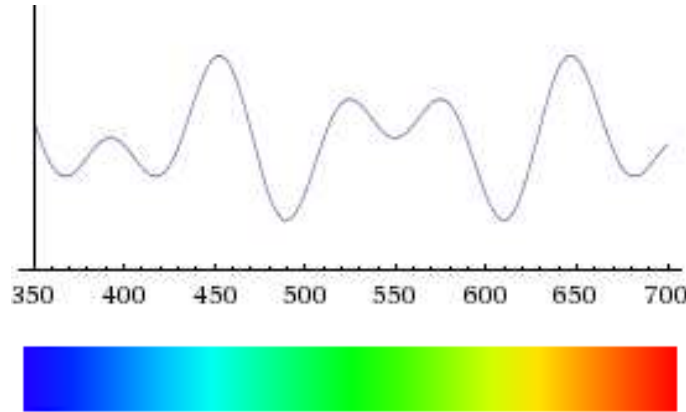


FIG. 3.1 – Un spectre réfléchi (distribution d'énergie sur les longueurs d'onde) arbitraire d'un objet. Pour différents objets colorés, nous avons différents spectres. Échelle horizontale : nm , échelle verticale : énergie (W/m^2).

La part du spectre réfléchi par une surface dépend de la *fonction de réflexion spectrale de la surface*. La réflectance spectrale est une propriété du matériau, caractérisée par une fonction $c(\lambda)$. Pour les surfaces planes et mates, le spectre réfléchi $e(\lambda)$ est simplement la multiplication du spectre incident $l(\lambda)$ par la fonction de réflectance spectrale de la surface $c(\lambda)$:

$$e(\lambda) = c(\lambda)l(\lambda) \quad (3.2)$$

À partir de ce point, il est important d'introduire la considération spatiale, en particulier pour décrire la distribution d'énergie spatio-spectrale qui arrive sur la rétine $e(x, y, \lambda)$. De plus, pour les objets en trois dimensions, la quantité de lumière arrivant

sur la rétine dépend du flux d'énergie, donc de la géométrie locale. Ainsi, les ombres peuvent être introduites en tant que facteur multiplicatif, indépendant de la longueur d'onde $m(x, y)$ dans l'intervalle $[0; 1]$.

$$e(\lambda) = c(\lambda)l(\lambda)m(x, y) \quad (3.3)$$

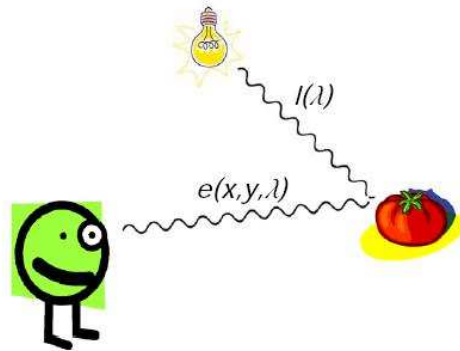


FIG. 3.2 – Le spectre réfléchi $e(x, y, \lambda)$ dépend du spectre incident $l(\lambda)$.

La structure de la distribution d'énergie spatio-spectrale est due à trois fonctions $c(\cdot)$, $l(\cdot)$ et $m(\cdot)$. Des méthodes relativement fiables existent pour retrouver ces quantités à partir de l'image observée. L'estimation de la fonction de réflectance de l'objet $c(\cdot)$ revient à dériver les propriétés du matériau, le véritable invariant colorimétrique qui ne dépend pas des conditions d'illumination. L'estimation de la source lumineuse $l(\cdot)$ est un problème bien connu sous le nom de problème de constance de la lumière. Déterminer $m(\cdot)$ revient en fait à estimer les ombres et l'ombrage dans l'image et est étroitement lié au problème dit "shape-from-shading".

Pour l'extraction des propriétés invariantes de la couleur à partir de la distribution spatio-spectrale d'énergie, nous recherchons des expressions algébriques ou différentielles de $e(\cdot)$ qui sont indépendantes de $l(\cdot)$ et de $m(\cdot)$. Le but est donc de trouver des expressions différentielles de $e(\cdot)$ qui ne dépendent que d'une fonction de $c(\cdot)$.

Pour ce faire, il convient de noter que le terme géométrique m est seulement une fonction de l'espace. Ainsi, en dérivant par rapport à λ et en normalisant, le problème est réduit à deux fonctions :

$$\frac{1}{e(x, y, z, \lambda)} \frac{\partial e(x, y, z, \lambda)}{\partial \lambda} = \frac{l_\lambda}{l} + \frac{c_\lambda}{c} \quad (3.4)$$

où l_λ et c_λ sont les dérivées de l et c par rapport à λ .

Après une dérivation supplémentaire par rapport à une des variables spatiales, le premier terme disparaît puisque $l(\cdot)$ ne dépend que de λ et on trouve :

$$\partial_x \left(\frac{\partial_\lambda e(x, y, \lambda)}{e(x, y, \lambda)} \right) = 0 \quad (3.5)$$

Ainsi, l'équation suivante est obtenue :

$$\partial_x \left(\frac{\partial_\lambda e(x, y, \lambda)}{e(x, y, \lambda)} \right) = 0 \iff \frac{e \cdot e_{x\lambda} - e_x \cdot e_\lambda}{e^2} = 0 \quad (3.6)$$

Cette dernière est complètement exprimée avec des dérivées spatiales et spectrales de la distribution spatio-spectrale observable.

Dans ce chapitre, nous développerons les propriétés différentielles du détecteur d'arête colorimétrique $\varepsilon = \frac{1}{e} \frac{\partial e}{\partial \lambda}$, où e est l'intensité spectrale mesurée $e(x, y, \lambda)$. Les dérivées spatiales de ε contiennent des dérivées de l'espace ainsi que des dérivées spectrales. Dans la prochaine section, nous verrons que l'intensité spectrale e ainsi que ses dérivées du premier et second ordre par rapport à λ peuvent être obtenues directement à partir de l'image par une transformation de l'espace RVB. Les dérivées spatiales sont obtenues, elles, de manière conventionnelle, par convolution avec un noyau gaussien spatial.

3.3 Modèle gaussien de colorimétrie de Koenderink

La théorie espace-échelle nous apprend que les structures spatiales peuvent être extraites des données de l'environnement en mesurant l'ensemble des dérivées jusqu'à un ordre donné. Dans le domaine spatial, cela a donné naissance à la famille de noyaux gaussiens dérivés, échantillonnant ainsi la distribution d'intensité spatiale. Ces dérivées apparaissent naturellement lors du développement limité du signal.

Koenderink a proposé [164] de prendre une approche similaire pour l'échantillonnage de la dimension colorimétrique, c'est-à-dire l'information spectrale contenue dans la couleur. Si on construit le développement limité, par rapport à la longueur d'onde λ , de la distribution d'énergie spatio-spectrale $e(x, y, \lambda)$ de la lumière mesurée, au point fixe (x_0, y_0) et autour d'une longueur d'onde centrale λ_0 , on obtient au second ordre :

$$e(x, y, \lambda) = e(x_0, y_0, \lambda_0) + e_\lambda(x_0, y_0, \lambda_0)(\lambda - \lambda_0) + \frac{1}{2} e_{\lambda\lambda}(x_0, y_0, \lambda_0)(\lambda - \lambda_0)^2 + o(\lambda - \lambda_0)^3 \quad (3.7)$$

Une mesure physique avec une ouverture est, mathématiquement parlant, décrite par une convolution. Ainsi, pour une mesure de la luminance L avec la fonction d'ouverture $G(x, \sigma)$ dans le domaine spatial (ici en une dimension), on obtient :

$$L(x, \sigma) = \int_{-\infty}^{\infty} L(x - \alpha) G(\alpha, \sigma) d\alpha \quad (3.8)$$

où α est un paramètre "fantôme" parcourant toutes les valeurs possibles.

Pour le domaine temporel, nous obtenons $L(t, \sigma) = \int_{-\infty}^{\infty} L(t - \beta) G(\beta, \sigma) d\beta$. En se basant sur cette analogie, nous pouvons espérer que la mesure dans la dimension colorimétrique soit $L(\lambda, \sigma) = \int_{-\infty}^{\infty} L(x - \gamma) G(\gamma, \sigma) d\gamma$ avec λ la longueur d'onde et γ le paramètre fantôme de la longueur d'onde.

Le système visuel humain implémente les noyaux spatiaux par une grille de récepteurs sensitifs sur la rétine, ainsi, le déplacement du paramètre fantôme est implémenté par les mesures simultanées de tous les récepteurs voisins. Les noyaux temporels sont, eux, implémentés par la variation temporelle du *noyau géniculé latéral* et des récepteurs corticaux. Cependant, obtenir un large champ de récepteurs pour échantillonner l'axe des longueurs d'onde requerrait beaucoup de pigments colorimétriques (*rhodopsines*) dans les récepteurs avec ces différentes sensibilités colorimétriques.

Le système visuel a opté pour une solution plus économique : la convolution est calculée uniquement sur une position de l'axe des longueurs d'onde, à environ $\lambda_0 = 520 \text{ nm}$ avec un écart-type du noyau gaussien d'environ $\sigma_\lambda = 55 \text{ nm}$. L'intégration est faite sur le domaine des longueurs d'onde couvert par les rhodopsines, donc de 350 nm (bleu) à 700 nm (rouge). Les valeurs pour λ_0 et σ_λ sont déterminées pour que la gaussienne soit la plus proche possible de la sensibilité spectrale mesurée de façon psychophysique pour les humains, *i.e.* le modèle de Hering.

Ainsi nous obtenons pour l'intensité spectrale :

$$e(\vec{x}, \lambda_0; \sigma_\lambda) = \int_{-\lambda_{min}}^{\lambda_{max}} e(\vec{x}, \lambda) G(\lambda, \lambda_0, \sigma_\lambda) d\lambda. \quad (3.9)$$

C'est une opération de convolution "statique". Ce n'est pas à proprement parler une convolution puisque nous ne parcourons pas entièrement l'axe des longueurs d'onde. Ici, on ne fait qu'une *simple* mesure avec une ouverture gaussienne sur l'axe des longueurs d'onde centré à la position λ_0 . De même, les dérivées par rapport à λ :

$$\begin{aligned} \frac{\partial e(\vec{x}, \lambda_0; \sigma_\lambda)}{\partial \lambda} &= \sigma_\lambda \int_{-\lambda_{min}}^{\lambda_{max}} e(\vec{x}, \lambda) \frac{\partial G(\lambda, \lambda_0, \sigma_\lambda)}{\partial \lambda} d\lambda \\ \frac{\partial^2 e(\vec{x}, \lambda_0; \sigma_\lambda)}{\partial \lambda^2} &= \sigma_\lambda^2 \int_{-\lambda_{min}}^{\lambda_{max}} e(\vec{x}, \lambda) \frac{\partial^2 G(\lambda, \lambda_0, \sigma_\lambda)}{\partial \lambda^2} d\lambda \end{aligned} \quad (3.10)$$

décrivent respectivement le premier et second ordre des dérivées spectrales. Les facteurs σ_λ et σ_λ^2 sont inclus pour la normalisation, *i.e.* pour s'assurer que les noyaux gaussiens spectraux soient sans dimension.

La figure 3.3 montre les noyaux spectraux gaussiens normalisés "statiques" jusqu'au second ordre comme une fonction de la longueur d'onde.

Les récepteurs sensibles à la couleur chez l'humain sont combinés : rouge-vert ou jaune-bleu sur un même récepteur (chaque récepteur présente deux zones sensibles différentes : le centre et la périphérie). La soustraction du jaune et du bleu dans ces récepteurs est bien modélisée par la dérivée première tandis que la sensibilité au vert et rouge est, elle, modélisée par la dérivée seconde. Ainsi, il est commun de dire que la fonction gaussienne mesure la luminance, la dérivée première mesure le bleu et le jaune, et la dérivée seconde le rouge et le vert.

Le modèle gaussien approxime la base de Hering [133] pour la vision humaine en couleur quand $\lambda_0 \simeq 520 \text{ nm}$ et $\sigma_\lambda \simeq 55 \text{ nm}$. Ces deux modèles se rapprochent aussi

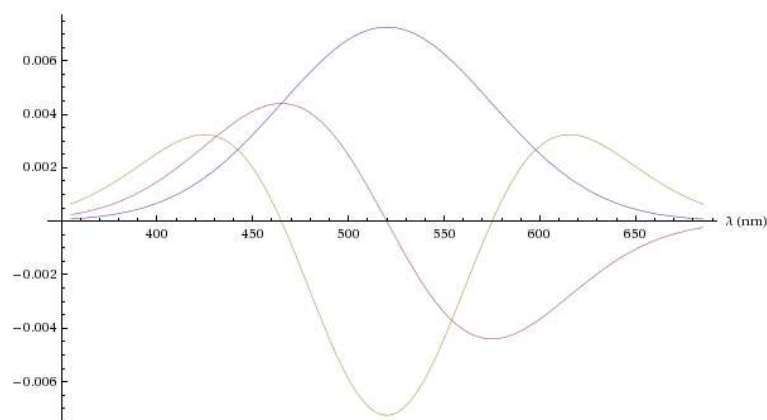


FIG. 3.3 – Modèle de la sensibilité des récepteurs de couleurs par rapport à la longueur d'onde dans la vision humaine des couleurs : fonction gaussienne et ses deux premières dérivées par rapport à la longueur d'onde, d'après Koenderink [164].

beaucoup de la base CIE 1964 XYZ qui est un célèbre système de coordonnées pour les couleurs, largement utilisée dans les applications techniques impliquant la couleur.

Le modèle gaussien nécessite les trois premiers termes du développement limité de la distribution d'énergie spectrale pondérée gaussienne à λ_0 et à l'échelle σ_λ . Une caméra RVB mesure les composantes rouges, vertes et bleues de la lumière incidente mais ce *n'est pas* ce dont nous avons besoin pour le modèle gaussien de colorimétrie. Il nous faut donc une méthode pour extraire les termes du développement limité à partir des valeurs RVB.

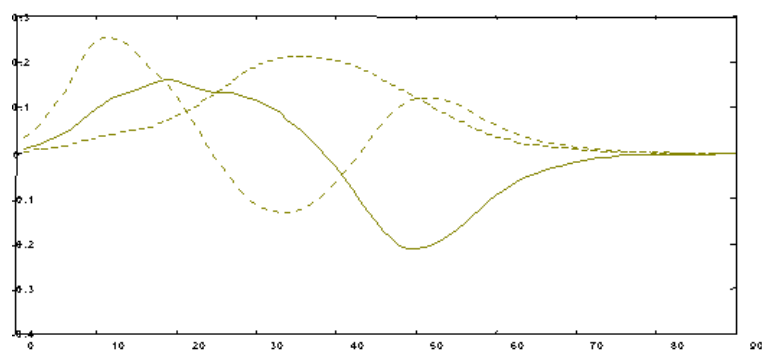


FIG. 3.4 – Base de Hering pour la sensibilité spectrale des récepteurs sensitifs humains impliqués dans la vision des couleurs, d'après Hering [133].

En appliquant la matrice de transformation linéaire suivante, on peut aisément passer de la base RVB à la base CIE 1964 XYZ :

$$RVB \text{ vers } XYZ = \begin{pmatrix} 0.621 & 0.113 & 0.194 \\ 0.297 & 0.563 & 0.049 \\ -0.009 & 0.027 & 1.105 \end{pmatrix} \quad (3.11)$$

Geusebroek et coll. [114, 115] ont calculé la meilleure transformation linéaire de la base XYZ vers le modèle gaussien :

$$XYZ \text{ vers gaussien} = \begin{pmatrix} -0.019 & 0.048 & 0.011 \\ 0.019 & 0 & -0.016 \\ 0.047 & -0.052 & 0 \end{pmatrix} \quad (3.12)$$

Le modèle gaussien est une approximation mais il a la propriété intéressante de se fonder dans la théorie espace-échelle. La notion de structure d'image est donc étendue au domaine des longueurs d'onde d'une manière naturelle et cohérente. La similarité avec les récepteurs colorimétriques différentiels humains est sûrement plus qu'une coïncidence.

3.4 Gradient spectral de Geusebroek

Une fois placé dans le modèle colorimétrique gaussien, il est aisé de tirer parti des invariants colorimétriques. A partir de l'image RVB, on obtient très facilement les valeurs $(e, e_\lambda, e_{\lambda\lambda})$ grâce à la matrice de transformation de Geusebroek [114, 115] :

$$\begin{pmatrix} e \\ e_\lambda \\ e_{\lambda\lambda} \end{pmatrix} = \underbrace{\begin{pmatrix} -0.019 & 0.048 & 0.011 \\ 0.019 & 0 & -0.016 \\ 0.047 & -0.052 & 0 \end{pmatrix}}_{XYZ \text{ vers gaussien}} \cdot \underbrace{\begin{pmatrix} 0.621 & 0.133 & 0.194 \\ 0.297 & 0.563 & 0.049 \\ -0.009 & 0.027 & 1.105 \end{pmatrix}}_{RVB \text{ vers } XYZ} \cdot \begin{pmatrix} R \\ V \\ B \end{pmatrix} \quad (3.13)$$

La figure 3.5 montre les trois images ainsi obtenues à partir d'une image RVB.

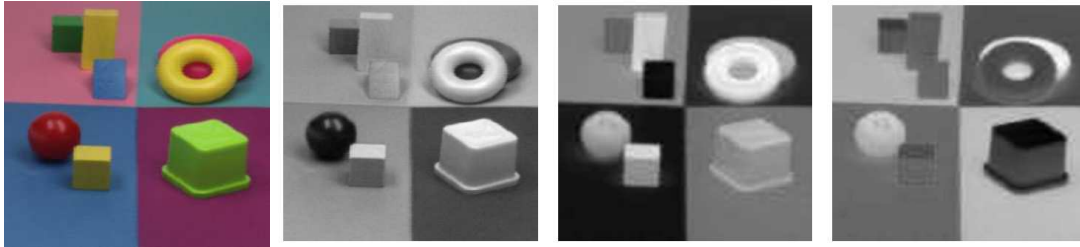


FIG. 3.5 – De gauche à droite : image d'entrée, spectre réfléchi de l'image, dérivée du spectre par rapport à la longueur d'onde et dérivée seconde du spectre par rapport à la longueur d'onde

Nous allons maintenant développer l'invariant nommé “détecteur d'arête colorée”, duquel dérive le gradient spectral :

$$\varepsilon = \frac{1}{e} \frac{\partial e}{\partial \lambda} \quad (3.14)$$

avec l'intensité spectrale $e = e(x, y, \lambda)$.

La norme du gradient (détectant les transitions jaune-bleu) est calculée ainsi (pour des images 2-D) :

$$\Gamma = \sqrt{(\partial_x \varepsilon)^2 + (\partial_y \varepsilon)^2 + (\partial_z \varepsilon)^2} \quad (3.15)$$

De même, la norme du gradient de second ordre (détectant les transitions violet-vert) est :

$$\Upsilon = \sqrt{(\partial_{x,\lambda} \varepsilon)^2 + (\partial_{y,\lambda} \varepsilon)^2 + (\partial_{z,\lambda} \varepsilon)^2} = \sqrt{(\partial_x \varepsilon_\lambda)^2 + (\partial_y \varepsilon_\lambda)^2 + (\partial_z \varepsilon_\lambda)^2} \quad (3.16)$$

$$\text{avec : } \varepsilon_\lambda = \frac{\partial \varepsilon}{\partial \lambda} = \frac{e \cdot e_{\lambda\lambda} - e_\lambda^2}{e^2} \quad (3.17)$$

Finalement, la détection de toutes les arêtes colorées se fait par l'opérateur :

$$\begin{aligned} \aleph &= \sqrt{\Gamma^2 + \Upsilon^2} \\ &= \sqrt{(\partial_x \varepsilon)^2 + (\partial_y \varepsilon)^2 + (\partial_z \varepsilon)^2 + (\partial_x \varepsilon_\lambda)^2 + (\partial_y \varepsilon_\lambda)^2 + (\partial_z \varepsilon_\lambda)^2} \end{aligned} \quad (3.18)$$

La figure 3.6 montre la détection des arêtes colorées et démontre bien la sélectivité colorimétrique des invariants différentiels spatio-spectraux. Le gradient spectral que nous utiliserons dans la suite de ce manuscrit est l'opérateur $\aleph$ que nous avons décrit. La figure 3.6 montre l'utilisation sur une image médicale.

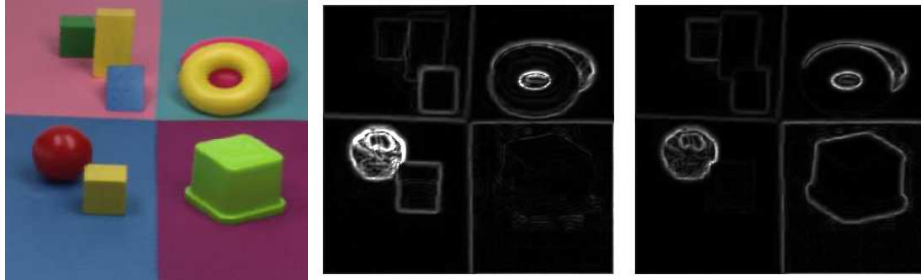


FIG. 3.6 – De gauche à droite : image d'entrée, détecteur d'arête jaune-bleu, détecteur d'arête violet-vert, calculés pour l'échelle spatiale $\sigma = 1$ pixel.

3.5 Conclusion

Le modèle espace-échelle pour les structures différentielles de couleur, développé par Koenderink, établit que la structure différentielle des longueurs d'onde est mesurée à une seule échelle ($\sigma_\lambda = 55 \text{ nm}$) pour la gaussienne (intensité), le premier ordre (jaune-bleu) et le second ordre (violet-vert). Il existe à ce niveau une solide analogie avec les structures des récepteurs sensitifs colorimétriques que l'on trouve dans le cortex visuel des mammifères.

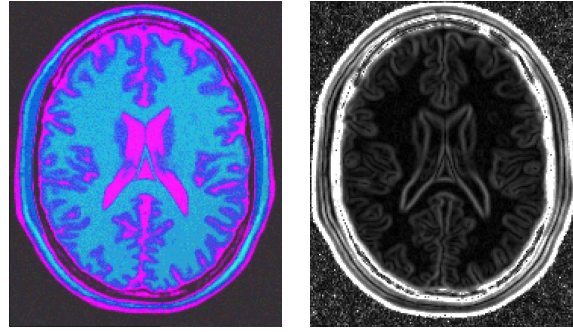


FIG. 3.7 – Gauche : IRM colorisée - Droite : gradient spectral colorimétrique total ($\sigma = 1$ pixel).

D'une façon similaire à l'analyse des structures différentielles spatiales pour les données en niveaux de gris, des invariants peuvent être définis en combinant l'invariance de transformations à la fois spectrales et spatiales. Les dérivées spectrales peuvent de plus être facilement extraites des données RVB (par un simple calcul matriciel). Ce chapitre a montré comment tirer parti de cette structure différentielle de la couleur avec notamment le gradient spectral. C'est cet opérateur qui nous intéressera dans la suite de ce manuscrit.

Troisième partie

Segmentation multidimensionnelle d'IRM cérébrales par coupe de graphe : notre approche

Chapitre 4

Coupe de graphe et gradient spectral colorimétrique

*En réalité, on sait seulement quand on sait peu.
Avec le savoir augmente le doute.*
Johann Wolfgang von Goethe

4.1 Introduction

Prendre en compte les différents protocoles permettant d’acquérir des images multimodales est un problème actuel. Les séquences IRM typiquement utilisées en neuro-imagerie sont celles pondérées en T1, en T2, en densité de protons (DP), les séquences FLAIR ainsi que l’imagerie du tenseur de diffusion. Les données deviennent de fait de plus en plus multi-canal et les informations uniques et complémentaires qu’elles fournissent devraient être utilisées lors de la segmentation pour s’abstraire des erreurs et des imprécisions rencontrées lorsque ces modalités sont utilisées séparément pour cette tâche complexe. On trouve dans l’état de l’art des méthodes de recalage [319] ou de débruitage [76] fiables ; cependant, une approche de segmentation générique, rapide et robuste n’existe toujours pas pour ce type de problème.

La segmentation multi-canal repose généralement sur une classification ou un partitionnement des données. Dans le travail exposé ici, nous proposons une approche originale de type espace-échelle pour segmenter les organes et les tissus dans des images multidimensionnelles. La technique que nous présentons ici permet de réaliser la segmentation conjointe de trois volumes IRM à la fois. Le but de cette technique est d’être capable de quantifier des variations locales et/ou globales qui sont des indicateurs utiles des différents stades des maladies, et donc de leur évolution.

Puisque la distribution d’intensité des tissus qui nous intéressent peut être considérée comme suivant une loi gaussienne dans chaque modalité, en fusionnant les trois volumes en une seule IRM “couleur” de type RVB - chaque volume devenant un canal colorimétrique - la distribution de couleurs ainsi créée suit alors une loi normale multivariée. Chaque tissu est ainsi caractérisé par une signature en trois dimensions, la discrimina-

tion de chaque tissu par rapport aux autres s'en trouve ainsi facilitée. L'idée principale, présentée ici, pour segmenter ce volume est d'utiliser un détecteur d'arête colorimétrique invariant de l'espace-échelle - *i.e.* le gradient spectral colorimétrique - dans un contexte de segmentation par coupe de graphe.

Parmi toutes les techniques de minimisation d'énergie pour la segmentation, Greig et coll. [121] ont proposé une méthode basée sur la partition d'un graphe par un algorithme de calcul du flot maximal / coupe minimale hérité de la technique de Ford [103]. Ensuite, Boykov et coll. [37, 31] ont amélioré cette approche en lui donnant une plus grande efficacité calculatoire. Leur méthode est désormais connue sous le nom de coupe de graphe (*Graph Cut* en anglais).

Dans les sections suivantes, nous présenterons tout d'abord la méthodologie générale de notre approche en développant les divers points clefs de notre méthode. Ensuite, nous montrerons la validation de notre approche ainsi que les résultats obtenus à la fois sur des données synthétiques et des données cliniques comme les lésions de sclérose en plaques ou bien encore les tumeurs cérébrales. Enfin, nous discuterons des contributions ainsi que des améliorations futures à apporter.

4.2 Méthodologie

Le flot de traitement que nous avons construit est le suivant : à partir de trois séquences IRM en niveaux de gris, nous construisons une IRM en couleurs en assignant à chacun des canaux (rouge, vert et bleu) une des séquences. Puis nous calculons le gradient spectral colorimétrique et nous l'utilisons dans un contexte de segmentation par coupe de graphe, qui nécessite des points étiquetés (ou *graines*) en entrée. À la fin de ce flot de traitement, nous obtenons les structures segmentées (*e.g.* les tissus cérébraux, les lésions de sclérose en plaques, les tumeurs, etc.). La figure 4.1 résume ce flot de traitement.

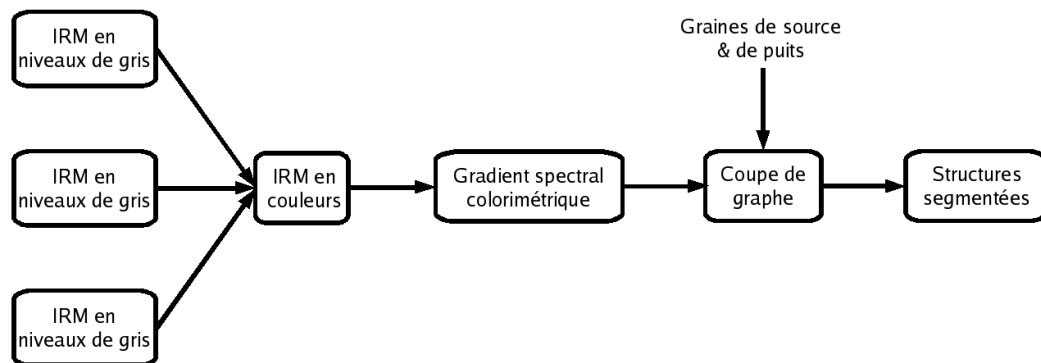


FIG. 4.1 – Notre flot de traitement

Comme nous pouvons le voir sur la figure 4.1, l'algorithme de segmentation par coupe

de graphe prend deux types d'entrées différentes : le gradient spectral colorimétrique - un terme de frontière - et des jeux de graines de source et de puits, notés respectivement $\mathcal{F}$ et $\mathcal{O}$ qui permettent l'estimation d'un terme de région et qui forment la partie supervisée de l'algorithme puisque l'utilisateur sélectionne les pixels qu'il considère comme faisant partie de l'objet et du fond.

Dans les sous-sections suivantes, nous expliquerons le mélange de lois gaussiennes multivariées, la façon de combiner les différentes informations pour atteindre notre but, notre algorithme de coupe de graphe multi-résolution et enfin notre approche hiérarchique de la segmentation cérébrale.

4.2.1 Mélange de lois gaussiennes multivariées : les bases

Afin d'exploiter les informations complémentaires contenues dans trois IRM recalées de différentes séquences, nous utilisons un modèle de mélange de lois gaussiennes multivariées.

D'ordinaire, les classes sont calculées à partir d'une seule image. Or, sur une IRM cérébrale, les classes se chevauchent sur l'histogramme et la figure 4.2 montre bien qu'il est difficile de les délimiter de prime abord.

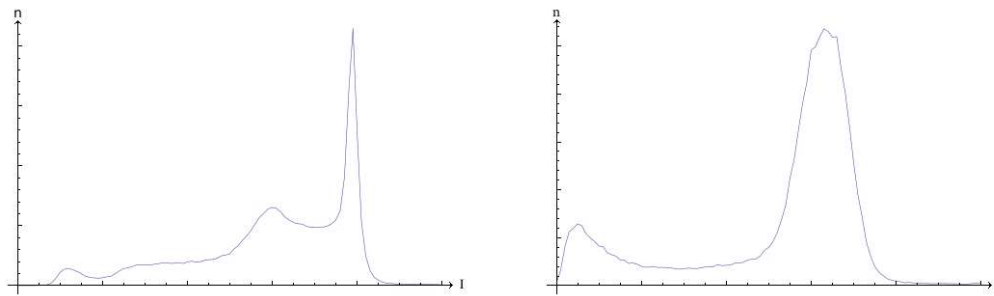


FIG. 4.2 – Histogrammes des intensités de volumes T1 (gauche) et Flair (droite).

Des algorithmes de type EM [81, 3, 109] peuvent nous donner une solution pour trouver le mélange de lois gaussiennes sous-jacentes à ces histogrammes. La figure 4.2.1 nous montre l'interprétation possible en termes de distributions de l'histogramme de l'image Flair. Il est malaisé de distinguer les classes des différents voxels en se basant uniquement sur la répartition des intensités : les classes "substance blanche" et "substance grise" ont des intensités si proches que les deux pics caractéristiques de ces distributions sont fusionnés en un seul.

Sur l'histogramme de l'image T1, les classes semblent plus faciles à discerner car mieux individualisées. Mais qu'en est-il des voxels dont les intensités se trouvent à la limite de deux classes ? Sur quels critères peut-on décider de leur étiquette ? Une classification basée uniquement sur ces mélanges de lois gaussiennes n'est pas toujours efficace dans le cadre des images médicales, notamment à cause de l'effet de volume partiel. Une prise en compte du voisinage spatial permet d'améliorer la robustesse de ces approches.

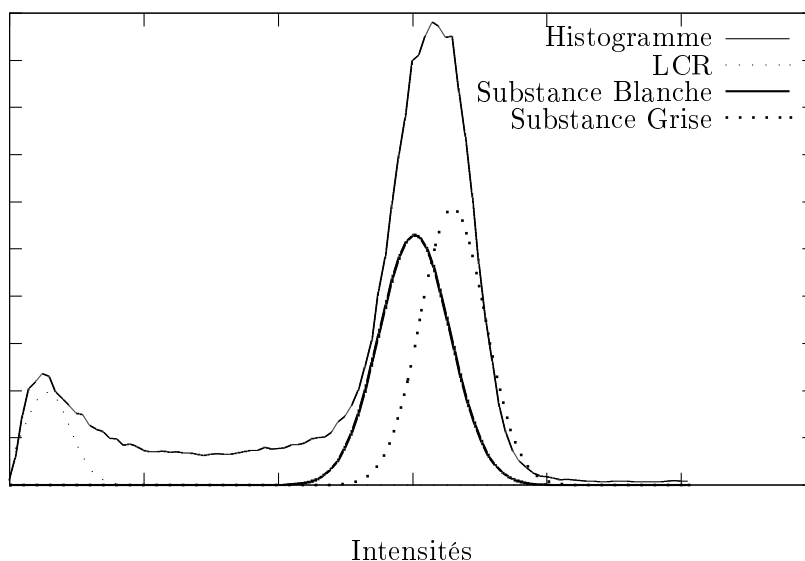


FIG. 4.3 – Mélange de lois gaussiennes dans un histogramme d'image FLAIR

Il est aussi possible d'utiliser l'histogramme joint de deux images pour calculer les probabilités d'appartenance des différents points aux différentes classes. Cet histogramme répertorie la correspondance des intensités des pixels entre deux images. L'intensité de chaque pixel p de coordonnées $[i, j]$ indique le nombre de paires de points correspondants dans les deux images ayant les intensités i et j . La figure 4.4 montre que la séparation est améliorée mais reste néanmoins délicate. Ainsi, on peut visualiser aisément certains regroupements comme indiqué sur l'image d'interprétation mais les limites demeurent cependant floues.

Enfin, en utilisant trois images pour construire un histogramme joint, on optimise la séparabilité des classes, permettant à chacune d'obtenir une signature multidimensionnelle unique. La figure 4.5 montre les regroupements formés à partir d'une IRM en couleurs. On peut voir en vert clair les voxels correspondants à la substance blanche, en rouge ceux correspondant au liquide céphalo-rachidien, en bleu foncé ceux correspondant à l'os crânien, en bleu ciel les voxels des lésions de sclérose en plaques, etc.

Les regroupements sont mieux individualisés en utilisant trois modalités plutôt qu'une ou deux mais, encore une fois, d'autres informations sont nécessaires pour guider la séparation, notamment une notion de répartition non plus dans l'espace spectral mais dans l'espace en tant que tel. Prendre en compte le voisinage des voxels est primordial pour s'assurer d'une bonne classification, cette notion de voisinage étant d'ordinaire introduite par l'utilisation d'un modèle markovien comme le firent Taxt [298], Rajapakse [252], Held [131], Zhang [339] et Chen [54]. Nous le ferons grâce à l'algorithme de coupe de graphe qui est une méthode d'optimisation des champs de Markov, notamment du modèle d'Ising dans le cas d'une segmentation binaire.

La méthode de calcul de la probabilité d'appartenance à une classe pour un voxel

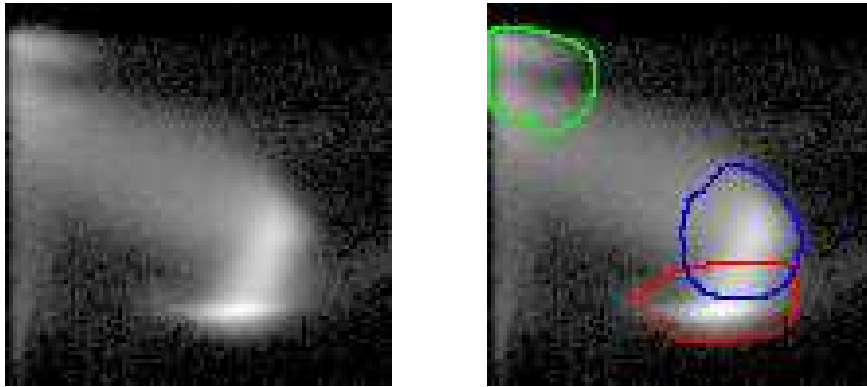


FIG. 4.4 – À gauche : histogramme joint de deux volumes T1 et Flair - À droite : son interprétation en terme de classes. En rouge : substance blanche. En bleu : substance grise. En vert : liquide céphalo-rachidien

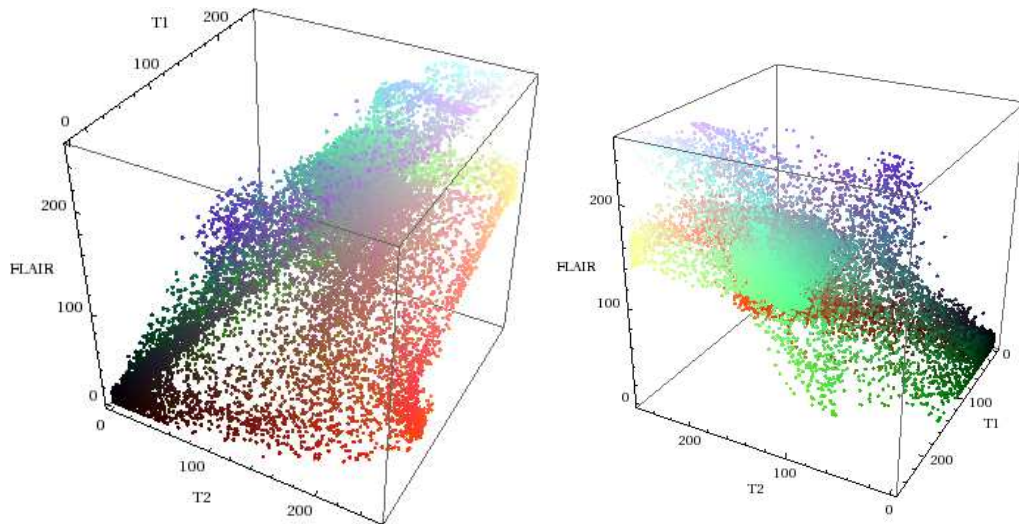


FIG. 4.5 – Dispersion des points d'une IRM en couleurs (T1, T2 et Flair)

considéré est bien connue : pour chaque point étiqueté comme appartenant à une classe donnée c , nous considérons un vecteur Ψ à trois composantes constitué des intensités des voxels de chaque IRM en ce point. Nous calculons ensuite le vecteur moyen $\bar{\Psi}_c$ et la matrice de covariance Σ_c grâce à l'ensemble des points partageant cette même étiquette c . La probabilité pour un voxel v d'appartenir à la classe c est aisément calculable par la formule de distribution normale multivariée :

$$P(\Psi_v|c) = \exp -\frac{1}{2}(\Psi_v - \bar{\Psi}_c)^T \cdot \Sigma_c^{-1} \cdot (\Psi_v - \bar{\Psi}_c) \quad (4.1)$$

Comme nous considérons un nombre fini et connu de classes (en fonction du but de la segmentation), les graines de chaque classe sont différenciées dès le départ de l'algorithme. La probabilité d'appartenance à la source pour un voxel v est alors la plus grande des probabilités d'appartenance à une des classes considérées comme objet. À l'inverse, puisque le puits est toujours une classe unique, la probabilité d'appartenance au puits est alors égale à la probabilité de cette seule classe.

4.2.2 Introduction du modèle de mélange de gaussiennes multivariées et du gradient spectral dans une coupe de graphe

Revenons à la formulation d'énergie des coupes de graphe :

$$E(\mathcal{V}) = \alpha \cdot \sum_{p \in \mathcal{P}} R_p(V_p) + \sum_{\substack{\{p,q\} \in \mathcal{N} \\ V_p \neq V_q}} B_{\{p,q\}} \quad (4.2)$$

Pour former le graphe, nous avons besoin de calculer les poids des t -liens. Nous devons considérer deux cas : tout d'abord le poids W_{so} des t -liens liés au noeud source. Ce poids sera infini si le voxel considéré est une graine de la source, garantissant ainsi l'inclusion de cette graine dans la solution. Le poids sera nul si le voxel est une graine du puits, garantissant ainsi l'exclusion de cette graine de la solution. Dans tous les autres cas, il sera calculé grâce à la fonction $R_p(\mathcal{F})$ que nous définirons par la suite. Ceci est résumé dans l'équation suivante :

$$W_{so} = \begin{cases} 0 & \text{si } p \in \mathcal{F} \\ \infty & \text{si } p \in \mathcal{O} \\ R_p(\mathcal{F}) & \text{autrement} \end{cases} \quad (4.3)$$

Ensuite, nos considérations se porteront sur le poids W_{pu} des t -liens liés au noeud puits. Ce poids sera infini si le voxel considéré est une graine du puits, garantissant ainsi l'exclusion de cette graine de la solution. Le poids sera nul si le voxel est une graine de la source, garantissant ainsi l'inclusion de cette graine dans la solution. Dans tous les autres cas, il sera calculé grâce à la fonction $R_p(\mathcal{O})$ que nous définirons par la suite. Ceci est résumé dans l'équation suivante :

$$W_{pu} = \begin{cases} \infty & \text{si } p \in \mathcal{F} \\ 0 & \text{si } p \in \mathcal{O} \\ R_p(\mathcal{O}) & \text{autrement} \end{cases} \quad (4.4)$$

Nous suivons ici le schéma déterminé par Boykov et coll. [33, 30] et le poids des t -liens est donc l'opposé de la log-vraisemblance :

$$R_p(\mathcal{F}) = -\ln P(\Psi_p|\mathcal{O}) \quad \text{et} \quad R_p(\mathcal{O}) = -\ln P(\Psi_p|\mathcal{F}) \quad (4.5)$$

Ainsi, le poids du t -lien vers le puits est grand quand le voxel est proche du modèle gaussien multivarié du puits calculé à partir des graines données en entrée par l'utilisateur

et il est petit quand ce voxel s'éloigne du modèle. Les poids des t -liens liés à la source se comportent de façon similaire.

Pour le calcul du poids des n -liens, nous utilisons une fonction de similarité de voisinage *ad hoc* :

$$B_{\{p,q\}} = \exp \left(-\frac{(\varepsilon(p) - \varepsilon(q))^2 + (\varepsilon_\lambda(p) - \varepsilon_\lambda(q))^2}{2\sigma^2} \right) \cdot \frac{1}{dist(p,q)} \quad (4.6)$$

où ε et ε_λ sont les quantités définies dans les équations 3.14 et 3.17. Cette fonction est en fait une discrétisation du gradient spectral colorimétrique.

Le paramètre σ permet de choisir la taille des arêtes colorimétriques qui nous intéressent. Ainsi, avec $\sigma = 4$, ce sont les grosses arêtes qui seront détectées afin, par exemple, de réaliser l'extraction du cerveau tandis qu'avec $\sigma = 1$, nous favorisons les petites arêtes et permettons ainsi une segmentation fine des structures.

4.2.3 Coupe de graphe multi-résolution

Puisque les données en entrée (trois volumes IRM) sont conséquentes en termes de place en mémoire, nous avons besoin d'un schéma de traitement hiérarchique qui nous permette de calculer la coupe de graphe dans un temps acceptable.

Par conséquent, nous avons choisi d'implémenter le code comme un algorithme multi-résolution. Notre méthode de traitement des coupes de graphe se rapproche de celle de Lombaert et coll. [195] et est inspirée à la fois de la technique de partition de graphe multi-niveau de Karypsis et coll. [155] et de la technique de bande étroite des ensembles de niveau de Adalsteinsson et coll. [2]. L'algorithme que nous avons utilisé est le suivant :

Algorithme 1 Coupe de graphe multi-résolution

ENTRÉES : une image *Img*

SORTIES : une segmentation de l'image *Img*

Compteur $\leftarrow 0$

tant que Graphe de *Img* trop grand pour la mémoire **faire**

 Décimation binaire de *Img*

 Incrémenter Compteur

fin tant que

Segmentation $\leftarrow$ Calculer la coupe du graphe

tant que Compteur > 0 **faire**

 Bordure $\leftarrow$ Trouver la bordure de Segmentation

 Bordure $\leftarrow$ Étendre Bordure

 Mettre Bordure en correspondance dans Niveau Supérieur

 Segmentation $\leftarrow$ Calculer la coupe du graphe dans le masque Bordure

 Décrémenter Compteur

fin tant que

retourner Segmentation

L'algorithme possède deux phases : une phase descendante qui consiste à créer des versions de plus en plus petites de l'image afin d'obtenir une dimension convenable du graphe résultant et une phase ascendante dans laquelle la segmentation calculée à la fin de la phase descendante est "remontée" jusqu'au niveau de départ.

La phase descendante commence par tester si le graphe créé à partir de *Img*, l'image d'entrée, peut entrer en mémoire. Si c'est le cas, on se retrouve dans une situation classique et on procède à la coupe de graphe. Si ce n'est pas le cas, on procède à une décimation binaire de l'image, divisant ainsi chaque dimension par deux, l'image d'entrée est alors considérée comme l'image de niveau 0 et la nouvelle image comme l'image de niveau 1. Chaque voxel de l'image de niveau 1 est la moyenne des 8 voxels lui correspondant dans l'image de niveau 0. Nous diminuons ainsi la taille de l'image et donc du graphe en mémoire. Cette procédure de décimation binaire est répétée jusqu'à ce que le graphe puisse entrer dans la mémoire. Enfin, une fois la descente terminée, on procède à la coupe de graphe du niveau n .

Lors de la phase ascendante, à chaque niveau n jusqu'au niveau 0, l'algorithme commence par trouver les arêtes de la segmentation. Cette bordure de segmentation est ensuite étendue sur un voisinage restreint, nous obtenons donc une bande de quelques voxels de large dans laquelle se situe la frontière de la segmentation. Cette bande est ensuite mise en correspondance dans le niveau supérieur $n - 1$. Ainsi, au lieu de créer un graphe pour l'image entière, ce qui est gourmand en ressource mémoire, nous créons un graphe restreint dans lequel nous savons que nous trouverons la frontière de la segmentation binaire. C'est dans cette bande que sera calculée la coupe de graphe du niveau $n - 1$.

A la fin de la phase ascendante, nous obtenons la segmentation finale dans l'espace de départ. La figure 4.6 résume graphiquement cet algorithme.

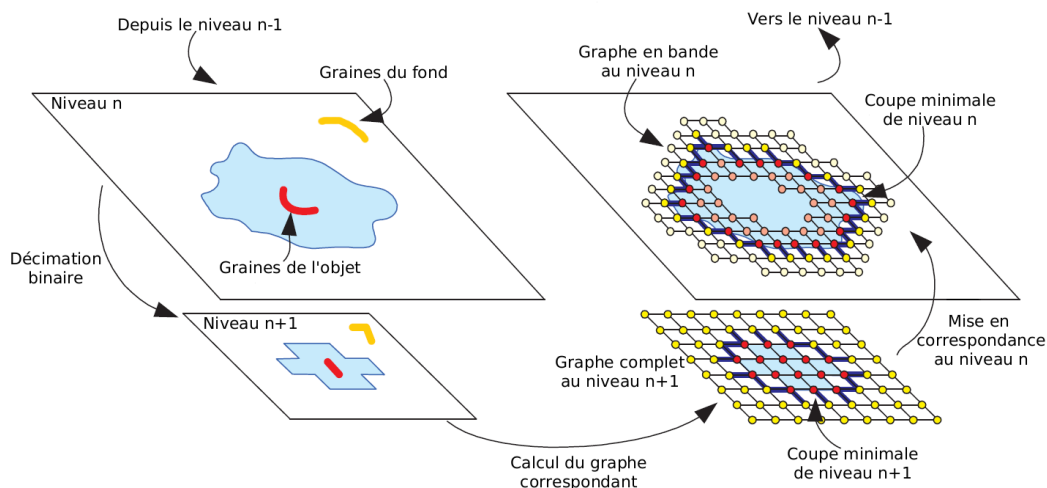


FIG. 4.6 – Schéma de fonctionnement de l'algorithme de coupe de graphe multi-résolution

4.2.4 Segmentation hiérarchique descendante : les tuniques d'un oignon

Pour classifier correctement les différents types de tissus, nous avons suivi une progression hiérarchique dans notre segmentation. Nous implémentons ici une version binaire et à étiquette unique à chaque étape de segmentation .

