



UNIVERSITE MOHAMED BOUDIAF - M'SILA
FACULTE DES MATHÉMATIQUES ET
DE L'INFORMATIQUE



DEPARTEMENT D'INFORMATIQUE

MEMOIRE de fin d'étude

Présenté pour l'obtention du diplôme de MASTER

Domaine : Mathématiques et Informatique

Filière : Informatique

Spécialité : Systèmes d'Informations Avancés

Par: BOULARAS Asma

SUJET

**Segmentation semi supervisée des images médicale IRM
par méthode floue**

Soutenu publiquement le :01/06/2016devant le jury composé de :

Mr A.BOUDAA

Université de M'silaPrésident

Mr M. LAKEHAL

Université de M'silaRapporteur

M^{me} O.ASSAS

Université de M'silaRapporteur

Mr M.BRAHIMI

Université de M'silaExamineur

Promotion : 2015 /2016

Remerciement

Nous tenons tout d'abord à remercier Allah qui nous a donné le Pouvoir et la volonté pendant toutes ces années consécutives Jusqu'au terme et la concrétisation de notre objectif, d'avantage pour persévérer et aller de l'avant.

Nous tenons à exprimer les remerciements les plus sincères à notre Encadreur Mr M.LAKEHAL, DrO. ASSAS. et Mr N . CHETIH, d'avoir bien voulu diriger notre travail, et d'avoir donné le meilleur de son savoir et de son aide, et surtout d'avoir fait preuve de beaucoup de patience.

Nous remercions Mr ZEMMOURI et Mr LALAOUI à leur effort et aide au long de travail.

Nous remercions tous nos enseignants et aussi les membres de jury pour avoir fait l'honneur de juger et d'évaluer ce travail.

Merci à tous ceux qui, de près ou de loin, Nous donne le soutien dans la réalisation et l'accomplissement de ce présent travail

Table de matière

Introduction générale	01
------------------------------------	----

Chapitre 01: Imagerie par résonance magnétique (IRM) cérébrale

1.1 Introduction.....	03
1.2 Présentation de la structure de cerveau.....	04
1.2.1 Description macroscopique.....	04
1.2.2 Description Omicroscopique.....	05
1.3 Imagerie par résonance magnétique (IRM) cérébrale.....	07
1.3.1 Définition.....	07
1.3.2 Principe de la résonance magnétique.....	07
1.3.3 Type d' IRM.....	08
[A].IRM anatomique.....	09
[B].IRM fonctionnelle.....	09
1.3.4. Les coupes de cerveau pour un examen IRM.....	09
1.3.5. Formation des images et différents pondérations.....	10
[A] .Formation des images.....	09
[B] .Différentes pondération.....	10
1.4. Caractéristiques d'une image acquise par l'IRM.....	12
1.4.1. Le rapport signal sur bruit.....	12
1.4.2 Le contraste.....	13
1.4.3.La résolution spatiale.....	13
1.5. Qualité d'image acquise par l'IRM.....	14
-L'artéfact de mouvement.....	14
- Les inhomogénéités d'intensité.....	14
- Volume partiel.....	14
-Le bruit.....	14
1.6. Risque éventuel de l'IRM.....	14
1.7. Application de l'IRM en médecine.....	15
1.8. Le format DICOM.....	15
1.9. Matériels utilisés en IRM.....	18
1.11. Conclusion.....	19

Table de matière

Chapitre 02: Segmentation des images cérébrales.

2.1. Introduction.....	21
2.2.Segmentation des images cérébrales.....	21
2.2.1.La segmentation automatique	22
2.3.La segmentation.....	22
2.4.Les différentes approches de la segmentation.....	23
2.4.1 Approche contour	23
2.4.2 Approche région.....	24
[A].Segmentation par seuillage	24
[B].Segmentation par croissance de région.....	24
[C]. Segmentation par division/ fusion.....	25
2.4.3 Méthodes basées sur la Classification.....	25
[A]. Méthodes basé sur la Classification Supervisée	25
- Méthode bayésienne.....	26
- Réseaux de Neurones.....	26
- Champs de Markov.....	27
[B]. Méthodes basé sur la Classification nonSupervisée.....	29
-Classification par K-Means (K-Moyens)	29
- Classification parC_moyennefloue (FCM).....	29
-Classification par K_moyenne possibiliste (PCM).....	32
[C]. La classification semi supervisée.....	33
-semi-supervisé K_moyenne flou (FuzzyC_Means (FCM).....	33
-Les travaux réalisés par Semi supervisée C_Means floue (ssFCM)...	37
2.5. Conclusion.....	37

Table de matière

Chapitre 03: Résultats et discussion

3.1. Introduction.....	40
3.2. Logiciel de programmation MATLAB.....	40
-Historique.....	40
-Définition de logiciel.....	40
3.3. Présentation et évaluation des résultats.....	43
3.3.1 Les images utilisées.....	43
3.3.2 La Segmentation.....	44
a. Segmentation par C-moyenne floue (FCM).....	44
b. Segmentation par semi supervisée FCM (ssFCM).....	46
3.3.3 Evaluation	48
3.3.4 Résultats et discussion	49
a. Résultats de la segmentation	49
b. Discussion et comparaison des résultats.....	53
3.5. Conclusion.....	54
Conclusion générale.....	55

Liste des tableaux

tableau 3.1 : résultats des critères V_{pc} et V_{pe} et la fonction objective pour la segmentation FCM	51
tableau 3.2 : résultats des critères V_{pc} V_{pe} et la fonction objective pour modalité T1.	52
tableau 3.3 : résultats des critères V_{pc} V_{pe} et la fonction objective pour modalité T2	53

Liste des figures

Figure1.1: La position de quatre lobe dans le cerveau.....	6
Figure1.2: Schéma d'un cerveau humain. Vue sagittale à gauche.....	8
Figure1.3: Principe de la RMN.....	11
Figure1.4: les coupes de cerveau : Plans axial, coronal et sagittal (de gauche à droite) sur une acquisition en T1.....	13
Figure1.5: Décomposition du moment magnétique M en un moment transversal MT et longitudinal ML lors de la résonance.....	20
Figure1.6: pondération T1 à gauche, et T2 au milieu et dp à droite.....	24
Figure 3.1: L'interface de Matlab.....	42
Figure3.2: L'éditeur de Matlab.....	42
Figure 3.3: Séquence de modalité T2	49
Figure 3.4 Résultat de segmentation par FCM modalité T2 K=4.....	50
Figure3.5 : Image pondération T1 gauche et T2 à droite de coupe 13.....	50
Figure 3.6: résultats de segmentation des coupe 13 de deux modalités par FCM K=4	50
Figure 3.7: coupes 12,13,14,15 pondération T1.....	51
Figure 3.8: résultats de segmentation par ssFCM pondération T1 K=3.....	52
Figure 3.9 : coupes 12,13, 14, 15 pondération T2.....	52
Figure 3.10 : résultats de segmentation pondération T2 K=3.....	53

Introduction générale

La segmentation des tissus du cerveau à partir de données médicales est une problématique importante pour de nombreuses applications, notamment liées au diagnostic et au suivi de maladies neuro-dégénératives. Dans le cadre des images cérébrales, l'imagerie par résonance magnétique est devenue un outil de plus en plus important en médecine du cerveau ou dans la recherche en neurosciences cognitives, les images segmentées sont utilisées notamment en planification pré opératoire ou pour effectuer des analyses morpho métriques sur une population. Pour étudier l'évolution d'une tumeur, il est nécessaire de connaître avec exactitude les changements survenus sur ces images.

La segmentation d'images est un traitement de bas niveau, elle intervient au cœur de la discipline appelée « analyse ou traitement d'image ». C'est sans doute la clef de voûte de ce domaine, mais également la partie qui pose le plus de problèmes et qui s'avère la plus difficile à automatiser. Il existe plusieurs algorithmes de segmentation d'images, selon le cas à résoudre. Or chaque méthode possède ses avantages et ses limites d'utilisation. La segmentation semi supervisée est une extension de la classification supervisée. Il situe entre la classification supervisée qui n'utilise que des données étiquetées et la classification non-supervisée qui n'utilise que des données non-étiquetées. Il a été démontré que l'utilisation de données non-étiquetées, en combinaison avec des données étiquetées, permet d'améliorer significativement la qualité de l'apprentissage.

L'interprétation visuelle des IRM cérébrales, n'est pas toujours sûre. C'est pour cela que le besoin d'une interprétation automatique qui permet d'assister les médecins dans leur prise de décision s'est fait ressentir. Ainsi, pour une identification et un diagnostic fiables, dans le domaine médical, la précision est primordiale. En termes d'analyse d'images, il est plus que nécessaire que la segmentation soit précise. Les possibilités de traitement automatique de ces images s'avèrent pourtant délicates, car des capacités aussi banales pour l'œil humain que la reconnaissance d'un objet posent de réelles difficultés pour l'outil informatique.

Pour effectuer la segmentation, les principales difficultés viennent de la non-homogénéité des intensités dans une même classe de tissu, ainsi que de la grande complexité et variabilité des formes présentes dans le cerveau humain, au niveau des structures de la matière grise et la matière blanche.

L'objectif de notre travail est de concevoir une méthode de segmentation d'images médicales, plus particulièrement des images IRM du cerveau. On détaille deux méthodes de segmentation, la méthode C_moyenne floue (FCM) et la méthode semi supervisé FCM.

Ce mémoire s'articule autour de trois chapitres qui nous permettront de présenter les différents aspects de notre travail.

Le premier chapitre est dédié au cadre d'application de ce mémoire. Il introduit les termes et concepts essentiels pour appréhender l'analyse des images IRM cérébrales. Nous y présentons quelques notions d'anatomie du cerveau, qui permettront d'introduire les principes de l'imagerie par résonance magnétique cérébrale.

Dans le second chapitre, et pour guider notre proposition nous passons en revue les principales méthodes de segmentation d'images. Un intérêt particulier est porté pour les images médicales plus exactement aux images de modalité IRM. En basant sur l'explication de la notion de segmentation semi supervisé et l'application en imagerie médicale IRM.

Le troisième chapitre est dédié à présenter en détail nos contributions, on présente les algorithmes à implémenter et les informations et logiciels utilisés, ainsi que les différentes étapes de travail, les données utilisées, puis nous avons appliqué des critères d'évaluation pour évaluer les résultats obtenus. Nous terminons ce travail par une conclusion générale.

CHAPITRE 01
IMAGERIE PAR RESONANCE MAGNETIQUE

Résumé

Dans ce chapitre, nous allons présenter des généralités sur l'imagerie par résonance magnétique, principe physique, les caractéristiques d'image IRM et tous les paramètres qui peuvent être modifier la qualité d'image IRM

Sommaire

- 1.1 introduction.
- 1.2. représentation de structure de cerveau.
- 1.3. définition de l'IRM.
- 1.4. Principe de l'IRM.
- 1.5. Formation des images IRM et différentes pondération.
- 1.6. Caractéristique d'image acquise par l'IRM.
- 1.7. Qualité d'image acquise par l'IRM
- 1.8. Matériels utilisés
- 1.9. Le format DICOM
- 1.10. Conclusion.

1.1 INTRODUCTION

Initiée avec la radiographie par rayons X, l'imagerie médicale a bénéficié de la découverte de la radioactivité artificielle et des techniques de détection associées pour se développer. Par la suite, la découverte de la résonance magnétique nucléaire (RMN) puis des aimants supraconducteurs a permis des avancées technologiques significatives dans le domaine de l'imagerie par résonance magnétique (IRM) [05]. L'imagerie par Résonance Magnétique (IRM) est une nouvelle technologie, elle est basée sur le magnétisme qui était connu depuis très longtemps. Cependant l'IRM n'a été inventée qu'au XX^{ème} siècle. Les premières origines de l'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) remontent à 1924, année où le mathématicien W. Pauli suggéra pour la première fois l'existence d'un spin nucléaire. En 1946, la Résonance Magnétique Nucléaire (RMN) fut découverte. C'est le phénomène physique par lequel, dans certaines conditions, certains noyaux atomiques entrent en résonance, comme peut le faire une corde de guitare. Cette résonance a lieu lorsque l'atome est placé dans un champ magnétique (aimant) et qu'il est soumis à un rayonnement électromagnétique intense d'une certaine fréquence. Bloch et Purcell ont obtenu le prix Nobel de physique de 1952 pour cette découverte. En 1969, Raymond Damadian trouve les bases de l'IRM en observant les propriétés physiques de tissus tumoraux et en les comparant à celles de tissus normaux. En 1973, le chercheur Paul Lauterbrurt obtient les premières images issues de la RMN. Au cours des années 1980, la diffusion de l'IRM s'est accentuée puisque cette technologie est inoffensive tout en fournissant des images précises et contrastées. La diffusion se poursuit dans les années 1990 avec des améliorations. Deux prix Nobel ont été décernés dans ce domaine : en 1991 à Richard Ernst, et Kurt Wütrich en 2002. Aujourd'hui, les imageurs médicaux IRM ne se basent que sur les molécules d'eau, notamment parce qu'elles sont très nombreuses dans notre organisme (70%), mais aussi parce que la RMN ne fonctionne pas sur tous les noyaux. Ici, c'est l'hydrogène qui est utilisé.

1.2 PRESENTATION DE LA STRUCTURE DU CERVEAU

1.2.1 Description macroscopique

Le cerveau humain est un organe impair de forme schématiquement ovoïde à grand axe antéropostérieur, dont le volume moyen est de 1100 cm³ chez la femme et de 1400 cm³ chez l'homme. Le poids du cerveau varie de 1400 à 1800 gramme. Il occupe la boîte crânienne, mais il n'est pas en contact directe avec la cavité osseuse. Il baigne dans le liquide cébro-spinal à l'intérieur d'une enceinte liquidienne [39]. Il comprend plusieurs régions : les deux hémisphères cérébraux, le cervelet, en relation les uns avec les autres et avec les organes ou d'autres parties du corps. Le tronc cérébral est sous le cervelet et met en communication le cerveau avec la moelle épinière qui se trouve dans la colonne vertébrale.

Le cerveau est formé de deux hémisphères cérébraux, d'aspect plissé dont la substance blanche, interne, est recouverte d'un cortex cérébral gris, d'épaisseur variable. Trois sillons plus accentués (scissure de Sylvius, sillon de Rolando, sillon perpendiculaire), divisent chaque hémisphère en quatre lobes (frontal, temporal, pariétal, occipital) comprenant chacun un certain nombre de circonvolutions (figure 1.1) [33] :

- ✓ Le lobe frontal ;
- ✓ Le lobe pariétal, séparé du lobe frontal par le sillon central ;
- ✓ Le lobe occipital, séparé du lobe pariétal par la fissure pariéto-occipital ;
- ✓ Le lobe temporal, séparé du lobe frontal par la vallée sylvienne ;

Le cerveau commande la plupart des fonctions du corps : la respiration, la contraction des muscles, les battements du cœur et les informations sensorielles : la vision, l'ouïe, toucher, l'odorat et le goût. Il est constitué de cellules nerveuses, les neurones, et de cellules qui en assurent le soutien, la protection et la nutrition, les cellules gliales. La multiplication des cellules gliales, et non de celle des neurones résultent les principaux cancers du cerveau [17].

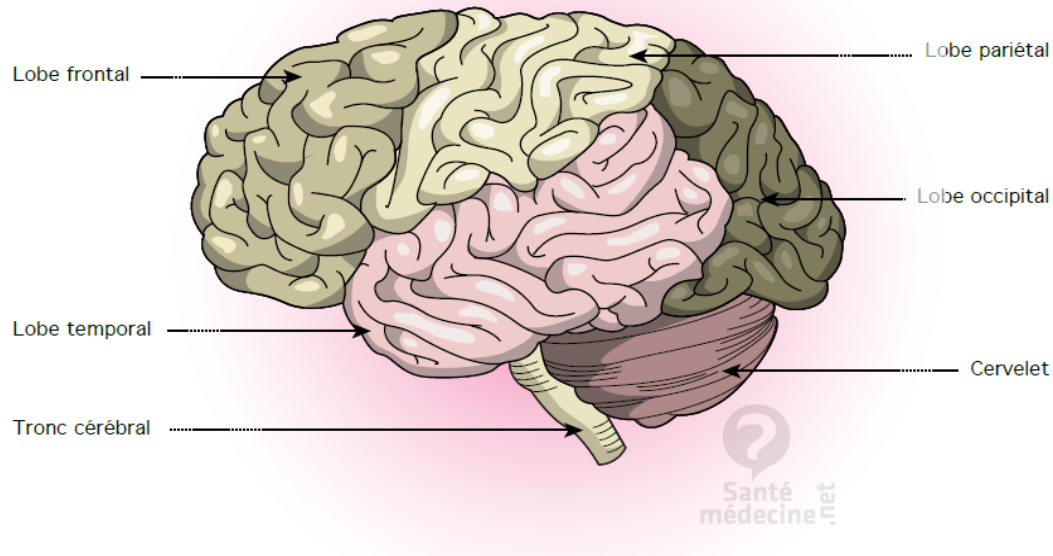


Figure 1.1 La position des quatre lobes dans le cerveau

1.2.2 Description microscopique

La compréhension de l'image acquise par l'IRM, il faut d'abord connaître l'anatomie du cerveau, et les principaux composants du cerveau.

❖ *L'anatomie du cerveau*

Le système nerveux central est constitué de la moelle épinière logée dans le canal vertébral, et de l'encéphale. Dans ce qui suit nous décrivons l'anatomie de ce dernier, et notamment les composants qui nous intéressent dans le cadre de cette étude.

