



N° d'ordre

.....

UNIVERSITE DE 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: MERZOUG Salah

SUJET

**Segmentation floue d'images IRM base sur
d'optimisation par Essaim Particulaire OEP (PSO)**

Soutenu publiquement le : 31 / 05 /2016 devant le jury composé de :

Dr. ASSAS Ouarda

.....
.....

Université de M'sila

Université de M'sila

Université de M'sila

Rapporteur

Président

Examineur

Promotion : 2015 /20 16

Table des matières

INTRODUCTION GENERALE.....	1
----------------------------	---

Chapitre 01 : Contexte médical

1. Introduction.....	3
2. Description macroscopique et microscopique du cerveau	3
2.1 Description macroscopique	3
2.2 Description microscopique	4
3. Les tissus du cerveau	4
3.1 La substance grise.....	4
3.2 La substance blanche	4
3.3 Les méninges	5
3.4 Le liquide céphalo-rachidien	5
4. Lésions cérébrales	5
4.1 Développement des tumeurs cérébrales.....	6
4.2 Tumeur cérébrale primaire et tumeur cérébrale métastatique ou secondaire	6
4.3 Tumeurs cérébrales bénignes et tumeurs cérébrales malignes	7
4.3.1 Les tumeurs cérébrales bénignes.....	7
4.3.2 Les tumeurs cérébrales malignes.....	7
4.4 Signes et symptômes associés à la présence de tumeurs cérébrales.....	7
4.5 Types de tumeurs cérébrales	7
5. Le diagnostic des tumeurs cérébrales.....	8
5.1 Examen clinique	8
5.2 Examens complémentaires	8
5.3 La biopsie cérébrale	8
5.4 Imagerie médicale.....	8
5.4.1 Imagerie par résonance magnétique (IRM)	9
6. Segmentation d'images de RMN cérébrales : segmentation en matières ou en structures	14
7. Conclusion	14

Chapitre 02 : Segmentation d'images IRM

1. Introduction.....	17
2. Définition de la segmentation	17

3.	Méthodes de segmentation d'images	17
3.1.	Les méthodes de segmentation basées sur l'approche contour	18
3.1.1.	Les méthodes dérivatives et les techniques de filtrage.....	18
3.1.2.	Les méthodes de segmentation par approche morphologique	20
3.1.3.	Les méthodes de segmentation par approche de modèles déformables	20
3.2.	Les méthodes de segmentation par approche région	20
3.2.1.	Les méthodes de segmentation par seuillage	21
3.2.2.	Les méthodes de segmentation par la classification.....	21
3.2.3.	Les méthodes de segmentation par partitionnement	22
3.2.4.	Les méthodes de segmentation par classification floue	22
3.2.5.	Les méthodes de segmentation par croissance de régions	23
3.2.6.	Les méthodes de segmentation statistiques	24
3.3.	La segmentation par approche mixte.....	24
4.	La segmentation de l'IRM cérébrale.....	25
4.1.	Spécificités de la segmentation de l'IRM cérébrale	26
4.1.1.	Information d'intensité insuffisante	26
4.1.2.	Erreurs/artefacts d'acquisition.....	26
4.1.3.	Volume partiel.....	26
5.	Méthode de Fuzzy C-means (FCM) standard.....	27
5.1.	Introduction	27
5.2.	Description de Fuzzy C-means.....	27
5.3.	Principe de Fuzzy C-means	27
5.4.	Défuzzification	29
5.5.	Inconvénients de l'algorithme FCM.....	30
6.	Quelques travaux sur la segmentation d'images IRM.....	30
7.	Conclusion	31

Chapitre 03 : Méta-heuristique

1.	Introduction.....	33
2.	Méta-heuristiques.....	33
3.	Les approches d'optimisation méta-heuristiques.....	34
3.1.	Les méta-heuristiques à solution unique.	35
3.1.1.	La méthode de descente	35

3.1.2.	Recuit simulé.....	35
3.1.3.	La méthode Tabou.....	35
3.2.	Les méta-heuristiques à solution multiple ou population de solution.	36
3.2.1.	Les algorithmes génétiques	36
3.2.2.	Les algorithmes par colonies de fourmis.....	37
3.2.3.	L'optimisation par essaim particulaire	37
3.2.4.	Algorithmes de l'évolution différentielle (differential evolution)	37
4.	Propriétés	38
5.	L'algorithme d'optimisation par Essaim Particulaire	39
5.1.	Un peu d'histoire	39
5.2.	Définition.....	39
5.3.	Principe.....	39
5.3.1.	Modèle de Kennedy et Eberhart (1995)	40
5.4.	Notion de voisinage	41
5.5.	l'algorithme d'OEP [28],[29]	42
5.6.	Fonction fitness.....	43
5.7.	Paramètres de l'algorithme [28]	45
5.7.1.	Vitesse maximale [28], [29]	45
5.7.2.	Facteur d'inertie : [28].....	45
5.8.	Les avantages et Les inconvénients de l'OEP	46
5.8.1.	Les avantages	46
5.8.2.	Les inconvénients	46
6.	Les Algorithmes génétiques.....	46
6.1.	Introduction	46
6.2.	Les concepts importants des algorithmes génétiques.	47
6.2.1.	Définition.....	47
6.2.2.	Population.....	48
6.2.3.	Chromosome (ou individu)	48
6.2.4.	Codage des chromosomes	48
6.2.5.	Fonction d'adaptation (Fitness d'une séquence).....	50
6.3.	Principes	50
6.3.1.	Sélection	52
6.3.2.	Croisement	53
6.3.3.	Mutation	54

6.4.	Fonctionnement de l’algorithme génétique	55
6.4.1.	Algorithme général.....	55
6.5.	Domaines d’application des algorithmes génétiques.....	57
6.6.	Les avantages des algorithmes génétiques	57
7.	Algorithme évolution différentielle (Differential Evolution DE).....	57
7.1.	Introduction	57
7.2.	Définition.....	57
7.3.	Principe.....	58
7.3.1.	Opérateur mutation	58
7.3.3.	Opérateur sélection.....	60
7.4.	Domaines d’application.....	60
7.5.	Les avantages de algorithme DE	61
8.	Conclusion	61

Chapitre 04 : Tests et résultats

1.	Introduction.....	63
2.	Système de travail	63
3.	Présentation et implémentation du système segmentation d’image IRM.....	65
3.1.	Acquisition.....	65
3.1.1.	Format DICOM	65
3.2.	Segmentation	68
3.2.1.	Méthode de C-moyennes FCM Standard	68
3.2.2.	Segmentation par FCM basé sur les algorithmes évolutionnaires	69
3.3.	Évaluation	72
3.3.1.	Critère d’évaluation visuelle	72
3.3.2.	Critère d’évaluation statistique.....	73
4.	Résultats et discussion	74
4.1.	Discussion.....	96
5.	Quelques interfaces de l’application.....	96
6.	Conclusion	98
	Conclusion générale	100
	Bibliographie	103

La liste des figures

Figure 1. 1 : La position des quatre lobes dans le cerveau	4
Figure 1. 2 : L'appareille d'IRM ; centre d'imagerie médicale M'sila CIMM (a).Locale informatique	9
Figure 1. 3 : Acquisition des images IRM ;(a) : Acquisition pondérée en T1 ; (b) : Acquisition pondérée en T2	12
Figure 1. 4 : Les différentes coupes du cerveau, (a) : Coupe axiale, (b) Coupe coronale,.....	12
Figure 2. 1 : Les principales méthodes de segmentation.....	18
Figure 2.2 : Les modèles de contours	19
Figure 2. 3 : Les opérateurs dérivatifs	19
Figure 2. 4 : Problème du volume partiel.....	27
Figure 3. 1 : Une taxinomie de quelques approches méta heuristiques existantes.....	34
Figure 3. 2 : Schéma de principe du déplacement d'une particule dans l'algorithme OEP	41
Figure 3. 3 : Différents types de topologie pour un essaim de particules.	41
Figure 3. 4 : Algorithme d'OEP	44
Figure 3. 5: Les cinq niveaux d'organisation d'un algorithme génétique	49
Figure 3. 6 : Illustration schématique du codage des variables réelles.	49
Figure 3. 7 : Principe d'algorithme génétique	51
Figure 3. 8 : Schéma d'une roulette	53
Figure 3. 9 : Croisement à un point	53
Figure 3. 10 : Opération de mutation	54
Figure 3. 11 : Algorithme génétique	55
Figure 3. 12 : Principe général du fonctionnement d'un algorithme génétique.....	56
Figure 3. 13 : L'algorithme DE.	60
Figure 4. 1 : L'interface de MATLAB	64
Figure 4. 2 : Le script de Matlab	64
Figure 4. 3 : Processus de l'implémentation	65
Figure 4. 4 : Quelque exemple défèrent des images médicale coupes (trois images axiales en haut ; trois images sagittales en meulier ; images coronales en bas) modalité T2	67
Figure 4. 5 : Quelque exemple défèrent des images médicale (coupe axial modalité T1).....	67

Figure 4. 6 : Quelques exemples différents des images normales médicales (coupe axiale modalité T1).....	68
Figure 4. 7 : Etapes de l'algorithme FCM_OEP(FCMPSO).....	70
Figure 4. 8 : Etapes de l'algorithme génétique	71
Figure 4. 9 : Etapes de l'algorithme FCM_DE	72
Figure 4. 10 : Résultats de segmentation de séquence 1 par FCM standard.	75
Figure 4. 11 : Résultats de segmentation de séquence 2 par FCM standard.	75
Figure 4. 12 : Résultats de segmentation de séquence 1 par FCM standard.	76
Figure 4. 13 : Résultats de segmentation de la séquence 1 par FCMGA	78
Figure 4. 14 : Résultats de segmentation de la séquence 2 par FCMGA	78
Figure 4. 15 : Résultats de segmentation de la séquence 3 par FCMGA	79
Figure 4. 16 : Résultats de segmentation de la séquence 1 par FCM_PSO	81
Figure 4. 17 : Résultats de segmentation de la séquence 2 par FCM_PSO	81
Figure 4. 18 : Résultats de segmentation de la séquence 3 par FCM_PSO	82
Figure 4. 19 : Résultats de segmentation de la séquence 1 par FCM_DE-v1.....	84
Figure 4. 20 : Résultats de segmentation de la séquence 2 par FCM_DE-v1.....	84
Figure 4. 21 : Résultats de segmentation de la séquence 3 par FCM_DE-v1.....	85
Figure 4. 22 : Résultats de segmentation de la séquence 1 par FCM_DE-v2.....	87
Figure 4. 23 : Résultats de segmentation de la séquence 2 par FCM_DE-v2.....	87
Figure 4. 24 : Résultats de segmentation de la séquence 3 par FCM_DE-v2.....	88
Figure 4. 25 : Histogramme moyenne de PSNR	90
Figure 4. 26 : Histogramme écart type de PSNR	90
Figure 4. 27 : Histogramme moyenne de V _{pc}	91
Figure 4. 28 : Histogramme écart type de V _{pc}	91
Figure 4. 29 : Histogramme moyenne de V _{pe}	92
Figure 4. 30 : Histogramme écart type de V _{pe}	92
Figure 4. 31 : Histogramme moyenne de IE	93
Figure 4. 32 : Histogramme écart type de IE	93
Figure 4. 33 : Résultats de segmentation d'une image a : image modalité T1 ; image b : segmenté par FCM standard ; image (c) : segmenté par FCM_PSO ; image (d) : segmenté par FCM_GA ; image e : segmenté par FCM_DE ;.....	94
Figure 4. 34 : Résultats de fonction objective de segmentation des images (a) par différents méthodes : FCM standard, FCM_PSO, FCM_GA, FCM_DE.....	95
Figure 4. 35 : Histogramme de temps d'exécution de chaque méthode.	95

Figure 4. 36 : L'interface principale.....	96
Figure 4. 37 : L'interface boite de dialogue choisir une image	97
Figure 4. 38 : Le résultat de la segmentation.....	97

La liste des tableaux

Tableau 2. 1 : Quelque travaux sur la segmentation d'images IRM.....	31
Tableau 4. 1 : Résultats d'évolution de séquence 1 de segmentation par FCM standard.	76
Tableau 4. 2 : Résultats d'évolution de séquence 2 de segmentation par FCM standard.	77
Tableau 4. 3 : Résultats d'évolution de séquence 3 de segmentation par FCM standard.	77
Tableau 4. 4 : Résultats d'évolution de séquence 1 segmentation par FCM_GA.....	79
Tableau 4. 5 : Résultats d'évolution de séquence 2 segmentation par FCM_GA.....	80
Tableau 4. 6 : Résultats d'évolution de séquence 3 segmentation par FCM_GA.....	80
Tableau 4. 7 : Résultats d'évolution de séquence 1 segmentation par FCM_PSO.....	82
Tableau 4. 8 : Résultats d'évolution de séquence 2 segmentation par FCM_PSO.....	83
Tableau 4. 9 : Résultats d'évolution de séquence 3 segmentation par FCM_PSO.....	83
Tableau 4. 10 : Résultats d'évolution de séquence 1 segmentation par FCM_DE-v1.....	85
Tableau 4. 11 : Résultats d'évolution de séquence 2 segmentation par FCM_DE-v1.....	86
Tableau 4. 12 : Résultats d'évolution de séquence 3 segmentation par FCM_DE-v1.....	86
Tableau 4. 13 : Résultats d'évolution de séquence 1 segmentation par FCM_DE-v2.....	88
Tableau 4. 14 : Résultats d'évolution de séquence 2 segmentation par FCM_De-v2.....	89
Tableau 4. 15 : Résultats d'évolution de séquence 3 segmentation par FCM_De-v2.....	89
Tableau 4. 16 : Temps d'exécution de chaque Méthode.....	95

Dédicaces

Nous dédions ce modeste travail

A nos parents,

Sans leurs soutiens et leurs conseils ; nos accomplissements n'auraient pas eu lieu, ils ont été derrière nous dans chacun de nos pas tout au long de notre vie, notre plus profonde gratitude leurs ai exprimée, aucun mot ne pourrait qualifier l'estime que nous leur portons ni le bien qu'ils nous ont fait, apporté et donné.

A tous nos amis, aux étudiants du département d'informatique et des mathématiques, à l'ensemble du personnel du département.

A tous ceux et celles qui nous ont apportés la moindre aide ou soutien, il se reconnaîtra.

Remerciements

*Nous remercions avant tout Allah le tout puissant
qui nous a montré le droit chemin.*

*Aussi, Nous tenons à remercier Madame O.Assas de
nous avoir encadrées tout le long de ce travail.*

*Sans oublier tous ceux qui ont contribué à la réalisation
de ce travail, et ceux qui nous ont formés au cours de
notre vie scolaire.*

*Nous exprimons un profond remerciement pour nos
familles, qui ont consacré leurs temps et leurs corps à
notre formation universitaire.*

INTRODUCTION GENERALE

INTRODUCTION GENERALE

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) a connu un véritable essor ces dernières années. Cette modalité d'imagerie est devenue un outil de plus en plus important en médecine du cerveau particulièrement, ou dans la recherche en neurosciences cognitives de manière générale. En effet, les champs d'exploration, que cette technique offre sont larges: l'IRM anatomique, qui permet d'observer avec une résolution fine les tissus cérébraux, l'IRM fonctionnelle, qui offre la possibilité de visualiser l'activité cérébrale et l'IRM de diffusion qui permet d'explorer l'aspect de la connectivité des aires cérébrales.

Pour diagnostiquer certaines maladies liées à des lésions cérébrales internes, le médecin doit analyser des images médicales. Pour étudier l'évolution d'une tumeur, il est nécessaire de connaître avec exactitude les changements survenus sur ces images. 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 sont essentiels, dans le domaine médical. 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.

Par ailleurs, le but de la segmentation d'une image est donc de faciliter l'extraction des éléments, qui la composent et d'atteindre une précision plus robuste et fiable, c'est pour cela que toutes les tâches ultérieures comme l'extraction de primitives, la détection d'une position d'un objet, ou la reconnaissance d'un objet dépendent fortement de la qualité de la segmentation. Vu son importance plusieurs approches de segmentation ont été proposées.

Notre principal objectif est l'étude et l'implémentation des méthodes efficaces de segmentation en utilisant la méthode fuzzy c-means standard (FCM). Sachant que la segmentation peut être formulée comme étant un problème d'optimisation, donc les algorithmes évolutionnaires (d'optimisation par essaim particulaire (OEP), algorithme

génétique, évolution différentielle) peuvent être employés pour améliorer les performances de l'algorithme Fuzzy c-means standard (FCM).

Ce mémoire s'articule autour de quatre chapitres, qui nous permettront de présenter les différents aspects de notre travail. Pour ce faire, nous avons suivi les étapes décrites par les chapitres suivants:

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.

Nous avons ensuite présentés dans le chapitre deux, une revue globale des différentes méthodes de segmentation présentées dans la littérature. Enfin, nous avons achevé ce chapitre par une description détaillée d'une méthode de segmentation connue sous le nom Fuzzy c-means standard (FCM).

Le chapitre trois présente dans un premier temps un bref aperçu des méta-heuristiques d'optimisation, dans un second temps, nous détaillons les méthodes suivantes : optimisation par essaim particulaire (particle swarm optimization), algorithme génétique (genetic algorithm), évolution différentielle (differential evolution).

Dans le dernier chapitre, nous présentons l'environnement de travail (MATLAB R2014a), la démarche suivie pour implémenter et évaluer les méthodes adoptées ainsi que les résultats obtenus.

Enfin, nous achevons ce modeste travail par une conclusion générale, incluant des remarques importantes et des perspectives.

Chapitre 01: Contexte médical

1. Introduction

Dans ce chapitre, nous commençons par une description macroscopique et microscopique du cerveau. Nous présentons ensuite les différentes lésions et les tumeurs qui peuvent l'affecter, leurs symptômes ainsi que leurs diagnostic. En outre nous avons présenté le principe de base du système d'acquisition permettant d'obtenir d'excellentes images cérébrale : il s'agit de l'imagerie par résonance magnétique nucléaire (IRM). Nous terminons ce chapitre par une présentation de la segmentation d'images IRM cérébrales .

2. Description macroscopique et microscopique du cerveau

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 chez la femme et de 1400 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 cérébro-spinal à l'intérieur d'une enceinte liquidienne [1].

Il comprend plusieurs régions : les deux hémisphères cérébraux, le cervelet, en relation les unes 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) [2] :

- 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 nerveuse, 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 [38].

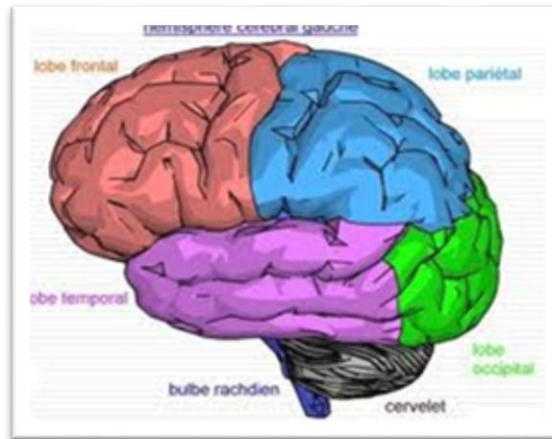


Figure 1. 1 : La position des quatre lobes dans le cerveau

2.2 Description microscopique

D'un point de vue microscopique, le tissu nerveux se compose de cellules nerveuses (neurones) et de cellules gliales (cellules de soutien et de protection) qui dérivent de l'ectoderme. Les vaisseaux et les méninges n'appartiennent pas au tissu nerveux et dérivent du mésoderme.

Le neurone est la cellule qui constitue l'unité fonctionnelle du névraxe. Les neurones sont de 10 à 50 fois nombreuses que les cellules gliales. Le système nerveux humain comprend environ 100 milliards de neurones. Les neurones assurent la transmission d'un signal ou ce qu'on appelle l'influx nerveux [1].

3. Les tissus du cerveau

Lorsqu'on observe le cerveau, on remarque que ce dernier est principalement constitué d'une substance blanche et une substance grise.

3.1 La substance grise

On désigne sous le nom de substance grise la partie des tissus du système nerveux central composée essentiellement des corps cellulaires et de l'arbre dendritique des neurones ainsi que de certaines cellules gliales. Dans l'encéphale, la substance grise est située en périphérie, c'est-à-dire autour de la substance blanche [39].

3.2 La substance blanche

La substance blanche contient les axones qui sont les prolongements des neurones. Ces prolongements particulièrement sont entourés d'une gaine de myéline et de cellules de

nature non nerveuse participant à la structure du tissu interstitiel neuronal : la névroglie. Le rôle de la substance blanche est d'assurer la conduction de l'influx nerveux [40].

3.3 Les méninges

L'encéphale est entouré des couches protectrices appelées les méninges. Elles sont constituées de trois membranes successives :

La plus interne de ces membranes est la pie-mère : fine, compacte, elle contient les structure veineuses qui ramènent le sang du cerveau vers le cœur.

La membrane intermédiaire est l'arachnoïde, ainsi appelée en raison de sa ressemblance avec une toile d'araignée (le LCR circule entre celle-ci et la pie-mère).

La membrane la plus externe est la dure-mère : dure et résistance, elle est formée de tissu conjonctif qui protège les couches sous-jacentes des oses [3].

3.4 Le liquide céphalo-rachidien

Le liquide cérébro-spinal (LCS) ou encore liquide céphalo-rachidien (LCR) est un liquide corporel transparent dans lequel baignent le cerveau et la moelle épinière. Il est contenu dans les méninges, plus précisément entre la pie-mère (qui recouvre le système nerveux central) et l'arachnoïde (qui tapisse le versant interne de la dure-mère). C'est également le liquide qui circule dans les quatre ventricules cérébraux, à l'intérieur du cerveau, et dans le canal central de la moelle épinière. Il est constitué de 99 % d'eau.

Le liquide céphalo-rachidien absorbe et amortit les mouvements ou les chocs qui risqueraient d'endommager le cerveau [41].

4. Lésions cérébrales

Une lésion cérébrale est une lésion qui touche le cerveau. En général, il s'agit d'une destruction plus ou moins étendue du tissu nerveux entraînant un déficit dans la perception, la cognition, la sensibilité ou la motricité en fonction du rôle que jouait la région atteinte dans l'architecture neurocognitive. Cette lésion peut être de nature diverse : ischémique, hémorragique, compressive par un processus extensif de type tumoral ou un hématome [42].

Après l'âge de vingt ans, nous perdons chaque jour des milliers de neurones. il existe en outre un certain nombre de maladies, telles que la maladie de parkinson, la maladie d'Alzheimer et les tumeurs du cerveau, qui augmentent cette dégénérescence cellulaire.

Les neurones peuvent aussi être endommagés par une blessure à la tête ou par un problème d'irrigation des tissus cérébraux (attaque ou accident vasculaire cérébral). Enfin, il

peut arriver que les chirurgiens soient obligés de retirer une partie des tissus en procédant à l'ablation d'une tumeur cérébrale.

Lorsque des cellules d'une région spécifique sont lésées, les troubles observés correspondent aux fonctions organiques normalement assurées par cette région. Dès que la pathologie est plus diffuse et que des cellules meurent, quelle que soit leur localisation, on constate l'apparition de troubles démentiels (perte des fonctions cérébrales globales), de pertes de la mémoire, troubles de personnalité ou du comportement et du raisonnement. Ces symptômes peuvent entraîner des symptômes psychologiques tels qu'un isolement social, des modifications brusques de l'humeur, de l'anxiété, des oublis et une négligence de soi. Les sujets, victimes de ces troubles, sont généralement conscients, du moins au début ; car, à mesure que les neurones sont détruits.

Dans les cas où un nombre limité de neurones disparaissent dans une région particulière du cerveau, Les manifestations sont moins graves. La nature des dysfonctionnements dépend alors de la position exacte des lésions. Toutefois, le cerveau étant un organe très complexe et aux interconnexions multiples, il n'est pas aisé de désigner une région spécifique comme responsable d'une fonction donnée.

Dans ce qui précède, nous avons présenté des généralités sur les lésions cérébrales. Dans ce qui suit, nous décrivons, les tumeurs du cerveau [4].

4.1 Développement des tumeurs cérébrales

Les multiples recherches sur les facteurs environnementaux et héréditaires ne permettent pas, à l'heure actuelle, de définir clairement la relation entre ces facteurs et le développement d'une tumeur cérébrale. Par ailleurs, les recherches progressent dans un certain nombre de nouveaux domaines tels que les oncogènes (gènes spécifiques associés au cancer) et la production anormale de facteurs de croissance spécialisés. Rarement, les tumeurs cérébrales se développent en relation avec des maladies familiales (génétiquement transmises) telles que la neurofibromatose, la maladie de Von Hippel Lindau ou la sclérose tubéreuse de Bourneville [43].

4.2 Tumeur cérébrale primaire et tumeur cérébrale métastatique ou secondaire

Les tumeurs cérébrales primaires sont celles qui se développent dans les cellules spécialisées qui constituent le cerveau et son enveloppe.

Les tumeurs cérébrales métastatiques proviennent d'un autre organe tel que les poumons, les seins, les reins ou la peau [43].

4.3 Tumeurs cérébrales bénignes et tumeurs cérébrales malignes

4.3.1 Les tumeurs cérébrales bénignes

Elles sont constituées de cellules qui croissent lentement et qui, à l'analyse microscopique n'ont pas de caractère d'activité importante. Une tumeur cérébrale bénigne peut être soit simplement surveillée radiologiquement soit être extirpée chirurgicalement complètement ou de façon partielle. Si une tumeur bénigne n'est pas complètement enlevée, elle peut récidiver [43].