En effet, une première coupe de graphe avec des graines pour la source provenant des différents tissus que l'on souhaite garder et des graines pour le puits dans le fond de l'image nous permet de réaliser une segmentation du cerveau complet. Cette première segmentation sert alors de masque pour les coupes de graphe suivantes. Nous calculons une coupe de graphe par tissu où seules les graines de source de ce tissu sont considérées, les graines de source des autres tissus servant alors de graines de puits. Le temps total de calcul de cette segmentation hiérarchique est de 50 à 90 secondes (selon la nature et le nombre des classes) sur un ordinateur portable (Dual Core cadencé à 2.16 GHz avec 2 Go de RAM, tournant sous Linux). La figure 4.7 résume graphiquement cette approche.

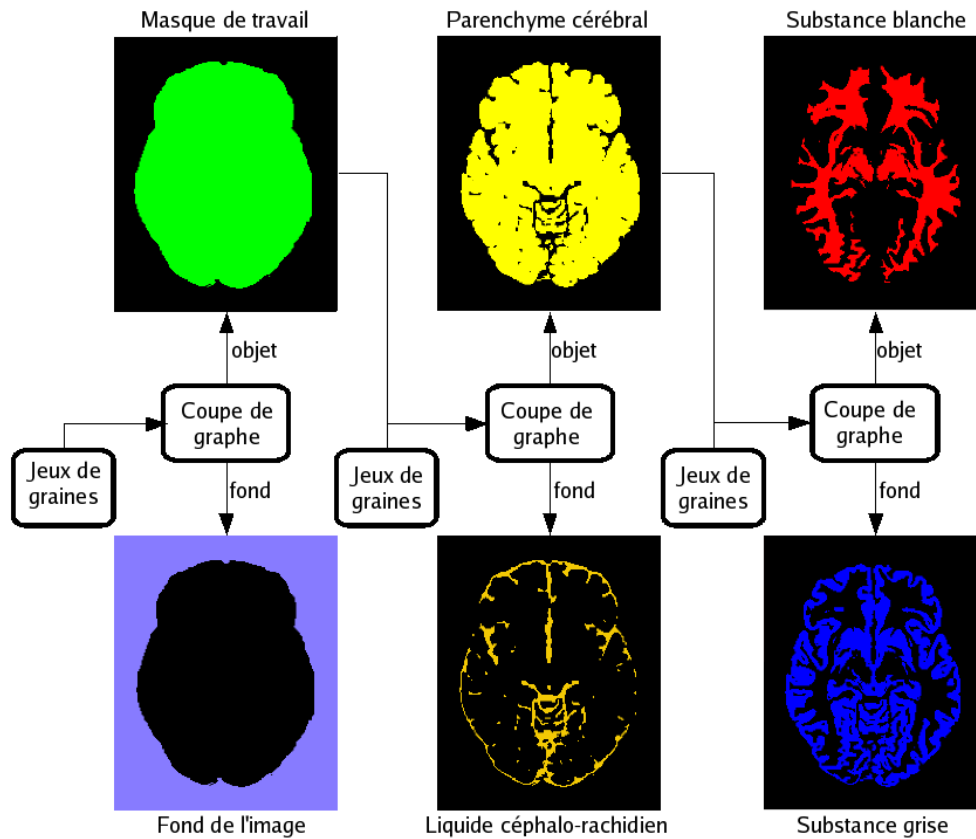


FIG. 4.7 – Schéma de l'approche de segmentation hiérarchique. Ici, la segmentation concerne les trois tissus cérébraux.

Ainsi, nous pouvons définir un schéma d'inclusion des classes à partir de l'IRM en

couleurs. L'IRM en couleurs peut se scinder en deux classes que sont le masque de travail et le fond de l'image. Ce masque de travail se scinde, lui, en LCR et parenchyme cérébral. Ce dernier se scinde à son tour en substance blanche et substance grise. La figure 4.8 résume cette hiérarchie d'inclusion.

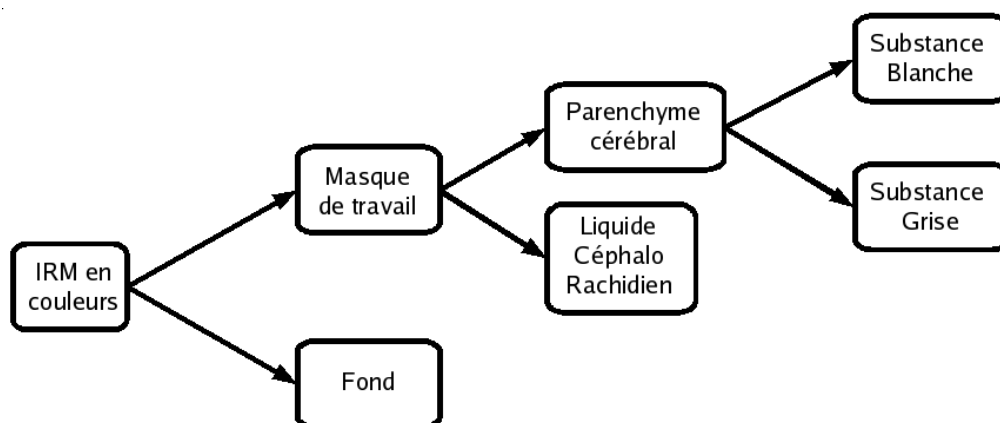


FIG. 4.8 – Schéma d'inclusion hiérarchique des classes. Ici, la segmentation concerne les trois tissus cérébraux.

4.3 Expérimentations et résultats

Tout d'abord, nous présenterons les expériences de validation menées sur des données synthétiques, nous permettant ainsi une comparaison avec d'autres méthodes de la littérature. Ensuite, nous montrerons les résultats obtenus sur des données cliniques pour lesquelles notre vérité terrain consistait en des délimitations manuelles d'un expert.

4.3.1 Influence de l'ordre des séquences

Puisque nous utilisons trois images issues de modalités différentes en les fusionnant en une seule image, nous désirions savoir si l'ordre des canaux avait une influence sur le gradient spectral colorimétrique qui en résultait. Afin de connaître l'influence de l'ordre des séquences, nous avons donc comparé les gradients issus de chaque combinaison possible des trois mêmes images, obtenant ainsi six gradients pour un même jeu de données. La figure 4.9 montre les images obtenues pour les différentes combinaisons possibles à partir des séquences pondérées en T1, T2 et Flair.

Le gradient spectral colorimétrique fonctionne sur toutes les arêtes colorées ; comme la permutation des séquences IRM ne change que la couleur des objets (et donc des arêtes), il semble logique que l'influence de ces permutations sera faible voire inexistante. En effet, permuter les canaux revient à opérer une rotation de l'espace présenté sur la figure 4.5 donc ne change pas les regroupements.

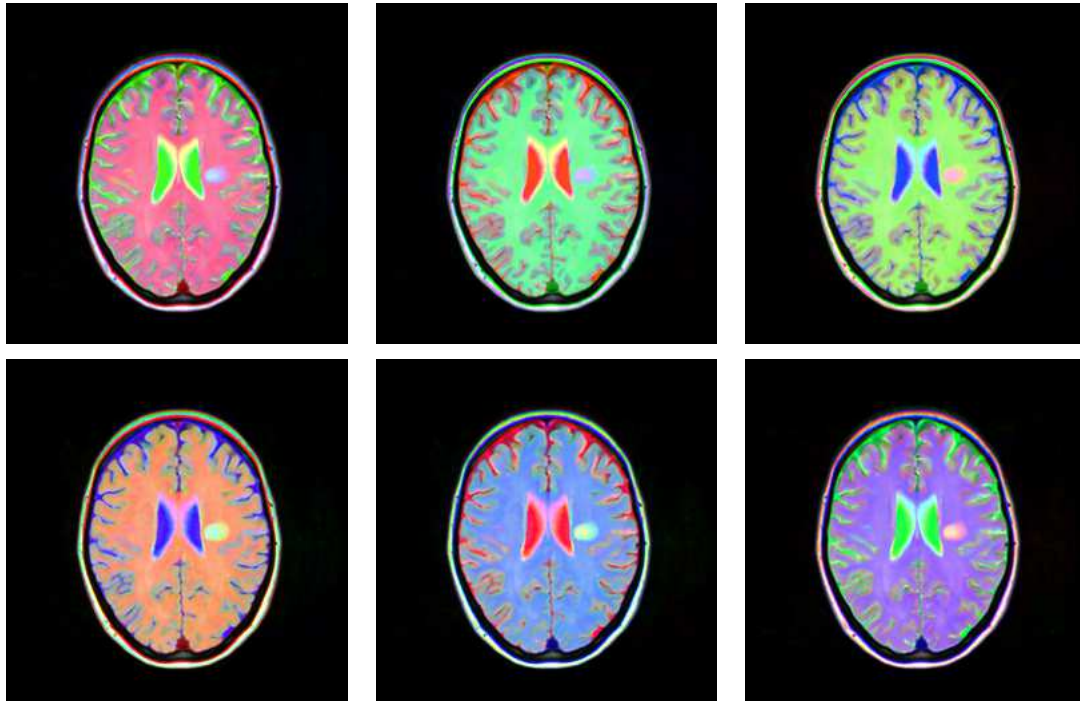


FIG. 4.9 – Images en couleur des différentes combinaisons des trois mêmes séquences. En haut, de gauche à droite : $\{T1, T2, FLAIR\}$, $\{T2, T1, FLAIR\}$, $\{FLAIR, T2, T1\}$. En bas de gauche à droite : $\{T1, FLAIR, T2\}$, $\{T2, FLAIR, T1\}$, $\{FLAIR, T2, T1\}$.

Les gradients issus des différentes combinaisons de séquences sont différents en intensité mais les frontières détectées ont bien les mêmes localisations. Mais puisque seule la différence locale d'intensité de ces gradients est prise en compte dans l'implémentation des coupes de graphe, on peut conclure que ces gradients sont équivalents pour notre but.

Nous avons testé les différents gradients obtenus par permutation sur plusieurs jeux de données, aussi bien des données synthétiques que cliniques, des sujets sains que des sujets pathologiques, avec un total de 25 sujets différents. Il s'avère que l'utilisation de l'un ou l'autre de ces gradients pour un même jeu de graines de source et de puits mène à la même segmentation. Ce résultat est conforme aux hypothèses que nous avons formulées.

4.3.2 Dépendance à l'algorithme de coupe de graphe multi-résolution

Nous avons utilisé un jeu de 10 IRM issues de différentes séquences pour comparer les résultats de segmentation de l'approche multi-résolution avec un algorithme de coupe de graphe standard. Dans chacune de ces images, nous avons cherché à segmenter les tissus cérébraux. Nous avons considéré le résultat de segmentation de coupe de graphe standard comme vérité terrain et avons calculé les pourcentages de sur- et sous-segmentation pour

différents facteurs de décimation (à savoir 2, 4 et 8). Nous avons donc forcé la décimation quand elle n'était pas nécessaire.

	Facteur de décimation					
	2		4		8	
	Sous-seg.	Sur-seg.	Sous-seg.	Sur-seg.	Sous-seg.	Sur-seg.
Sujet 1	0%	0%	0%	0%	0.2%	0.85%
Sujet 2	0%	0%	0%	0.02%	0.7%	1.6%
Sujet 3	0%	0%	0%	0%	0.9%	1.45%
Sujet 4	0%	0%	0%	0.01%	0.4%	0.75%
Sujet 5	0%	0%	0.02%	0%	0.1%	0.65%
Sujet 6	0%	0%	0%	0%	0.6%	0.95%
Sujet 7	0%	0%	0%	0%	0.3%	1.5%
Sujet 8	0%	0%	0.03%	0.02%	0.45%	1.3%
Sujet 9	0%	0%	0%	0%	0.1%	1.25%
Sujet 10	0%	0%	0%	0%	0.25%	1.5%
Moyenne	0%	0%	0.005%	0.005%	0.4%	1.18%

TAB. 4.1 – Sous-segmentation et sur-segmentation en fonction de différents facteurs de décimation.

Le tableau 4.1 présente ces résultats. Nous pouvons notamment y voir que les pourcentages de sur- et sous-segmentation sont nuls ou faibles pour chacun des facteurs de décimation considérés. Lorsque le facteur de décimation est de 8, nous obtenons les plus grands pourcentages de sur- et sous-segmentation mais ces taux restent très faibles et suffisamment négligeables. À l'échelle de nos segmentations, cela ne représente que quelques voxels par coupes. De plus, ceux-ci sont placés sur la frontière de segmentation, là où l'effet de volume partiel rend celle-ci plus difficile.

Il convient aussi de noter qu'en pratique, pour des segmentations réelles, nous n'avons jamais rencontré de cas où une décimation d'un facteur supérieur à 2 soit nécessaire. Ainsi, avec ce facteur de décimation maximal, nous constatons qu'il n'existe pas de différence entre les résultats de segmentation.

4.3.3 Validation sur données synthétiques

La validation de la précision de notre méthode de segmentation a été effectuée sur un fantôme synthétique en utilisant les données BrainWeb [60]. Nous avons construit l'IRM en couleurs à partir de séquences simulées et pondérées en T1, T2 et en Densité de Protons. Toutes les images appartiennent au même sujet et sont constituées de 217 coupes de 181×181 voxels isométriques de 1 mm.

La figure 4.10 présente les résultats de segmentation obtenus pour des images présentant 3% de bruit par rapport au tissu le plus brillant de l'image et 20% d'inhomogénéité. Les différences notables autour des ventricules tiennent au fait que la vérité terrain est segmentée en un nombre de classe plus grand que notre segmentation. C'est pourquoi ces

classes différentes n'ont pas été prises en compte pour les mesures de similarité.

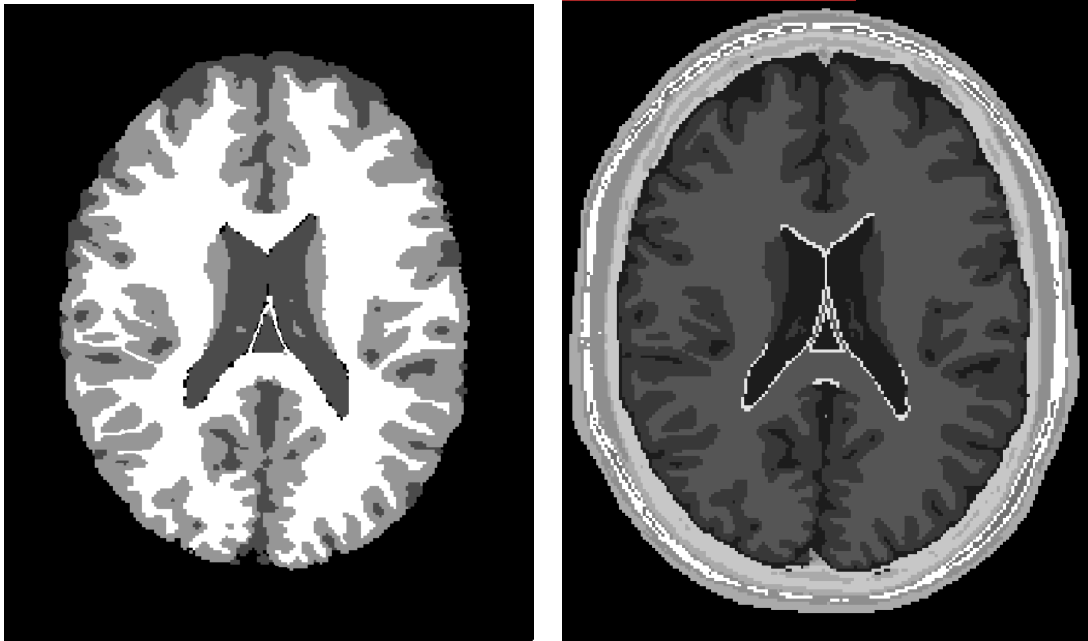


FIG. 4.10 – Validation sur BrainWeb - À gauche : notre segmentation (CSD = 0.981) - À droite : la vérité terrain de BrainWeb

Nous avons testé notre méthode pour différents niveaux d'inhomogénéité d'intensité et avons comparé les segmentations obtenues à la vérité terrain disponible, en utilisant le Coefficient de Similarité de Dice (CSD) et en considérant cinq compartiments distincts, à savoir : le liquide céphalo-rachidien (LCR), la substance blanche, la substance grise, le parenchyme cérébral et les ventricules latéraux. Le niveau de bruit est exprimé en pourcentage d'intensité par rapport au tissu le plus brillant de l'image. Le CSD est calculé comme suit :

$$CSD = 2 \cdot \frac{Card(Res \cap VT)}{Card(Res) + Card(VT)} \quad (4.7)$$

Res étant le résultat de la segmentation et VT la vérité terrain. Dans le cadre de nos expériences, il est équivalent à l'indice Kappa d'ordinaire utilisé pour comparer deux segmentations [343]. Cet indice vaut 0 quand les deux segmentations n'ont rien en commun et 1 quand la correspondance est parfaite.

La table 4.2 montre que la précision de la segmentation n'est pas significativement influencée par le biais puisque le CSD est quasiment similaire quelque soit le niveau d'inhomogénéité. En outre, on notera que la segmentation est pratiquement aussi précise sur les structures fines ou petites (comme les ventricules et le LCR) ou les structures plus grosses (substances blanches et grises ou cerveau complet). Puisque notre algorithme est peu ou pas influencé par le biais d'inhomogénéité, nous pouvons donc nous passer de ce

	Niveau d'inhomogénéité		
	0%	20%	40%
Liquide Céphalo Rachidien	0.892	0.891	0.892
Substance Grise	0.932	0.924	0.927
Substance Blanche	0.961	0.954	0.958
Parenchyme cérébral	0.983	0.981	0.982
Ventricules	0.946	0.944	0.944

TAB. 4.2 – Validation sur BrainWeb : score de similarité pour différents niveaux de biais et différents compartiments.

pré-traitement et rester ainsi plus près des données d'origine tout en gagnant du temps de calcul.

La table 4.3 montre que la précision de la segmentation est grandement influencée par le niveau de bruit. En effet, si la qualité est à peu près similaire pour des niveaux de bruit compris entre 0 et 3%, nous pouvons cependant constater qu'il n'en va pas de même dès lors que l'on atteint 5% et au-delà. Le CSD chute alors drastiquement et la segmentation devient vraiment mauvaise. Cela est d'autant plus vrai pour les petites structures (notamment le LCR) mais cela est dû au fait que le CSD est lié à la taille de la cible de segmentation et varie plus fortement quand celle-ci est petite. Fort heureusement, il existe des méthodes de débruitage fiables et rapides, dont notamment la méthode des moyennes non-locales [76], aussi cette sensibilité au bruit ne sera pas un problème insurmontable.

	Niveau de bruit					
	0%	1%	3%	5%	7%	9%
Liquide Céphalo Rachidien	0.932	0.916	0.891	0.732	0.642	0.531
Substance Grise	0.971	0.948	0.924	0.843	0.712	0.592
Substance Blanche	0.980	0.976	0.954	0.886	0.732	0.618
Parenchyme cérébral	0.983	0.981	0.981	0.911	0.741	0.621
Ventricules	0.962	0.953	0.944	0.865	0.726	0.602

TAB. 4.3 – Validation sur BrainWeb : score de similarité pour différents niveaux de bruit et différents compartiments.

Les résultats que nous obtenons sont meilleurs ou similaires à ceux trouvés dans la littérature sur ces mêmes données avec 3% de bruit et 20% d'inhomogénéité. Ainsi, Ashburner et coll. [9] obtiennent un CSD allant de 0.932 pour la substance grise à 0.978 pour le cerveau complet ; l'approche LOCUS de Scherrer et coll. [271] obtient 0.83 pour le LCR, 0.94 pour la substance grise et 0.96 pour la substance blanche et Bricq et coll. [40] parviennent à un CSD d'environ 0.96 pour chaque classe de tissu. Les résultats présentés dans ces deux tables sont ceux obtenus lorsque les graines du liquide céphalo-rachidien, de la substance blanche, de la substance grise et des ventricules représentent respectivement

6%, 7%, 10% et 8% de la vérité terrain. Ce pourcentage de graine est défini par l'étude sur l'influence du nombre de graine présentée dans la section suivante.

4.3.3.1 Influence du nombre de graines

Une donnée importante pour une évaluation correcte de cet outil est la quantité de graines nécessaire à l'obtention d'une segmentation correcte sur les tissus sains ou pathologiques. Nous avons lancé des expériences afin de quantifier la similarité des segmentations obtenues avec la vérité terrain. Pour éprouver notre algorithme, nous avons utilisé des données synthétiques issues de BrainWeb [60] pour des sujets sains ou des sujets comprenant des lésions de sclérose en plaques simulées, avec un niveau de bruit de 3% et un niveau d'inhomogénéité de 20%.

Dans cette expérience, nous avons utilisé comme entrée de notre algorithme une décimation de la vérité terrain. Cette décimation donne les graines de la source dont nous avons besoin. Nous avons réalisé cette décimation de deux façons, soit de manière aléatoire, soit par érosion morphologique. Nous avons ensuite mesuré l'exactitude de la segmentation obtenue à partir de ces graines par rapport à la vérité terrain dont nous disposons.

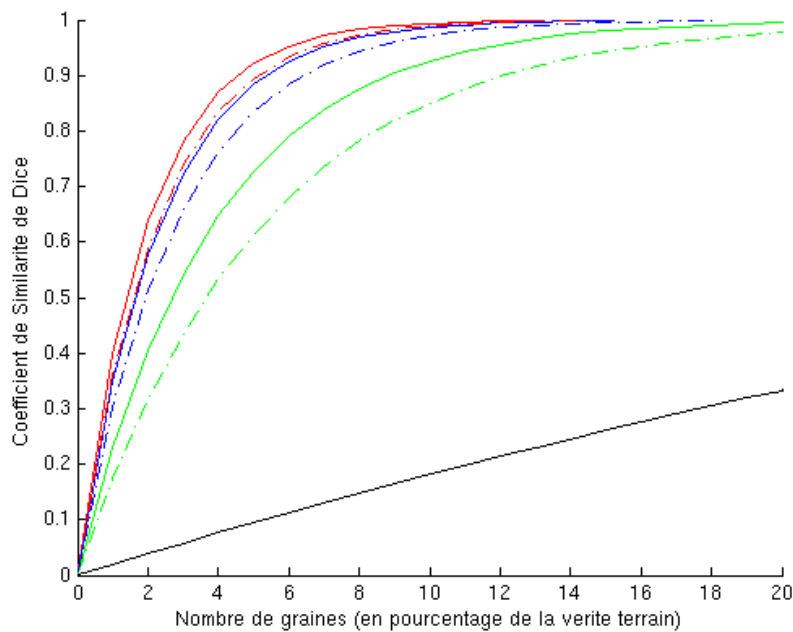


FIG. 4.11 – Coefficient de similarité de Dice en fonction du nombre de graines (exprimé en pourcentage de la vérité terrain) pour la segmentation des tissus cérébraux. Courbe verte : substance grise. Courbe bleue : substance blanche. Courbe rouge : parenchyme cérébral. Courbe noire : CSD obtenu à partir des graines seules (sans utiliser notre algorithme) - Trait plein : décimation aléatoire. Trait pointillé : décimation par érosion.

Pour les sujets sains, nous avons utilisé trois des cinq compartiments présentés précédemment, à savoir la substance blanche, la substance grise et le parenchyme cérébral. Pour les sujets pathologiques, nous ne nous sommes intéressé qu'à la segmentation des lésions de sclérose en plaques. Les résultats de cette expérience sont présentés sur la figure 4.11 pour les sujets sains et sur la figure 4.12 pour les simulations de sujets atteints de sclérose en plaques. Comme cette expérience a été menée 25 fois pour la décimation aléatoire, la courbe présentée est la courbe moyenne, l'écart-type étant de $\pm 1.9\%$ pour la substance grise, $\pm 1.2\%$ pour la substance blanche, $\pm 1.1\%$ pour le parenchyme cérébral et $\pm 1.3\%$ pour les lésions de SEP.

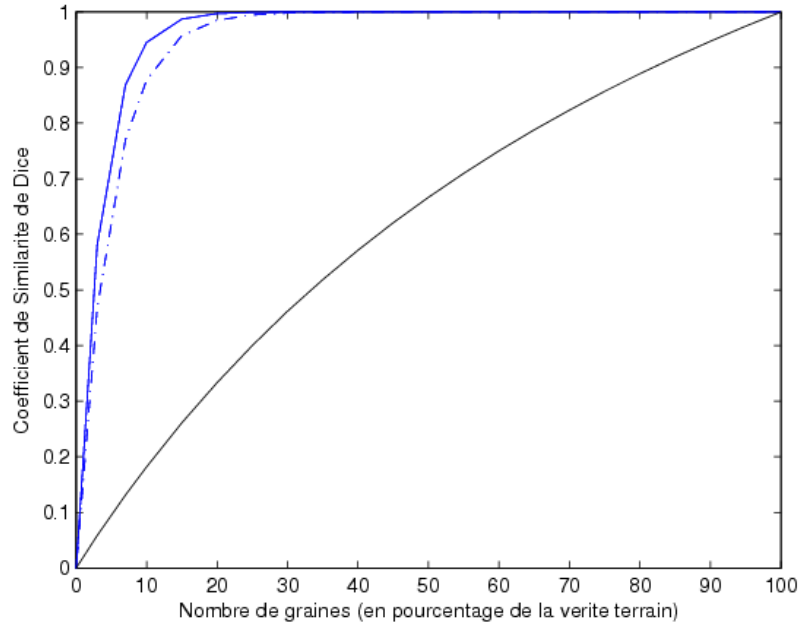


FIG. 4.12 – Coefficient de similarité de Dice en fonction du nombre de graines (exprimé en pourcentage de la vérité terrain) pour la segmentation des lésions de sclérose en plaques. Courbe bleue (trait plein) : CSD obtenu après décimation aléatoire. Courbe bleue (trait pointillé) : CSD obtenu après décimation par érosion. Courbe noire : CSD obtenu à partir des graines seules (sans utiliser notre algorithme).

Comme l'expliquent Zijdenbos et coll. [343], un coefficient de similarité de Dice supérieur à 0.7 est généralement considéré comme très bon, spécialement quand les structures segmentées sont petites. Ici, ce seuil critique est atteint lorsque le nombre de graines représente 5% de la vérité terrain dans le cas d'une décimation aléatoire et 7% de la vérité terrain dans le cas d'une décimation par érosion pour la segmentation des lésions de sclérose en plaques. Dans le cas de la segmentation des tissus cérébraux, ce score est atteint pour 5 à 6% de la vérité terrain pour la substance grise, 2 à 3% pour la substance blanche et le parenchyme cérébral pour des décimations aléatoires et il est atteint pour des valeurs quasi similaires dans la cas des décimations par érosion.

Nous pouvons aussi montrer l'apport de notre méthode en calculant le "gain" de CSD. Pour cela, nous avons retranché aux différents scores obtenus la part de CSD due à la seule présence des graines. Il s'agit donc de "soustraire" la courbe noire des figures 4.11 et 4.12 à chacune des deux autres courbes de cette même figure. Ce gain est présenté sur les figures 4.13 et 4.14. On peut notamment y voir que ce gain est optimal lorsque les graines représentent environ 10% de la vérité terrain pour les lésions de SEP et environ 6% du parenchyme cérébral, 8% de la substance blanche et 11% de la substance grise.

Les performances de notre algorithme pour la segmentation des lésions de sclérose en plaques ont été comparées à celles de Van-Leemput et coll. [304], Freifeld et coll. [106] et Rousseau et coll. [262] sur un sujet présentant une charge lésionnelle modérée (avec un volume total de lésions de 0.4 ml). Pour la valeur optimale de gain (10% de la vérité terrain), le score obtenu par notre approche est de 0.93 quand Van-Leemput obtient 0.80 (score calculée par Freifeld dans [106]), Freifeld 0.77, Rousseau 0.63 et Bricq 0.79.

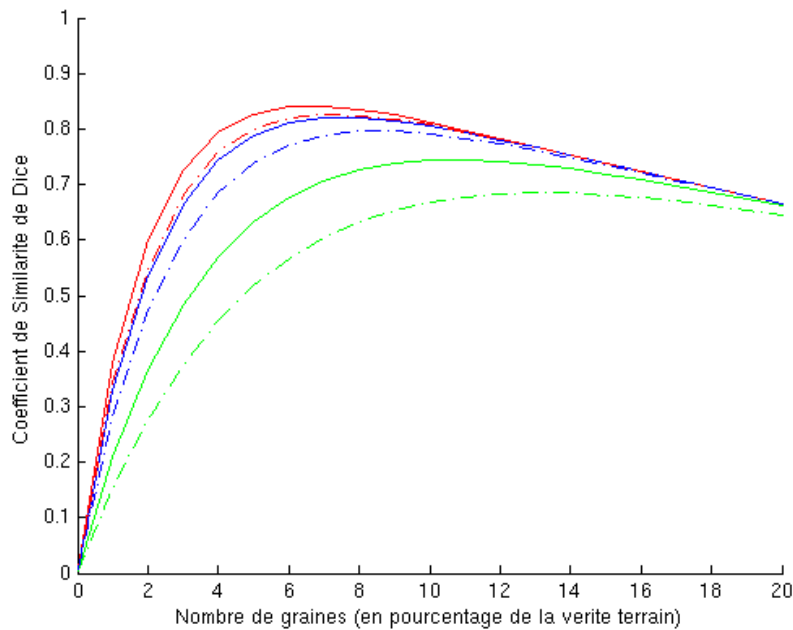


FIG. 4.13 – Amélioration du coefficient de similarité de Dice en fonction du nombre de graines (exprimé en pourcentage de la vérité terrain) pour la segmentation des tissus cérébraux. Courbe verte : substance grise. Courbe bleue : substance blanche. Courbe rouge : parenchyme cérébral. Trait plein : décimation aléatoire. Trait pointillé : décimation par érosion.

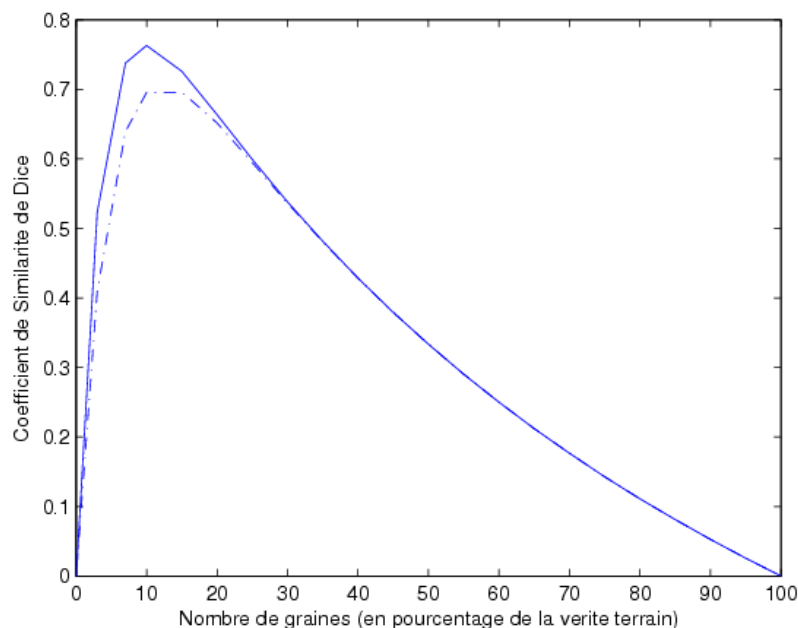


FIG. 4.14 – Amélioration du coefficient de similarité de Dice en fonction du nombre de grains (exprimé en pourcentage de la vérité terrain) pour la segmentation des lésions de sclérose en plaques. Trait plein : gain en CSD obtenu après décimation aléatoire. Trait pointillé : gain en CSD obtenu après décimation par érosion.

4.3.4 Quantification de la précision de la segmentation de lésions de sclérose en plaques sur diverses combinaisons de séquences

Généralement, les données simulées ne présentent pas les mêmes caractéristiques et problèmes que les données cliniques. C'est pourquoi il nous a paru important de lancer les mêmes expériences sur ce type de données qui permettent rarement l'utilisation d'approches automatiques ou génériques. Puisque nous avons pour but d'intégrer ce nouvel outil dans une utilisation clinique, nous avons évalué les résultats sur différents jeux de données cliniques. Ces jeux de données sont ceux qui sont le plus susceptibles d'être utilisés par les praticiens lors de recherches de diagnostic. Trois combinaisons de séquences nous ont paru cohérentes avec notre but : T1, T2 et FLAIR (que nous nommerons par la suite TTF), T1, T2 et Densité de proton (que nous nommerons par la suite TTP) et enfin T1, T1 avec injection de Gadolinium et FLAIR (que nous nommerons par la suite TGF). Les données utilisées couvrent un large spectre de charges lésionnelles et de stades cliniques.

La table 4.4 résume les différentes caractéristiques des séquences utilisées afin d'éprouver notre outil.

Nous avons lancé les mêmes expériences que celles utilisées pour la validation avec

Type d'IRM	Nombre de Sujets	Nombre de coupes	Taille des coupes	Taille des voxels
TTF	6	138	256×256	1 mm isométrique
	14	160	256×256	1 mm isométrique
TTP	8	217	181×181	1 mm isométrique
	14	160	256×256	1 mm isométrique
TGF	19	160	256×256	1 mm isométrique

TAB. 4.4 – Caractéristiques des données cliniques.

les données BrainWeb. Nous avons ainsi obtenu des courbes représentant le coefficient de similarité de Dice moyen en fonction du nombre de graines exprimé en pourcentage de la vérité terrain qui ici était constituée d'une délinéation manuelle d'un expert sur chacun des sujets. Cette fois encore, les expériences ont été menées 25 fois pour la décimation aléatoire de chaque sujet ; les courbes présentées sont donc des moyennes, l'écart-type est de $\pm 3\%$ pour les données TTF, $\pm 2.4\%$ pour les données TTP et $\pm 1.8\%$ pour les données TGF.

La figure 4.15 présente les résultats de cette expérience. On notera que le comportement des courbes est assez similaire ; cependant, les données TTF semblent mieux adaptées pour la segmentation des lésions de sclérose en plaques, avec un coefficient de similarité de Dice moyen de 0.972 pour un nombre de graines aux alentours de 6% de la vérité terrain. Les données TTP se classent en second, avec un CSD moyen de 0.777 pour le même pourcentage de graines et les données TGF n'obtiennent que 0.593 pour ce même nombre.

L'autre fait important démontré par cette expérience est qu'une décimation aléatoire de la vérité terrain mène à une meilleure segmentation que les érosions successives. En effet, le CSD est en moyenne plus bas de 10% quand la vérité terrain est décimée par érosion. Deux hypothèses se profilent quant à l'explication de ce phénomène. Tout d'abord, dans le cadre de la décimation par érosion, les petites lésions disparaissent assez rapidement du jeu de graines disponibles. Les petites lésions présentant en général moins de contraste avec leur voisinage que les grosses, le gradient est moins important et elles peuvent être totalement omises puisqu'aucune graine n'y est présente. Ensuite, les lois gaussiennes multivariées calculées à partir des graines obtenues par érosion ont une variance plus faible que les lois gaussiennes décrivant réellement les données. En effet, puisque nous gardons uniquement le coeur des lésions dont l'intensité n'est pas totalement représentative des distributions d'intensité normale de toutes les lésions, un biais est introduit dans ce calcul.

Sur la figure 4.16, nous avons voulu montrer la différence entre le CSD obtenu en utilisant notre algorithme sur un jeu de graines donné en initialisation et le CSD obtenu en ne considérant que lesdites graines. Cela permet de calculer en quelque sorte le gain en CSD procuré par notre outil à partir d'un jeu initial de graines. Il est intéressant de regarder le point maximal de chacune des courbes ; en effet, celui-ci nous donne une

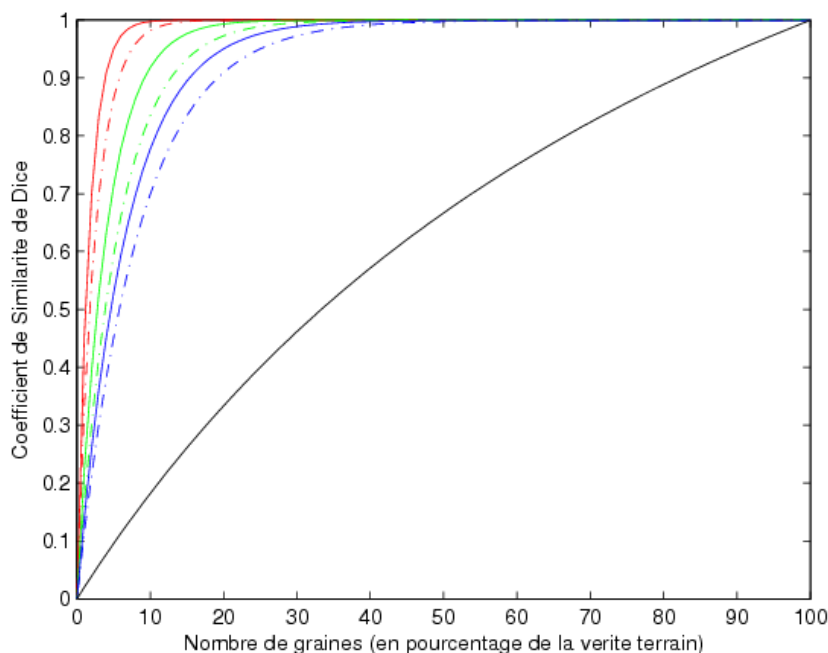


FIG. 4.15 – Coefficient de similarité de Dice moyen en fonction du nombre de graines exprimé en pourcentage de la vérité terrain. Courbes rouges : jeu de données TTF, courbes vertes : jeu de données TTP, courbes bleues : jeu de données TGF, Courbe noire : CSD obtenu à partir des graines seules (sans utiliser notre algorithme) ; trait plein : vérité terrain décimée aléatoirement, trait pointillé : vérité terrain décimée par érosion.

indication de l'intervalle optimal des contraintes d'initialisation par rapport aux types de séquences présentes. De bas en haut pour les courbes de la figure 4.16, ce gain maximal est obtenu respectivement pour 6, 8, 11, 14, 16 et 18% du nombre de graines.

Les figures 4.17, 4.18 et 4.19 présentent les séquences utilisées pour ces expériences, les deux types de décimations utilisées et les résultats obtenus pour chacun des trois jeux de séquences considérés (TTF, TTP et TGF).

4.3.5 Application à la segmentation de tumeurs et d'oedèmes péri-tumoraux

Nous avons ensuite appliqué notre méthode de segmentation par coupe de graphe spectral colorimétrique sur des IRM de patients avec tumeurs. Le but de ces tests était d'être capable de segmenter de façon précise l'oedème péri-tumoral et la tumeur elle-même. Les séquences d'IRM utilisées pour ce but sont les séquences pondérées en T1, en T1 avec injection de Gadolinium, composées de 182 coupes de 256×256 voxels isométriques de 1 mm avec une image Flair interpolée (taille originale : 34 coupes de 704×704 voxels de 0.34 mm de côté avec une épaisseur de coupe de 4 mm), les images

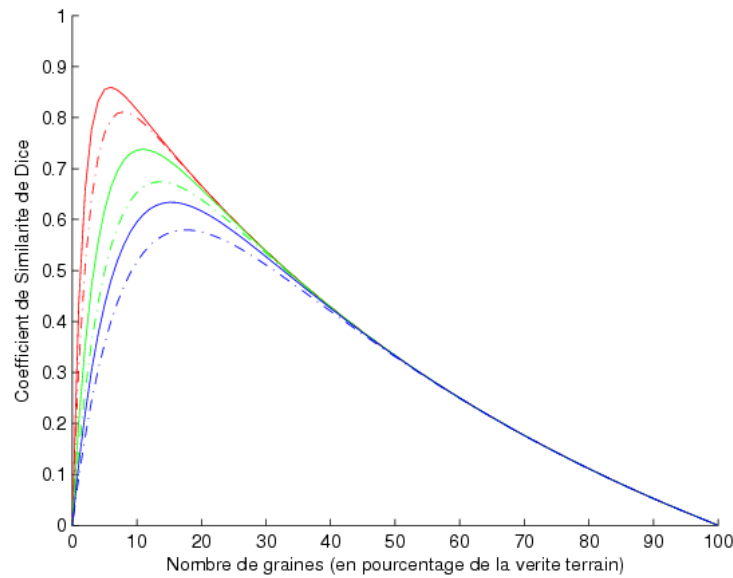


FIG. 4.16 – Amélioration moyenne du coefficient de similarité de Dice en fonction du nombre de graines exprimé en pourcentage de la vérité terrain. Courbes rouges : jeu de données TTF, courbes vertes : jeu de données TTP, courbes bleues : jeu de données TGF ; trait plein : vérité terrain décimée aléatoirement, trait pointillé : vérité terrain décimée par érosion.

ont été recalées dans le même espace.

Pour chacun des trois sujets de cette étude, nous disposions là encore d'une vérité terrain consistant en une délinéation manuelle de la tumeur et de l'oedème par un expert. C'est par comparaison avec la segmentation de cet expert que s'est faite l'évaluation de cette méthode appliquée aux tumeurs.

Tout comme dans les applications précédentes, nous avons choisi une approche hiérarchique de segmentation : la première passe nous permet d'obtenir un masque de cerveau dans lequel travailler puis, pour chaque classe de tissu considéré (substance blanche, substance grise, liquide céphalo-rachidien, oedème et tumeur), nous avons appliqué notre algorithme de segmentation par coupe de graphe.

De même que pour les expériences précédentes sur les lésions de sclérose en plaques, l'initialisation des graines a été faite par décimation aléatoire de la vérité terrain en ne gardant que 7% de celle-ci. En effet, bien que les résultats précédents montrent que cette combinaison de séquence (TGF) procure des résultats moins bons que les autres séquences avec ce nombre de graines, les structures d'intérêts sont différentes ici, elles sont notablement plus importantes en taille et présentent moins de variabilité d'intensité à l'intérieur d'une même classe. Ainsi, un faible nombre de graines suffit pour capturer dans les lois gaussiennes multivariées toute l'étendue de la distribution d'intensité des classes.

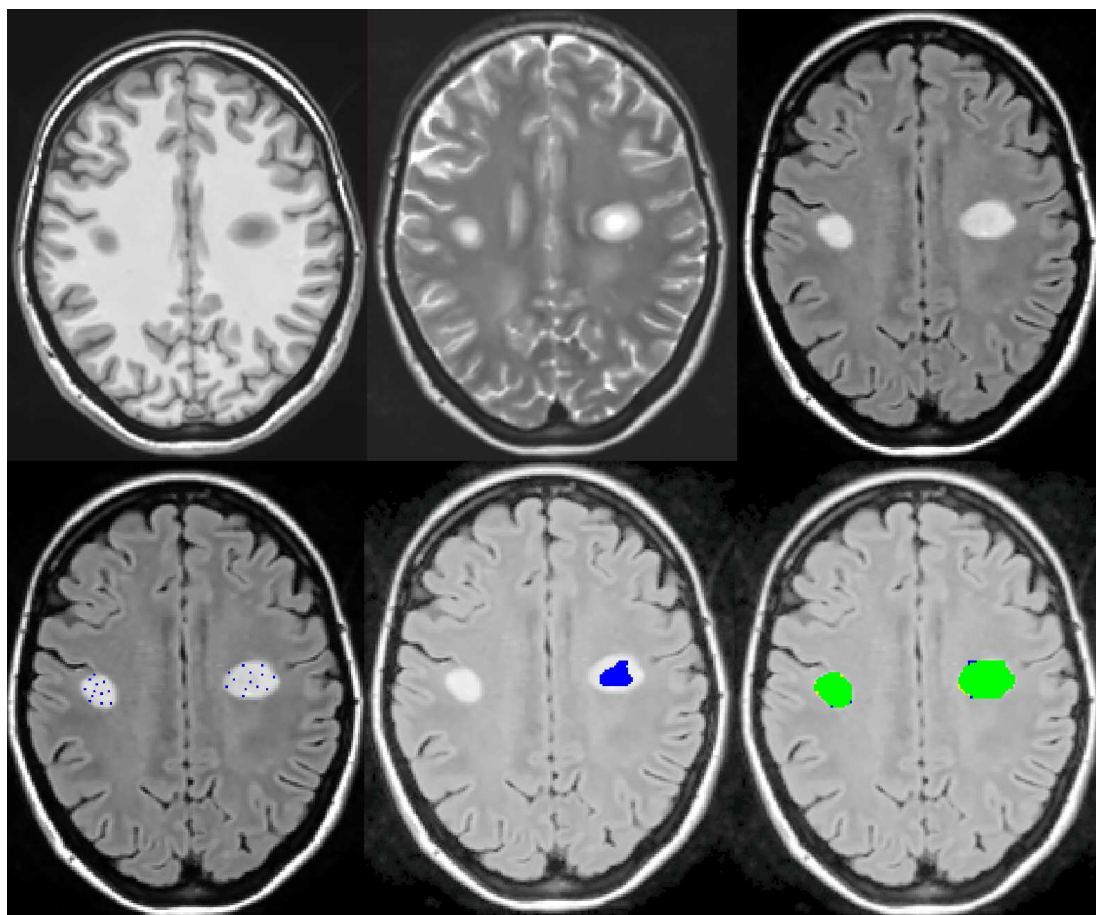


FIG. 4.17 — Résultats sur des données TTF. En haut, de gauche à droite : séquence pondérée en T1, T2 et Flair. En bas à gauche : initialisation par décimation aléatoire de la vérité terrain. En bas au centre : initialisation par décimation par érosion de la vérité terrain. En bas à droite : résultats de segmentation (vert : voxel correctement classifié; bleu : faux positif; jaune : faux négatif).