❖ *L'encéphale*

L'encéphale renferme plus de 120 milliards de neurones et 50 milliards de cellules gliales interstitielles. Avec la moelle épinière, il contrôle et commande les activités volontaires ou involontaires de tout l'organisme. Le cerveau, partie la plus volumineuse de l'encéphale, est divisé en quatre paires de lobes : frontaux, temporaux, pariétaux et occipitaux sa surface plissée présente des circonvolutions et des sillons dont le dessin diffère selon les individus. Les sillons profonds sont appelés scissures. Un profond longitudinal, le sillon inter-hémisphérique, divise le cerveau en deux hémisphères gauche et droit. Ils communiquent continuellement grâce à un pont de fibres nerveuses qui le relie [18].

❖ La substance grise et la substance blanche

Le cortex, qui recouvre le cerveau, forme une fine couche de substance blanche. Celle-ci est principalement composée des axones issus des neurones du cortex. La matière grise est répartie en deux types de structure : le cortex et le noyau [18]. Le cortex qui recouvre le cerveau forme une fine couche de substance grise de 2 à 6 mm d'épaisseur, formée de groupe de corps cellulaire de neurones. Les noyaux de la base sont des masses de substance grise située dans la partie centrale du cerveau incluent le noyau lenticulaire, et le noyau caudé. Ils interviennent dans les fonctions motrices [16]. La substance blanche est composée principalement des axones issus des neurones du cortex. La gaine de myéline des axones, adipeuse, et isolante, accélèrent la transmission du flux nerveux. La substance blanche est ponctuée d'amas de substance grise plus foncée.

❖ Le liquide céphalorachidien

Les tissus mous du cerveau et de la moelle épinière sont protégés par la boîte crânienne et les vertèbres. En outre, ils baignent dans un fluide aqueux translucide : le liquide céphalorachidien, qui apporte une protection supplémentaire. Ce liquide est produit dans les ventricules du cerveau et se renouvelle 3 à 4 fois par jours. Il agit comme un coussin : il amortit les mouvements de l'encéphale dans la boîte crânienne en cas de choc, il répartit la pression sanguine sur l'ensemble des centres nerveux et atténue les contraintes sur les nerfs. Il contient du glucose qui alimente les cellules cérébrales.

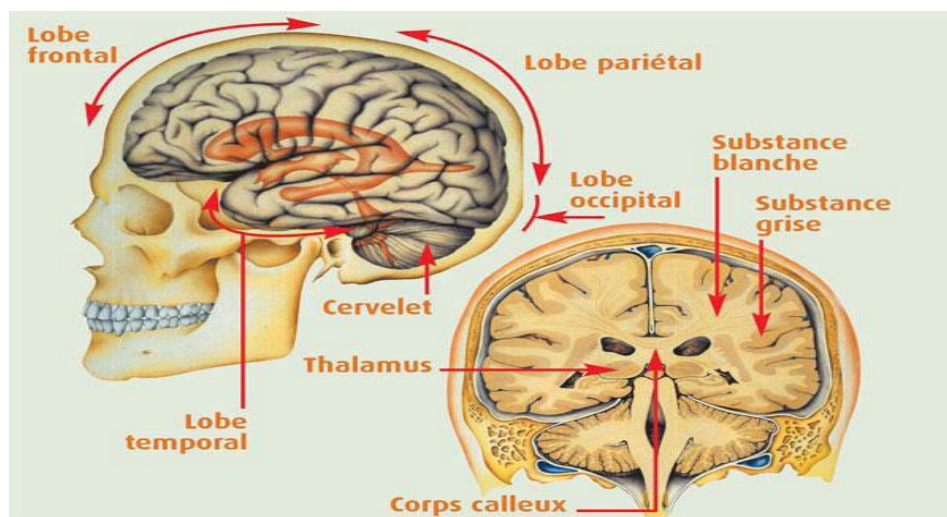


Figure 1.2 Schéma d'un cerveau humain. Vue sagittale à gauche. Vue

1.3 IMAGERIE PAR RESONANCE MAGNETIQUE

Aujourd'hui, l'IRM est devenue un outil majeur de l'imagerie médicale moderne, permettant de réaliser des études importantes à l'échelle d'une population ou d'aider les médecins à établir un diagnostic.

1.3.1 Définition

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technique d'imagerie médicale permettant d'obtenir une vue 2D, 3D, d'une partie du corps, notamment du cerveau. Elle est basée sur le principe de la résonance nucléaire (RMN). Grâce aux différentes séquences, on peut observer différents tissus avec des contrastes très élevées [20]. L'imagerie par résonance magnétique (IRM) se révèle particulièrement bien adaptée à l'étude non traumatique d'organes profonds, réputés difficiles d'accès, tels que le cerveau, l'abdomen, Pelvis, etc [40].

1.3.2 Principe de la résonance magnétique nucléaire [04]

Le phénomène de la RMN repose sur les propriétés magnétiques des noyaux de certains atomes. En effet, un atome ayant un nombre impair de protons possède un moment magnétique, appelé *spin* nucléaire. En l'absence de tous champs magnétiques extérieurs, l'ensemble de ces spins est orienté de manière aléatoire, conduisant à une résultante magnétique nulle (voir figure 1.1(a)).

❖ La première étape pour observer le phénomène de RMN consiste à placer l'ensemble des atomes dans un champ magnétique constant B_0 (définissant ainsi la direction z de l'espace).

❖ L'ensemble des *spins* s'orientent alors suivant la direction de B_0 selon deux orientations: L'un dans le sens B_0 (parallèle) et l'autre dans le sens inverse (anti parallèle) (voir Figure 1.1(b)). Statistiquement, le nombre de *spins* orienté dans le sens B_0 étant plus nombreux, la résultante magnétique M devient non nul et parallèle à B_0 . Les spins atteignent alors un état d'équilibre énergétique et adoptent un mouvement de précession (changement graduel d'orientation de l'axe de rotation) autour de B_0 dont la vitesse est proportionnelle à l'intensité de B_0 et qui est caractérisée par la fréquence angulaire: $\omega_0 = \gamma B_0$ (Fréquence de Larmor), γ représente le rapport gyromagnétique de l'atome considéré.

❖ La deuxième étape est l'excitation du système par un champ magnétique B_1 orienté perpendiculairement à B_0 (voir figure 1.1 (c)). Ce champ magnétique se présente sous la forme d'ondes radiofréquence (RF) ayant la même fréquence que la fréquence de Larmor des

atomes considérés. Les atomes entrent alors en résonance, ce qui se manifeste au niveau quantique par une absorption d'énergie. L'aimantation globale M bascule alors dans la direction de B_1 , ce qui se traduit par une diminution de la composante longitudinale M_z (parallèle à B_0) et par l'apparition d'une composante transversal M_{xy} .

❖ L'étape de la relaxation. Une fois le signal FR est interrompu, le système restitue l'énergie absorbée pour revenir à son état d'équilibre initiale, entraînant un réalignement de l'aimantation M sur B_0 . Les composantes longitudinales de M croît exponentiellement. Elle correspond au transfert de l'énergie d'un *spin* vers son environnement. La composante transversale de M décroît exponentiellement. Elle correspond à des transferts d'énergie entre *spins*.

❖ La dernière étape à savoir la lecture du signal, correspond à la captation par des récepteurs appropriés du signal RF émis lors de la restitution d'énergie. C'est ce signal qui doit être traité après transformée de Fourier, selon sa fréquence, son amplitude et sa durée, qui sont caractéristiques de l'évolution de M .

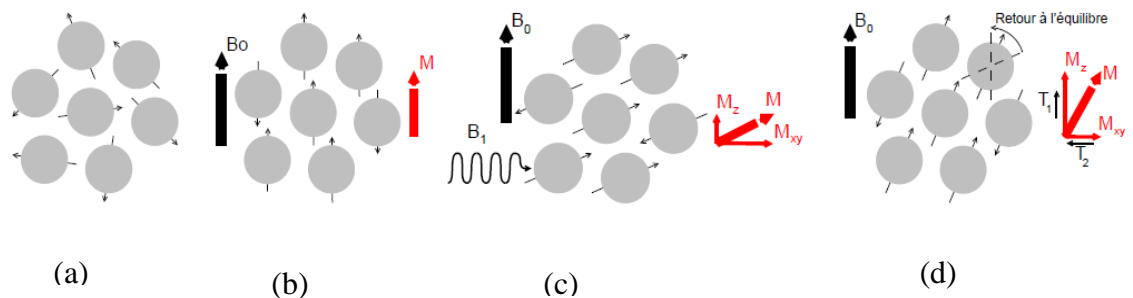


Figure 1.3 Principe de la RMN.

(a) Etat initial: résultante magnétique M nulle. (b) Etat d'équilibre: orientation des spins selon B_0 . (c) Phase d'excitation: émission d'un signal RF et apparition d'une composante transversale M_{xy} . (d) Phase de relaxation: disparition de la composante M_{xy} selon la contraste caractéristique T_2 et croissance de la composante M_z selon la contraste caractéristique T_1 .

1.3.3 Type d'IRM

[A] IRM fonctionnel

L'IRM fonctionnelle cérébrale (IRMf) permet d'observer le fonctionnement des tissus gros consommateurs d'oxygène en détectant l'oxygénation de l'hémoglobine dans le sang. Le changement d'état de l'hémoglobine entraîne une modification de ses propriétés magnétiques qui module le signal IRM. L'IRMf permet l'observation du fonctionnement du cerveau [19].

❖ Avantage de l'IRMf

Il est devenu possible de réaliser des images RMN en des temps suffisamment brefs (jusqu'à 0.02 secondes) pour suivre certains aspects du métabolisme. Quand nous parlons, lisons, bougeons, pensons,..., certaines aires de notre cerveau s'activent. Cette activation des neurones se traduit par une augmentation du débit sanguin local dans les régions cérébrales concernées.

[B]IRM anatomique

En observant, sous l'effet d'un champ magnétique intense, la résonance des noyaux d'hydrogène, présents en abondance dans l'eau et les graisses des tissus biologiques, on peut visualiser la structure anatomique d'un organe. Cette méthode peut être utilisée pour la diagnostic de tumeurs cancéreuses ou pour localiser certaines informations[46].

1.3.4 Les coupes d'un cerveau

L'orientation des coupes, qui dépend en particulier du gradient de coupe sélective, varie en fonction de la pathologie recherchée. On retrouve cependant trois orientations principales : axiale, coronale et sagittale[02].

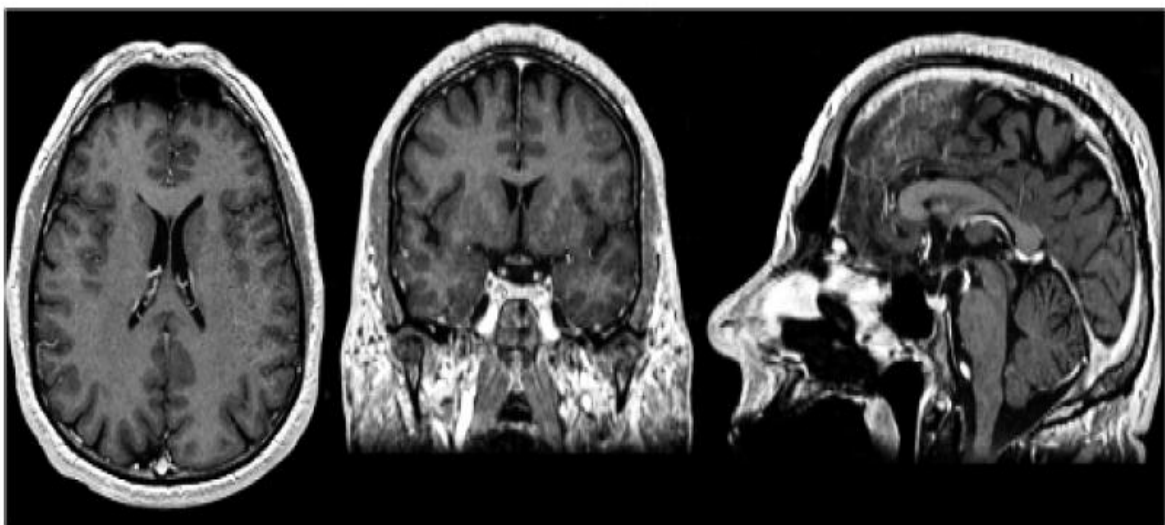


Figure 1.4 Les coupes de cerveau : Plans axial, coronal et sagittal (de gauche à droite) sur une acquisition en T1 [02]

1.3.5 La formation des images IRM et les différentes pondérations**[A]Formation des images**

L'examen médical se base sur l'excitation du protons d'hydrogène des molécules d'eau présentes en grande quantité au corps humain. L'obtention d'une image en 2D ou 3D grâce à

L'IRM se fait discriminant les différentes parties d'une région considérée grâce à des gradients directionnels appliqués dans les trois directions de l'espace par des bobines de gradients. Tout d'abord, un gradient de coupe est appliqué afin de sélectionner la coupe que l'on cherche à acquérir. Puis, les gradients de décalage. Puis, les gradients de décalage de phase et de fréquence sont appliqués de manière à sélectionner la ligne et la colonne de la matrice dont on cherche à acquérir le signal. Une fois la matrice remplie, une transformée de Fourier inverse permet de reconstruire une image en passant du domaine fréquentiel au domaine spatial.

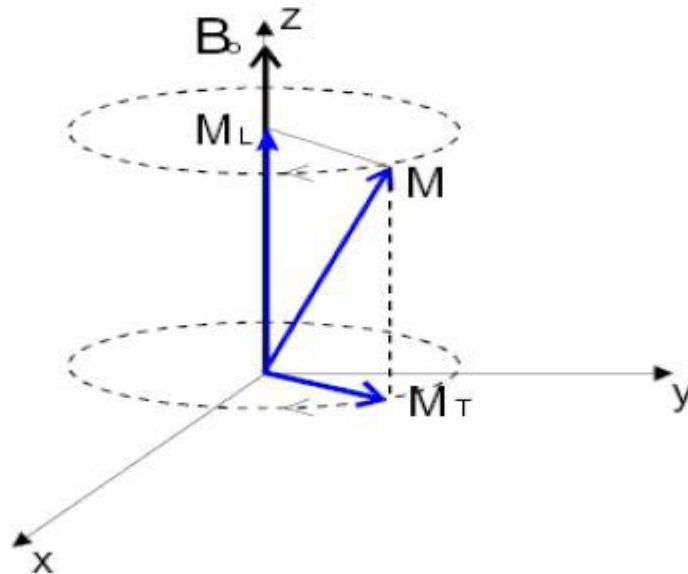


Figure 1.5 Décomposition du moment magnétique M en un moment transversal M_T et longitudinal M_L lors de la résonance.

[B] Les différentes pondérations

Le contraste en IRM correspond à la traduction des signaux d'aimantation en *niveau de gris* (noir : signal faible, blanc : signal élevé). Ce contraste traduit les différences en temps de relaxation, et dans une moindre mesure, les différences en densité de protons. Les trois facteurs (modalité) T1, T2, et densité de protons interviennent toujours à des degrés divers. L'opérateur peut, par le choix des paramètres de la séquence, favoriser l'un de ces facteurs dans la génération du signal, c'est-à-dire « pondérer » la séquence. L'énergie du signal de la relaxation des spins peut être décomposée suivant un axe parallèle au champ magnétique (relaxation longitudinale ou T1) (Fig. 1.4 à gauche) ou un axe perpendiculaire au champ magnétique (relaxation transversale ou T2) (1.4 à droite). La matière grise et le liquide céphalo-rachidien. La modalité T2 ne permet pas de distinguer la matière grise de la matière blanche, mais met en évidence les lésions et le LCR [39].

✓ **T1 [13]**

Constante de temps caractérisant la relaxation longitudinale (retour progressif de l'aimantation le long de B_0). Constante de temps nécessaire pour que 63 % des spins se réalignent le long du champ magnétique.

✓ **T2 [13]**

Relaxation transversale, mise en phase (ou déphasage) des spins. Constantes de temps avec laquelle 63 % des spins perdent leur cohérence de phase du fait des interactions spin-spin (c'est-à-dire en excluant les effets causés par les inhomogénéités de champ).

Les séquences pondérées en T2 sont considérées comme plus sensibles pour détecter au sein d'un tissu des variations de contraste liées à une pathologie évolutive à ses débuts. Les exemples ne sont pas rares de lésions évidentes en T2 alors qu'elles ne sont pas visibles sur les séquences pondérées en T1.

✓ **Densité de protons (dp)[06]**

C'est le nombre de protons participant au phénomène d'IRM par unité de volume. Les séquences sont acquises en écho de spin avec TR long et TE court, conduisant à des contrastes en densité de proton.