4.3.2 Les tumeurs cérébrales malignes

Elles sont classées « cancéreuses », définissent certaines tumeurs primaires ainsi que toutes les lésions cérébrales métastatiques. Elles sont constituées de cellules qui se divisent relativement vite. Ces tumeurs croissent donc rapidement et peuvent envahir et endommager les structures cérébrales importantes. Elles peuvent être traitées par la chirurgie, la radiothérapie, la chimiothérapie ou la combinaison de celles-ci [43].

4.4 Signes et symptômes associés à la présence de tumeurs cérébrales

Les manifestations cliniques d'une tumeur cérébrale sont variables. En effet, elles dépendent de la localisation, du volume de la lésion et de l'hypertension intracrânienne et l'hydrocéphalie et/ou de l'œdème associées ou non. Par exemple, il peut s'agir de [43] :

<ul style="list-style-type: none"> • Céphalées • crises d'épilepsie • vertiges/ étourdissements 	<ul style="list-style-type: none"> • déficits moteurs ou sensitifs • Nausées matinales/ vomissements • troubles auditifs 	<ul style="list-style-type: none"> • troubles visuels • changement de la personnalité
--	---	---

4.5 Types de tumeurs cérébrales [3]

La classification officielle des tumeurs cérébrales, proposée par l'organisation mondiale de la santé (OMS), s'effectue selon des critères d'origine cellulaire et leur degré de malignité.

Les tumeurs neuroepitheliales : représentant les tumeurs cérébrales primaires les plus fréquentes et elles prennent pour origine, soit les neurones, soit les cellules entourant les neurones (les cellules gliales).

Les tumeurs des nerfs périphériques : proviennent des gaines des nerfs périphériques, qui sont composées de cellules différentes que celles que l'on trouve

dans le cerveau .on trouve ces tumeurs au niveau des nerfs crâniens et des nerfs périphériques de tout Le corps.

Les tumeurs des méninges : le cerveau est recouvert d'une fine toile Protectrice qui se nomme méninge est à partir de laquelle peuvent se former des tumeurs.

Les tumeurs germinales : il s'agit de tumeurs rares survenant plutôt chez les enfants et jeunes adultes, dont l'origine cellulaire est germinale.

Les tumeurs d'origine hématopoïétique : ces tumeurs proviennent des cellules sanguines. Elles surviennent soit isolément dans le cerveau, soit dans un contexte de maladie du sang plus généralisée.

Les métastases (tumeurs cérébrales les plus fréquentes): elles sont malignes et secondaires a une tumeur d'une autre région du corps (poumon, sein, rein, peau).

5. Le diagnostic des tumeurs cérébrales

5.1 Examen clinique

Lorsqu' un médecin suspecte une tumeur cérébrale, il va d'abord réaliser un examen clinique complet afin de localiser la zone cérébrale suspecte. En effet, chaque territoire du cerveau étant associé à une fonction spécifique de l'organisme, la détection de symptômes périphériques peut indiquer qu'elle est la zone du cerveau qui est touchée [3].

5.2 Examens complémentaires

En fonction de l'état du patient, d'autres examens peuvent se révéler nécessaires. Une ponction lombaire qui consiste à prélever un peu de liquide céphalo-rachidien au moyen d'une aiguille, une artériographie au cours de laquelle on injecte du produit iodé dans les artères du cerveau de façon à mieux préciser leur trajet [3].

5.3 La biopsie cérébrale

La biopsie consiste à effectuer un prélèvement chirurgical d'un fragment de la tumeur. Cet acte très délicat est réalisé par un chirurgien au bloc opératoire sous anesthésie générale. L'objectif est Les risques directs sont par contre bien présents, essentiellement avec le geste chirurgical (infection, hémorragie...) ou ce qui l'entoure (l'anesthésie notamment) [44].

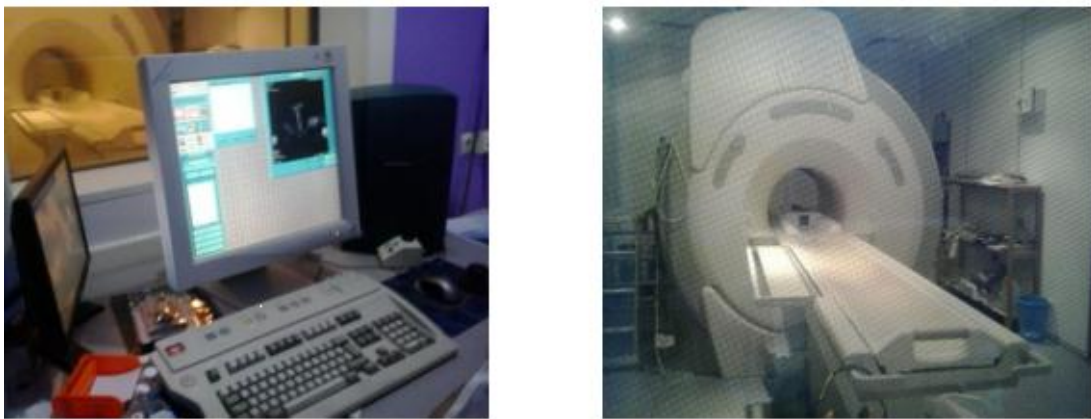
5.4 Imagerie médicale

Cet examen sera complété par des techniques d'imagerie : scanner et IRM cérébraux. Dans notre travail, nous nous intéressons aux images cérébraux acquises par l'imagerie

par résonance magnétique nucléaire (IRM), car elle nous permet d'obtenir d'excellentes images du cerveau. Dans ce qui suit nous présentons le principe général d'IRM.

5.4.1 Imagerie par résonance magnétique (IRM)

L'imagerie par résonance magnétique nucléaire (IRM) est une technique d'imagerie médicale d'apparition récente, non invasive et sans effets secondaires permettant d'avoir une vue 2D ou 3D d'une partie du corps, notamment du cerveau. Elle est basée sur le phénomène physique de résonance magnétique nucléaire [45]. Il s'agit simplement d'observer la résonance magnétique nucléaire (RMN) des protons de l'eau contenus dans l'organisme [46]. Le principe consiste à mesurer l'aimantation des tissus biologiques et à reconstruire une image à partir de ces aimantations. Cette dernière est induite par l'hydrogène, qui s'y trouve en abondance dans le corps humain.



(a)

(b)

Figure 1. 2 : L'appareil d'IRM ; centre d'imagerie médicale M'sila CIMM (a).Locale informatique (b).Appareil IRM GE.

Le patient Placés dans un puissant champ magnétique, tous les atomes d'hydrogène s'orientent dans la même direction : ils sont alors excités par des ondes radio durant une très courte période. A l'arrêt de cette stimulation, les atomes restituent l'énergie accumulée en produisant un signal qui est enregistré et traité sous forme d'image par un système informatique [45].

Après arrêt de la stimulation, les atomes d'hydrogène restituent cette énergie qui se dissipe dans différents plans de l'espace sous l'action du champ magnétique de l'aimant. L'énergie est alors captée par d'autres antennes (antennes réceptrices) puis analysée par un ordinateur. Suivant la composante en eau des tissus analysés, leurs pathologies éventuelles, les images seront différentes et l'ordinateur réalise des images en noir et blanc

d'une très grande sensibilité et très précieuses pour le diagnostic, notamment en matière de pathologie tumorale ou infectieuse. Il est ainsi possible de réaliser des coupes de n'importe quelle partie du corps, dans tous les plans de l'espace [3].

5.4.1.1 Principales composantes d'IRM

Un système d'imagerie par résonance magnétique est constitué principalement des éléments suivants [3] :

- l'aimant (il existe trois types) qui produit le champ \vec{B}
- les bobines de gradient de champ magnétique qui permettent le codage du signal dans l'espace
 - des antennes (émission des ondes RF et réception du signal).
 - Et un calculateur performant qui assure la synchronisation, l'acquisition et le traitement des signaux afin de reconstruire l'image.

L'aimant est au cœur du fonctionnement de l'appareil IRM. Son rôle est de produire le champ magnétique principal appelé **B₀** qui est constant et permanent. L'unité de mesure de la puissance du champ magnétique de l'IRM est le Tesla [46].

Les bobines de gradient de champ magnétique

Ce sont trois bobines métalliques enfermées dans un cylindre en fibres de verre et placées autour du tunnel de l'aimant. On les nomme respectivement : bobine X, bobines-Y et bobine Z Le passage d'un courant électrique dans ces bobines crée des variations d'intensité du champ magnétique dans le tunnel, de façon linéaire, dans le temps et dans l'espace. En fonction de sa géométrie, chaque bobine fait varier le champ magnétique selon un axe spécifique :

- la bobine X selon l'axe droite-gauche ;
- la bobine Y selon l'axe avant-arrière ;
- la bobine Z selon l'axe haut-bas.

Elles permettent notamment de sélectionner une épaisseur et un plan de coupe (transversal, frontal, sagittal ou oblique) et d'effectuer la localisation spatiale des signaux dans ce plan [26].

Les antennes [46]

Elles sont capables de produire et/ou capter un signal de radiofréquence (R.F.). Elles sont accordées pour correspondre à la fréquence de résonance de précession des protons qui se trouvent dans le champ magnétique :

Les antennes sont très variables et peuvent être catégorisées de trois manières différentes :

- Selon leur géométrie : volumique et surfacique.
- Selon leur mode de fonctionnement : émettrice-réceptrice ou réceptrice seule (on parle aussi de réceptrice pure).
- Selon l'association ou non de différents éléments d'antennes : linéaire, en quadrature de phase ou en réseau phase.

Le calculateur

Un processeur vectoriel assure la gestion de l'ensemble de l'acquisition et du traitement. Il commute les gradients, contrôle les séquences d'impulsions, recueille les signaux, effectue la transformée de Fourier(FFT) et stocke sur un support magnétique l'image sur une matrice de pixels [3].

Les blindages

En IRM, on parle de blindages pour certains dispositifs destinés au confinement des champs magnétiques produits par la machine et à l'isolement de celui-ci des champs magnétiques extérieurs qui viendraient perturber l'acquisition

Il permet des acquisitions synchronisées sur un autre signal périodique (comme ECG, rythme respiratoire) [46].

5.4.1.2 Acquisition des images IRM

L'IRM permet d'obtenir des images numériques en trois dimensions d'une précision inférieure au millimètre, du cortex, de la substance blanche, du liquide céphalo-rachidien et des noyaux gris centraux [47].

Deux paramètres réglables cliniquement entrent en jeu lors de l'acquisition : le temps de répétition des séquences d'impulsion(TR), et le temps d'écho(TE). Une acquisition effectuée avec des temps TR et TE courts est dite en T1 (Figure 1.2.a).

Lorsque ces deux temps sont longs, elle est dite en T2 (Figure 1.2.b).Enfin lorsque TR est long et TE est court, elle est dite en rho ou densité de proton.

Toute l'acquisition peut être caractérisée par rapport à ces trois types particuliers. Ainsi, on parle d'image pondérée en T1 si l'acquisition se rapproche plus de type d'acquisition en T1 que des deux autres types : de façon similaire, on parle d'acquisition pondérée en T2 ou en ρ . De plus, on peut renforcer le signal de certaines structures sur les séquences pondérées en T1 grâce à l'utilisation d'un agent de contraste tel que le gadolinium [3].

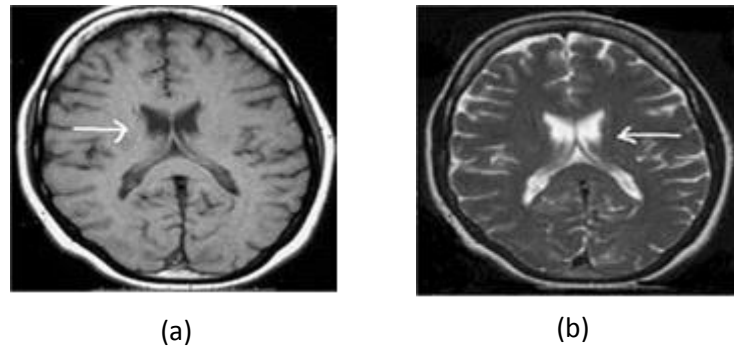


Figure 1.3 : Acquisition des images IRM ;(a) : Acquisition pondérée en T1 ; (b) : Acquisition pondérée en T2

Au niveau cérébral, l'IRM permet également d'étudier les artères du cou et du cerveau (figure 1.4).

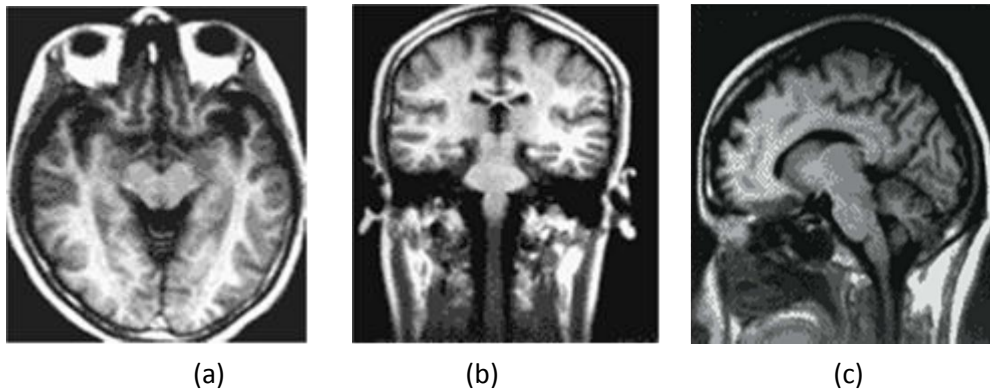


Figure 1.4 : Les différentes coupes du cerveau, (a) : Coupe axiale, (b) Coupe coronale, (c) : Coupe sagittale.

5.4.1.3 Les artefacts

Les artefacts en IRM peuvent déformer l'image anatomique réelle et/ou simuler un processus pathologique [5]. Les artefacts sont dus aux :

Artéfact de mouvement

L'artéfact de mouvement est un des artefacts les plus fréquemment rencontrés. Il se constitue lorsqu'il y a translation dans l'espace du segment étudié au cours de l'acquisition. Il y a deux types de mouvements rencontrés [46]:

- Les mouvements périodiques: Ce sont les mouvements de la respiration, les battements cardiaques et les flux sanguins.
- Les mouvements apériodiques: Ce sont les mouvements du patient, les mouvements oculaires, la déglutition, le péristaltisme digestif et le flux du liquide cérébro-spinal.
- Ils ont pour conséquence la dispersion du signal : image floue de la structure en mouvement.

Inhomogénéités RF

Les inhomogénéités dans les champs magnétiques principaux et dans le champ généré par les impulsions RF peuvent provoquer une inhomogénéité, dans la distribution des intensités de l'image obtenue en IRM, qui handicape les approches purement photométriques. Ce type d'artefacts n'est pas foncièrement gênant pour clinicien. Par contre il peut être problématique pour un système de traitement d'image automatique [5].

Volume partiel

La notation de volume partiel n'est pas propre à l'IRM, mais concerne toutes les techniques d'imagerie. Ces artefacts sont liés à la résolution des images. Ainsi, 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 en termes de contraste. Il en résulte également une perte de la résolution spatiale puisque le signal des petites structures va être moyenné avec celui des structures adjacentes, ce qui peut les rendre invisibles ou peu distinctes [5].

Le bruit

Le bruit d'image est la présence d'informations parasites qui s'ajoutent de façon aléatoire aux détails dans les images acquises. Il est plus particulièrement visible dans les zones peu éclairées, où le rapport signal/bruit est faible. Il a pour conséquence la perte de netteté dans les détails [48].

6. Segmentation d'images de RMN cérébrales : Segmentation en matières ou en structures

Lors de la segmentation des images IRM cérébrales, plusieurs niveaux de description peuvent être choisis selon que l'on s'intéresse pour une application donnée :

- au tissu présent en chacun des pixels : trois matières sont alors essentiellement prises en compte, le liquide céphalo-rachidien, la matière grise ou la matière blanche (auxquels on peut ajouter l'air, la peau, le muscle et l'os si l'on s'intéresse aux matières présentes à l'extérieur du cerveau).

- à la structure cérébrale ou à la région de cette structure que le pixel contient majoritairement : on cherche alors principalement à délimiter le cortex et les noyaux centraux (constitués de matière grise), ou à discriminer le liquide céphalo-rachidien présent à l'intérieur des sillons corticaux, de celui présent dans chacun des ventricules. La description peut, dans ce cas, être d'une complexité variable, selon que l'on cherche ou non à définir des subdivisions des structures anatomiques (par exemple en cherchant à distinguer les différents sillons du cortex) et selon que la description permet de distinguer ou non les différentes aires cérébrales (les hémisphères, les lobes cérébraux, ...). Dans les deux cas, la présence d'artefacts inhérents au processus d'acquisition rend la segmentation des images plus complexe.

Face à ces difficultés, il est parfois nécessaire d'introduire des connaissances a priori sur :

- la radiométrie des tissus d'une part, afin de segmenter l'image en matières : ces connaissances concernent la forme des distributions d'intensité des tissus.

- l'anatomie cérébrale d'autre part, afin de segmenter l'image en structures anatomiques : ces connaissances concernent alors la forme et la localisation des structures [6].

7. Conclusion

Dans ce chapitre nous avons montrés que malgré tout le soin apporté à l'acquisition, l'information contenue dans l'image peut être perturbée par des phénomènes extérieurs. Dans ce contexte, la segmentation d'image devient indispensable. Parmi ces méthodes, la segmentation a pour but de partitionner ou segmenter l'image en un ensemble de régions cohérentes.

Par la suite , dans le prochain chapitre, nous allons effectuer une rétrospective des différentes méthodes de segmentation d'images et plus particulièrement la segmentation d'images IRM cérébrales.

Chapitre 02: Méthodes de segmentation d'images IRM

1. Introduction

La segmentation d'images joue un rôle prépondérant dans le traitement d'images et dans la vision par ordinateur. Nous pouvons placer cette étape entre l'acquisition et l'amélioration de l'image d'une part, et sa description et la prise de décision finale conséquente d'autre part. La segmentation doit réaliser la tâche difficile d'extraire à partir d'une image numérique des informations 'utiles' permettant de localiser et de délimiter les entités présentes dans l'image. Le but de toutes les méthodes de segmentation est l'extraction d'attributs pour caractériser les objets. Ces attributs correspondent à des points d'intérêt ou à des zones caractéristiques de l'image.

Dans ce chapitre nous allons dans un premier temps, présenter la notion générale des méthodes de segmentation d'images. Nous décrirons ensuite, dans la seconde partie, la segmentation d'images IRM. Nous détaillerons également la méthode de classifications fuzzy c-means FCM standard.

Définition de la segmentation

La segmentation est un traitement de bas-niveau qui consiste à effectuer une partition de l'image en régions homogènes par rapport à un ou plusieurs critères. Les régions obtenues se distinguent les unes des autres par des différences significatives selon ces mêmes critères. Après ces étapes, nous pouvons introduire un traitement sectoriel de différentes manières.

La segmentation consiste à extraire des points, des lignes ou des régions. Le choix d'une technique de la segmentation est liée à plusieurs facteurs comme : la nature de l'image, les conditions d'acquisition (bruit), les primitives à extraire (contour, texture,...).

2. Méthodes de segmentation d'images

La segmentation permet de distinguer les objets d'intérêt d'une image en l'isolant du fond ou des autres structures. Après la segmentation d'une image, chaque pixel se voit attribuer une région, et chaque région correspond à une partie sémantique de l'image. Les discontinuités entre les régions correspondent aux contours des objets [7], aux incertitudes près. Nous décrivons ci-après les principales approches à savoir, l'approche frontière, l'approche région et l'approche mixte (voir la figure 2.1).

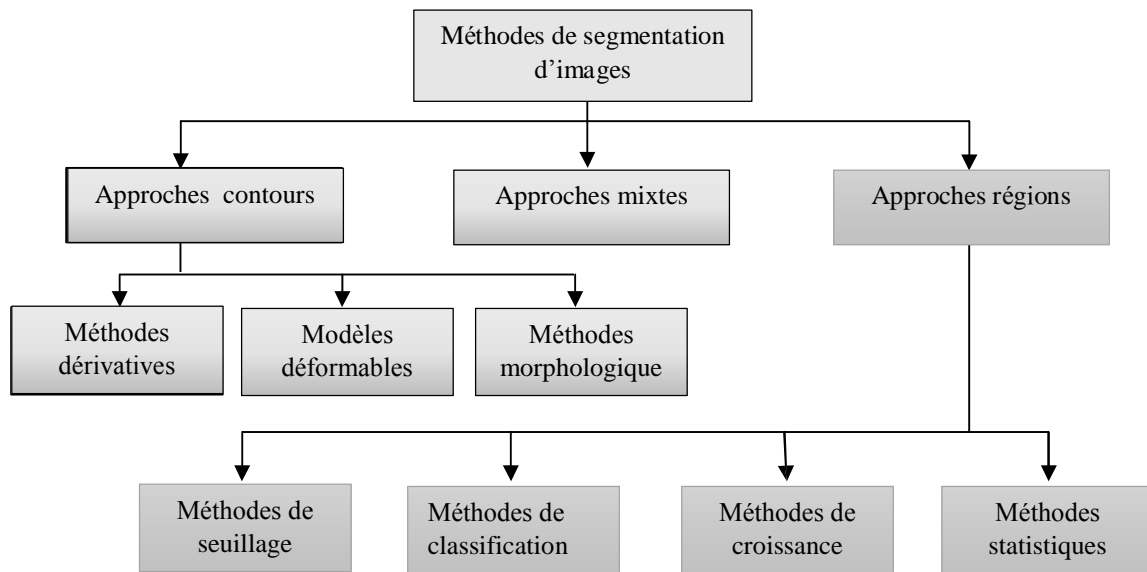


Figure 2. 1 : Les principales méthodes de segmentation

2.1. Les méthodes de segmentation basées sur l'approche contour

Le but de la détection de contours est de repérer les points d'une image numérique qui correspondent à un changement brutal de l'intensité lumineuse. Ces changements de propriétés de l'image traduisent en général des événements importants ou des changements dans les propriétés de l'image. Ils incluent des discontinuités dans la profondeur, dans l'orientation d'une surface, dans les propriétés d'un matériau et dans l'éclairage d'une scène.

La détection de contour est un champ de la recherche qui appartient au traitement d'image et à la vision par ordinateur, particulièrement dans le domaine de l'extraction de caractéristiques.

La détection des contours d'une image réduit de manière significative la quantité de données et élimine les informations qu'on peut juger moins pertinentes, tout en préservant les propriétés structurelles importantes de l'image.

Les méthodes de détection de contours reposent sur trois concepts : Les techniques dérivatives et de filtrage, les approches morphologiques et les ruptures de modèle [8].

2.1.1. Les méthodes dérivatives et les techniques de filtrage

Les modèles dérivatifs consistent à modéliser les contours ou des zones d'images et supposent que l'image numérique provient de l'échantillonnage d'une fonction scalaire à support borné et dérivable en tout point. Ces variations d'intensité de l'image peuvent

correspondre à des variations d'illuminations (ombres), des changements d'orientation ou de distance à l'observateur, des changements de réflectance de surface, des variations d'absorption des rayons, etc. Or, dans le traitement d'une image numérique, toutes ces grandeurs sont condensées en une seule variable bi ou tridimensionnelle ; dans le cas monochrome, c'est l'intensité lumineuse. Ce sont des contours idéaux (voir la figure 2.3)

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

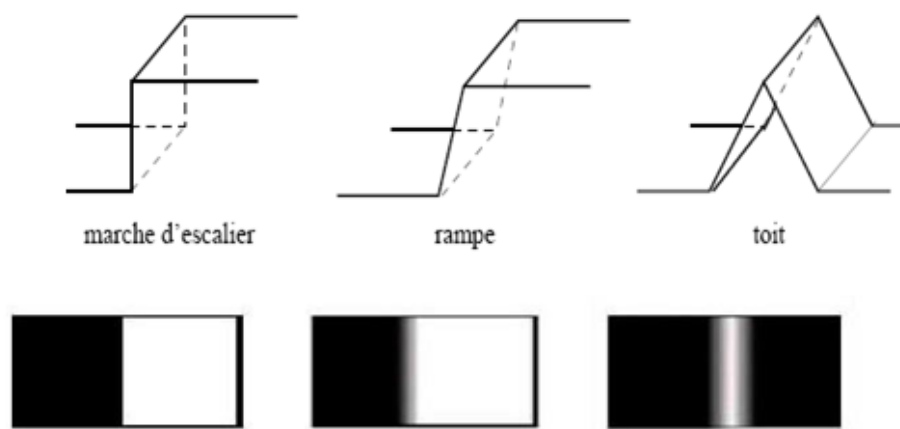


Figure 2.2 : Les modèles de contours

Ils permettent une approche de détection par l'opérateur gradient et laplacien. Les variations locales d'intensité constituent la source de ces opérateurs (figure 2.3) ; ainsi, le gradient est une fonction vectorielle des pixels $[i, j]$.