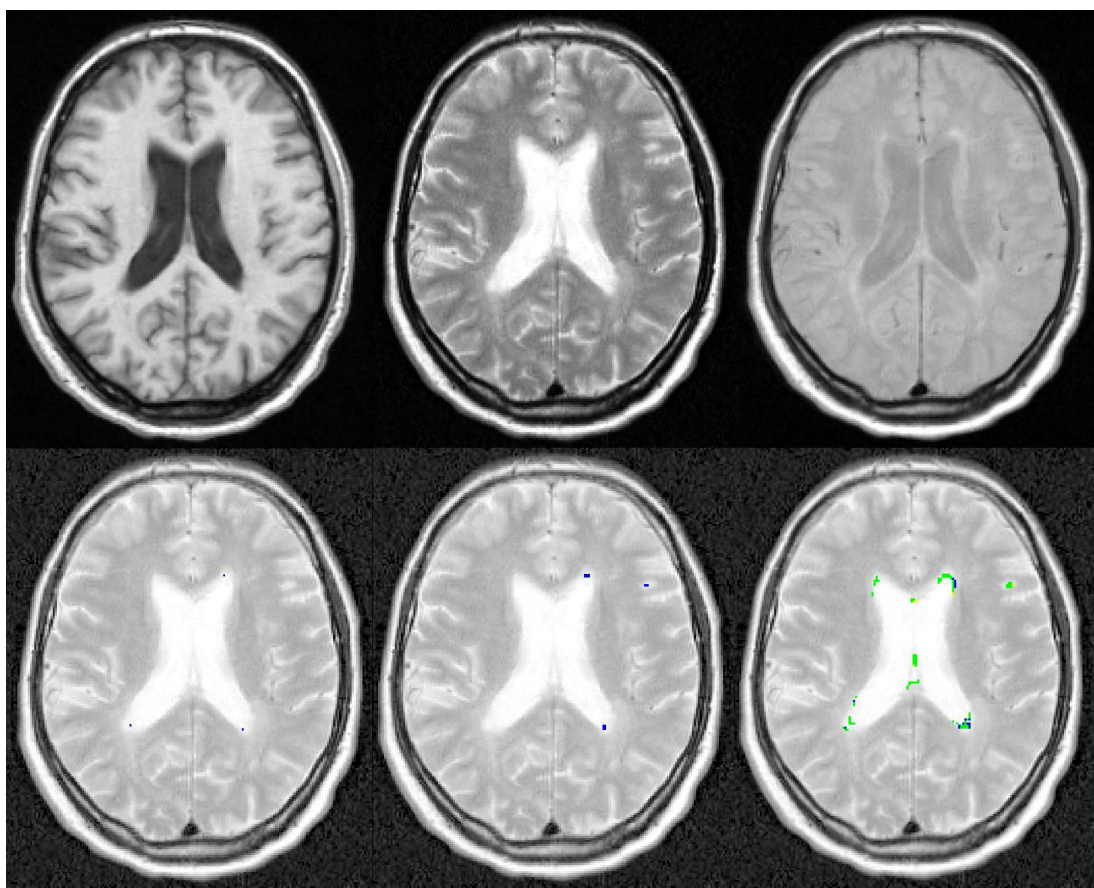


FIG. 4.18 — Résultats sur des données TTP. En haut, de gauche à droite : séquence pondérée en T1, T2 et Densité de Proton. En bas à gauche : initialisation par décimation aléatoire de la vérité terrain. En bas au centre : initialisation par décimation par érosion de la vérité terrain. En bas à droite : résultats de segmentation (vert : voxel correctement classifié; bleu : faux positif; jaune : faux négatif).

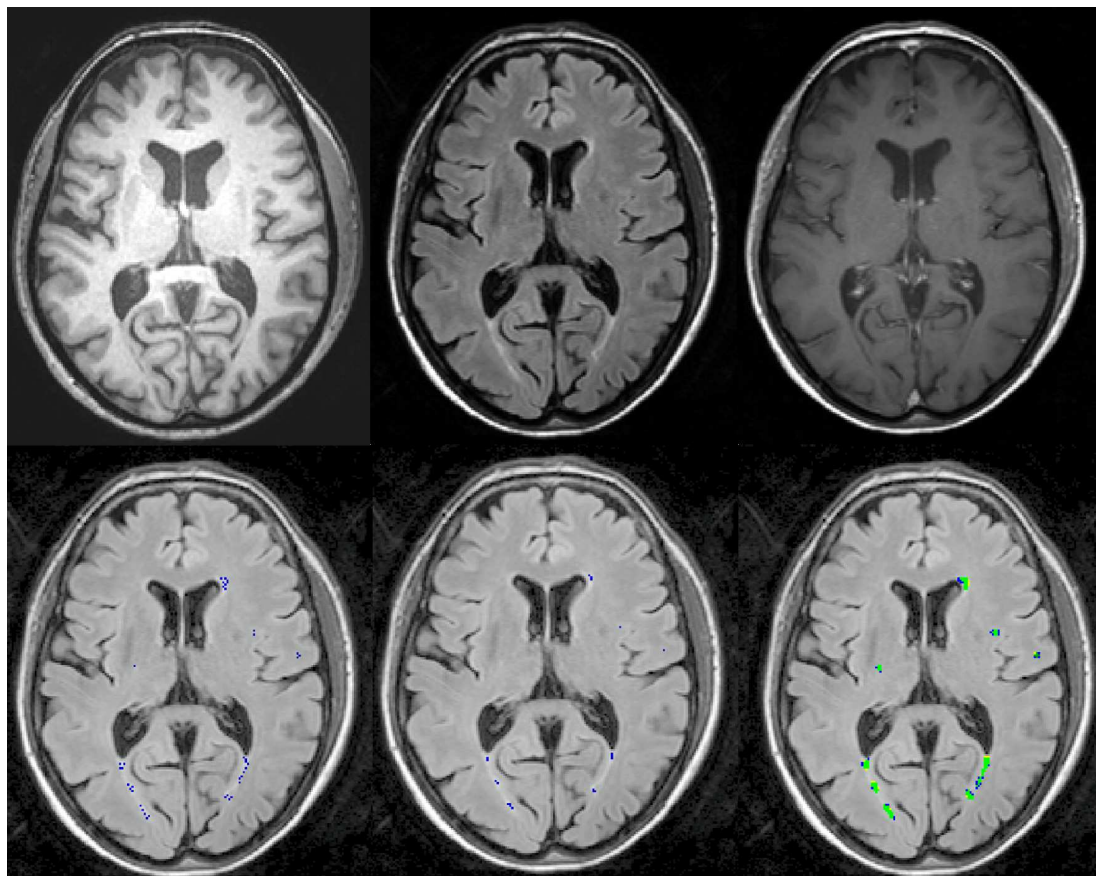


FIG. 4.19 – Résultats sur des données TGF. En haut, de gauche à droite : séquence pondérée en T1, Flair et T1 avec injection de Gadolinium. En bas à gauche : initialisation par décimation aléatoire de la vérité terrain. En bas au centre : initialisation par décimation par érosion de la vérité terrain. En bas à droite : résultats de segmentation (vert : voxel correctement classifié; bleu : faux positif; jaune : faux négatif).

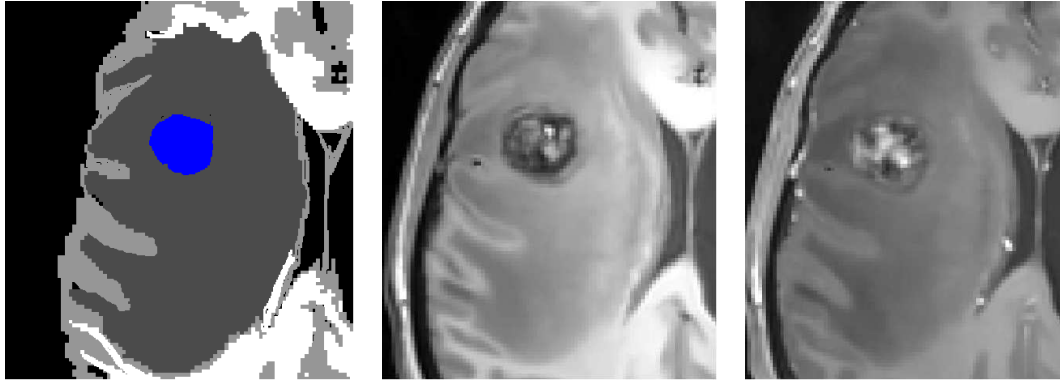


FIG. 4.20 – Segmentation d'une tumeur et de son oedème : notre résultat (gauche), image T1 (milieu) et image T1 avec injection de Gadolinium (droite).

Sur la figure 4.20, nous pouvons remarquer que la tumeur (en bleu) et l'oedème (gris foncé) sont bien segmentés. Ce résultat est obtenu en moyenne en 90 secondes. Le CSD moyen obtenu est de 0.84 ± 0.03 pour l'oedème et 0.91 ± 0.02 pour la tumeur.

4.3.6 Segmentation de structures d'intérêt dans le cadre de l'imagerie de diffusion

Nous présentons dans cette partie une courte étude de segmentation de régions d'intérêt dans des images issues d'IRM de diffusion.

4.3.6.1 Carte de couleur d'orientation principale pondérée en fraction d'anisotropie

Les mesures de diffusion obtenues lors des séquences d'IRM de diffusion peuvent se synthétiser sous la forme d'un tenseur de rang 2, *i.e.* une matrice symétrique définie positive. Il s'agit d'une matrice de covariance qui résume, en chaque voxel, la diffusion suivant les différentes directions de l'espace d'échantillonnage.

La diagonalisation du tenseur T nous permet de l'exprimer sous la forme :

$$T = V \cdot D \cdot V^T \quad (4.8)$$

où :

$$D = \begin{bmatrix} \lambda_1 & 0 & 0 \\ 0 & \lambda_2 & 0 \\ 0 & 0 & \lambda_3 \end{bmatrix} \quad (4.9)$$

$$V = [e_1 \quad e_2 \quad e_3] \quad (4.10)$$

avec λ_i les valeurs propres du tenseur D ordonnées de la plus grande à la plus petite et les vecteurs e_i les vecteurs propres correspondant à ces valeurs propres. À partir de

ce tenseur, il est possible de calculer des mesures permettant de caractériser la diffusion. Nous sommes capables de mesurer, entre autre l'Anisotropie Fractionnelle (FA) qui sert à caractériser l'anisotropie du tenseur. La FA est comprise entre 0 et 1, la valeur nulle indiquant que le tenseur est totalement isotrope et l'unité que le tenseur a une anisotropie complète. Pour plus de détails, le lecteur pourra se référer aux travaux de Le Bihan, McGraw ou Masutani [176, 216, 211].

L'anisotropie fractionnelle se calcule comme suit :

$$FA = \frac{\sqrt{3 \left[(\lambda_1 - \lambda_\mu)^2 + (\lambda_2 - \lambda_\mu)^2 + (\lambda_3 - \lambda_\mu)^2 \right]}}{\sqrt{2 (\lambda_1^2 + \lambda_2^2 + \lambda_3^2)}} \quad (4.11)$$

où λ_μ est la moyenne des valeurs propres du tenseur D .

À partir du vecteur principal e_1 , nous pouvons construire une IRM en couleurs. L'intensité colorimétrique de chaque voxel est pondérée en intensité par la FA, afin de donner une dynamique de couleur différente en fonction de l'anisotropie, comme l'expliquent Pajevic et Pierpaoli [232]. Cette représentation permet de caractériser l'orientation et l'amplitude de la diffusion par rapport à l'objet imagé. Le codage de l'orientation se fait en associant une couleur à chacune des 3 directions de l'espace. Ainsi l'axe gauche-droite (suivant e_{1x}) sera codé par la couleur rouge, l'axe antéro-postérieur (suivant e_{1y}) par la couleur verte, enfin, l'axe cranio-caudal (suivant e_{1z}) par la couleur bleue. Ainsi en chaque point (x,y,z), nous associons le triplet (r,v,b) suivant :

$$\begin{aligned} r &= |e_{1x}| \times FA \\ v &= |e_{1y}| \times FA \end{aligned} \quad (4.12)$$

$$b = |e_{1z}| \times FA \quad (4.13)$$

La figure 4.21 montre un exemple d'une telle carte.

4.3.6.2 Expérience : but, cibles et méthode

Le but de nos investigations est ici de proposer une méthode simple, rapide et efficace pour sélectionner des régions d'intérêt en vue d'une tractographie. En effet, les structures d'intérêt en tractographie sont les faisceaux de fibres ; ces fibres suivant un même chemin entre deux zones du cerveau, elles sont détectables par l'orientation principale du tenseur de diffusion puisqu'elles contraignent le déplacement de l'eau dans la direction du faisceau.

Nous intéresserons ici à deux cibles particulières : le corps calleux et le faisceau pyramidal. Nous exposerons dans un premier temps quelques caractéristiques de ces deux structures puis la méthode mise en place pour les segmenter.

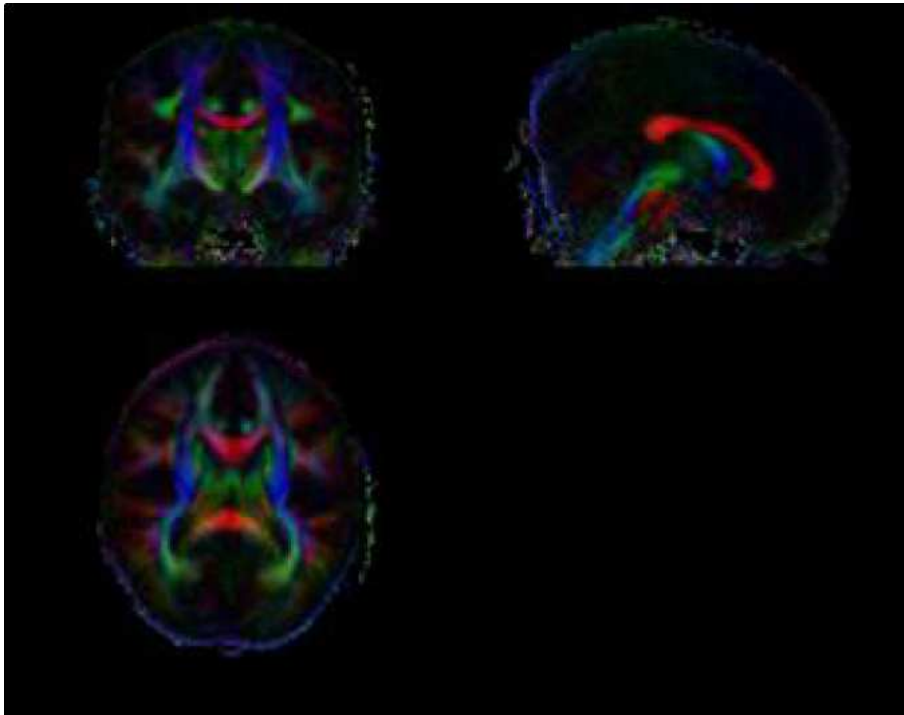


FIG. 4.21 – Carte de couleur d'orientation de diffusion pondérée par l'anisotropie fractionnelle.

Description des cibles

Le corps calleux est, selon Joffrin et coll. [151], un faisceau d'axones interconnectant les deux hémisphères cérébraux et reliant les 4 lobes du cerveau entre eux (lobes frontaux, temporaux, pariétaux et occipitaux gauches et droits). Le corps calleux assure donc le transfert d'informations entre les deux hémisphères et ainsi leur coordination.

Sur le plan anatomique le corps calleux est bien vu quand on écarte la scissure inter-hémisphérique. Il a un aspect arciforme et d'avant en arrière nous pouvons décrire le bec (ou rostrum) puis le genou, puis le corps, puis le bourrelet (ou splénium).

Ainsi, grâce au corps calleux, les messages centripètes, en provenance d'une voie afférente, unilatérale, auront une terminaison bilatérale sur les deux aires symétriques et cette duplication du message joue certainement un rôle important dans le transfert d'un hémisphère à l'autre des acquisitions perceptives et motrices, c'est-à-dire dans la mémoire et l'apprentissage.

Le faisceau pyramidal désigne l'ensemble des axones moteurs cortico-spinaux qui transmettent directement et rapidement les commandes des mouvements des muscles du corps depuis le cortex cérébral jusqu'aux motoneurones de la corne antérieure de la moelle épinière. Ce faisceau est constitué de deux parties en forme de pyramide inversée venant du cortex cérébral et se rejoignant à la base du cerveau [320].

La localisation de ces cibles est visible sur la figure 4.22 qui présente des planches issues du manuel d'anatomie de Henri Gray [119].

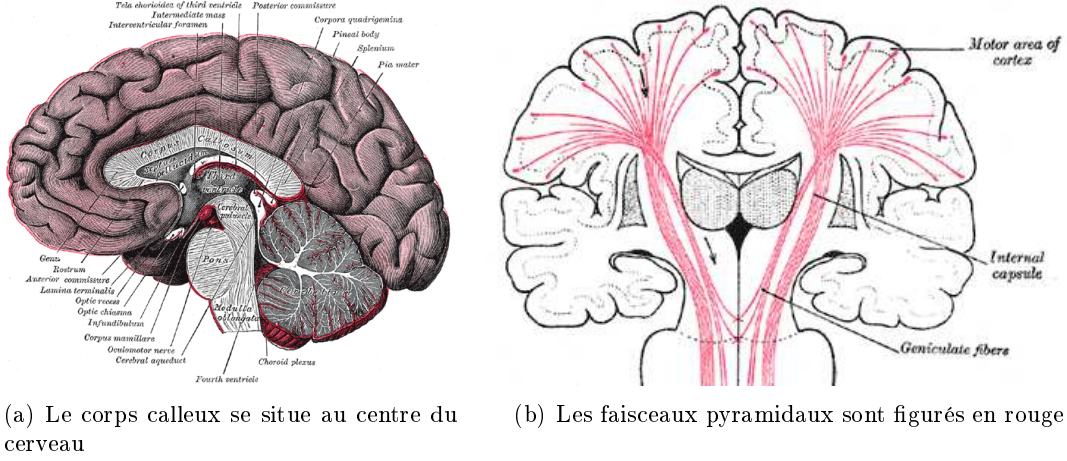


FIG. 4.22 – Localisation du corps calleux et du faisceau pyramidal.

Méthode de segmentation Les fibres constituant ces cibles étant relativement homogènes en termes de direction et donc de couleur sur la carte (à savoir l'axe cranio-caudal pour le faisceau pyramidal et l'axe gauche-droite pour le corps calleux), il nous a semblé opportun de tester la segmentation de ces structures par notre algorithme basé sur la couleur. La méthode est relativement similaire à celle mise en place jusque-là à la différence près qu'il n'est pas besoin de construire une IRM en couleurs puisque celle-ci est déjà créée par l'extraction de la FA et de la direction principale à partir des acquisitions en IRM de diffusion.

Nous sélectionnons donc quelques graines dans une des structures qui nous intéresse afin de constituer la source et quelques graines dans les autres zones du cerveau pour constituer le puits. Nous lançons ensuite l'algorithme de coupe de graphe à base de gradient spectral et nous obtenons en retour tous les ensembles de voxels ayant une orientation similaire à ceux de la source. En sélectionnant les composantes connexes de notre ensemble de graines de sources, nous obtenons les structures qui nous intéressent.

Concernant le faisceau pyramidal, trois zones nous intéressent : les deux pyramides inversées de chaque hémisphère et la zone de regroupement de ces deux faisceaux. En effet, entre les deux zones situées à l'apex du cerveau et celle située à la base, les fibres n'ont plus une direction verticale et ne sont donc pas segmentées par notre algorithme. En lançant une tractographie entre la zone de la base et une des zones de l'apex, nous pouvons obtenir tout le chemin de ce faisceau.

4.3.6.3 Résultats

Les résultats que nous présentons ici sont qualitatifs et non quantitatifs puisque nous ne cherchons pas à segmenter une structure complète mais à obtenir des régions permettant de guider une tractographie. Nous avons testé cet algorithme sur 17 enfants sains âgés de 8 à 18 ans et les images sont constituées de 80 coupes de 180×180 voxels isométriques de 2 mm.

La figure 4.23 présente les zones segmentées en visualisation surfacique en trois dimensions. Ces segmentations de régions d'intérêt ont été validées par un radiologue possédant un haut degré d'expertise. En bleu et en rouge, nous retrouvons bien les deux structures en pyramide inversée correspondant aux parties supérieures du faisceau pyramidal et la structure en vert correspond à la partie inférieure de ce même faisceau. La structure figurée en jaune est le corps calleux. Ces segmentations sont incomplètes, tant au niveau du faisceau pyramidal où les ramifications terminales sont absentes qu'au niveau du corps calleux où les "cornes" de celui-ci sont omises, mais pour le but fixé, cela ne constitue pas un problème.

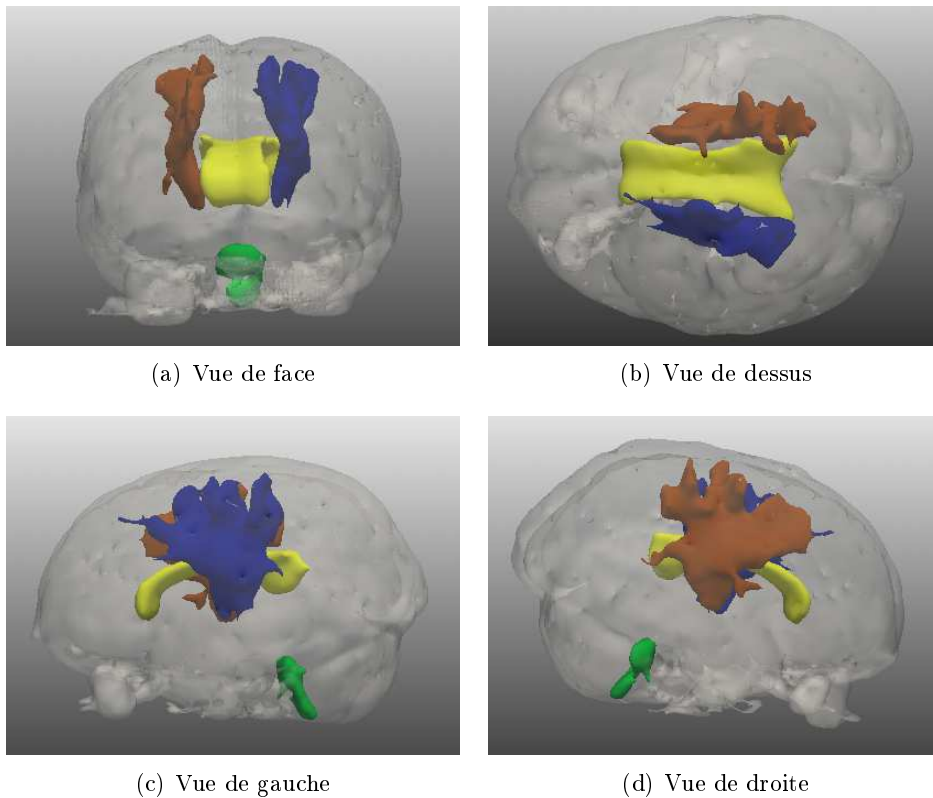


FIG. 4.23 – Segmentation partielle du corps calleux et du faisceau pyramidal. En bleu et en rouge : parties supérieures du faisceau pyramidal. En vert : partie inférieure du faisceau pyramidal. En jaune : corps calleux.

4.4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons introduit le gradient spectral colorimétrique dans le cadre des images médicales en trois dimensions. Nous avons construit une approche hiérarchique de la segmentation, aussi bien en termes algorithmiques avec l'adaptation de l'algorithme de coupe de graphe en une version multi-résolution avec une solution proche de la bande étroite d'ordinaire utilisée dans les ensembles de niveau qu'en termes de segmentations successives des différentes couches de tissus, à la manière des tuniques d'un oignon. Cette méthode nouvelle, rapide et robuste de segmentation nous permet un traitement aisé des données multi-canal à l'aide d'un outil issu de l'école "espace-échelle".

L'optimisation du gradient spectral colorimétrique et des mélanges de lois gaussiennes multivariées par une approche hiérarchique de coupe de graphe s'est montrée précise avec des résultats éloquentes. Cette approche combine à la fois des méthodes basées régions et basées contour dans un nouveau cadre.

De plus, avec un temps de calcul faible, cette méthode permet de corriger interactivement les résultats avec un effort moindre pour l'utilisateur puisque l'ajout ou le retrait de quelques graines peut, en quelques clics, corriger la plupart des voxels mal classés de prime abord.

Le travail proposé ici est une approche semi-automatique mais construire un modèle robuste des lésions et des tissus permettrait une initialisation automatique de notre algorithme. Ces modèles peuvent être donnés par l'algorithme STREM introduit par Aït-Ali et coll. [3] puis amélioré par García-Lorenzo et coll. [109]. Nous montrerons cette application dans le chapitre suivant.

Notre travail est construit sur une analogie entre les canaux RVB d'une image couleur et les IRM multimodales. Or, le gradient spectral colorimétrique est un opérateur construit pour les images naturelles pour un capteur qui est l'œil humain et, en tant que tel, il peut se montrer sous-optimal pour la segmentation de nos IRM multi-canal. Dans le chapitre 6, nous montrerons comment il est possible d'apprendre un gradient optimisé à partir d'une procédure supervisée.

Chapitre 5

Automatisation de notre méthode : application aux lésions de SEP

Étudie, non pour savoir plus, mais pour savoir mieux.

Sénèque

Introduction

Dans le chapitre précédent, nous avons décrit une méthode combinant un gradient spectral à des informations issues d'un modèle de classes par mélange de gaussiennes multivariées notamment pour la segmentation semi-automatique des lésions de sclérose en plaques.

Dans ce chapitre, nous voulons explorer la possibilité d'automatiser notre algorithme de coupe de graphe dans le cadre de la segmentation des lésions de sclérose en plaques. Ce travail a été réalisé conjointement avec Daniel García-Lorenzo, doctorant dans la même équipe. Ses recherches se sont principalement portées sur la modélisation des tissus cérébraux par un modèle de mélange de gaussiennes multivariées estimé par une version robuste de l'algorithme EM [229]. Nous proposons ici d'utiliser ce modèle pour calculer de façon automatique les graines demandées par l'algorithme de coupe de graphe.

5.1 Théorie : modélisation des tissus cérébraux

Bien que la nature du bruit des IRM soit d'ordinaire ricienne comme le démontrent Dietrich et coll. [86], les intensités des IRM cérébrales ont été modélisées avec succès par un modèle de mélange flou de gaussiennes multivariées à 3 classes, ce qui s'avère (en général) une approximation suffisante. Et cela aussi bien pour les sujets sains, notamment dans les travaux de Schroeter et coll. [272] ou Wells et coll. [316], que pour les patients atteints de sclérose en plaques (SEP) dans les travaux de Van Leemput et coll. [304] ou d'Aït-Ali et coll. [3]. Ces trois classes correspondent aux trois tissus que nous avons considérés jusque-là, à savoir le liquide céphalo-rachidien (LCR), la substance

grise (SG) et la substance blanche (SB). À l'inverse, les lésions de SEP sont d'ordinaire considérées non pas comme une classe supplémentaire mais comme des données aberrantes (ou *outliers* en anglais) de ce modèle à classes de tissus cérébraux d'apparence normale (TCAN) [304, 94, 3].

5.1.1 EM robuste et estimateur pondéré de vraisemblance tamisé pour les TCAN

Nous considérons ici les m séquences IRM comme une image multidimensionnelle. Le vecteur d'intensité $\mathbf{y}_i = [y_{i_1} \dots y_{i_m}]$ du voxel i peut être modélisé par :

$$f(\mathbf{y}_i|\theta) = \sum_{j=1}^3 \alpha_j \cdot \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_j, \boldsymbol{\Sigma}_j) \quad (5.1)$$

où la moyenne $\boldsymbol{\mu}_j$ et la matrice de covariance $\boldsymbol{\Sigma}_j$ définissent les paramètres de chaque gaussienne $\mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_j, \boldsymbol{\Sigma}_j)$. Ces paramètres et le paramètre de mélange sont fusionnés en un vecteur de paramètres, noté θ . L'estimation de ces paramètres peut être effectuée par l'Estimateur de Maximum de Vraisemblance (EMV) :

$$\hat{\theta} = \arg \max_{\theta} V(\theta) = \arg \max_{\theta} \prod_{i=1}^n f(\mathbf{y}_i|\theta) \quad (5.2)$$

si nous considérons les $\mathbf{y}_i$ comme des observations indépendantes et identiquement distribuées.

Afin d'obtenir l'EMV, nous pouvons utiliser l'algorithme EM [81], comme indiqué dans le premier chapitre du présent manuscrit, qui est une technique pour estimer itérativement $\hat{\theta}$. À partir d'un vecteur initial de paramètres θ_l , l'EM obtient un autre jeu de paramètres θ_{l+1} où $V(\theta_l) \geq V(\theta_{l+1})$.

Cette méthode est souvent employée car elle est facile à calculer et assure une convergence. Cependant, elle présente deux écueils majeurs. Le premier d'entre eux est que l'algorithme EM n'assure qu'une convergence vers un maximum local de V ; des jeux initiaux de paramètres θ_0 différents peuvent mener à des solutions différentes, ce qui fait du choix de ce jeu initial un épineux problème. Le second écueil est la sensibilité de l'EMV aux données aberrantes. En statistiques, cette sensibilité est mesurée par le point de rupture (PR) qui peut être défini comme le plus petit nombre de données aberrantes suffisant à fausser significativement l'estimateur [225] ; dans le cas de l'EMV, PR= 0.

García-Lorenzo et coll.[109] proposent deux solutions pour minimiser les effets de ces deux écueils : tout d'abord, employer une initialisation hiérarchique afin d'augmenter les chances d'atteindre le maximum global et enfin, remplacer la log-vraisemblance V par la log-vraisemblance tamisée VT de Neykov et coll. [229] afin d'être plus robuste aux données aberrantes.

5.1.1.1 Initialisation hiérarchique

L'algorithme EM converge vers un maximum local de la log-vraisemblance. Une initialisation adéquate est critique pour trouver le maximum global, en particulier dans le cas de données multidimensionnelles. En général, trouver une bonne initialisation est un compromis entre précision et coût calculatoire [217]. Une approche assez générale consiste à utiliser plusieurs EM avec différents paramètres initiaux et ensuite à sélectionner la solution avec la V maximum ; plus les paramètres initiaux considérés sont différents, plus la probabilité d'atteindre le maximum global est grande, cependant le coût calculatoire augmente.

Dans le cadre des segmentations multidimensionnelles, l'initialisation est souvent donnée par un atlas probabiliste [304], où chaque voxel contient la probabilité d'appartenir aux classes LCR, SG ou SB. L'atlas est recalé linéairement sur les images du sujet et la moyenne et la variance peuvent être calculées en utilisant la probabilité de chaque tissu donné par l'atlas. Cette méthode d'initialisation par atlas a cependant deux défauts majeurs : le recalage est une opération très gourmande en temps de calcul et l'atlas peut induire des initialisations incorrectes pour les patients atteints de SEP et présentant une sévère atrophie cérébrale ou une grande charge lésionnelle.

Nous utilisons la technique développée par García-Lorenzo et coll. [109] qui est une nouvelle méthode d'initialisation basée sur les travaux de Biernacki et coll. [24] mais en incluant des informations *a priori* pour réduire le coût calculatoire. Tout d'abord, cet algorithme demande de choisir aléatoirement de multiples jeux de paramètres initiaux ; ensuite, l'algorithme EM est utilisé avec un nombre fixé d'itérations pour chacun des jeux de paramètres ; enfin, la solution procurant la meilleure vraisemblance est sélectionnée et l'EM est relancé jusqu'à convergence cette fois-ci.

L'algorithme utilisé repose sur une procédure en deux étapes. Premièrement, un EM initial avec de multiples initialisations aléatoires est employé uniquement sur les images pondérées en T1. Les images pondérées en T1 sont connues pour présenter le meilleur contraste entre les TCAN, ainsi cette initialisation donne une première classification des TCAN. Pour chaque tissu t et séquence s , l'histogramme $h_{t,s}$ est calculé en utilisant uniquement les voxels classifiés par l'EM sur les données T1 uniquement. Pour éviter les données aberrantes et les mauvaises classifications, tous les maxima locaux sont extraits et les plus appropriés sont choisis pour chaque tissu et séquence (par exemple, le tissu le plus brillant pour le LCR sur l'IRM pondéré en T2 ou le maximum absolu pour la SB). Ces maxima locaux sont utilisés comme moyenne de chaque tissu dans l'initialisation de l'EM multidimensionnel.

5.1.1.2 Log-vraisemblance tamisée

Par définition, l'estimateur pondéré de vraisemblance tamisée (EPVT) détermine les k observations parmi un échantillon de taille n pour lesquels la vraisemblance est maximale. L'EPVT a été proposé indépendamment par Hadi et Luceño [123] d'une part et par Vandev et Neykov [306] d'autre part. Il est défini comme suit :

$$\hat{\theta}_{EPVT} := \arg \max_{\theta} \sum_{i=1}^k w_{v(i)} f(y_{v(i)}|\theta), \quad (5.3)$$

où :

- $f(y_{v(i)}|\theta) \geq f(y_{v(i+1)}|\theta)$ à θ fixé,
- $f(y_{v(i)}|\theta) = -\log \varphi(y_i|\theta)$,
- $y_i \in \mathbb{R}^q$ pour $i = 1, \dots, n$, n observations indépendantes et identiquement distribuées avec $\varphi(y|\theta)$ pour fonction de densité,
- q est le nombre de dimensions de nos données,
- $v = (v(1), \dots, v(n))$ sont les permutations des indices qui dépendent de θ ,
- k est le paramètre de *tamissage*
- et les poids $w_i \geq 0$ pour $i = 1, \dots, n$ sont des fonctions non-décroissantes de $f(y_{v(i)}|\theta)$ telles que au moins $w_{v(k)} > 0$.

Dans notre application, nous utilisons $w_{v(i)} = 1$ pour $i = 1, \dots, k$ et $w_{v(i)} = 0$, sinon. En outre, $q=3$ puisque nous nous intéressons à des jeux de trois séquences d'images. On peut ainsi expliciter l'équation 5.3 et on obtient ainsi la log-vraisemblance tamisée que nous cherchons à maximiser :

$$VL(\theta) := \prod_{i=1}^k f(y_{v(i)}|\theta), \quad (5.4)$$

avec les mêmes notations que précédemment.

L'équation 5.4 ne contient que les k observations les plus probables pour un θ donné. Cela signifie que les autres observations (les $n - k$ les moins probables) pour un modèle paramétrique donné n'influencent pas le calcul de l'estimateur de maximum de vraisemblance tamisé. Ainsi, si le nombre de données aberrantes est inférieur à $n - k$, l'estimateur n'est aucunement influencé par ces données et calcule donc les paramètres du modèle à partir des seules données cohérentes avec le modèle. L'apport de l'EPVT sur le estimateur de maximum de vraisemblance d'ordinaire utilisé dans les algorithmes EM en terme de robustesse est le même que celui du critère des moindres carrés tamisés sur le critère des moindres carrés.

Pour calculer ce VL , nous ajoutons une étape supplémentaire à l'algorithme EM, que nous appelons étape C (pour *Concentration*), entre l'étape E et l'étape M. Au cours de cette étape, les voxels sont triés de telle sorte que :

$$f(y_{v(1)}|\theta) \geq f(y_{v(2)}|\theta) \geq \dots \geq f(y_{v(n)}|\theta). \quad (5.5)$$

Ainsi, seuls les k premiers voxels sont utilisés dans l'étape M. Dans la suite de ce manuscrit, nous utiliserons le paramètre h à la place de k où $h = \frac{n-k}{k}$ et $0.0 \leq h \leq 0.5$. Pour $h = 0.0$, la log-vraisemblance tamisée est l'équivalent de la log-vraisemblance.

Il a été prouvé que cet algorithme converge, au moins, vers un maximum de VL et que $PR = h$ [225], ce qui signifie que l'estimateur de vraisemblance tamisée permet

d'obtenir une bonne estimation des données même si celles-ci sont contaminées avec $h\%$ de données aberrantes.

5.1.2 Détection des lésions candidates

Le paramètre de tamisage h doit être choisi judicieusement pour s'assurer du rejet de tous les voxels de lésions de SEP, ainsi que des autres artefacts, pour le calcul du modèle de TCAN. En pratique, les h voxels rejetés contiennent souvent des voxels non aberrants qui s'insèrent raisonnablement bien dans le modèle de TCAN. Ainsi, pour raffiner la détection des données aberrantes, nous définissons la distance d_i comme la distance de Mahalanobis minimale du voxel i à l'une des gaussiennes du modèle de TCAN.

$$d_i = \min_{\forall j} \{ \sqrt{(\mathbf{y}_i - \boldsymbol{\mu}_j)^T \boldsymbol{\Sigma}_j^{-1} (\mathbf{y}_i - \boldsymbol{\mu}_j)} \}. \quad (5.6)$$

où $\boldsymbol{\mu}_j$ est le vecteur moyen et $\boldsymbol{\Sigma}_j$ est la matrice de covariance de la classe j .

Si nous considérons que les intensités des voxels de chaque tissu suivent une loi gaussienne, ces distances de Mahalanobis suivent une loi χ_m^2 avec m degrés de liberté [3, 94], où m est le nombre de séquences IRM (ici, 3). Le voxel i est considéré comme *lésion candidate* quand la distance d_i est plus grande que le seuil qui est défini par la loi χ_m^2 pour une valeur donnée de p -value.

5.2 Méthodes

Notre objectif dans ce chapitre est d'éliminer toute dépendance à la sélection des graines afin de créer une méthode totalement automatique de détection des lésions de SEP. Par conséquent, nous devons enlever les dépendances aux jeux de voxels $\mathcal{F}$ et $\mathcal{O}$. Nous proposons de remplacer $P(I_p|\mathcal{F})$ et $P(I_p|\mathcal{O})$ dans l'équation 4.5 par les poids W_{puits} et W_{source} décrits ci-après. Le reste de la formulation des coupes de graphe décrit dans le chapitre 4 reste le même afin de permettre l'éventuelle interaction ultérieure d'un expert pour raffiner la segmentation si celle procurée de façon automatique ne convenait pas.

Comme expliqué dans les chapitres précédents, l'algorithme de coupe de graphe nécessite deux sources d'informations différentes : le terme de frontière et le terme de région. Les approches précédentes sont semi-automatiques puisque les graines sont fournies par l'utilisateur. Dans cette nouvelle version, nous allons éviter cette interaction avec l'utilisateur en calculant automatiquement le terme de région.

La figure 5.1 présente le flot de traitement de la méthode de segmentation automatique des lésions de SEP par coupe de graphe. Le terme de frontière est calculé en utilisant le gradient spectral colorimétrique, comme expliqué dans le chapitre 4 tandis que le terme de région est calculé en trois étapes : tout d'abord, nous estimons le modèle de TCAN, nous utilisons ensuite le critère lié à la distance de Mahalanobis et enfin, nous estimons les poids des différents t -liens impliqués dans le terme de région.

Dans les sections suivantes, nous considérons les séquences IRM comme une unique image multidimensionnelle dont la dimension m est égale au nombre de séquences, soit

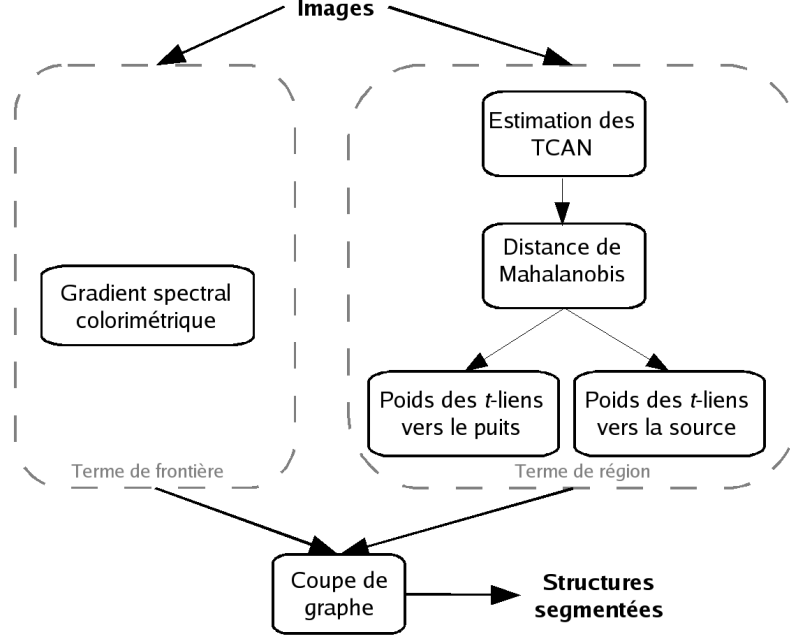


FIG. 5.1 – Flot de traitement de la méthode de segmentation automatique des lésions de sclérose en plaques par coupe de graphe.

3. Pour cela, nous imposons que toutes les séquences IRM d'un même patient aient été auparavant recalées dans le même espace, que les inhomogénéités d'intensité aient été corrigées et que le parenchyme cérébral ait été extrait.

5.2.1 Le terme de région

Dans le cadre semi-automatique que nous avons présenté dans les chapitres précédents, les poids $R_p(\mathcal{F})$ et $R_p(\mathcal{O})$ pour le voxel p sont habituellement définis par :

$$R_p(\mathcal{F}) = \begin{cases} \infty & \text{si } p \in \mathcal{F} \\ 0 & \text{si } p \in \mathcal{O} \\ -\ln P(I_p|\mathcal{O}) & \text{sinon} \end{cases} \quad R_p(\mathcal{O}) = \begin{cases} 0 & \text{si } p \in \mathcal{F} \\ \infty & \text{si } p \in \mathcal{O} \\ -\ln P(I_p|\mathcal{F}) & \text{sinon} \end{cases} \quad (5.7)$$

Les ensembles de points $\mathcal{F}$ et $\mathcal{O}$ sont respectivement les graines du fond et de l'objet. La probabilité $P(I_p|\mathcal{F})$ reflète l'appartenance du vecteur I_p du voxel p au modèle d'intensité estimé à partir de $\mathcal{F}$. La plupart des auteurs, dont nous-mêmes, fait l'hypothèse que les graines suivent une distribution gaussienne [287, 180, 30].

Notre objectif est d'éliminer toute dépendance à la sélection des graines afin de créer une méthode totalement automatique de détection des lésions de SEP. Par con-

séquent, nous devons enlever les dépendances aux jeux de voxels $\mathcal{F}$ et $\mathcal{O}$. Nous proposons de remplacer $P(I_p|\mathcal{F})$ et $P(I_p|\mathcal{O})$ dans l'équation 4.5 par les poids W_{puits} et W_{source} afin d'obtenir une définition plus générale. Ces poids doivent être positifs et $0.0 \leq W_{puits}, W_{source} \leq 1.0$. Ainsi, W_{source} devrait être proche de 0.0 quand les voxels ont de fortes chances d'être des lésions de SEP et proche de 1.0 sinon.

$$R_p(\mathcal{F}) = \begin{cases} \infty & \text{si } p \in \mathcal{F} \\ 0 & \text{si } p \in \mathcal{O} \\ -\ln W_{puits} & \text{sinon} \end{cases} \quad R_p(\mathcal{O}) = \begin{cases} 0 & \text{si } p \in \mathcal{F} \\ \infty & \text{si } p \in \mathcal{O} \\ -\ln W_{source} & \text{sinon} \end{cases} \quad (5.8)$$

Pour permettre un raffinement ultérieur des lésions par l'utilisateur, les ensembles de voxels $\mathcal{F}$ et $\mathcal{O}$ sont conservés entre (5.7) et (5.8). Dans le cas de la segmentation automatique, seuls les poids W_{source} and W_{puits} sont utilisés.

Pour estimer ces poids, nous suivons l'approche décrite dans les sections précédentes. Tout d'abord, nous considérons que les intensités des TCAN suivent un modèle gaussien à trois classes et nous calculons les paramètres du modèle en utilisant l'estimateur de vraisemblance tamisée [229]. Ensuite, nous calculons la distance de chacun des voxels au modèle en utilisant la distance de Mahalanobis et nous calculons la p -value de chacun de ces voxels. Les voxels avec une faible p -value ont une plus grande probabilité d'être des données aberrantes que les autres voxels. Dans le contexte des coupes de graphe, les poids peuvent prendre n'importe quelle valeur comprise entre 0 et 1, ainsi, l'image des p -values n'est pas seuillée, contrairement aux précédentes approches de Garcia-Lorenzo et coll. [110, 109].

Ainsi, pour chaque type de poids, nous définissons des règles spécifiques afin d'inclure plus d'informations dans l'algorithme de coupe de graphe décrit dans le chapitre 4.

Poids des t -liens vers le puits (W_{puits}) Les voxels qui s'inscrivent correctement dans le modèle des TCAN doivent avoir un poids faible. Nous définissons ces poids en utilisant la p -value mentionnée précédemment.

$$W_{puits} = 1 - p\text{-value} \quad (5.9)$$

Poids des t -liens vers la source (W_{source}) Les données aberrantes, *i.e* les voxels avec une p -value faible, sont normalement des lésions de SEP mais elles peuvent être dues à des veines, des erreurs de recalage ou d'extraction de cerveau, etc. C'est pourquoi nous avons besoin de plus d'informations pour déterminer précisément les poids corrects. Pour sélectionner les lésions de SEP parmi les autres données aberrantes, nous utilisons des connaissances *a priori* à propos des intensités de lésions.

Les lésions de SEP sont décrites dans la littérature comme "hyper-intenses" comparées à la SB sur les images pondérées en T2, DP ou FLAIR. Nous pourrions utiliser un seuillage simple pour déterminer les lésions de façon binaire mais pour

obtenir des poids valués entre 0 et 1, nous avons choisi d'utiliser une approche floue pour modéliser cette connaissance d'expert. Ainsi au lieu de définir un seuillage binaire pour cette hyper-intensité, nous définissons un poids flou pour l'hyper-intensité.

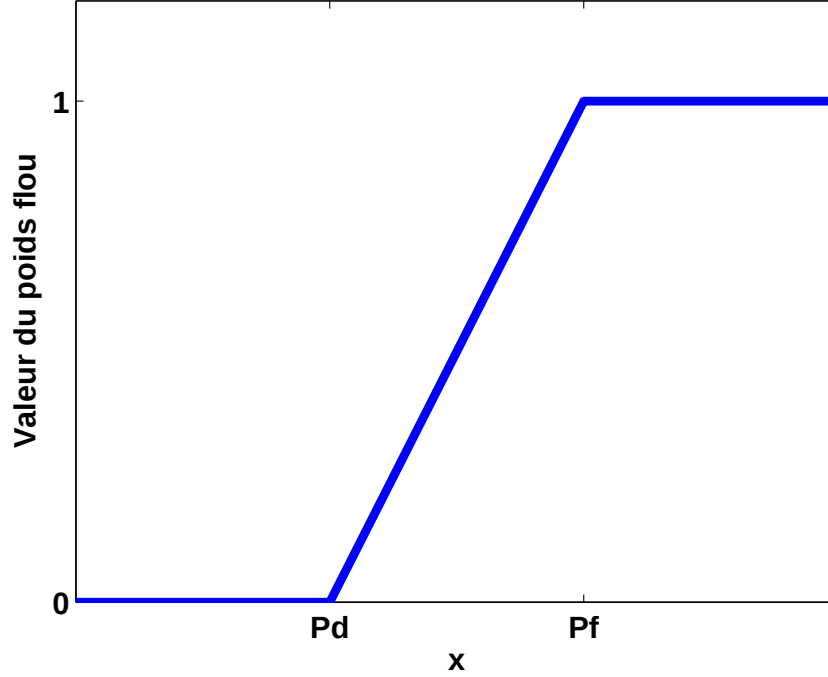


FIG. 5.2 – Définition floue de l'hyper-intensité.

Ce poids flou est calculé pour chaque séquence et nécessite deux paramètres pour définir la pente : le début de la pente P_d et la fin de la pente P_f (Figure 5.2). Par exemple pour deux images pondérées en T2, en considérant y_{T2} l'intensité de l'image pondérée en T2, nous pouvons normaliser l'intensité par rapport à la SB.

$$x = \frac{y_{T2} - \mu_{T2}^{SB}}{\sigma_{T2}^{SB}} \quad (5.10)$$

ainsi l'équation des poids flous devient :

$$W_{T2} = \begin{cases} 0 & \text{si } x < P_d \\ \frac{x - P_d}{P_f - P_d} & \text{si } P_d \leq x \leq P_f \\ 1 & \text{si } x > P_f \end{cases} \quad (5.11)$$

Les informations données par la distance de Mahalanobis et la règle floue d'hyper-intensité sont fusionnées en un seul poids en utilisant l'opérateur ET :

$$W_{source} = ET\{W_{DP}, W_{T2}, W_{FLAIR}, p\text{-value}\} \quad (5.12)$$

Une étape de post-traitement est réalisée après la coupe de graphe. Puisque beaucoup de faux positifs apparaissent dans le LCR externe à cause d'artefacts, toutes les lésions détectées sur le contour du cerveau sont éliminées de la segmentation.