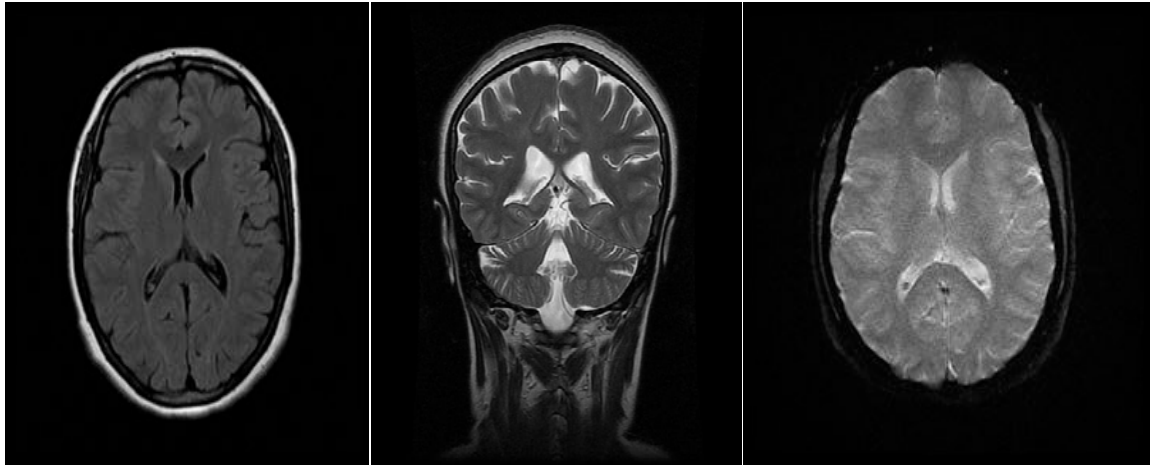


Figure1.6: pondération T1 à gauche, et T2 au milieu et dp à droite

[C] Quelques paramètres techniques de l'IRM[40] :✓ **T2***

On prononce T2 étoile. Identique au T2 mais en tenant compte des effets causés par les inhomogénéités de champ, équivaut aussi à une constante d'amortissement.

✓ **TE (temps d'écho)**

Durée qui sépare le milieu de l'onde RF et le milieu du temps de lecture. En écho de spin, TE est court pour des images pondérés en T1 (avec un TR court), TE est long pour des images pondérées en T2 (avec un TR long).

✓ **TR (temps de répétition)**

Intervalle de temps séparant les excitations successives des spins. En écho de spin, il s'agit du temps séparant deux impulsions excitatrices de 90° successives.

✓ **Écho de gradient**

Cette séquence est sensible aux inhomogénéités du champ magnétique B_0 . Cette séquence peut poser des problèmes s'il existe au voisinage du plan de coupe du matériel métallique et a fortiori ferromagnétique (pivots dentaires, couronnes...). Cette séquence ne nécessite qu'une impulsion sélective ce qui permet d'utiliser des temps d'écho plus courts. Elle permet surtout d'utiliser des angles d'excitation plus petits qui n'annulent pas la composante longitudinale et autorisent des temps de répétition très courts, permettant l'accès à l'imagerie rapide. Le contraste est variable, en fonction du temps d'écho et du temps de répétition, mais aussi en fonction de l'angle de bascule.

✓ **Spin écho**

Cela permet de s'affranchir des inhomogénéités du champ B_0 mais nécessite deux impulsions sélectives de RF 90° et 180° en présence du gradient de sélection de coupe, ce qui limite la durée minimum du temps d'écho. Le contraste est variable en fonction du choix du temps de répétition et du temps d'écho.

✓ **Séquence Écho Planar (EPI)**

Elle permet d'obtenir une image avec une seule impulsion d'excitation donc très rapidement (environ 100 ms). Technique surtout utilisée pour les séquences de diffusion, de perfusion et d'IRM fonctionnelle (IRMf).

1.4 CARACTERISTIQUE D'UNE IMAGE ACQUISE PAR IRM

- ✓ Le rapport signal sur bruit
- ✓ Le contraste
- ✓ La résolution spatiale

1.4.1 Le rapport signal sur bruit

Le bruit correspond aux "parasites". Aléatoire, il provient du patient (agitation thermique des protons à l'origine d'émissions parasites) et dans une moindre mesure de la chaîne de mesure

(bruit "électronique"). Il vient perturber le signal émis par les protons excités de la coupe d'intérêt. Le rapport signal / bruit est fonction de la moyenne de l'intensité du signal par rapport à l'importance de la variation du bruit. C'est le facteur qui conditionne le plus la qualité de l'image par résonance magnétique. Il influencera le contraste et la résolution spatiale : le problème posé à l'opérateur est celui de la recherche du meilleur S/B avec la meilleure résolution spatiale, c'est à dire le plus petit voxel. Le rapport signal/bruit dépend de

- ✚ *facteurs non modifiables*: intensité du champ, séquence d'ondes RF, caractéristiques tissulaires.
- ✚ *facteurs modifiables* : antenne utilisée.
- ✚ *paramètres de la séquence* : taille du voxels (résolution spatiale en 3D), nombre d'excitations, bande passante de réception. [12]

1.4.2 Le contraste[12]

Le contraste dépend du type de séquence utilisé, de ses paramètres et des éventuelles préparations d'aimantation employées. Le contraste sera optimisé afin de répondre aux objectifs de la séquence : étude anatomique, caractérisation tissulaire, recherche d'un œdème, de sang, de graisse ou de liquide, étude de flux vasculaire, rehaussement... Le temps d'acquisition et la qualité de l'image sont interdépendants : il faudra choisir un compromis entre ces deux paramètres lors du paramétrage d'une séquence IRM. Le contraste peut être exprimé en fonction du signal par la relation : [12]

$$c = \frac{S_a - S_b}{S_m}$$

Où : **S_a** et **S_b** sont des radiométries de deux structures consécutives, **S_m** est la mesure du signal moyen sur une zone homogène de l'image.

La faculté de pouvoir différencier deux tissus est ainsi plus justement appréciée par la notion de contraste sur bruit : **C/B**

1.4.3 La résolution spatiale

La résolution spatiale correspond à la "finesse" de l'image, c'est-à-dire à la taille du plus petit détail que l'on pourra détecter. Ainsi, plus les voxels de signal enregistrés seront petits, plus la résolution spatiale sera élevée. Le volume du voxel est défini par la dimension de la matrice (256 x 256 ou 512 x 512 etc...), le champ de vue (10 cm, 20 cm, etc...), et l'épaisseur de coupe. Donc l'augmentation de la résolution spatiale entraîne une baisse du rapport S/B,

celui-ci étant proportionnel au volume du voxel. Le contrôle de la résolution spatiale par la taille du voxel est effectif si le contraste et le rapport S/B sont suffisants.

En effet, le gain en résolution spatiale peut être inefficace si l'image est trop bruitée, Ainsi, la qualité d'image est un problème permanent qui se pose à l'opérateur d'IRM.

Celui-ci est constamment à la recherche du meilleur compromis possible entre un bon rapport signal sur bruit, une résolution spatiale optimale et une durée d'examen acceptable.

Pour un contraste donné, ces trois paramètres sont liés, l'amélioration dans un domaine se faisant au détriment de l'un ou des deux autres. C'est essentiellement en jonglant avec les différents paramètres, qu'il sera possible de maintenir une qualité d'image optimale.

1.5 QUALITE D'IMAGE ACQUISE PAR L'IRM

Les images IRM peuvent être modifiées à cause de beaucoup des ressources des artefacts en IRM. Il existe, entre autres, les artefacts suivants :

- ❖ **L'artefact de mouvement**, qui est du soit aux mouvements globaux du patient ; soit aux mouvements d'un seul organe du patient pendant une séquence d'imagerie.

- ❖ **Les inhomogénéités d'intensité** sont des variations de l'intensité observées pour un même tissu [44]. Les inhomogénéités dans le champ magnétique principal et dans le champ généré par les impulsions RF peuvent provoquer une inhomogénéité dans la distribution des intensités des images obtenues en IRM, qui handicape les approches purement photométriques [24].

- ❖ **Volume partiel** ; au niveau d'une interface entre deux tissus dans la direction de la sélection de coupe, l'utilisation de coupe fine permet de bien séparer les tissus. En revanche, une coupe plus épaisse contient à la fois les deux tissus : le signal résultant sera alors une moyenne du signal des tissus, d'où une perte d'information enterrer de contraste. Il en résulte également perte déclaré solutions partiale, puisque le signal des petites structures va être moyenné avec celui des structures adjacentes, ce qui peut les rendre invisibles ou peu distinctes.

- ❖ **Le bruit** : Outre les artefacts, la présence de bruit dans les images acquises, dû aux processus physiques d'acquisition ou aux propriétés des éléments visualisés, complexifient encore la tâche d'analyse des images.

1.6 RISQUES EVENTUELS DE L'IRM

Bien que l'équipement utilisé soit bruyant, l'IRM n'est pas un examen douloureux. Le patient doit s'être préalablement dépouillé de tout objet métallique (montre, bracelet, collier, carte de

crédit...). Le cas échéant, il doit également signaler le port d'une valve ou d'une pile cardiaque, d'une prothèse ou d'implants. Tous ces éléments sont en effet susceptibles de perturber le déroulement de l'examen. À noter enfin, qu'un produit de contraste peut également être injecté. Généralement bien toléré, il peut toutefois être à l'origine de manifestations allergiques sans gravité (urticaire). Les réactions plus graves sont exceptionnelles, et peuvent généralement être anticipées lors de la consultation préalable à l'examen [47].

1.7 APPLICATION D'IRM

L'imagerie par résonance magnétique est utilisée généralement, dans la pratique clinique pour le diagnostic, suivi de patient, l'évaluation de thérapie, et dans la cartographie du cerveau humain [37]. En effet l'IRM anatomique permet d'obtenir des images en haute résolution spatiale sur l'architecture du cerveau, l'IRM de diffusion (IRMd) sur les connexions intracérébrales l'IRM fonctionnelle est une application de l'IRM à l'étude du fonctionnement du cerveau, la spectroscopie et l'imagerie spectroscopique (IRMs) sur les processus biochimiques (métabolisme, neurotransmission). L'IRM à haut champ magnétique fournit des images de meilleure qualité et plus d'informations physiologiques [47].

1.8 LE FORMAT DICOM (Digital Imaging and Communication in Medicine) [37]

1.8.1 Historique

La norme DICOM a été émise par l'ACR (American College of Radiology) en association avec la NEMA (National Electrical Manufacturers Association). Actuellement mise à jour par ces 2 comités auxquelles se sont joints d'autres comités d'experts internationaux tels le JRIA au Japon, l'ANSI aux USA, le CENTC251 en Europe. Ces comités ne sont- en principe - pas dépendants d'intérêts économiques.

1.8.2 DICOM (Digital Imaging and Communication in Médecine) [37]

Désigne la norme pour les fichiers numériques créés lors d'examens d'imagerie médicale. Elle recouvre aussi les spécifications concernant leur archivage et leur transmission en réseau (aspects particulièrement importants dans le milieu médical). Indépendant des technologies (scanner, IRM, etc.), et des constructeurs, elle permet de standardiser l'accès aux résultats d'imagerie médicale. Outre les images numériques issues des examens médicaux, les fichiers DICOM véhiculent aussi nombre d'informations textuelles concernant le patient (état civil, âge, poids, etc.), l'examen réalisé (région explorée, technique d'imagerie utilisée, etc.), la date

d'acquisition, le praticien etc. Ces fichiers ne peuvent être lus et modifiés que par des logiciels spécialisés.

1.8.3 Spécification d'une norme pour les images médicales [37]

❖ *Identification unique des images produites*

Un service de Radiologie produit plusieurs dizaines de milliers d'images chaque jour (un scanner produit environ 1500 images par heure). Il n'est pas possible de classer ces images dans un format courant de type JPEG ou GIF sans risque de pertes des données démographiques de l'image, (nom du patient, type d'examen, hôpital, date d'examen, type d'acquisition etc...). La norme DICOM permet de rendre unique chaque image produite et de lui associer des informations spécifiques. Ainsi chaque image est autonome : si elle est perdue, reproduite ou renommée, il sera toujours possible d'identifier formellement son origine, le patient, la date, la série d'où elle provient, les paramètres d'acquisition etc.

La norme DICOM n'est pas rigide, elle implique des informations obligatoires et d'autres optionnelles. Plusieurs numéros d'identification uniques UID (Unique Identifier) sont générés automatiquement par les appareils d'imagerie DICOM et obligatoirement présents dans chaque image DICOM. Il ne peut pas exister deux UID identiques pour désigner des informations différentes, quelle que soit la machine et sa localisation, ainsi l'UID d'une série d'images est unique à une date, un patient, une étude, un hôpital et une machine donnée. Cette identification est nécessaire non seulement pour des raisons médicales et médico-légales, mais aussi pour permettre aux machines la formation et la gestion de bases de données.

❖ ***La norme DICOM*** est indépendante des appareils et des protocoles de communication. La norme DICOM est utilisée au niveau applicatif : elle permet la communication des logiciels entre-deux indépendamment du fabricant (ceci sous-entend que les connections de bas niveau, câblages et protocoles réseaux sont établies).

❖ *La norme utilise un vocabulaire contrôlé*

Il est important que d'une machine à l'autre le vocabulaire soit identique afin que les données soient toujours identifiées et retrouvées de la même façon. DICOM utilise la norme SNOMED (Systemized Nomenclature for Médecine) mise au point par les anatomopathologistes.

❖ *La norme DICOM est adaptable à différentes spécialités médicales*

DICOM est désormais adopté par les cardiologues, les dentistes, les anatomopathologistes et les gastro-entérologues.

1.8.4 Manipulation des fichiers DICOM [18]

[A] Principales particularités des fichiers DICOM

L'extension .dcm désigne un fichier DICOM (en réalité l'extension dcm n'est pas obligatoire et souvent les fichiers sont repérés dans par de simples numéros). À l'issue d'un examen médical, un fichier nommé DICOMDIR contient la liste des fichiers générés (images, compressées ou non, parfois des vidéos, voir des comptes rendus). Il est possible de visualiser la totalité d'un examen dans l'ordre chronologique et par séries (par exemple coupes avant injection, coupes après injection, reconstructions selon un autre plan de coupe etc.).

❖ Fichiers riches en informations textuelles : Outre les images numériques issues des examens médicaux, les fichiers DICOM véhiculent aussi nombre d'informations textuelles concernant le patient (état civil, âge, poids, etc.), l'examen réalisé (région explorée, technique d'imagerie utilisée, etc.), la date d'acquisition, le praticien etc. Ces informations sont perdues si le fichier n'est pas enregistré au en DICOM.

❖ Fichiers permettant de stocker des dynamiques d'acquisition bien au-delà des capacités visuelles : La principale originalité des fichiers issus d'examens d'imagerie médicale réside dans leur capacité à stocker des données brutes bien au-delà de ce que peut distinguer à l'œil humain sur un écran, et sur lesquelles les médecins peuvent travailler ultérieurement sans perte d'information.

La plupart des logiciels permettent donc de travailler par fenêtres ou plages de niveaux de gris restreintes pour n'afficher que les nuances utiles (évidemment sans perte d'information).

Par exemple, dans une radiographie crânienne, si le logiciel focalise sur la fenêtre osseuse, l'œil pourra distinguer les différentes densités osseuses mais pas les tissus nerveux qui seront tous du même gris. Ensuite, si on demande au logiciel de focaliser sur une fenêtre permettant de distinguer le tissu cérébral, les os apparaîtront tous du même blanc, sans nuance (pour l'œil).

❖ Fichiers pouvant véhiculer des informations dans les trois dimensions de l'espace. Enfin, la plupart de ces fichiers permettent l'acquisition et le stockage d'informations dans les trois dimensions de l'espace. Cela permet au médecin de visualiser des coupes dans plusieurs dimensions voir de demander un rendu tridimensionnel de la zone étudiée (reconstruction), de mesurer des distances, des surfaces, des volumes, des densités...etc.

1.9 MATERIEL UTILISE DANS L'IRM [09]

1.9.1 L'aimant principal

Cet aimant va produire un champ magnétique B_0 . La fréquence de résonance des protons sera proportionnelle à la valeur du champ principal B_0 . Le B_0 peut être produit par :

❖ *Un aimant résistif*

C'est un électro-aimant. Un courant électrique parcourt la bobine entourant un noyau de fer doux. Ce type de bobine produira de la chaleur par effet de Joule, un champ magnétique relativement faible.

❖ *Un aimant supraconducteur*

Il sera basé sur le même principe mais sera refroidi à une température proche de 0°K . Il y a ainsi création d'un aimant de champ élevé avec une consommation d'électricité plus faible. C'est le type d'aimant installé aujourd'hui.

❖ *Un aimant permanent*

Il peut être créé par un ensemble de corps paramagnétiques. Il faut que le B_0 soit très homogène : c'est un facteur de qualité de l'appareil. Cependant il ne sera jamais entièrement uniforme : il le sera à 10^{-5} ou 10^{-6} près. L'intensité du B_0 conditionne la qualité de l'image. Le rôle du B_0 est de faire entrer les protons en résonance.

1.9.2 Les bobines de gradient

On va superposer à B_0 un gradient de champ magnétique en fonction de l'espace. Ce champ magnétique est produit par des bobines parcourues par un courant continu. Il y aura des paires de bobines : il faut deux bobines pour créer un gradient de champ et une paire par direction de l'espace. Elles réalisent une variation graduelle de champ B dans l'espace permettant un codage spatial de l'image.

1.9.3 Les antennes de champ radio fréquence

Les ondes radio fréquences sont constituées par un champ magnétique et par un champ électrique perpendiculaire entre eux. Ces antennes vont émettre un champ B_1 . Ce champ sinusoïdal, variable en fonction du temps, est de valeur assez faible. Leur rôle va être d'émettre les impulsions radio fréquences et permettre la réception du signal.