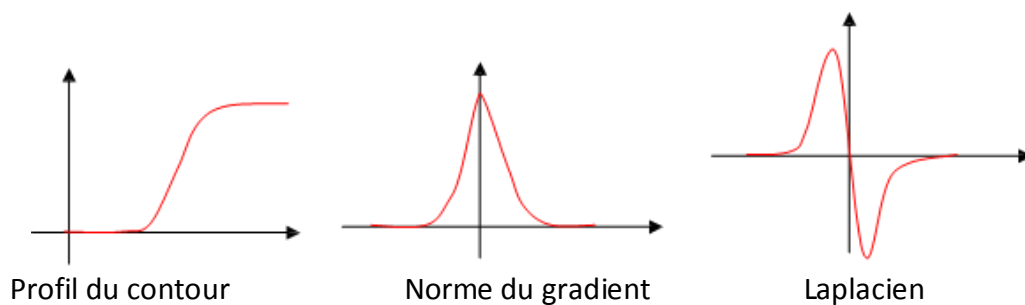


Figure 2.3 : Les opérateurs dérivatifs

Les méthodes dérivatives utilisent un opérateur de dérivation pouvant détecter la transition d'un signal. Le principe des méthodes dérivatives repose sur la détection d'une transition d'un signal à partir de sa dérivée [9]. On peut trouver le point de contour par détermination du

maximum de la norme du gradient ou bien en étudiant le passage par zéro du laplacien (figure 2.3).

2.1.2. Les méthodes de segmentation par approche morphologique

Si on considère l'image comme une surface dans un espace tridimensionnel $(i, j, I(i,j))$ et B un élément structurant, ces techniques peuvent être directement utilisées sur l'image.

Alors l'approche morphologique consiste à déplacer l'élément structurant en chaque pixel (x,y) de l'image à traiter $I(x,y)$ et les relations entre l'image et l'élément structurant B sont analysées : inclusions, connexion...

On appelle :

- Dilatation : $D(i, j) = \max_{k,l \in B} [I(i - k, j - l) + B(k, l)]$ 2.1

- Erosion : $E(i, j) = \min_{k,l \in B} [I(i - k, j - l) + B(k, l)]$ 2.2

- Ouverture : érosion suivi d'une dilatation.

- Fermeture : Dilatation suivi d'une érosion

La détection du contour consiste à détecter les sauts :

- Gradient par érosion : $\nabla_E I(i, j) = I(i, j) - E(i, j)$ 2.3

- Gradient par dilatation : $\nabla_D I(i, j) = I(i, j) - D(i, j)$ 2.4

- Laplacien morphologique : $L(I(i, j)) = \nabla_D I(i, j) - \nabla_E I(i, j)$ 2.5

2.1.3. Les méthodes de segmentation par approche de modèles déformables

L'approche par modèle déformable consiste à représenter l'image par une fonction. Les contours sont modélisés par des courbes élastiques à ajuster le mieux possible aux frontières des régions. Pour cela, on associe une énergie dont la définition est étroitement liée à celle des contours. Les minimax locaux de cette énergie correspondent aux contours s'ajustant le mieux au modèle utilisé [10].

Les algorithmes de segmentation fondés sur les modèles déformables ont l'avantage par rapport aux méthodes dérivatives de fournir des contours fermés. Parmi ces méthodes, on trouve les contours actifs et les ensembles de niveaux.

2.2. Les méthodes de segmentation par approche région

Les méthodes de l'approche région cherchent à différencier les régions en utilisant les propriétés de l'image telles que la couleur, la texture, la forme... Ces méthodes utilisent

principalement les critères de décision pour segmenter l'image en différentes régions selon la similarité des pixels [11].

Nous proposons dans la suite les différentes méthodes de segmentation de type région.

2.2.1. Les méthodes de segmentation par seuillage

Les méthodes les plus classiques des approches régions sont les méthodes de seuillage. Ces méthodes essaient de trouver une valeur d'intensité appelée seuil, à partir de l'histogramme de l'image pour séparer les différentes régions. Elles sont applicables avec efficacité sur des images qui présentent un fort contraste entre les régions [8].

Il existe de très nombreuses méthodes de seuillage d'un histogramme. La plupart de ces méthodes s'appliquent correctement si l'histogramme contient réellement des pics séparés. De plus, ces méthodes ont très souvent été développées pour traiter le cas particulier de la segmentation en deux classes (i.e. passage à une image binaire) et leur généralité face aux cas multi-classes n'est que très rarement garantie. L'une des méthodes de référence dans cette classe est la méthode d'Otsu.

2.2.2. Les méthodes de segmentation par la classification

Les méthodes de classification permettent de regrouper des objets en groupes ou classes d'objets plus homogènes. Les objets regroupés ont des caractéristiques communes, ils sont similaires mais se distinguent clairement des objets des autres classes [12].

Généralement les résultats des méthodes de classification sont plus ou moins différents.

La classification peut être supervisée ou non supervisée :

2.2.2.1. Méthodes supervisées

Les méthodes de classification supervisées supposent la connaissance a priori de l'appartenance de chaque échantillon de l'ensemble d'apprentissage à une classe donnée, ce qui revient à supposer une connaissance a priori sur l'image à segmenter [13].

Dans notre cas, il s'agit la segmentation des images médicales IRM cérébrales. La classification supervisée de ces images nécessite à 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.

2.2.2.2. Méthodes non Supervisées (Automatiques)

La méthode de classification non supervisée a pour but de trouver des partitions d'un ensemble d'individus en fonction de critères de proximité de leurs vecteurs d'attributs dans l'espace de représentation. Elles sont utilisées pour effectuer une classification en aveugle et, ainsi pour réaliser une segmentation sans connaissances a priori sur l'image. Il est par conséquent nécessaire de prendre quelques précautions. La mesure de proximité est calculée sur tous les attributs, il n'y a donc pas de réduction de l'espace de représentation. Comme il n'y a pas d'exemples d'apprentissage, si certains attributs utilisés sont non représentatifs des classes recherchées, le résultat pourra être médiocre [13].

2.2.3. Les méthodes de segmentation par partitionnement

La classification par partitionnement s'agit d'un processus itératif, chargé de partitionner l'ensemble des pixels de l'image N en C classes. Dans le processus de classification, les éléments sont affectés à la classe la plus proche. Les représentations des classes sont régulièrement mises à jour, selon un critère de minimisation. Ces méthodes de classification nécessitent trois prés requis :

- Chaque objet (pixel) doit être représenté par un vecteur d'attributs.
- Un critère pour classifier les objets dans des classes est fixé, une distance entre éléments est définie.
- Un critère qui représente la stratégie de fusion ou de dissociation des classes est donné.

Parmi les méthodes par partitionnement les plus connues, on trouve la méthode des k-moyennes (k-means) et l'algorithme des k les plus proches voisines (KPPV).

2.2.4. Les méthodes de segmentation par classification floue

En effet, une classe est un groupe d'individus présentant des similitudes communes. D'une part, les similitudes sont plus au moins fortes entre les individus d'une même classe

D'autre part, un même individu peut présenter des similitudes avec les individus d'autres classes. Le degré d'appartenance d'un individu n'est pas localisé à une classe déterminée mais se trouve distribuée sur plusieurs classes.

Nous retrouvons là le concept même de l'ensemble flou, puisque, dans ce formalisme, un élément peut appartenir plus au moins fortement à plusieurs ensembles flous.

Parmi les méthodes de classification floues, l'algorithme fuzzy C-means (FCM) est le plus utilisé dans la segmentation d'image. Durant les itérations, le degré d'appartenance flou est mis à jour comme une fonction de distance par rapport aux classes.

2.2.4.1. Méthode de Fuzzy C-Means (FCM)

Fuzzy C-Means est un algorithme de classification non supervisée floue, il introduit la notion d'ensemble flou dans la définition de classes : chaque point dans l'ensemble des données appartient à chaque cluster avec un certain degré, et tous les clusters sont caractérisés par leurs centre de gravité. Il utilise un critère de minimisation des distances intra-classe et de maximisation des distances interclasse, mais en donnant un certain degré d'appartenance à chaque classe pour chaque pixel.

Cet algorithme nécessite une 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 à une classe donnée. Le cluster auquel est associé un pixel est celui dont le degré d'appartenance sera le plus élevé.

Les principales étapes de l'algorithme Fuzzy C-means sont :

1. La fixation arbitraire d'une matrice d'appartenance.
2. Le calcul des centroïdes des classes.
3. Le réajustement de la matrice d'appartenance suivant la position des centroïdes.
4. Calcul du critère de minimisation et retour à l'étape 2 s'il y a non convergence de critère.

2.2.5. Les méthodes de segmentation par croissance de régions

Cette technique est ascendante et part du pixel pour remonter jusqu'aux régions en agrégeant les pixels selon un critère d'homogénéité. On appelle \emptyset la fonction qui caractérise une propriété d'une région R_i et S_n l'ensemble des pixels non attribués à une région au début de l'étape n [12].

L'algorithme général de croissance de régions consiste à :

- Définir les germes des régions g_i . Les germes sont des pixels ou des groupes de pixels dits « libres » qui ne sont pas affectés à une région. Le choix des germes influence la qualité de la segmentation. Plus le germe est un bon représentant d'une région plus l'agrégation obtenue représentera une région homogène.

- Tant que $S_n \neq 0$, on affecte le pixel élément de S_n au germe g_i qui minimise une fonction W .

Cette fonction est la somme des fluctuations de la propriété \emptyset des régions.

2.2.6. Les méthodes de segmentation statistiques

Lorsqu'une image présente un aspect de texture aléatoire, elle peut être supposée une réalisation d'un processus stochastique gouverné par des paramètres qui se calculent à partir de l'image en considération.

C'est le principe des méthodes à base des champs aléatoires de Markov qui est un moyen favorisé pour modéliser les images texturées permettant d'exprimer l'interaction spatiale portée par les pixels. C'est-à-dire qu'un pixel donné a une forte probabilité d'appartenir à la même classe que ces voisins.

L'influence mutuelle des pixels dans une image donnée est exprimée alors par une distribution conditionnelle.

2.3. La segmentation par approche mixte

La dualité entre les régions et les contours peut être exprimée de quatre manières différentes [14] [15] [16]:

- Les régions sont situées à l'intérieur des contours. Par conséquent, il n'y a pas de points contours à l'intérieur d'une région ;
- Un point de contours est situé sur ou du moins à proximité (distance à définir) d'une frontière de région ;
- Une frontière de région est fermée par nature, un contour doit l'être aussi
- un contour doit être situé sur la totalité de la frontière commune entre deux régions.

Cette dualité a donné naissance à la coopération dans la segmentation d'image. Selon la manière de faire coopérer deux processus de segmentation région et contour, on peut distinguer trois approches différentes : La coopération séquentielle, la coopération par fusion de résultats et la coopération mutuelle [17]:

- la coopération séquentielle : une des techniques de segmentation (région ou contour) est exécutée, son résultat est exploité par la deuxième technique pour améliorer les critères ou les paramètres de la segmentation.

- la coopération des résultats : les deux types de segmentation sont exécutés indépendamment. La coopération se fait sur les résultats obtenus afin d'atteindre une meilleure segmentation.
- la coopération mutuelle : les deux types de segmentation coopèrent mutuellement au cours de leur processus d'exécution.

3. La segmentation de l'IRM cérébrale

La segmentation précise et robuste du tissu cérébral étudié par IRM est une question très importante dans beaucoup d'applications et en particulier dans l'étude de certains désordres du cerveau.

Une segmentation du tissu cérébral consiste à séparer les différents tissus tumoraux, tels que la tumeur, l'œdème et la nécrose, ainsi que les tissus normaux tels que la matière grise, la matière blanche et le liquide céphalorachidien. La segmentation est facilitée par l'utilisation de plusieurs types d'IRM. Les images pondérées en T1, T2 et en densité de protons sont notamment couramment employées en clinique. Ces trois types de séquences peuvent être complétés par d'autres types d'IRM, telles que les séquences utilisant un produit de contraste tel que le Gadolinium, FLAIR, et les de perfusion, de diffusion et spectroscopiques.

La segmentation d'images a pour objectif d'identifier, dans les images, les pixels ou voxels appartenant à une région particulière. Cette région peut correspondre à une structure anatomique, pathologique ou fonctionnelle.

Elle inclut aussi la segmentation du cerveau en liquide cébrospinal (LCS), matière blanche (MB) et matière grise (MG) et la quantification de lésions, par exemple liées à la sclérose en plaques [18].

Les méthodes utilisées se basent sur les propriétés iconiques des structures à identifier, c'est à dire liées aux intensités des pixels ou voxels, ou sur les propriétés géométriques de ces structures. Ces propriétés correspondent à des connaissances à priori sur les structures à segmenter et peuvent être implicites. Une segmentation automatique est nécessaire pour deux raisons :

- Le temps du tracé manuel par un expert sur un tissu 3D spécifique est long,
- L'expertise humaine peut produire des erreurs difficilement contrôlables et reproductibles.

3.1. Spécificités de la segmentation de l'IRM cérébrale

La segmentation de l'IRM cérébrale présente des particularités par rapport à d'autres domaines d'applications de la segmentation, comme la segmentation des cartes routières, ou la segmentation des visages [18]. Ces particularités sont liées aux spécificités des objets à segmenter et au processus d'acquisition IRM caractérisées par :

3.1.1. Information d'intensité insuffisante

L'intensité observée sur des images IRM n'apporte qu'une information incomplète sur les structures anatomiques sous-jacentes. Plusieurs structures peuvent avoir la même intensité : en T2 il n'y a pas de différence de contraste entre la MG et la MB. En T1, certaines structures, comme le corps calleux, n'ont pas de bords précisément délimités. Dans un autre exemple, l'intensité IRM lors de la transition entre la MG et la MB est complexe, et peut être variable. Une solution qui permet de palier à l'insuffisance des informations présentées dans l'image, est l'utilisation simultanée de plusieurs modalités.

3.1.2. Erreurs/artefacts d'acquisition

Les principaux artefacts apparaissant en IRM ont été présentés au chapitre 01. Lors de la segmentation, l'artefact le plus souvent cité est l'artefact d'inhomogénéité de la radio fréquence RF qui se manifeste par une variation spatialement lente de l'intensité des tissus sur l'image. La plupart des méthodes de segmentation prend en compte cet artefact, soit en l'éliminant par un prétraitement approprié, soit en le modélisant explicitement au cours de la segmentation.

3.1.3. Volume partiel

Le terme « volume partiel » est utilisé dans le milieu de l'imagerie médicale pour désigner les problèmes dus à l'échantillonnage (ou résolution) de l'image. En effet, si on considère une portion d'image à la frontière de deux tissus différents, l'échantillonnage donnera des pixels qui portent une information provenant de plusieurs pixels voisins (voir Figure 2.4), le terme « volume partiel » évoque une vision d'un pixel qui contiendrait un mélange de plusieurs tissus, le pixel à ce niveau est appelé « mixel ».

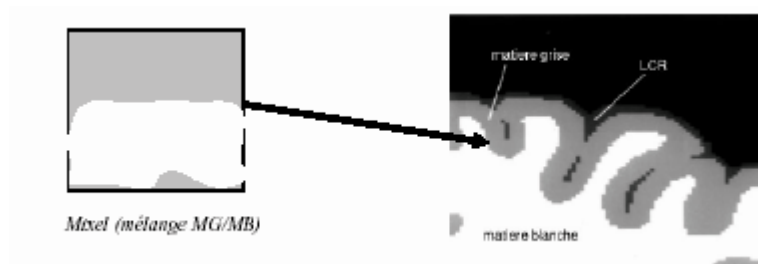


Figure 2. 4 : Problème du volume partiel.

4. Méthode de Fuzzy C-means (FCM) standard

4.1. Introduction

L'algorithme FCM Développé par Bezdek en 1981 à la suite des travaux de Dunn [19], qui est une méthode de classification non supervisée très populaire et très performante par rapport aux autres méthodes comme l'algorithme K-means ou les réseaux de neurones .

Il a été abondamment utilisé pour la segmentation d'images IRM.

4.2. Description de Fuzzy C-means

Le Fuzzy C-means est un algorithme de classification non supervisée, 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 des 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.

4.3. Principe de Fuzzy C-means

Soit $X = \{x_1, x_2, x_3, \dots, x_N\}$ un ensemble de N observations à classifier en K classes où chaque observation x_i ($i=1, 2, \dots, N$) peut être représentée par un ensemble de D attributs : $x_j = (x_{j1}, x_{j2}, x_{j3}, \dots, x_{jD})^T$.

Les K classes sont représentés par un vecteur des centres des classes

$$V = (v_1, v_2, v_3, \dots, v_k), \text{ où } v_k = (v_{k1}, v_{k2}, \dots, v_{kD})^T, \text{ est le centre de la classe } k.$$

Chaque observation x_i est définie par son degré d'appartenance μ_{ik} à la classe k tel que $\mu_{ik} \in [0,1]$. On peut alors définir une matrice de partition $U = [\mu_{ik}]$ de dimension $(N * K)$.

L'algorithme FCM consiste à partitionner les N observations en K classes de manière à minimiser la similarité des observations à l'intérieur de chaque classe. Il se traduit par la minimisation de la fonction objective suivante :

$$J_{FCM}(U, V) = \sum_{k=1}^K \sum_{i=1}^N \mu_{ik}^m d^2(x_i, v_k) \quad 2.18$$

Sous contraintes suivant :

$$0 < \sum_{i=1}^N \mu_{ik} < N, \sum_{k=1}^K \mu_{ik} = 1 \quad 2.19$$

m : est le facteur de fuzzification ou facteur flou tel que $1 < m < \infty$.

$d(x_i, v_k) = \|x_i - v_k\|$ est la distance séparant l'observation i et le centre de la classe k .

Généralement la distance utilisée est euclidienne :

$$d(x_i, v_k) = \sqrt{\sum_{j=1}^D (x_{ij} - v_{kj})^2} \quad 2.20$$

La première contrainte assure qu'aucune classe ne doit être vide et la seconde est une contrainte de normalisation qui assure que la somme des degrés d'appartenance de chaque observation à toutes les classes soit égale à 1.

Le partitionnement flou est réalisé par une optimisation itérative de la fonction objective donnée par l'équation (2.18), avec une mise à jour des degrés d'appartenance et des centres des classes v_k comme dans le cas de l'algorithme K-means.

- Mise à jour des degrés d'appartenance suivante :

$$\mu_{ik} = \frac{1}{\sum_{j=1}^K \left(\frac{d(x_i, v_k)}{d(x_i, v_j)} \right)^{\frac{2}{m-1}}} \quad 2.21$$

- D'où la formule de mise à jour des centres de classes :

$$v_k = \frac{\sum_{i=1}^N \mu_{ik}^m x_i}{\sum_{i=1}^N \mu_{ik}^m} \quad 2.22$$

Dans ce qui suit, nous présentons l'algorithme de la méthode FCM :

1- Fixer les paramètres :

- K : nombre de classes ;
- ε : seuil représentant l'erreur de convergence (par exemple : = 0.001) ;
- m : degré de flou, généralement pris égal à 2 ;
- Tmax : itération max ;
- $t=1$;

2- Initialiser la matrice degrés d'appartenances U_0 par des valeurs aléatoires dans l'intervalle $[0,1]$:

- Calculer la matrice V_0 par la relation (2.22)
- Calcule la fonction objective J_0 par la relation (2.18) ;

3- Mettre à jour la matrice degrés d'appartenances U_t par la relation (2.21)

4- Mettre à jour la matrice V_t (les centres) par la relation (2.22) ;

5- Calcule fonction objective J_t par la relation (2.18) ;

6- Incrémente la valeur de t ;

$$t = t + 1; \quad 2.23$$

7- Répéter les étapes 3 à 6 jusqu'à satisfaction du critère d'arrêt qui est :

$$(J_{t-1} - J_t) < \varepsilon \text{ ou } t \geq t_{max} \quad 2.24$$

4.4. Défuzzification

Enfin, une ultime étape est nécessaire lorsque le résultat souhaité est une classification non floue. On parle alors de « défuzzification ». Lorsque l'on ne souhaite pas mettre en évidence les pixels où les degrés d'appartenance sont approximativement les mêmes pour chaque classe, une façon naturelle de procéder est de considérer que la classe finale d'un pixel est celle pour laquelle le degré d'appartenance est maximal :

$$\forall i \in [1, N] \ x_i \in V_{k1} \equiv (\mu_{ik1} < \mu_{ik2} \ \forall k2 \neq k1 \in [1, K]) \quad 2.25$$

L'étape de la défuzzification se fait après la dernière itération de l'algorithme des c-moyennes floues [6].

4.5. Inconvénients de l'algorithme FCM

L'algorithme FCM a été largement étudié et a été utilisé dans bon nombre de domaines (segmentation d'images médicales, géologiques et satellitaires).

Cependant cet algorithme qui nécessite la connaissance du nombre de classes, n'est pas robuste face aux bruits introduits par l'imprécision des attributs et son efficacité dépend fortement de l'étape d'initialisation des centres des classes car le processus itératif peut facilement fournir une solution localement optimale.

De plus, il est basé sur la distance euclidienne lors de la mesure de similarité entre une observation et le centre d'une classe ce qui le rend utilisable que pour détecter des classes de forme sphérique.

Afin d'éviter ces inconvénients et donc améliorer les résultats de la classification, plusieurs modifications ont été apportées à l'algorithme standard et qui sont présentées comme des optimisations du FCM.

5. Quelques travaux sur la segmentation d'images IRM

Le tableau ci-dessous, présente quelques travaux sur la segmentation d'images IRM :

Auteur	Année	Méthodes	Evolutions
Sébastien Lefevre	1999	<ul style="list-style-type: none"> Iterated Conditional Modes (ICM) Multiple Resolution Segmentation (MRS) 	-----
Vianney PIRON	2002	<ul style="list-style-type: none"> le flux de vecteurs gradients (GVF : Gradient Vector Flow) 	-----
Anne Sophie Capelle Laizé	2004	<ul style="list-style-type: none"> K-moyenne (kmeans) C-moyennes floues (FCM) EM Dencœux Shafer Appriou 	taux d'erreurs
Weibei Dou	2006	<ul style="list-style-type: none"> La connectivité floue Segmentation du tissu tumoral par SVM 	<ul style="list-style-type: none"> Probabilité de détection (Pf,Pc) Taux d'erreur
Abdelmalik Taleb-Ahmed Nabila Frahta	2009	<ul style="list-style-type: none"> C-moyennes floues (FCM) C-moyennes possibiliste(PCM) 	<ul style="list-style-type: none"> taux de recouvrement (TR)
MEZIANE Abdelfettah	2011	<ul style="list-style-type: none"> Croissance de régions Les modèles actifs de forme (ASM) Modèles actifs d'apparence (AAM) 	<ul style="list-style-type: none"> Sensibilité (Se) Spécificité (Sp)
Abbas Eldor	2014	<ul style="list-style-type: none"> seuillage d'images 	-----

		<ul style="list-style-type: none"> optimisation par essaim particulière (PSO 2S) 	
Mohamed Mokhtar Bendib	2015	<ul style="list-style-type: none"> C-moyennes floues (FCM) K-moyenne (kmeans) 	<ul style="list-style-type: none"> Entropie information (IE) CC

Tableau 2. 1 : Quelques travaux sur la segmentation d'images IRM

6. Conclusion

Ce que nous avons présenté dans ce chapitre n'est qu'une présentation très générale des méthodes de segmentation existante. A savoir, celles de l'approche contour, de l'approche région ou de l'approche coopérative ainsi que la segmentation de l'IRM cérébrale et leurs spécificités.

Dans le dernier chapitre, nous avons introduit la méthode fuzzy c-mean (FCM) et quelques travaux sur segmentation d'images IRM.

Néanmoins, l'algorithme fuzzy c-mean (FCM) souffre de certains inconvénients tels que la sensibilité au bruit, la forme sphérique des classes, la nécessité de connaître le nombre de classes ainsi que la dépendance de ses résultats à l'initialisation. Pour pallier à ces inconvénients, plusieurs optimisations du FCM ont été proposée, en particulier les algorithmes méta heuristiques que nous décrirons dans le chapitre qui suivant.

Chapitre 03: Méta- heuristique

1. Introduction

La majorité des problèmes de segmentation d'image peuvent s'exprimer comme des problèmes d'optimisation qui peuvent être NP-difficiles et ne pourront pas être résolus de manière exacte dans un temps "raisonnable" puisque la capacité de calcul des machines évolue linéairement alors que le temps nécessaire à la résolution de ces problèmes évolue exponentiellement. Lorsqu'on s'attaque à des problèmes réels, il faut se résoudre à un compromis entre la qualité des solutions obtenues et le temps de calcul utilisé. Au milieu des années 1970 sont apparues des méthodes qui non supervisent l'évolution de solutions fournies par des heuristiques. Ces méthodes assurent un compromis entre diversification (concentrer la recherche sur de mauvaises zones de l'espace de recherche) et intensification (rechercher les meilleures solutions dans la région de l'espace de recherche en cours d'analyse). Ces algorithmes ont été appelés "méta heuristiques" et ont pour objectif de trouver des solutions dont la qualité est au-delà de ce qu'il aurait été possible de réaliser avec une simple heuristique.

Dans ce chapitre, nous introduisons les différentes méthodes classiques d'optimisation combinant des techniques méta-heuristiques tout en rappelant celles qui ont été appliquées à la segmentation d'images.

2. Méta-heuristiques

La Méta-heuristique, intervient dans toutes les situations où l'ingénieur ne connaît pas d'heuristique efficace pour résoudre un problème donné, ou lorsqu'il estime qu'il ne dispose pas du temps nécessaire pour l'en déterminer.

En 1996, I.H. Osman et G. Laporte définissaient la méta-heuristique comme « un processus itératif qui subordonne et qui guide une heuristique, en combinant intelligemment plusieurs concepts pour explorer et exploiter tout l'espace de recherche. Des stratégies d'apprentissage sont utilisées pour structurer

L'information afin de trouver efficacement des solutions optimales, ou presque-optimales ». En 2006, le réseau méta-heuristique (metaheuristics.org) définit les méta-heuristiques comme « un ensemble de concepts utilisés pour définir des méthodes heuristiques, pouvant être appliqués à une grande variété de problèmes. On peut voir la méta-heuristique comme une « boîte à outils » algorithmique, utilisable pour résoudre différents problèmes d'optimisation, et

ne nécessitant que peu de modifications pour qu'elle puisse s'adapter à un problème particulier ».