5.2.2 Post-traitement semi-automatique

Les utilisateurs de méthodes de segmentation automatique veulent être capables de vérifier la segmentation automatique et de raffiner cette segmentation en ajoutant les lésions manquées et en éliminant les faux positifs. Comme mentionné dans la section 5.2.1, notre méthode par coupe de graphe inclut la possibilité d'une interaction avec l'utilisateur.

La figure 5.3 montre un exemple d'interaction possible. Une fois la segmentation automatique affichée, l'utilisateur découvre, sur les images du patient, qu'une lésion a été manquée. L'utilisateur ajoute alors une graine de l'objet à l'intérieur de la lésion (cf. équation 5.8). Puis la coupe de graphe est recalculée et la nouvelle segmentation inclut alors la lésion qui était manquée auparavant.

De même, il est possible de retirer des graines (de source ou de puits) ainsi que d'ajouter des graines de puits. Après ces ajouts et suppressions, les poids des t -liens et des n -liens sont recalculés et la nouvelle coupe est obtenu sous peu.

5.3 Expériences sur le paramètre d'attache aux données

Le paramètre α de l'équation 4.2 permet de faire varier les influences respectives des termes de région et de frontière. Jusqu'ici, nous avons fixé empiriquement $\alpha = 10$ mais nous souhaitons modifier ce paramètre afin de mieux appréhender le comportement de l'algorithme de coupe de graphe.

Nous avons choisi d'utiliser le fantôme BrainWeb avec la charge lésionnelle modérée, pour deux niveaux de bruit différents (3% et 5%) et 20% d'inhomogénéité pour nos expériences. Dans ce cadre, nous avons choisi de prendre les valeurs trouvées par Garía-Lorenzo [108] pour les règles floues, à savoir $P_d = 2.5$ et $P_f = 3.5$. Comme précédemment, les segmentations sont comparées à la vérité terrain en utilisant le coefficient de similarité de Dice.

Il est intéressant de regarder les deux situations extrêmes de notre analyse. Quand $\alpha = 0.0$, le terme de région n'est pas employé et seules les informations du terme de frontière sont exploitées. Si nous remplaçons α par 0.0 dans (5.8), nous pouvons observer que seules les graines peuvent influencer la segmentation. Par conséquent, ce paramétrage est d'un intérêt moindre pour la segmentation automatique. Au contraire, quand α augmente, le terme de région prend de plus en plus d'importance et l'information spatiale n'est plus employée dans la segmentation. Quand $\alpha \rightarrow \infty$, la coupe de graphe devient un seuillage où seuls les poids des deux t -liens d'un voxel sont pris en compte.

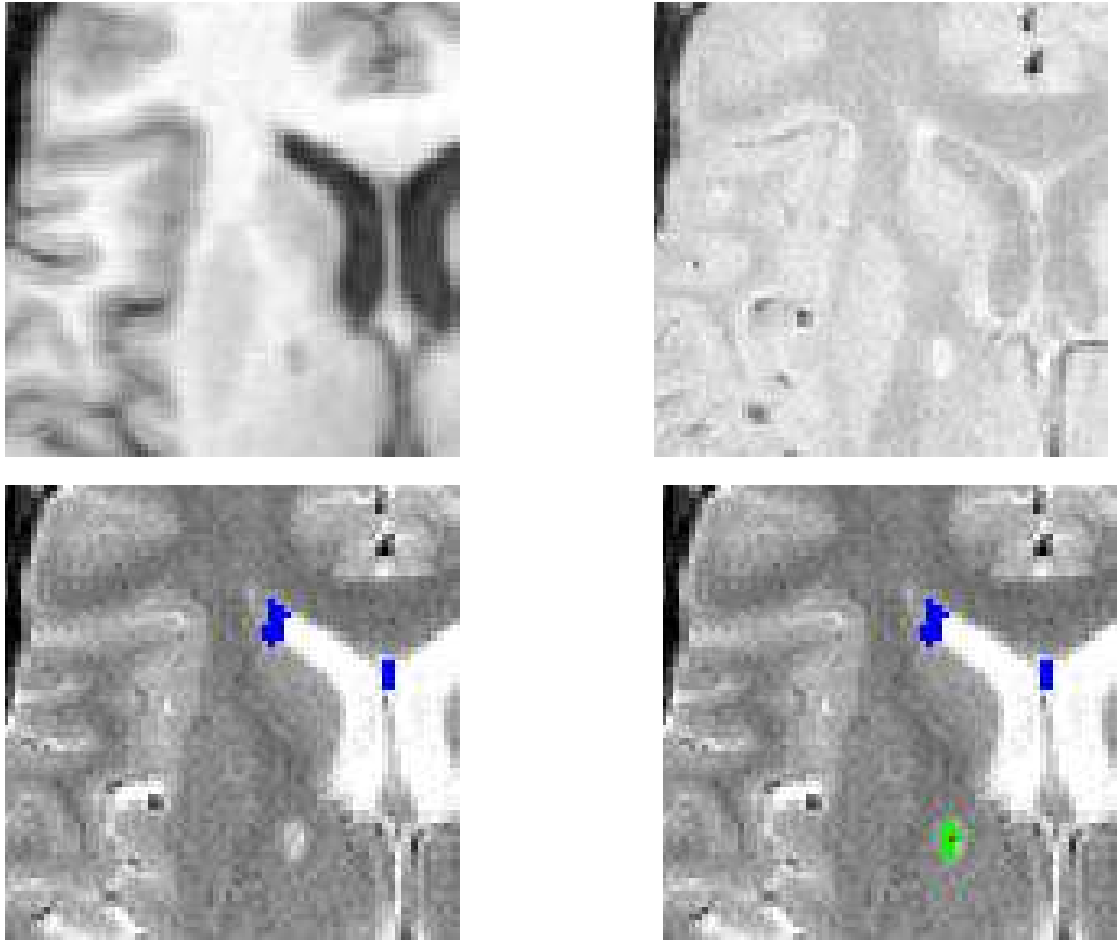
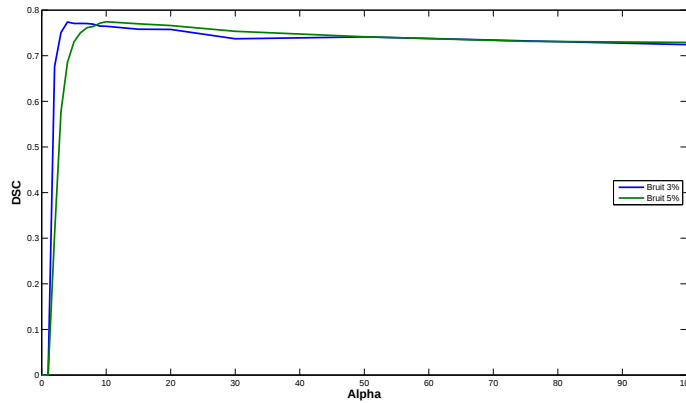


FIG. 5.3 – Exemple de post-traitement semi-automatique. En haut à gauche : IRM pondérée en T1. En haut à droite : IRM pondérée en DP. En bas à gauche : solution automatique de l'algorithme de coupe de graphe. En bas à droite : solution raffinée semi-automatiquement (rouge : graine de l'objet, bleu : solution automatique, verte : solution après raffinement).

La figure 5.4 montre le comportement de la segmentation en fonction de α . Les courbes présentent un plateau optimal sur l'intervalle $[3; 10]$, c'est dans cet intervalle que l'algorithme réalise ses meilleures performances.

La figure 5.5 montre des exemples de segmentation pour différentes valeurs de α . Ainsi, quand $\alpha \rightarrow \infty$, le terme de frontière n'est pas utilisé et l'algorithme de coupe de graphe devient une technique de seuillage automatique, les lésions sont détectées mais nous rencontrons de nombreux faux positifs et l'algorithme devient très sensible au bruit puisqu'il n'y a pas d'information spatiale pour amoindrir son impact. À l'inverse, quand $\alpha \leq 1.0$, l'information de frontière a plus d'importance que le terme de région et l'algorithme assigne trop de voxels au fond de l'image.

FIG. 5.4 – CSD en fonction de α pour les données BrainWeb.

Pour clarifier l'importance du paramètre α , nous pouvons observer les images de la figure 5.5. Quand $\alpha = 2$, nous constatons que la lésion en bas à droite de l'image est tronquée. Cet effet est dû à ce qui est communément appelé “biais de rétrécissement” [310]. Ce biais de rétrécissement empêche la segmentation correcte des cibles de forme allongée ; il apparaît lorsque le coût de la coupe suivant les contours de la lésion est plus grand que le coût régional de la lésion. Quand le paramètre α devient plus important (*i.e* $\alpha = 10$), cet effet est nettement moins important.

5.4 Évaluation

Nous avons testé notre algorithme (que nous nommerons CGA par la suite) dans deux situations différentes. Tout d'abord, nous avons utilisé des images synthétiques pour évaluer l'impact des différents niveaux de bruit et d'inhomogénéité. Ensuite, les images IRM de dix patients atteints de SEP ont été segmentées et comparées avec les segmentations manuelles délinéées par plusieurs experts. Cette fois encore, nous avons utilisé le coefficient de similarité de Dice pour mesurer la précision de nos segmentations.

5.4.1 Données

5.4.1.1 Images synthétiques

Nous avons réalisé la segmentation automatique des lésions de SEP en variant le niveau de bruit (1%, 3%, 5%, 7% et 9%) et le niveau d'inhomogénéité d'intensité (0%, 20% and 40%) pour chacun des trois fantômes disponibles. Puisque la vérité terrain est disponible, l'évaluation a été réalisée en comparant les résultats de CGA avec cette vérité terrain par le biais du CSD. Dans ces images synthétiques, il n'y a pas d'erreur due au recalage ou à l'extraction de cerveau, ce qui signifie que le nombre de données aberrantes

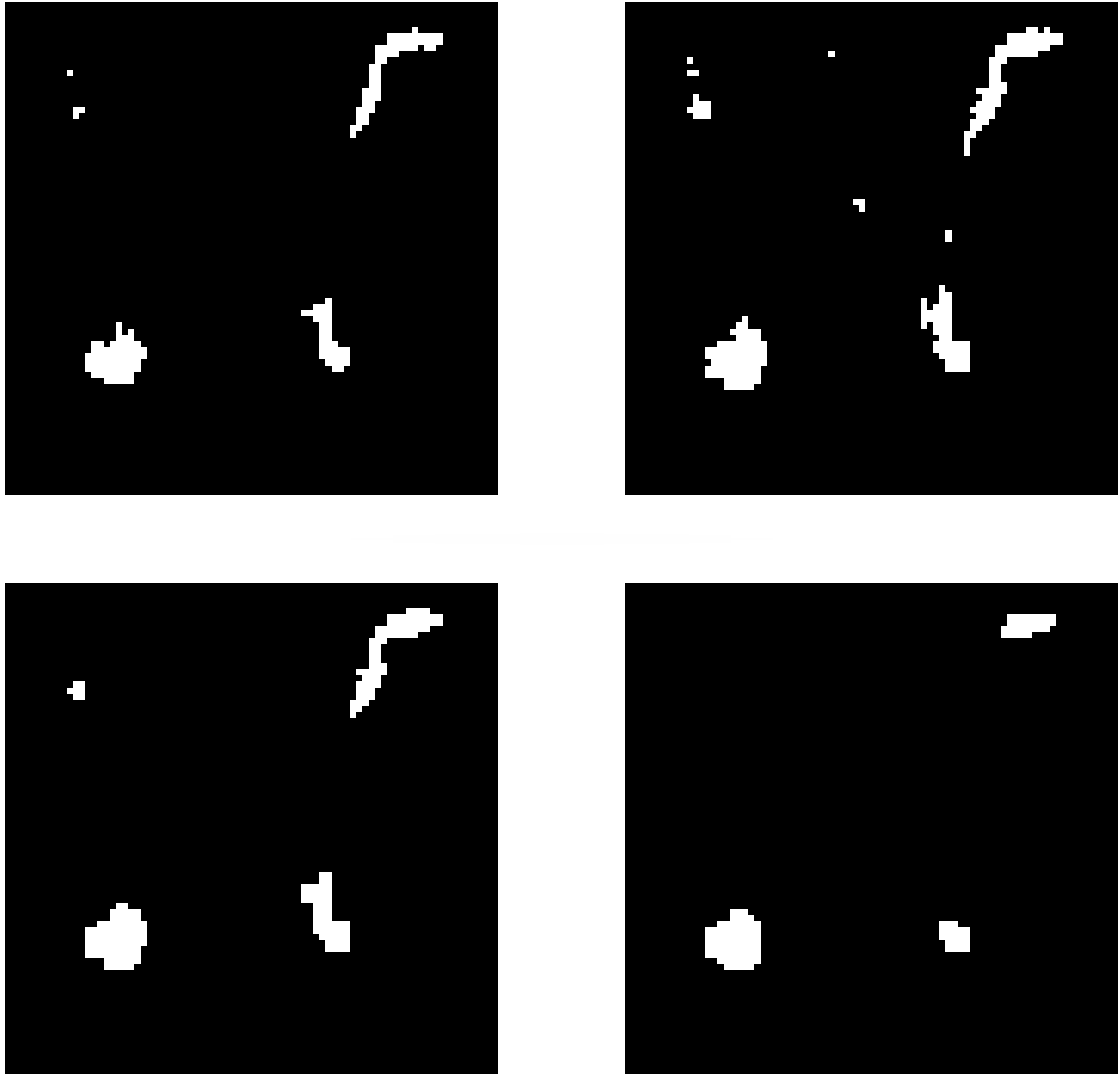


FIG. 5.5 – Résultats sur BrainWeb avec différentes valeurs pour α . En haut à gauche : vérité terrain. En haut à droite : segmentation pour $\alpha = \text{inf}$. En bas à gauche : segmentation pour $\alpha = 10$. En bas à droite : segmentation pour $\alpha = 2$.

est significativement réduit. Pour cette raison, nous avons fixé h , le paramètre de l'EM robuste, à 5% au lieu de 10%.

5.4.1.2 Images cliniques

Les images cliniques de cette expérience consistent en des volumes IRM pondérés en T1, T2 et DP de 10 patients atteints de SEP. Toutes les images ont subi le même

flot de traitement : correction des inhomogénéités d'intensité [284], recalage multimodal intra-sujet [63] et extraction du cerveau [285].

Chaque image de chaque patient a été segmentée manuellement par 5 experts. Un étalon (nommé *silver standard*) est construit en considérant que le consensus d'au moins 3 experts sur les 5 est nécessaire pour définir un voxel de lésion. Notre algorithme (CGA) et le logiciel EMS de Van Leemput et coll. [304] sont comparés à ce silver standard en utilisant le CSD. Pour avoir une idée de l'accord entre les experts sur la localisation des lésions, nous avons calculé le CSD moyen inter-expert (CSDIE). Pour chaque couple d'experts, nous calculons le CSD pour chacun des patients, la moyenne de tous ces scores de CSD forme le CSDIE. Nous considérons que l'accord entre experts est bon si le CSDIE est supérieur à 0.7.

5.4.2 Résultats

5.4.2.1 Images synthétiques

La figure 5.6 résume les résultats pour les trois fantômes et les différents jeux de niveaux de bruit et d'inhomogénéité.

Nous pouvons notamment constater que la performance de l'algorithme décroît significativement pour des forts niveaux de bruits (7% et 9%) et pour des niveaux de bruits faibles (1%). Nous avons montré précédemment que l'algorithme de coupe de graphe multispectral est sensible aux forts niveaux de bruit. Pour les niveaux de bruit intermédiaires (3% et 5%), le CSD est au-dessus de 0.7 et nous pouvons donc conclure que les segmentations obtenues sont globalement bonnes.

À l'inverse, l'inhomogénéité d'intensité n'affecte que peu la performance de notre algorithme de segmentation. Les trois courbes de chacun des graphes ont un comportement globalement similaire.

Nous noterons tout de même que le fantôme présentant une charge lésionnelle légère montre des scores de CSD globalement plus faibles que les autres, ceci est raisonnable car une même erreur affecte plus le CSD quand la taille de la cible est faible.

5.4.2.2 Images cliniques

Les résultats de segmentation pour les deux algorithmes que nous comparons sont présentés, avec les scores de CSDIE, dans la table 5.1 et la figure 5.7 montre un résultat typique de ces algorithmes. Globalement, nous pouvons conclure que notre algorithme mène à de meilleures segmentations que l'algorithme EMS.

En effet, notre algorithme obtient de meilleurs scores de CSD que l'algorithme EMS pour 7 des 10 patients. Les patients 1, 2, 3 et 4, présentant de faibles charges lésionnelles ($CL < 2.7ml$) obtiennent de faibles scores pour chacun des deux algorithmes mais aussi pour le consensus des experts ($CSDIE < 0.65$). Ceci peut être partiellement expliqué par le fait que le CSD est sensible à la taille de la cible. Ainsi, le CSD d'un patient avec une charge lésionnelle faible sera plus affecté par une même erreur, en nombre de voxels, que le CSD d'un patient avec une plus forte charge lésionnelle. Qui plus est, les experts eux-

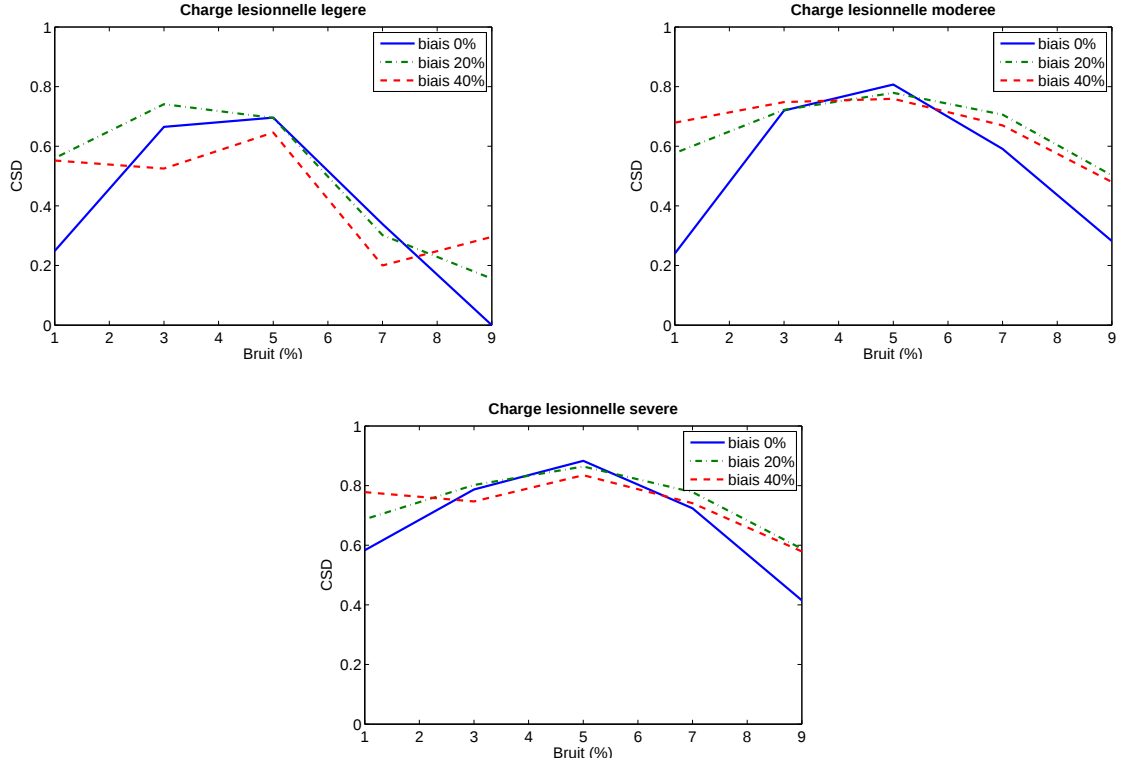


FIG. 5.6 – CSD pour les trois fantômes SEP de BrainWeb en fonction du bruit et du biais. En haut à gauche : charge lésionnelle légère. En haut à droite : charge lésionnelle modérée. En bas : charge lésionnelle sévère.

mêmes ne sont pas d'accord sur la segmentation de ces patients. Concernant les autres patients, le CSD est toujours supérieur au seuil critique de 0.7, montrant ainsi un bon accord avec la segmentation des experts.

5.5 Comparaison avec l'approche semi-automatique

Nous avons comparé les résultats de CGA avec la méthode semi-automatique exposée dans le chapitre 4. La comparaison d'une méthode semi-automatique et d'une méthode automatique n'est pas chose aisée. En effet, puisque la méthode semi-automatique est dépendante de l'utilisateur, les résultats de la segmentation varient avec l'expérience de l'expert dans la détection de lésions de SEP et la méthode de segmentation employée.

Afin de simplifier cette évaluation, nous avons une fois encore simulé les graines en décimant la vérité terrain à la fois de façon aléatoire et par érosion. Cette seconde méthode est d'ailleurs plus réaliste puisqu'un expert sélectionne généralement des voxels dans le coeur des lésions.

Nous avons calculé les scores de la méthode semi-automatique sur le fantôme de

	CL (ml)	CSDIE	EMS	CGA
Patient 1	1.0	0.61	0.41	0.46
Patient 2	1.2	0.64	0.35	0.50
Patient 3	1.4	0.60	0.42	0.38
Patient 4	2.7	0.51	0.48	0.40
Patient 5	2.8	0.70	0.61	0.75
Patient 6	6.0	0.69	0.72	0.71
Patient 7	6.2	0.61	0.69	0.72
Patient 8	20.0	0.81	0.80	0.86
Patient 9	33.9	0.77	0.67	0.75
Patient 10	47.7	0.81	0.71	0.73
Moyenne		0.68	0.59	0.63

TAB. 5.1 – Charge Lésionnelle (CL), CSD inter-expert (CSDIE), CSD pour EMS et pour notre méthode (CGA).

BrainWeb présentant une charge lésionnelle modérée avec 3% de bruit et 20% d'inhomogénéité et nous l'avons comparé à ceux de notre méthode automatique. Ces résultats sont présentés sur la figure 5.8. Le score de CSD obtenu pour notre méthode automatique de coupe de graphe correspond à un pourcentage de graines d'environ 5% pour la décimation aléatoire et 7% de la méthode par décimation par érosion. En l'occurrence, cela signifierait sélectionner aléatoirement environ 175 voxels et jusqu'à 245 selon la méthode employée. Cela montre donc que le gain obtenu en confort d'utilisation grâce à cette méthode est significatif. Toutefois une analyse plus poussée avec des réels experts serait nécessaire pour valider complètement cette conclusion.

5.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons montré comment automatiser notre algorithme de coupe de graphe en utilisant un estimateur robuste de mélange de lois gaussiennes multivariées des TCAN et des tissus anormaux. Cet estimateur robuste nous permet de nous libérer de la contrainte de sélection de graines et permet en outre de retirer l'étape de calcul de mélange de lois gaussiennes à partir des graines que nous utilisons dans le chapitre précédent. Puisque cette estimation n'est plus faite sur un échantillon de la population mais sur la population entière, la précision de ce calcul est plus grande.

L'évaluation d'un algorithme de segmentation dans le domaine de l'imagerie médicale est compliquée à cause de l'absence de vérité terrain. Nous avons employé un fantôme synthétique pour évaluer la robustesse de notre algorithme à différents artefacts d'acquisition. Les expériences sur ces données synthétiques ont montré que notre segmentation était proche de la vérité terrain pour les différents niveaux d'inhomogénéité testés et pour des niveaux standards de bruit. Pour les images très fortement bruitées, une étape de pré-traitement de réduction de bruit semble être nécessaire.

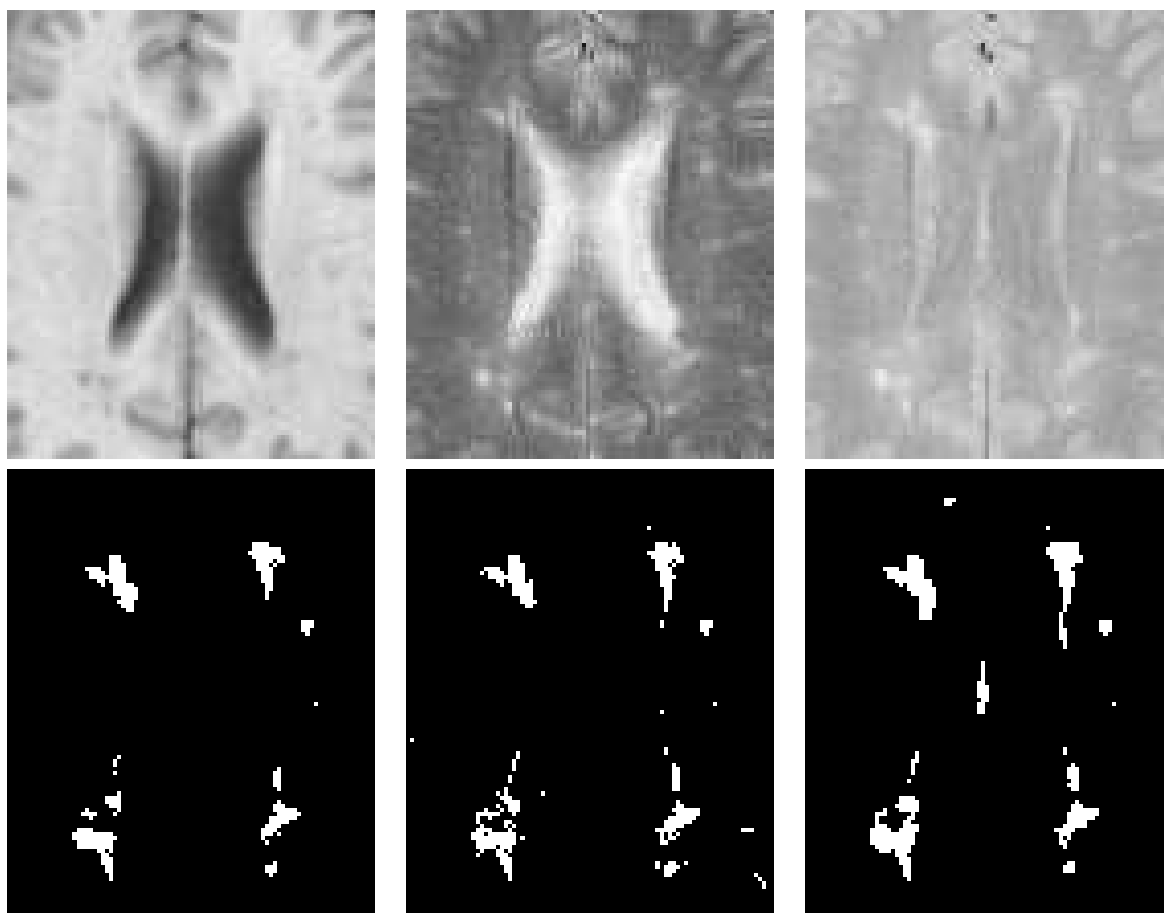


FIG. 5.7 – En haut de gauche à droite : IRM T1, T2 et DP du patient n° 8. En bas, de gauche à droite : consensus inter-expert, résultats d'EMS et résultats de CGA

Cette évaluation synthétique a ensuite été étendue aux images réelles. Nous avons donc choisi de comparer notre algorithme avec cinq experts prenant ainsi en compte la variabilité inter-expert. L'intervention de plusieurs experts permet une évaluation plus précise de notre algorithme. De plus, nous avons comparé notre algorithme avec une des références du domaine, l'algorithme EMS. Nous montrons ainsi que nos résultats sont comparables à ceux obtenus par les experts tout en dépassant ceux obtenus par l'algorithme EMS avec des temps de calcul réduits.

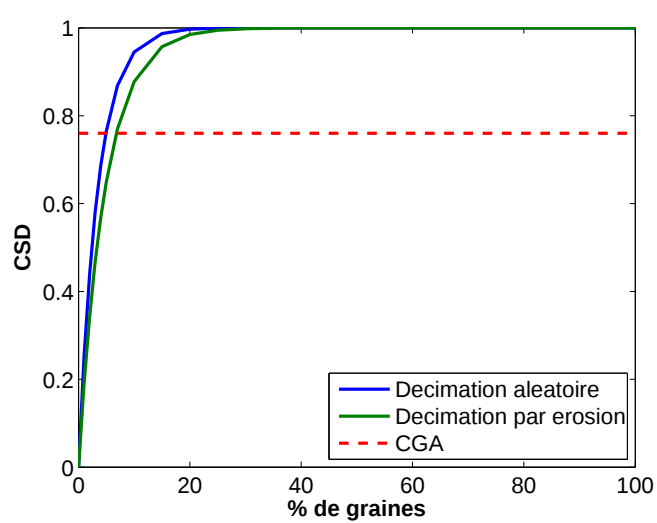


FIG. 5.8 – Résultats de segmentation de lésions de SEP sur BrainWeb (3% de bruit et 20% de biais) pour la méthode semi-automatique et automatique de coupe de graphe.

Chapitre 6

Optimisation du gradient spectral

Savoir n'est pas savoir, si personne d'autre ne sait ce que l'on sait.

Caius Lucilius

6.1 Introduction

Comme nous l'avons dit dans le chapitre 4, de nos jours, les examens d'imagerie clinique se font de plus en plus souvent sur divers canaux d'informations et les images résultantes sont, de fait, de plus en plus multimodales. L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une imagerie multiparamétrique qui permet l'acquisition de séquences pondérées selon l'un des paramètres du signal. C'est l'examen de choix pour l'exploration des pathologies du système nerveux central, comme par exemple la sclérose en plaque (SEP). Par conséquent, pour accéder aux informations complémentaires et pertinentes contenues dans ces données, ces séquences multimodales doivent être prises en compte pour parvenir à une meilleure segmentation des régions d'intérêt.

Plusieurs méthodes de segmentation de lésions de sclérose en plaques [3, 40, 106, 110, 262, 304], développées pour remplacer l'usage de délimitations manuelles, ont montré une grande variabilité des résultats [122] aussi bien inter-individuelle qu'intra-individuelle. Cependant, le principal défaut de ces méthodes est qu'elle ne permettent pas d'affiner itérativement des résultats lorsque nécessaire.

La méthode semi-automatique des coupes de graphes [30] est capable de donner efficacement une solution optimale pour l'utilisation conjointe d'informations de frontières et de régions d'une façon similaire aux champs aléatoires de Markov.

Dans un autre champ d'application, les travaux de Ali et coll. [6] utilisent des données multimodales mais sont restreints à des images en deux dimensions. Ainsi, ils ne peuvent pas assurer de cohérence spatiale à la solution de segmentation pour des images en trois dimensions.

Dans le chapitre 4, nous avons proposé d'utiliser la méthode de coupe de graphe combinée avec une technique de gradient spectral colorimétrique [114] pour accomplir la segmentation de trois séquences IRM vues comme une seule image en couleur. Le gradient spectral est basé sur un paradigme psycho-visuel et, en tant que tel, peut être

sous-optimal pour les IRM.

Dans cette étude, nous avons proposé une technique d'apprentissage d'un gradient spectral optimisé. Ce gradient optimisé a ensuite été utilisé dans un contexte de coupe de graphe pour réaliser la segmentation d'images multimodales. Nous avons évalué cette méthode sur des données cliniques et synthétiques dans le contexte de la segmentation automatique des lésions de sclérose en plaques.

6.2 Méthodes

Le gradient spectral est un opérateur lié aux travaux d'espace-échelle qui utilise non pas l'intensité lumineuse mais la longueur d'onde de la couleur pour trouver les contours des objets. Or, utiliser ce gradient spectral, basé sur un contexte psycho-visuel, peut être sous-optimal pour le type d'image que nous considérons puisque les images médicales ne sont pas des images naturelles. Nous proposons d'apprendre un nouvel espace spectral qui optimise la séparabilité des séquences considérées puis d'utiliser ce nouvel espace sur d'autres sujets avec la même combinaison de séquences multimodales.

Dans les sections suivantes, nous reviendrons brièvement sur le gradient spectral colorimétrique puis nous expliquerons la recherche du nouveau gradient multispectral optimisé.

6.2.1 Gradient spectral colorimétrique

Dans notre approche précédente [180, 179], nous avons proposé d'utiliser le gradient spectral colorimétrique, introduit par Geusebroek et coll. [114], en tant qu'information de frontière. Nous construisons une image couleur de type RVB en assignant à chaque canal colorimétrique une des trois modalités (*e.g.* des séquences IRM).

Geusebroek et coll. ont apporté la preuve [114] que le gradient spectral peut être calculé à partir du spectre réfléchi d'une surface (e) et de ses dérivées, première et seconde, par rapport à la longueur d'onde (e_λ , $e_{\lambda\lambda}$). Ces trois termes, vus en tant que vecteur colonne E , peuvent être approximés très finement en multipliant simplement les valeurs RVB de l'image (vus comme un vecteur colonne $\mathcal{V}$) par une matrice de projection $\mathcal{M}$:

$$E = \mathcal{M} \cdot \mathcal{V} \quad (6.1)$$

Enfin, en utilisant cet espace multispectral, nous pouvons définir deux opérateurs dont les propriétés permettent de trouver les arêtes colorimétriques :

$$\varepsilon = \frac{1}{e} \cdot \frac{\partial e}{\partial \lambda} = \frac{e_\lambda}{e} \text{ et } \varepsilon_\lambda = \frac{\partial \varepsilon}{\partial \lambda} = \frac{e \cdot e_{\lambda\lambda} - e_\lambda^2}{e^2} \quad (6.2)$$

Ainsi, on peut trouver les transitions bleu-jaune en utilisant la norme du gradient de premier ordre :

$$\Gamma = \sqrt{(\partial_x \varepsilon)^2 + (\partial_y \varepsilon)^2 + (\partial_z \varepsilon)^2} \quad (6.3)$$

De même, la norme du gradient de second ordre permet la détection des transitions violet-vert :

$$\begin{aligned}\Upsilon &= \sqrt{(\partial_{x,\lambda}\varepsilon)^2 + (\partial_{y,\lambda}\varepsilon)^2 + (\partial_{z,\lambda}\varepsilon)^2} \\ &= \sqrt{(\partial_x\varepsilon_\lambda)^2 + (\partial_y\varepsilon_\lambda)^2 + (\partial_z\varepsilon_\lambda)^2}\end{aligned}\tag{6.4}$$

Ces deux quantités peuvent être ajoutées et ainsi définir un opérateur détectant toutes les arêtes colorimétriques :

$$\aleph = \sqrt{\Gamma^2 + \Upsilon^2}$$

6.2.2 Optimisation de l'espace multispectral

Le gradient spectral colorimétrique, défini par Geusebroek et coll. [114], est basé sur un paradigme psycho-visuel, ce qui peut être problématique puisque les images médicales ne se comportent pas comme des images naturelles. Par conséquent, le gradient spectral colorimétrique ne peut pas assurer l'optimalité de la décomposition spectrale des images multimodales. Pour enlever cette limitation, nous proposons de créer un espace multispectral optimisé qui diffère de $(e, e_\lambda, e_{\lambda\lambda})$ afin d'améliorer la séparabilité des modalités complémentaires.

L'étape d'apprentissage de l'algorithme est basée sur des données pour lesquelles la vérité terrain est connue (par exemple des fantômes ou des délinéations par un expert).

L'algorithme apprend les paramètres optimisés d'une nouvelle matrice carrée $\widetilde{\mathcal{M}}$ de taille 3×3 pour remplacer la matrice de l'équation 6.1. Dans ce nouveau contexte, le vecteur d'entrée n'est pas constitué des valeurs RVB d'une base multimodale mais des différentes modalités.

Nous avons choisi d'utiliser le Coefficient de Similarité de Dice (CSD) [85] comme mesure de coût pour l'optimisation puisqu'il est efficace pour la comparaison quantitative de deux segmentations. Un score supérieur à 0.7 indique un bon résultat, notamment dans le cas de petites structures. Formellement, il est équivalent dans ce contexte à l'indice Kappa [343]. Le CSD est calculé comme suit :

$$CSD = 2 \cdot \frac{Card(Res \cap VT)}{Card(Res) + Card(VT)}\tag{6.5}$$

Res étant le résultat de la segmentation et VT la vérité terrain.

Pour des ensembles donnés de graines $\mathcal{F}$ et $\mathcal{O}$ ainsi qu'une vérité terrain, nous pouvons calculer un score de CSD pour la segmentation obtenue via notre algorithme de coupe de graphe. En se basant sur cette mesure, nous voulons trouver une matrice qui maximise ce CSD. En d'autres termes, trouver $\widetilde{\mathcal{M}}$ tel que :

$$\widetilde{\mathcal{M}} = \arg \max_{\mathcal{M}} CSD = \arg \max_{\mathcal{M}} f(\mathcal{M})\tag{6.6}$$

Pour l'optimisation, nous avons utilisé l'algorithme NEWUOA de Powell et coll. [244] car il a été montré que celui-ci était très efficace pour atteindre la matrice optimale dans des applications de recalage linéaire [319], ce qui est similaire à notre problème. Ainsi, cet optimum est atteint même avec des initialisations très différentes que ce soit pour les paramètres de la matrice ou les ensembles de graines pour la source et le puits requis par l'algorithme de coupe de graphe.

L'implémentation est directe : la première étape est de développer une matrice optimale à partir d'une combinaison donnée de modalités. La seconde étape utilise cette matrice optimale afin de segmenter des jeux d'images présentant le même ensemble de modalités.

6.2.2.1 Quelques mots sur NEWUOA

Notre problème d'optimisation de segmentation est ici exprimé sous la forme d'une maximisation d'un critère de similarité entre la vérité terrain et la segmentation obtenue par la méthode décrite dans le chapitre précédent mais avec une matrice $\widetilde{\mathcal{M}}$ différente.

Différentes techniques d'optimisation utilisent un calcul de dérivées mais l'expression de la dérivée analytique de notre fonction de similarité décrite par l'équation 6.6 par rapport aux paramètres de la matrice n'existe pas. De plus, estimer cette dérivée avec des techniques d'approximation discrète est un processus bien trop coûteux en temps de calcul. Ainsi, nous proposons d'utiliser un algorithme qui permet l'optimisation d'un très grand nombre de variables appelé NEWUOA (NEW Unconstrained Optimisation Algorithm) afin d'obtenir les paramètres optimaux de la matrice $\widetilde{\mathcal{M}}$ au sens de la maximisation du coefficient de similarité de Dice.

Les algorithmes d'optimisation utilisent souvent un modèle de la fonction F à optimiser, appelée fonction de coût. En 1973, Winfield [321] proposa le premier un modèle d'interpolation de la fonction de coût F . L'idée générale est de construire un modèle F_m pour correspondre à F en différents points d'échantillonnage. L'optimum de F_m est alors considéré comme étant aussi celui de F . Dans le cas d'une fonction non quadratique cette hypothèse est fautive, c'est pourquoi le modèle F_m est mis à jour par la valeur de F correspondant à l'optimum de F_m . Ce processus est ensuite itéré jusqu'à ce qu'un critère d'arrêt soit atteint.

L'algorithme NEWUOA de Powell et coll. [244] construit le modèle F_m à partir de m échantillons de la fonction F . En théorie, une interpolation quadratique d'une fonction requiert au minimum $m = \frac{1}{2}(n+1)(n+2)$ échantillons pour un problème de dimension n . Ici, une approximation de F_m est construite à partir d'un nombre réduit d'échantillon de F en ajoutant notamment des contraintes sur les dérivées secondes et premières de F_m (pour plus de détails, consulter la section 3 de l'article de Powell et coll. [244]).

Le point de départ de l'algorithme (noté x_0) correspond aux paramètres initiaux fournis par l'utilisateur, ici ce sont les paramètres de la matrice originelle $\mathcal{M}$. Les points d'interpolation sont sélectionnés autour de ce point dans un rayon défini par l'utilisateur que l'on nomme "région de confiance". Le modèle F_m est construit à partir de ces échantillons et l'optimum x_{new} de F_m dans cette région de confiance est calculé. Le modèle F_m est ensuite reconstruit en remplaçant le point d'interpolation le plus éloigné de x_{new}

par x_{new} . La région de confiance est réduite dès que F_m ne parvient plus à trouver un optimum de F .

L'algorithme s'arrête soit lorsque la région de confiance atteint un seuil critique (noté R_{min}) défini au préalable par l'utilisateur, soit lorsque le modèle F_m est suffisamment proche (à d_{end} près) de F .

La réduction du nombre de points d'échantillonnage, et donc du nombre d'appels à la fonction F , accélère l'algorithme, ce qui est particulièrement intéressant quand la fonction de coût requiert beaucoup de temps de calcul. L'algorithme NEWUOA est plus efficace quand le nombre d'échantillons est au moins $m = 2n + 1$, qui correspond au nombre d'échantillons sélectionnés dans nos expérimentations.

Cet algorithme peut être résumé sous la forme suivante, dans le cas de la recherche d'un maximum :

Algorithme 2 NEWUOA

ENTRÉES : une fonction F , un jeu de paramètres initiaux x_0 , un nombre m de points d'échantillonnage, un rayon R de région de confiance, un rayon R_{min} de région de confiance, une distance d'arrêt d_{end}

SORTIES : un jeu de paramètre optimaux et l'optimum de F

```

 $x_{new} \leftarrow x_0$ 
Region_Confiance  $\leftarrow \{R, x_0\}$ 
 $F_m \leftarrow$  un modèle quadratique de  $F$  à partir de  $m$  points autour de  $x_0$  dans Region_Confiance
tant que  $(R > R_{min})$  ou  $(|F_m(x_{new}) - F(x_{new})| > d_{end})$  faire
     $x_{old} \leftarrow x_{new}$ 
     $x_{new} \leftarrow$  maximum de  $F_m$  dans Region_confiance
     $F_m \leftarrow$  un modèle quadratique de  $F$  à partir de  $m$  points autour de  $x_{new}$  dans Region_Confiance
    si  $(F(x_{new}) - F(x_{old})) \leq 0$  alors
         $R \leftarrow$  Diminuer( $R$ )
        Region_Confiance  $\leftarrow \{R, x_{new}\}$ 
    fin si
fin tant que
retourner  $x_{new}$  et  $F(x_{new})$ 

```

6.2.2.2 Critères d'évaluation

Pour évaluer cette méthode, nous avons utilisé deux approches différentes. D'une part, nous voulions savoir si une matrice optimisée pour un individu dont la vérité terrain est connue améliore aussi la segmentation d'autres individus avec les mêmes jeux de séquences. Pour cela, nous avons utilisé l'algorithme d'optimisation sur chacun des n sujets des différentes études, calculant ainsi n matrices optimales pour chaque étude. Ensuite, nous avons utilisé chaque matrice pour les $n - 1$ autres sujets, nous avons donc

obtenu $n \times n$ scores de CSD et nous avons comparé ces n vecteurs de score par une ANOVA (ANalysis Of VAriance) afin d'évaluer la significativité statistique des résultats obtenus par rapport au gradient spectral colorimétrique classique.

D'autre part, nous désirions savoir si l'apprentissage des paramètres de la matrice sur un jeu restreint de données permettait d'approcher l'optimum de la segmentation. Ainsi, nous avons pratiqué une validation croisée par la méthode du *Leave One Out*. Nous avons cherché la matrice $\tilde{\mathcal{N}}_i$ qui optimise le CSD de $n - 1$ sujets, i étant le numéro du sujet n'entrant pas dans le calcul de cette matrice :

$$\tilde{\mathcal{N}}_i = \arg \max_{\mathcal{M}} \sum_j CSD \quad \forall i, j \in [1; n], i \neq j \quad (6.7)$$

Puis nous avons appliqué cette matrice au n -ième sujet (en l'occurrence, le sujet i) et avons calculé le CSD ainsi obtenu.

6.3 Matériel

Nous avons réalisé des expériences sur deux jeux de modalités IRM. Tout d'abord, sur des données synthétiques avec des lésions de sclérose en plaques obtenues sur Brain-Web [65] avec trois différents cas présentant respectivement une charge lésionnelle faible, modérée ou sévère. Nous avons construit le vecteur d'entrée $\mathcal{V}$ à partir de séquences IRM simulées et pondérées en T1, T2 et densité de proton (DP). Les trois images appartiennent au même sujet, sont recalées dans le même espace et sont constituées de 217 coupes de 181×181 voxels isométriques de 1 mm avec différents niveaux de bruit — 0%, 1%, 3%, 5%, 7% et 9% de bruit (relativement au tissu le plus clair de l'image) — et différents niveaux d'inhomogénéité d'intensité — 0%, 20% et 40% — afin de tester la robustesse aux artefacts.

Ensuite, nous avons validé notre approche sur des IRM cliniques avec des lésions de sclérose en plaques pour lesquelles nous possédons une vérité terrain, consistant en des segmentations manuelles par un expert. Nous avons utilisé quatorze sujets avec des séquences pondérées en T1, T2, T1 avec injection de Gadolinium, Densité de Proton et FLAIR. Nous n'avons considéré que trois combinaisons (celles détaillées dans le chapitre précédent) puisque ce sont celles susceptibles d'être utilisées en routine clinique. Pour chacune des combinaisons, les trois images ont été recalées dans le même espace [63]. Les données ont été acquises sur une IRM Philips ACHIEVA 3T avec des images T1 3D isométriques de résolution 1 mm, des images T2 en coupe axiale de 3 mm d'épaisseur et des images FLAIR 2D avec des coupes de 3 mm d'épaisseur. Sur ces données cliniques, les inhomogénéités d'intensité [284] et le bruit [76] ont été corrigés. Les volumes présentent différentes charges lésionnelles (c'est-à-dire le volume de l'ensemble des lésions) représentant différents stades d'évolution de la maladie.

6.4 Résultats

L'objectif principal est d'améliorer la segmentation de données pathologiques. Par conséquent, nous ne montrons la performance de la méthode que sur ce type de données. Pour valider notre approche, nous avons travaillé à la fois sur des données synthétiques et cliniques.

Le temps total pour l'optimisation d'un seul jeu de séquences est d'environ 500 secondes sur un ordinateur portable (Dual Core cadencé à 2.16 GHz avec 2 Go de RAM, sous Linux), peu importe l'ordre et la nature des séquences.

6.4.1 Données synthétiques avec sclérose en plaques

En utilisant le schéma proposé dans ce chapitre, nous sommes capables, pour chacun des trois sujets i , de calculer une matrice $\widetilde{\mathcal{M}}_i$ qui optimise la fonction de coût (ici, le CSD). Nous voulons montrer que ces matrices "optimales" de projection dans un sous-espace spectral sont statistiquement équivalentes par rapport au résultat optimal attendu. Pour cela, nous avons utilisé chacune des matrices pour chacun des deux autres sujets et calculé le CSD des segmentation obtenues.