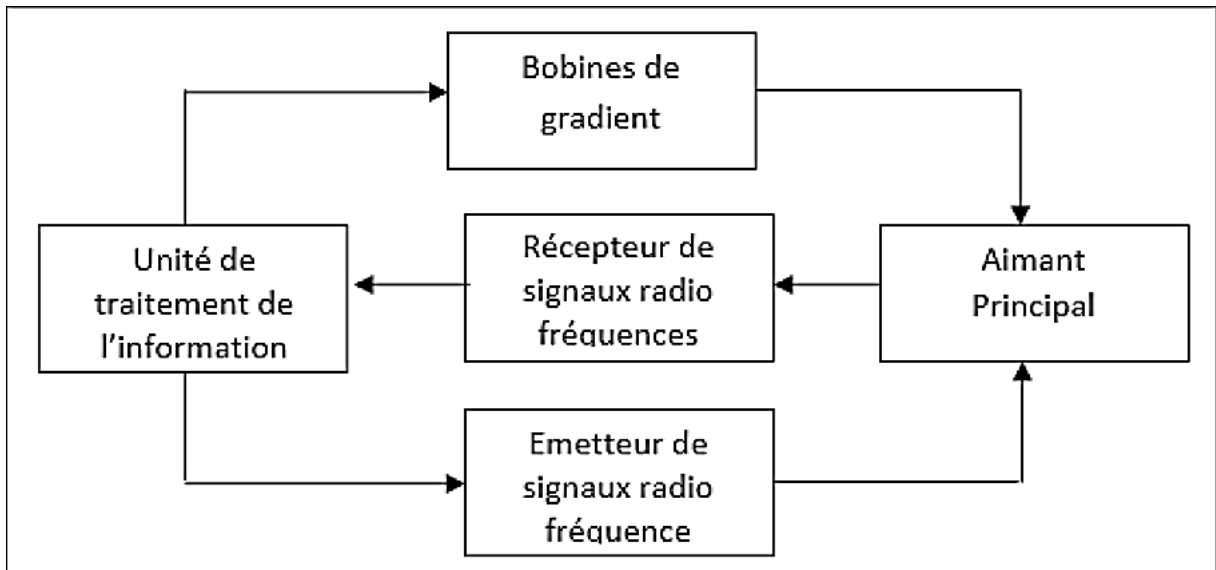


Figure 1.8 Schéma fonctionnel de matériel utilisée

1.10 CONCLUSION

Dans ce chapitre, nous avons tout d'abord présentés l'anatomie cérébrale macroscopique et microscopique, après nous présentons la définition des tumeurs cérébrales et leur types, puis l'imagerie par résonance magnétique et leur principes physiques qui la régissent, ainsi que les principes importants de aux déférentes pondérations qu'offre cette technique d'imagerie et leur intérêt dans le cadre du diagnostic des tumeurs cérébrales. Enfin nous sommes successivement intéressées au format de l'image médicale DICOM.

CHAPITRE 02

SEGMENTATION DES TISSUS CEREBRAUX EN
IRM

Résumé

Dans ce chapitre nous allons présenter les différentes approches de segmentation, en basant sur l'explication des méthodes C-moyenne flou (FCM) et semi supervisé FCM qu'on va l'appliquer à ce travail .

Sommaire

- 2.1 Introduction
- 2.2 Segmentation des images cérébrales
- 2.3 La segmentation
- 2.4 Différentes approches de la segmentation.
- 2.5 segmentation par C-moyenne flou (FCM).
- 2.6 Segmentation semi supervisée FCM
- 2.6 Conclusion

2.1 INTRODUCTION

L'imagerie médicale joue un rôle très important dans l'observation chez l'humain. Elle permet en effet d'observer la structure et le comportement d'organes grâce à un ensemble important de techniques d'acquisition : imagerie par résonance magnétique (IRM), scanographie par rayon X, échographie, etc. La segmentation est un traitement de bas niveau qui consiste à créer une partition de l'image observée en un certain nombre de régions selon un critère déterminé (couleur, texture, niveau de gris... etc.) qui pourront par la suite être traitées de manières différentes voir la figure 3.1 [10]. Dans le domaine médical, la segmentation d'images est extrêmement compliquée. En effet, pour chaque organe (cerveau, cœur, etc. ...), l'approche est différente : l'outil de segmentation doit donc pouvoir s'adapter à un organe particulier, suivant une modalité d'acquisition particulière (scanners, radiographie, Imagerie par Résonance Magnétique, ...) et pour une séquence de données particulière. L'objectif est la quantification de l'information, par exemple, la volumétrie : volume d'une tumeur dans le cerveau, étude de la cavité ventriculaire cardiaque, etc. C'est à ce niveau que la segmentation de l'image est utilisée.

L'objectif de notre travail est la segmentation d'images IRM de cerveau. Nous allons présenter dans ce chapitre la problématique de la segmentation elle-même et enfin différentes méthodes de segmentation s'appliquant à cette problématique.

2.2 SEGMENTIONS D'IMAGES CEREBRALES

Dans cette partie nous introduisons le but de la segmentation d'images cérébrales et l'apport qui porte la segmentation automatique dans le domaine médical ainsi que les difficultés trouvées dans les images cérébrales.

Segmenter, ou délimiter les structures cérébrales est une étape fondamentale pour l'analyse d'images cérébrales. Elle permet de faire une séparation des différents tissus cérébraux (matière grise, matière blanche, liquide céphalorachidien, etc..) ainsi que d'éventuelles pathologies cérébrales. Une bonne segmentation permet d'aider le médecin à prendre une décision finale, avant son geste chirurgical.

De nombreuses études des tissus du cerveau dans les images d'IRM ont été effectuées et rapportées dans la littérature, telles que des techniques basées sur les réseaux neuronaux, la logique floue, des méthodes statistiques, coupe de graph [28] et bien d'autres, nous présenterons les principales méthodes de segmentation utilisées dans la suite du chapitre.

2.2.1 La segmentation automatique des IRM cérébrales

La segmentation manuelle des images IRM est extrêmement couteuse en temps humain (des chercheurs dans une étude sur la schizophrénie ont segmenté 50 images par an et par chercheur travaillant à temps plein)[30] en plus l'intervention humaine reste une source potentielle d'erreurs : au cours de longues séances d'interaction, l'opérateur humain change son comportement, la fatigue le fera commettre des erreurs et le résultat manque de fiabilité et de robustesse.

En comparaison avec la segmentation manuelle qui est par essence une approche de contour, la segmentation semi-automatique, peut être une approche contour ou région. Sur le plan informatique, l'approche région est souvent plus facile que l'approche contour. En effet, il peut être difficile de fermer le contour et donc de quantifier la surface segmentée. Alors que la segmentation entièrement automatique est l'objectif extrême. Elle a de nombreux avantages, en plus d'être indépendante de l'opérateur elle est rapide et reproductible. Comme dans le cas de la segmentation semi-automatique, les approches contours ou région peuvent être envisagées pour la segmentation entièrement automatique. Donc l'automatisation de la segmentation est nécessaire pour deux raisons :

- ✓ Le temps du tracé manuel par un expert sur un tissu spécifique est long,
- ✓ L'expertise humaine peut produire des erreurs difficilement contrôlables et reproductibles.

2.3. LA SEGMENTATION

Classiquement, on peut définir la segmentation comme étant une partition de l'image I en un nombre N de sous-ensembles R_i appelés régions, homogènes dans le sens d'un ou plusieurs critères, comme le niveau de gris, tels que :

- La segmentation doit être complète (c'est-à-dire, chaque pixel doit être affecté à une classe).
- Les pixels appartenant à la même région doivent être connectés.
- Les régions doivent être disjointes.

En termes mathématiques:

$$\left\{ \begin{array}{l} \bigcup_{i=1}^n R_i = I \\ R_i \cap R_j = \emptyset, j \text{ avec } i \neq j \end{array} \right. \quad (2.1)$$

Où R_i est l'ensemble des régions formant l'image I.

Dans un contexte médical, les régions R_i correspondent aux différentes structures anatomiques constituant les différentes régions d'intérêt. La détermination automatique du nombre de régions N est une vraie problématique [25]. Souvent, la valeur N est supposée être connue comme étant une information à priori sur les structures anatomiques en investigation.

Il est difficile de définir d'une manière absolue, une bonne méthode de segmentation. Le choix d'une technique est lié à:

- La nature de l'image (éclairage, contours, texture, etc.)
- Aux opérations en aval de la segmentation (compression, reconnaissance des formes, mesures, etc.)
- Aux primitives à extraire (droites, régions, textures, etc.)
- Aux contraintes d'exploitation (temps réel, espace mémoire, etc.)

La segmentation des IRM cérébrales présente des particularités par rapport aux d'autres domaines d'applications de la segmentation comme la segmentation des cartes routières, ou la segmentation des visages, ceci est dû principalement aux raisons suivantes :

- L'objet à segmenter (l'anatomie du cerveau).
- Le processus d'acquisition IRM qui génère des artefacts (défauts).

2.4 DIFFERENTS APPROCHES DE LA SEGMENTATION

La segmentation est un vaste sujet d'étude et fait partie des grands thèmes de l'imagerie numérique. Comment préférer l'une ou l'autre est un débat ouvert qui fait rage dans bien des laboratoires.

2.4.1 Approche contour

Les approches contours se caractérisent par le fait qu'elles ne prennent en compte que des informations sur le contour des objets. Les premiers modèles de segmentation s'appuient sur des détections de changement rapide d'intensité lumineuse ou de couleur, c'est-à-dire les contours de l'image. L'application de détecteurs de contours sous la forme de filtres dérivateurs permet d'obtenir les contours des objets présents dans la scène. Nous pouvons citer les approches se basant sur les différences finies comme l'opérateur de gradient, l'opérateur laplacien, les filtres de Sobel, Prewitt, Roberts ou bien des approches reposant sur des critères d'optimalité comme les filtres de Canny-Deriche. Mais ce genre de techniques est

peu exploitable car elles donnent des contours non fermés, bruités ou des contours non détectés [03].

La forme générale des masques est :

$$\begin{bmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 2 & 0 & -2 \\ 1 & 0 & -1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} -1 & -2 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 2 & 1 \end{bmatrix}$$

Masques de Sobel pour les directions respectivement verticales et horizontales [27].

2.4.2 Approche région

L'approche région cherche à regrouper les pixels en région homogènes. Elle se caractérise par la mesure d'uniformité des régions construites dans l'image. Ces régions sont construites en évaluant la similarité entre les pixels ou entre un pixel et ceux d'une région. On distingue les méthodes par croissance de régions, par division-fusion et par classification.

[A]Segmentation par seuillage

Le seuillage peut aussi être déterminé en étudiant l'histogramme de l'intensité de l'image pour repérer les différents modes de la distribution de l'intensité et calculer ainsi des seuils optimaux afin de détecter les différents objets de la scène. Mais cette méthode ne fonctionne que si les objets ont une intensité homogène et de plus, qui soit différente de celle du fond. La Figure 3.6 illustre cet algorithme [03].

[B]Segmentation par croissance de région

Ce type de segmentation permet de sélectionner un pixel ou un ensemble de pixels de l'image, appelé germe, autour duquel on fait croître une région. Les régions sont construites en ajoutant successivement à chaque germe les pixels qui lui sont connexes et qui vérifient un critère de similarité. La croissance s'arrête lorsque tous les pixels ont été traités.

La littérature en traitement d'images est riche en méthodes de segmentation par croissance de région. Témeau et Borel proposent un algorithme de segmentation qui combine une croissance de régions suivie d'un processus de fusion de région. cet algorithme procède par un balayage séquentiel de l'image et considère le premier pixel comme un germe. Il tente alors de faire croître ce germe le plus longtemps possible en y agrégeant les pixels voisins.

L'avantage des méthodes de croissance de régions est de préserver la forme de chaque région de l'image. Cependant une mauvaise sélection des pixels de départ, un choix de critère

desimilarité, aussi qu'un ordre mal adapté selon lequel les pixels voisins sont examinés, peuvent entraîner des phénomènes de sous segmentation ou de sur segmentation.

[C] Segmentation par division/ fusion

Ce type de méthode consiste à diviser l'image, considérée comme une région initiale, en région de plus en plus petites. Le principe consiste à tester le critère d'homogénéité retenu sur l'image entière. Si le critère est valide, l'image est considérée comme segmentée; si non, l'image est découpée en zones plus petites et la méthode est réappliquée sur chacune des zones nouvellement obtenues.

La division peut se faire en quatre parties, en six parties, en polygones, etc. La méthode la plus connue est la méthode de *quadtree*[41] où chaque zone est divisée par 4. L'inconvénient de ces méthodes est que deux parties adjacentes peuvent vérifier le même critère sans avoir été regroupée dans la même région.

La fusion de régions est principalement fondée sur l'analyse d'un graphe d'adjacence de région qui analyse une image pré segmentée[34], constitué d'un ensemble de régions. C'est une structure de données constituée d'un graphe non-orienté dont chaque nœud représente une région et chaque arête représente une adjacence entre deux régions. Le procédé consiste à fusionner deux nœuds reliés par une arête à condition qu'ils respectent un critère de fusion.

2.4.3 Méthodes basées sur la Classification

Cette méthode consiste à regrouper et à classer les pixels d'une image en classe en fonction de leurs propriétés.

[A] Méthodes basé sur la Classification Supervisée

Ces sont des méthodes dans lesquelles les classes sont connues *a priori* avant d'effectuer l'opération d'identification des éléments de l'image. Elles demandent une première phase d'apprentissage sur l'échantillon représentatif dans le but d'apprendre les caractéristiques de chaque classe et une deuxième phase pour décider de l'appartenance d'un individu à telle ou telle classe. Les données segmentées de l'ensemble d'apprentissage proviennent d'un étiquetage manuel des images ou des régions d'intérêt en C classes de tissus ($C_1 \dots C_c$) par un ou plusieurs experts.

Chaque classe C_i se voit donc affecter un ensemble d'apprentissage, et les données de l'ensemble de test sont segmentées en fonction des E_i . Parmi ces méthodes on peut citer : la segmentation Bayésienne, la segmentation par les champs de Markov, réseaux de neurones,

etc. Pour notre cas, puisqu'il s'agit de segmenter des images médicales IRM cérébrales, la classification supervisée de ces images nécessite donc la création d'une base d'apprentissage pour chaque classe et pour chaque patient ce qui est en elle-même une tâche très fastidieuse pour les experts. C'est pour cette raison qu'on s'intéresse aux méthodes non supervisées [29].

❖ Méthode bayésienne

La segmentation bayésienne consiste à calculer, pour chaque vecteur forme, la probabilité conditionnelle (C_i/X_j) pour chacune des C classes à l'aide de la règle Bayes :

La segmentation bayésienne admet

- Soit une approche paramétrique, dans laquelle l'intensité d'un voxels (est un point à trois dimensions) est considérée comme la combinaison linéaire de probabilités d'appartenance attachées à chaque class (en effectuant l'hypothèse que les données sont conformes à des distributions paramétrique). La probabilité conditionnelle (X_j/C_i).
- Est modélisée par une fonction dépendant d'un vecteur de paramètre θ . Le problème est alors pour chaque classe C_i d'estimer le meilleur paramètre connaissant l'ensemble E_i d'apprentissage de cette classe.
- Soit une approche non paramétrique, dans ce type d'approche, les probabilités conditionnelles (X_j/C_i) sont supposées quelconques. La forme non paramétrique doit permettre de rendre compte le plus fidèlement possible de la réelle distribution statistique des niveaux de gris dans l'image. [29]

❖ Réseaux de Neurones

Un réseau de neurones est un réseau d'unité élémentaire (les nœuds) interconnectés, à fonction d'activation linéaires ou non linéaire. Ces nœuds sont regroupés pour les réseaux multicouches en sortie et éventuellement un ensemble de neurones cachés. De nombreux modèles de réseaux existent (réseaux de Hopfield, perceptrons multicouche, etc.), les différents noeuds étant complètement ou partiellement interconnectés aux autres. L'ensemble des liens convergeant vers un nœud constitue les connexions. Ceux qui divergent vers d'autres nœuds sont les connexions sortantes. A chaque connexion, entre des nœuds i et j , est associé un poids W_{ij} représentant la force de l'influence du nœud i sur le nœud j . L'ensemble

des poids est regroupé dans un vecteur de poids synaptiques W . Un vecteur de scalaires a présenté à tous les nœuds d'entrée est appelé exemple. A cet exemple sont aussi associées les valeurs Y (le vecteur de sortie) que l'on désire apprendre. Les poids des connexions sont éventuellement modifiés au cours d'un cycle d'apprentissage.

Modifier la sortie des noeuds à partir de leurs entrées consiste tout d'abord à calculer l'activation présente à l'entrée du noeud puis à calculer la sortie du noeud suivant la fonction d'activation qu'elle possède. Un réseau de neurones peut ainsi être défini pour chaque noeud par quatre éléments :

- La nature de ses entrées, qui peuvent être binaires ou réelles.
- La fonction d'entrée totale e , qui définit le prétraitement $e(a)$ effectué sur les entrées. Généralement, e est une combinaison linéaire des entrées pondérées par les poids synaptiques des connexions entrées pondérées par les poids synaptiques des connexions entrantes.
- La fonction d'activation f du noeud qui définit son état de sortie en fonction de la valeur de e . Toute fonction croissante et impaire convient et la fonction sigmoïde est souvent utilisée.
- La valeur de f en $e(a)$ est redirigée vers l'extérieure ou vers d'autre noeuds ou elle contribue à calculer leur état d'activation.
- La nature de ses sorties, qui peuvent être binaires ou réelles.

Les réseaux de neurones sont également utilisés pour obtenir une classification de l'image en tissus cérébraux. Ils sont organisés autour d'un ensemble de cellules (ou neurones) interconnectées. On dispose d'une base de connaissances constituée de couples (entrées,Sorties) et on utilise cette base pour entrainer une « mémoire » informatique à raisonner en prenant comme référence cette base empirique. Ainsi, en fonction de la base d'apprentissage, le réseau de neurones détermine la sortie pour chaque nouvelle entrée ; une mesure d'erreur est calculée pour chaque sortie obtenue, on cherche donc la meilleur valeur de sortie (c'elle minimiser l'erreur). Ici encore, la base d'entraînement est d'images segmentées par un expert, ou d'un échantillon de l'image à segmenter.