Elle a donc pour objectif de pouvoir être programmée et testée rapidement sur un problème.

3. Les approches d'optimisation méta-heuristiques

On peut diviser les approches d'optimisation méta-heuristiques en deux grandes classes :

- Les méta-heuristiques à solution unique.
- Les méta-heuristiques à solution multiple ou population de solution.

La figure (3.1) suivante présente une taxinomie de quelques approches méta-heuristiques existantes.

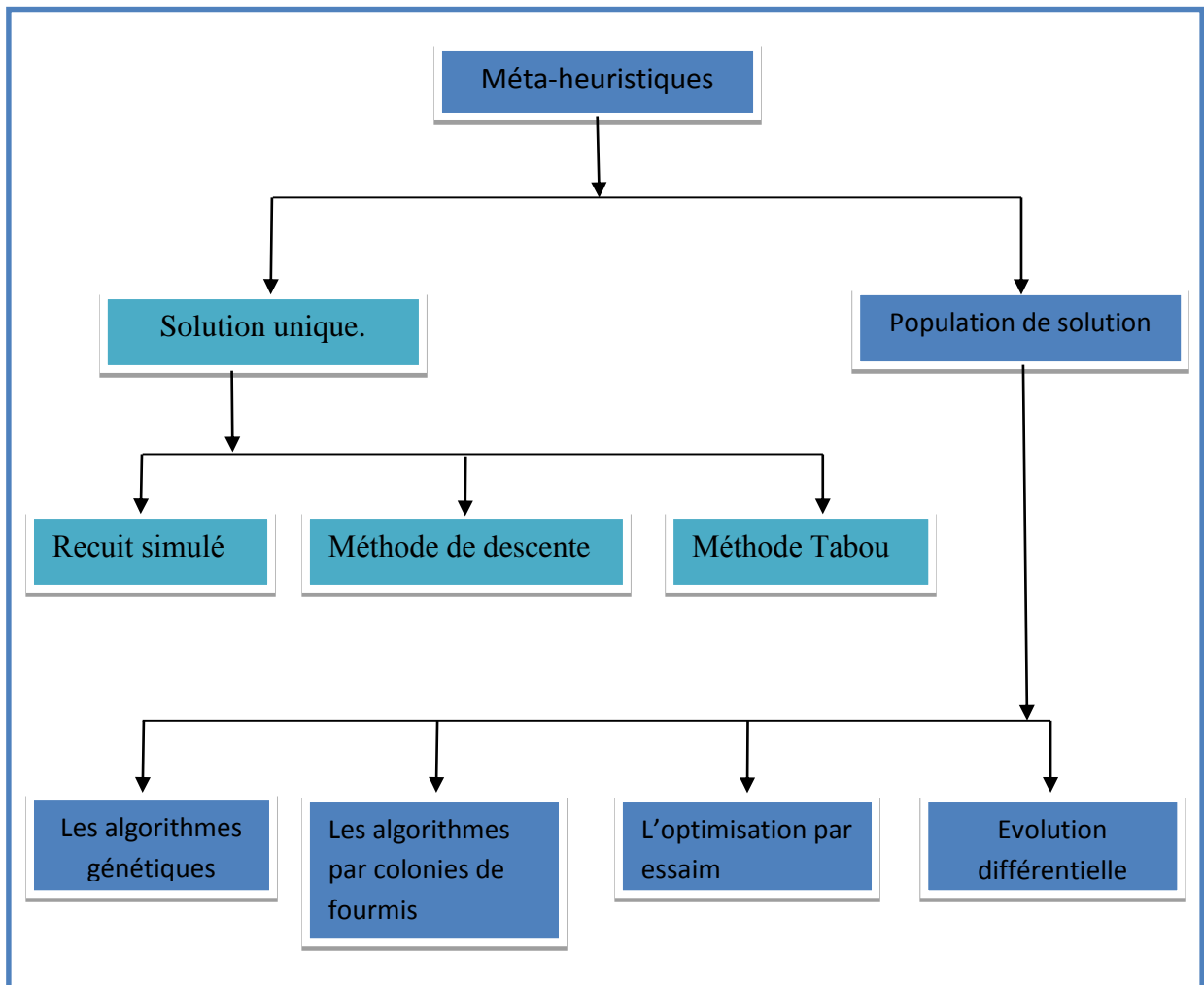


Figure 3. 1 : Une taxinomie de quelques approches méta heuristiques existantes.

3.1. Les méta-heuristiques à solution unique.

Ces algorithmes partent d'une solution initiale (obtenue de façon exacte, ou par tirage aléatoire) et s'en éloignent progressivement, pour réaliser une trajectoire, un parcours progressif dans l'espace des solutions. Dans cette catégorie, se rangent :

3.1.1. La méthode de descente

Le principe de la méthode de descente (dite aussi basic local search) consiste à partir d'une solution s et à choisir une solution s' dans un voisinage de s , telle que s' améliore la recherche (généralement telle que $f(s') < f(s)$).

On peut décider soit d'examiner toutes les solutions du voisinage et prendre la meilleure de toutes (ou prendre la première trouvée), soit d'examiner un sous-ensemble du voisinage.

3.1.2. Recuit simulé

Le recuit simulé (simulated annealing) est souvent présenté comme la plus ancienne des méta-heuristiques, en tout cas, la première à mettre spécifiquement en œuvre une stratégie d'évitement des minima locaux (Kirkpatrick, Gelatt, Vecchi, 1983).

Elle s'inspire d'une procédure utilisée depuis longtemps par les métallurgistes qui, pour obtenir un alliage sans défaut, chauffent d'abord à blanc leur morceau de métal, avant de laisser l'alliage se refroidir très lentement (technique du recuit). Pour simuler cette évolution d'un système physique vers son équilibre thermodynamique à une température T , la méthode du recuit simulé exploite l'algorithme de métropoles.

3.1.3. La méthode Tabou

La méthode Tabou est une technique de recherche dont les principes ont été proposés pour la première fois par Fred Glover dans les années 80, et elle est devenue très classique en optimisation combinatoire. Elle se distingue des méthodes de recherche locale simples par le recours à un historique des solutions visitées, de façon à rendre la recherche un peu moins « aveugle ». Il devient donc possible de s'extraire d'un minimum local, mais, pour éviter d'y retomber périodiquement, certaines solutions sont bannies, elles sont rendues « taboues ».

A l'inverse du recuit simulé qui génère de manière aléatoire une seule solution voisine à chaque itération, Tabou examine un échantillonnage de solutions de $N(s)$ et retient la meilleure s' même si $f(s') > f(s)$. La recherche Tabou ne s'arrête donc pas au premier optimum trouvé.

Le terme de recherche locale est de plus en plus utilisé pour qualifier ces méthodes.

3.2. Les méta-heuristiques à solution multiple ou population de solution.

Elles consistent à travailler avec un ensemble de solutions simultanément, que l'on fait évoluer graduellement. L'utilisation de plusieurs solutions simultanément permet naturellement d'améliorer l'exploration de l'espace des configurations. Dans cette seconde catégorie, on recense :

3.2.1. Les algorithmes génétiques

Avec les algorithmes évolutionnaires, nous passons à une autre catégorie de méta heuristiques, celles des méthodes dites évolutionnaires, qui manipulent un ensemble de plusieurs solutions simultanément.

La méta-heuristique la plus connue dans cette branche est celle reposant sur un algorithme génétique, inspiré du concept de sélection naturelle élaboré par Darwin. Ici, le vocabulaire employé est directement calqué sur celui de la théorie de l'évolution et de la génétique.

Nous parlerons donc d'individus, pour parler de solutions (complètes, ou partielles). L'ensemble des individus formera une population, que nous ferons évoluer pendant une certaine succession d'itérations appelées générations, jusqu'à ce qu'un critère d'arrêt soit vérifié. Pour passer d'une génération à une autre, nous soumettrons la population à des opérateurs de sélection. Les opérateurs de variation, eux, permettront de transformer la population, de façon à favoriser l'émergence de meilleurs individus.

Ces opérateurs sont à définir en fonction du problème considéré. Par exemple, dans le cas du voyageur de commerce, une certaine tournée sera représentée par un individu, caractérisé par une certaine succession de villes. Un opérateur transformera cet individu en modifiant les villes qui le constitue, en prenant soin de respecter les contraintes du problème donné, en l'occurrence ici, l'obligation que chaque ville ne soit présente qu'une seule fois dans la tournée.

On définit également la fonction de performance (fitness), qui traduit la capacité d'adaptation des individus au problème considéré. Cette fonction, que l'algorithme génétique cherche à maximiser, est étroitement dépendante de la fonction objectif.

3.2.2. Les algorithmes par colonies de fourmis

Comme les algorithmes génétiques, les algorithmes de colonies de fourmi font évoluer une population d'« agents », selon un modèle stochastique.

Cet algorithme est encore inspiré de la nature et de son organisation, et a été mis au point par Dorigo au début des années 90. Son principe repose sur le comportement particulier des fourmis qui, lorsqu'elles quittent leur fourmilière pour explorer leur environnement à la recherche de nourriture, finissent par élaborer des chemins qui s'avèrent fréquemment être les plus courts pour aller de la fourmilière à une source de nourriture intéressante. Chaque fourmi laisse en effet derrière elle une traînée de phéromone à l'attention de ses congénères ; les fourmis choisissant avec une plus grande probabilité les chemins contenant les plus fortes concentrations de phéromones, il se forme ainsi ces « autoroutes » à fourmis, qui sillonnent le paysage. Ce mode de communication particulier, qui fait intervenir des modifications dans l'environnement, est appelé stigmergie.

3.2.3. L'optimisation par essaim particulaire

La méta-heuristique basée sur la méthode des essaims particulaires ("Particle Swarm Optimization", PSO) a été développée en 1995 [20]. Le principe de la méthode provient des comportements collectifs d'animaux. L'optimisation par essaims particulaires (OEP) est classée dans les techniques d'optimisation stochastiques à population. La méthode OEP s'identifie aux algorithmes génétiques. Cependant, elle ne possède pas d'opérateur d'évolution. En outre, une population de solutions potentielles est utilisée dans la recherche.

3.2.4. Algorithmes de l'évolution différentielle (differential evolution)

Proposé par Prince et Storn l'algorithme d'évolution différentielle (DE) est une version améliorée de l'AG. Il dispose d'opérateurs de mutation, croisement et sélection. Cependant l'algorithme DE marque la différence avec l'AG en donnant plus d'importance à la mutation. Cette mutation a pour but de créer une solution « mutant » à partir des différences entre deux solutions de la population. Plusieurs stratégies ont été alors proposées par Price et Stornen, elles diffèrent par le choix de la solution à muter, le nombre de différences, le type de croisement. La stratégie la plus classique dite **DE/rand/1/exp** consiste à ajouter à une solution x , choisie aléatoirement dans la population, une différence pondérée de deux autres solutions r_2 et r_3 prises aléatoirement dans population avec $r_1 \neq r_2 \neq r_3$:

$$y = X_{r_1} + F(X_{r_2} - X_{r_3}) \quad 3.1$$

F : étant un facteur.

Le croisement consiste à changer chaque gène de la solution j par celui du mutant avec une probabilité C_r . La nouvelle solution C ainsi créée est sélectionnée pour remplacer une solution

de la population si sa fitness est meilleure. Ce mécanisme de mutation, croisement et sélection est répété pour chaque solution de la population.

4. Propriétés

- Les méta-heuristiques sont des stratégies qui permettent de guider la recherche d'une solution optimale
- Le but visé par les méta-heuristiques est d'explorer l'espace de recherche efficacement afin de déterminer des solutions (presque) optimales.
- Les techniques qui constituent des algorithmes de type méta-heuristique vont de la simple procédure de recherche locale à des processus d'apprentissage complexes.
- Les méta-heuristiques sont en général non-déterministes et ne donnent aucune garantie d'optimalité
- Les méta-heuristiques peuvent contenir des mécanismes qui permettent d'éviter d'être bloqué dans des régions de l'espace de recherche.
- Les concepts de base des méta-heuristiques peuvent être décrits de manière abstraite, sans faire appel à un problème spécifique.
- Les méta-heuristiques peuvent faire appel à des heuristiques qui tiennent compte de la spécificité du problème traité, mais ces heuristiques sont contrôlées par une stratégie de niveau supérieur.
- Les méta-heuristiques peuvent faire usage de l'expérience accumulée durant la recherche de l'optimum, pour mieux guider la suite du processus de recherche.

5. L'algorithme d'optimisation par Essaim Particulaire

5.1. Un peu d'histoire

L'optimisation par Essaim de particule (OEP) ou bien (PSO Particle swarm optimization), a été inventée par Russe Eberhart [20] (ingénieur en électricité) et James Kennedy (socio-psychologue) en 1995. Au départ J. Kennedy et R. Eberhart cherchaient à simuler la capacité des oiseaux à voler de façon synchrone et leur aptitude à changer brusquement de direction tout

en restant en une formation optimale. Le modèle qu'ils ont proposé à ensuite été étendu en un algorithme simple et efficace d'optimisation.

5.2. Définition

L'optimisation par Essaim de particule (OEP) ou bien (PSO Particle swarm optimization) est une technique utilisée pour explorer l'espace de recherche d'un problème quelconque pour trouver l'ensemble des paramètres qui maximise/minimise un objectif particulier. Cet objectif est atteint en suivant un algorithme dédié que l'on verra par la suite.

5.3. Principe

Le PSO se base sur la collaboration des individus entre eux. Il a d'ailleurs des similarités avec les algorithmes de colonies de fourmis, qui, comme nous venons de le voir, s'appuient eux aussi sur le concept d'auto-organisation. Cette idée, rappelons-le, veut qu'un groupe d'individus peu intelligents puisse posséder une organisation globale complexe.

L'organisation des populations en essaims est caractérisée par un phénomène de groupe, dont les particularités sont les suivantes [49] :

1. Information locale limitée : chaque individu possède une connaissance locale de son environnement et ne connaît rien de la fonction globale de la population.

2. Des règles individuelles simples : chaque individu possède un jeu de règles comportementales simples limitées. Ce jeu de règles permet au groupe de coordonner ses actions collectivement et de construire une structure ou d'adopter une configuration globale.

3. La structure globale émergente accomplit une certaine fonction : cette structure permet au groupe de résoudre un problème. Pour cela, cette structure doit être :

- Flexible (adaptabilité à l'environnement) ;
- Robuste (adaptabilité aux erreurs de certains individus) ;
- Stable (capacité de cohésion lorsque l'essaim est en mouvement, afin de discriminer les répulsions au profit des attractions).

En biologie, de nombreux articles relatent de ce type de comportement collectif pour les déplacements [21], [22], [23], [24], [25], [26]. Ainsi, grâce à des règles de déplacement (dans l'espace des solutions) très simples, les particules d'un essaim peuvent converger

progressivement vers un minimum global. Dans ce qui suit, nous allons présenter les deux modèles ayant instauré les règles élémentaires de la méthode PSO.

5.3.1. Modèle de Kennedy et Eberhart (1995)

Kennedy et Eberhart [27] ont cherché à simuler la capacité des oiseaux à voler de façon synchrone, et leur aptitude à changer brusquement de direction tout en restant en une formation optimale. Le modèle qu'ils ont proposé a ensuite été étendu en un algorithme simple et efficace d'optimisation. Les particules sont les individus et elles se déplacent dans l'hyperespace de recherche. Le processus de recherche est basé sur les deux règles suivantes :

1. Chaque particule est dotée d'une mémoire qui lui permet de mémoriser le meilleur point par lequel elle est déjà passée et elle a tendance à retourner vers ce point.
2. Chaque particule est informée du meilleur point connu au sein de son voisinage et elle va tendre à aller vers ce point.

Dans ce modèle, l'intelligence est donc collective et non individuelle. L'environnement et les interactions y jouent un rôle fondamental.

Ainsi, dans un essaim volant ou nageant, chaque individu réagit aux différentes règles établies par Reynolds, Kennedy et Eberhart. Ces règles sont identiques à toute la population et ne prennent en compte que le voisinage immédiat de l'individu qui ne peut pas percevoir l'ensemble du nuage. A partir du déplacement local de l'individu, des formes complexes pour le nuage d'animaux vont pouvoir apparaître, formes qui dépassent le cadre de la règle locale. Cette propriété d'émergence est recherchée dans de nombreux problèmes d'informatique, puisqu'elle va notamment permettre à la fois une parallélisation décentralisée et massive de l'algorithme, avec des comportements élémentaires simples tout en obtenant globalement un résultat complexe [50].

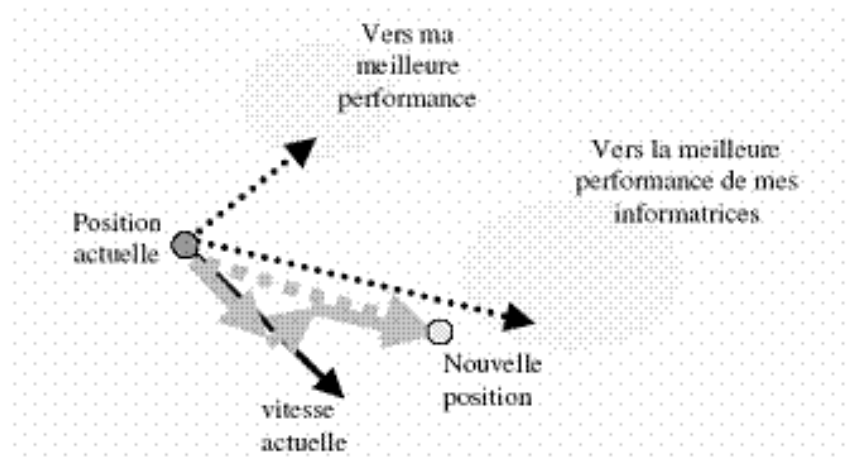


Figure 3.2 : Schéma de principe du déplacement d'une particule dans l'algorithme OEP

5.4. Notion de voisinage

Le voisinage constitue la structure du réseau social. Les particules à l'intérieur d'un voisinage communiquent entre-elles. En général, pour une nuée d'oiseaux, le voisinage suit trois types de topologies :

- Topologie en étoile (Figure 3.3 (a)) : le réseau social est complet, donc une communication complète et une attirance vers la meilleure particule.
- Topologie en anneau (Figure 3.3 (b)) : chaque particule communique avec n voisines immédiates. Chaque particule tend à se déplacer vers la meilleure dans son voisinage local.
- Topologie en rayon (Figure 3.3(c)) : une particule "centrale" est connectée à toutes les autres. Seule cette particule centrale ajuste sa position vers la meilleure, si cela provoque une amélioration l'information est propagée aux autres.

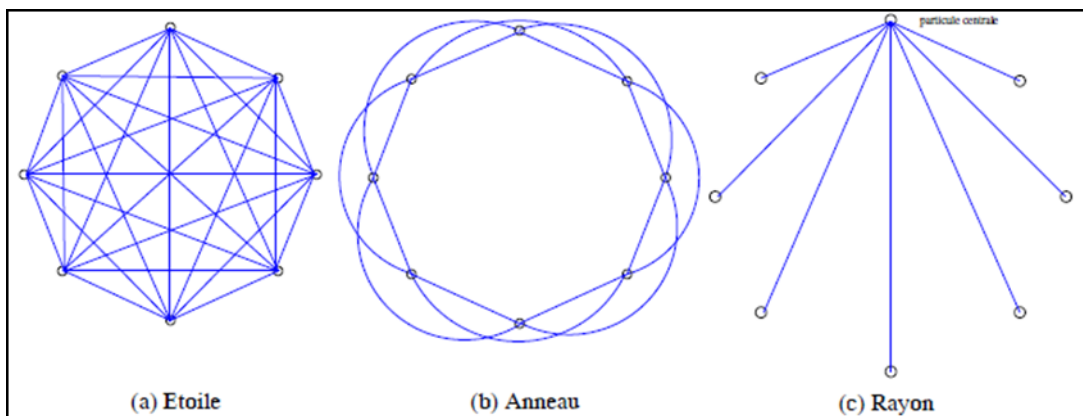


Figure 3.3 : Différents types de topologie pour un essaim de particules.

5.5. L'algorithme d'OEP [28],[29]

Dans un système OEP, un essaim d'individus (particules) volent dans l'espace de recherche. Chaque particule représente une solution potentielle au problème d'optimisation. La position d'une particule est influencée par la meilleure position visitée par elle-même (c.-à-d. ses propres expériences) et la position de la meilleure particule dans son voisinage (c.-à-d l'expérience des particules voisines). Quand le voisinage d'une particule est l'essaim entier, la meilleure position dans le voisinage exprime la meilleure particule globale, et l'algorithme résultant désigné sous le nom d'un OEP gbest. Si le voisinage est petit l'algorithme est généralement connu sous le nom d'un OEP lbest.

La performance de chaque particule (c.-à-d. la convergence de la particule vers l'optimum global) est mesurée en utilisant une fonction de forme physique qui change selon le problème d'optimisation. Chaque particule dans l'essaim est représentée par les caractéristiques suivantes :

x_i : La position actuelle de la particule i

v_i : La vitesse courante de la particule i .

y_i : La meilleure position personnelle de la particule i .

\hat{y}_i : La meilleure position de voisinage de la particule i .

La meilleure position personnelle de la particule i est la meilleure position (c- à- d, celle ayant pour résultat la meilleure valeur de forme physique) visitée par la particule i jusqu'ici. La mise à jour de la meilleure position de la particule est comme suit :

$$y_i(t+1) = \begin{cases} y_i(t) & \text{si } f(x_i(t+1)) > f(y_i(t)) \\ x_i(t+1) & \text{si } f(x_i(t+1)) < f(y_i(t)) \end{cases} \quad 3.2$$

Pour le modèle gbest, la meilleure particule est déterminée à partir de l'essaim entier par le choix de la meilleure position personnelle. Si la position de la meilleure particule est notée par le vecteur \hat{y}_i alors :

$$\hat{y}_i(t) \in \{y_0, y_1, \dots, y_s\} = \min\{f(y_0(t)), f(y_1(t)), \dots, f(y_s(t))\} \quad 3.3$$

Où s indique la taille de l'essaim.

L'étape de la mise à jour de vitesse est indiquée pour chaque dimension $j \in 1, \dots, N_d$ par conséquent, $v_{i,j}$ représente le $j^{\text{ème}}$ éléments du vecteur de vitesse de la $i^{\text{ème}}$ particule.

Ainsi la vitesse de la particule i est mise à jour en utilisant l'équation suivante :

$$v_{i,j}(t + 1) = wv_{i,j}(t) + c1 * r1(y_{ij}(t) - x_{ij}(t)) + c2 * r2(\hat{y}_i(t) - x_{ij}(t)) \quad (3.4)$$

Où : w est le facteur d'inertie.

$c1$ et $c2$ sont les constantes d'accélération.

$r1$ et $r2$: suivent une loi uniforme.

La position de la particule i , x_i est mise à jour par l'équation suivante :

$$x_i(t + 1) = x_i(t) + v_i(t + 1) \quad (3.5)$$

C'est la vectrice vitesse qui dirige le processus de recherche et reflète la "sociabilité" des particules. Si on considère N particules et que chaque particule compare sa nouvelle position à sa meilleure position obtenue, c'est-à-dire qu'on ne prend pas compte du voisinage puisqu'on utilise uniquement l'amélioration obtenue sur la particule elle-même, cela donne l'algorithme 1. f : étant la fonction fitness.

5.6. Fonction fitness

On définit également la fonction de performance (fitness), qui traduit la capacité d'adaptation des individus au problème considéré. Cette fonction, que l'algorithme OEP cherche à minimiser, est étroitement dépendante de la fonction objectif.

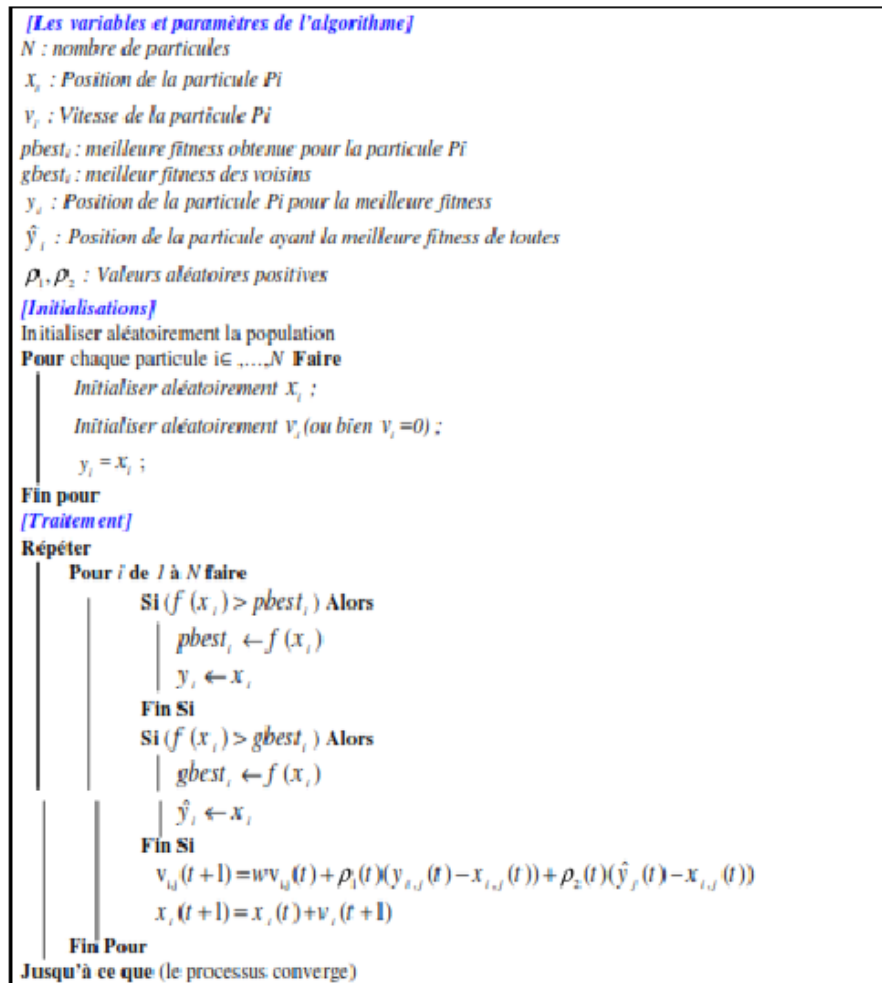


Figure 3. 4 : Algorithme d'OEP

Plus une particule est éloignée de la meilleure solution globale et de sa meilleure solution, plus la variation de sa vitesse est importante, afin de faire bouger la particule vers les meilleures solutions.