Sujet	1	2	3
Charge lésionnelle	Légère	Modérée	Sévère
$\mathcal{M}$	0.7787	0.7602	0.7804
$\widetilde{\mathcal{M}}_1$	0.8612	0.8417	0.8301
$\widetilde{\mathcal{M}}_2$	0.8514	0.8852	0.8528
$\widetilde{\mathcal{M}}_3$	0.8316	0.8224	0.8903

TAB. 6.1 – Les scores de CSD obtenus avec $\widetilde{\mathcal{M}}_i$, la matrice optimale du sujet i (avec $i \in [1; 3]$), sont meilleurs que ceux obtenus pour $\mathcal{M}$ (matrice originale du gradient spectral colorimétrique). Les nombres en gras sont les CSD optimisés pour chaque sujet. Les images présentent ici 3% de bruit et 20% d'inhomogénéité d'intensité

Le tableau 6.1 présente les résultats pour un niveau de bruit de 3% et 20% d'inhomogénéité d'intensité. Il montre que chaque matrice optimale permet une meilleure segmentation des lésions de sclérose en plaques que le gradient spectral colorimétrique. En effet, on voit que les scores de CSD obtenus avec $\widetilde{\mathcal{M}}_i$, la matrice optimale du sujet i (avec $i \in [1; 3]$), sont meilleurs que ceux obtenus pour $\mathcal{M}$ (matrice originale du gradient spectral colorimétrique). Le temps moyen de calcul pour une segmentation est de 71.5

secondes par sujet sur un ordinateur portable (Dual Core cadencé à 2.16 GHz avec 2 GO de RAM, sous Linux).

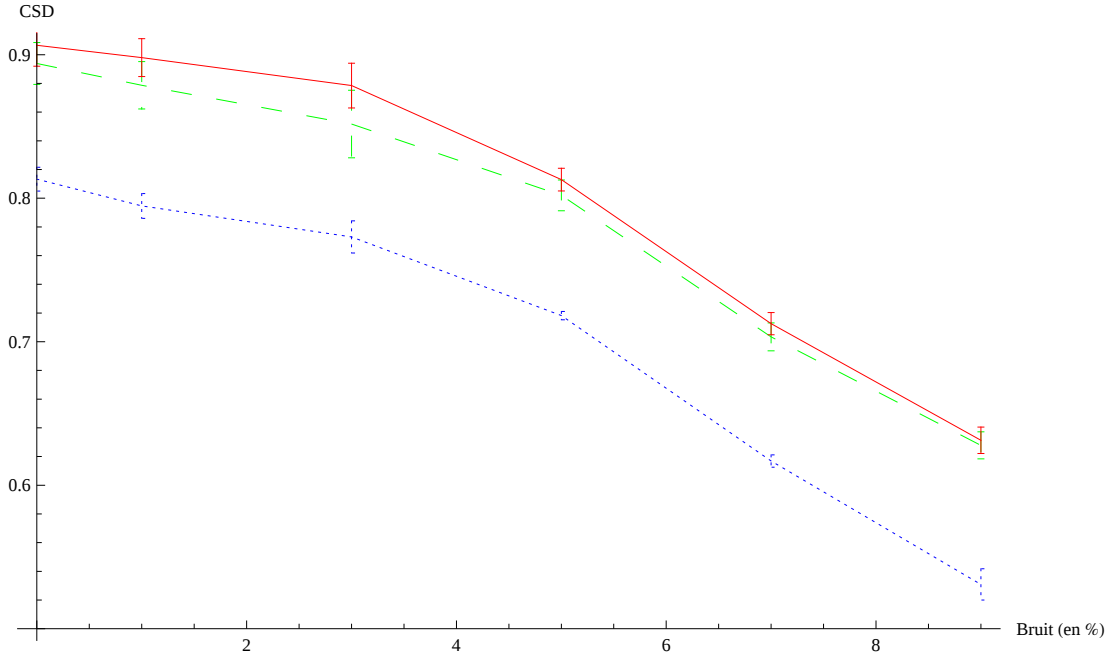


FIG. 6.1 — Le Coefficient de Similarité de Dice décroît quand le niveau de bruit augmente. En bleu (pointillé fin) : Moyenne des résultats avec la matrice origine. En vert (pointillé large) : Moyenne des résultats des matrices optimisées. En rouge (trait plein) : Moyenne des résultats optimaux.

La figure 6.1 montre l'évolution du CSD en fonction du niveau de bruit, pour un niveau d'inhomogénéité d'intensité fixé (en l'occurrence 0% ici). La courbe bleue montre la moyenne des résultats obtenus avec la matrice $\mathcal{M}$ du gradient spectral colorimétrique, la courbe verte indique la moyenne des résultats obtenus avec les matrices optimisées $\tilde{\mathcal{M}}_i$ et la courbe rouge nous présente la moyenne des résultats optimaux. Les trois courbes ont un comportement similaire et le CSD décroît quand le niveau de bruit augmente : notre algorithme est donc sensible au bruit. Néanmoins, on peut voir que pour des niveaux de bruit faibles (1 et 3%), la qualité de segmentation n'est que peu affectée. En revanche, cette qualité chute drastiquement ensuite et la différence entre les résultats optimaux et les résultats des matrices optimisées s'atténue.

La figure 6.2 nous montre l'évolution du CSD en fonction du niveau d'inhomogénéité, pour un niveau de bruit fixé (en l'occurrence 0% ici). Les trois courbes représentent les mêmes groupes de résultats que sur la figure précédente. Cette figure montre clairement que le CSD est presque insensible aux inhomogénéités d'intensité de l'image. On constate que, même pour des niveaux d'inhomogénéité élevés (40%), la qualité de segmentation est quasi-constante.

Contrairement aux méthodes de segmentation basées sur des mélanges de lois gaussi-

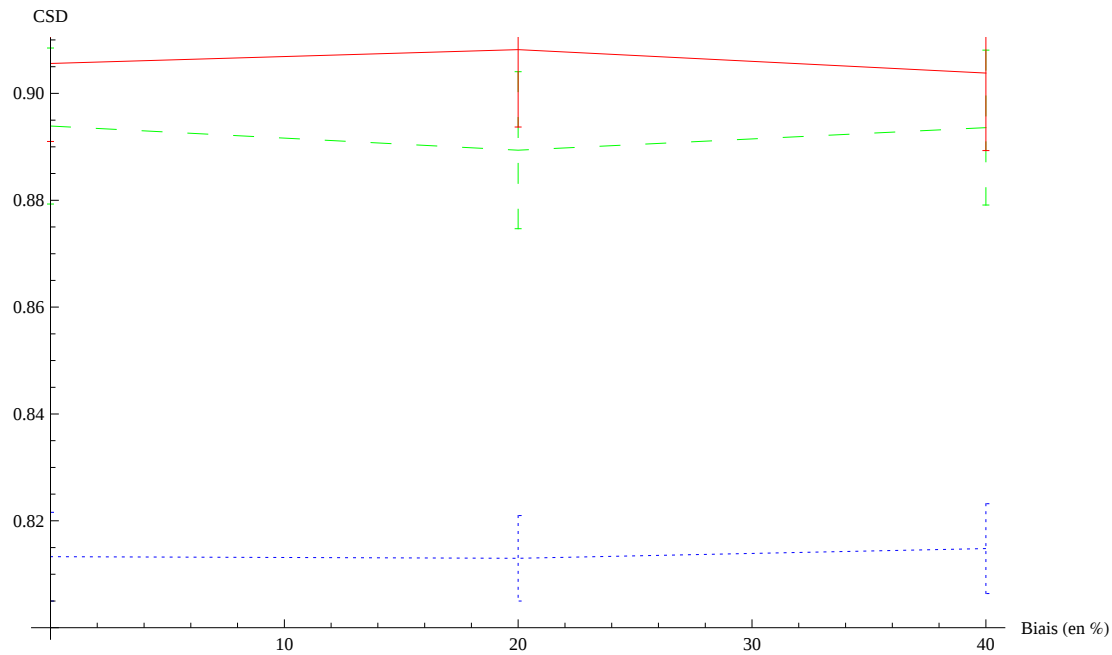


FIG. 6.2 – Le Coefficient de Similarité de Dice reste plus ou moins constant en fonction du niveau d'inhomogénéité d'intensité. En bleu (pointillé fin) : Moyenne des résultats avec la matrice d'origine. En vert (pointillé large) : Moyenne des résultats des matrices optimisées. En rouge (trait plein) : Moyenne des résultats optimaux.

ennes, notre approche est moins voire pas sensible au biais, artefact difficile à corriger en pratique, et nécessite donc moins de pré-traitement ; cela est dû à l'utilisation du gradient spectral.

6.4.2 Données cliniques avec sclérose en plaques

En utilisant le même protocole expérimental que pour les données synthétiques, nous avons calculé une matrice optimisée pour nos quatorze sujets. Un expert a manuellement segmenté les lésions et nous avons utilisé ces segmentations comme vérité terrain.

Ensuite, nous avons utilisé chacune des matrices optimisées pour chacun des treize autres sujets, obtenant ainsi 196 scores pour l'espace spectral optimisé. Une fois encore, nous avons comparé ces valeurs à celles obtenues quand nous appliquons l'algorithme de coupe de graphe avec la matrice originale du gradient spectral colorimétrique.

Les figures 6.3, 6.4 et 6.5 présentent ces résultats pour chacune des combinaisons considérées (à savoir TTF, TTP et TGF) et montrent que les matrices optimales réalisent en général une meilleure segmentation que la matrice colorimétrique. Pour chacune des combinaisons, nous avons simulé les graines, d'ordinaire sélectionnées par un utilisateur, par une décimation aléatoire de la vérité terrain. Nous avons choisi d'évaluer les performances de notre algorithme pour des jeux de graines équivalents à 2.5%, 5% et 7.5% de

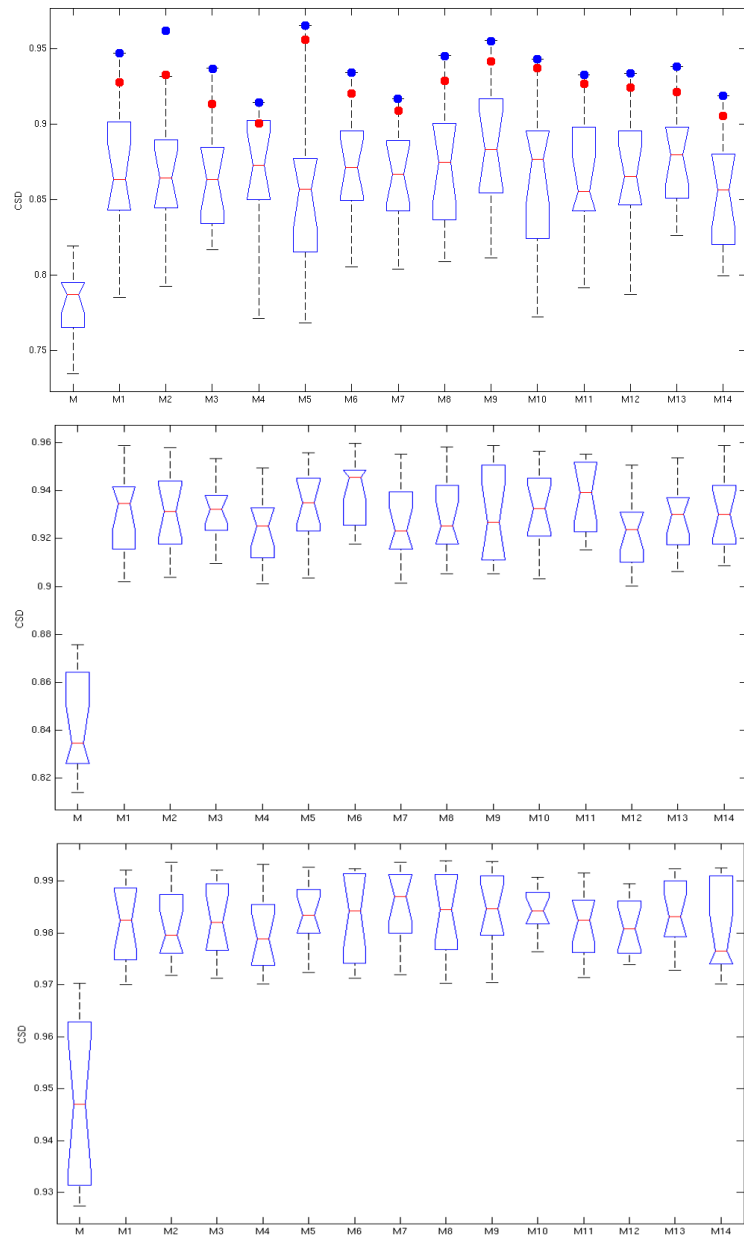


FIG. 6.3 – Comparaison de la performance des différentes matrices sur des données cliniques TTF. En haut : les sources représentent 2.5% de la vérité terrain. Au milieu : les sources représentent 5% de la vérité terrain. En bas : les sources représentent 7.5% de la vérité terrain. Les meilleurs scores de chaque sujet sont obtenus avec la matrice optimale correspondante. La boîte à moustaches de la colonne i représentent l'étendue des scores de CSD obtenus pour chacun des 14 sujets. Les points bleus représentent les scores de CSD de la segmentation optimale de chaque sujet. Les points rouges représentent les résultats de la validation croisée.

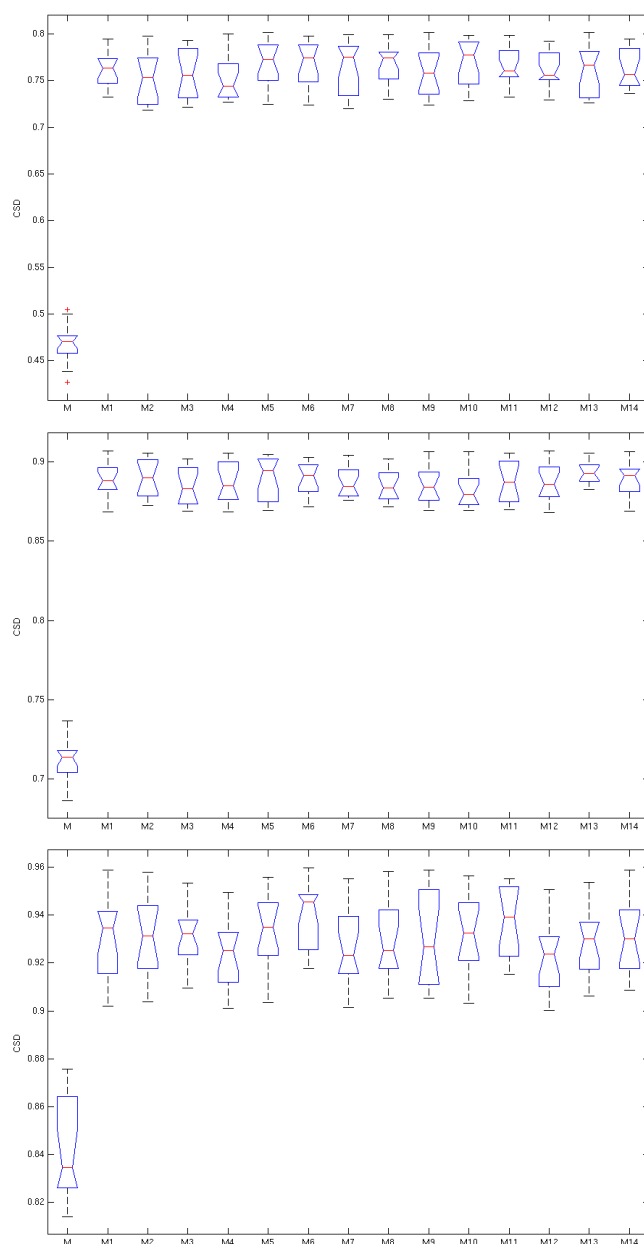


FIG. 6.4 – Comparaison de la performance des différentes matrices sur des données cliniques TTP. En haut : les sources représentent 2.5% de la vérité terrain. Au milieu : les sources représentent 5% de la vérité terrain. En bas : les sources représentent 7.5% de la vérité terrain. Les meilleurs scores de chaque sujet sont obtenus avec la matrice optimale correspondante. La boîte à moustaches de la colonne i représentent l'étendue des scores de CSD obtenus pour chacun des 14 sujets.

la vérité terrain. Le temps moyen de calcul pour une segmentation est de 69.5 secondes par sujet sur un ordinateur portable (Dual Core cadencé à 2.16 GHz avec 2 GO de RAM,

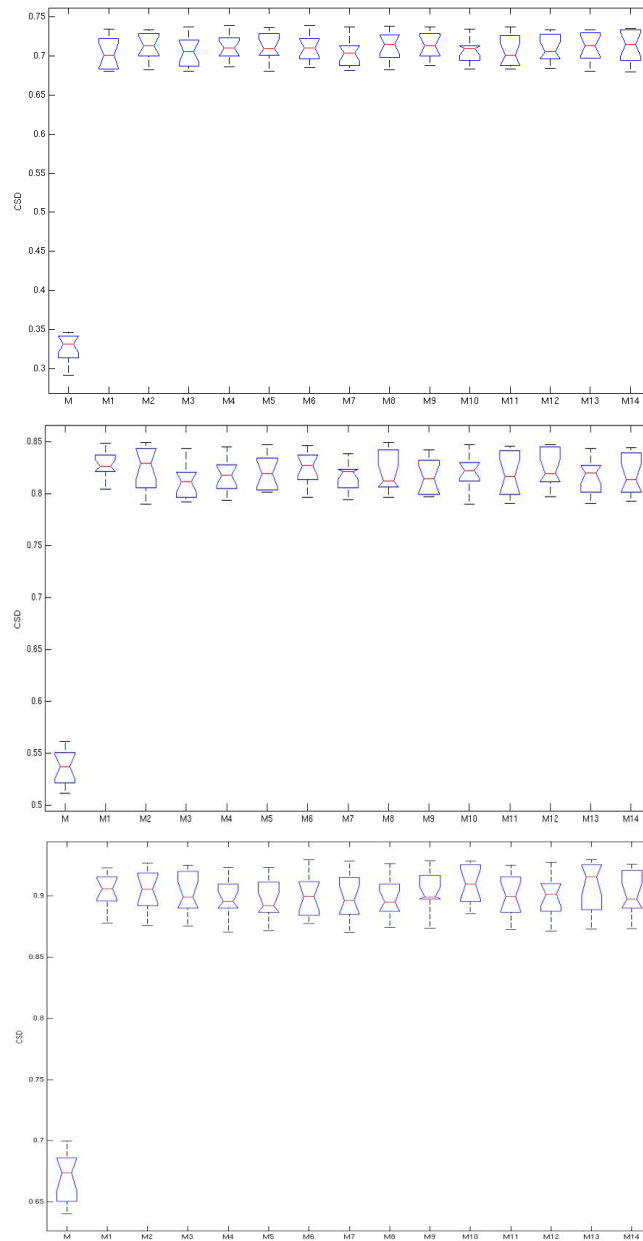


FIG. 6.5 – Comparaison de la performance des différentes matrices sur des données cliniques TGF. En haut : les sources représentent 2.5% de la vérité terrain. Au milieu : les sources représentent 5% de la vérité terrain. En bas : les sources représentent 7.5% de la vérité terrain. Les meilleurs scores de chaque sujet sont obtenus avec la matrice optimale correspondante. La boîte à moustaches de la colonne i représentent l'étendue des scores de CSD obtenus pour chacun des 14 sujets.

sous Linux).

Nous attirons l'attention du lecteur sur les différentes échelles des différents graphes.

On notera que le seuil critique de 0.7 de CSD est dépassé avec la version optimisée de notre algorithme dès 2.5% pour les combinaisons TTF et TTP et atteint en moyenne pour TGF (cette combinaison étant celle qui amène aux scores de CSD les plus faibles, il est souvent nécessaire de donner plus de graines à l'algorithme). Quand plus de graines sont données, nous remarquons évidemment que les scores de CSD augmentent mais aussi que la variance des scores de chaque matrice optimisée est réduite.

Nous pouvons voir sur les figures 6.6 et 6.7 que la version optimisée de l'algorithme corrige la plupart des voxels mal classifiés, qu'ils soient faux négatifs ou faux positifs.

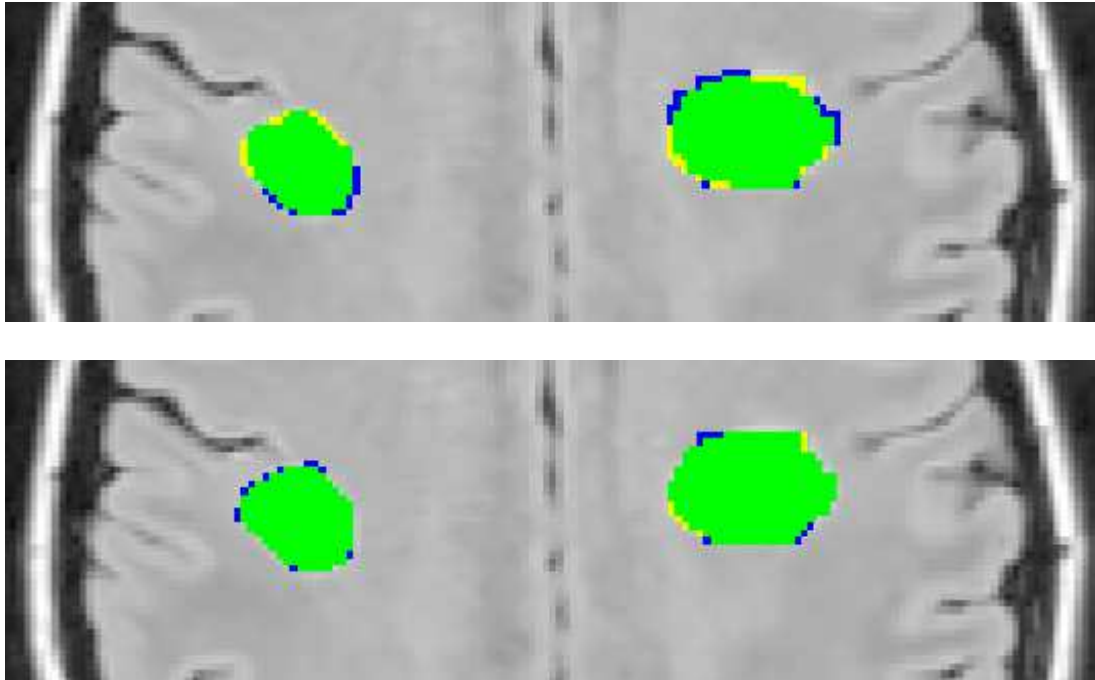


FIG. 6.6 – En haut : résultat de segmentation des données cliniques avec l'algorithme classique. En bas : résultat de segmentation des données cliniques avec l'algorithme optimisé. Vert = pixel correctement classifié; Bleu = faux positif; Jaune = faux négatif

Nous avons ensuite réalisé une validation croisée par la méthode du “Leave One Out” en utilisant les différentes matrices et jeux de données. Ces résultats sont présentés sur la figure 6.3 sous la forme de points rouges. Le point rouge de la colonne i représente le CSD obtenu avec la matrice $\mathcal{N}_i$ définie par l'équation 6.7. Nous pouvons constater que les segmentations obtenues sont proches de la segmentation optimale. Le tableau 6.2 présente les résultats sous forme numérique pour la combinaison TTF avec 2.5% de graines. Les comportements des différentes combinaisons et nombres de graines étant similaires, nous n'avons pas jugé utile de les adjoindre.

Ce tableau nous montre que l'apprentissage des paramètres de projection dans un sous-espace multispectral peut être fait sur un jeu limité de données avec un comportement quasi-optimal (avec un écart de 1.55% en moyenne).

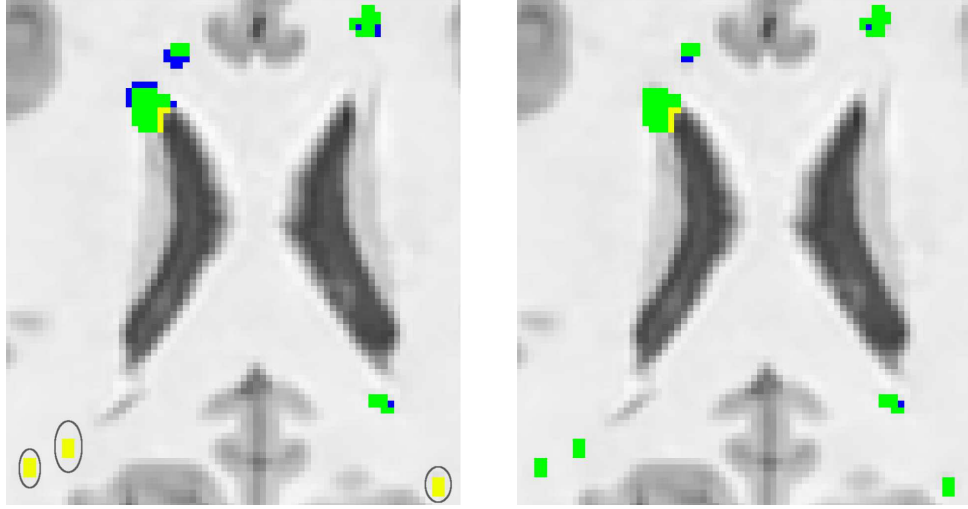


FIG. 6.7 – À gauche : résultat de segmentation des données cliniques avec l'algorithme classique. À droite : résultat de segmentation des données cliniques avec l'algorithme optimisé. Vert = pixel correctement classifié; Bleu = faux positif; Jaune = faux négatif. Les ellipses sur l'image de gauche montrent l'emplacement des lésions manquées.

Sujet	1	2	3	4	5	6	7
Score pour $\mathcal{M}$	0.7953	0.7347	0.7458	0.7889	0.7904	0.8191	0.7654
Score pour $\widetilde{\mathcal{M}}_i$	0.9467	0.9616	0.9370	0.9141	0.9653	0.9341	0.9166
Score pour $\mathcal{N}_i$	0.9258	0.9312	0.9124	0.8997	0.9562	0.9201	0.9087
Sujet	8	9	10	11	12	13	14
Score pour $\mathcal{M}$	0.8002	0.7742	0.8054	0.7905	0.7854	0.7566	0.7684
Score pour $\widetilde{\mathcal{M}}_i$	0.9453	0.9552	0.9429	0.9326	0.9338	0.9382	0.9186
Score pour $\mathcal{N}_i$	0.9284	0.9412	0.9374	0.9261	0.9242	0.9210	0.9048

TAB. 6.2 – Comparaison des scores de CSD obtenus en utilisant les matrices $\mathcal{M}$, $\widetilde{\mathcal{M}}_i$ et $\mathcal{N}_i$.

6.4.3 Signification statistique des résultats

Pour quantifier les différences entre les résultats obtenus avec les matrices optimales et ceux obtenus avec la matrice colorimétrique dans l'expérience avec les données syn-

thétiques, nous avons lancé une ANOVA sur ces données avec comme hypothèse nulle l'homogénéité des groupes de résultats. Nous discuterons ici des résultats présentés dans le tableau 6.1, les résultats des autres configurations de bruit et d'inhomogénéité étant similaires.

Ainsi la *p-value* des quatre groupes de résultats ensemble est de $8.3 \cdot 10^{-3}$ avec $F = 8.084$, ce qui signifie qu'il existe une différence statistique entre ces groupes.

A l'inverse, la *p-value* des trois groupes utilisant les matrices optimisées est de 0.75 avec $F = 0.3080$. Cela montre que les résultats obtenus pour les matrices optimisées sont significativement meilleurs comparativement à ceux obtenus en appliquant la matrice du gradient spectral colorimétrique. Cela démontre aussi que les matrices optimisées forment un groupe homogène. Ainsi, nous sommes capables de trouver une décomposition optimale à partir d'un jeu de données d'apprentissage et d'appliquer cette décomposition à de nouveaux sujets sans dévier de l'intervalle optimal.

De même, dans l'expérience sur données cliniques, nous avons lancé une ANOVA sur les données afin de quantifier les différences entre les résultats. La *p-value* des quinze groupes de CSD est de $2 \cdot 10^{-7}$ avec $F = 4.724$, montrant qu'il existe une différence statistique entre les groupes, tandis que la *p-value* des quatorze groupes de résultats obtenus avec les matrices optimisées est de 0.89 avec $F = 0.5368$. Une fois de plus, les matrices optimisées réalisent des segmentations statistiquement meilleures que la matrice originale.

L'homogénéité des résultats des matrices optimisées montre qu'il est possible d'utiliser un volume possédant une vérité terrain comme échantillon d'entraînement et de réaliser une segmentation précise et exacte en utilisant la matrice optimisée apprise sur l'échantillon pour d'autres sujets avec les mêmes séquences. Les résultats de la validation croisée montrent qu'il est en outre possible d'approcher la segmentation optimale en incluant une faible base d'apprentissage.

6.5 Extension à plus de 3 modalités

Comme nous l'avons expliqué dans le chapitre précédent, la signature multidimensionnelle des tissus cérébraux se fait plus précise quand augmente le nombre de modalités. Mais notre modèle n'existe que pour trois modalités considérées comme les différents canaux d'une image en couleurs. Nous présentons dans cette section la généralisation de notre méthode à plus de trois modalités.

6.5.1 Généralisation du calcul du gradient spectral

Notre idée est, ici, d'utiliser l'algorithme d'optimisation NEWUOA pour adapter notre méthode à plus de 3 modalités. En effet, en considérant une matrice de transformation $\mathcal{M}$ non plus de taille 3×3 mais de taille $n \times 3$ où chacun des nouveaux éléments peut être initialisé quasiment aléatoirement (*e.g.* avec des 0). Le reste de la technique de calcul de gradient multispectral reste similaire.

La base de cette nouvelle méthode est d'utiliser nos n modalités pour calculer le vecteur $E(e, e_\lambda, e_{\lambda\lambda})$:

$$E = \begin{pmatrix} \mathcal{M}_{11} & \mathcal{M}_{12} & \cdots & \mathcal{M}_{1n} \\ \mathcal{M}_{21} & \mathcal{M}_{22} & \cdots & \mathcal{M}_{2n} \\ \mathcal{M}_{31} & \mathcal{M}_{32} & \cdots & \mathcal{M}_{3n} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} IRM\ 1 \\ IRM\ 2 \\ \vdots \\ IRM\ n \end{pmatrix} \quad (6.8)$$

Nous appliquons ensuite le même procédé de calcul de la matrice optimisée, à savoir, pour des ensembles donnés de graines $\mathcal{F}$ et $\mathcal{O}$ ainsi qu'une vérité terrain, nous pouvons calculer un score de CSD pour la segmentation obtenue via notre algorithme de coupe de graphe. En se basant sur cette mesure, nous voulons trouver une matrice qui maximise ce CSD. En d'autres termes :

$$\widetilde{\mathcal{M}} = \arg \max_{\mathcal{M}} CSD = \arg \max_{\mathcal{M}} f(\mathcal{M}) \quad (6.9)$$

La première étape de notre processus à n modalités est toujours de développer une matrice optimale à partir d'une combinaison donnée de modalités. La seconde étape utilise cette matrice optimale afin de segmenter des jeux d'images présentant le même ensemble de modalités.

6.5.2 Résultats

Nous présentons ici les résultats obtenus pour différents jeux de modalités. Nous avons utilisé les mêmes images que précédemment puisque nous disposons de 14 patients possédant chacun les 5 séquences dont nous avons parlé dans ce chapitre, à savoir les séquences pondérées en T1, T2, Flair, DP et T1 avec injection de Gadolinium.

6.5.2.1 Segmentation de lésions de SEP avec 4 modalités

Nous avons ici considéré deux combinaisons de 4 séquences. Ce sont celles qui ont le plus de sens clinique. Ce sont donc les combinaisons de séquences pondérées en T1, T2, Densité de Proton et Flair (nommée par la suite TTPF) et en T1, T2, T1 avec injection de Gadolinium et Flair (nommée par la suite TTGF). Nous les avons comparées avec les scores de CSD obtenus pour les matrices optimisées pour les séquences TTP, TTF, et TGF.

La figure 6.8 montre la comparaison des CSD obtenus pour les combinaisons TTP, TTF et TTPF. Un test de Student avec échantillons appariés nous montre que la différence entre les scores obtenus pour les combinaisons TTP et TTPF est significative ($p\text{-value} = 7.17 \cdot 10^{-9}$). À l'inverse, nous ne montrons pas de différence significative entre les combinaisons TTF et TTPF ($p\text{-value} = 0.28$). Cependant, la variance des scores de CSD obtenus avec la combinaison TTPF est plus faible. Ainsi, les informations contenues dans la séquence Flair permettent d'améliorer la qualité de segmentation basée sur les images pondérées en T1, T2 et DP.

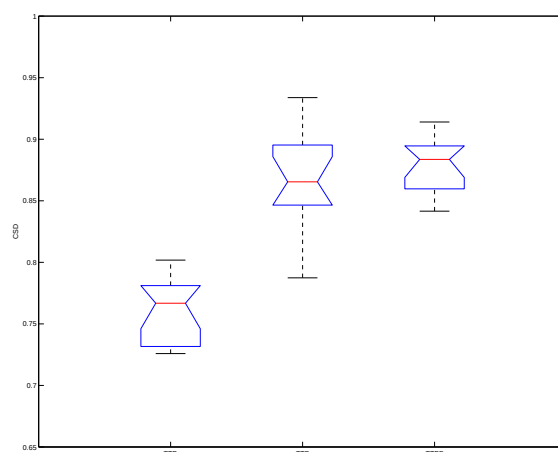


FIG. 6.8 – Comparaison entre les CSD obtenus pour les combinaisons TTP, TTF et TTPF.

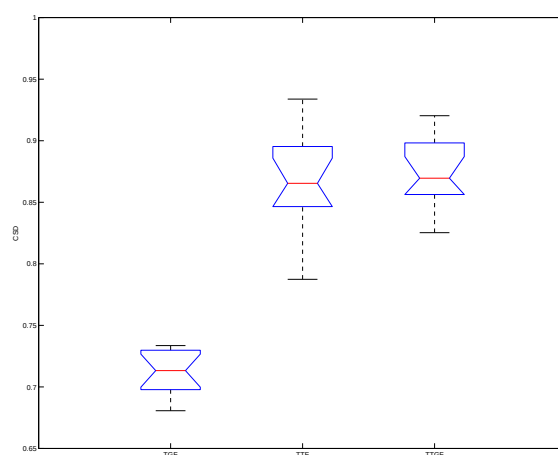


FIG. 6.9 – Comparaison entre les CSD obtenus pour les combinaisons TGF, TTF et TTGF.

La figure 6.9 présente la comparaison des CSD obtenus pour les combinaisons TGF, TTF et TTGF. Un test de Student avec échantillons appariés nous montre que la différence entre les scores obtenus pour les combinaisons TGF et TTGF est significative ($p\text{-value} = 1.15 \cdot 10^{-10}$). À l'inverse, nous ne montrons pas de différence significative entre les combinaisons TTF et TTGF ($p\text{-value} = 0.30$). Cependant la variance des scores de CSD obtenus avec la combinaison TTPF est plus faible. Ainsi, les informations con-

tenues dans la séquence T2 permettent d'améliorer la segmentation basée sur les images pondérées en T1, T1 avec injection de Gadolinium et Flair.

Cette première série de comparaisons nous montre que les meilleurs résultats sont atteints lorsque la séquence Flair est présente. Cela semble confirmer les connaissances empiriques des radiologues, à savoir que cette séquence permet une bonne détection des lésions focales de SEP.

6.5.2.2 Segmentation de lésions de SEP avec 5 modalités

Nous avons construit cette segmentation à 5 modalités de la même façon que celle à 4 modalités. Nous avons ici comparé à la fois les combinaisons à 3 séquences et à 4 séquences avec celle à 5 séquences. La figure 6.10 nous montre les résultats de ces optimisations.

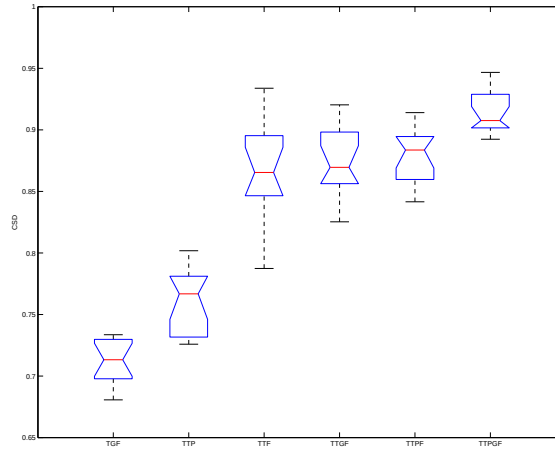


FIG. 6.10 – Comparaison entre les CSD obtenus pour les combinaisons TGF, TTP, TTF, TTGF, TTPF et TTPGF.

Les différents test de Student avec échantillons appariés nous montrent que la segmentation basée sur 5 modalités est supérieure à chacune des autres (les p -values allant de $8.82 \cdot 10^{-13}$ à $1.32 \cdot 10^{-3}$). Encore une fois, nous constatons une réduction de la variance des résultats, ce qui est en adéquation avec la littérature en neuro-radiologie.

6.5.3 Conclusion

La segmentation à $n > 3$ modalités présente un avantage certain en terme de précision de segmentation. Cependant, il semble bon aussi de s'intéresser au temps de calcul. Si l'optimisation de la matrice de calcul pour une combinaison à 3 séquences prend 500 secondes, ce temps est plus que doublé dès lors que l'on considère 4 séquences. En effet, la moyenne de temps de segmentation est de 1200 secondes environ. En outre, si nous

utilisons 5 séquences, le temps de calcul de la matrice optimisée passe à 2500 secondes, soit plus de 40 minutes.

Ainsi, si la qualité de segmentation est améliorée, le temps de calcul s'en trouve grandement augmenté. Cependant, puisque nous pouvons utiliser la matrice optimisée sur un sujet pour segmenter les autres patients, il suffit de faire ce calcul de matrice optimisée une seule fois. Ce temps de calcul qui peut paraître un peu long n'est donc pas un problème en soi.

6.6 Conclusion et perspectives

Dans cette étude, nous avons proposé une technique supervisée pour l'optimisation d'un espace spectral intermédiaire pour le calcul d'un gradient multispectral dans un contexte de coupe de graphe. Les expériences montrent que cette optimisation permet un apprentissage supervisé d'une matrice optimale qui peut être efficacement utilisée pour segmenter les structures d'intérêt de sujets avec le même type de séquences que celles qui ont été utilisées pour calculer la matrice optimale. Nous avons aussi montré que ce principe fonctionne sur différentes combinaisons de séquences.

Une fois la matrice optimale calculée, le temps de calcul global pour une segmentation est plutôt petit (environ 70 secondes sur un ordinateur portable). Cela permet l'utilisation d'un contexte de segmentation semi-automatique afin d'affiner, si nécessaire, les résultats initiaux. En effet, ajouter de nouvelles graines de source et de puits va modifier la coupe dans le graphe et permettre aux pixels mal classifiés (faux négatifs ou faux positifs) d'être corrigés dans la nouvelle itération, et cela en quelques secondes.

Comme nous le montrons dans ce chapitre, la méthode proposée permet à cette technique de segmentation de démarrer avec des états d'initialisation variés puisque les matrices calculées amènent toujours à des performances de segmentation similaires. De plus, cette capacité permet l'extension de l'algorithme original à un contexte multi-séquence avec plus de 3 modalités. Ainsi, la matrice $\mathcal{M}$, qui était une matrice carrée de taille 3×3 , pourrait être généralisée à une matrice de taille $n \times 3$ où chacun des nouveaux éléments peut être initialisé quasiment aléatoirement (*e.g.* avec des 0). L'utilisation d'un plus grand nombre de séquences permet à la fois d'améliorer la qualité de segmentation tout en stabilisant les résultats puisque la variance est plus faible.

Il serait aussi possible d'inclure de multiples séquences en utilisant un algorithme de réduction de dimensionnalité. Un tel algorithme réduirait ces multiples séquences à un nombre plus faible d'images regroupant le maximum d'information tout en minimisant la corrélation des directions du sous-espace spectral ainsi défini.

Chapitre 7

Atlas et coupe de graphe multispectral

Être conscient que l'on est ignorant est un grand pas vers le savoir.

Benjamin Disraeli

7.1 Introduction

Les méthodes de segmentation à base de recalage d'atlas utilisent des informations de l'espace stéréotaxique ainsi que des informations de texture pour réaliser leur tâche. Bien que performantes, elles manquent parfois la cible car l'espace de recherche est bien trop large pour être exploré de manière exhaustive. En outre, comme cet espace est large, le temps de calcul de la solution est très grand et peut devenir un écueil pour l'utilisation clinique.

Les techniques de segmentation par coupe de graphe sont très rapides et peuvent utiliser des informations multimodales. Elles se révèlent très performantes pour la segmentation des tissus cérébraux ou des tumeurs et lésions. Mais le manque d'information de l'espace stéréotaxique les rend impuissantes pour la segmentation de structures plus fines comme les divers noyaux gris centraux. De plus, ces méthodes sont le plus souvent supervisées et empêchent donc une réelle automatisation du travail.

Nous proposons dans ce chapitre une méthode combinant à la fois la précision stéréotaxique des segmentations par recalage d'atlas et la rapidité d'exécution des méthodes par coupe de graphe. Nous avons donc intégré les images d'atlas dans la méthode décrite dans le chapitre 4. Après avoir expliqué la méthode générique pour n'importe quelle structure focale du cerveau, nous montrerons son application à la segmentation du thalamus.

7.2 Méthodes

Utiliser la segmentation à base de recalage par atlas est une tâche longue. La segmentation par coupe de graphe manque d'information de l'espace stéréotaxique dans lequel

peut être défini un atlas. Nous proposons donc d'unir ces deux méthodes afin d'éviter les écueils de l'une et de l'autre, créant ainsi une méthode à la fois rapide et précise.

Dans les sections suivantes, nous exposerons les caractéristiques des différentes images utilisées dans cette étude, la technique de segmentation à base d'atlas, la technique de coupe de graphe à base de gradient spectral et enfin la méthode que nous avons utilisée pour combiner ces techniques.

7.2.1 Images

Cette étude contient dix-neuf sujets : dix de ces images ont été acquises sur une IRM Philips 3 teslas avec des images T1 3D isométriques de résolution 1 mm tandis que les neuf autres ont été acquises par une IRM GE Healthcare 1.5 teslas avec, là aussi, des images T1 3D isométriques de résolution 1 mm. Les images pondérées en T2 ont été acquises sur les mêmes machines que les images pondérées en T1.

Une des images débruitées a été choisie laissant ainsi dix-huit sujets à segmenter. La vérité terrain de chaque sujet a été obtenue par une délimitation manuelle de l'organe cible sur les images pondérées en T1 puis corrigée par un radiologue.

7.2.2 Recalage à base d'atlas par fonction à base radiale

Nous avons tout d'abord délimité l'organe à segmenter sur une image qui nous servira d'atlas. Puis, nous avons appliqué un recalage globalement affine, projetant ainsi l'image cible que nous voulons segmenter sur l'image d'atlas.

Une boîte englobante prédéfinie est alors extraite à la fois sur l'atlas et l'image cible. Un autre recalage affine est réalisé localement entre ces deux boîtes englobantes, projetant encore la cible sur l'image d'atlas.

Un recalage non-rigide local [260] est ensuite réalisé entre les résultats du recalage affine local et l'image d'atlas. Le champ de déformation $v(x)$ de la méthode non-rigide utilisée ici est modélisé en tant que combinaison linéaire de fonctions à base radiale irrégulièrement espacées sur l'image, *i.e* :

$$v(x) = \sum_{i=1}^N c_i \Phi(x - x_i) \quad (7.1)$$

avec les coefficients $c_1, \dots, c_N \in \mathbb{R}^d$, d la dimension de l'image, x un vecteur de coordonnées dans $\mathbb{R}^d$, et une fonction $\Phi : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}$ qui est définie positive sur $\mathbb{R}^d$ dans le sens où pour tout ensemble $X = \{x_1, \dots, x_N\}$ de points distincts $x_1, \dots, x_N$ dans $\mathbb{R}^d$, la matrice $M = (\phi(x_k - x_j))_{1 \leq j, k \leq N}$ est définie positive. Les fonctions à base radiales utilisées sont définies par :

$$\Phi(x) = \phi\left(\frac{\|x\|_2}{s}\right) \quad (7.2)$$

avec

$$\phi(r) = (1 - r)_+^4 (3r^3 + 12r^2 + 16r + 4) \text{ pour } r \geq 0 \quad (7.3)$$

où $(1 - r)_+ = \max(1 - r, 0)$, s est une échelle prédéterminée pour la fonction à base radiale, et $\|\cdot\|_2$ est la norme euclidienne habituelle sur $\mathbb{R}^d$.

La mesure de similarité utilisée pour guider le recalage est l'information mutuelle normalisée [289] définie comme suit :

$$Y(A; B) = \frac{H(A) + H(B)}{H(A, B)} \quad (7.4)$$

où $H(A)$ est l'entropie marginale de l'image A , $H(B)$ est l'entropie marginale de l'image B et $H(A, B)$ est l'entropie jointe de A et B .

Le contour manuel dessiné sur l'atlas est finalement projeté sur l'image cible en utilisant le champ de déformation globale résultant des trois recalages.

7.2.3 Combinaison des méthodes par coupe de graphe et par atlas

Pour combiner les deux méthodes, nous avons tout d'abord segmenté les images en utilisant la méthode de recalage d'atlas. À partir de cette segmentation, nous créons les jeux de graines de la source et du puits ainsi que le troisième canal utilisé pour le calcul du gradient spectral.

Le troisième canal est créé en prenant les résultats de la méthode de recalage par atlas. Nous commençons par l'éroder afin d'éliminer les sur-segmentations éventuelles puis nous convoluons celle-ci avec un noyau gaussien, créant ainsi une pente graduelle d'intensité commençant au bord de la segmentation et continuant jusqu'à 3 mm de cette frontière pour finir à zéro (figure 7.1 à gauche). Cela va permettre à l'algorithme de coupe de graphe de changer la frontière de segmentation s'il existe un plus fort gradient à l'intérieur de cette segmentation étendue. Dans le même temps, cela donne à l'algorithme de coupe de graphe les informations spatiales stéréotaxiques qui lui manquaient.

Si la segmentation par atlas surestime la taille de la cible, le gradient des deux autres images dans l'espace multispectral est suffisant pour guider la segmentation par coupe de graphe vers la bordure réelle de l'objet. La troisième image est nécessaire pour contraindre la segmentation dans une région spécifique du cerveau sinon cette segmentation finale comprendrait des organes avec le même profil d'intensité que l'organe cible.

Les graines du puits sont choisies aléatoirement dans le cerveau en excluant la zone de la troisième image grâce à un masque grossier obtenu par un simple recalage rigide d'un masque de cerveau délinéé manuellement.

Les graines de la source sont choisies aléatoirement dans la zone segmentée par la méthode à base de recalage que l'on érode de quelques voxels afin de ne prendre des points que dans le coeur de la structure. Le nombre total de graines représente 7% de cette zone.

Une fois encore, nous avons choisi d'utiliser le Coefficient de Similarité de Dice (CSD) comme mesure de similarité entre la segmentation obtenue et la vérité terrain puisqu'il est efficace pour la comparaison de deux segmentations.

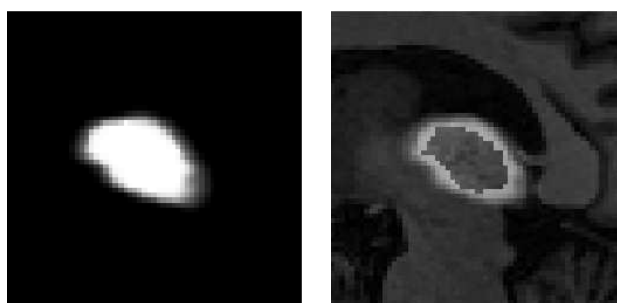


FIG. 7.1 – Gauche : la troisième image utilisée dans l'algorithme de coupe de graphe - Droite : La frontière étendue correspondante dessinée sur le cerveau.