La méthode de segmentation supervisée offre l'avantage d'être plus rapides et plus reproductibles que les méthodes manuelles. Toutefois, elles ont le désavantage de rester très dépendantes de la base d'apprentissage. C'est pourquoi il est intéressant de développer des

algorithmes entièrement automatiques «non supervisée », qui présenteront l'avantage d'offrir un résultat reproductible et indépendant des actions de l'opérateur[48].

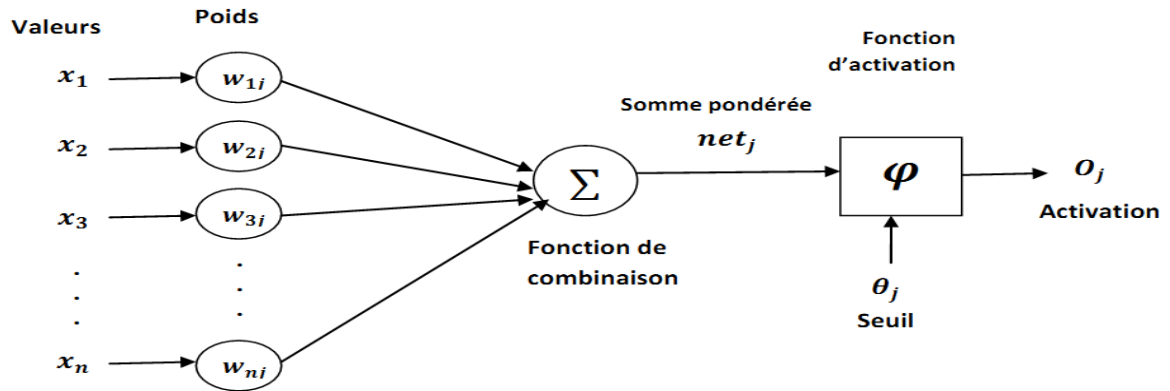


Figure 2.1 Structure d'un neurone artificiel.

❖ Champs de Markov [11]

Les champs de Markov sont largement utilisés en analyse d'images. Nous les avons utilisés dans la troisième étape pour régulariser notre image par l'introduction de l'information contextuelle. Les champs de Markov permettent de modéliser les propriétés globales en utilisant des contraintes locales.

- Nous considérons une image (ou un volume) comme un ensemble S de n sites.
- L'ensemble S est défini par : $S = \{S_i, 1 \leq i \leq n\}$
- À chaque site S est associée une variable aléatoire x_s . L'image est alors considérée comme la réalisation d'un vecteur aléatoire $x = \{x_s, s \in S\}$, appelé champ des observables. La classification markovienne a alors pour objectif d'estimer le champ des étiquettes $y = \{y_s, s \in S\}$. Les champs X et Y sont respectivement associés aux réalisations x et y définies par : $x = \{x_s, s \in S\}$ et $y = \{y_s, s \in S\}$.

- Si Y est un processus aléatoire sur un ensemble S , alors on dira que Y est un champ de Markov relativement au système de voisinage V si et seulement si : la probabilité conditionnelle locale en un site n n'est fonction que de la configuration du voisinage du site considéré. Ce qui s'exprime de la façon suivante :

$$(Y_s = y_s) > 0, \forall s \in S \quad (3.7)$$

$$(Y_s = y_s | Y_t = y_t, t \neq s) = (Y_s = y_s | Y_t = y_t, t \in V_s) \quad (3.8)$$

[B] Méthodes basé sur la Classification nonSupervisée**❖ Classification par K-Means (K-Moyens)**

L'algorithme des k-means est utilisé pour classer les objets à partir de leurs propriétés en k parties (ou clusters) en supposant que les attributs forment un espace vectoriel. L'objectif est de minimiser la variance intra-cluster V :

$$V = \sum_{i=1}^k \sum_{x_j \in S_i} |x_j - \mu_i| \quad (2.4)$$

Où S_i , $i = 1, 2, \dots, k$ sont les k clusters et μ_i est le point moyen des points $x_j \in S_i$

L'algorithme de K-means se résume dans les étapes suivantes :

1. Partitionnement des données en k sous-ensembles (non vides).
2. Calcul des centres des groupes de la partition courante.
3. Les données sont affectées au groupe dont leur centre est plus proche.
4. Retour à l'étape 2.
5. Arrêt lorsque les groupes sont constants.

Dans la littérature Lachman et coll. [26] ont proposé d'utiliser les statistiques de concurrence dans l'algorithme des k-means pour segmenter les tissus cérébraux. Une version adaptative de cet algorithme a été utilisée par Yan et coll. [36] pour segmenter le cerveau avec des résultats plus au moins satisfaisants.

En 2002 Bustillo [21] la variation de volume des noyaux caudés chez des patients atteints de schizophrénie.

Cet algorithme est parmi les algorithmes de segmentations les plus populaires parce qu'il est extrêmement rapide en pratique. En termes de performance, cet algorithme ne garantit pas un optimum global. La qualité de la solution dépend grandement des ensembles initiaux et peut, en pratique, 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 [30] en plus l'intervention d'un expert est généralement nécessaire pour fixer le nombre K de classes.

❖ L'algorithme C-moyenne Flou (FCM)

L'algorithme Fuzzy C-means (FCM) est un algorithme de classification non-supervisée floue. Issu de l'algorithme des C-moyennes (C-means), il introduit la notion d'ensemble flou dans la définition des classes : chaque point dans l'ensemble données appartient à chaque cluster avec un certain degré, et tous les clusters sont caractérisés par leur centre de gravité. Comme les autres algorithmes de classification non supervisée, il utilise un critère de

minimisation des distances intra-classe et de maximisation des distances inter-classe, mais en donnant un certain degré d'appartenance à chaque classe pour chaque pixel. Cet algorithme nécessite la connaissance préalable du nombre de clusters et génère les classes par un processus itératif en minimisant une fonction objective. Ainsi, il permet d'obtenir une partition floue de l'image en donnant à chaque pixel un degré d'appartenance (compris entre 0 et 1) à une classe donnée. Le cluster auquel est associé un pixel est celui dont le degré d'appartenance sera le plus élevé.

L'algorithme Fuzzy C-Means (FCM) effectue une optimisation itérative en évaluant de façon approximative les minimums d'une fonction d'erreur. Il existe toute une famille de fonctions d'erreur associées à cet algorithme qui se distinguent par des valeurs différentes prises par un paramètre réglable, m , appelé indice de flou « *fuzzy index* » et qui détermine le degré de flou de la partition obtenue. FCM est un cas particulier d'algorithmes basés sur la minimisation d'un critère ou d'une fonction objectif. Dans ce cas, les données x_j ne sont plus assignés à une unique classe, mais à plusieurs par l'intermédiaire de degrés d'appartenance u_{ij} du vecteur x_j à la classe i . Le but des algorithmes de classification est non seulement de calculer les centres de classe B mais aussi l'ensemble des degrés d'appartenances des vecteurs aux classes [35].

Notons :

$$X = (x_j, j=1 \dots N)$$

L'ensemble des vecteurs forme de R^p , avec $x_j = [x_{j1}, x_{j2}, \dots, x_{jp}]^T$, et $B = (b_1, \dots, b_c)$ un ensemble de vecteurs prototypes inconnus, où b_i caractérise la classe i .

La génération de fonctions d'appartenance consiste à construire automatiquement des fonctions permettant d'affecter chaque x_j à une ou plusieurs classes selon certains critères. Le détail des différentes contraintes imposées sur le degré d'appartenance pour chaque algorithme est décrit dans la section ci-dessous.

$$\begin{cases} \forall i \in \{1 \dots C\} \forall j \in \{1 \dots N\} u_{ij} \in [0,1] \\ \forall i \in \{1 \dots C\} 0 < \sum_{j=1}^N u_{ij} < N \\ \forall i \in \{1 \dots C\} \sum_{j=1}^N u_{ij} = 1 \end{cases} \quad (2.5)$$

L'algorithme de FCM est un processus itératif qui se repose sur la recherche des valeurs prise par les centroïdes b_i des classes et par les degrés d'appartenance u_{ij} des voxels à ces classes, minimisent la fonction objective suivante:

$$J(B, U, X) = \sum_{i=1}^C \sum_{j=1}^N u_{ij}^m d^2(x_j, b_i) \quad (2.6)$$

Dans la fonction (2.6), $m > 1$ est un coefficient réglant la dureté de la partition résultante. Les formules de mise à jour de U et B sont obtenues par introduction d'un multiplicateur de Lagrange associé à la contrainte de normalisation et en annulant les dérivées partielles du Lagrangien par rapport aux paramètres du modèle. Les solutions sont données par :

$$u_{ij} = \sum_{k=1}^C \left[\left(\frac{d^2(x_j, b_i)}{d^2(x_j, b_k)} \right)^{\frac{2}{m-1}} \right]^{-1} \quad (2.7)$$

$$b_i = \frac{\sum_{k=1}^N u_{ik}^m x_k}{\sum_{k=1}^N u_{ik}^m} \quad (2.8)$$

L'algorithme FCM consiste donc à itérer les étapes (2.7) et (2.8) jusqu'à stabilisation de l'algorithme. Le critère d'arrêt des itérations, définissant cette stabilité, peut par exemple consister en l'étude de la norme de la matrice U ou en la stabilité des centres de classe sur deux itérations successives [32].

On peut résumer l'algorithme FCM comme suit:

Algorithme FCM

Etape 1 : fixer les paramètres.

Les entrées :

- $X = (x_j, j = 1..N)$ l'ensemble des vecteurs forme.
- C : nombre de classes.
- ε : seuil représentant l'erreur de convergence (par exemple $\varepsilon = 0.001$).
- m : Degré de flou, $m \in [1.5, 3]$.

Etape2 : initialiser la matrice degrés d'appartenance U par valeur aléatoire dans l'intervalle

[0,1].

Etape 3 : mettre à jour la matrice prototype \mathbf{B} par la relation.

$$b_i = \frac{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m \cdot x_k}{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m} \quad (2.9)$$

$$J^{Ancien} \leftarrow \sum_{i=1}^c \sum_{j=1}^N u_{ij}^m d^2(x_j, b_i) \quad (2.10)$$

Etape 4 : mettre à jour la matrice des degrés d'appartenance par la relation

$$u_{ij} \leftarrow \left[\sum_{k=1}^c \left(\frac{d^2(x_j, b_i)}{d^2(x_j, b_k)} \right)^{\frac{2}{m-1}} \right]^{-1} \quad (2.11)$$

$$J^{Nouveau} \leftarrow \sum_{i=1}^c \sum_{j=1}^N u_{ij}^m d^2(x_j, b_i) \quad (2.12)$$

Etape 5 : répéter les étapes 3 à 4 jusqu'à satisfaction du critère d'arrêt qui s'écrit :

$$\|J^{Ancien} - J^{Nouveau}\| \leq \varepsilon$$

Les sorties :

- la matrice d'appartenance \mathbf{U} .
- les centres des classes \mathbf{B} .

Utilisation de l'algorithme FCM

L'algorithme FCM a été beaucoup utilisé pour la segmentation des images de cerveau, quels que soient la modalité et le type d'acquisition (mono ou multi-spectrale). De nombreux travaux ont notamment été effectués en imagerie par résonance magnétique. En IRM fonctionnelle, ainsi utilisé FCM pour segmenter les régions activées (simulation et aires motrices) du cerveau.

Les voxels étant représentés par leur niveau de gris, les auteurs ont montré non seulement que l'algorithme avait des performances comparables à l'analyse de corrélation standard (avec l'avantage de ne nécessiter aucune connaissance *a priori* sur le paradigme), mais aussi que FCM détectait des zones effectivement activées qui restaient silencieuses avec la corrélation [35]. En IRM traditionnelle, ont mesuré par FCM les volumes de LCS, MB et MG dans des images pondérées en $T2$ et en densité de proton d'hydro céphaliques et ont retrouvé les variations attendues de LCS (augmentation) et de MB (diminution), caractéristiques de cette pathologie. Ont utilisé FCM comme étape d'initialisation à un système expert pour segmenter des volumes de tumeur ou d'œdème sur des images pondérées en $T1$, $T2$ et en densité de protons. A partir de ces mêmes images, ont également segmenté des glioblastomes à l'aide des C-moyennes floues. Ont quant à eux utilisé FCM pour segmenter les différents tissus cérébraux sur des images pondérées en $T2$ et en densité de protons [42].

❖ Classification par C-moyenne Possibiliste (PCM)

La définition d'une partition floue impose que la somme des degrés d'appartenance d'un élément à l'ensemble des classes soit égale à 1. Cette contrainte forte engendre un certain nombre de problèmes si l'on veut extraire les propriétés de chaque classe. Pour remédier à ces problèmes, Krishnapuram et Keller ont proposé une méthode de classification possibiliste dont la partition floue est définie de la manière suivante :

$$\left\{ \begin{array}{l} \forall i \in \{1 \dots C\} \forall j \in \{1 \dots N\} u_{ij} \in [0,1] \\ \forall i \in \{1 \dots C\} \quad 0 < \sum_{j=1}^N u_{ij} < N \\ \forall i \in \{1 \dots C\} \sum_{j=1}^N u_{ij} = 1 \end{array} \right. \quad (2.9)$$

La fonction objective à minimiser est redéfinie comme suit :

$$J(B, U, X) = \sum_{i=1}^C \sum_{j=1}^N u_{ij}^m d^2(x_j, b_i) + \eta_i \sum_{i=1}^C \sum_{j=1}^N (1 - u_{ij})^m \quad (2.10)$$

Où η_i est un réel positif déterminant le carré de la distance séparant le centre de la classe i à l'ensemble des points dont le degré d'appartenance à cette classe est égale à 0.5. Il est défini comme suit:

$$\eta_i = k \frac{\sum_{j=1}^N u_{ij}^m d^2(x_i, b_i)}{\sum_{j=1}^N u_{ij}^m} \quad (2.11)$$

Où k est le plus souvent égal à 1.

La même méthode de résolution que celle utilisée pour le FCM donne les degrés d'appartenance u_{ij} et les centres de classes :

$$u_{ij} = \sum_{k=1}^c \left[\left(\frac{d^2(x_j, b_i)}{d^2(x_j, b_k)} \right)^{\frac{2}{m-1}} \right]^{-1} \quad (2.12)$$

$$b_i = \frac{\sum_{k=1}^N u_{ik}^m x_k}{\sum_{k=1}^N u_{ik}^m} \quad (2.13)$$

L'algorithme résultant de l'application itérée de (2.12) et (2.13) constitue l'algorithme de classification possibiliste PCM [32].

Utilisation de l'algorithme PCM

L'utilisation de l'algorithme de classification possibiliste en imagerie médicale d'une manière générale, et pour la caractérisation des tissus cérébraux en particulier est peu fréquente. Schenone et Masulli ont proposé de combiner une approche par réseaux de neurones avec l'algorithme PCM pour segmenter les tissus cérébraux et des entités pathologiques (méningiomes). Dans l'algorithme PCM et initialisé par l'algorithme FCM dans un processus de fusion de données pour segmenter les tissus sains des images IRM. Barra et Boire ont également appliqué le PCM en IRM sur des vecteurs formes x_j où chaque voxel est caractérisée par l'ensemble de ses coefficients d'ondelettes. Dans la coopération entre les algorithmes de classification dans une architecture multi-agents est introduite. Cette dernière est basée sur la coopération entre les deux algorithmes FCM et PCM avec l'ajout de deux types de rejets : le rejet d'ambiguïté qui concerne les individus situés entre les frontières des différentes classes et le rejet d'aberrance concernant les individus dont les similarités par rapport à toutes les classes sont très éloignées. L'approche proposée est testée pour segmenter des images IRM saines et d'autres pathologiques. Les résultats obtenus sont très prometteuses [32].

[C]LaClassification Semi-Supervisée

La classification semi-supervisée est une extension de la classification supervisée. En effet, la classification supervisée est effectuée par un apprentissage avec des données libellées, tandis que ce nouveau type de classification est réalisé non seulement avec des données libellées, mais aussi avec des données non libellées. L'hypothèse est que parmi les n observations $x_i; i=\{1, \dots, n\}$ seul un petit nombre d'entre eux est libellé. L'objectif est le même que pour l'apprentissage supervisé mais en tirant profit des observations non libellées [38].

❖ **Semi-supervisé C-moyenne flou (ssFCM) [14].**

L'algorithme semi-supervisé k-means flou (ssFCM) est une extension de l'algorithme C-Means flou, qui utilise les connaissances a priori disponibles pour guider la segmentation des données non étiquetées. Plus des caractéristiques données plus des distingue entre les classes. La méthode a été discuté pour la première fois par Pedrycz en 1985. Les algorithmes de cette catégorie sont des algorithmes de regroupement (clustering) qui utilisent un nombre fini des données *libellées* pour aider l'algorithme à grouper un nombre fini de données *nonlibellées*.

Présentation de la méthode[01]

- Initialement l'ensemble des données sont de la forme:

$$X = \{X_L | X_T\} = [X_1^l \dots X_n^l | X_1^u \dots X_n^u] \quad (2.14)$$

Où :

X_L sont les données étiquetées.

X_T sont les données non étiquetées.

- Pedrycz propose la notion de semi supervision à chercher de modifier l'algorithme FCM. L'objectif est de minimiser

$$J \leftarrow \sum_{k=1}^c \sum_{j=1}^N u_{kj}^m d^2(x_j, b_k) \quad (2.15)$$

Où :

- $\sum_{i=1}^c u_{ij}^m = 1$ pour $i=1, \dots, n$

- u_{kj}^m représente le degré d'appartenance

- d_{jk} , c'est la distance Euclidienne.