Les variables aléatoires p_1 et p_2 peuvent être définis de la façon suivante :

$$p_1 = c_1 * r_1, \quad p_2 = c_2 * r_1.$$

Avec r_1 et r_2 qui suivent une loi uniforme sur $[0..1]$. c_1 et c_2 sont des constantes qui représentent une accélération positive, avec $c_1 + c_2 \leq 4$ [28], [29].

L'algorithme s'exécute tant qu'un critère de convergence n'a pas été atteint. Cela peut être :

- Un nombre fixe d'itérations.
- En fonction de la fitness.

- Lorsque la variation de vitesse est proche de 0.

Cet algorithme peut être facilement modifié pour utiliser un autre type de voisinage, voisinage en anneau par exemple. Les boucles devront se faire sur le voisinage et on déterminera X_{lbest} qui remplacera \hat{y}_i .

5.7. Paramètres de l'algorithme [28]

Six paramètres rentrent en ligne de compte :

1. La dimension du problème ;
2. Le nombre de particules (la taille d'essaim) N ;
3. Les valeurs des coefficients c_1, c_2 ;
4. La taille du voisinage ;
5. La vitesse maximale ;
6. L'inertie w .

Les quatre premiers paramètres ont déjà été expliqués, dans ce qui suit l'intérêt est concentré plus particulièrement aux deux derniers.

5.7.1. Vitesse maximale [28], [29]

Pour éviter que les particules se déplacent trop rapidement d'une région à une autre dans l'espace de recherche, on fixe une vitesse maximale V_{max} . Ainsi si $v_{ij}(t)$ est la vitesse de la particule P_i au temps t dans la dimension j :

Si $v_{ij}(t) > V_{max}$ alors $v_{ij}(t) = V_{max}$.

5.7.2. Facteur d'inertie : [28]

Le facteur d'inertie w qui décroît en fonction du temps, est introduit pour contrôler l'influence de la vitesse obtenue au pas précédent. Un grand facteur d'inertie provoque une grande exploration de l'espace de recherche alors qu'un petit facteur d'inertie concentre la recherche sur un petit espace. La convergence n'est pas assurée quelques soient les valeurs de w et également de c_1 et c_2 , les études expérimentales [28] montrent que :

$$\frac{1}{2}(c_1 + c_2) - 1 < w \leq 1 \quad 3.6$$

5.8. Les avantages et Les inconvénients de l'OEP

5.8.1. Les avantages

- La convergence est rapide.
- Ses calculs sont très simples.
- L'OEP a un caractère de mémorisation.
- Le nombre de paramètres à ajuster.

5.8.2. Les inconvénients

L'OEP et d'autres algorithmes de recherche stochastiques ont deux principaux inconvénients:

Le premier inconvénient est que l'essaim peut prématurément converger ;

- Quand des individus attirent l'essaim vers un optimum local,
- Une mauvaise initialisation de la population

Le deuxième inconvénient est que les approches stochastiques ont un problème de dépendance. Cette dépendance résulte habituellement des arrangements de paramètres de chaque algorithme. Ainsi, en utilisant de différents arrangements de paramètres pour un seul algorithme de recherche stochastique on obtient des résultats de haute performance. Mais en général, l'arrangement d'un paramètre ne peut être appliqué à tous les problèmes.[30]

6. Les Algorithmes génétiques

6.1. Introduction

Les algorithmes génétiques sont construits en s'inspirant du mécanisme de sélection naturelle de Darwin et des méthodes de combinaison de Mendel, pour résoudre des problèmes et affronter des situations difficiles tels que la situation imprévue, l'environnement inconnu, contraintes changeantes induites par l'environnement.

Cette méthode travaille sur une population de nombreuses solutions potentielles, toutes différentes. Elle élimine les éléments les plus faibles pour favoriser la conservation et la reproduction des individus les plus "performants" (les plus "justes", les mieux adaptés). La recombinaison (reproduction par hybridation génétique) des individus les plus forts permet de donner naissance à des individus encore meilleurs d'une génération à la suivante. [51].

6.2. Les concepts importants des algorithmes génétiques.

6.2.1. Définition

Les algorithmes génétiques (AGs) sont des algorithmes d'optimisation stochastique fondés sur les mécanismes de la sélection naturelle et de la génétique. Leur fonctionnement est extrêmement simple. On part avec une population de solutions potentielles (chromosomes) initiales arbitrairement choisies. On évalue leur performance (fitness) relative. Sur la base de ses performances on crée une nouvelle population de solutions potentielles en utilisant des opérateurs évolutionnaires simples : la sélection, le croisement et la mutation. On recommence ce cycle jusqu'à ce que l'on trouve une solution satisfaisante.

Un algorithme génétique recherche le ou les extremis d'une fonction définie sur un espace de données. Pour l'utiliser, on doit disposer des cinq éléments suivants [51]:

- 1- Un principe de codage de l'élément de la population. Cette étape associe à chacun des points de l'espace d'état une structure de données. Elle se place généralement après une phase de modélisation mathématique du problème traité. La qualité du codage des données conditionne le succès des algorithmes génétiques. Le codage binaire a été très utilisé à l'origine. Les codages réels sont désormais largement utilisés, notamment dans les domaines applicatifs pour l'optimisation de problèmes à variables réelles.
- 2- Un mécanisme de génération de la population initiale. Ce mécanisme doit être capable de produire une population d'individus non homogène qui servira de base pour les générations futures. Le choix de la population initiale est important car il peut rendre plus ou moins rapide la convergence vers l'optimum global. Dans le cas où l'on ne connaît rien du problème à résoudre, il est essentiel que la population initiale soit répartie sur tout le domaine de recherche.
- 3- Une fonction à optimiser. Celle-ci retourne une valeur de \mathfrak{R}^+ , appelée fitness ou fonction d'évaluation de l'individu.
- 4- Des opérateurs permettant de diversifier la population au cours des générations et d'explorer l'espace d'état. L'opérateur de croisement recompose les gènes d'individus existant dans la population, l'opérateur de mutation a pour but de garantir l'exploration de l'espace d'états.

- 5- Des paramètres de dimensionnement : Taille de la population, nombre total de générations ou critère d'arrêt(itération maximal) , probabilités d'application des opérateurs de croisement p_c et de mutation p_m .

6.2.2. Population

Une population est un ensemble de chromosomes codant un ensemble de solutions potentielles du problème à résoudre à l'aide d'un mécanisme approprié du codage.

La taille de la population initiale est également laissée à l'appréciation du programmeur. Il n'est souvent pas nécessaire d'utiliser des populations démesurées. Une taille de 100 ou 150 individus s'avèrera souvent amplement suffisante, tant pour la qualité des solutions trouvées que pour le temps d'exécution de notre algorithme. Evidemment, ce n'est qu'un ordre de grandeur. Ensuite, on peut de modifier la taille de la population initiale en fonction du problème à résoudre si les solutions trouvées ne conviennent pas [31]

6.2.3. Chromosome (ou individu)

Nous appelons une séquence (chromosome, individu) A de longueur $l(A)$.

Une suite $A = a_{i_1} ; a_{i_2} ; \dots ; ;$ avec $\forall i \in [1, l] a_i \in V = \{0,1\}$

Un chromosome est donc une chaîne de caractère qui représente une solution possible dans l'espace des solutions. Chaque chromosome comprend un nombre de gènes égal aux variables à optimiser.

6.2.4. Codage des chromosomes

Le mécanisme de codage est fondamental pour la structure des algorithmes génétiques, il dépend de la nature des variables du problème à coder [32]. Chaque paramètre d'une solution est assimilé à un gène, toutes les valeurs qu'il peut prendre sont les allèles de ce gène. On doit trouver une manière de coder chaque allèle différent de façon unique (établir une bijection entre l'allèle "réel" et sa représentation codée). On peut par exemple choisir de regrouper les paramètres similaires dans un même chromosome (chromosome à un seul brin) et chaque gène sera repérable par sa position : son locus sur le chromosome en question. Chaque individu est représenté par un ensemble de chromosomes, et une population est un ensemble d'individus.

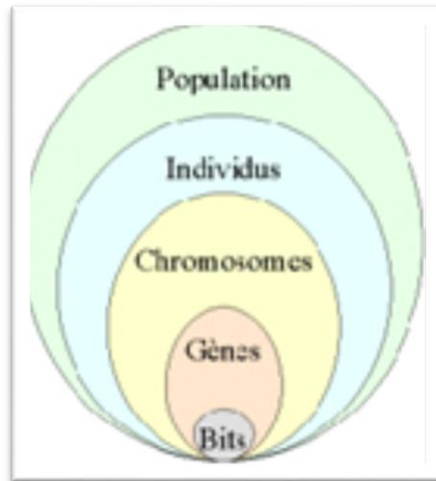


Figure 3. 5: Les cinq niveaux d'organisation d'un algorithme génétique

Il y a trois principaux types de codage utilisables, et on peut passer de l'un à l'autre relativement facilement :

- a) Le codage binaire : c'est le plus utilisé. Chaque gène dispose du même alphabet binaire {0, 1}, un gène est alors représenté par un entier long (32 bits), les chromosomes qui sont des suites de gènes sont représentés par des tableaux de gènes et les individus de notre espace de recherche sont représentés par des tableaux de chromosomes.
- b) Le codage réel : cela peut-être utile notamment dans le cas où l'on recherche le maximum d'une fonction réelle.

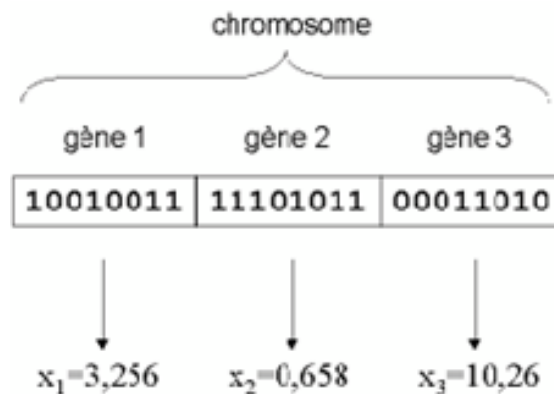


Figure 3. 6 : Illustration schématique du codage des variables réelles.

- c) Le codage Gray : dans le cas d'un codage binaire on utilise souvent la "distance de Hamming" comme mesure de la dissimilarité entre deux éléments de population. Cette mesure compte les différences de bits de même rang de ces deux séquences. Et c'est là que le codage binaire commence à montrer ses limites. En effet, deux éléments voisins

en termes de distance de Hamming ne codent pas nécessairement deux éléments proches dans l'espace de recherche. Cet inconvénient peut être évité en utilisant un "codage de Gray" : le codage Gray est un codage qui a comme propriété qu'entre un élément n et un élément $n + 1$, donc voisin dans l'espace de recherche, un seul bit diffère.

6.2.5. Fonction d'adaptation (Fitness d'une séquence)

La fonction d'adaptation ou la fonction d'évaluation ou encore la fonction fitness, fournit une mesure relative à un ensemble particulier de paramètres qui codent les chromosomes, c à d si on considère que x_1, x_2, \dots, x_n des caractères ou paramètres qui constituent un chromosome i et f la fonction d'adaptation de ce chromosome, alors $f(x_1, x_2, \dots, x_p)$ donne une valeur f_i pour le chromosome i . La valeur f_i dite valeur d'adaptation, représente toujours une performance de ce chromosome, c à d une valeur qui distingue les chromosomes qui représentent les solutions les plus proches de la solution optimale à ceux qui représentent les mauvaises solutions du problème.

Nous appelons donc *fitness* d'une séquence toute valeur positive que nous noterons $f(A)$, où f est typiquement appelée fonction de fitness. Les chromosomes ou individus les plus adaptés possèdent des valeurs d'adaptation importantes.

6.3. Principes

Le principe de base est de simuler l'évolution d'une population de solutions avec les règles citées ci-dessus en vue d'obtenir une solution, ou un ensemble de solutions les plus adaptées au problème. " A chaque génération, un nouvel ensemble de créatures artificielles est créé en utilisant des parties des meilleurs éléments de la génération précédente ; ainsi que des parties innovatrices à l'occasion. ", [51]. La figure de la page suivante montre le déroulement d'un algorithme génétique standard.

Les phases sont les suivantes :

- Etape 1 : Créer la population initiale et évaluer chacun de ses individus.
- Etape 2 : Sélectionner les individus à utiliser pour construire la population fille.
- Etape 3 : Effectuer une recombinaison des individus sélectionnés à l'aide des opérateurs de croisement et de mutation.
- Etape 4 : Evaluer les nouveaux individus et établir la population fille.

- Etape 5 : Recommencer à l'étape 2 tant que la condition d'arrêt n'est pas remplie.

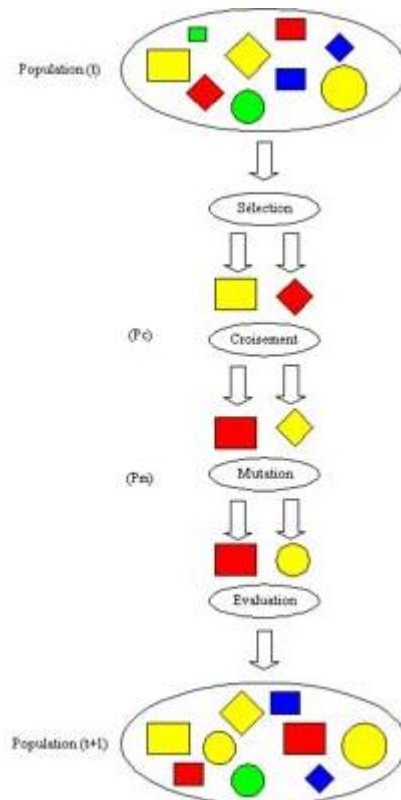


Figure 3. 7 : Principe d'algorithme génétique

L'évaluation des individus, dénommés également chaînes ou chromosomes, s'effectue à l'aide d'une fonction d'évaluation, la fitness ou valeur sélective. Celle-ci détermine, en fonction du génotype de l'individu, sa valeur au sein d'une population d'individus, dans un contexte donné. La définition de cette fonction est donc capitale pour déterminer si un individu est efficace ou non. Ainsi l'ensemble de l'algorithme est basé sur la cohérence et le bien-fondé de cette fonction. Dans l'exemple de la figure précédente, la fitness des individus est élevée s'ils combinent les caractéristiques 'couleur : jaune', 'forme : cercle' et 'taille : grande'. La population obtenue possède donc de meilleurs éléments que la population initiale.

Les conditions d'arrêt de l'algorithme sont variables, temps limité, optimum atteint, stabilisation de la population en divers points locaux ...

L'évolution de la population passe par l'emploi de trois opérateurs primaires : la sélection, le croisement et la mutation. Composés dans ce même ordre, ils aboutissent à la création d'une nouvelle population d'individus.

6.3.1. Sélection

La sélection est le choix des individus pour la reproduction. Cet opérateur est chargé de définir quels seront les individus de P qui vont être dupliqués dans la nouvelle population P' et vont servir de parents (application de l'opérateur de croisement). Soit n le nombre d'individus de P, on doit en sélectionner n/2 (l'opérateur de croisement nous permet de repasser à n individus).

L'opérateur de la sélection peut-être le plus important puisqu'il permet aux individus d'une population de survivre, de se reproduire ou de mourir. En règle générale, la probabilité de survie d'un individu sera directement reliée à son efficacité relative au sein de la population. [32]. Il existe plusieurs techniques de sélection. Voici les plus utilisées :

- a) Sélection par rang : Cette technique de sélection choisit toujours les individus possédant les meilleurs scores d'adaptation, le hasard n'entre donc pas dans ce mode de sélection. En fait, si n individus constituent la population, la sélection appliquée consiste à conserver les k meilleurs individus (au sens de la fitness) suivant une probabilité qui dépend du rang (et pas de la fitness).
- b) Probabilité de sélection proportionnelle à l'adaptation : (appelé aussi roulette ou roue de la fortune), Pour chaque individu, la probabilité d'être sélectionné est proportionnelle à son adaptation au problème. Afin de sélectionner un individu, on utilise le principe de la roue de la fortune biaisée. Cette roue est une roue de la fortune classique sur laquelle chaque individu est représenté par une portion proportionnelle à son adaptation. On effectue ensuite un tirage au sort homogène sur cette roue.
- c) Sélection par tournoi : Cette technique utilise la sélection proportionnelle sur des paires d'individus, puis choisit parmi ces paires l'individu qui a le meilleur score d'adaptation.
- d) Sélection uniforme : La sélection se fait aléatoirement, uniformément et sans intervention de la valeur d'adaptation. Chaque individu a donc une probabilité 1/P d'être sélectionné, où P est le nombre total d'individus dans la population.

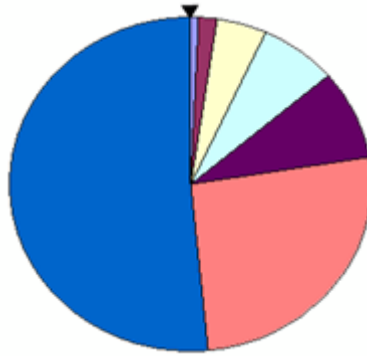


Figure 3. 8 : Schéma d'une roulette

6.3.2. Croisement

Lorsque la sélection est terminée, chaque individu a une probabilité P_c de se croiser avec un autre individu de la population. Une chaîne ne subissant aucun croisement est alors reproduite intégralement dans la population fille, à condition que l'opérateur de mutation n'intervienne pas non plus.

Le croisement n'apporte pas réellement de nouveauté au sein de l'algorithme génétique, son objectif est juste de brasser le patrimoine génétique déjà engrangé dans la population. Il existe cependant différentes méthodes pour croiser deux chromosomes.

- a) Croisement à un point : ce type de croisement est le plus standard dans les AG. Il consiste à choisir un emplacement aléatoirement sur une chaîne, et d'invertir tous les gènes d'un côté de ce point entre les deux chaînes, comme le montre la figure suivante

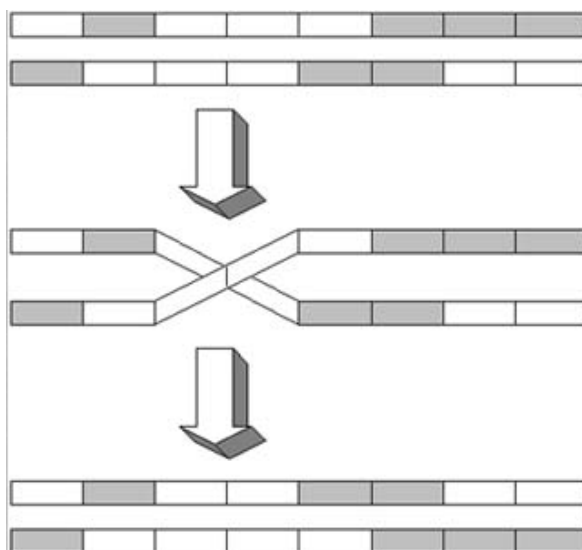


Figure 3. 9 : Croisement à un point

Le croisement à n points est une généralisation du croisement à un point avec n points de coupure sur les chaînes. Il s'agit alors de déterminer n points sur ces chaînes, puis d'échanger sur les chaînes les blocs entre ces points afin d'obtenir les enfants.

- b) Croisement arithmétique de chaînes à valeurs réelles : lorsque l'alphabet du codage est basé sur l'ensemble des entiers ou des réels, la méthode de croisement à n-points existe mais d'autres genres de croisements apparaissent. Ceux-ci se basent essentiellement sur une combinaison linéaire des deux individus à croiser. [51] propose un croisement dit arithmétique, explicité par l'équation suivante :

$$\forall i \in [0, l] \begin{cases} B1(i) = a * A1(i) + (1 - a)A2(i) \\ B1(i) = a * A2(i) + (1 - a)A1(i) \end{cases} \quad 3.7$$

Dans la version de base du croisement arithmétique, a est une valeur comprise entre 0 et 1.

6.3.3. Mutation

Cet opérateur consiste à apporter de l'innovation dans la population en modifiant un seul gène aléatoirement, comme le montre l'exemple de la figure suivante. Si toutes les chaînes possèdent une valeur identique sur le même gène, alors ni la reproduction, ni le croisement ne pourront créer un individu pourvu d'une différence au niveau de ce gène. La mutation permet des variations de cet ordre, rendant possible la sortie d'un optimum local. Bien que sa part dans les algorithmes génétiques soit moindre par rapport au croisement, son emploi est cependant indispensable.

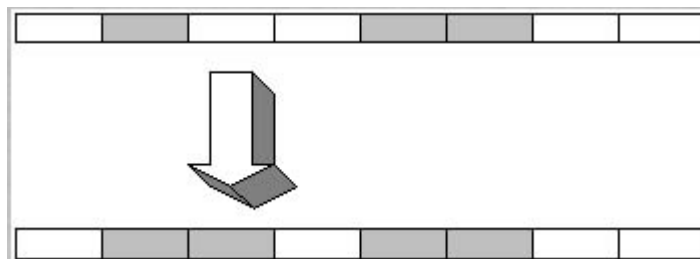


Figure 3. 10 : Opération de mutation

6.4. Fonctionnement de l'algorithme génétique

L'algorithme génétique et par une autre approche itérative recherche une autre génération à partir de l'ancienne, jusqu'à l'obtention d'une génération qui est mieux adaptées au problème à résoudre. Nous présentons l'algorithme général.

6.4.1. Algorithme général

Les AGs sont alors basés sur les phases suivantes :

- 1- Initialisation : Une population initiale de N chromosomes est tirée aléatoirement.
- 2- Évaluation : Chaque chromosome est décodé, puis évalué.
- 3- Sélection : Création d'une nouvelle population de N chromosomes par l'utilisation d'une méthode de sélection appropriée.
- 4- Reproduction : Possibilité de croisement et mutation au sein de la nouvelle population.
- 5- Retour à la phase d'évaluation jusqu'à l'arrêt de l'algorithme.

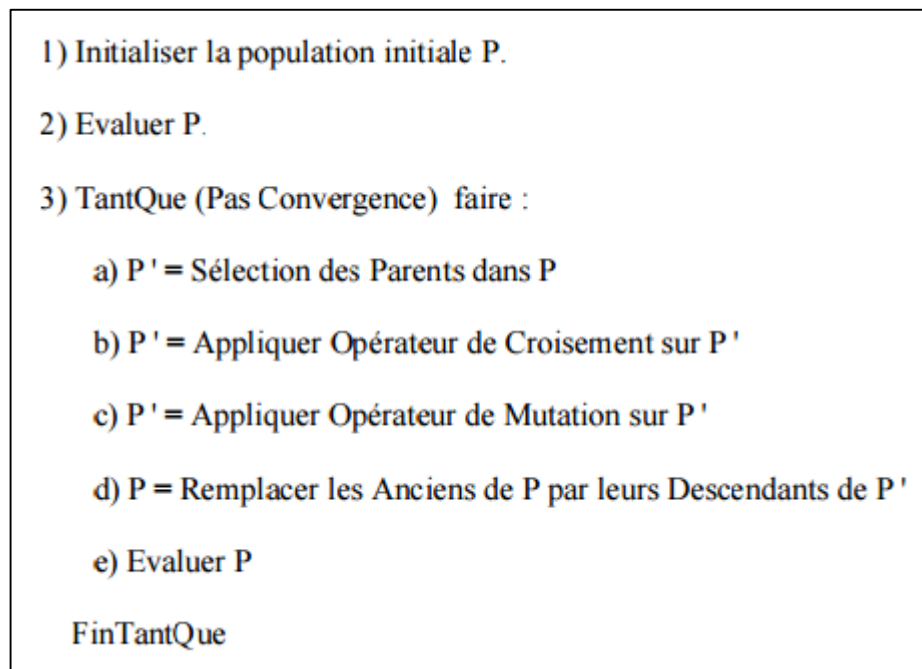


Figure 3. 11 : Algorithme génétique

L'algorithme décrit précédemment représente l'algorithme de base, mais bien d'autres variantes existent. Chaque utilisateur conçoit en général son propre algorithme génétique suivant sa propre application en ajoutant quelques caractéristiques qui en améliorent l'efficacité tout en conservant les principes de base.