7.3 Application à la segmentation du thalamus

Dans cette section, nous allons appliquer l'algorithme que nous venons de décrire à la segmentation du thalamus. Dans un premier temps, nous présenterons brièvement la cible et les raisons de ce choix puis dans un second temps, nous présenterons les résultats obtenus avec notre algorithme et les comparerons aux résultats du recalage seul.

7.3.1 Quelques mots sur le thalamus

Le thalamus a un rôle central puisqu'il est le centre de relais des influx nerveux dans le cerveau. Il est le relais de toutes les informations sensibles qui se rendent aux différentes aires corticales. En fait, la quasi totalité des influx envoyés au cortex passent par les noyaux thalamiques. Il gère les communications entre les régions sensibles, motrices et associatives du cerveau. Des axones de presque tous les systèmes sensitifs y sont connectés en tant que dernier site avant que l'information n'atteigne le cortex cérébral. Les informations reçues des diverses régions du cerveau sont transmises au cortex via le thalamus.

Anatomiquement parlant, il est la plus large et la plus interne des structures du diencephale (il représente à lui seul 80% du diencephale) et est constitué de deux lobes ovoïdes de substance grise. Il est situé à l'extrémité antérieure du cerveau moyen de part et d'autre du troisième ventricule. Chacun des lobes mesure environ 5 cm sur son grand axe. Sa localisation est visible sur la figure 7.2 qui présente des planches issues du manuel d'anatomie de Henri Gray [119].

Les noyaux moteurs du thalamus reçoivent des signaux du striatum et du cervelet et projettent dans les aires motrices et pré-motrices du cortex cérébral. Le thalamus joue un rôle majeur dans la conscience, l'attention, l'état d'alerte, la sensibilité, la motricité et l'activation physiologique comme dans les circuits d'intégration de l'affectivité, de l'humeur et de la mémoire. Ainsi, son noyau antérieur est considéré comme faisant partie du système limbique [320].

La segmentation du thalamus est devenue de plus en plus essentielle dans un large spectre d'applications cliniques et de recherches. Par exemple, une variation du thalamus

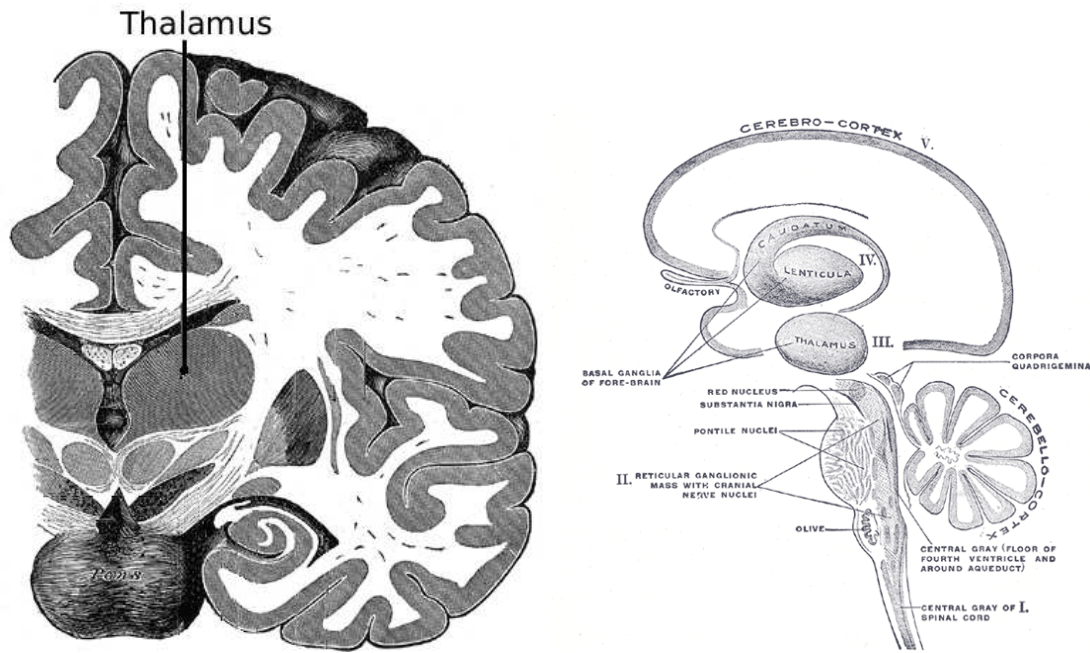


FIG. 7.2 – Localisation du thalamus sur les planches de Gray[119].

en terme de volume et d'intensité est impliquée dans un grand nombre de maladies comme la schizophrénie, la maladie de Parkinson ou bien encore la sclérose en plaques. Une segmentation automatique du thalamus pourrait en outre être utile pour la localisation assistée par ordinateur des noyaux sous-thalamiques dans le cadre de la stimulation cérébrale profonde.

Nous nous sommes focalisés sur le thalamus parce qu'il est une structure difficile à segmenter. En effet, comme de nombreux faisceaux de fibres neuronales traversent le thalamus, ses propriétés d'intensité en IRM sont très proches de la substance blanche environnante. Par conséquent, il n'existe qu'un faible gradient, les arêtes sont donc délicates à définir et l'organe est malaisément distinguable. L'utilisation d'atlas est souvent d'une grande aide pour parvenir à extraire le thalamus des autres noyaux gris qui l'environnent.

7.3.2 Résultats de la segmentation

Les segmentations ont été réalisées en utilisant quatre méthodes : la segmentation par recalage d'atlas affine développée par Wells et coll. [317] (que nous nommerons *RAA* ensuite), la segmentation par recalage d'atlas par fonction à base radiale (que nous nommerons *FBR*) et les combinaisons automatiques de ces deux méthodes avec le gradient spectral (*RAACG* et *FBR_{CG}*).

Les CSD obtenus par chacune des méthodes *FRB*, *RAACG* et *FBR_{CG}* sont très satisfaisants puisque nous atteignons un score de 0.783 en moyenne pour l'algorithme de

recalage FBR , 0.7939 en moyenne pour l'algorithme RAA_{CG} et 0.830 pour l'algorithme FBR_{CG} . L'algorithme de segmentation par recalage affine RAA de l'atlas n'obtient qu'un score moyen de 0.6142, un score en-dessous des autres mais en accord avec la littérature.

La figure 7.3 présente les scores de CSD obtenus pour les différentes méthodes mentionnées.

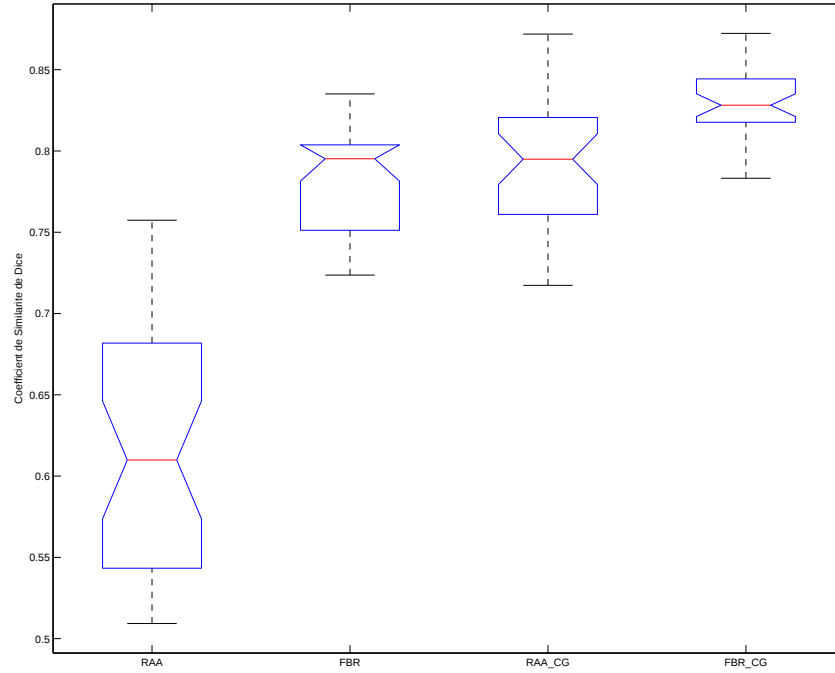


FIG. 7.3 – Scores de CSD obtenus pour les différentes méthodes.

Nous pouvons notamment de nouveau constater que la variance diminue entre les versions “brutes” des algorithmes de recalage et les versions avec coupe de graphe. Encore une fois, l'algorithme de coupe de graphe semble stabiliser les résultats obtenus.

Pour quantifier les différences entre les résultats obtenus avec les différents algorithmes, nous avons utilisé un test de Student avec échantillons appariés dont l'hypothèse nulle est qu'il n'existe pas de différence statistique entre ces résultats.

Si nous considérons les résultats obtenus par les algorithmes RAA et RAA_{CG} , la p -value du test de Student est de $1.22 \cdot 10^{-15}$ avec $t = -13.71$. Nous pouvons donc sans aucun souci rejeter l'hypothèse nulle et conclure que la différence existant entre ces deux groupes est statistiquement significative. Ainsi, nous montrons de façon certaine que l'algorithme RAA_{CG} surpasse l'algorithme RAA .

Méthode	<i>RAA</i>		<i>RAA_{CG}</i>		<i>FBR</i>		<i>FBR_{CG}</i>	
Thalamus	Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit	Gauche	Droit
Sujet 1	0.5312	0.5371	0.8110	0.8543	0.7623	0.7853	0.8352	0.8562
Sujet 2	0.5489	0.5771	0.7484	0.7479	0.7959	0.7523	0.8569	0.8435
Sujet 3	0.5093	0.6188	0.8719	0.8134	0.8232	0.8001	0.8723	0.8087
Sujet 4	0.6910	0.5202	0.8442	0.7214	0.8135	0.7503	0.8355	0.7832
Sujet 5	0.5312	0.7429	0.7556	0.7946	0.8052	0.7972	0.8234	0.8176
Sujet 6	0.6256	0.6700	0.7947	0.7985	0.7794	0.7945	0.8383	0.8212
Sujet 7	0.7100	0.7134	0.7710	0.8531	0.7995	0.7856	0.8323	0.8258
Sujet 8	0.5559	0.5165	0.7958	0.8458	0.7502	0.7356	0.8186	0.8214
Sujet 9	0.7026	0.6079	0.8426	0.7831	0.7386	0.7453	0.8452	0.8562
Sujet 10	0.5304	0.5473	0.7681	0.7173	0.7959	0.8015	0.8302	0.8421
Sujet 11	0.5546	0.7238	0.7701	0.7663	0.8023	0.7959	0.8296	0.8175
Sujet 12	0.6198	0.6765	0.8647	0.7403	0.8123	0.8235	0.8475	0.8201
Sujet 13	0.5737	0.5393	0.8198	0.7466	0.7652	0.7496	0.8132	0.8177
Sujet 14	0.6620	0.6871	0.7493	0.7408	0.8351	0.8123	0.8267	0.8094
Sujet 15	0.7574	0.7450	0.8214	0.8066	0.7423	0.7789	0.8012	0.8423
Sujet 16	0.5910	0.5300	0.8132	0.7935	0.7236	0.7996	0.8103	0.8512
Sujet 17	0.5235	0.6413	0.8354	0.7821	0.7521	0.7456	0.8184	0.8102
Sujet 18	0.6415	0.6295	0.7952	0.8012	0.8053	0.8232	0.8453	0.8628
Moyenne	0.6226	0.6059	0.8068	0.7809	0.7834	0.7820	0.8322	0.8282
Écart-type	0.0805	0.0732	0.0398	0.0397	0.0326	0.0284	0.0174	0.0210

TAB. 7.1 – Les scores de CSD obtenus pour la segmentation des deux lobes du thalamus de chaque sujet avec chacune des méthodes.

De même, si nous considérons désormais les résultats obtenus par les algorithmes *FBR* et *FBR_{CG}*, la *p*-value des deux groupes de scores considérés est alors de $2 \cdot 10^{-11}$ avec $t = -9.67$. Par conséquent, nous pouvons rejeter l'hypothèse nulle et conclure qu'il existe une différence statistique entre ces groupes. Cela montre que les résultats obtenus avec l'algorithme automatique de coupe de graphe *FBR_{CG}* sont statistiquement meilleurs que ceux obtenus avec l'algorithme *FBR*.

Enfin, nous avons comparé les résultats de l'algorithme *RAA_{CG}* avec ceux de *FBR*. La *p*-value de ces deux groupes de résultats est de 0.22 avec $t = -0.029$. L'hypothèse nulle ne peut donc pas être rejetée, on ne montre donc pas de différence significative entre ces deux algorithmes.

Le tableau 7.1 présente les scores de CSD obtenus pour chacune des différentes méthodes et chacun des lobes du thalamus.

La figure 7.4 présente le thalamus segmenté par les quatre algorithmes. Nous pouvons observer que l'algorithme de coupe de graphe permet de corriger une bonne partie des faux négatifs ou des faux positifs des méthodes de segmentation par recalage d'atlas. Cependant, lorsque le résultat du recalage d'atlas est éloigné de la vérité, comme avec la méthode *RAA*, la correction n'est pas suffisante car notre algorithme est fortement contraint par cette première segmentation.

7.4 Discussion

La contribution majeure de ce chapitre est la combinaison de deux méthodes de segmentation : l'une basée sur l'utilisation d'un atlas et l'autre sur les coupes de graphe spectral. Nous avons automatisé l'algorithme de coupe de graphe en lui donnant comme entrée les résultats d'une méthode de segmentation par recalage d'atlas. Nous avons aussi restreint les coupes de graphe pour que la segmentation ne s'opère que dans la zone étendue du résultat de la segmentation par atlas. Enfin, la combinaison de ces deux méthodes montre une amélioration statistique de la segmentation par la méthode automatique.

Des travaux récents combinant des *a priori* de formes et une segmentation à base de recalage d'atlas et de coupe de graphe ont été réalisés auparavant par Lijn et coll. [303] pour la segmentation de l'hippocampe. Cependant, notre méthode diffère de la leur puisque nous utilisons à la fois des images pondérées en T1 et en T2 plus une information de localisation. Nous gardons aussi intacte la fonction d'énergie de l'algorithme classique des coupes de graphes en utilisant la segmentation à base d'atlas comme troisième canal plutôt que de l'inclure dans la fonction d'énergie. De plus, notre méthode de recalage d'atlas diffère puisque nous définissons une boîte englobante pour le recalage non rigide, ce qui permet une segmentation plus lisse [260] alors que les travaux de Lijn et coll. utilisent un recalage non rigide global qui peut conduire à un résultat de segmentation plus chaotique. Enfin, nous convoluons l'image binaire de résultat de recalage avec un noyau gaussien de support spatial de 3 mm, créant ainsi l'image servant de troisième canal, ce qui permet au gradient des images pondérées en T1 et en T2 d'avoir un impact plus grand sur la segmentation.

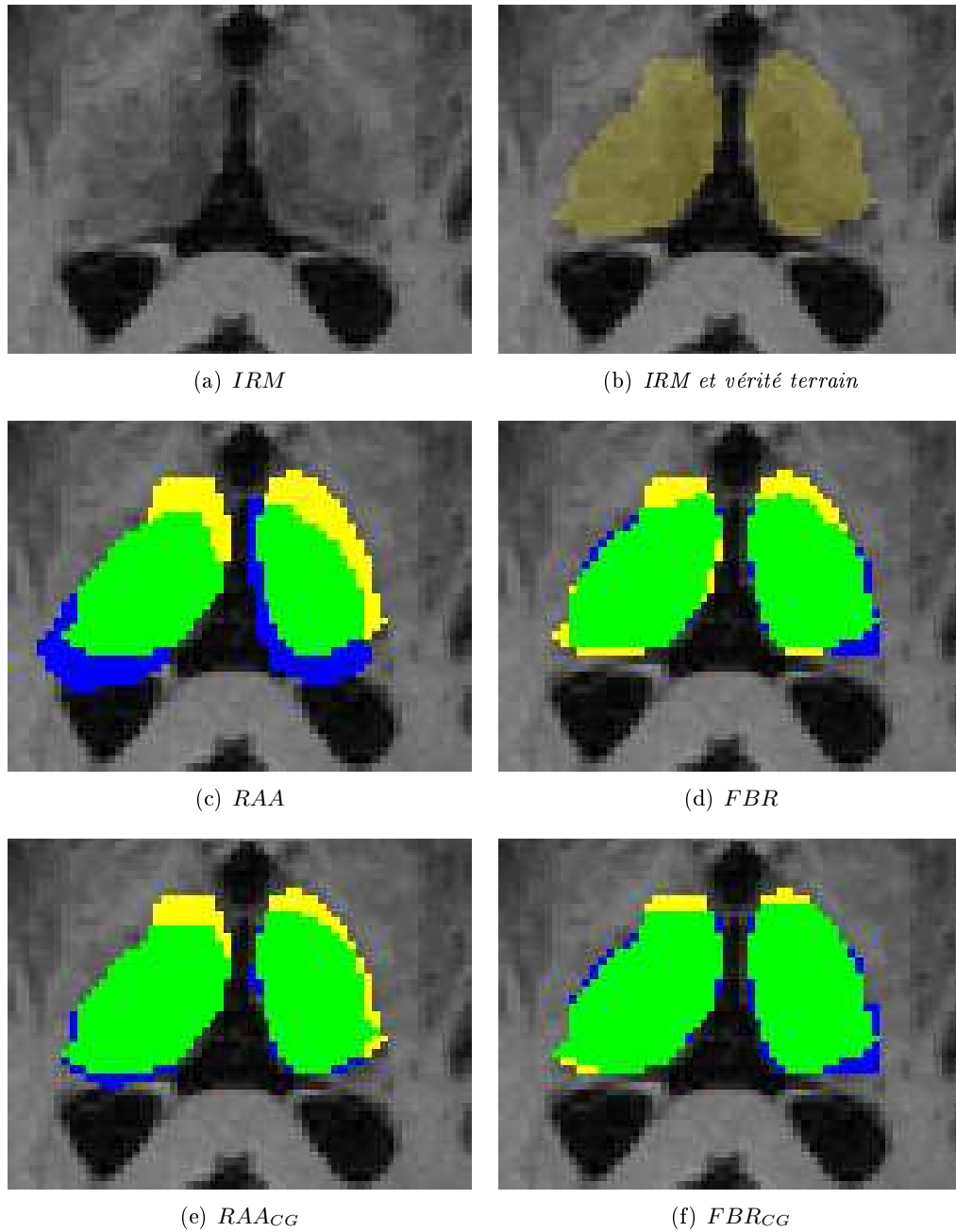


FIG. 7.4 – En haut à gauche : IRM pondérée T1. En haut à droite : IRM pondérée T1 et vérité terrain en jaune pale. Au milieu à gauche : résultat de segmentation du thalamus avec l'algorithme par recalage affine d'atlas. Au milieu à droite : résultat de segmentation du thalamus avec l'algorithme par recalage d'atlas par fonctions à base radiale. En bas : résultats des mêmes algorithmes améliorés par la coupe de graphe. Vert = pixel correctement classifié; Bleu = faux positif; Jaune = faux négatif

Freedman et coll. [105] ont, eux aussi, inclus des informations de forme dans une méthode de segmentation par coupe de graphe en utilisant un modèle de forme par ensembles de niveau prédéfinis. Cette méthode est cependant semi-automatique et requiert de l'utilisateur qu'il définisse les graines de la source et du puits.

Nos résultats indiquent que nous parvenons à un niveau de précision comparable à ceux que l'on peut trouver dans la littérature. Les performances de notre algorithme ont été comparées aux travaux de Scherrer [271], Akhouni-Asl [4], Pohl [242] et Barra [17]. Cependant, ces valeurs sont données à titre purement indicatif puisque les jeux de données sont différents et les résultats difficilement comparables. Néanmoins, le coefficient de similarité de Dice moyen obtenu par notre algorithme est de 0.837 alors que Scherrer obtient 0.79, Akhouni-Asl 0.837 et Pohl 0.894. Cette dernière méthode obtient de bons résultats mais est grandement dépendante des structures anatomiques environnantes et peut être aisément mise à mal dans le cas d'images bruitées ou avec un fort champ d'in-homogénéité. Barra et coll. utilisent un autre indice de similarité (l'indice de Tanimoto, indice assez proche du CSD mais prenant en compte les voxels extérieurs à la cible) et obtiennent un score de 0.895 tandis que notre algorithme obtient un score de 0.915 avec ce même indice.

Le flot de traitement que nous utilisons est générique et n'a pas été spécifiquement optimisé pour la segmentation du thalamus. Ainsi, il peut être appliqué à n'importe quelle structure d'intérêt focale définie par un atlas de distribution spatiale. Puisque les segmentations à base de recalage d'atlas sont généralement reconnues comme des méthodes efficaces et précises de segmentation [290, 240], notre approche peut être potentiellement utilisée pour améliorer ces méthodes.

7.5 Conclusions

Dans cette étude, nous avons combiné avec succès l'algorithme de coupe de graphe basé sur le gradient spectral et une méthode de segmentation à base de recalage d'atlas. Cette méthode à base d'atlas permet d'automatiser l'algorithme de coupe de graphe et y introduit les informations spatiales stéréotaxiques. Cela permet ainsi de raffiner les résultats de la méthode de segmentation à base d'atlas.

Puisque le temps moyen de calcul de l'algorithme de coupe de graphe est inférieur à 30 secondes sur un ordinateur portable (Dual Core cadencé à 2.16 GHz avec 2 GO de RAM, sous Linux), l'utilisation de cet algorithme peut accroître la vitesse de segmentation ainsi que la précision.

Nous avons en outre montré que cette approche fonctionne sur deux méthodes de recalage différentes et il semble logique de penser que cette approche peut se généraliser aux différentes méthodes de recalage par atlas existantes.

Nous pouvons aussi voir qu'utiliser la méthode $RACG$ donne des résultats similaires à la méthode FBR . Cette méthode de recalage par fonctions à base radiale est complexe et nécessite beaucoup de temps. Ainsi, utiliser $RACG$ nous permet d'éviter ce recalage lent et complexe et nous donne une méthode plus rapide tout en étant aussi fiable, toutes proportions gardées.

Une autre extension intéressante de cet algorithme serait d'utiliser des atlas probabilistes. En effet, cela permettrait de se passer de l'étape de convolution et fournirait en outre la valeur des t -liens des graines de la source. Un tel algorithme est facile à mettre en place avec les procédés décrits dans ce chapitre et permettrait de ne pas avoir une carte de gradient colorimétrique homogène géographiquement.

Quatrième partie

Conclusion

Chapitre 8

Conclusion générale

*L'intelligence humaine a ses bornes :
et non seulement un homme ne peut pas tout savoir,
il ne peut pas même savoir en entier le peu que savent les autres hommes.*

Jean-Jacques Rousseau

Conclusion

Ce manuscrit propose un ensemble de méthodes de segmentations de diverses structures d'intérêt sur des IRM multidimensionnelles. Nous avons montré que tirer profit des informations complémentaires contenues dans les différentes séquences IRM disponibles est efficace et bénéfique à la qualité de la segmentation de ces structures.

Dans une première partie, nous avons présenté une revue des différentes méthodes existantes en terme de segmentation d'IRM cérébrales permettant ainsi de situer notre approche par rapport aux méthodes existantes. Nous avons en outre proposé une classification de ces méthodes en fonction de leur approche algorithmique. Cet exposé des approches existantes nous a permis de conclure que la méthode la plus adaptée à notre but était la segmentation par coupe de graphe puisqu'elle permet des segmentations très rapides sans problème de convergence d'algorithme et que ce cadre de travail est très bien adaptée pour les données en trois dimensions et les multiples séquences d'IRM.

L'ensemble des méthodes proposées dans ce manuscrit repose sur deux principes que nous avons exposé dans la deuxième partie, à savoir les coupes de graphe et le gradient spectral. Le gradient spectral, tel que nous l'utilisons, permet *in fine* d'introduire un gradient entre les différents canaux de nos IRM multimodales aussi bien dans sa forme colorimétrique que dans la forme optimisée que nous avons mise en oeuvre. De plus, l'algorithme de coupe de graphe fournit un cadre proche des méthodes markoviennes permettant ainsi de prendre en compte à la fois un terme de région et un terme de frontière tout en gardant un temps de calcul relativement court.

La troisième partie de ce manuscrit nous a permis de développer la description de notre approche en commençant par l'intégration du gradient spectral et de l'algorithme de coupe de graphe pour la segmentation de diverses combinaisons de séquences IRM. Notre

approche étant basée sur une analogie entre les IRM utilisées et le canaux RVB d'une image couleur, cette première méthode se limitait à des combinaisons de trois séquences IRM. Nous étudions dans cette partie le lien entre la quantité de graines données en entrée de l'algorithme et la qualité de segmentation et définissons un niveau optimal de travail. Nous montrons en outre que cette méthode est suffisamment générique pour être appliqué à diverses pathologies et différents buts.

Nous avons ensuite étudié, conjointement avec Daniel García-Lorenzo, l'automatisation de cette méthode de base pour la segmentation de lésions de sclérose en plaques. L'utilisation d'un estimateur robuste d'un modèle de mélange de lois gaussiennes rend possible le calcul des t -liens sans recourir à une interaction avec l'utilisateur. Nous montrons en outre que cette méthode peut rivaliser, en terme de qualité de segmentation, avec un panel d'experts.

Le quatrième chapitre de nos contributions s'est porté sur l'optimisation du gradient spectral colorimétrique afin de se détacher du cadre psycho-visuel originel de cet opérateur. Puisque les IRM ne sont pas des images naturelles et ne se comportent pas comme celles-ci, nous avons cherché un gradient inter-canaux optimal pour nos combinaison d'IRM. Cette étude nous a mené à une technique de segmentation supervisée et nous montrons que cette nouvelle méthode améliore la qualité de segmentation de notre méthode de base.

Notre dernière étude concerne l'intégration d'atlas dans notre approche. En effet, si la coupe de graphe nous permet d'intégrer les interactions entre voxels voisins, notre algorithme manque tout de même des informations de localisation dans l'espace stéréotaxique pour segmenter des structures plus localisées comme les noyaux gris centraux. Cette information, jusque-là manquante, est dans ce chapitre apportée par un atlas. Nous avons testé deux méthodes de recalage dudit atlas et nous montrons que notre approche améliore les deux techniques.

Bilan des contributions

Il nous semble que six contributions principales se dégagent de ces travaux.

- Ces travaux sont les premiers, à notre connaissance, à intégrer le gradient spectral dans le domaine de la segmentation d'image médicales.
- La deuxième contribution importante de nos travaux est l'utilisation conjointe de données multidimensionnelles dans un algorithme de segmentation par coupe de graphe.
- Une autre contribution de nos travaux est l'automatisation d'un algorithme de coupe de graphe par un estimateur robuste d'un mélange de lois gaussiennes.
- L'idée d'appliquer une transformation à des données multidimensionnelles avant d'appliquer d'autres techniques de traitement (telles que la segmentation) n'est pas fondamentalement nouvelle mais reste intéressante dans le contexte de données multimodales IRM dans le contexte clinique de la SEP.
- L'optimisation du gradient spectral colorimétrique à des images d'une autre nature que les images naturelles constitue aussi une contribution originale.

- Enfin, l'intégration d'un atlas dans un algorithme de coupe de graphe en tant que canal de données multidimensionnelles est une contribution originale dans le sens où l'atlas n'est pas introduit en tant que nouveau terme dans l'équation fondamentale des coupes de graphes.

La combinaison du gradient spectral et de données multidimensionnelles dans un contexte de coupe de graphe pour la création d'une méthode robuste de segmentation de structures cérébrales saines ou pathologiques est à mon sens toute l'originalité et l'intérêt de ce travail.

Perspectives

Plusieurs perspectives se dégagent quant au futur de ces travaux. Tout d'abord, comme nous l'avons souligné dans le chapitre correspondant, la segmentation incomplète des structures d'intérêt dans les images issues des traitements d'IRM de diffusion laisse présager d'un bon point de départ pour une tractographie. L'intégration de notre segmentation dans ce cadre semble assez facile à mettre en oeuvre et permettra de simplifier la sélection de régions d'intérêt pour les zones de départ et d'arrivée de ces tractographies.

Une des limitations de ce travail constitue aussi une des perspectives. À savoir le faible jeu de données sur lesquels ont été testées chacune des méthodes. En effet, il conviendrait de valider nos méthodes sur des bases de données de taille plus grande afin de pouvoir à la fois dégager clairement les points forts et les limitations de ces techniques. Il faut aussi utiliser des bases de données plus génériques, telles que IBSR ou ICBM, afin de pouvoir comparer valablement nos méthodes par rapport à celles existantes. Une évaluation en terme de spécificité et de sensibilité de nos techniques de segmentation de tissus pathologiques serait aussi un apport considérable pour estimer la qualité de nos méthodes.

Une perspective méthodologique intéressante serait d'intégrer un atlas probabiliste à la méthode présentée dans le chapitre 7. En effet, l'atlas utilisé ici guide de façon très stricte la segmentation et, bien que convolué avec un noyau gaussien, cette contrainte reste trop rigide pour donner à cet algorithme la liberté nécessaire à la correction de cette segmentation. Une approche utilisant un atlas probabiliste serait plus indiquée pour généraliser cette technique à l'ensemble des structures centrales du cerveau tels que le noyau caudé, le putamen, les noyaux rouges ou le pallidum.

Un autre aspect méthodologique à explorer serait d'inclure un volet "multi-label" à nos algorithmes pour permettre la compétition entre étiquettes de segmentation. Cette notion de compétition entre régions permettrait de segmenter conjointement plusieurs structures adjacentes (donc un gain de temps) mais aussi de prévenir "l'envahissement" d'une structure à segmenter par une autre.

Un effort d'intégration d'une partie de nos algorithmes a été mené afin d'introduire la méthode de base dans le logiciel de traitement d'image développé dans l'équipe VisAGeS mais cet effort doit être poursuivi afin de diffuser plus largement nos algorithmes. Cela permettrait de traiter beaucoup de données et d'obtenir un retour des utilisateurs sur les points forts et points faibles de nos méthodes.

Enfin, nous pensons possible d'orienter nos futures recherches vers une approche conjointe de segmentation et de recalage basé sur l'algorithme de coupe de graphe puisque celui-ci constitue une technique d'optimisation efficace et pas nécessairement lié à la segmentation. Cet outil a déjà démontré son efficacité pour le recalage et pour la segmentation, aussi combiner ces deux traitements en un seul algorithme nous paraît une bonne piste d'extension.

Cinquième partie

Annexes

Annexe A

Profils de la fonction à optimiser

Puisque l'optimiseur choisi dans le chapitre 5 fait l'hypothèse d'une approximation quadratique, il nous fallait nous assurer que cette hypothèse n'était pas éloignée de la réalité. Ainsi, afin d'avoir une approche du comportement de la fonction, nous avons calculé le CSD en faisant varier un paramètre à la fois, les autres étant fixés aux valeurs définies par Geusebroek. Les figures A.1 à A.9 montrent que les paysages sont relativement peu chaotiques. Cela peut donc être aisément approximé par une fonction quadratique.

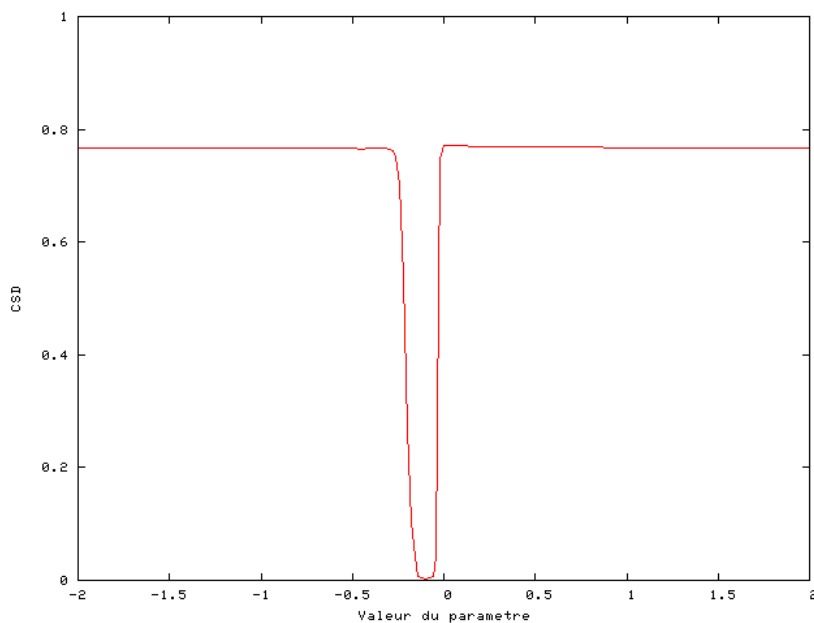
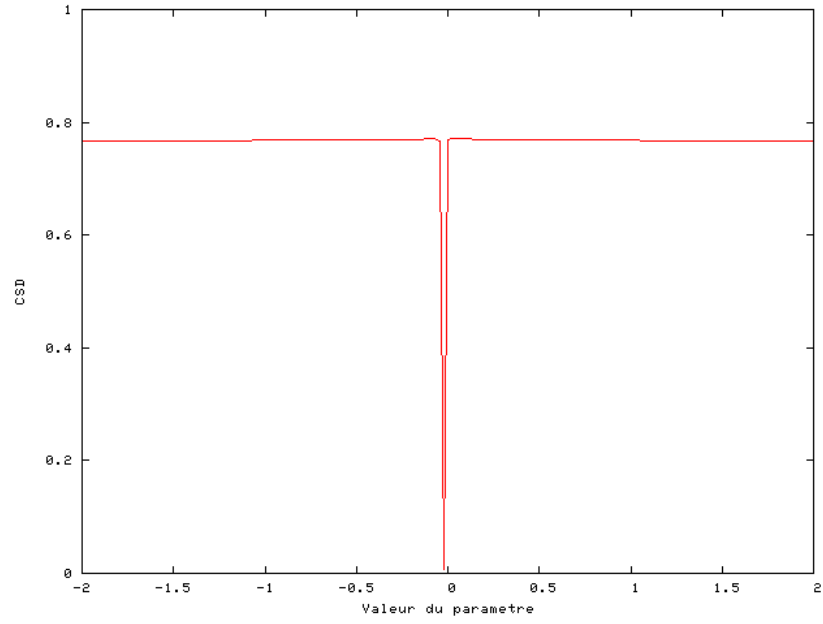
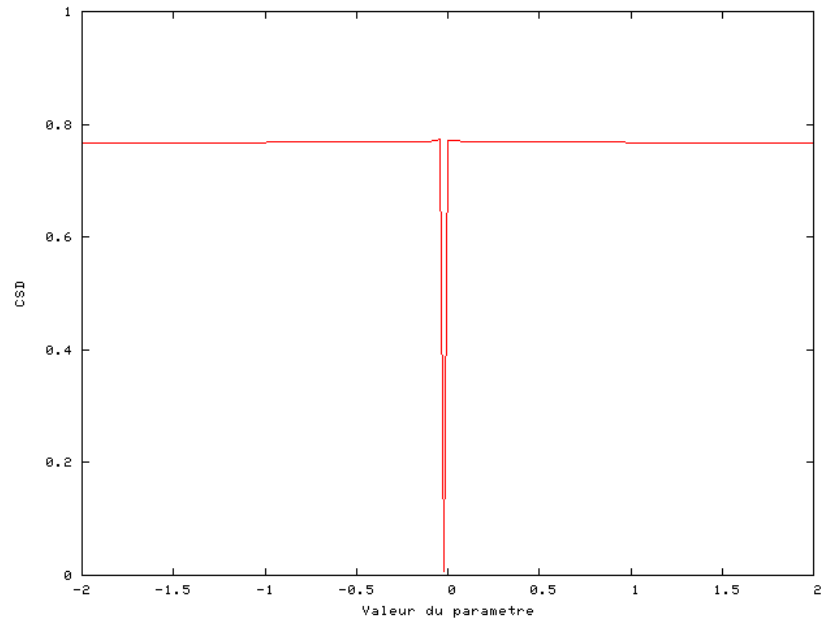


FIG. A.1 – Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{11}$.

FIG. A.2 – Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{12}$.FIG. A.3 – Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{13}$.

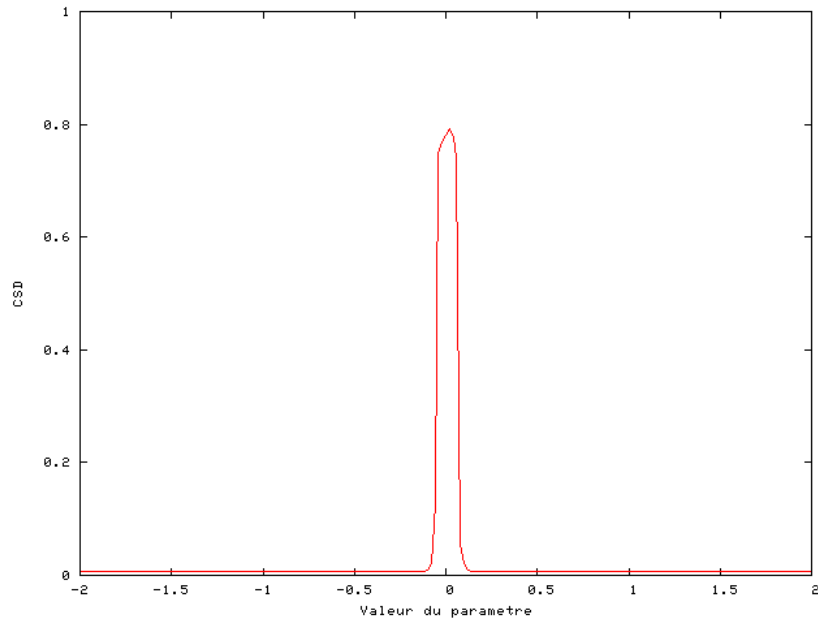


FIG. A.4 – Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{21}$.

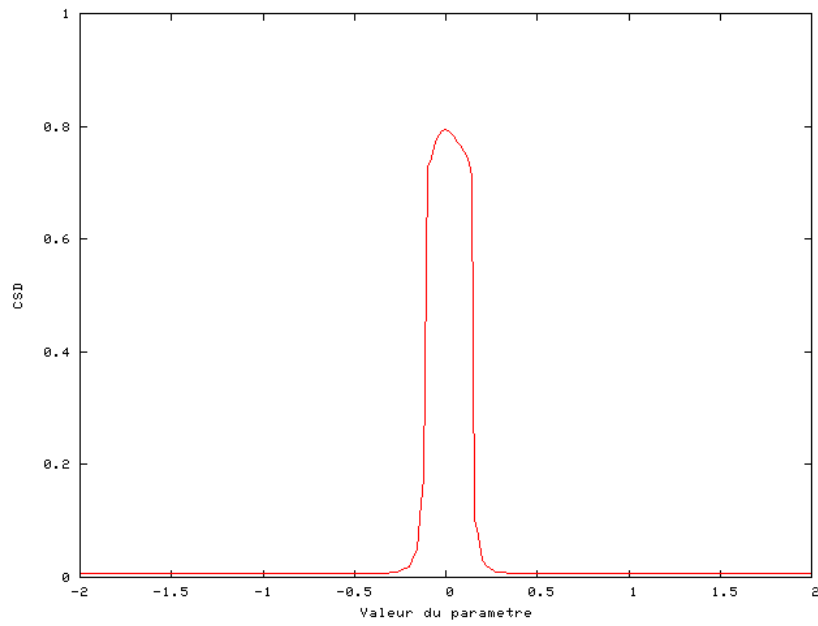
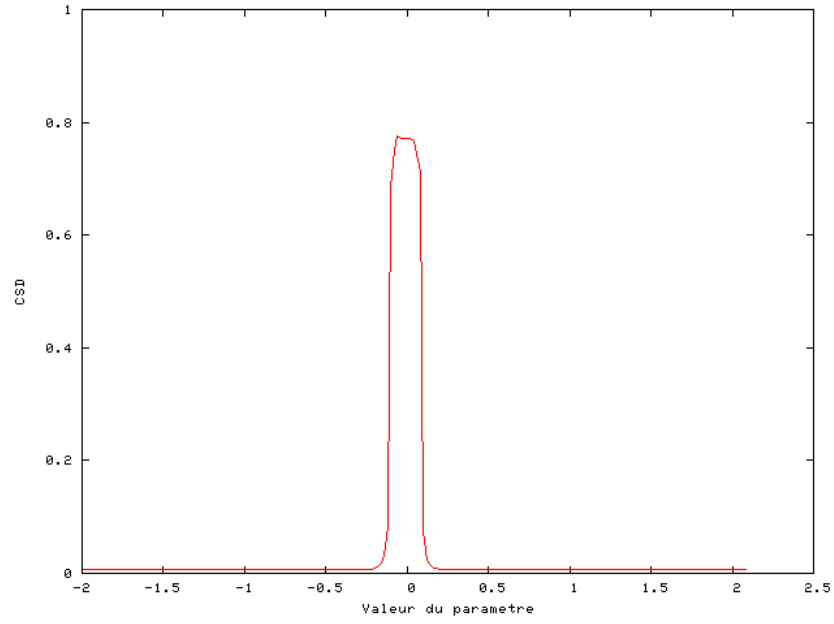
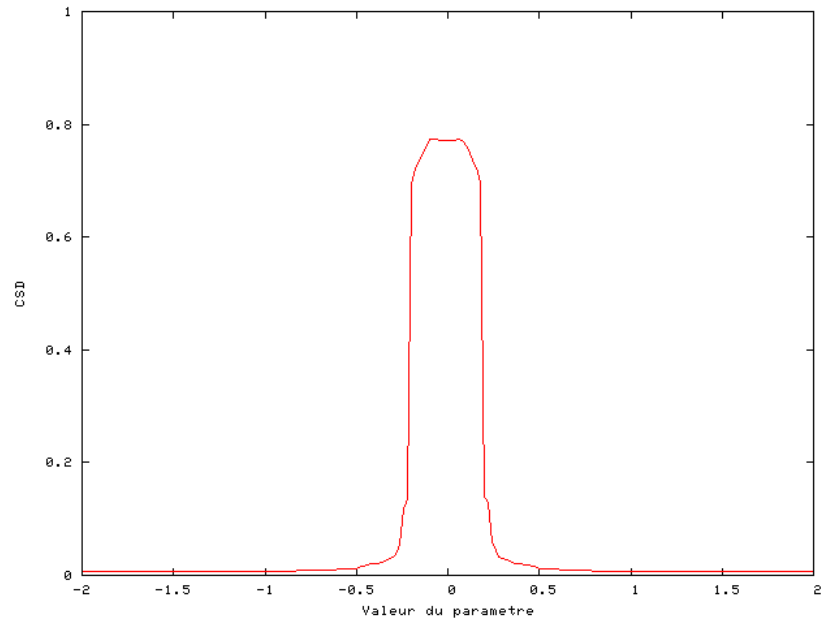
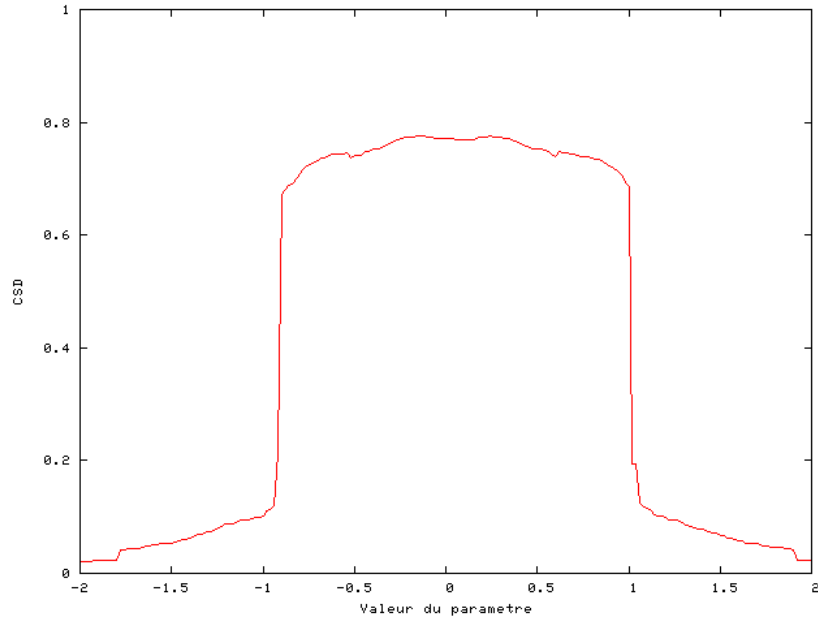
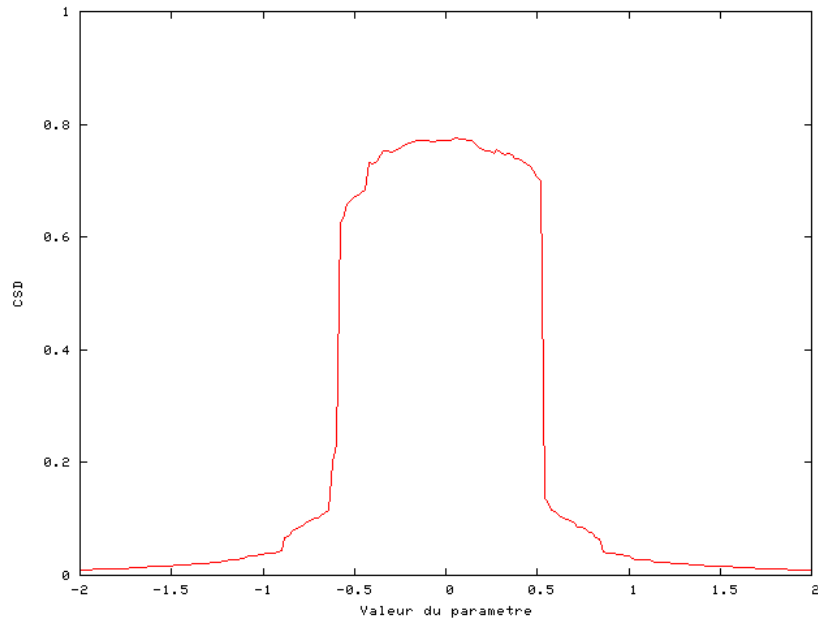


FIG. A.5 – Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{22}$.

FIG. A.6 – Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{23}$.FIG. A.7 – Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{31}$.


 FIG. A.8 – Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{32}$.

 FIG. A.9 – Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{33}$.

Annexe B

Glossaire

AAM : Sigle anglais pour Active Appearance Model. En français : modèle actif d'apparence (pour plus de détails cf. p.51).

ABK : Sigle pour Algorithme de Boykov et Kolmogorv, employé pour le calcul de coupe de graphe (pour plus de détails cf. p.71).

ANOVA : Acronyme anglais pour ANalysis Of VAriance. Test statistique permettant de vérifier si plusieurs échantillons sont issus d'une même population.

AOS : Sigle anglais pour Additive Operator Splitting (pour plus de détails cf. [314]).

ARM : Sigle pour Angiographie par Résonance Magnétique. L'ARM (ou Angio-IRM) est utilisée pour visualiser les artères afin de mettre en évidence des anomalies telles que les sténoses, dissections, fistules, les anévrismes et artérites. Les artères cérébrales, cervicales, rénales, iliaques, pulmonaires et l'aorte sont les artères les mieux étudiées par cette technique. L'angio-IRM fait appel aux séquences en échos de gradient ultrarapides avec injection de Gadolinium en intra-veineuse.

ASM : Sigle anglais pour Active Shape Model. En français : modèle actif de forme (pour plus de détails cf. p.49).