- Pedrycz propose une modification de la fonction objective:

$$J_{m,a}^S = \alpha_1 \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n u_{ik}^m d_{ik}^2 + \alpha_2 \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n (u_{ik} - f_{ik} b_i)^2 d_{ik}^2 \quad (2.16)$$

- La somme de degré d'appartenance doit respecter la contrainte de normalisation.
- Le degré de flou m est fixé en 2
- Si X est supervisé f_{ik} représente le degré d'appartenance fixé par l'expert.
- La formule de $J_{m,a}^S$: Le terme $(u_{ik} - f_{ik} b_i)$ peut-être interpréter comme une

mesure du désaccord entre:

$$\begin{cases} \text{Le degré d'appartenance } u_{ik} \text{ estimée par l'algorithme} \\ \text{Le degré d'appartenance } f_{ik} \text{ proposé par l'expert} \end{cases}$$

- Le vecteur booléen b désigne les points supervisés ($b_i=1$):

$$\begin{cases} 1 & \text{si } x_i \text{ est supervisé} \\ 0 & \text{si non} \end{cases}$$

- Concernant α , Pedrycz propose qu'est proportionnel à la quantité L/N
 $\alpha \propto N/L$ où L est la taille des données libellés.
- La mise à jour de degré d'appartenance est comme suivant:

$$u_{ij} = \sum_{k=1}^c \left[\left(\frac{d^2(x_j, b_i)}{d^2(x_j, b_j)} \right)^{\frac{2}{m-1}} \right]^{-1} + \alpha f_{ik} b_i \quad (2.16)$$

- La forme générale de la fonction objective à minimiser est:

$$J_{m,a}^S = \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n u_{ik}^m d_{ik}^2 + \alpha \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n (u_{ik} - f_{ik} b_i)^m d_{ik}^2 \quad (2.17)$$

- Concernant le choix de α , Les auteurs proposent un terme proportionnel à la quantité $\frac{N}{L}$ [43].

Le nombre de classes doit être fixé et leurs prototypes correspondants. Une bonne classification dépend de l'expérience et la bonne connaissance des données, qu'il n'est pas toujours satisfait [15].

On peut résumer l'algorithme semi-supervisée C-moyenne flou (ssFCM) comme suit :

Algorithme ssFCM

Étape 1 : fixer les paramètres

✓ **Paramètres d'entrées :**

- \mathbf{X} : $\{\mathbf{X}^d | \mathbf{X}^u\}$ ou \mathbf{X}^d sont les données libellées et \mathbf{X}^u sont les données non libellées.
- C : nombre de classes.
- ϵ : seuil représentant l'erreur de convergence (par exemple $\epsilon = 0.001$).
- m : le coefficient of fuzzy, $m \in [1.5, 3]$

Étape 2: initialiser le degré d'appartenance \mathbf{U}_0 , ou $\mathbf{U}_0 \in [0, 1]$.

Étape 3 : mettre à jour la matrice prototype \mathbf{B} par la relation

$$v_{i0} \leftarrow \frac{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m X_k}{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m}$$

$$J^{Ancien} \leftarrow \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n u_{ik}^m d_{ik}^2 + a \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n (u_{ik} - f_{ik} b_k)^m d_{ik}^2$$

Étape 4: mettre à jour la matrice des degrés d'appartenance par la relation

$$u_{ik} = (1 - a) \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^c \left(\frac{d_{ik}}{d_{jk}} \right)^2} \right] + a f_{ik}$$

$$J^{Nouveau} \leftarrow \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n u_{ik}^m d_{ik}^2 + a \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n (u_{ik} - f_{ik} b_k)^m d_{ik}^2$$

Étape 5: répéter les étapes 3 à 4 jusqu'à satisfaction du critère d'arrêt qui s'écrit :

$$\|J^{Ancien} - J^{Nouveau}\| \leq \epsilon.$$

✓ **Les sorties :**

- la matrice d'appartenance \mathbf{U} .
- les centres des classes \mathbf{B} .

❖ **Les travaux réalisés par Semi supervisée C_Means floue (ssFCM).**

Des recherches en biologie faites par Tari et al [31]. Ils ont appliqué l'algorithme ssFCM sur des ensembles de données biologiques, de deux types de levures pour classer les gènes en fonction de leurs fonctions.

En médecine, Soria et al [07] a identifié avec succès les six groupes nouveaux et cliniquement utiles dans le jeu de données du cancer de sein Nottingham Tenvous tout en montrant les trois groupes cliniquement, luminal basal et HER2 [13]. L'algorithme ssFCM est appliquée comme une méthode automatique pour classer l'ensemble de données dérivées par Soria et al. En conservant les principaux groupes cliniques et l'identification idéal des même de six sous-groupes[08] .

2.5 CONCLUSION

Dans cet état de l'art, nous avons présenté un certain nombre de méthodes dédiées à la classification et à la segmentation des structures cérébrales saines ou pathologiques classées selon leurs approches. La diversité des techniques est représentative de la complexité du problème de segmentation d'images IRM cérébrales, Ces difficultés sont liées, d'une part, aux objets traités et d'autre part, au particularisme des images IRM. Et nous avons présenté notre méthode d'application ce qui « C-moyenne flou » et son présentation, avec l'algorithme semi supervisé FCM extrait de la méthode FCM.

CHAPITRE 03
RESULTAT ET DISCUSSION

Résumé

Dans ce chapitre, nous allons présenter l'évaluation de l'algorithme FCM et semi supervisé FCM , et on fait la discussion et la comparaison des résultats de segmentation obtenus.

Sommaire

- 3.1. introduction
- 3.2 définition de logiciel utilisé
- 3.3.Les données utilisé
- 3.4.Description de l'algorithme FCM et ssFCM
- 3.5. Présentation et évaluation des résultats.
- 3.6.Conclusion.

3.1 INTRODUCTION

La segmentation des images consiste à créer une partition de l'image en sous-ensembles homogènes appelés régions. Dans ce dernier chapitre et après l'aperçu théorique des chapitres précédents, nous présentons le côté pratique de notre application. Le but est la présentation d'un système réalisé pour segmenter les images médicales en utilisant l'algorithme semi-supervisée FCM.

3.2 LE LOGICIEL DE PROGRAMMATION MATLAB [45]

3.2.1 Historique

Le langage MATLAB a été conçu par Cleve Moler à la fin des années 1970 à partir des bibliothèques Fortran, LINPACK et EISPACK. Alors professeur de mathématiques à l'université du Nouveau-Mexique, il souhaitait permettre à ses étudiants de pouvoir utiliser ces deux bibliothèques sans connaître le Fortran. Cleve Moler l'utilisa ensuite pour des cours donnés à l'université Stanford où il reçut un accueil mitigé de la part des étudiants en mathématiques (habitués au Fortran). Par contre, les étudiants en technologie, en particulier en traitement du signal, furent beaucoup plus intéressés. Un ingénieur, Jack Little en comprend rapidement les capacités et entreprend avec un collègue, Steve Bangert, de le recoder en langage C. Jack Little, Cleve Moler et Steve Bangert créèrent la société The MathWorks en 1984 afin de commercialiser la version 1.0 de MATLAB.

MATLAB a ensuite évolué, en intégrant par exemple la bibliothèque LAPACK en 2000, en se dotant de nombreuses boîtes à outils (Toolbox) et en incluant les possibilités données par d'autres langages de programmation comme C++ ou Java.

3.2.2 Définition de logiciel

Matlab pour « MATrixLABoratory », est un logiciel qui a été conçu pour fournir un environnement de calcul numérique de haut niveau. Il est particulièrement performant pour le calcul matriciel car sa structure de données interne est basée sur les matrices. Il dispose également de grandes capacités graphiques pour, par exemple, la visualisation d'objets mathématiques complexes. Son fonctionnement repose sur un langage de programmation interprété qui permet un développement très rapide. Pour des applications nécessitant un temps de calcul plus élevé, un langage compilé comme le C++ ou le Fortran, est mieux adapté.

L'interface Matlab se compose d'une fenêtre principale divisée en quatre sous-fenêtres.

1. **En haut à droite**, il y a une fenêtre contenant un onglet : Workspace, Le Workspace permet de gérer les variables utilisées.
2. **En bas à droite**, il y a une fenêtre contenant un onglet : Command History, l'onglet Command History est visible par défaut ; il indique les dernières commandes effectuées.
3. **Ou milieu**, il y a une grande fenêtre : Command Windows. La Command Windows est la fenêtre d'interaction avec Matlab.
4. **En gauche** ; il y a une fenêtre contenant un onglet : CurrentFolder qui contient la hiérarchie de dossiers de Matlab.

Pour la programmation, nous avons adopté Matlab pour les raisons suivantes :

1. La syntaxe de Matlab, est simple et très parlante, elle est facile à assimiler.
2. Matlab possède de nombreuses fonctions prédéfinies utiles en mathématiques que nous allons étudier au cours de ces travaux pratiques.
1. Matlab facilite la manipulation des images médicale format DICOM.
2. Matlab propose des commandes pour créer certaines matrices particulières très simplement.
3. Toutes les fonctions et les opérations relatives aux matrices sont très optimisées et utiliser aussi souvent que possible.
4. En plus des commandes, Matlab permet d'inclure dans des m-files des instructions de programmation classiques.

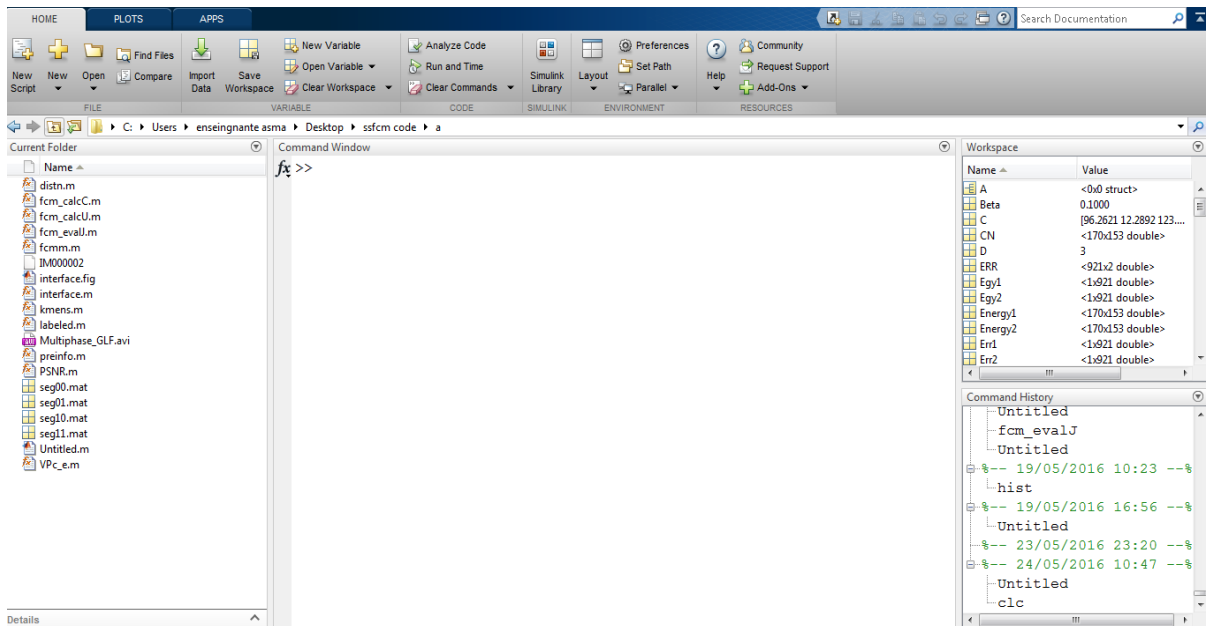


Figure 3.1 L'interface de Matlab

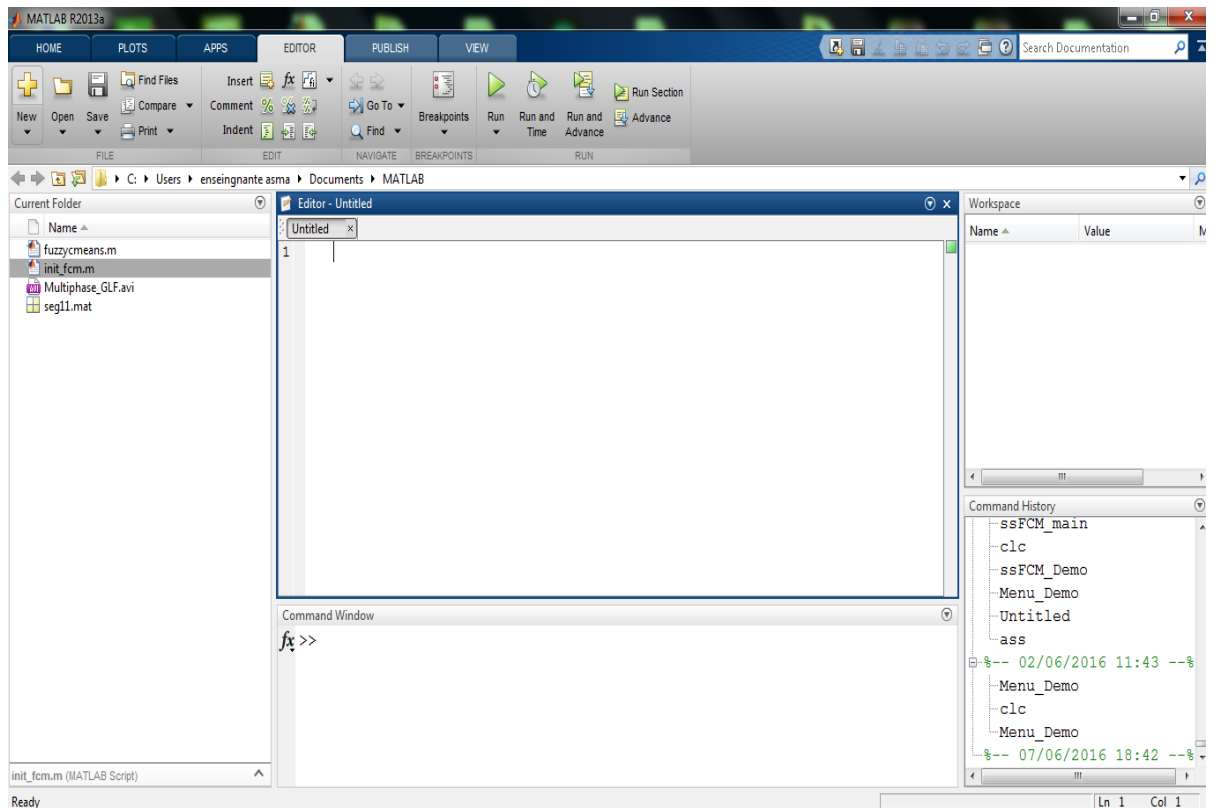


Figure 3.2 L'editeur de Matlab

3.3 PRESENTATION ET EVALUATION DES RESULTATS

3.3.1 Les images utilisées

1. La base de données des images de cerveau

Les images IRM avec laquelle on a travaillé est obtenue de « Centre d'Imagerie Médicale de la Wilaya de Bordj Bouriridj "AKHROUF» et le centre d'imagerie médicale de M'sila CIMM Cette base consiste en un ensemble des images médicales réelles d'examen IRM de trois examens du cerveau :

1. **Cas 01** : examen craneconstitué de huit (08) séquences. Chaque séquence est constitué d'un nombre des coupes soit axiale, sagittale ou coronale selon le cas.

2. Description de cas:

Selon la conclusion donnée de centre d'imagerie, c'est un cas d'atrophie cortico sous corticale qui subit les gens âgés. Elle est définit par la diminution de la taille de structure située sous le cortex cérébrale, la diminution des sillons corticale. Cest un symptome de la maladie de Alzheimer.

Chaque examen est composé d'un ensemble de séquences de modalités, chaque séquence constitue de l'ensemble des images, Le nombre de séquence se différencie selon l'examen. Le format de chaque image est le format DICOM (Digital Imaging and Communication in Médecine). Un fichier DICOM est constitué de plusieurs données différentes (images, données diverses sur le patient, sur l'examen médical, etc. et les services associés).L'organisation de l'information contenue dans les fichiers DICOM a été inspirée par la sauvegarde des données sur des bandes magnétiques. L'information est organisée sous une forme séquentielle. C'est à dire : chaque donnée elle-même, un identifiant pour chacune de ces données et leur taille (en octets) qu'elles occupent sur le fichier.

Chaque image DICOM utilisé possède les détails suivants :

File Size: 137122

Format: 'DICOM'

Format Version: 3

Width: 256

Height: 256

BitDepth: 16

ColorType: 'grayscale'

FileMetaInformationVersion: [2x1 uint8]

SpecificCharacterSet: 'ISO_IR 100'

Modality: 'MR'

Manufacturer: 'GE MEDICAL SYSTEMS'

InstitutionName: 'CIM AKHROUF'

ReferringPhysicianName: [1x1 struct]

SeriesDescription: 'Ax T2 FLAIR PROPELLER'

InstanceNumber: 11

3.3.2 La Segmentation

Dans cette étape nous avons présentés deux segmentations : segmentation non supervisé par la méthode C_moyenne flou (FCM) et la segmentation semi supervisé par la méthode ssFCM.

a. Segmentation par C-moyenne floue FCM

L'algorithme des c-moyennes floues ou fuzzy c-means (FCM) repose sur la recherche des valeurs prises par les centroïdes des classes et par les degrés d'appartenance des voxels à ces classes, qui en respectant les contraintes, minimisent la fonction objectif suivante :

$$J \leftarrow \sum_{k=1}^c \sum_{j=1}^N u_{kj}^m d^2(x_j, b_k)$$

Avec:

- $\sum_{i=1}^C u_{ij}^m = 1$ pour $i=1 \dots n$

- u_{kj}^m représente le degré d'appartenance

- d_{jk} , c'est la distance Euclidienne.