Le principe général du fonctionnement d'un algorithme génétique est représenté sur la figure 3.12, on commence par générer une population d'individus de façon aléatoire. Pour passer d'une génération k à la génération $k+1$, les trois opérations suivantes sont répétées pour tous les éléments de la population k . Des couples de parents $P1$ et $P2$ sont sélectionnés en fonction de leurs adaptations. L'opérateur de croisement leur est appliqué avec une probabilité P_c (généralement autour de 0.6) et génère des couples d'enfants $C1$ et $C2$. D'autres éléments P sont sélectionnés en fonction de leur adaptation. L'opérateur de mutation leur est appliqué avec la probabilité P_m (P_m est généralement très inférieur à P_c) et génère des individus mutes $P0$. Le niveau d'adaptation des enfants ($C1$, $C2$) et des individus mutes $P0$ sont ensuite évalués avant insertion dans la nouvelle population. Différents critères d'arrêt de l'algorithme peuvent être choisis [33]

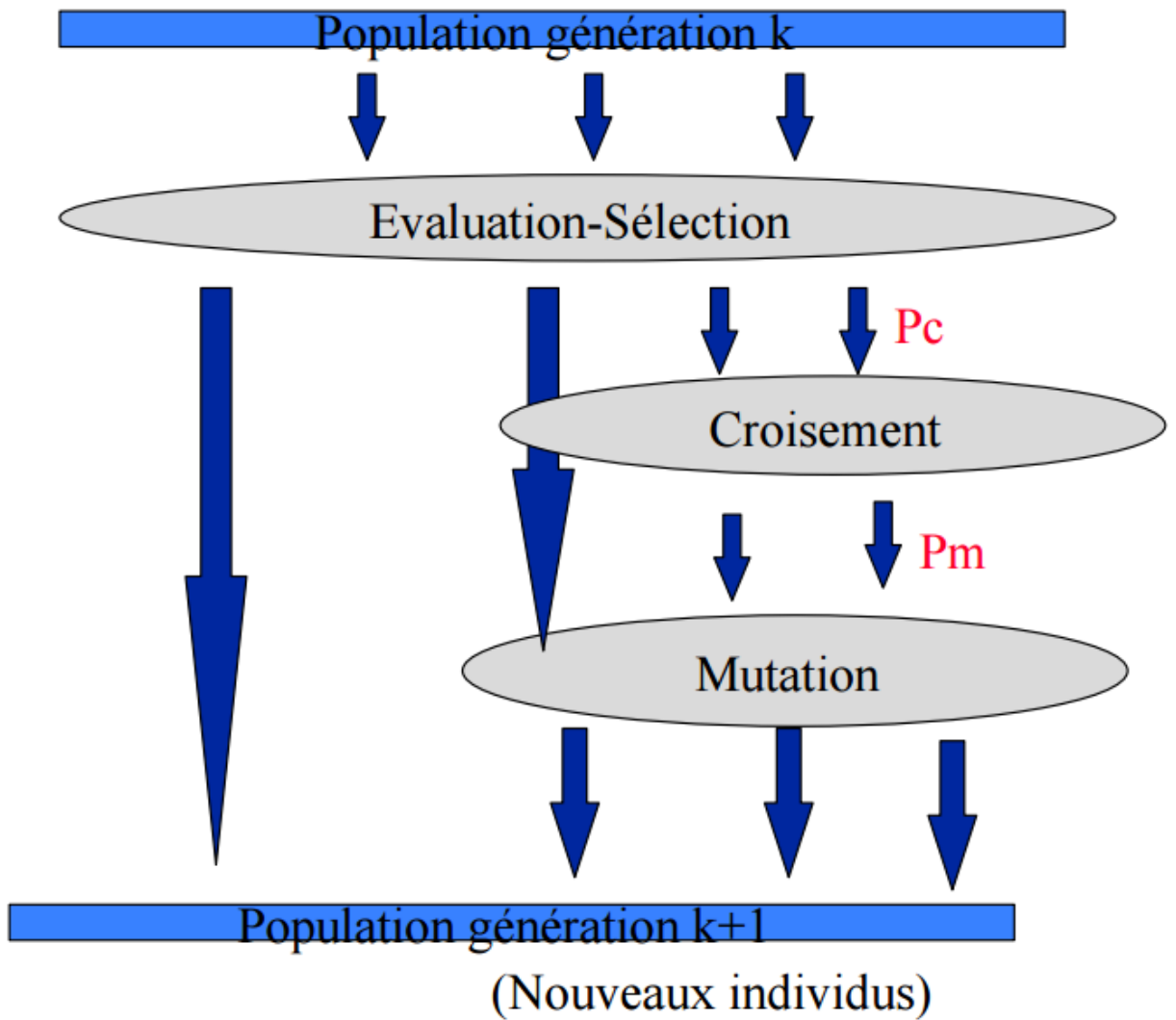


Figure 3. 12 : Principe général du fonctionnement d'un algorithme génétique

6.5. Domaines d'application des algorithmes génétiques

D'une façon générale, les applications des algorithmes génétiques sont multiples peuvent être utilisés pour :

- L'optimisation des fonctions numériques difficiles (discontinues, multimodales, bruitées).
- Le traitement d'images.
- Le contrôle des systèmes industriels
- Apprentissage des réseaux de neurones...etc.

6.6. Les avantages des algorithmes génétiques

- Equilibre entre exploration et exploitation de l'espace de recherche.
- Ils sont performants pour optimiser les réseaux de neurones.
- Ils peuvent traiter une large gamme de types de données.
- Les résultats sont explicites et faciles à analyser.
- L'utilisation minimale de l'information à priori.
- Ils s'adaptent bien aux problèmes d'optimisation.
- Le parallélisme.

7. Algorithme évolution différentielle (Differential Evolution DE)

7.1. Introduction

L'évolution différentielle que nous noterons DE pour des raisons de simplicité est une technique d'optimisation continue proposée par Storn et Price en 1997. Inspirée par les algorithmes génétiques (opérateurs de mutation et de croisement) et les stratégies géométriques de recherche, DE utilise des informations extraites de la population courante afin de déterminer l'évolution future de la recherche.[34]

7.2. Définition

L'évolution différentielle (Differential Evolution DE) est une technique d'optimisation stochastique à base de population de solutions, dans le but d'optimiser les fonctions à paramètres réels. Cette technique est caractérisée par sa simplicité et sa puissance en même

temps. L'évolution différentielle fait partie des algorithmes évolutionnaires. Elle est inspirée par les algorithmes génétique (opérateur de croisement et de mutation) et les stratégies géométriques de recherche de type Simplexe de Nelder-Mead. Une opération combinant la mutation et le croisement est appliqué à chaque individu, afin de faire évoluer la population de manière progressive jusqu'à obtenir des solutions satisfaisantes. La distinction entre les algorithmes génétiques et l'évolution différentielle réside dans la manière qui permet de créer de nouveaux individus.

7.3. Principe

DE est un algorithme basé sur une population comme les algorithmes génétiques, il utilise les mêmes opérateurs : croisement, mutation et sélection. La différence principale en construisant de meilleures solutions est que les algorithmes génétiques se fondent sur le croisement tandis que le DE se fonde sur l'opération de mutation, cette opération principale est basée sur la différence des paires de solutions aléatoirement prélevées dans la population [34]. L'algorithme utilise l'opération de mutation comme un mécanisme de recherche et l'opérateur de sélection pour diriger la convergence vers les régions éventuelles dans l'espace de recherche. DE utilise également un croisement non uniforme qui peut prendre des paramètres de vecteur d'enfant d'un seul parent. Dans DE, la population des vecteurs de solution d'une taille égale NP est aléatoirement créée au début. Cette population est améliorée avec succès en appliquant des opérateurs de mutation, de croisement et de sélection [34].

7.3.1. Opérateur mutation

Mutation est l'opérateur de base dans DE et par conséquent, tant d'efforts sont réalisés pour améliorer et développer cet opérateur. En effet, la mutation est la clé pour établir une distinction entre des variantes de DE en appliquant DE X / Y / Z notation où DE représente l'évolution différentielle, X représente le vecteur cible ou une base, Y désigne un nombre de vecteurs de différence, choisis au hasard, et Z indique le type de opérateur croisé [35].

Certaines des mutations bien connues de cette famille sont listés comme suit :

a) DE/rand/1

Cette notation indique que le vecteur à perturber est aléatoirement choisi et que la perturbation se compose sur une seule différence. Pour chaque individu x_{iG} $i = 1, 2, \dots, NP$ l'individu mute est généré par :

$$V_{i,G+1} = X_{r1,G} + F(X_{r2,G} - X_{r3,G}) \quad 3.8$$

b) DE/best/1

Comme la stratégie précédente compte que l'individu de la prochaine génération est produit par le meilleur membre de la population :

$$V_{i,G+1} = X_{best,G} + F(X_{r1,G} - X_{r2,G}) \quad 3.9$$

c) DE/local-to-best/1

Cette stratégie utilise l'élément i -ème (courante) et le meilleur membre, de la population précédente et aléatoirement population :

$$V_{i,G+1} = X_{i,G} + (X_{best,G} - X_{i,G}) + X_{r1,G} + F(X_{r2,G} - X_{r3,G}) \quad 3.10$$

Tels que :

$X_{i,G}$: Individu de la génération courante G .

F : constante de mutation $F \in [0,1]$.

$X_{r1,G}, X_{r2,G}, X_{r3,G}$: Sont aléatoirement choisis dans la génération courante et $r1 \neq r2 \neq r3 \neq i$.

7.3.2. Opérateur croisement

On croise une partie des individus de la population en "mélangeant" leurs génotypes selon l'opérateur de croisement défini. On obtient ainsi un ensemble de nouveaux individus appelés descendants (offsprings). Après mutation, le croisement est appliqué sur les individus par la règle suivante :

$$U_{i,j,G+1} = \begin{cases} V_{i,j,G+1} & \text{si } r \leq Cr \text{ et } jrnd == j \\ X_{i,j,G} & \text{sinon} \end{cases} \quad 3.11$$

Tels que :

Cr : probabilité de croisement $Cr \in [0,1]$.

$jrnd$: est un indice aléatoire tiré uniformément dans $\{1,2,\dots,D\}$.

r : nombre aléatoire $r \in [0,1]$.

7.3.3. Opérateur sélection

Concernant la sélection, toutes les solutions dans la population ont la même chance d'être sélectionnées comme des parents selon la fonction d'adaptation. Après les opérations de mutation et de croisement l'enfant est produit et évalué. Puis, la performance de l'enfant et son parent est comparée et le meilleur d'entre eux est choisi. Si le parent est encore meilleur, il est maintenu dans la population.

$$X_{i,G+1} = \begin{cases} U_{i,G+1} & \text{si } f(U_{i,G+1}) \leq f(X_i) \\ X_{i,G} & \text{sinon} \end{cases} \quad 3.12$$

Dans ce qui suit, nous présentons l'algorithme DE :

- 1) Initialiser la population X de solutions
 - 2) Evaluer chaque solution de la population X de solutions
 - 3) Fixer le nombre d'itérations.
 - 4) Fixer F et Cr
- Pour tous les individus i de la population X
- 5) mutation :
Générer aléatoirement r1, r2 et r3 avec $r1 \neq r2 \neq r3 \neq i$
Calculer la vecteur solution V_i par la relation (3.10)
 - 6) Croisement :
Générer un vecteur de solution U_i par la relation (3.11)
 - 7) sélection :
Evaluer le vecteur de solution U_i par relation (2.18)
Choisir la meilleure solution entre U_i et X_i par relation (3.12)
- Fin pour // i
Choisir la meilleure solution global G^*
Fin pour // itération
- 8) Production de la meilleure solution enregistré G^*

Figure 3. 13 : L'algorithme DE.

7.4. Domaines d'application

- Classification non supervisée des images.
- Clustering.
- Optimisation des fonctions non-linéaires.
- Optimisation multi-objectif avec contraintes multiples.
- Optimisation globale d'un processus non linéaire d'ingénierie chimique.

7.5. Les avantages de l'algorithme DE

L'algorithme d'évolution différentielle est caractérisée par :

- Sa robustesse ;
- Sa nature parallèle ;
- Son traitement simple ;
- Sa fiabilité ;
- Il y a peu de paramètres à régler ;
- Il est facile d'implémentation

8. Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté les méthodes d'optimisation basées sur la méta-heuristique et qui ont été utilisées dans la segmentation d'images. Ces méthodes sont divisées en deux classes : des méthodes à solution unique et des méthodes à population de solutions. Par la suite nous avons choisi et détaillé la méthode d'essaims de particules (PSO), l'algorithme génétique (GA) et l'évolution différentielle (DE) pour sa précision, sa simplicité et sa vitesse de convergence dans le but de résoudre le problème de segmentation d'images.

Chapitre 04: Tests et résultats

1. Introduction

Après avoir présenté les méthodes de segmentation d'images IRM et méthodes d'optimisation méta-heuristique dans les chapitres précédents, nous exposerons dans ce chapitre les résultats de méthode segmentation d'images IRM par FCM implémentée.

Afin de mieux évaluer les nombreuses méthodes programmées et de valider les résultats obtenus, nous avons choisi plusieurs images tests. Ces images sont des images DICOM de taille déférent codées sur 16bits.

2. Système de travail

Pour réaliser aisément notre application, nous avons choisi de travailler sous Matlab R2014a. Matlab pour « MATtrix LABoratory », 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 trois sous-fenêtres.

- En base à gauche, il y a une fenêtre contenant un onglet : Workspace, Le Workspace permet de gérer les variables utilisées.
- Ou milieu, il y a une grande fenêtre : Command Windows. La Command Windows est la fenêtre d'interaction avec Matlab.
- En gauche ; il y a une fenêtre contenant un onglet : Current Folder qui contient la hiérarchie de dossiers de Matlab.

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

- La syntaxe de Matlab, est simple et très parlante, elle est facile à assimiler.
- Matlab possède de nombreuses fonctions prédéfinies utiles en mathématiques que nous allons étudier au cours de ces travaux pratiques.
- Matlab facilite la manipulation des images médicale format DICOM.
- Matlab propose des commandes pour créer certaines matrices particulières très simplement.

- Toutes les fonctions et les opérations relatives aux matrices sont très optimisées et utiliser aussi souvent que possible.
- En plus des commandes, Matlab permet d'inclure dans des m-files des instructions de programmation classiques.

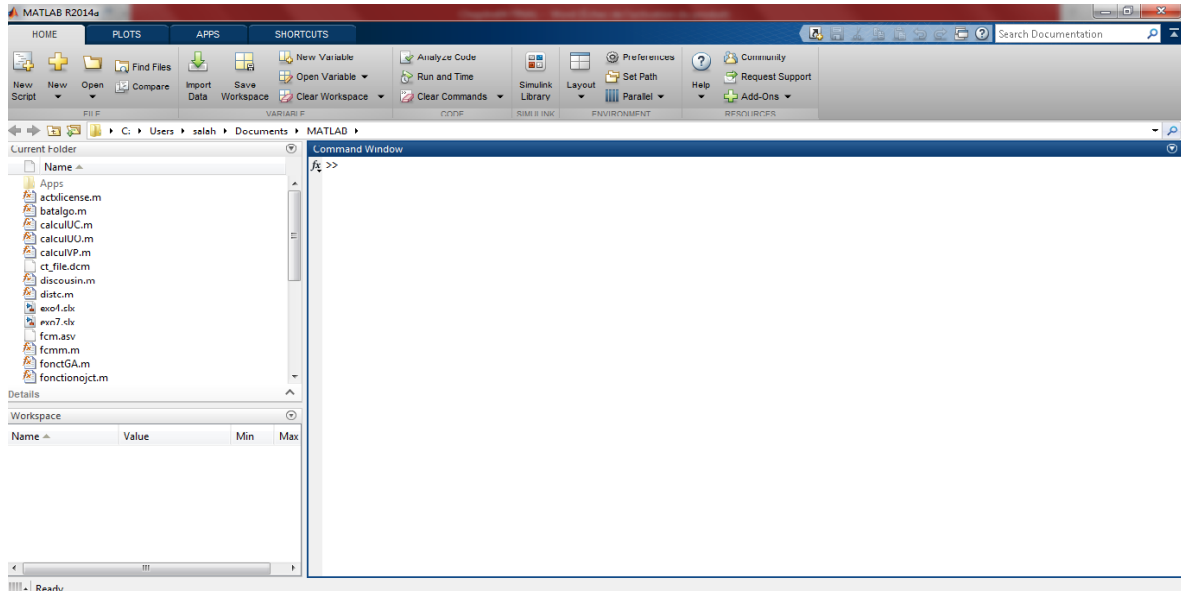


Figure 4. 1 : L'interface de MATLAB

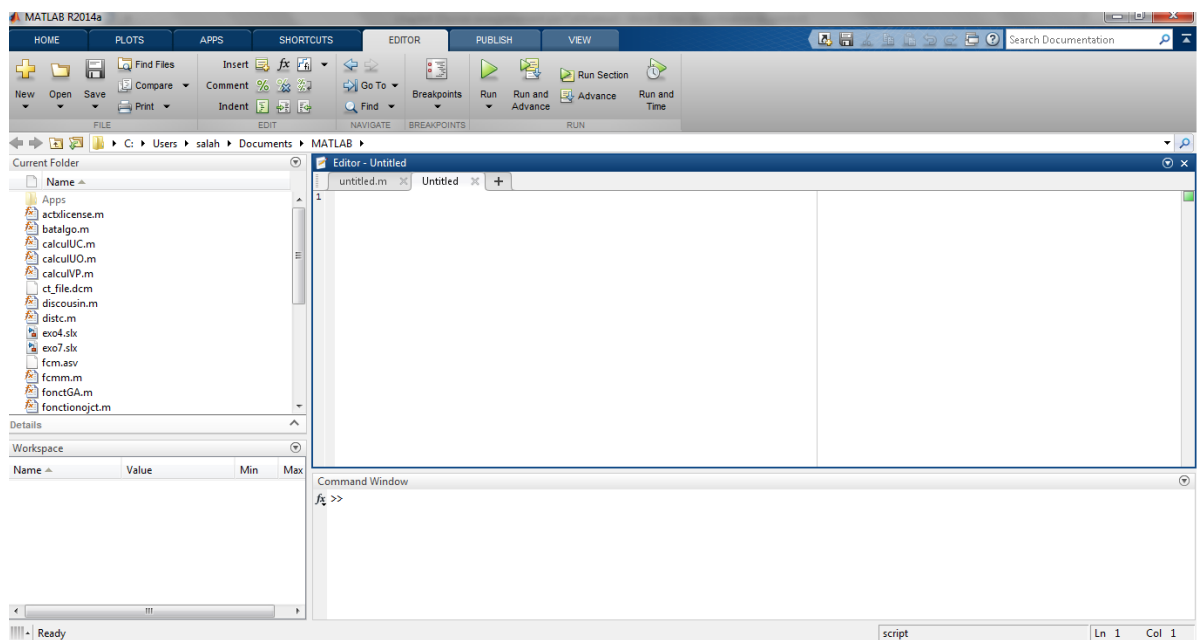


Figure 4. 2 : Le script de Matlab

3. Présentation et implémentation du système segmentation d'image IRM

Nous avons présenté les différentes phases de système implémenté comme suite :

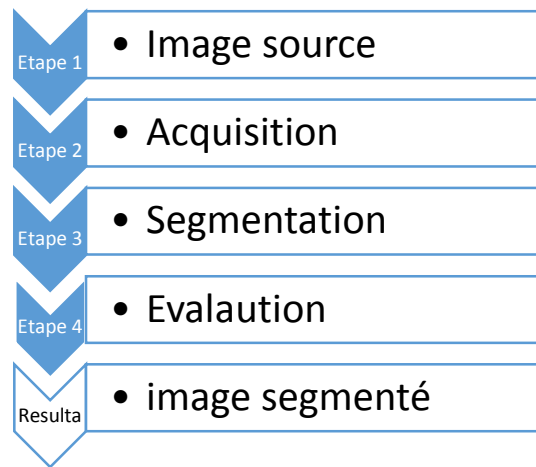


Figure 4. 3 : Processus de l'implémentation

3.1. Acquisition

Dans cette étape nous nous sommes intéressés sur la base de données utilisée dans notre travail.

La base de données avec laquelle on a travaillé est obtenue de « Centre d'Imagerie Médicale M'sila CIMM » de Dr GHADBANE Farés. Cette base consiste en un ensemble des images médicales réelles d'examen IRM de plusieurs examens du cerveau :

- Crane normale : constitué de 07 séquences, chaque séquence contient plusieurs images.
- Crane tumorale : constitué 09 séquences. Les examens pathologiques sont toujours effectué avec injection de produit de contraste « GADOLINIUM ».
- crane enfant 4ans enfant sexe homme : constitué 11 séquences.

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.

3.1.1. Format DICOM

Le format DICOM (Digital Imaging and Communication in Medecine) est un fichier utilisé par la plus part des fabricants de matériel de l'imagerie médicale ; cette norme a été émise par l'ACR (American College of Radiologie) en association avec la NEMA (National Electrical Manufacturers Association).

Le format DICOM est un dossier contient l'image et des données du patient compressée (non du patient, type d'examen, hôpital, date d'examen, type d'acquisition etc.).

Pour valider nos algorithmes de segmentation, nous utilisons une base de données réelle. Ces images sont codées dans le format DICOM de dimension 512x512 pixels. Ces images sont regroupées en 24 coupes. Elles sont obtenues par un examen d'IRM.

Nous avons regroupé toutes les informations pour chaque image en utilisant le logiciel MATLAB pour rassembler ces informations.

- Format : 'DICOM'
- Color Type : 'grayscale'
- Modality : 'MR'
- Manufacturer : 'GE MEDICAL SYSTEMS'
- Institution Name : 'Centre d'Imagerie Médicale M'sila CIMM »'
- Study Description: 'CEREBRAL'
- Series Description : 'AX FSE T1+C'
- Slice Thickness : 5
- Repetition time : 500
- Magnetic Field Strength : 15000
- Echo Time : 7.7360
- Spacing Between Slices : 6.5000
- Spatial Resolution : 1.2500
- Flip Angle : 90
- Pixel Spacing : [2x1 double]

Les figures suivantes illustrent les images séquence 1(T2), séquence 2(T1), séquence 3(T1) et deux séquences premières sont de cas tumeur et dernier séquence est de cas normal.