CGA : Sigle pour Coupe de Graphe Automatique, méthode développée dans le chapitre 6 du présent manuscrit.

Charge lésionnelle : Volume total des lésions de sclérose en plaques d'un patient. Sert d'indicateur de la maladie.

CL : voir Charge lésionnelle.

Corps calleux : Le corps calleux est une commissure télencéphalique transversale (fais-

veau d'axones) interconnectant les deux hémisphères cérébraux. C'est la plus importante commissure du cerveau car elle relie les 4 lobes du cerveau entre eux (lobes frontaux, temporaux, pariétaux et occipitaux gauches et droits). Le corps calleux assure donc le transfert d'informations entre les deux hémisphères et ainsi leur coordination.

CSD : Sigle pour Coefficient de Similarité de Dice, mesure permettant de comparer la similitude entre deux segmentations (pour plus de détails cf. p.99).

CSDIE : Sigle pour Coefficient de Similarité de Dice Inter-Expert, mesure permettant de quantifier le consensus entre experts (pour plus de détails cf. p.129).

DOG : Acronyme anglais pour Difference Of Gaussians, opérateur de détection d'arêtes par différence de deux filtres gaussiens.

DP : Sigle pour Densité de Proton. La séquence IRM pondérée en densité de protons a un contraste obtenu en fonction de la densité en noyaux d'hydrogène (*i.e.* en protons).

DTI : Sigle anglais pour Diffusion Tensor Imaging ou imagerie du tenseur de diffusion en français. Technique IRM basée sur la diffusion de l'eau dans le cerveau et permettant, notamment, de suivre les fibres nerveuses.

EM : Sigle pour Espérance-Maximisation. Algorithme qui permet de trouver le maximum de vraisemblance des paramètres de modèles probabilistes lorsque le modèle dépend de variables latentes non observables.

EMS : Sigle anglais pour Expectation-Maximization Segmentation. Algorithme de segmentation basé sur l'algorithme EM, développé par Van Leemput et coll. (pour plus de détails, cf. [305, 304]).

EMV : Sigle pour Estimateur du Maximum de Vraisemblance. Méthode statistique courante utilisée pour inférer les paramètres de la distribution de probabilité d'un échantillon donné.

EPVT : Sigle pour Estimateur Pondéré de Vraisemblance Tamisée. Permet d'estimer un mélange de lois normales multivariées et des modèles linéaires généralisés de façon robuste.

FA : Sigle pour Fraction d'Anisotropie. Paramètre obtenu à partir du traitement des séquences DTI et utilisé pour le tracking de fibres (pour plus de détails, cf. p.111).

Faisceau pyramidal : En neuroanatomie, le faisceau pyramidal désigne l'ensemble des axones moteurs cortico-spinaux qui transmettent directement et rapidement les commandes des mouvements des muscles du corps depuis le cortex cérébral jusqu'aux motoneu-

rones de la corne antérieure de la moelle épinière.

Fast marching : Méthode numérique de calcul de problèmes de conditions aux limites de courbes fermées.

FBR : Abbréviation pour recalage d'atlas par Fonction à Base Radiale. Plus de détails p.159.

FBR_{CG} : Abréviation pour recalage d'atlas par Fonction à Base Radiale amélioré par Coupe de Graphe. Plus de détails p.159.

FCM : Sigle anglais pour Fuzzy C-Means ou C-Moyennes Floues en français (pour plus de détails cf. p.29).

FFT : Sigle anglais pour Fast Fourier Transform ou Transformée de Fourier Rapide. Algorithme de calcul de la transformée de Fourier discrète.

FLAIR : Acronyme anglais pour Fluid Attenuated Inversion Recovery. Il s'agit d'une séquence IRM en inversion-récupération pondérée T2 sur laquelle on a "supprimé" le signal de l'eau libre, qui apparaît alors en hyposignal, en adaptant le temps d'inversion. Cette séquence est très utilisée dans l'exploration cérébrale, l'oedème, la nécrose ou encore la gliose.

Gadolinium : Agent de contraste dans l'imagerie par résonance magnétique.

GVF : Sigle anglais pour Gradient Vector Flow. Diffusion spatiale du gradient d'une carte d'arête. Utilisé notamment dans le cadre des contours actifs.

Hypothèse nulle : En statistiques, hypothèse selon laquelle 2 ou plusieurs variables ne sont pas liées ou 2 ou plusieurs groupes ne sont pas différents.

IBSR : Sigle anglais pour Internet Brain Segmentation Repository. Base de données d'IRM et de segmentation manuelle d'expert très utilisée pour la validation des techniques de segmentation.

ICBM : Sigle anglais pour International Consortium for Brain Mapping. Le but principal du projet ICBM est le développement d'un système probabiliste de référence du cerveau humain. Plus de détails p.45.

Indice kappa : Le coefficient Kappa est une mesure de comparaison entre les agréments obtenus par un classement donné et l'agrément issu d'un classement au hasard. Il vaut 1 pour un agrément parfait et toute valeur inférieure à l'unité évalue le niveau de qualité du classement par rapport à un classement purement dû au hasard.

IRM : Sigle pour Imagerie par Résonance Magnétique nucléaire. Dans ce manuscrit, ce sigle est souvent utilisé pour désigner les images issues de cette technique. L'IRM est une technique d'imagerie médicale d'apparition récente (début des années 1980) permettant d'avoir une vue 2D ou 3D d'une partie du corps, notamment du cerveau. Elle est basée sur le principe de la résonance magnétique nucléaire : en appliquant une combinaison d'ondes électromagnétiques à haute fréquence sur une partie du corps et en mesurant le signal réémis par certains atomes (comme l'hydrogène), il est possible de déterminer la composition chimique et donc la nature des tissus biologiques en chaque point du volume imagé.

IRM de diffusion : Technique basée sur l'imagerie par résonance magnétique (IRM). Celle-ci utilise des gradients du champ magnétique et permet de calculer en chaque point de l'image la distribution de probabilité de la diffusion des molécules d'eau. Cette diffusion étant contrainte par les tissus environnants, cette modalité d'imagerie permet d'obtenir indirectement la position, l'orientation et l'anisotropie des faisceaux de matière blanche du cerveau.

Kappa : Voir Indice Kappa.

LCR : Sigle pour Liquide Céphalo-Rachidien. C'est le liquide dans lequel baignent le cerveau et la moelle épinière. Il est contenu dans les méninges, plus précisément entre la pie-mère (qui recouvre le système nerveux central) et l'arachnoïde (qui tapisse le versant interne de la dure-mère, elle-même solidement attachée aux structures osseuses : boîte crânienne et rachis). Le liquide céphalo-rachidien absorbe et amortit les mouvements ou les chocs qui risqueraient d'endommager le cerveau.

Leave one out : Technique de validation croisée. Comme son nom le suggère, la technique du leave one out implique d'utiliser une observation unique de l'échantillon d'origine comme donnée de validation et les observations restantes comme données d'entraînement. Ce procédé est répété jusqu'à ce que chaque observation de l'échantillon ait été utilisée comme donnée de validation.

LOCUS : Acronyme anglais pour L^Ocal C^Ooperative U^Nified S^Egmentation. Technique de segmentation de cerveau mise au point par Scherrer et coll. [271] reposant sur l'emploi de champs aléatoires de Markov locaux et particulièrement robuste au biais et au bruit.

LPE : Sigle pour Ligne de Partage des Eaux. Technique de segmentation inspirée par la morphologie mathématique (pour plus de détails, cf. p.43).

LVQ : Sigle anglais pour Learning Vector Quantization. Type de réseau de neurones.

Narrow band : Méthode de réduction de complexité calculatoire des ensembles de niveau. Elle consiste à restreindre les calculs dans une fine bande de voxels actifs autour

de l'interface de l'ensemble de niveau.

NEWUOA : Sigle anglais pour NEW Unconstrained Optimisation Algorithm. Algorithme d'optimisation mis au point par Powell [244] (pour plus de détails, cf. p.138).

Noyau géniculé latéral : Partie du thalamus dédiée à la vision. À partir de la rétine, les axones des nerfs optiques vont directement aux noyaux géniculés. Les axones du noyau géniculé latéral au sein des radiations optiques terminent dans le cortex visuel primaire, situé dans et autour de la fissure calcarine.

P-value : Dans un test statistique, la *p*-value est la probabilité d'obtenir au hasard un résultat au moins aussi extrême que la valeur réellement observée, sous l'hypothèse nulle.

PDM : Sigle anglais pour Point Distribution Model. PDM est un modèle d'analyse et de représentation de forme. Il consiste en un prototype d'une forme moyenne doté de modes de variation combinables appris à partir d'un ensemble d'apprentissage d'instances de la forme étudiée (pour plus de détails, cf. [70]).

PMC : Sigle pour Perceptrons Multi-Couche. Type de réseau de neurones.

QNN : Sigle anglais pour Quantiser Neuron Network. Type de réseau de neurones.

RAA : Abréviation pour Recalage d'Atlas Affine. Plus de détails p.159.

RAACG : Abréviation pour Recalage d'Atlas Affine amélioré par Coupe de Graphe. Plus de détails p.159.

Raffinement : En informatique, le raffinement consiste à avoir une approche de conception où on affine à chaque étape le niveau de détails ; le but étant d'atteindre le niveau de granularité.

RAM : Acronyme anglais pour Random Access Memory. Mémoire informatique dans laquelle un ordinateur place les données lors de leur traitement.

Rhodopsines : Pigment protéique photosensible présent dans les cellules photoréceptrices de la rétine (cônes et bâtonnets). Elle est responsable de la sensibilité de l'oeil à la lumière.

RVB : Sigle pour Rouge Vert Bleu. RVB est un format de codage des couleurs. Ces trois couleurs sont les couleurs primaires en synthèse additive. Elles correspondent en fait à peu près aux trois longueurs d'ondes auxquelles répondent les trois types de cônes de l'oeil humain. Elles sont utilisées en imagerie numérique afin d'obtenir toutes les couleurs visibles par l'homme.

SB : Sigle pour Substance Blanche. Une des deux catégories de tissus du système nerveux. Elle forme la partie interne du cerveau et la partie superficielle de la moelle épinière. La substance blanche est composée de fibres nerveuses, les axones et les dendrites, qui relient différentes parties du cerveau et transmettent les impulsions nerveuses de et vers les neurones.

Sensibilité : La sensibilité d'un test ou d'un examen diagnostique est sa capacité de donner un résultat positif lorsque la maladie (ou la condition) est présente.

SEP : Sigle pour Sclérose En Plaques. La SEP est une maladie neurologique auto-immune chronique du système nerveux central. Elle est multifactorielle et ses manifestations cliniques sont liées à une démyélinisation des fibres nerveuses du système nerveux central.

SG : Sigle pour Substance Grise. Elle constitue la partie des tissus du système nerveux central concentrant les corps cellulaires des neurones et des cellules gliales. Observée dans une coupe histologique, elle apparaît plus foncée que le reste du tissu car elle contient les noyaux des cellules. Elle constitue le coeur du traitement de l'information nerveuse. On retrouve de la substance grise principalement au niveau du cortex cérébral, du cortex cérébelleux, dans les noyaux gris centraux et dans les noyaux du tronc cérébral et à l'intérieur de la moelle épinière.

Shape from shading : Shape from shading est un procédé de calcul de forme tridimensionnelle à partir d'une seule image de cette surface. Contrairement à la plupart des autres problèmes de reconstruction tridimensionnelle, les données sont ici minimales et le problème est très complexe.

Snake : Mot anglais utilisé pour désigner les contours actifs (pour plus de détails, cf. p.51).

SNAP : Logiciel de segmentation semi-automatique par contours actifs géodésiques mis au point par Ho et coll. [135].

SPAM : Acronyme anglais pour Statistical Probability Atlas Maps (pour plus de détails, cf. p.46).

Spécificité : La spécificité d'un test ou d'un examen diagnostique est sa capacité de donner un résultat négatif lorsque la maladie (ou la condition) n'est pas présente.

STREM : Acronyme anglais pour Spatio-Temporal Robust Expectation-Maximisation : version robuste spatio-temporelle de l'algorithme EM (pour plus de détails, cf. [3]).

SVM : Sigle anglais pour Support Vector Machine (pour plus de détails cf. p.35).

T1 : Une image pondérée en T1 est le résultat d'interactions entre les protons et l'ensemble de l'environnement et met en évidence les structures anatomiques.

T2 : Une image pondérée en T2 est le résultat d'interactions de protons à protons voisins et met en évidence les structures pathologiques.

TCAN : Sigle pour Tissus Cérébraux d'Apparence Normale.

Test de Student : Le test de Student est un test statistique qui compare la moyenne observée d'un échantillon statistique à une valeur fixée, ou encore la probabilité observée d'un caractère à une probabilité théorique. Il permet aussi de comparer les moyennes de deux échantillons statistiques (on parle alors de test de conformité). Il tire son nom de la loi où on lit l'écart critique.

TGF : Sigle pour T1, T1 avec injection de Gadolinium et FLAIR. Combinaison de 3 séquences utilisée pour la segmentation multidimensionnelle d'IRM cérébrales.

Thalamus : Le thalamus est une structure paire d'origine diencephalique située de part et d'autre du troisième ventricule dont il constitue les parois latérales (pour plus de détails cf. p.158).

TTF : Sigle pour T1, T2 et FLAIR. Combinaison de 3 séquences utilisée pour la segmentation multidimensionnelle d'IRM cérébrales.

TTGF : Sigle pour T1, T2, T1 avec injection de Gadolinium et FLAIR. Combinaison de 4 séquences utilisée pour la segmentation multidimensionnelle d'IRM cérébrales.

TTP : Sigle pour T1, T2 et DP. Combinaison de 3 séquences utilisée pour la segmentation multidimensionnelle d'IRM cérébrales.

TTPF : Sigle pour T1, T2, DP et FLAIR. Combinaison de 4 séquences utilisée pour la segmentation multidimensionnelle d'IRM cérébrales.

TTPGF : Sigle pour T1, T2, DP, T1 avec injection de Gadolinium et FLAIR. Combinaison de 5 séquences utilisée pour la segmentation multidimensionnelle d'IRM cérébrales.

WDM : Sigle anglais pour Warp Distribution Model. WDM est un modèle d'analyse et de représentation de forme. C'est l'équivalent pour les AAM du PDM des ASM.

Annexe C

Publications

Conférences et workshops internationaux

R. Datteri, J. Lecoeur, C. Barillot, B. Dawant - **Segmentation of the Thalamus in Multi-Spectral MR Images Using a Combination of Atlas-Based and Gradient Graph Cut Methods** - *International SPIE Conference on Medical Imaging : Image Processing*, 2010, San Diego, CA, USA.

J. Lecoeur, J.-C. Ferré, C. Barillot - **Optimized supervised segmentation of MS lesions from multispectral MRIs** - *2nd MICCAI workshop on Medical Image Analysis on Multiple Sclerosis (validation and methodological issues)*, 2009, London, UK.

D. García-Lorenzo, J. Lecoeur, D.L. Arnold, D.L. Collins, C. Barillot - **Multiple Sclerosis lesion segmentation using an automatic multimodal Graph Cuts** - *12th International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI)*, 2009, London, UK.

J. Lecoeur, J.-C. Ferré, D. L. Collins, S. Morrissey, C. Barillot - **Multi Channel MRI Segmentation With Graph Cuts Using Spectral Gradient And Multidimensional Gaussian Mixture Model** - *International SPIE Conference on Medical Imaging : Image Processing*, 2009, Orlando, FL, USA.

J. Lecoeur, S. Morissey, J.-C. Ferré, D.L. Arnold, D.L. Collins, C. Barillot - **Multiple Sclerosis Lesions Segmentation using Spectral Gradient and Graph Cuts** - *1st MICCAI workshop on Medical Image Analysis on Multiple Sclerosis (validation and methodological issues)*, 2008, New York City, NY, USA.

Conférences nationales

J. Lecoœur, J.-C. Ferré, C. Barillot - **Segmentation multimodale optimale par coupe de graphe multispectral : applications aux lésions de sclérose en plaques en IRM** - *17ème Congrès francophone sur la Reconnaissance des Formes et l'Intelligence Artificielle (RFIA 2010)*, 2010, Caen, France.

Rapport de recherche

J. Lecoœur, C. Barillot - **Segmentation d'images cérébrales : État de l'art** - *Rapport de Recherche INRIA n ° 6306*, 2007, Rennes, France.

Bibliographie

- [1] G. ABRAS et V. BALLARIN : A Weighted K-means Algorithm applied to Brain Tissue Classification. *Journal of Computer Science and Technology*, 5:121–126, 2005.
- [2] D. ADALSTEINSSON et J.-A. SETHIAN : A fast level set method for propagating interfaces. *Journal of Computational Physics*, 118:269–277, 1995.
- [3] L. AÏT-ALI, S. PRIMA, P. HELLIER, B. CARSIN, G. EDAN et C. BARILLOT : STREM : a robust multidimensional parametric method to segment MS lesions in MRI. *Dans International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 409–416, octobre 2005.
- [4] A. AKHOUNDI-ASL et H. SOLTANIAN-ZADEH : Nonparametric entropy-based coupled multi-shape medical image segmentation. *Dans International Symposium on Biomedical Imaging*, 2007.
- [5] A. AKSELROD-BALLIN, M. GALUN, M. GOMORI, R. BASRI et A. BRANDT : Atlas guided identification of brain structures by combining 3d segmentation and svm classification. *Dans International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, 2006.
- [6] A. ALI et A. FARAG : Graph cut based segmentation of multimodal images. *Dans IEEE International Symposium on Signal Processing and Information Technology*, pages 1036–1041, 2007.
- [7] J. ALIREZAIE, M. JERNIGAN et C. NAHMIA : Neural Network-Based Segmentation of Magnetic Resonance Images of the Brain. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 44:194–198, 1997.
- [8] A. ARDIZZONE, R. PIRRONE et O. GAMBINO : Fuzzy C-Means Segmentation on Brain MR Slices Corrupted by RF-Inhomogeneity. *Dans International workshop on Fuzzy Logic and Applications : Applications of Fuzzy Sets Theory*, 2007.
- [9] J. ASHBURNER et K. FRISTON : Unified segmentation. *Neuroimage*, 26:839–851, 2005.
- [10] M.S. ATKINS et B.T. MACKIEWICH : Fully automatic segmentation of brain in MRI. *IEEE Transactions on MEDical Imaging*, 17:98–107, 1998.
- [11] R. AYACHI et N. BEN ARMOR : Brain Tumor Segmentation Using Support Vector Machine. *Dans European Conference on Symbolic and Quantitative Approaches to Reasoning with Uncertainty*, 2009.

- [12] J. BABAUD, A. WITKIN, M. BAUDIN et R. DUDA : Uniqueness of the gaussian kernel for scale-space filtering. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 8(1):26–33, 1986.
- [13] C. BAILLARD, C. BARILLOT et P. BOUTHEMY : Robust adaptative segmentation of 3D medical images with level sets. Rapport de Recherche 4071, INRIA, novembre 2000.
- [14] C. BAILLARD, P. HELLIER et C. BARILLOT : Segmentation of brain 3D MR images using level sets and dense registration. *Medical Image Analysis*, 5(3):185 – 194, 2001.
- [15] J. BAILLEUL, S. RUAN, D. BLOYET et B. ROMANIUK : Segmentation of anatomical structures from 3D brain MRI using automatically-built statistical shape models. *Dans IEEE International Conference on Image Processing*, 2004.
- [16] T. BAILLOEUL, V. PRINET, B. SERRA, P. MARTHON et A. RANGARAJAN : Spatio-temporal prior shape constraint for level set segmentation. *Dans Energy minimization methods in computer vision and pattern recognition*, pages 503–519, novembre 2005.
- [17] V. BARRA et J.-P. BOIRE : Automatic Segmentation of Subcortical Brain Structures in MR Images Using Information Fusion. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(7):549–558, 2001.
- [18] R. BEICHEL, H. BISCHOF, F. LEBERL et M. SONKA : Robust active appearance models and their application to medical image analysis. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 24(9):1151–1169, septembre 2005.
- [19] C. BERGE : *Graphes et hypergraphes*. Dunod, 1969.
- [20] F. BERGHOLM : Edge focusing. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 9(6):726–741, 1987.
- [21] J. BETSER, S. DELEST et R. BONÉ : Unbiased watershed hierarchical 3D segmentation. *Dans Visualization, Imaging, and Image Processing*, 2005.
- [22] J. BEZDEK : *Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms*. Kluwer Academic Publishers, 1981.
- [23] J. BEZDEK, J. KELLER, N. PAL et R. KRISNAPURAM : *Fuzzy Models And Algorithms For Pattern Recognition And Image Processing*. Kluwer Academic Publishers, 1995.
- [24] C. BIERNACKI, G. CELEUX et G. GOVAERT : Choosing starting values for the EM algorithm for getting the highest likelihood in multivariate Gaussian mixture models. *Computational Statistics and Data Analysis*, 41(3–4):561–575, 2003.
- [25] A. BLAKE, C. ROTHER, M. BROWN, P. PÉREZ et P. TORR : Interactive image segmentation using an adaptive GMMRF model. *Dans European Conference on Computer Vision*, pages 428–441, 2004.
- [26] P. BLONDA, A. BENNARDO, G. SATALINO, G. PASQUARIELLO, R. DE BLASI et D. MILELLA : Fuzzy neural-network-based segmentation of multispectral magnetic-

- resonance brain images. *Dans Proceedings of SPIE Conference : Applications of Fuzzy Logic Technology III*, volume 2761, 1996.
- [27] P. BLONDA, G. SATALINO, A. BARALDI et R. DE BLASI : Segmentation of multiple sclerosis lesions in MRI by fuzzy neuralnetworks : FLVQ and FOSART. *Dans Conference of the North American Fuzzy Information Processing Society*, 1998.
 - [28] A. BOCIOACA, C. BADEA, G. KOSTOPOULOS et A. IOANNIDES : A Software For Brain Segmentation From MRI Data - A Morphology Based Approach. *Dans European Winter Conference of Brain Research*, 2000.
 - [29] S. BOUROUIS, K. HAMROUNI et N. BETROUNI : Automatic MRI Brain Segmentation with Combined Atlas-Based Classification and Level-Set Approach. *Dans International Conference on Image Analysis and Recognition*, 2008.
 - [30] Y. BOYKOV et G. FUNKA-LEA : Graph cuts and efficient N-D images segmentation. *International Journal of Computer Vision*, 70(2):109–131, novembre 2006.
 - [31] Y. BOYKOV et M.-P. JOLLY : Interactive organ segmentation using graph cuts. *Dans International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 276–286. Springer-Verlag, 2000.
 - [32] Y. BOYKOV et M.-P. JOLLY : Demonstration of segmentation with interactive graph cuts. *Dans International Conference on Computer Vision*, volume 2, pages 741–741, juillet 2001.
 - [33] Y. BOYKOV et M.-P. JOLLY : Interactive graph cuts for optimal boundary & region segmentation of objects in N-D images. *Dans International Conference on Computer Vision*, volume 1, pages 105–112, juillet 2001.
 - [34] Y. BOYKOV et V. KOLMOGOROV : Computing geodesics and minimal surfaces via graph cuts. *Dans International Conference on Computer Vision*, volume 1, pages 26–33, 2003.
 - [35] Y. BOYKOV et V. KOLMOGOROV : An experimental comparison of min-cut/max-flow algorithms for energy minimization in vision. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 26(9):1124–1137, septembre 2004.
 - [36] Y. BOYKOV, O. VEKSLER et R. ZABIH : Fast approximate energy minimization via graph cuts. *Dans IEEE International Conference on Computer Vision*, volume 1, pages 377–384, septembre 1999.
 - [37] Y. BOYKOV, O. VEKSLER et R. ZABIH : Fast approximate energy minimization via graph cuts. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 23(11):1222–1239, 2001.
 - [38] A. BRETTO, H. CHERIFI et D. ABOUTAJDINE : Hypergraph imaging : an overview. *Pattern Recognition*, 35(3):651–658, 2002.
 - [39] A. BRETTO et L. GILLIBERT : Hypergraph-based image representation. *Dans Graph-based Representations in Pattern Recognition*, pages 1–11, 2005.
 - [40] S. BRICQ : *Segmentation d'images IRM anatomiques par inférence bayésienne multimodale et détection de lésions*. Thèse de doctorat, Université Louis Pasteur de Strasbourg, 2008.

- [41] G. BUENO, F. HEITZ et J.-P. ARMSPACH : Three-dimensional watershed-based segmentation of internal structures within mr brain images. *Dans SPIE Medical Imaging*, 2000.
- [42] J. BUSTILLO, L. ROWLAND, J. LAURIELLO, H. PETROPOULOS, R. HAMMOND, B. HART et W. BROOKS : High choline concentrations in the caudate nucleus in antipsychotic-naïve patients with schizophrenia. *American Journal of Psychiatry*, 159:130–133, 2002.
- [43] J. CANNY : Finding edges and lines in images. Rapport de Recherche, Massachusetts Institute of Technology, 1983.
- [44] J. CANNY : A computational approach to edge detection. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 8:679–714, 1986.
- [45] A. CAPELLE, O. ALATA, C. FERNANDEZ, S. LEFEVRE et J.C. FERRIE : Unsupervised segmentation for automatic detection of brain tumors in MRI. *Dans International Conference on Image Processing*, volume 1, pages 613–616, septembre 2000.
- [46] V. CASELLES, F. CATTE, T. COLL et F. DIBOS : A geometric model for active contours in image processing. *Numerische Mathematik*, 66(1):1–31, octobre 1993.
- [47] V. CASELLES, R. KIMMEL et G. SAPIRO : Geodesic active contours. *International Journal of Computer Vision*, 22(1):61–79, 1997.
- [48] A. CAUNCE et C.J. TAYLOR : Building 3D sulcal models using local geometry. *Medical Image Analysis*, 5:69–80, 2001.
- [49] G. CELEUX et D. DIEBOLT : The SEM algorithm : a probabilistic teacher algorithm derived from the EM algorithm for the mixture problem. *Computational Statistics Quarterly*, 2(1):73–82, 1985.
- [50] G. CELEUX et G. GOVAERT : A classification EM algorithm for clustering and two stochastic versions. Rapport de Recherche 1364, Inria, 1991.
- [51] T. CHAN et L. VESE : Active contours without edges. *IEEE Transactions on Image Processing*, 10(2):266–277, février 2001.
- [52] S. CHASTEL, P. COLANTONI et A. BRETTO : Displaying image neighborhood hypergraphs line-graphs. *Dans International Conference on Discrete Geometry for Computer Imagery*, pages 124–135, 2002.
- [53] Q.-Y. CHEN et Q. YANG : Segmentation of images using support vector machines. *Dans International Conference on Machine Learning and Cybernetics*, volume 5, pages 3304–3306, août 2004.
- [54] T. CHEN et T. HUANG : Region based hidden markov random field model for brain mr image segmentation. *Dans International conference on Pattern Recognition and Computer Vision*, 2005.
- [55] J. CHIVERTON, K. WELLS, E. LEWIS, C. CHEN, B. PODDA et D. JOHNSON : Statistical morphological skull stripping of adult and infant MRI data. *Computers in biology and medicine*, 37:342–357, 2007.

- [56] H. CHOI et R. BARANIUK : Image segmentation using wavelet-domain classification. *Dans SPIE Conference on Mathematical Modeling, Bayesian Estimation, and Inverse Problem*, juillet 1999.
- [57] C. CIOFOLO : *Segmentation de formes guidée par des modèles en neuro-imagerie - Intégration de la commande floue dans une méthode de segmentation par ensembles de niveau*. Thèse de doctorat, Université de Rennes I - IFSIC - Ecole doctorale Matisse, décembre 2005.
- [58] C. CIOFOLO et C. BARILLOT : Brain segmentation with competitive level sets and fuzzy control. *Dans Information Processing in Medical Imaging*, volume 3565 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 333–344. Springer Berlin / Heidelberg, 2005.
- [59] C. CIOFOLO, C. BARILLOT et P. HELLIER : Combining fuzzy logic and level set methods for 3D MRI brain segmentation. *Dans IEEE International Symposium on Biomedical Imaging : Macro to Nano*, volume 1, pages 161–164, avril 2004.
- [60] C.A. COCOSCO, K. KWAN et R. EVANS : BrainWeb : online interface to a 3-D MRI simulated brain database. *Neuroimage*, 5(4):part 2/4, S425, 1997.
- [61] L. COHEN : On active contour models and balloons. *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, 53(2):211–218, 1991.
- [62] D.-L. COLLINS et A.-C. EVANS : ANIMAL : validation and applications of non-linear registration-based segmentation. *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 11(8):1271–1294, décembre 1997.
- [63] D.-L. COLLINS, P. NEELIN, T.-M. PETERS et A.-C. EVANS : Automatic 3D Intersubject Registration of MR Volumetric Data in Standardized Talairach Space. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 18:192–205, mars 1994.
- [64] D. L. COLLINS, W. ZIJBENDOS, A. and Baaré et A. EVANS : ANIMAL+INSECT : Improved Cortical Structure Segmentation. *Dans International Conference on Information Processing in Medical Imaging*, pages 210–223, 1999.
- [65] D.-L. COLLINS, A.-P. ZIJDENBOS, V. KOLLOKIAN, J.-G. SLED, N.-J. KABANI, C.-J. HOLMES et A.-C. EVANS : Design and construction of a realistic digital brain phantom. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(3):463–468, juin 1998.
- [66] D. COMANICIU et P. MEER : Mean shift : a robust approach toward feature space analysis. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 24(5):603–619, mai 2002.
- [67] W. COOK, W. CUNNINGHAM, W. PULLEYBLANK et A. SCHRIJVER : *Combinatorial Optimization*. John Wiley & Sons, 1998.
- [68] T. COOTES, C. BEESTON, G. EDWARDS et C. TAYLOR : A unified framework for atlas matching using active appearance models. *Dans IEEE International Conference on Information Processing in Medical Imaging*, volume 1613, pages 322–333, 1999.
- [69] T. COOTES, G. EDWARDS et C. TAYLOR : Active appearance models. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 23(6):681–685, 2001.

- [70] T. COOTES et C. TAYLOR : Active shape models - smart snakes. *Dans Proceedings of British Machine Vision Conference*, 1992.
- [71] T. COOTES et C. TAYLOR : Statistical models of appearance for medical image analysis and computer vision. *Dans SPIE Medical Imaging*, 2001.
- [72] T. COOTES, C. TAYLOR, D. COOPER et J. GRAHAM : Training models of shape from sets of examples. *Dans Proceedings of British Machine Vision Conference*, pages 266–275. Springer, 1992.
- [73] I. COROUGE : *Modélisation Statistique de formes en imagerie cérébrale*. Thèse de doctorat, Université de Rennes I - IFSIC - Ecole doctorale Matisse, avril 2003.
- [74] I. COROUGE, M. DOJAT et C. BARILLOT : Statistical shape modeling of low level visual area borders. *Medical Image Analysis*, 8(3):353–360, 2004.
- [75] I. COROUGE, P. HELLIER, B. GIBAUD et C. BARILLOT : Interindividual functional mapping : a nonlinear local approach. *NeuroImage*, 19(4):1337–1348, 2003.
- [76] P. COUPÉ, P. YGER, S. PRIMA, P. HELLIER, C. KERVRANN et C. BARILLOT : An Optimized Blockwise Non Local Means Denoising Filter for 3D Magnetic Resonance Images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 27(4):425–441, 2008.
- [77] M. CUADRA, C. POLLO, A. BARDERA, O. CUISENAIRE, J.-G. VILLEMURE et J.-P. THIRAN : Atlas-based segmentation of pathological MR brain images using a model of lesion growth. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 23(10):1301–1314, octobre 2004.
- [78] G. DANTZIG et Fulkerson D. : On the max-flow min-cut theorems of networks. *Annals of Mathematical Study*, 38:215–221, 1956.
- [79] C. DAVATZIKOS, X. TAO et D. SHEN : Hierarchical active shape models, using the wavelet transform. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 22(3):414–423, mars 2003.
- [80] B. DAWANT, S. HARTMANN, J. P. THIRION, F. MAES, D. VANDERMEULEN et P. DEMAEREL : Automatic 3-D segmentation of internal structures of the head in MR images using a combination of similarity and free-form transformations : Part I, Methodology and validation on normal subjects. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10):909–916, octobre 1999.
- [81] A. DEMPSTER, N. LAIRD et D. RUBIN : Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society*, 39(1):1–38, 1977.
- [82] S. DEONI, B. RUTT, A. PARRENT et T. PETERS : Segmentation of thalamic nuclei using a modified k-means clustering algorithm and high-resolution quantitative magnetic resonance imaging at 1.5 T. *NeuroImage*, 34:117–126, 2007.
- [83] R. DERICHE : Optimal edge detection using recursive filtering. *Dans International Conference on Computer Vision*, 1987.
- [84] R. DERICHE : Using Canny’s criteria to derive a recursively implemented optimal edge detector. *International Journal of Computer Vision*, 1(2):167–187, mai 1987.

- [85] L. DICE : Measure of the amount of ecological association between species. *Ecology*, 26(3):297–302, 1945.
- [86] O. DIETRICH, J.G. RAYA, S.B. REEDER, M. INGRISCH, M.F. REISER et S.O. SCHOENBERG : Influence of multichannel combination, parallel imaging and other reconstruction techniques on MRI noise characteristics. *Magnetic Resonance Imaging*, 26(6):754–762, 2008.
- [87] H. DIGABEL et C. LANTUÉJOUL : Iterative algorithm. *Quantitative analysis of microstructures in materials sciences*, 1:85–99, 1978.
- [88] E. DINIC : Algorithm for solution of a problem of maximum flow in networks with power estimation. *Soviet Mathematics Doklady*, 11:1277–1280, 1970.
- [89] Z. DOKUR et ÖLMEZ : Segmentation of MR and CT Images by Using a Quantiser Neural Network. *Neural Computing and Applications*, 11:168–177, 2003.
- [90] C. DRAPACA, V. CARDENAS et C. STUDHOLME : Segmentation of tissue boundary evolution from brain MR image sequences using multi-phase level sets. *Computer Vision and Image Understanding*, 100(3):312–329, 2005.
- [91] M. DROSKE, B. MEYER, M. RUMPF et K. SCHALLER : An adaptive level set method for medical image segmentation. *Dans International Conference on Information Processing in Medical Imaging*, 2001.
- [92] Y. DUAN, X. LI et Y. XI : Thalamus Segmentation from Diffusion Tensor Magnetic Resonance Imaging. *International Journal of Biomedical Imaging*, 2001(2):1 – 5, 2007.
- [93] S. DUCHESNE, J. PRUSSNER et D.L. COLLINS : Appearance-based segmentation of medial temporal lobe structures. *NeuroImage*, 17:515–531, 2002.
- [94] G. DUGAS-PHOCION, M.A. GONZALEZ, C. LEBRUN, S. CHANALET, C. BENZA, G. MALANDAIN et N. AYACHE : Hierarchical segmentation of multiple sclerosis lesions in multi-sequence MRI. *Dans IEEE International Symposium on Biomedical Imaging : Macro to Nano, 2004*, volume 1, pages 157–160, avril 2004.
- [95] J. DUNN : A fuzzy relative of the ISODATA process and its use in detecting compact well-separated clusters. *Journal of Cybernetics*, 3:32–57, 1973.
- [96] N. DUTA et M. SONKA : Segmentation and interpretation of MR brain images using an improved knowledge-based active shape model. *Dans Information Processing in Medical Imaging*, pages 375–380, 1997.
- [97] P. ELIAS, A. FEINSTEIN et C. SHANNON : A note on the maximum flow through a network. *IRE Transactions on Information Theory*, 2(4):117–119, 1956.
- [98] A. EVANS, D.L. COLLINS et C. HOLMES : Automatic 3D regional MRI segmentation and statistical probability anatomy maps. *Dans Quantification of Brain Function : Tracer kinetics and image analysis in brain PET*, 1995.
- [99] O. FAUGERAS, G. ADDE, G. CHARPIAT, C. CHEFD’HOTEL, M. CLERC, T. DENEUX, R. DERICHE, G. HERMOSILLO, R. KERIVEN, P. KORNPBST, J. KY-BIC, C. LENGLET, L. LOPEZ-PEREZ, T. PAPADOPOULO, J.-P. PONS, F. SEGONNE,

- B. THIRION, D. TSCHUMPERLÉ, T. VIÉVILLE et N. WOTAWA : Variational, Geometric and Statistical Methods for Modeling Brain Anatomy and Function. Rapport technique 5202, INRIA, 2004.
- [100] O. FAUGERAS et R. KERIVEN : Variational principles, surface evolution, PDEs, level set methods, and the stereo problem. *IEEE Transactions on Image Processing*, 7(3):336–344, mar 1998.
- [101] M. FIGUEIREDO : Bayesian image segmentation using wavelet-based priors. *Dans IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, volume 1, pages 437–443, 2005.
- [102] L. FLORACK et A. KUIJPER : The topological structure of scale-space images. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 12(1):65–79, 2000.
- [103] L. FORD et D. FULKERSON : Maximal flow through a network. *Canadian Journal of Mathematics*, 8:399–404, 1956.
- [104] L. FORD et D. FULKERSON : *Flows in Network*. Princeton University Press, 1962.
- [105] D. FREEDMAN et T. ZHANG : Interactive graph cut based segmentation with shape priors. *Dans IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, volume 1, pages 755–762, juin 2005.
- [106] O. FREIFELD, H. GREENSPAN et J. GOLDBERGER : Lesion detection in noisy MR brain images using constrained GMM and active contours. *Dans IEEE International Symposium on Biomedical Imaging : From Nano to Macro*, pages 596–599, 2007.
- [107] K. FUKUNAGA et L. HOSTETLER : The estimation of the gradient of a density function with applications in pattern recognition. *IEEE Transactions on Information Theory*, IT-21:32–40, 1975.
- [108] D. GARCÍA-LORENZO : *Automatic segmentation of multiple sclerosis lesions in magnetic resonance images*. Thèse de doctorat, Université de Rennes I, 2010.
- [109] D. GARCÍA-LORENZO, S. PRIMA, D. L. COLLINS, D. L. ARNOLD, S. P. MORRISSEY et C. BARILLOT : Combining Robust Expectation Maximization and Mean Shift algorithms for Multiple Sclerosis Brain Segmentation. *Dans Proceedings of MICCAI workshop on Medical Image Analysis on Multiple Sclerosis (validation and methodological issues)*, 2008.
- [110] D. GARCÍA-LORENZO, S. PRIMA, D. L. COLLINS, D. L. ARNOLD, C. BARILLOT et S. P. MORRISSEY : Multiple Sclerosis (MS) Brain segmentation combining robust Expectation Maximization (EM) and Mean Shift (MeS). *Dans Annual Meeting of the European Society for Magnetic Resonance in Medicine and Biology*, Valencia, Spain, October 2008.
- [111] S. GEMAN et D. GEMAN : Stochastic relaxation, Gibbs distribution, and the Bayesian restoration of images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 6:721–741, 1984.

- [112] G. GERIG, M. STYNER, D. JONES, D. WEINBERGER et J. LIEBERMAN : Shape analysis of brain ventricles using SPHARM. *Dans IEEE Workshop on Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis*, pages 171–178, décembre 2001.
- [113] L. GERMOND, M. DOJAT, C. TAYLOR et C. GARBAY : A cooperative framework for segmentation of MRI brain scans. *Artificial Intelligence in Medicine*, 20:77–93, 2000.
- [114] J.-M. GEUSEBROEK, A. DEV, R. van den BOOMGAARD, A. SMEULDERS, F. CORNELISSEN et H. GEERTS : Color invariant edge detection. *Dans Scale-Space Theories in Computer Vision*, volume 1252 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 459–464, 1999.
- [115] J.-M. GEUSEBROEK, A.W.M. SMEULDERS et R. van den BOOMGAARD : Measurement of color invariants. *Dans IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, volume 1, pages 50–57vol.1, 13-15 June 2000.
- [116] A. GOLDBERG et A. TARJAN : A new approach to the maximum flow problem. *Journal of the association for computing Machinery*, 35(4):921–940, 10 1988.
- [117] D. GOLDBERG-ZIMRING, H. AZHARI, S. MIRON et A. ACHIRON : 3-D surface reconstruction of multiple sclerosis lesions using spherical harmonics. *Magnetic Resonance in Medicine*, 46(4):756–766, octobre 2001.
- [118] R. GOLDENBERG, R. KIMMEL, E. RIVLIN et M. RUDZSKY : Fast geodesic active contours. *IEEE Transactions on Image Processing*, 10(10):1467–1475, octobre 2001.
- [119] Henri GRAY : *Anatomy of the human body*. Henri Gray, 1858.
- [120] H. GREENSPAN, A. RUF et J. GOLDBERGER : Constrained gaussian mixture model framework for automatic segmentation of mr brain images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 25(9):1233–1245, 2006.
- [121] D. GREIG, B. PORTEOUS et A. SEHEULT : Exact maximum a posteriori estimation for binary images. *Journal of the Royal Statistical Society*, 51(2):271–279, 1989.
- [122] J. GRIMAUD, M. LAI, J. THORPE, P. ADELEINE, L. WANG, G. BARKER, D. PLUMMER, P. TOFT, W. McDONALD et D. MILLER : Quantification of MRI lesion load in multiple sclerosis : a comparison of three computer-assisted techniques. *MR Imaging*, 14(5):495–505, 1996.
- [123] A.S. HADI et A. LUCEÑO : Maximum trimmed likelihood estimators : a unified approach, examples, and algorithms. *Computational statistics and Data Analysis*, 25:251–272, 1997.
- [124] J. M. HAMMERSLEY et P. CLIFFORD : Markov random fields in statistics. 1971.
- [125] X. HAN et B. FISCHL : Atlas renormalization for improved brain MR image segmentation across scanner platforms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 26(4):479–486, avril 2007.
- [126] X. HAN, C. XU et J. PRINCE : Toplogy Preserving Geometric Deformable Models for Brain Reconstruction. *Dans Geometric Level Set Methods in Imaging, Vision and Graphics*, 2003.

- [127] X. HAN, C. XU et J. PRINCE : A topology preserving level set method for geometric deformable models. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 25(6):755–768, 2003.
- [128] S. HARTMANN, M. PARKS, P. MARTIN et B. DAWANT : Automatic 3-D segmentation of internal structures of the head in MR images using a combination of similarity and free-form transformations : Part II, Validation on severely atrophied brains. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10):917–926, octobre 1999.
- [129] A. HASHIMOTO et H. KUDO : Ordered-subsets EM algorithm for image segmentation with application to brain MRI. *Dans IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record*, 2000.
- [130] S. HAYKIN : *Neural networks : a comprehensive foundation - 2nd Edition*. Prentice Hall, 1998.
- [131] K. HELD, E. ROTA KOPS, B. KRAUSE, W. WELLS, R. KIKINIS et H. MÜLLER-GÄRTNER : Markov random field segmentation of brain mr images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(6):878–886, 1997.
- [132] R. HENKEL : Segmentation in scale space. *Dans Computer Analysis of Images and Patterns*, pages 41–48, 1995.
- [133] E. HERING : *Outlines of a theory of the light sense*. Harvard University Press, 1964.
- [134] S. HO, E. BULLITT et G. GERIG : Level Set Evolution with Region Competition : Automatic 3-D Segmentation of Brain Tumors. *Dans International Conference on Information Processing in Medical Imaging*, 2002.
- [135] S. HO, H. CODY et G. GERIG : SNAP : A Software Package for User-Guided Geodesic Snake Segmentation. Rapport technique, University of North Carolina, 2003.
- [136] S. HOROWITZ et T. PAVLIDIS : Picture segmentation by a directed split-and-merge procedure. Rapport de Recherche, Departement of Electrical Engineering, Princeton University, 1975.
- [137] S. HOROWITZ et T. PAVLIDIS : Picture segmentation by a tree traversal algorithm. *Journal of The Association for Computing Machinery*, 23(3):368–388, avril 1976.
- [138] Z. HOU et T. KOH : Wavelet shrinkage prefiltering for brain tissue segmentation. *Dans International Conference of the Engineering in Medicine and Biology Society*, pages 1604–1606, septembre 2005.
- [139] Z. HOU, W. QIAN, S. HUANG, Q. HU et W. NOWINSKI : Regularized fuzzy c-means method for brain brain tissue clustering. *Pattern Recognition Letters*, 28:1788–1794, 2007.
- [140] Y.-T. HSIAO, C.-L. CHUANG, J.-A. JIANG et C.-C. CHIEN : A contour based image segmentation algorithm using morphological edge detection. *Dans IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics*, volume 3, pages 2962–2967, 10-12 Oct. 2005.

- [141] R. HULT : Grey-Level Morphology Combined with an Artificial Neural Networks Approach for Multimodal Segmentation of the Hippocampus. *Dans International Conference on Image Analysis and Processing*, pages 277–282, 2003.
- [142] R. HUMMEL et B. GIDAS : Zero crossing and the heat equation. Rapport de Recherche, Courant institute of mathematical science, computer science division, 1984.
- [143] K. HÖHNE et W. HANSON : Interactive 3d segmentation of mri and ct volumes using morphological operations. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 16(2):285–294, 1992.
- [144] IBSR : (Internet Brain Segmentation Repository) - Center for Morphometric Analysis at Massachusetts General Hospital - <http://www.cma.mgh.harvard.edu/ibsr/>.
- [145] A. JAIN et F. FARROKHNI : Unsupervised texture segmentation using Gabor filters. *Pattern Recognition*, 24(12):1167–1186, 1991.
- [146] A. JAIN, S. PRABHAKAR, L. HONG et S. PANKANTI : Filterbank-based fingerprint matching. *IEEE Transactions on Image Processing*, 9(5):846–859, 2000.
- [147] S. JEHAN-BESSON : *Modèles de contours actifs basés régions pour la segmentation d'images et de vidéos*. Thèse de doctorat, Université de Nice - Sophia Antipolis, janvier 2003.
- [148] C. JIANG, X. ZHANG, W. HUANG et C. MEINEL : Segmentation and quantification of brain tumor. *Dans IEEE Symposium on Virtual Environments, Human-Computer Interfaces and Measurement Systems*, 2004.
- [149] L. JIANG et W. YANG : A Modified Fuzzy C-Means Algorithm for Segmentation of Magnetic Resonance Images. *Dans Digital Image Computing, Techniques and Applications*, pages 225–232, 2003.
- [150] J. JIMÉNEZ-ALANIZ, V. MEDINA-BAÑUELOS et O. YÁÑEZ-SUÁREZ : Data-driven brain MRI segmentation supported on edge confidence and a priori tissue information. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 25(1):74–83, janvier 2006.
- [151] F. JOFFRIN et B. AURIOL : A propos du corps calleux. *Dans <http://auriol.free.fr/joffrin/calleux.htm>*, 2002.
- [152] L. JONASSON, P. HAGMANN, C. POLLO, X. BRESSON, C. RICHERO WILSON, R. MEULI et J.-P. THIRAN : A level set method for segmentation of the thalamus and its nuclei in DT-MRI. *Signal processing*, 87:309–321, 2007.
- [153] O. JUAN et R. KERIVEN : Trimap segmentation for fast and user-friendly alpha matting. *Dans Variational, Geometric, and Level Set Methods in Computer Vision*, pages 186–197, 2005.
- [154] O. JUAN, R. KERIVEN et G. POSTELNICU : Stochastic mean curvature motion in computer vision : stochastic active contours. *Dans 2nd IEEE Workshop on Variational, Geometric and Level Set Methods in Computer Vision*, October 2003.
- [155] G. KARYPIS et V. KUMAR : Multilevel k-way Partitioning Scheme for Irregular Graphs. *Journal of Parallel and Distributed Computing*, 48(1):96–129, 1998.