- b_k sont les centres de classe.

- m : un réel >1 appelé degré de flou. Plus m tend vers 1, plus la classification devient dure et u_{jk} se rapproche de 0 ou de 1. Inversement quand m devient trop grand il y a moins de tolérance au bruit, et la distribution des degrés d'appartenance tend à se concentrer autour de $1/c$. Les degrés d'appartenance u_{ik} et le centroïdes b_{ik} s'expriment comme suit :

$$b = \frac{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m \cdot x_k}{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m}$$

$$u_{ij} = \left[\sum_{k=1}^c \left(\frac{d^2(x_j, b_i)}{d^2(x_j, b_k)} \right)^{\frac{2}{m-1}} \right]^{-1}$$

➤ L'algorithme

Etape 1 :fixer les paramètres.

Les entrées :

- $X = (x_j, j = 1..N)$ l'ensemble des vecteurs forme.
- C : nombre de classes.
- ε : seuil représentant l'erreur de convergence (par exemple $\varepsilon = 0.001$).
- m : Degré de flou, $m \in [1.5, 3]$.

Etape2 :initialiser la matrice degrés d'appartenance U par valeur aléatoire dans l'intervalle [0,1].

Etape 3 :mettre à jour la matrice prototype B par la relation.

$$b_i = \frac{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m \cdot x_k}{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m}$$

$$J^{Ancien} \leftarrow \sum_{i=1}^c \sum_{j=1}^N u_{ij}^m d^2(x_j, b_i)$$

Etape 4 :mettre à jour la matrice des degrés d'appartenance par la relation

$$u_{ij} \leftarrow \left[\sum_{k=1}^c \left(\frac{d^2(x_j, b_i)}{d^2(x_j, b_k)} \right)^{\frac{2}{m-1}} \right]^{-1}$$

$$J^{Nouveau} \leftarrow \sum_{i=1}^c \sum_{j=1}^N u_{ij}^m d^2(x_j, b_i)$$

Etape 5 :répéter les étapes 3 à 4 jusqu'à satisfaction du critère d'arrêt qui s'écrit :

$$\|J^{Ancien} - J^{Nouveau}\| \leq \varepsilon$$

Les sorties :

- la matrice d'appartenance U.
- les centres des classes B.

b. Segmentation par semi supervisée FCM (ssFCM)

L' algorithme semi supervisée C-moyenne floue (ssFCM) est une extension de l'algorithme FCM. La fonction objective de FCM est prolongée pour inclure les données d'apprentissage supervise. L'algorithme est représenté comme suit:

$$J^{Ancien} \leftarrow \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n u_{ik}^m d_{ik}^2 + a \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n (u_{ik} - f_{ik} b_k)^m d_{ik}^2$$

Avec:

- $\sum_{i=1}^c u_{ij}^m = 1$ pour $i=1 \dots n$

- u_{kj}^m représente le degré d'appartenance

- d_{jk} , c'est la distance Euclidienne.

- b_k sont les centres de classe.

- m : un réel >1 appelé degré de flou. Plus m tend vers 1, plus la classification devient dure et u_{jk} se rapproche de 0 ou de 1.

- α

- f_{ik} , c'est le degré d'appartenance des données étiquetées.

- b_k , c'est un vecteur booléen, $b=1$ si les données sont étiquetées et $b=0$ si non.

L'algorithme emploie les données étiquetées comme une information préalable pour classifier les données non étiquetées. L'algorithme implique de calculer itérativement les centres des classes et la matrice d'appartenance pour réduire au minimum la fonction objective jusqu'à un critère d'arrêt soit satisfaisant. L'algorithme se représente comme suit:

Etape 1 : fixer les paramètres

Les entrées :

- $X : \{X^d | X^u\}$ where X^d are labeled data and X^u are unlabeled data.
- C : Number of clusters.
- ε : seuil représentant l'erreur de convergence (par exemple $\varepsilon = 0.001$).
- m : Le degré de flou, $m = 2$.

Etape 2 : initialiser la matrice des degrés d'appartenance U par valeur aléatoire dans l'intervalle $[0,1]$.

Etape 3 : mettre à jour la matrice prototype B par la relation.

$$v_{i0} \leftarrow \frac{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m * X_k}{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m}$$

$$J^{Ancien} \leftarrow \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n u_{ik}^m d_{ik}^2 + a \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n (u_{ik} - f_{ik} b_k)^m d_{ik}^2$$

Etape 4 : mettre à jour la matrice des degrés d'appartenance par la relation

$$u_{ik} = (1 - a) \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^c \left(\frac{d_{ik}}{d_{jk}} \right)^2} \right] + a f_{ik}$$

$$J^{Nouveau} \leftarrow \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n u_{ik}^m d_{ik}^2 + a \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n (u_{ik} - f_{ik} b_k)^m d_{ik}^2$$

Etape 5 : répéter les étapes 3 à 4 jusqu'à satisfaction du critère d'arrêt qui s'écrit :

$$\|J^{Ancien} - J^{Nouveau}\| \leq \varepsilon$$

Les sorties :

- la matrice d'appartenance U.
- les centres des classes B.

❖ **Les données étiquetées:**

Les données étiquetées sont manipulées par un expert sur des coupes choisies de l'ensemble des données des images médicales utilisées à ce travail.

3.3.3 Evaluation

L'évaluation est décomposé en deux critères ; les critères d'évaluation visuelle qui consiste sur la vision humaine et des critères d'évaluation statique.

1. L'évaluation visuelle.

L'analyse visuelle est nécessaire pour vérifier la qualité des images obtenues par les méthodes de segmentation (FCM et ssFCM).

2. Critère d'évaluation statique

Plusieurs paramètres statistiques sont utilisés pour l'analyse quantitative. Pour notre étude nous utilisons les paramètres suivants : Le coefficient de la Partition V_{pc} [22] et l'entropie de la partition V_{pe} [23].

Les fonctions de validation des classes obtenues du partitionnement flou sont souvent utilisées pour évaluer les performances des différentes méthodes de classification. Elles sont finis comme suit:

$$V_{pc} = \frac{1}{n} \left(\sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c u_{ik}^2 \right)$$

$$V_{pe}(U) = -\frac{1}{n} \left(\sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c \log u_{ik} \right)$$

L'idée est que la partition avec moins de flou signifie de meilleures performances. En conséquence, on atteint une bonne segmentation lorsque la valeur V_{pc} est maximale et la valeur de V_{pe} est minimale.

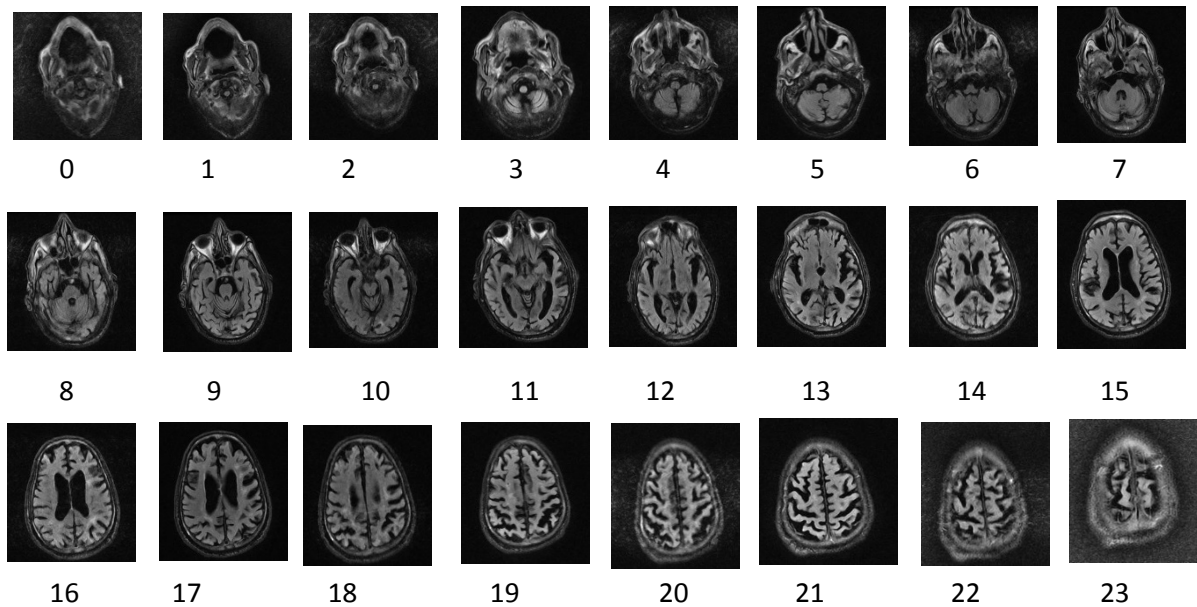
3.3.4 Résultats et discussion

Dans cette étape nous avons présenté les tests effectués pour évaluer la performance de la segmentation. Pour l'évaluation de la segmentation obtenue par la méthode FCM et ssFCM nous avons utilisé les deux critères de validités V_{pc} et V_{pe} , avec l'affichage des images résultants de la segmentation par FCM et ssFCM en comparants les régions d'intérêt (MB, MG, LCR) dans les deux cas.

a. Résultats de segmentation

Les exemples d'images IRM présentes dans ce mémoire sont extraits sur des coupes axiales des modalités (T1, T2).

Nous avons sélectionné une séquence en pondération T2 pour présenter les résultats, puis nous avons répété même travail avec les coupes 13 des deux modalités (T1, T2).



Séquence de modalité T2 **Figure 3.3:**

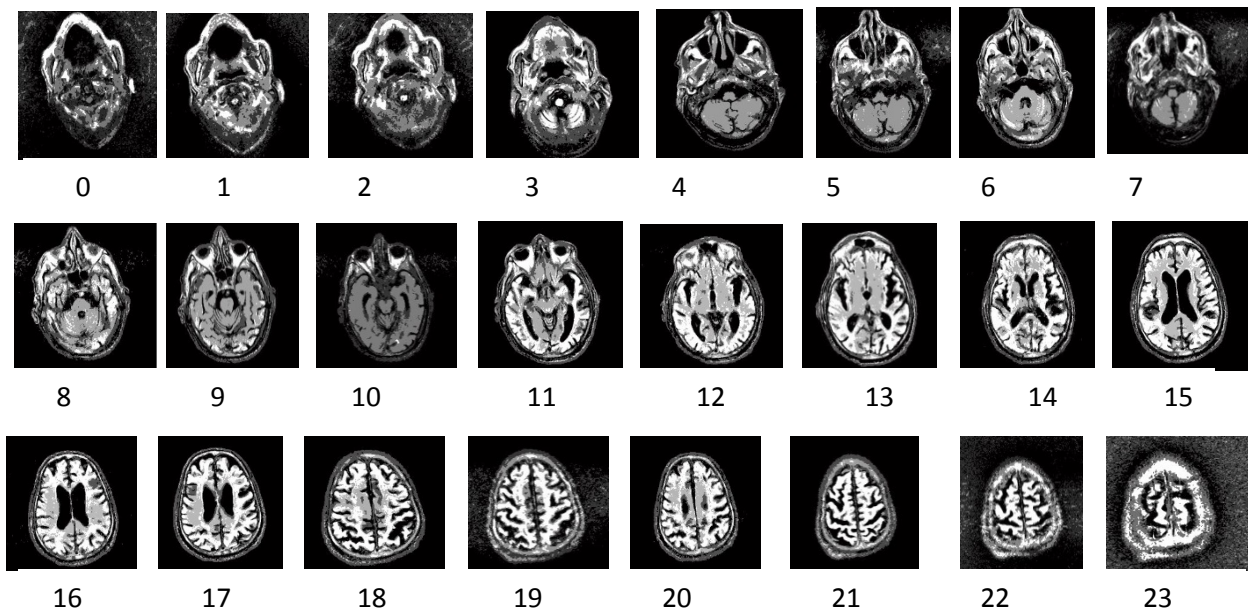


Figure 3.4 : Résultat de segmentation par FCM modalité T2 K=4

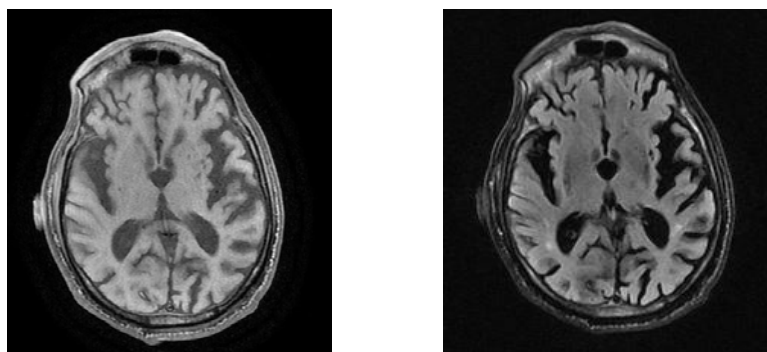


Figure 3.5 : Image pondération T1 gauche et T2 à droite de coupe 13

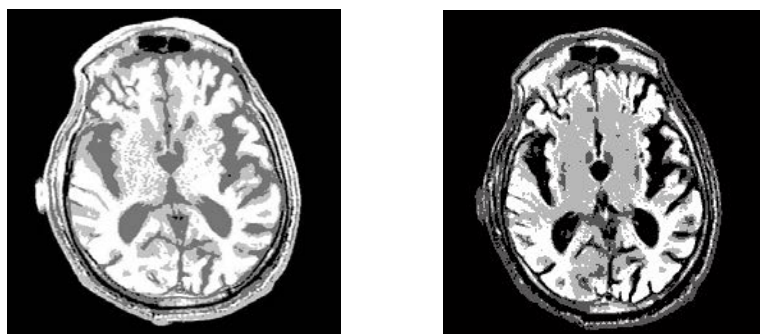


Figure 3.6 : résultats de segmentation des coupe 13 de deux modalités par FCM K=4

La table numéro 3.1 suivante présente les valeurs obtenues de deux critères (V_{pc} , V_{pe}) pour la segmentation de deux coupes 13 et 14 de deux modalités T1 et T2.

	Fonction objective	V_{pe}	V_{pc}
pondération T1			
IM13	6,4416 e+06	0,2809	0,9
IM14	6,4915e+06	0,2602	0,9089
Pondération T2			
IM13	1,1710 e+06	0,3456	0,8787
IM14	1,0548e+06	0,307	0,8925

tableau 3.1 : résultats des critères V_{pc} et V_{pe} et la fonction objective pour la segmentation FCM

Nous avons sélectionné pour la segmentation ssFCM les coupes 12, 13, 14 et 15, selon la coupe de l' image étiquetées à utiliser dans la segmentation

1. Pondération T1

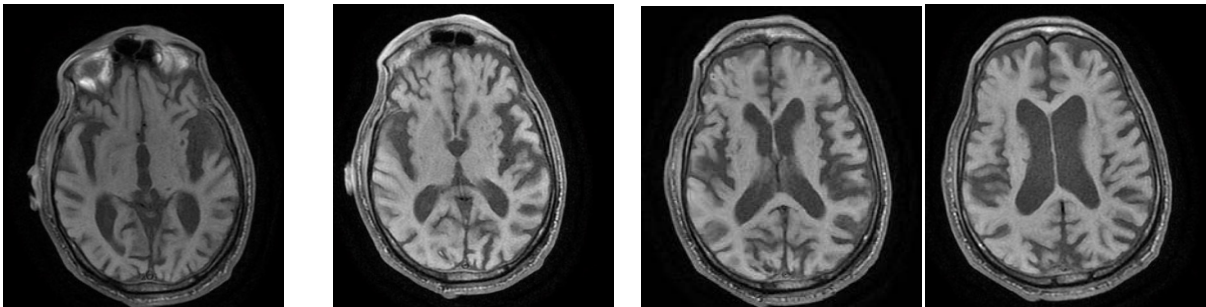


Figure 3.7 : coupes 12,13,14,15 pondération T1

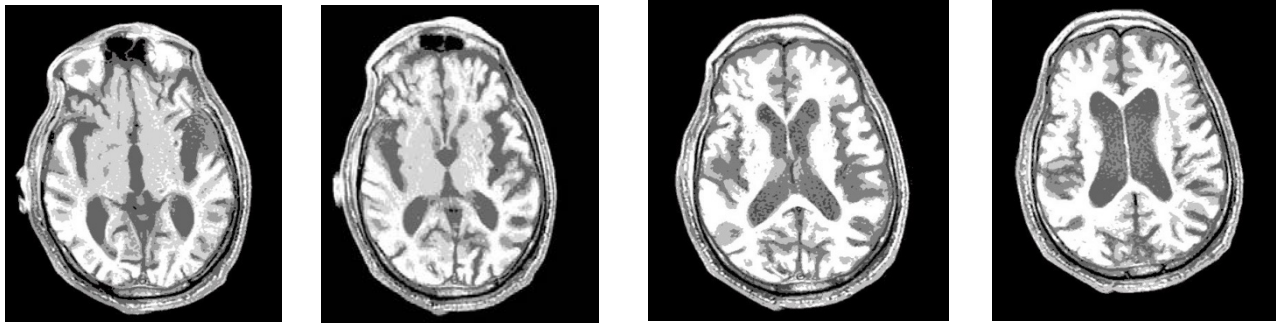


Figure 3.8 : résultats de segmentation par ssFCM pondération T1 K=3

Les résultats des critères obtenus sont présentés dans le tableau suivant:

Images	Fonction objective	Vpe	Vpc
IM12	4.6275e+06	0.0420	1.6367
IM13	4.5227e+06	0.1016	1.5446
IM14	4.6533e+06	0.0390	1.6390
IM15	4.4591e+06	0.0277	1.6455

tableau 3.2 : résultats des critères VpcVpe et la fonction objective pour modalité T1

2. Pondération T2

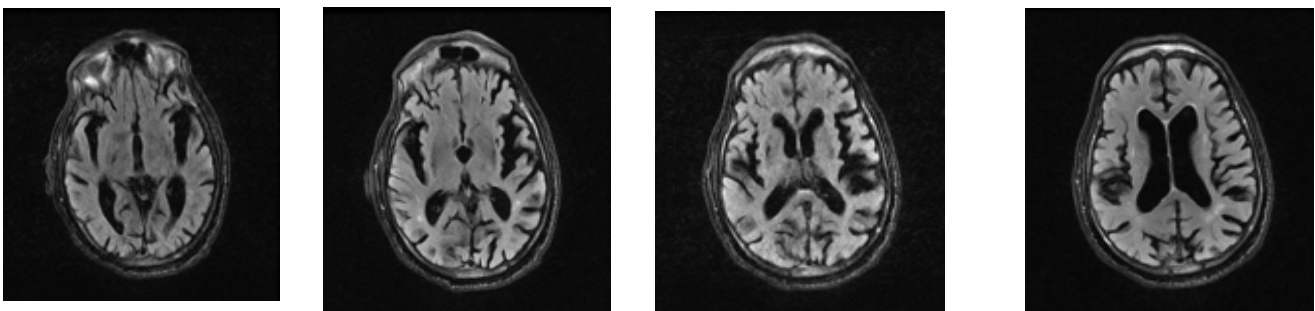


Figure 3.9 : coupes 12,13, 14, 15 pondération T2

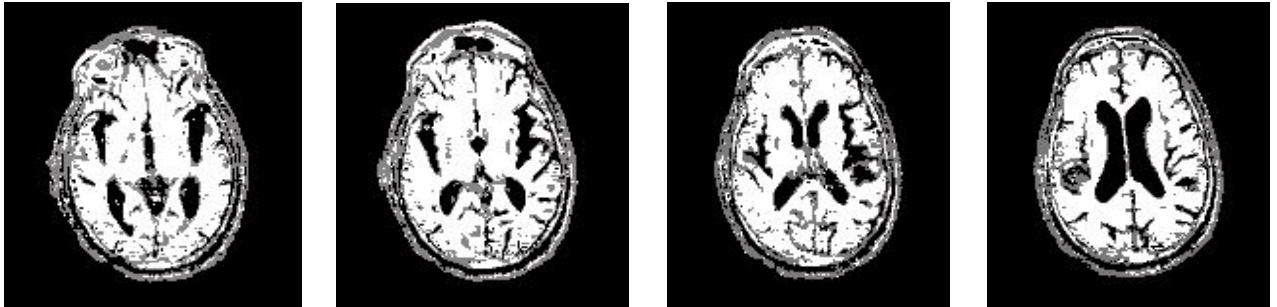


Figure 3.10 : résultats de segmentation pondération T2 K=3

Le tableau suivant représente les résultats des critères et les valeurs de la fonction objective pour les quatre coupes segmentés par ssFCM:

	Fonction objective	Vpe	Vpc
IM12	2.5950e+06	0.0944	1.6077
IM13	2.6497e+06	0.0973	1.6079
IM14	2.5483e+06	0.0766	1.6197
IM15	2.5287e+06	0.0835	1.6119

tableau 3.3 : résultats des critères VpcVpe et la fonction objective pour modalité T2

b. Discussion et comparaison des résultats

A partir des figures et les tableaux précédentes on peut constater que :

1. Dans le cas étudié; les valeurs de coefficient de partition Vpc (tableau 3.1)et les valeurs d'entropie de partition Vpe obtenus par la segmentation FCM de Pondération T1 sont mieux que T2.
2. Les valeurs de coefficient de partition est Vpc est maximale et les valeurs d'entropie de partition Vpe est minimale pour la segmentation ssFCM, ce qui signifie que une bonne segmentation est atteint.
3. Les valeurs des critères obtenus et de fonction objective par la segmentation ssFCM de pondération T2 sont mieux que les valeurs de segmentation de pondération T1.La

comparaison des résultats données par FCM et ssFCM montre l'efficacité de la semi supervisée FCM, pour cette examen pour la pondération T2.

4. L'utilisation des données étiquetées a amélioré les résultats de segmentation en terme de critères et de l'observation visuel (figure 3.8, 3.10 et tableau 3.2 et 3.3).
5. Par la comparaison des résultats des deux méthodes, les résultats obtenus par ssFCM sont mieux que les résultats donnés par FCM. C'est à dire que dans le cas étudié la méthode ssFCM est plus précise que FCM.

3.5 Conclusion

D'après les résultats obtenus, on constate que la méthode semi supervisée FCM (ssFCM) peut manager la segmentation des tissus cérébraux de bonne manière. Ça dépend de la coupe choisi pour l'image étiquetée, les modalités utilisés au segmentation, et les paramètres à fixer pour la méthode utilisée.

Conclusion générale

Dans ce mémoire, nous avons abordé le problème de segmentations d'images. Plus précisément, nous nous sommes focalisés à la segmentation d'images par classification, précisément de la méthode de segmentation FCM et l'approche de classification semi supervisé.

Nos système a été pour objectif d'évaluer une méthode de segmentation semi supervisé et l'appliquer sur les images médicales.

On a tout d'abord présentés l'anatomie cérébrale et la technique d'imagerie par résonance magnétique, ainsi que les principes importants de la formation de l'image. Une étude bibliographique a été faite sur les méthodes de segmentation d'images, nous a permis d'appréhender la diversité des méthodes de segmentation des tissus cérébraux.

On a implémenté et appliquer la méthode « C_moyenne floue » et la méthode, et on a employé cette dernière à l'implémentation de la méthode «semi supervisée C-Moyenne floue », en utilisant les données étiquetées nécessaires pour le démarche de procédure de segmentation.

Les résultats obtenus sur des images IRM en vue d'une segmentation des tissus du cerveau en classes à savoir (MB, MG, LCR), montrent que l'algorithme des Fuzzy C_Means est une l'algorithme de référence des méthodes de classification floue de pixels. Ainsi que l'application de l'algorithme semi supervisée FCM qui consiste de la combinaison de FCM avec des données d'apprentissage supervisé caractérisant les images à segmenter, donne des résultats proches à la réalité (exemple de cas d'existence de pathologie), mais les résultats ne sont pas toujours excellents avec toutes les images, et la qualité d'image résultante dépend à la fois de données étiquètes et des données non étiquetées. Plus que les données étiquetées sont bien construites plus que la segmentation est mieux.

Ce travail peut être enrichir, par l'application des autres méthodes semi supervisées, et l'amélioration de la qualité des données d'apprentissage, en cherchant des méthodes pour déterminer les données étiquetées.

Bibliographies

- [01]:A. Moussaoui, K. Benmahammed1, N. Ferahta1 and V. Chen, A New MR BrainImage Segmentation Using an Optimal Semisupervised Fuzzy C-means and pdf Estimation,2008.
- [02]:Anne-Sophie Cappelle, Segmentation d'image IRM multi-échos tridimensionnelles pour la détection des tumeurs cérébrales par la théories de l'évidence, thèse doctorat, université de Poitiers.
- [03]:Ariane HERBULOT, Mesuresstatistiques non-paramétriques pour la segmentation d'images et de vidéos et minimisation par contours actifs, Université de Nice.
- [04]:Benoit Calraidou, Contribution à la segmentation des structures cérébrales en IRM fœtale. Thèse pour obtenir le grade de : thèse doctorat , université de Strasbourg, le 22 juin 2012.
- [05]:BoussediRymSabrine, Kenadil Meryem, « Segmentation des tumeurs cérébrales par la ligne de partage des eaux sur des images IRM », mémoire Master, 2010-2011.
- [06]:Comprendre le cerveau par l'image. RMN, Magnétisme et santé, CLEFS CEA - N° 56 - HIVER 2007-2008.
- [07]:D.Soria et al, "a methodology to identify consensus classes from clustering algorithms applied to immunohistochemical data from breast cancer patients" in computers in biology and medicine, vol.40,no.3.
- [08]:Daphne TeckChing Lai and Jonathan M. Garibaldi, A Preliminary Study on Automatic Breast Cncer Data Classification using Semi-Supervised Fuzzy C-Means, Université de Nottingham.
- [09]:GALIO Claire, GOMBERT Florence, GALIO Claire, GOMBERT Florence,université de technologie Compiegne).
- [10]:Germond Laurence, These troispincipes de coopération pour la segmentation en imagerie de réésenance magnétique cérébrale, université joseph fourrier.
- [11]:H. Chellakh, A. Moussaoui, La segmentation des IRM cérébralespathologiques par unecombinaisonFlouePossibilisteMarkovienne, UniversitéFarhet Abbas de Sétif.
- [12]:Hadjer LAGUEL, Déploiementsur une plateforme de visualisation, d'un algorithme coopératif pour la segmentation d'images IRM basé sur les systèmes multi-agents, Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene.

Bibliographies

[13]:HalaHelmi, Daphne TeckChing Lai, Jonathan M.Garibaldi, "Semi-Supervised Techniques in Breast Cancer Classification" a comparison between transductive SVM and Semi-Supervised FCM, School of computer science University of Nottingham.

Hans. Jurgen

[14]: Hans-Jurgen Zimmermann, "Practical applications of fuzzy technologies", Handbooks of fuzzy sets, series 6, Editor Boston, Ma: Springer US, 1999.

[15]:Hong Liu,Shang-Teng Huang, Evolutionary semi-supervised fuzzy clustering, Shanghai Jiaotong University, Room 2008.

[16]:http://acces.ensyon.fr/acces/ressources/neurosciences/methodes_etude_cerveau/irm_atomique_et_fonctionnel/irm_generalites/generalites-sur-irm, consulté le 15-05-2016.

[17]:<http://arc-cancer.net> ,consulté le 15-05-2016.

[18]:http://fr.wikipedia.org/wiki/Imagerie_par_résonance_magnétique , consulté le 15-05-2016.

[19]:<http://www.cnrs.fr/imagerie-biomedicale>, consulté le 24/05/2016.

[20]:http://www.tumeur_tronc_cerebral.com/traitements__8_biopsie_.html, consulté le 16-05-2016.

[21]:J. Bustillo, L. Rowland ET W. Brooks: « High choline concentrations in the caudate nucleus in antipsychotic-naive patients with schizophrenia ». American Journal of Psychiatry, 2002.

[22]:J. C. Bezdek, "Cluster validity with fuzzy sets". Cybernetics and systems,1973.

[23]:J. C. Bezdek, "Mathematical models for systematic and taxonomy", eight international Conference on Numerical Taxonomy, San Francisco, 1975.

[24]:J.C. Muller, L. Abdennour, D. Dormont, L. PuybassetUnité de neuro-anesthésie-réanimation, département d'anesthésie-réanimation et département de neuroradiologie, hôpital de la Pitié-Salpêtrière, 75013 Paris, France e-mail : louis.puybasset@psl.ap-hop-paris.fr

[25]:J.-P.Cocquerez et S.Philipp , « Analyse d'images : filtrage et segmentation ouvrage collectif coordonné » ; MASSON Éditeur, juin 2000.

[26]:J.-Y. Yeh et J. Fu: « A hierarchical genetic algorithm for segmentation of multi-spectral human-brain MRI ». Expert Systems with Applications, 34:12851295, 2008.

[27]:Jean-François Lerallut, UTCJoaquínAzpirozLeehan, UAMVeronica Medina, UAM, Segmentation d'images, Lerallut, Medina, Azpiroz 1999 UTC-UAM.

Bibliographies

- [28]:Jérémy LECOEUR « Segmentation d'IRM cérébrales multidimensionnelles par coupe de graphe », thèse doctorat, UNIVERSITÉ DE RENNES 1,2010.
- [29]:K.MOKRANI, segmentation d'image par classifieurs non supervisé: application à l'imagerie par résonance magnétique (IRM), thème magistère, université de Bejaya,27-05-2008.
- [30]:L. Aurdal. « Analysis of multi-image magnetic resonance acquisitions for segmentation and quantification of cerebral pathologies », thèse doctorat, École Nationale des Télécommunications, 1997.
- [31]:L. Tari, C. Baral, and S. Kim, "Fuzzy c-means clustering with prior biological knowledge," *Journal of Biomedical Informatics*, vol. 42, no. 1.
- [32]:LAMICHE Chaabane, fusion et fouille de données par les connaissances: application à l'analyse d'image.
- [33]:Loïc Willmann, « Étude de l'évolution des tumeurs cérébrales en IRM », cahiers d'IRM, Masson 1989.
- [34]:M. Fontaine, Segmentation non supervisée d'image couleur par analyse de la connectivité des pixels. Thèse de doctorat, université de Lille 1, 2001.
- [35]:M. Lehamel, Segmentation d'images texturées à partir des attributs fractals, *Mémoire de Magister*, Université de Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou, Algérie, 2007.
- [36]: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 15291, 1995.
- [37]:M.Cabezas, A.Oliver, X. Liado, J.Freixenet, M.Bachcuadra, A review of atlas-based segmentation for magnetic resonance brain images.
- [38]:Nawel ZEMMAL, Nabihah AZIZI, Mokhtar SELLAMI et MECHATI Abdellah, Une approche semi-supervisée pour la classification des images mammographiques, Laboratoire de gestion électronique des documents, université badji Mokhtar, Bp n 12.
- [39]:Nicolas Wiest- Daesslé, « imagerie du tenseur de diffusion pour l'étude de pathologies cérébrales ». Thèse doctorat, l'Université de Rennes 1, 2009.
- [40]:Pierre-Jean Nacher, Magnetic Resonance Imaging: From Spin Physics to Medical Diagnosis, Quantum Scape, 1-35 2008 Birkhäuser Verlag Basel, 2007.
- [41]:S. L. Horowitz and S. Pavlidis. Picture segmentation by a direct split and merge procedure. In 2nd Int. Joint conf. on Pattern Recognition, 1974.

Bibliographies

- [42]: Vincent BARRA, Fusion d'Images 3D du Cerveau : Etude de Modèles et Applications, l'Université d'Auvergne Spécialité : Informatique et Traitement d'Images.
- [43]: W. Pedrycz. and J. Waletzky, "Fuzzy clustering with partial supervision", IEEE Transaction on Systems, Man and Cybernetics, Part B: Cybernetics, vol. 27, no.5, pp. 787-795, 1997.
- [44]: Wigner, W. & SZEKELY, B., A review on image segmentation Techniques with remount Summing perspective .ISPRS TC VII Symposium, Vienna, Austria, Vol. XXXVIII, Part 7A, 2010.
- [45]: Wikipédia, <https://fr.wikipedia.org/wiki/MATLAB> , consulté le 24/05/2016.
- [46]: www.cea.fr 2003, direction de la communication bâtiments siège 91191 Gif.
- [47]: www.sfrnet.org: Société française de radiologie, site consulté le 24 Mai 2016.
- [48]: ZAHRA YAHIAOUI, Etude et implémentation de l'algorithme c moyenne floue et ses variants, mémoire master, université de M'sila.

ملخص

تهدف تجزئة صور الدماغ للرنين المغناطيسي لتحديد مختلف الأنسجة و الهياكل التشريحية، خاصة في المجال الطبي (تخطيط عمليات الجراحة العصبية، تتبع تطور حجم الهياكل...) من علم الأعصاب (التحديد الكمي لتقلب التباين بين الأفراد، إسقاط بيانات الرنين المغناطيسي الوظيفي). نهدف في هذا الموضوع الى الحصول على صور دماغ أكثر دقة و ذلك بتوظيف معلومات قبلية حول الصور المراد تجزئتها و توظيفها في تطبيق خوارزمية C-moyenne flou (FCM)semi-supervisé.

كلمات مفتاحية : تجزئة الصور، التصوير الطبي بالرنين المغناطيسي ، خوارزمية semi supervised FCM.

Abstract

Segmentation of brain image of anatomic IRM is designed to locate different tissues and anatomical structures that make up the brain. It is at the heart of many applications, both in the clinical area (planning neurosurgical operations, monitoring the evolution of the volume of structures ...) and neuroscience (quantification of inter individual variability, support for the projection data fMRI ...). In this work we presented an approach of segmentation which makes possible to give with exactitude different structures in brain image, by using preliminary information about the image to be segmented and apply it in application of semi-supervised Fuzzy C-Means algorithm (ssFCM).

Key words: image segmentation, medical imagery IRM, semi-Supervised FCM.

Résumé

la segmentation des images IRM cérébrales anatomiques vise à localiser les différents tissus et structures anatomiques qui composent cerveau. Elle est au cœur de nombreuses applications, tant dans le domaine clinique (planification d'opérations neurochirurgicales, suivi de l'évolution du volume des structures , ...) que des neurosciences (quantification de la variabilité interindividuelle, support pour la projection des données IRMf). Dans ce travail nous représentons une approche de segmentation qui permet de donner avec exactitude les différents structures de cerveau , en utilisant des informations préalable aux images à segmenter et l'employerà appliquer la méthode semi-supervisé C-moyenne flou (ssFCM).

Mot clé: Segmentation des images, imagerie médicale IRM, semi-supervisé FCM