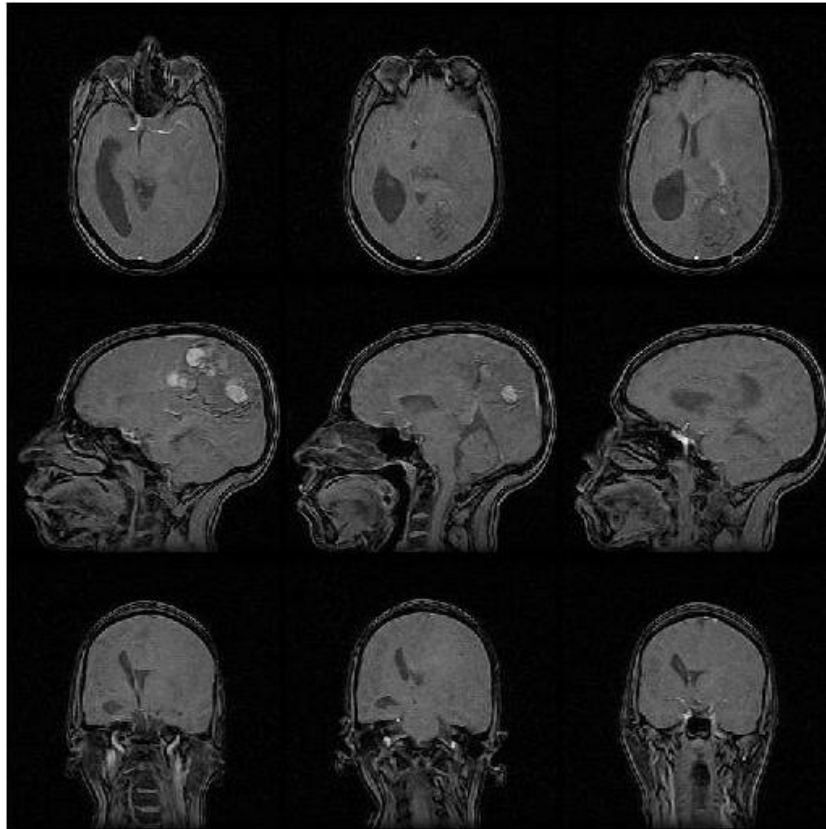


Figure 4. 4 : Quelques exemples différents des images médicales coupes (trois images axiales en haut ; trois images sagittales en milieu ; images coronales en bas) modalité T2

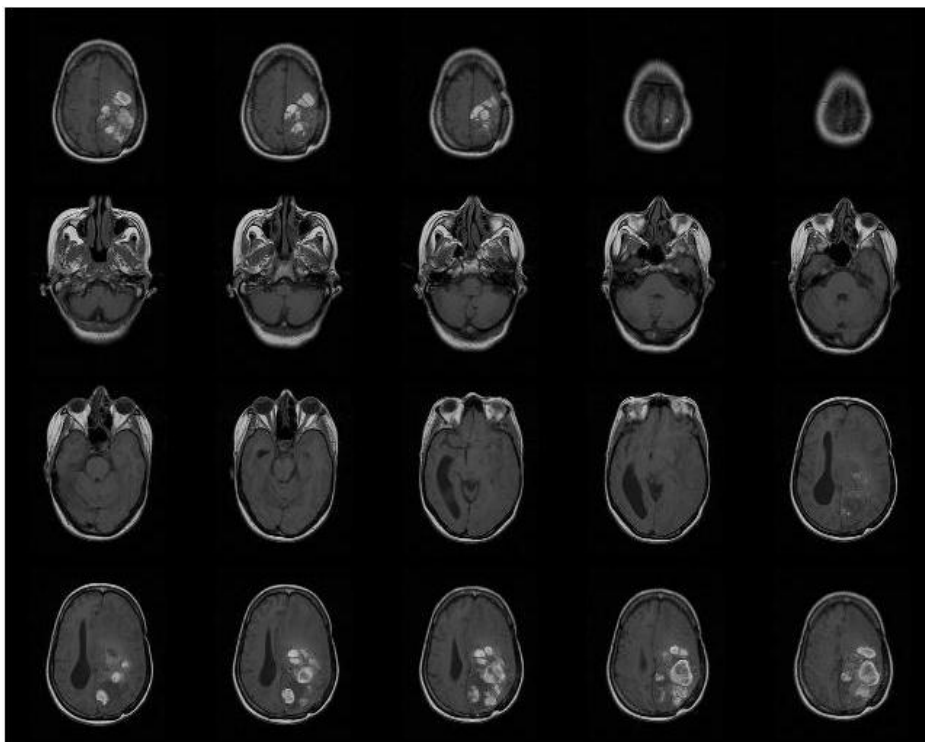


Figure 4. 5 : Quelques exemples différents des images médicales (coupe axiale modalité T1)

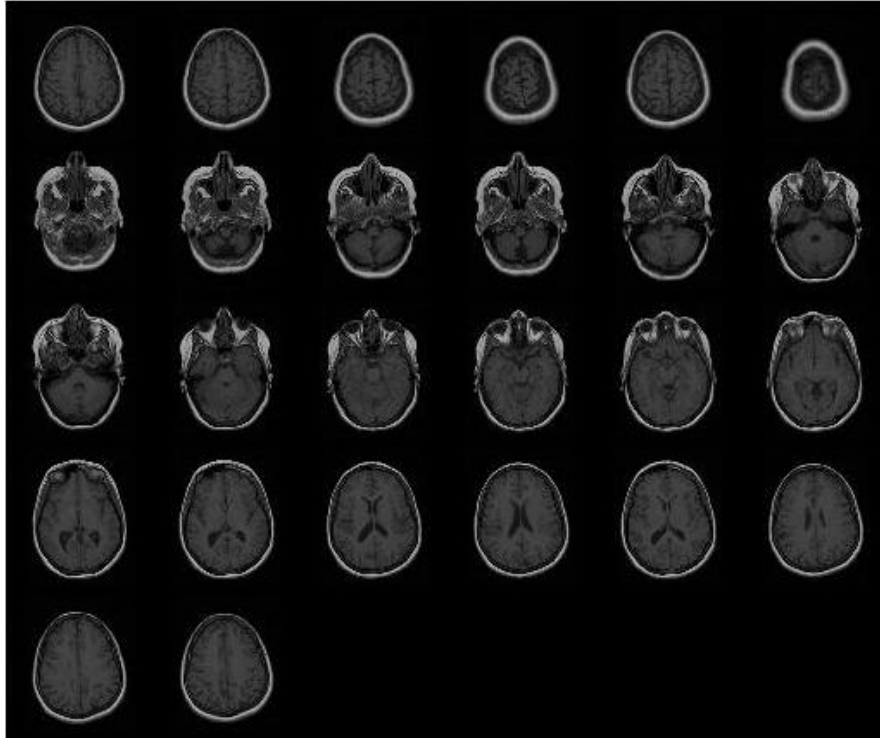


Figure 4. 6 : Quelques exemples différents des images normales médicales (coupe axiale modalité T1)

3.2. Segmentation

Dans cette étape nous utilisons deux approches de segmentation floue : FCM standard et FCM basée algorithmes évolution :

3.2.1. Méthode de C-moyennes FCM Standard

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

$$J_{FCM}(U, V) = \sum_{k=1}^K \sum_{i=1}^N \mu_{ik}^m d^2(x_i, v_k)$$

- K: le nombre de classes, connu a priori.
- N: la taille du vecteur de données (nombre de pixels à classer).
- μ_{ik} : le degré d'appartenance du pixel x_k à la classe i connue par son centroïde v_i .
- $d(\cdot)$: le degré de similitude, il peut être la distance Euclidienne.
- m : nombre réel >1 appelé degré de flou.

Mise à jour des degrés d'appartenance suivante :

$$\mu_{ik} = \frac{1}{\sum_{j=1}^K \left(\frac{d(x_i, v_k)}{d(x_i, v_j)} \right)^{\frac{2}{m-1}}}$$

D'où la formule de mise à jour des centres de classes :

$$v_k = \frac{\sum_{i=1}^N \mu_{ik}^m * x_i}{\sum_{i=1}^N \mu_{ik}^m}$$

1- Fixer les paramètres :

- K : nombre de classes ;
- ε : seuil représentant l'erreur de convergence (par exemple : = 0.001) ;
- m : degré de flou, généralement pris égal à 2 ;
- Tmax : itération max ;
- t=1;

2- Initialiser la matrice degrés d'appartenances U_0 par des valeurs aléatoires dans l'intervalle [0,1] :

- Calculer la matrice V_0 par la relation (2.22)
- Calcule fonction objective J_0 par la relation (2.18) ;

3- Mettre à jour la matrice degrés d'appartenances U_t par la relation (2.21)

4- Mettre à jour la matrice V_t (les centres) par la relation (2.22) ;

5- Calcule fonction objective J_t par la relation (2.18) ;

6- Incrémente la valeur de t ;

$$t = t + 1$$

7- Répéter les étapes 3 à 6 jusqu'à satisfaction du critère d'arrêt qui est :

$$(J_{t-1} - J_t) < \varepsilon \text{ ou } t \geq tmax$$

Les sorties : La matrice d'appartenance U et les centres des classes V et fonction d'objectif F.

3.2.2. Segmentation par FCM basé sur les algorithmes évolutionnaires

Dans ce travail, la segmentation floue est considéré commun problème d'optimisation alors on utilise trois algorithmes suivant: FCM basé sur OEP (FCM_PSO), Segmentation par FCM basé

sur génétiques (FCM_GA) et Segmentation par FCM basé sur algorithme de l'évolution différentielle(FCM_DE) pour trouver la meilleure partition.

La fonction objective de chaque d'algorithme même fonction d'objectif de la méthode FCM

$$J_{FCM}(U, V) = \sum_{k=1}^K \sum_{i=1}^N \mu_{ik}^m d^2(x_i, v_k)$$

a) Segmentation par FCM basé sur OEP (FCM_PSO)

La méthode de segmentation fuzzy c-means basée sur OEP (FCM_OEP) démarre avec un nombre de particules ou chaque particule représente une partition potentielle, i.e: l'ensemble des centres (centroïdes) est représenté par l'ensemble des positions de ces particules.

Etapes de l'algorithme comme suit :

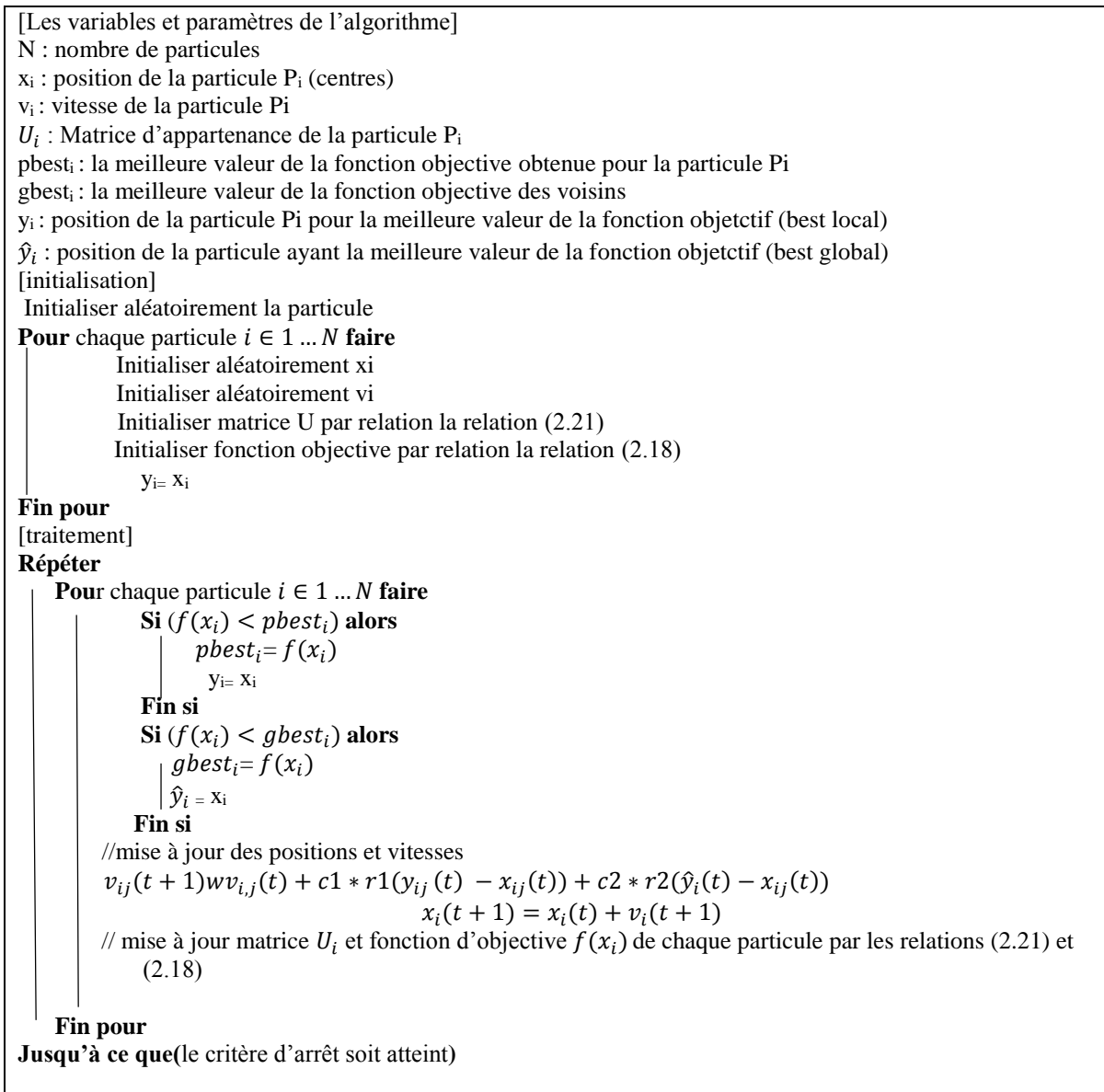


Figure 4. 7 : Etapes de l'algorithme FCM_OEP(FCM_PSO)

b) Segmentation par FCM basé sur génétiques (FCM_GA)

La méthode de segmentation fuzzy c-means basée sur génétiques (FCM_GA) démarre avec un nombre de populations ou chaque population représente une partition potentielle, i.e: l'ensemble des centres (centroïdes) est représenté par l'ensemble des individus de ces populations.

Le principe de fonctionnement de l'algorithme est représenté par le pseudo code suivant :

Algorithme génétique :

N : Nombre de population

x_i : individu de la population P_i (centres)

U_i : Matrice d'appartenance de la population P_i

$f(x_i)$: Fonction d'objective de la population P_i

Fixé la probabilité de croisement (p_c) et mutation (p_m)

t=1

Initialiser aléatoirement la population

Pour chaque population $i \in 1 \dots N$ faire

Initialiser aléatoirement x_i

Initialiser matrice U_i par relation la relation (2.21)

Initialiser fonction objective par relation la relation (2.18)

Fin pour

Tant que ($t < \text{max-génération}$) **faire**

Pour chaque population $i \in 1 \dots N$ faire

Sélections deux parents pour le croisement (P_1, P_2) 'Sélection par rang'

Si $p_c > rand$ alors Croisement P_1 et P_2 par la relation (3.7) **Fin**

Si $p_m > rand$ alors Mutation **Fin**

- Mise à jour matrice U_i et fonction d'objective $f(x_i)$ par les relations (2.21) et (2.18) de population P_i

Fin

- Sélectionner les meilleures solutions actuelles pour la nouvelle génération $t=t+1$

- Sélectionner la meilleure solution globale

- $t=t+1$;

Fin

Figure 4. 8 : Etapes de l'algorithme FCM_GA

c) Segmentation par FCM basé sur algorithmes de l'évolution différentielle (FCM_DE)

La méthode de segmentation fuzzy c-means basée sur génétiques (FCM_DE) démarre avec un nombre de populations ou chaque population représente une partition potentielle, i.e: l'ensemble des centres (centroïdes) est représenté par l'ensemble des individus de ces populations.

- 1) Initialiser la population P de solutions
 - 2) Evaluer chaque solution de la population X de solutions
 - 3) Fixer le nombre d'itérations.
 - 5) Fixer F et Cr entre 0 et 1
- Répéter**
- Pour** tous les individus i de la population P **faire**
- 5) **mutation :**
Générer aléatoirement $r1, r2$ et $r3$ avec $r1 \neq r2 \neq r3 \neq i$
Calculer la vecteur solution V_i par la relation (3.10)
 - 6) **Croisement :**
Générer un vecteur de solution u_i par la relation (3.11)
 - 7) **sélection :**
Evaluer le vecteur de solution u_i par relation (2.18)
Choisir la meilleure solution entre u_i et X_i par relation (3.12)
- Fin pour** // i
Choisir la meilleure solution global G^*
- Jusqu'à ce que**(le critère d'arrêt soit atteint)
- 8) Production de la meilleure solution enregistré G^*

Figure 4. 9 : Etapes de l'algorithme FCM_DE

3.3. Évaluation

Nous considérons le cas où l'on ne dispose pas de vérité-terrain et où l'on cherche à évaluer la qualité relative de différentes segmentations. Tous les critères proposés à ce jour pour l'évaluation sans vérité-terrain.

L'évaluation sans vérité terrain est décomposée en deux critères d'évaluation : les critères d'évaluation visuelle qui consiste sur la vision humaine et des critères d'évaluation statistique.

3.3.1. Critère d'évaluation visuelle

L'analyse visuelle est nécessaire pour vérifier la qualité des images obtenues par la fusion, en effet, bien que le système visuel humain diffère d'un individu à un autre mais on peut voir l'injection des structures par une netteté accrue de l'image, et préservation de l'information spectrale par la composition colorée.

3.3.2. Critère d'évaluation statistique

Plusieurs paramètres statistiques sont utilisés pour l'analyse quantitative. Pour notre étude nous utilisons les paramètres suivants : l'entropie IE, PSNR,

- L'entropie de l'information IE

En anglais information Entropy est un critère qui mesure le degré d'information dans l'image, plus l'IE est grande, plus l'image diffuse d'information.

$$IE = - \sum_{i=0}^{L-1} P_f(i) * \log_2(P_f(i)) \quad (3.1)$$

Avec P_f le rapport du nombre de pixels avec la valeur de niveau de gris a sur le nombre total de pixels.

- Pic de signal sur bruit PSNR

Le PSNR (Peak Signal to Noise Ratio) est le rapport entre la puissance maximale du signal et la puissance du bruit qui affecte la fidélité de sa représentation. Il est défini par l'erreur quadratique moyenne (MSE) entre les deux images d'entrée I est l'image initiale et K est la version restaurée ou améliorée de I.

En conséquence, plus le PSNR est élevé, meilleure est le signal et donc le traitement de restauration ou d'amélioration.

Le PSNR est défini comme suit :

$$PSNR = 10 * \log_2\left(\frac{MAX^2}{MSE}\right) \quad (3.2)$$

Où le MSE (Mean Squared Error) est:

$$MSE = \frac{1}{m*n} \sum_{i=0}^{m-1} \sum_{j=0}^{n-1} [I(i,j) - K(i,j)]^2 \quad (3.3)$$

- I : est image original.
- MAX : est la valeur de pixel maximale possible de l'image I.
- K : est image segmenté.
- m: représente le nombre de lignes de pixels des images et i représente l'indice de cette ligne
- n: représente le nombre de colonnes de pixels de l'image et j représente l'indice de la colonne
- Le coefficient de la Partition V_{pc} et l'entropie de la partition V_{pe}

Développé par Bezdek, comme décrit dans la section précédente. Les inconvénients des coefficients V_{pc} et V_{pe} sont le manque de connexion directe à la structure géométrique des données, et leur tendance à diminuer avec le nombre c . En outre, l'idée principale des fonctions de validité est basé sur la géométrie des objets de la même classe doit être compact et dans des classes différentes doivent être séparés. Le coefficient de séparation proposée par Gunderson en 1978 est le premier indice de validité qui reflète explicitement les propriétés géométriques des données.

- coefficient de la Partition de V_{pc}

$$V_{pc} = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^K \sum_{i=1}^N u_{ik}^2 \quad (3.4)$$

- entropie de la partition V_{pe}

$$V_{pe} = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^K \sum_{i=1}^N [u_{ik} \log_2(u_{ik})] \quad (3.5)$$

4. Résultats et discussion

Dans cette étape on présente les tests effectués pour évaluer la performance de la segmentation. Dans nos tests on a utilisé trois séquences d'images :

- 1- Séquence 1 : 9 images avec tumorale déferent coupes (axiale, sagittale, coronal) modalité T2.
- 2- Séquence 2 : 20 images avec tumorale de coupe axiale et modalité T1.
- 3- Séquence 3 : 26 images sans tumorale de coupe axiale et modalité T1.

Pour l'évaluation de la segmentation obtenue par la méthode FCM standard, FCM base sur OEP(FMC_PSO), FCM base sur génétique(FCM_GA) et FCM base sur évolution différentiel(FCM_DE) on a utilisé quatre critères qui sont : fonction d'objective, L'entropie de l'information IE, Pic de signal sur bruit PSNR, coefficient de la partition V_{pc} et l'entropie de la partition V_{pe} .

Pour les exemples sains on emploi une valeur de nombre de classe k ($K=4$) et pour le cas tumoral K prends la valeur 5 (cinq classes : matière blanche, matière grise, liquide céphalo-rachidien et la tumeur).

Les figures suivantes illustrent les images de toutes séquences segmentées par méthode FCM standard

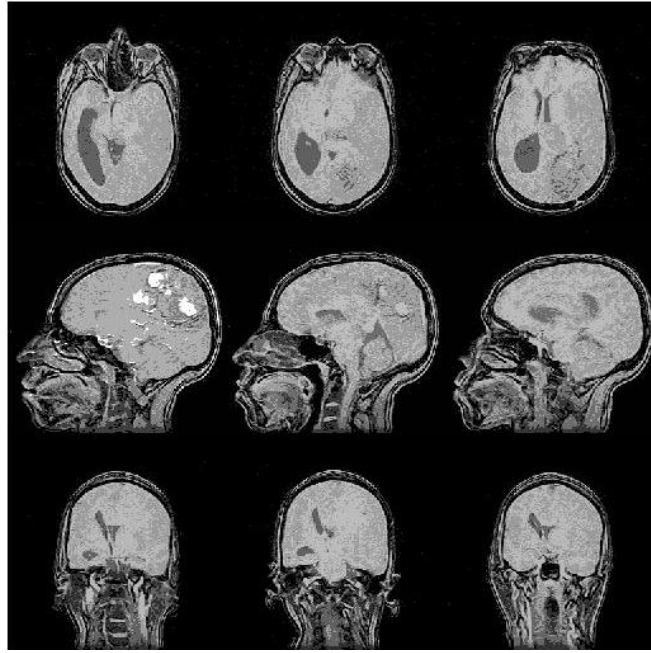


Figure 4. 10 : Résultats de segmentation de séquence 1 par FCM standard.

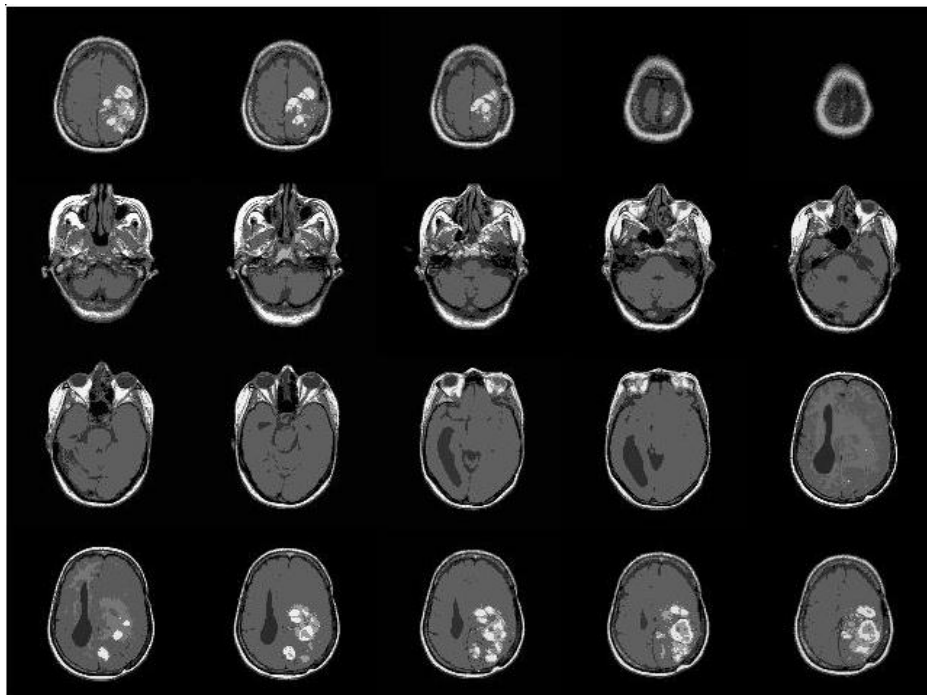


Figure 4. 11 : Résultats de segmentation de séquence 2 par FCM standard.

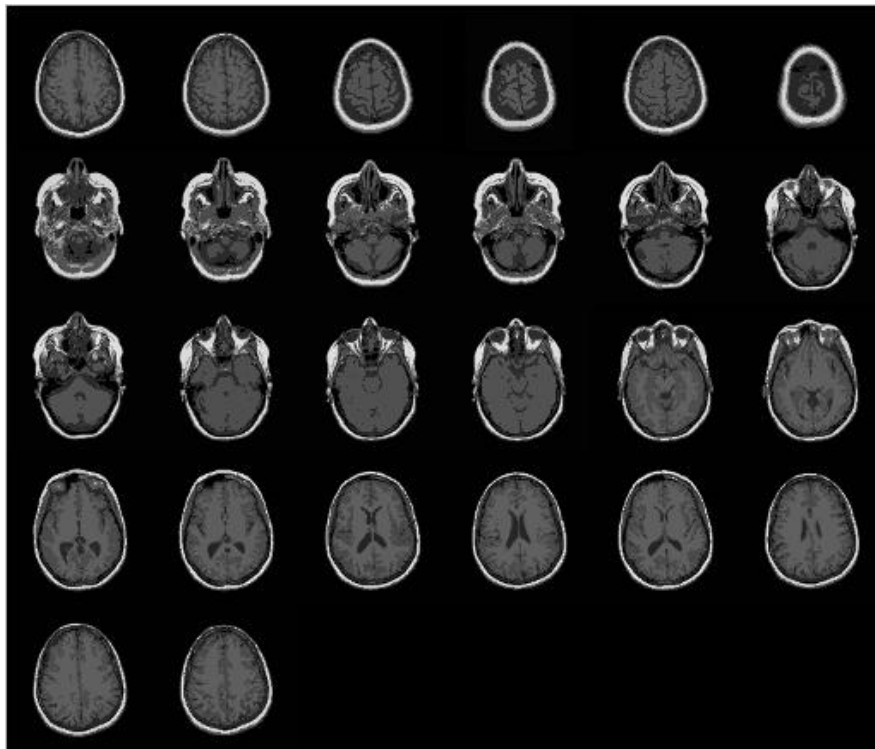


Figure 4. 12 : Résultats de segmentation de séquence 3 par FCM standard.

Les tableaux ci-dessous, présentent les résultats d'application des critères (PSNR, IE, Vpc, Vpe) de la méthode fuzzy c-means FCM standard

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	31.19	1.351	0.86767	0.38484
2	32.383	1.3187	0.85875	0.40147
3	32.909	1.4347	0.82979	0.46149
4	28.133	1.7736	0.84171	0.46086
5	28.437	1.6727	0.82766	0.49576
6	30.577	1.6357	0.83254	0.48089
7	29.594	1.3436	0.87323	0.372
8	31.509	1.2915	0.87562	0.36391
9	31.085	1.3028	0.87526	0.3661
MOYENNE	30.646	1.4583	0.85358	0.42081
ECART_TYPE	30.182	0.83585	0.35299	0.49112

Tableau 4. 1 : Résultats d'évolution de séquence 1 de segmentation par FCM standard.

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	29.468	1.7509	0.80445	0.50194
2	31.692	1.0909	0.94084	0.17725
3	32.059	1.0235	0.94323	0.16989
4	33.172	0.77738	0.95604	0.13168
5	33.537	0.58311	0.96587	0.10492
6	29.656	1.3396	0.90577	0.2725
7	29.541	1.3627	0.9047	0.27825
8	29.867	1.3651	0.90206	0.28514
9	30.085	1.3469	0.90843	0.26994
10	30.461	1.333	0.91462	0.25271

11	29.691	1.4195	0.89116	0.30878
12	31.204	1.325	0.92363	0.23107
13	30.007	1.4346	0.89461	0.29836
14	29.207	1.8245	0.83365	0.44535
15	29.866	1.7778	0.81862	0.47441
16	31.305	1.3428	0.91563	0.24776
17	31.422	1.2912	0.93137	0.21042
18	31.198	1.2666	0.92894	0.21552
19	31.038	1.2454	0.92871	0.21465
20	31.246	1.2071	0.92948	0.21164
MOYENNE	30.786	1.3054	0.90709	0.26511
ECART_TYPE	30.305	0.69451	0.28728	0.4294

Tableau 4. 2 : Résultats d'évolution de séquence 2 de segmentation par FCM standard.