- [156] M. KASS, A. WITKIN et D. TERZOPOULOS : Snakes : Active contour models. *International Journal of Computer Vision*, 1(4):321–331, 1987.
- [157] G. KELEMEN, G. SZÉKELY et G. GERIG : Elastic model-based segmentation of 3D neuroradiological data sets. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18:828 – 839, octobre 1999.
- [158] Y. KESELMAN et E. MICHELI-TZANAKOU : Extraction and characterization of regions of interest in biomedical images. *Dans IEEE International Conference on Information Technology Applications in Biomedicine*, pages 87–90, 16-17 May 1998.
- [159] H. KHOTANLOU : *Segmentation 3D de tumeurs et de structures internes du cerveau en IRM*. Thèse de doctorat, École nationale Supérieure de Télécommunications, 2008.
- [160] H. KHOTANLOU, J. ATIF, B. BATRANCOURT, O. COLLIOT, E. ANGELINI et I. BLOCH : Segmentation de tumeurs cérébrales et intégration dans un modèle de l'anatomie. *Dans Reconnaissance des Formes et Intelligence Artificielle*, 2006.
- [161] Y.-G. KIM, O.-B. GWUN et Song J.-W. : Brain Region Extraction and Direct Volume Rendering of MRI Head Data. *Dans International Symposium on Computational and Information Science*, 2004.
- [162] J. KLEMENCIC, J. PLUIM, M. VIERGEVER, H. SCHNACK et V. VALENCIC : Non-rigid registration based active appearance models for 3D medical image segmentation. *Journal of Imaging Science and Technology*, 48(2):166–171, 2004.
- [163] J. KOENDERINK : The structure of images. *Biological Cybernetics*, 50(5):363–370, août 1984.
- [164] J. KOENDERINK : The structure of the visual field. *Dans The physics of structure formation. Theory and simulation. Part I. Disordered systems, networks and patterns*, pages 66–77, 1987.
- [165] J. KOENDERINK : Scale-time. *Biological Cybernetics*, 58(3):159–162, février 1988.
- [166] J. KOENDERINK : *Color Space*. Utrecht University, 1998.
- [167] K. KOFFKA : *Principles of Gestalt Psychology*. Routledge & Kegan Paul, 1935.
- [168] V. KOLMOGOROV et R. ZABIH : What energy functions can be minimized via graph cuts? *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 26(2):147–159, février 2004.
- [169] A. KUIJPER et L. FLORACK : Hierarchical pre-segmentation without prior knowledge. *Dans IEEE International Conference on Computer Vision*, volume 2, pages 487–493, 2001.
- [170] A. KUIJPER, L. FLORACK et M. VIERGEVER : Scale space hierarchy. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 18(2):169–189, 2003.
- [171] W. KÖHLER : *Psychologie de la forme*. Gallimard, 1929.
- [172] F. LACHMANN : *Méthodes d'analyse d'images médicales pour la reconnaissance de structures cérébrales*. Thèse de doctorat, Université François Rabelais - Tours, 1992.

- [173] F. LACHMANN et C. BARILLOT : Brain tissue classification from mri data by means of texture analysis. *Dans Medical Imaging VI : Image Processing*, 1992.
- [174] Z. LAO, D. SHEN, A. JAWAD, B. KARACALI, D. LIU, E. MELHEM, R. BRYAN et C. DAVATZIKOS : Automated segmentation of white matter lesions in 3D brain MR images using multivariate pattern classification. *Dans IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, pages 307–310, avril 2006.
- [175] Z. LAO, D. SHEN, Z. XUE, B. KARACALI, S. RESNICK et C. DAVATZIKOS : Morphological classification of brains via high-dimensional shape transformations and machine learning methods. *Neuroimage*, 21(1):46–57, janvier 2004.
- [176] D. LE BIHAN, J.-F. MANGIN, C. POUPON, C. CLARK, S. PAPPATA, N. MOLKO et H. CHABRIAT : Diffusion tensor imaging : concepts and applications. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 13(4):534–546, 2001.
- [177] F. LECCELLIER, S. JEHAN-BESSON, M. FADILI, G. AUBERT et M. REVENU : Statistical region-based active contours with exponential family observations. *Dans International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing*, volume 2, pages 113–116, mai 2006.
- [178] F. LECCELLIER, S. JEHAN-BESSON, M. FADILI, G. AUBERT, M. REVENU et E. SALOUX : Region-based active contours with noise and shape priors. *Dans International Conference on Image Processing*, pages 1649–1652, 2006.
- [179] J. LECOEUR, J.-C. FERRÉ, D. L. COLLINS, S. MORRISSEY et C. BARILLOT : Multi Channel MRI Segmentation With Graph Cuts Using Spectral Gradient And Multi-dimensional Gaussian Mixture Model. *Dans Proceedings of SPIE Medical Imaging 2009 : Image Processing*, volume 7259, février 2009.
- [180] J. LECOEUR, S.-P. MORISSEY, J.-C. FERRÉ, D. ARNOLD, D. COLLINS et C. BARILLOT : Multiple Sclerosis Lesions Segmentation using Spectral Gradient and Graph Cuts. *Dans Proceedings of MICCAI workshop on Medical Image Analysis on Multiple Sclerosis (validation and methodological issues)*, September 2008.
- [181] C.-H. LEE, M. SCHMIDT, A. MURTHA, A. BISTRITZ, J. SANDER et R. GREINER : Segmenting brain tumors with conditional random fields and support vector machines. *Dans Computer Vision for Biomedical Imaging Applications*, pages 469–478, 2005.
- [182] K. Van LEEMPUT, F. MAES, D. VANDERMEULEN et P. SUETENS : Automatic segmentation of brain tissues and MR bias field correction using a digital brain atlas. *Dans International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 1222–1227, 1998.
- [183] F. LEITNER, I. MARQUE, S. LAVALLÉE et P. CINQUIN : *Dynamic segmentation : finding the edges with snakes splines*. Curves and Surfaces. Londres Academic Press, 1991.
- [184] D. LEMOINE, C. BARILLOT, B. GIBAUD et E. PASQUALINI : An anatomical-based 3D registration system of multimodality and atlas data in neurosurgery. *Dans Information Processing in Medical Imaging*, volume 511, pages 154–164, 1991.

- [185] M. LETTEBOER, O. OLSEN, E. DAM, P. WILLEMS, M. VIERGEVER et Niessen W. : Segmentation of tumors in magnetic resonance brain images using an interactive multiscale watershed algorithm. *Academic Radiology*, 11(10):1125–1138, 2004.
- [186] M. LEVENTON, E. GRIMSON, O. FAUGERAS, R. KIKINIS et W. WELLS : Knowledge-Based Segmentation of Medical Images. *Dans Geometric Level Set Methods in Imaging , Vision and Graphics*, 2003.
- [187] H. LI, T. LIU, G. YOUNG, L. GUO et S. WONG : Brain tissue segmentation based on DWI/DTI data. *Dans International Symposium on Biomedical Imaging*, pages 57–60, avril 2006.
- [188] X. LI, S. BHIDE et R. KABUKA : Labeling of MR Brain Images Using Boolean Neural Network. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(5):628–638, 1996.
- [189] Y. LI, P. WEN, D. POWERS et C. CLARK : LSB neural network based segmentation of MR brain images. *Dans IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics*, 1999.
- [190] Z. LI : Pre-attentive segmentation in the primary visual cortex. *Spatial vision*, 13(1):25–50, 2000.
- [191] L. LIFSHITZ et S. PIZER : A multiresolution hierarchical approach to image segmentation based on intensity extrema. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(6):529–540, 1990.
- [192] T. LINDBERG : Scale-space for discrete signals. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(3):234–245, 1990.
- [193] T. LINDBERG : Detecting salient blob-like image structures and their scales with a scale-space primal sketch : A method for focus-of-attention. *International Journal of Computer Vision*, 11(3):283–318, 1993.
- [194] Y. LIU, B. LI, D. ELLIMAN, P. MORGAN et D. AUER : Automatic Segmentation of Putamen from Brain MRI. *Dans International Symposium on Neural Networks*, 2006.
- [195] H. LOMBAERT, Y. SUN, L. GRADY et C. XU : A multilevel banded graph cuts method for fast image segmentation. *Dans International Conference on Computer Vision*, volume 1, pages 259–265, octobre 2005.
- [196] L. LORIGO, O. FAUGERAS, W. GRIMSON, R. KERIVEN, R. KIKINIS et C.-F. WESTIN : Co-dimension 2 Geodesic Active Contours for MRA Segmentation. *Dans International Conference on Information Processing in Medical Imaging*, 1999.
- [197] S. LUO, R. LI et S. OURSELIN : A new deformable model using dynamic gradient vector flow and adaptive balloon forces. *Dans APRS Workshop on Digital Image Computing*, 2003.
- [198] Y. MA et X. DING : Face detection based on hierarchical support vector machines. *Dans International Conference on Pattern Recognition*, volume 1, pages 222–225, 2002.

- [199] J. MACQUEEN : Some methods for classification and analysis of multivariate observations. *Dans Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability*, volume 1, pages 281–297. University of California Press, 1967.
- [200] G. MALANDAIN, G. BERTRAND et N. AYACHE : Topological segmentation of discrete surfaces. *International Journal of Computer Vision*, 10(2):183–197, 1993.
- [201] S. MALLAT : A theory for multiresolution signal decomposition : The wavelet representation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 11:674–693, juillet 1989.
- [202] S. MALLAT : *A Wavelet Tour of Signal Processing*. Academic Press, 1998.
- [203] M. MANCAS et B. GOSSELIN : Toward an automatic tumor segmentation using iterative watersheds. *Dans SPIE medical Imaging : Image Processing*, 2004.
- [204] J.-F. MANGIN, O. COULON et V. FROUIN : Robust Brain Segmentation Using Histogram Scale-Space Analysis and Mathematical Morphology. *Dans International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, 1998.
- [205] J. MANJÓN, J. TOHKA, G. GARCÍA-MARTÍ, J. CARBONELL-CABALLERO, J. LULL, L. MARTÍ-BONMATÍ et M. ROBLES : Robust mri brain tissue parameter estimation by multistage outlier rejection. *Magnetic resonance in Medicine*, 59:866–873, 2008.
- [206] D. MARR : *Vision*. W.H. Freeman and Company, 1982.
- [207] D. MARR et E. HILDRETH : Theory of edge detection. *Proceedings of the Royal Society in Biological Sciences*, 207:187–217, 1980.
- [208] D. MARR et T. POGGIO : A computational theory of human stereo vision. *Proceedings of the Royal Society in Biological Sciences*, 204:301–328, 1979.
- [209] D. MARR, T. POGGIO et S. ULLMAN : Bandpass channels, zero-crossings, and early visual information processing. *Journal of the Optical Society of America*, 69:914–916, 1979.
- [210] J. MARROQUIN, B. VEMURI, S. BOTELLO, E. CALDERON et A. FERNANDEZ-BOUZAS : An accurate and efficient bayesian method for automatic segmentation of brain mri. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 21(8):934–945, 2002.
- [211] Y. MASUTANI, S. AOKI, O. ABE, N. HAYASHI et K. OTOMO : MR diffusion tensor imaging : recent advance and new techniques for diffusion tensor visualization. *European Journal of Radiology*, 46(1):53–66, 2003.
- [212] G. MATHERON : *Random Sets and Integral Geometry*. John Wiley & Sons Inc, 1975.
- [213] P. MAUREL, O. FAUGERAS et R. KERIVEN : Reconciling landmarks and level sets : geometric shape warping and matching using generalized gradients and correspondence-augmented implicit representations. Rapport technique 5726, INRIA, 2005.
- [214] A. MAYER et H. GREENSPAN : Segmentation of brain MRI by adaptive mean shift. *Dans International Symposium on Biomedical Imaging*, pages 319–322, avril 2006.

- [215] J. MAZZIOTTA, A. TOGA, A. EVANS, P. FOX, J. LANCASTER, K. ZILLES, R. WOODS, T. PAUS, G. SIMPSON, B. PIKE, C. HOLMES, D. L. COLLINS, P. THOMPSON, M. MACDONALD, D. IACOBONI, T. SCHORMANN, K. AMUNTS, N. PALOMERO-GALLAGHER, S. GEYER, L. PARSONS, K. NARR, N. KABANI, G. LE GOUALHER, D. BOOMSMA, T. CANNON, B. KAWASHIMA et R. MAZOYER : A probabilistic atlas and reference system for the human brain : International consortium for brain mapping (ICBM). *Philosophical Transactions of the Royal Society B : Biological Sciences*, 356(1412):1293–1322, août 2001.
- [216] T. MCGRAW, E. OZARSLAN, C. VEMURI, Y. CHEN et T. MARECI : Denoising and visualization of hardi data. Rapport technique, University of Florida, 2004.
- [217] M. MEILĂ et D. HECKERMAN : An Experimental Comparison of Model-Based Clustering Methods. *Machine Learning*, 42(1–2):9–29, 2001.
- [218] S. MENET, P. SAINT MARC et G. MEDIONI : B-snakes : Implementation and application to stereo. *Dans Image Understanding Workshop*, pages 720–726, 1990.
- [219] F. MEYER : Skeletons in digital spaces. *Image Analysis and Mathematical Morphology*, 2:257–296, 1988.
- [220] O. MONGA, N. AYACHE et P. SANDER : Using Uncertainty to Link 3D Edge Detection and Local Surface Modelling. *Dans International Conference on Information Processing in Medical Imaging*, pages 273–284. Springer-Verlag, 1991.
- [221] O. MONGA, N. AYACHE et P. SANDER : From voxels to curvature features. *Dans International workshop on Visual form : analysis and recognition*, pages 399–407. Plenum Press, 1992.
- [222] O. MONGA et S. BENAYOUN : Using partial derivatives of 3D images to extract typical surface features. *Computer Vision and Image Understanding*, 61(2):171–189, 1995.
- [223] O. MONGA, R. DERICHE, G. MALANDAIN et J.P. COCQUEREZ : Recursive Filtering and Edge Closing : two primary tools for 3-D edge detection. *Dans European Conference on Computer Vision*, pages 56–65. Springer-Verlag, 1990.
- [224] O. MONGA, R. DERICHE et J.-M. ROCCHISANI : 3D edge detection using recursive filtering : application to scanner images. *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, 53(1):76–87, 1991.
- [225] C. MÜLLER et N. NEYKOV : Breakdown points of trimmed likelihood estimators and related estimators in generalized linear models. *Journal of Statistical Planning and Inference*, 116(2):503 – 519, 2003.
- [226] S. MURUGAVALLI et V. RAJAMANI : An Improved Implementation of Brain Tumor Detection Using Segmentation Based on Neuro Fuzzy Technique. *Journal of Computer Science*, 3:841–846, 2007.
- [227] D. NAIN, S. HAKER, A. BOBICK et A. TANNENBAUM : Multiscale 3-D Shape Representation and Segmentation Using Spherical Wavelets. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 26(4):598–618, avril 2007.

- [228] N. NEYKOV, P. FILZMOSER, R. DIMOVA et P. NEYTCHEV : Mixture of GLMs and the trimmed likelihood methodology. *Dans Computational Statistics*, 2004.
- [229] N. NEYKOV, P. FILZMOSER, R. DIMOVA et P. NEYTCHEV : Robust fitting of mixtures using the trimmed likelihood estimator. *Computational Statistics & Data Analysis*, 52(1):299 – 308, 2007.
- [230] W. NIESSEN, K. VINCKEN, J. WEICKERT et M. VIERGEVER : Three-dimensional MR Brain Segmentation. *Dans International Conference on Computer Vision*, 2003.
- [231] S. OSHER et J. SETHIAN : Fronts propagating with curvature-dependent speed : Algorithms based on Hamilton-Jacobi formulations. *Journal of Computational Physics*, 79:12–49, 1988.
- [232] S. PAJEVIC et C. PIERPAOLI : Color schemes to represent the orientation of anisotropic tissues from diffusion tensor data : application to white matter fiber tract mapping in the human brain. *Magnetic Resonance in Medicine*, 42(3):526–540, 1999.
- [233] N. PARAGIOS et R. DERICHE : A PDE-based level-set approach for detection and tracking of moving objects. *Dans International Conference on Computer Vision*, pages 1139–1145, janvier 1998.
- [234] J.-G. PARK, T. JEONG et C. LEE : Automated Brain Segmentation Algorithm for 3D Magnetic Resonance Brain Images. *Dans International Workshop on Soft Computing Applications*, 2007.
- [235] N. PASSAT, C. RONSE, J. BARUTHIO, J.-P. ARMSPACH et J. FOUCHER : Watershed and multimodal data for brain vessel segmentation : application to the superior sagittal sinus. *Image and Vision Computing*, 25:512–521, 2007.
- [236] S. PENG et L. GU : A novel implementation of watershed transform using multi-degree immersion simulation. *Dans International Conference of the Engineering in Medicine and Biology Society*, pages 1754–1757, septembre 2005.
- [237] D. PHAM : Robust fuzzy segmentation of magnetic resonance images. *Dans Symposium on Computer-Based Medical Systems*, pages 127–131, juillet 2001.
- [238] D. PHAM et J. PRINCE : Adaptive fuzzy segmentation of magnetic resonance images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(9):737–752, septembre 1999.
- [239] D. PHAM et J. PRINCE : An adaptive fuzzy C-means algorithm for image segmentation in the presence of intensity inhomogeneities. *Pattern Recognition Letters*, 20(1):57–68, janvier 1999.
- [240] D. PHAM, C. XU et J. PRINCE : A Survey of Current Methods in Medical Image Segmentation. *Annual Review of Biomedical Engineering*, 2:315–337, 2000.
- [241] W. PHILLIPS, S. VELTHUIZEN, R. and Phuphanichs, L. HALL, L. and Clarke et M. SILBIGER : Application of fuzzy C-means segmentation technique for tissue differentiation in MR images of hemorrhagic glioblastoma multiforme. *Magnetic Resonance Imaging*, 13:277–290, 1995.

- [242] K. POHL, J. FISHER, W. GRIMSON, R. KIKINIS et Wells W. : A bayesian model for joint segmentation and registration. *NeuroImage*, 31:228–239, 2006.
- [243] R. POPPLE, H. GRIFFITH, S. SAWRIE, J. FIVEASH et I. BREZOVICH : Implementation of Talairach atlas based automated brain segmentation for radiation therapy dosimetry. *Technology in cancer research and treatment*, 5:15–21, 2006.
- [244] M.-J.-D. POWELL : The NEWUOA software for unconstrained optimization without derivatives. *Dans Workshop On Large Scale Nonlinear Optimization*, volume 83 de *Nonconvex Optimization and Its Applications*, 2004.
- [245] S. POWELL, V. MAGNOTTA, H. JOHNSON et N. ANDREASEN : Automated brain segmentation using neural networks. *Dans SPIE Medical Imaging : Image Processing*, volume 6144, 2006.
- [246] S. PRABHAKAR : *Fingerprint Classification and Matching Using a Filterbank*. Thèse de doctorat, Michigan State University, 2001.
- [247] S. PRIMA, N. AYACHE, T. BARRICK et N. ROBERTS : Maximum likelihood estimation of the bias field in MR brain images : investigating different modelings of the imaging process. *Dans International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 811–819, 2001.
- [248] V. PRINET et T. BAILLOEUL : Active contours with spatio-temporal shape prior constraint. *Dans Mathematical Model for Multi-Channel Image Processing*, 2006.
- [249] X. QIN, J. JIANG, W. WANG et F. ZHANG : Canny Operator Based Level Set Segmentation Algorithm for Medical Images. *Dans IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering*, 2007.
- [250] A. QUDDUS, P. FIEGUTH et O. BASIR : Adaboost and support vector machines for white matter lesion segmentation in MR images. *Dans International Conference of the Engineering in Medicine and Biology Society*, pages 463–466, septembre 2005.
- [251] M. RAHMAN, W. CHAI et A. ABDESSEALM : Scale-space characteristics for image segmentation. *Dans International Conference on Electrical and Electronic Technology*, volume 1, pages 28–32, août 2001.
- [252] J. RAJAPAKSE, J. GIEDD et J. RAPOPORT : Statistical approach to segmentation of single-channel cerebral mr images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(2):176–186, 1997.
- [253] M. RETTMANN, X. HAN et J.L. PRINCE : Watersheds on the cortical surface for automated sulcal segmentation. *Dans Proceedings of the IEEE Workshop on Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis*, 2000.
- [254] M. RETTMANN, X. HAN, C. XU et J.L. PRINCE : Automated sulcal segmentation using watersheds on the cortical surface. *NeuroImage*, 15:329–344, 2002.
- [255] S. RITAL, H. CHERIFI et S. MIGUET : K-way hypergraph partitioning and color image segmentation. *Dans International Symposium on Communications, Control and Signal Processing*, march 2006.

- [256] S. RITAL, H. CHERIFI et Miguet S. : A segmentation algorithm for noisy images. *Dans International Conference on Computer Analysis of Images and Patterns*, volume 3691, pages 205–212, septembre 2005.
- [257] S. RITAL, H. CHERIFI et Miguet S. : Weighted adaptive neighborhood hypergraph partitioning for image segmentation. *Dans International Conference on Advances in Pattern Recognition*, volume 3687, pages 522–531, août 2005.
- [258] D. RIVIÈRE, J.-F. MANGIN, Dimitri PAPADOPOULOS-ORFANOS, J.-M. MARTINEZ, V. FROUIN et J. RÉGIS : Automatic recognition of cortical sulci for the human brain using a congregation of neural networks. *Medical Image Analysis*, 6:77–92, 2002.
- [259] J. ROERDINK et A. MEIJSTER : The watershed transform : Definitions, algorithms and parallelization strategies. *Fundamenta Informaticae*, 41(1-2):187–228, 2000.
- [260] G. ROHDE, A. ALDROUBI et B. DAWANT : The adaptive bases algorithm for intensity-based nonrigid image registration. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 22(11):1470–1479, 2003.
- [261] C. ROTHER, V. KOLMOGOROV et A. BLAKE : "GrabCut" : interactive foreground extraction using iterated graph cuts. *Dans Special Interest Group on Graphics and Interactive Techniques*, pages 309–314, 2004.
- [262] F. ROUSSEAU, F. BLANC, J. de SÈZE, L. RUMBAC et J.P. ARMSPACH : An a contrario approach for outliers segmentation : application to multiple sclerosis in MRI. *Dans IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, pages 9–12, 2008.
- [263] M. ROUSSON, N. PARAGIOS et R. DERICHE : Active shape models from a level set perspective. Rapport de Recherche 4984, Inria, 2003.
- [264] M. ROUSSON, N. PARAGIOS et R. DERICHE : Implicit active shape models for 3D segmentation in MR imaging. *Dans Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 209–216, 2004.
- [265] S. ROY et I. COX : A maximum-flow formulation of the camera stereo correspondence problem. *Dans International Conference on Computer Vision*, pages 492–499, 1998.
- [266] S. RUAN, D. BLOYET, M. REVENU, W. DOU et Q. LIAO : Cerebral magnetic resonance image segmentation using fuzzy markov random fields. *Dans IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, pages 237–240, juillet 2002.
- [267] S. RUAN, S. LEBONVALLET, A. MERABET et J.-P. CONSTANS : Tumor segmentation from a multispectral mri images by using support vector machine classification. *Dans IEEE International Symposium of Biomedical Imaging*, 2007.
- [268] F. SALZENSTEIN et W. PIECZYNSKI : Parameter estimation in hidden fuzzy markov random fields and image segmentation. *Graphical Models and Image Processing*, 59(4):205–220, 1997.

- [269] R. SAMMOUDA, N. NIKI et H. NISHITANI : A comparison of Hopfield neural network and Boltzmann machine in segmenting MR images of the brain. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 43(6):3361–3369, décembre 1996.
- [270] R. SAMMOUDA, N. NIKI et H. NISHITANI : Hopfield Neural Network with Pre-specified Time Convergence for the Segmentation of Brain IMR Images. *Dans International Conference on Pattern Recognition*, 1996.
- [271] B. SCHERRER, M. DOJAT, Forbes F. et C. GARBAY : LOCUS : LOcal Cooperative Unified Segmentation of MRI Brain Scans. *Dans International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 219–227, 2007.
- [272] P. SCHROETER, J.-M. VESIN, T. LANGENBERGER et R. MEULI : Robust parameter estimation of intensity distributions for brain magnetic resonance images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(2):172–186, April 1998.
- [273] F. SÉGONNE, A. DALE, E. BUSA, M. GLESSNER, D. SALAT, H. HAHN et B. FISCHL : A hybrid approach to the skull stripping problem in MRI. *NeuroImage*, 22(3):1060–1075, 2004.
- [274] J. SERRA : *Image Analysis and Mathematical Morphology*. Academic Press, 1982.
- [275] 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.
- [276] D. SHEN, E. HERSKOVITS et C. DAVATZIKOS : An adaptive-focus statistical shape model for segmentation and shape modeling of 3-D brain structures. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(4):257–270, avril 2001.
- [277] J. SHEN et S. CASTAN : An optimal linear operator for edge detection. *Dans International Conference on Vision and Pattern Recognition*, pages 109–114, 1986.
- [278] M. SHENTON, G. GERIG, R. MCCARLEYA, G. SZÉKELYC et R. KIKINISD : Amygdala-hippocampal shape differences in schizophrenia : the application of 3D shape models to volumetric MR data. *Psychiatry Research : Neuroimaging*, 115:15–35, 2002.
- [279] D. SHER : Minimizing the cost of errors with a markov random field. *Pattern recognition letters*, 12(2):85–89, 1991.
- [280] P. SHIH et C. LIU : Face detection using discriminating feature analysis and support vector machine. *Pattern Recognition*, 39(2):260–276, 2006.
- [281] D. SHUBHANGI et P. HIREMATH : Support Vector machine(SVM) Classifier for Brain Tumor Detection. *Dans International Conference on Advances in Computing, Communication and Control*, 2009.
- [282] J. SIJBERS, A.J. DEN DEKKER, P. SCHEUNDERS et D. VAN DYCK : Maximum Likelihood estimation of Rician distribution parameters. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(3):357–361, 1998.

- [283] P. SIMPSON : *Artificial neural systems : foundations, paradigms, applications, and implementations*. Pergamon Press, 1990.
- [284] J.-G. SLED, A.-P. ZIJDENBOS et A.-C. EVANS : A nonparametric method for automatic correction of intensity nonuniformity in mri data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(1):87–97, février 1998.
- [285] S.M. SMITH : Fast robust automated brain extraction. *Human Brain Mapping*, 17(3):143–155, 2002.
- [286] I. SOBEL et G. FELDMAN : A 3x3 isotropic gradient operator for image processing. Never published but presented at a talk at the Stanford Artificial Project, 1968.
- [287] Z. SONG, N. TUSTISON, B. AVANTS et J. GEE : Adaptative graph cuts with tissue priors for brain MRI segmentation. *Dans International Symposium Biomedical Imaging*, pages 762–765, 2006.
- [288] R. STOKKING, K. VINCKEN et M. VIERGEVER : Automatic morphology-based brain segmentation (mbrase) from mri-t1 data. *NeuroImage*, 12(6):726–738, 2000.
- [289] C. STUDHOLME, D. HILL et D. HAWKES : An overlap invariant entropy measure of 3D medical image alignment. *Pattern Recognition*, 32:71–86, 1999.
- [290] J. SURI, S. SINGH et L. REDEN : Computer Vision and Pattern Recognition Techniques for 2-D and 3-D MR cerebral Cortical Segmentation (Part I) : A State-of-the-Art Review. *Pattern Analysis and Applications*, 5:46–76, 2002.
- [291] G. SZÉKELY, A. KELEMEN, C. BRECHBÜHLER et G. GERIG : Segmentation of 2-D and 3-D objects from MRI volume data using constrained elastic deformations of flexible Fourier contour and surface models. *Medical Image Analysis*, 1:19–34, 1996.
- [292] S. TAHERI, S.H. ONG et V.F.H. CHONG : Level-set segmentation of brain tumors using a threshold-based speed function. *Image and Vision Computing*, 28(1):26–37, 2010.
- [293] J. TALAIRACH, G. SIZKLA, P. TOURNOUX, A. PROSALENTIS et M. BORNAS-FERRIER : *Atlas d'anatomie stéréotaxique de télencéphale*. Masson & Cie, 1967.
- [294] J. TALAIRACH et P. TOURNOUX : *Co-planar Stereotaxic Atlas of the Human Brain*. Georg Thieme Verlag, 1988.
- [295] C. TAN et J. RAJAPAKSE : Tissue segmentation of multi-channel brain images with inhomogeneity correction. *Dans International Symposium on Image and Signal Processing and Analysis*, volume 1, pages 571–576, septembre 2003.
- [296] H. TANG, E. WU, Q. MA, D. GALLAGHER, G. PERERA et T. ZHUANG : MRI brain image segmentation by multi-resolution edge detection and region selection. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 24:349–357, 2000.
- [297] X. TAO, J.L. PRINCE et C. DAVATZIKOS : Using a statistical shape model to extract sulcal curves on the outer cortex of the human brain. *IEEE Transactions on Medical Images*, 21:513–524, 2002.
- [298] T. TAXT et A. LUNDERVOLD : Multispectral analysis of the brain using magnetic resonance imaging. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 13(3):470–481, 1994.

- [299] J. THIRAN, V. WARSCOTTE et B. MACQ : A queue-based region growing algorithm for accurate segmentation of multi-dimensional digital images. *Signal Processing*, 60(1):1–10, 1997.
- [300] A. TIKHONOV : Solution of incorrectly formulated problems and the regularization method. *Soviet mathematics Doklady*, 4:1035–1038, 1963.
- [301] A. TIKHONOV et V. ARSENIN : *Solution of Ill-posed Problems*. Winston & Sons, 1977.
- [302] A. TSAI, A. YEZZI, W. WELLS, C. TEMPANY, D. TUCKER, A. FAN, W. GRIMSON et A. WILLSKY : A shape-based approach to the segmentation of medical imagery using level sets. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 22(2):137–154, février 2003.
- [303] F. van der LIJN, T. den HEIJER, M. BRETELER et W. NIESSEN : Hippocampus segmentation in MR images using atlas registration, voxel classification and graph cuts. *NeuroImage*, 43:708–720, 2008.
- [304] K. VAN LEEMPUT, F. MAES, D. VANDERMEULEN, A. COLCHESTER et P. SUETENS : Automated segmentation of multiple sclerosis lesions by model outlier detection. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(8):677–688, 2001.
- [305] K. VAN LEEMPUT, F. MAES, D. VANDERMEULEN et P. SUETENS : Automated model-based tissue classification of mr images of the brain. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(10):897–908, 1999.
- [306] D.L. VANDEV et N. NEYKOV : About regression estimators with high break point. *Statistics*, 32:111–129, 1998.
- [307] V. VAPNIK : *The nature of statistical learning theory*. Springer-Verlag New York, Inc., 1995.
- [308] B. VEMURI, S. RAHMAN et J. LI : Multiresolution adaptive K-means algorithm for segmentation of brain MRI. Dans *International Computer Science Conference on Image Analysis Applications and Computer Graphics*, pages 347–354, 1995.
- [309] L. VÉRARD, P. ALLAIN, J. M. TRAVERE, J. C. BARON et D. BLOYET : Fully automatic identification of ac and pc landmarks on brain mri using scene analysis. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(5):610–616, 1997.
- [310] S. VICENTE, V. KOLMOGOROV et C. ROTHER : Graph cut based image segmentation with connectivity priors. Dans *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 1–8, June 2008.
- [311] L. VINCENT et P. SOILLE : Watershed in digital spaces, an efficient algorithm based on immersion simulation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(6):583–598, juin 1991.
- [312] P. WANG et H.-L. WANG : A modified FCM algorithm for MRI brain image segmentation. Dans *International Seminar on Future BioMedical Information Engineering*, 2008.

- [313] W. WANG, T. ADALI, S.-Y. KUNG et Z. SZABO : Quantification and Segmentation of Brain Tissues from MR Images : A Probabilistic Neural Network Approach. *IEEE Transactions on Image Processing*, 7(8):1165–1181, 1998.
- [314] J. WEICKERT, B.M.T.H. ROMENY et M.A. VIERGEVER : Efficient and reliable schemes for nonlinear diffusion filtering. *IEEE Transactions on Image Processing*, 7(3):398–410, 1998.
- [315] Y. WELDESELASSIE et G. HARMANEH : DT-MRI segmentation using graph cuts. *Dans SPIE Conference on Medical Imaging : Image Processing*, volume 6512, 2007.
- [316] W. WELLS, W. GRIMSON, R. KIKINIS et F. JOLESZ : Adaptive segmentation of MRI data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(4):429–442, 1996.
- [317] W. WELLS, P. VIOLA, H. ATSUMI, S. NAKAJIMA et R. KIKINIS : Multi-modal volume registration by maximization of mutual information. *Medical Image Analysis*, 1(1):35–51, 1996.
- [318] M. WIEGELL, D. TUCH, H. LARSSON et V. WEDEEN : Automatic segmentation of thalamic nuclei from diffusion tensor magnetic resonance imaging. *NeuroImage*, 19:391–401, 2003.
- [319] N. WIEST-DAESSLÉ, S. PRIMA, S. MORRISSEY et C. BARILLOT : Validation of a new optimisation algorithm for registration tasks in medical imaging. *Dans IEEE International Symposium on Biomedical Imaging : From Nano to Macro*, avril 2007.
- [320] WIKIPEDIA : L'encyclopédie libre. *Dans* <http://fr.wikipedia.org/>.
- [321] D. WINFIELD : Function Minimization by Interpolation in a Data Table. *Journal of Applied Mathematics*, 12(3):339–347, 1973.
- [322] A. WITKIN : Scale-space filtering. *Dans International Joint Conference on Artificial Intelligence*, pages 1019–1022, 1983.
- [323] A. WITKIN : Scale-space filtering : A new approach to multi-scale description. *Dans IEEE International Conference on Acoustic, Speech and Signal Processing*, volume 9, pages 150–153, mars 1984.
- [324] J. WU et A. CHUNG : Multimodal brain image registration based on wavelet transform using SAD and MI. *Dans Medical Imaging and Augmented Reality*, pages 270–277, 2004.
- [325] G. WYSZECKI et W. STILES : *Color science : concepts and methods, quantitative data and formulae*. Wiley Series in Pure and Applied Optics. John Wiley & Sons Inc, 2000.
- [326] K. XIE, J. YANG, Z.G. ZHANG et Y.M. ZHU : Semi-automated brain tumor and edema segmentation using MRI. *European journal of Radiology*, 5:12–19, 2005.
- [327] C. XU et J. PRINCE : Gradient vector flow : a new external force for snakes. *Dans International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 66–71, juin 1997.
- [328] C. XU et J. PRINCE : Snakes, shapes, and gradient vector flow. *IEEE Transactions on Image Processing*, 7(3):359–369, mars 1998.

- [329] N. XU, R. BANSAL et N. AHUJA : Object Segmentation Using Graph Cuts Based Active Contours. *Computer Vision and Pattern Recognition*, 2:46, 2003.
- [330] J. XUAN, T. ADALI et Y. WANG : Segmentation of magnetic resonance brain image : integrating region growing and edge detection. *Dans International Conference on Image Processing*, 1995.
- [331] J. XUE, S. RUAN, B. MORETTI, M. REVENU et D. BLOYET : Knowledge-based segmentation and labeling of brain structures from MRI images. *Pattern Recognition Letters*, 22(3-4):395–405, 2001.
- [332] J. XUE, S. RUAN, B. MORETTI, M. REVENU, D. BLOYET et W. PHILIPS : Fuzzy modeling of knowledge for MRI brain structure segmentation. *Dans International Conference on Image Processing*, volume 1, pages 617–620, 2000.
- [333] M. YAN et J. KARP : Segmentation of 3D brain MR using an adaptive K-means clustering algorithm. *Dans Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference*, pages 1529–1533, 1995.
- [334] Z. YANG, F.L. CHUNG et W. SHITONG : Robust fuzzy clustering-based image segmentation. *Applied Soft Computing Journal*, 9:80–84, 2009.
- [335] J.-Y. YEH et J. FU : A hierarchical genetic algorithm for segmentation of multi-spectral human-brain MRI. *Expert Systems with Applications*, 34:1285–1295, 2008.
- [336] J. YLÄ-JÄÄSKI, F. KLEIN et O. KÜBLER : Fast direct display of volume data for medical diagnosis. *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, 53(1):7–18, 1991.
- [337] R. ZABIH et V. KOLMOGOROV : Spatially coherent clustering using graph cuts. *Dans International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, volume 2, pages 437–444, juillet 2004.
- [338] L. ZAGORCHEV, A. GOSHTASBY et M. SATTER : R-snakes. *Image and Vision Computing*, 25(6):945–959, 2007.
- [339] Y. ZHANG, M. BRADY et S. SMITH : Segmentation of brain mr images through a hidden markov random field model and the expectation-maximization algorithm. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(1):45–57, 2001.
- [340] Z. ZHAO, S.R. AYLWARD et E.K. TEOH : A novel 3D partitioned active shape model for segmentation of brain MR images. *Dans International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, 2005.
- [341] Z. ZHOU et Z. RUAN : Brain magnetic resonance images segmentation based on wavelet method. *Dans International Conference of the Engineering in Medicine and Biology Society*, 2005.
- [342] Z. ZHOU et Z. RUAN : Multicontext wavelet-based thresholding segmentation of brain tissues in magnetic resonance images. *Magnetic Resonance Imaging*, 25(3):381–385, juin 2007.
- [343] A. P. ZIJDENBOS, B. M. DAWANT, R. A. MARGOLIN et A. C. PALMER : Morphometric analysis of white matter lesions in mr images : Method and validation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 13(4):716–724, 1994.

- [344] S. ZUCKER : Region growing : Childhood and adolescence. *Computer Graphics, Image Processing*, 5(3):382–399, septembre 1976.

Table des figures

1.1	Artefact de volume partiel.	21
1.2	Bruit sur une IRM.	22
1.3	Biais sur une IRM.	23
1.4	Biais sur des IRM.	23
1.5	Artefact de mouvement sur un fantôme.	24
1.6	Artefact dû à un mouvement de la tête sur une IRM de la base IBSR. . .	24
1.7	Classification des différentes méthodes	26
1.8	Structure d'un neurone artificiel	27
1.9	Segmentation par mean Shift	31
1.10	Segmentation par SVM	36
1.11	Exemple de scale space gaussien	38
1.12	Modèles de contours	39
1.13	Opérateurs dérivatifs	40
1.14	Segmentation par gradient morphologique	43
1.15	Principe de la ligne de partage des eaux	44
1.16	Repère proportionnel de Talairach	45
1.17	Segmentation par ondelettes	48
1.18	Segmentation par harmoniques sphériques	49
1.19	Exemple de Modèle Actif de Forme	50
1.20	Segmentation par ensembles de niveau	55
1.21	Exemple d'hypergraphe	57
1.22	Exemple de segmentation par la méthode des coupes de graphe pour une image en deux dimensions de taille 3×3	59
1.23	Exemple de segmentation par coupe de graphe	60
2.1	Exemple de graphe orienté et pondéré	66
2.2	Coupe d'un graphe	67
2.3	Coupe minimale d'un graphe	67
2.4	Coupes minimales d'un graphe	68
2.5	Exemple de flot sur un graphe	68
2.6	Exemple de flot maximal sur un graphe	69
2.7	Un flot et son graphe résiduel	70
2.8	Stade d'initialisation de l'algorithme de poussée de flot	71

2.9	Exemple de l'algorithme de Boykov et Kolmogorov	72
3.1	Exemple de spectre lumineux	76
3.2	Spectre incident et spectre réfléchi	77
3.3	Modèle colorimétrique de Koenderink	80
3.4	Base de Hering	80
3.5	Une image, son spectre réfléchi et ses deux premières dérivées	81
3.6	Une image et ses deux détecteurs d'arêtes colorés	82
3.7	Une image et ses deux détecteurs d'arêtes colorés	83
4.1	Diagramme de notre flot de traitement	88
4.2	Histogrammes des intensités de volumes T1 et Flair	89
4.3	Mélange de lois gaussiennes dans un histogramme d'image FLAIR	90
4.4	Histogramme joint de deux volumes T1 et Flair et son interprétation en terme de classes	91
4.5	Dispersion des points d'une IRM en couleurs (T1, T2 et Flair)	91
4.6	Schéma de fonctionnement de l'algorithme de coupe de graphe multi- résolution	94
4.7	Schéma de l'approche de segmentation hiérarchique	95
4.8	Schéma d'inclusion hiérarchique des classes	96
4.9	Images couleur des différentes combinaisons des trois mêmes séquences	97
4.10	Résultats de la validation sur BrainWeb	99
4.11	Données synthétiques : coefficient de similarité de Dice en fonction du nombre de graines pour la segmentation des tissus cérébraux	101
4.12	Données synthétiques : coefficient de similarité de Dice en fonction du nombre de graines pour la segmentation des lésions de sclérose en plaques	102
4.13	Données synthétiques : amélioration du coefficient de similarité de Dice en fonction du nombre de graines pour la segmentation des tissus cérébraux.	103
4.14	Données synthétiques : amélioration du coefficient de similarité de Dice en fonction du nombre de graines pour la segmentation des lésions de sclérose en plaques.	104
4.15	Données cliniques : coefficient de similarité de Dice moyen en fonction du nombre de graines	106
4.16	Données cliniques : amélioration moyenne du coefficient de similarité de Dice en fonction du nombre de graines	107
4.17	Résultats sur des images cliniques de SEP de type T1, T2, Flair	108
4.18	Résultats sur des images cliniques de SEP de type T1, T2, Densité de proton	109
4.19	Résultats sur des images cliniques de SEP de type T1, Flair et T1 avec injection de Gadolinium	110
4.20	Segmentation d'une tumeur et de son oedème	111
4.21	Carte de couleur d'orientation de diffusion pondérée par l'anisotropie frac- tionnelle	113
4.22	Localisation du corps calleux et du faisceau pyramidal	114
4.23	Segmentation partielle du corps calleux et du faisceau pyramidal	115

5.1	Flot de traitement de la méthode de segmentation automatique des lésions de sclérose en plaques par coupe de graphe	122
5.2	Définition floue de l'hyper-intensité.	124
5.3	Exemple de post-traitement semi-automatique	126
5.4	CSD en fonction de α pour les données BrainWeb.	127
5.5	Résultats sur BrainWeb avec différentes valeur pour α	128
5.6	CSD pour les trois fantômes SEP de BrainWeb	130
5.7	IRM T1, T2 et DP du patient n° 8, consensus inter-expert, résultats d'EMS et résultats de CGA	132
5.8	Résultats de segmentation de lésions de SEP sur BrainWeb pour la méthode semi-automatique et automatique de coupe de graphe	133
6.1	Graphe du CSD en fonction du bruit	142
6.2	Graphe du CSD en fonction du niveau d'inhomogénéité d'intensité	143
6.3	Comparaison de la performance des différentes matrices M_i et de la matrice originelle M sur des données cliniques TTF.	144
6.4	Comparaison de la performance des différentes matrices M_i et de la matrice originelle M sur des données cliniques TTP.	145
6.5	Comparaison de la performance des différentes matrices M_i et de la matrice originelle M sur des données cliniques TGF.	146
6.6	Résultats de l'optimisation sur des données cliniques	147
6.7	Autres résultats de l'optimisation sur des données cliniques	148
6.8	Comparaison entre les CSD obtenus pour les combinaisons TTP, TTF et TTPF	151
6.9	Comparaison entre les CSD obtenus pour les combinaisons TGF, TTF et TTGF	151
6.10	Comparaison entre les CSD obtenus pour les combinaisons TGF, TTP, TTF, TTGF, TTPF et TTPGF	152
7.1	Atlas convolué et frontière étendue	158
7.2	Localisation du thalamus sur les planches de Gray	159
7.3	Scores de CSD obtenus pour les différentes méthodes	160
7.4	Comparaison des résultats de segmentation : atlas seul vs. coupe de graphe basée atlas	163
A.1	Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{11}$	175
A.2	Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{12}$	176
A.3	Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{13}$	176
A.4	Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{21}$	177
A.5	Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{22}$	177
A.6	Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{23}$	178
A.7	Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{31}$	178
A.8	Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{32}$	179
A.9	Évolution du CSD en fonction du paramètre $\mathcal{M}_{33}$	179

Liste des tableaux

4.1	Sous-segmentation et sur-segmentation en fonction de différents facteurs de décimation	98
4.2	CSD en fonction du biais et des compartiments	100
4.3	CSD en fonction du bruit et des compartiments	100
4.4	Caractéristiques des données cliniques	105
5.1	Charge Lésionnelle (CL), CSD inter-expert (CSDIE), CSD pour EMS et pour notre méthode (CGA).	131
6.1	Comparaison des CSD obtenus pour des données BrainWeb avant et après optimisation	141
6.2	Comparaison de CSD : $\mathcal{M}$ vs. $\widetilde{\mathcal{M}}_i$ vs. $\mathcal{N}_i$	148
7.1	Les scores de CSD obtenus pour la segmentation des deux lobes du thalamus de chaque sujet avec chacune des méthodes.	161

Résumé

Cette thèse traite de la segmentation d'IRM cérébrales multimodales par des méthodes de coupe de graphe.

Dans un premier temps, nous proposons une méthode qui utilise trois modalités IRM en les fusionnant. L'information de frontière, donnée par le gradient spectral, est alors mis en balance avec une information de région, donnée par des graines sélectionnées par l'utilisateur, par un algorithme de coupe de graphe.

Dans un second temps, nous proposons trois variantes de cette méthode. La première consiste à trouver un espace spectral optimal car le gradient spectral est basé sur les images naturelles donc inadapté aux images médicales multimodales. Cela donne naissance à une méthode de segmentation par apprentissage. Nous explorons ensuite l'automatisation de notre méthode. Ici, les informations d'ordinaire données par l'utilisateur sont déduites par un algorithme robuste d'espérance-maximisation. Nous montrons les performances de ces deux variantes sur la segmentation de lésions de sclérose en plaques. Enfin, nous intégrons l'utilisation d'atlas pour la segmentation automatique de structures profondes du cerveau. Ces trois nouvelles techniques montrent l'adaptabilité de notre méthode à divers problèmes. Nos différentes méthodes de segmentation se montrent meilleures que la plupart de celles actuellement utilisés, aussi bien en terme de temps de calcul qu'en précision de segmentation.

Mots clefs : Segmentation, coupe de graphe, gradient multispectral, imagerie cérébrale, multi-modalité.

Abstract

This thesis deals with the segmentation of multimodal brain MRIs by graph cuts method.

First, we propose a method that utilizes three MRI modalities by merging them. The border information given by the spectral gradient is then challenged by a region information, given by the seeds selected by the user, using a graph cut algorithm.

Then, we propose three enhancements of this method. The first consists in finding an optimal spectral space because the spectral gradient is based on natural images and then inadequate for multimodal medical images. This results in a learning based segmentation method. We then explore the automation of the graph cut method. Here, the various pieces of information usually given by the user are inferred from a robust expectation-maximization algorithm. We show the performance of these two enhanced versions on multiple sclerosis lesions. Finally, we integrate atlases for the automatic segmentation of deep brain structures. These three new techniques show the adaptability of our method to various problems. Our different segmentation methods are better than most of nowadays techniques, speaking of computation time or segmentation accuracy.

Keywords : Segmentation, graph cut, multispectral gradient, brain imaging, multi-modality.