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	29.979	1.4442	0.90563	0.27204
2	29.935	1.3818	0.9094	0.26186
3	31.192	1.1681	0.93674	0.18917
4	31.428	1.0794	0.94166	0.17606
5	29.789	1.2968	0.91367	0.25108
6	31.105	0.95344	0.9418	0.17272
7	29.002	1.3675	0.89837	0.29581
8	28.914	1.3646	0.89901	0.29474
9	29.379	1.3581	0.89994	0.28825
10	29.377	1.3587	0.89988	0.29171
11	29.632	1.3482	0.90153	0.28819
12	30.82	1.3798	0.90109	0.28819
13	30.017	1.3761	0.9034	0.28278
14	30.03	1.3845	0.90584	0.27575
15	29.173	1.4705	0.88521	0.32791
16	30.198	1.4075	0.90902	0.26978
17	28.882	1.5291	0.88302	0.3323
18	29.258	1.5406	0.88712	0.32167
19	29.916	1.5495	0.89124	0.31079
20	29.813	1.5419	0.89367	0.30322
21	30.533	1.5526	0.89912	0.28896
22	30.685	1.5406	0.89923	0.28795
23	30.059	1.5416	0.89577	0.29801
24	30.413	1.5196	0.90374	0.27607
25	30.467	1.502	0.90218	0.27877
26	30.241	1.4803	0.90066	0.28356
MOYENNE	30.009	1.4014	0.90415	0.27721
ECART_TYPE	29.513	0.76419	0.29401	0.44584

Tableau 4. 3 : Résultats d'évolution de séquence 3 de segmentation par FCM standard.

Les histogrammes ci-dessous correspondent aux tableaux précédent, de plus représente la moyenne et l'écart type des critères (PSNR, Vpc, Vpe,IE) de la méthode FCM standard illustré dans les figures : 4.25 ,4.26 ,4. 27, 4.28 ,4.30 ,4.31, 4.32, 4.33.

Les figures suivantes illustrent les images de toutes séquences segmentées par méthode FCM base sur génétique (FCM_GA)

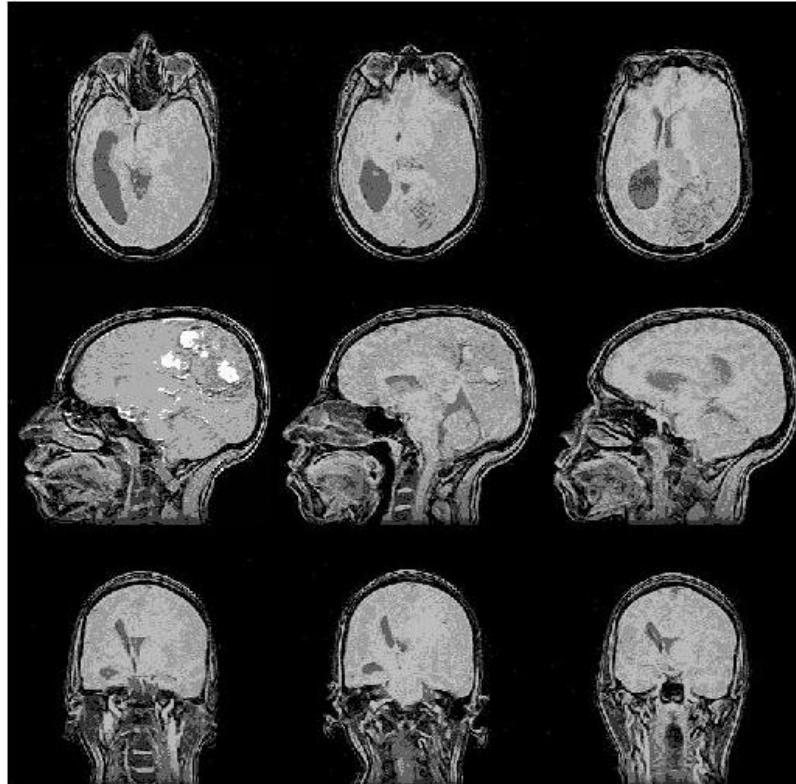


Figure 4. 13 : Résultats de segmentation de la séquence 1 par FCMGA

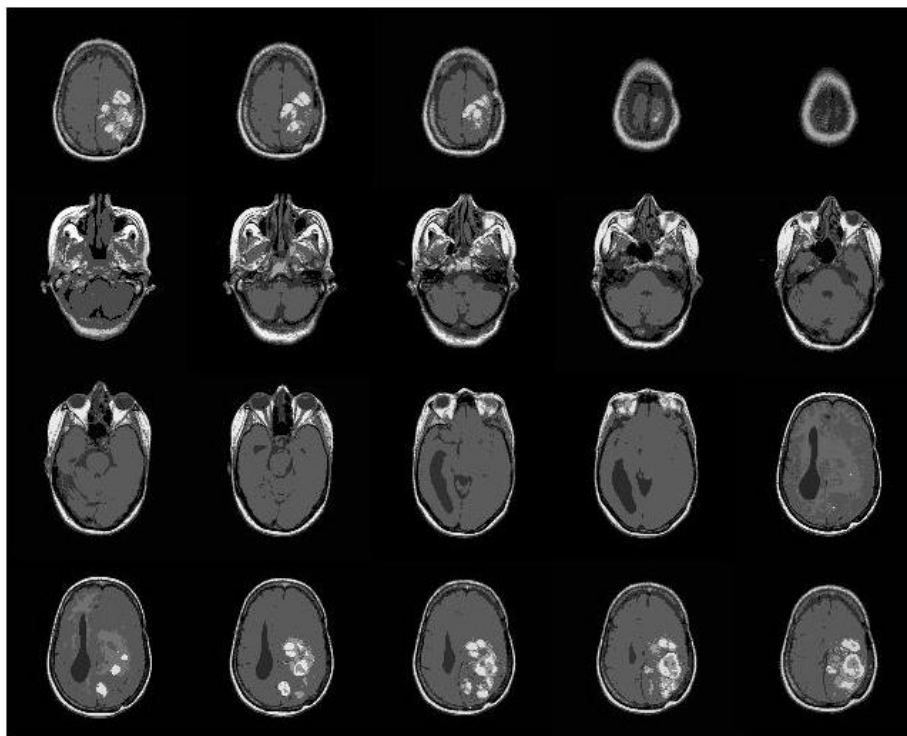


Figure 4. 14 : Résultats de segmentation de la séquence 2 par FCMGA

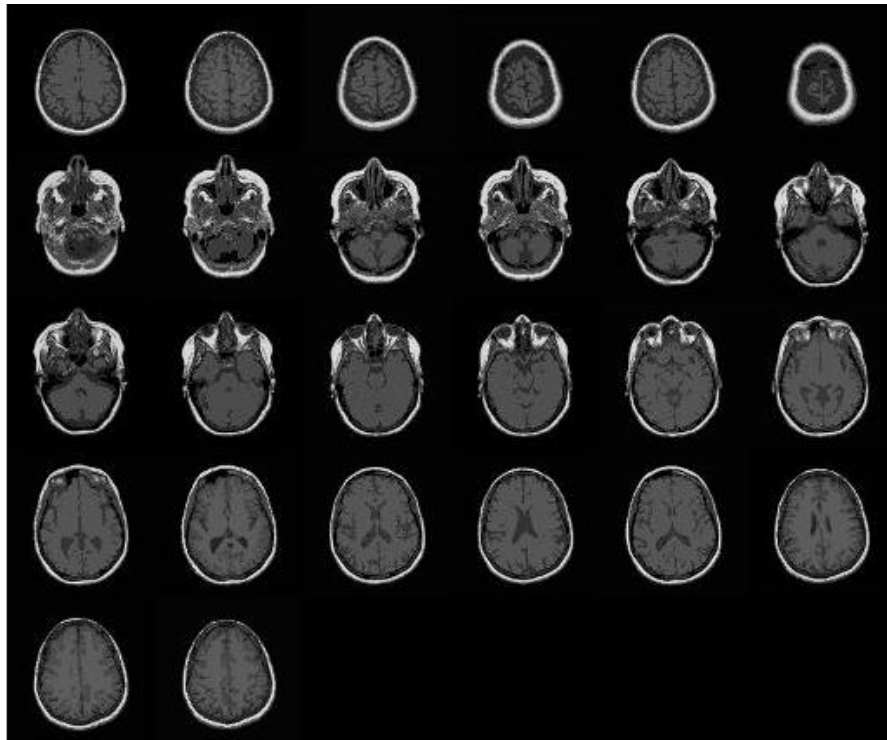


Figure 4. 15 : Résultats de segmentation de la séquence 3 par FCMGA

Les tableaux ci-dessous, présente les résultats d'application critères (PSNR, IE, Vpc, Vpe) de la méthode FCMGA .

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	32.227	1.3586	0.88558	0.32947
2	33.38	1.2939	0.89228	0.31181
3	33.714	1.2719	0.89058	0.31576
4	27.712	1.7246	0.82784	0.48929
5	28.958	1.6521	0.83363	0.47308
6	31.368	1.5976	0.84317	0.45017
7	30.092	1.3649	0.88419	0.33438
8	32.273	1.3056	0.88738	0.3256
9	32.001	1.2649	0.89181	0.31632
MOYENNE	31.303	1.426	0.87072	0.37177
ECART_TYPE	30.857	0.79771	0.33452	0.47803

Tableau 4. 4 : Résultats d'évolution de séquence 1 segmentation par FCM_GA.

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	31.487	1.1714	0.93315	0.19905
2	31.692	1.0909	0.94084	0.17726
3	32.059	1.0235	0.94323	0.16989
4	33.173	0.77738	0.95603	0.13172
5	33.537	0.58311	0.96587	0.1049
6	29.655	1.3401	0.90576	0.27253
7	29.541	1.3627	0.9047	0.27826
8	29.867	1.3651	0.90207	0.28514
9	30.085	1.3469	0.90843	0.26994
10	30.461	1.333	0.91462	0.25271

11	31.005	1.3325	0.91872	0.24102
12	31.204	1.325	0.92363	0.23107
13	31.014	1.342	0.92571	0.22623
14	30.274	1.4693	0.90051	0.28094
15	31.103	1.4364	0.90537	0.26571
16	31.301	1.3428	0.91542	0.24815
17	31.422	1.2912	0.93137	0.21042
18	31.198	1.2666	0.92894	0.21552
19	31.039	1.2454	0.92871	0.21466
20	31.246	1.2071	0.92948	0.21165
MOYENNE	31.118	1.2326	0.92413	0.22434
ECART_TYPE	30.63	0.57645	0.26421	0.41433

Tableau 4. 5 : Résultats d'évolution de séquence 2 segmentation par FCM_GA

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	30.705	1.3316	0.91935	0.24052
2	29.916	1.3814	0.90713	0.26709
3	30.599	1.1528	0.92538	0.23409
4	31.251	1.0774	0.93781	0.19209
5	31.024	1.2401	0.93217	0.20312
6	31.065	0.94679	0.94075	0.17592
7	28.958	1.3776	0.89991	0.29344
8	28.387	1.2784	0.89411	0.30582
9	29.385	1.3535	0.89897	0.29323
10	29.376	1.3593	0.89984	0.29177
11	29.566	1.3469	0.90111	0.28806
12	30.811	1.3758	0.90009	0.29124
13	29.98	1.3766	0.903	0.2854
14	30.027	1.3854	0.90599	0.27536
15	30.372	1.363	0.90845	0.27315
16	30.209	1.4066	0.90904	0.27017
17	29.629	1.4227	0.8909	0.31186
18	30.223	1.4328	0.89802	0.29471
19	30.417	1.407	0.90074	0.28681
20	29.858	1.5381	0.8936	0.30552
21	30.215	1.384	0.89663	0.29497
22	30.56	1.3694	0.90603	0.27679
23	30.611	1.3848	0.90287	0.28259
24	30.427	1.5191	0.90365	0.27759
25	30.387	1.4989	0.90105	0.28137
26	29.746	1.4689	0.88835	0.33348
MOYENNE	30.142	1.353	0.90634	0.27408
ECART_TYPE	29.645	0.70271	0.29104	0.44458

Tableau 4. 6 : Résultats d'évolution de séquence 3 segmentation par FCM_GA

Les histogrammes ci-dessous correspondent aux tableaux précédent, de plus représente la moyenne et l'écart type des critères (PSNR, Vpc, Vpe,IE) de la méthode FCM_GA illustré dans les figures : 4.25 ,4.26 ,4. 27, 4.28 ,4.30 ,4.31, 4.32, 4.33.

Les figures suivantes illustrent les images de toutes séquences segmentées par méthode FCM base sur OEP (FCM_PSO)

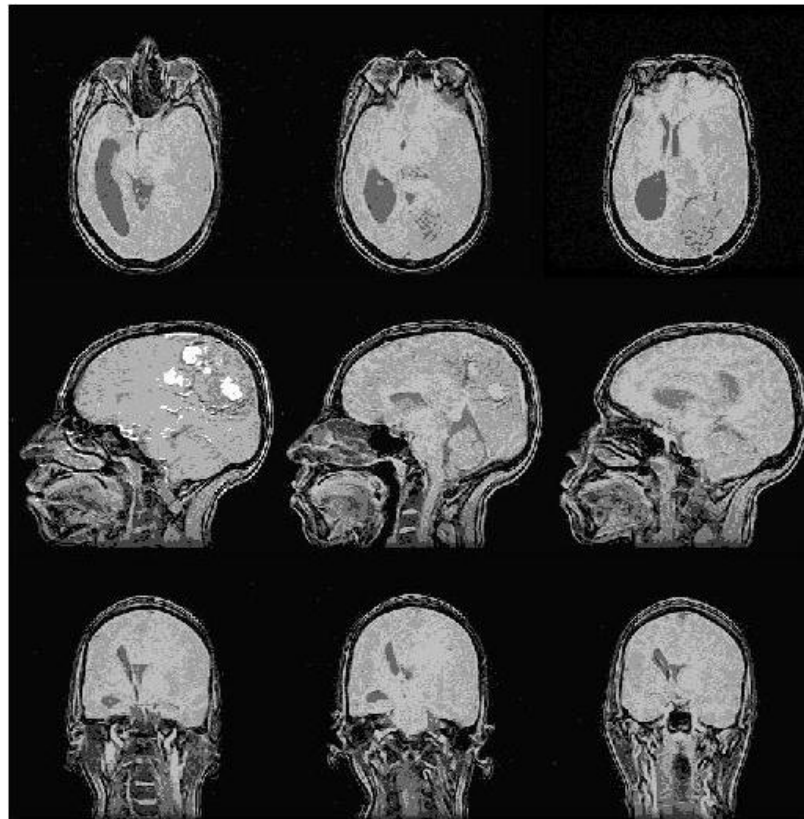


Figure 4. 16 : Résultats de segmentation de la séquence 1 par FCM_PSO

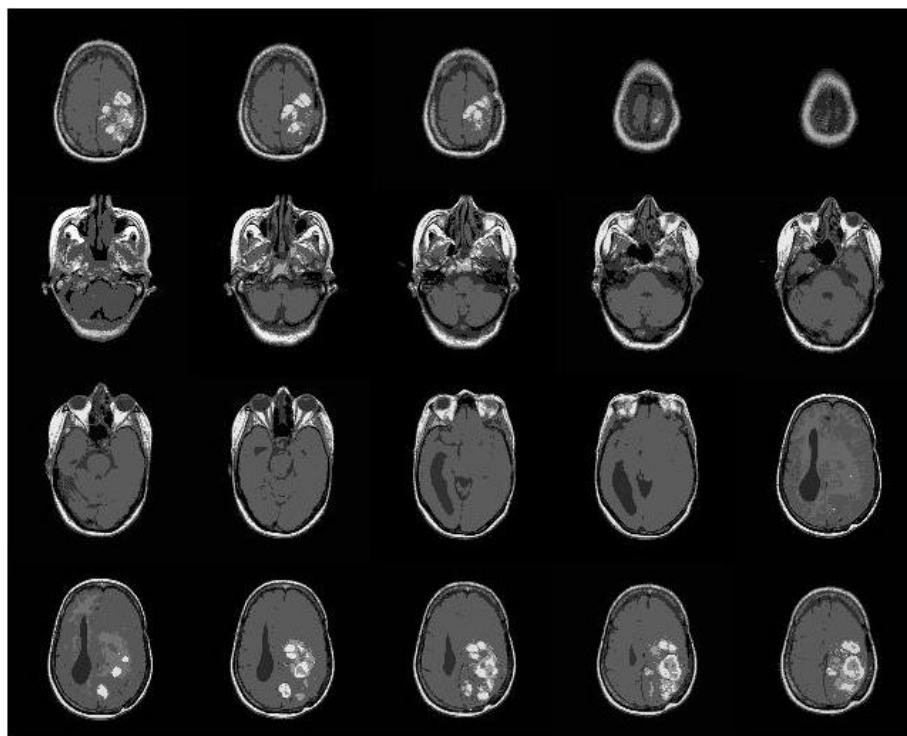


Figure 4. 17 : Résultats de segmentation de la séquence 2 par FCM_PSO

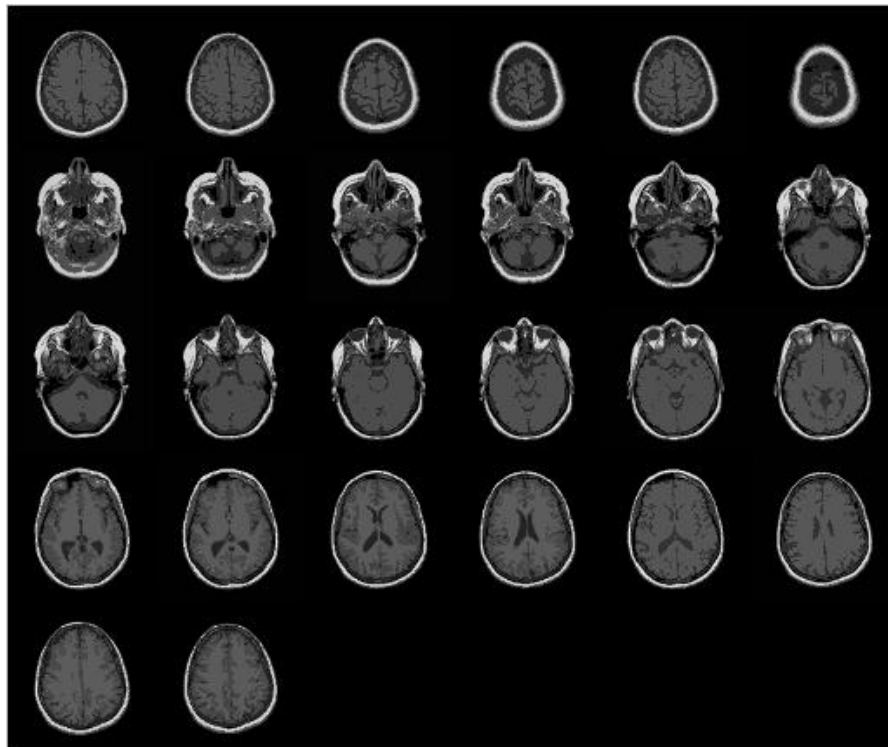


Figure 4. 18 : Résultats de segmentation de la séquence 3 par FCM_PSO

Les tableaux ci-dessous, présente les résultats d'application critères (PSNR, IE, Vpc,Vpe) de la méthode FCM_PSO .

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	32.222	1.3586	0.88558	0.32948
2	33.38	1.2939	0.89231	0.31172
3	33.724	1.2719	0.89062	0.31568
4	28.271	1.8054	0.84659	0.44722
5	28.966	1.6471	0.83375	0.47284
6	31.366	1.6126	0.84179	0.45287
7	30.092	1.3651	0.88417	0.33449
8	32.273	1.3056	0.88739	0.32563
9	31.987	1.2764	0.89089	0.31785
MOYENNE	31.364	1.4374	0.87257	0.36753
ECART_TYPE	30.912	0.81454	0.33267	0.47782

Tableau 4. 7 : Résultats d'évolution de séquence 1 segmentation par FCM_PSO.

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	31.487	1.1714	0.93315	0.19907
2	31.406	1.0939	0.93787	0.19037
3	32.059	1.0242	0.94323	0.16989
4	33.172	0.77738	0.95604	0.13168
5	33.537	0.58311	0.96587	0.10492
6	29.488	1.3441	0.90317	0.28323
7	29.541	1.3627	0.9047	0.27825
8	29.661	1.3716	0.89859	0.29706
9	30.085	1.3469	0.90843	0.26994
10	30.223	1.3396	0.91135	0.26402
11	31.005	1.3325	0.91872	0.24102

12	31.204	1.325	0.92363	0.23107
13	30.793	1.3441	0.92336	0.23493
14	31.294	1.3446	0.93122	0.21481
15	31.387	1.2755	0.93179	0.21078
16	31.112	1.3485	0.91197	0.2604
17	31.241	1.2956	0.92842	0.22168
18	31.198	1.2666	0.92894	0.21552
19	31.039	1.2454	0.92871	0.21465
20	31.247	1.2071	0.92948	0.21167
MOYENNE	31.109	1.22	0.92593	0.22225
ECART_TYPE	30.622	0.55667	0.26135	0.41303

Tableau 4. 8 : Résultats d'évolution de séquence 2 segmentation par FCM_PSO

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	30.609	1.3312	0.91753	0.24384
2	30.857	1.3041	0.92641	0.21774
3	30.936	1.1714	0.93307	0.2052
4	31.435	1.0778	0.94144	0.17698
5	30.761	1.2505	0.92916	0.2166
6	30.795	0.95784	0.93642	0.19555
7	28.797	1.3632	0.89423	0.31035
8	28.926	1.3666	0.89946	0.29395
9	29.346	1.3566	0.89992	0.28888
10	29.377	1.3598	0.90036	0.29107
11	29.58	1.35	0.90142	0.28755
12	30.796	1.3801	0.90117	0.28764
13	29.783	1.3838	0.89922	0.29645
14	29.82	1.3927	0.90305	0.28591
15	30.438	1.3675	0.91239	0.2603
16	30.189	1.4073	0.90803	0.27253
17	30.057	1.4142	0.90557	0.28151
18	30.341	1.4305	0.90192	0.28238
19	30.307	1.4072	0.90241	0.28706
20	30.423	1.3947	0.90505	0.27313
21	30.447	1.557	0.89588	0.30004
22	30.716	1.5361	0.89864	0.28999
23	30.659	1.3862	0.90539	0.27262
24	30.276	1.5262	0.9005	0.2889
25	30.309	1.5074	0.89852	0.29184
26	30.047	1.483	0.89717	0.29677
MOYENNE	30.232	1.364	0.90824	0.26903
ECART_TYPE	29.734	0.71656	0.28837	0.44203

Tableau 4. 9 : Résultats d'évolution de séquence 3 segmentation par FCM_PSO

Les histogrammes ci-dessous correspondent aux tableaux précédent, de plus représente la moyenne et l'écart type des critères (PSNR, Vpc, Vpe,IE) de la méthode FCM_PSO illustré dans les figures : 4.25 ,4.26 ,4. 27, 4.28 ,4.30 ,4.31, 4.32, 4.33.

Les figures suivantes illustrent les images de toutes séquences segmentées par méthode FCM base sur évolution différentielle (FCM_DE-variante 1)

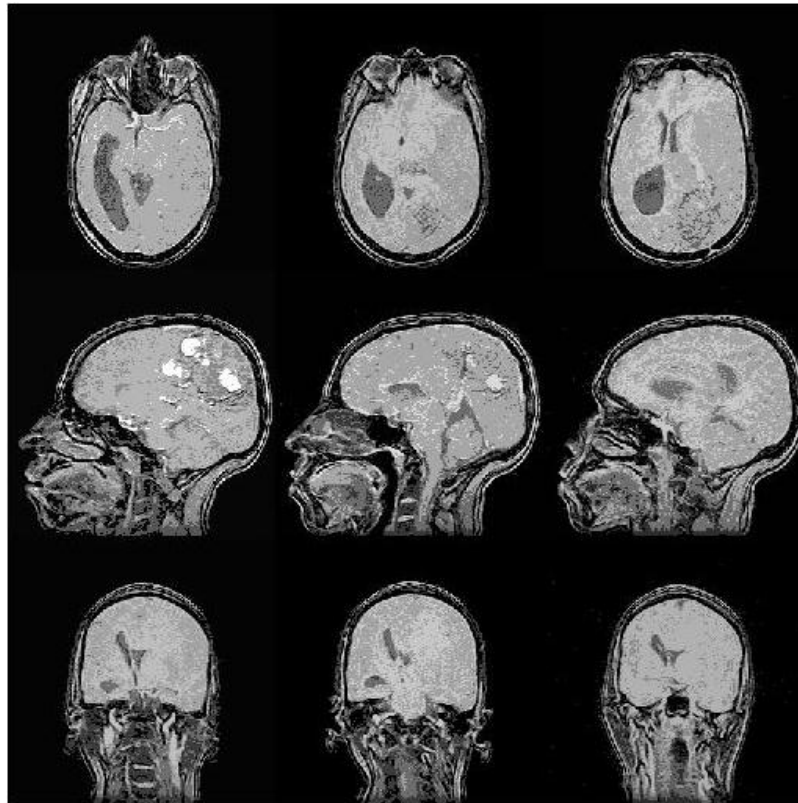


Figure 4. 19 : Résultats de segmentation de la séquence 1 par FCM_DE-v1.

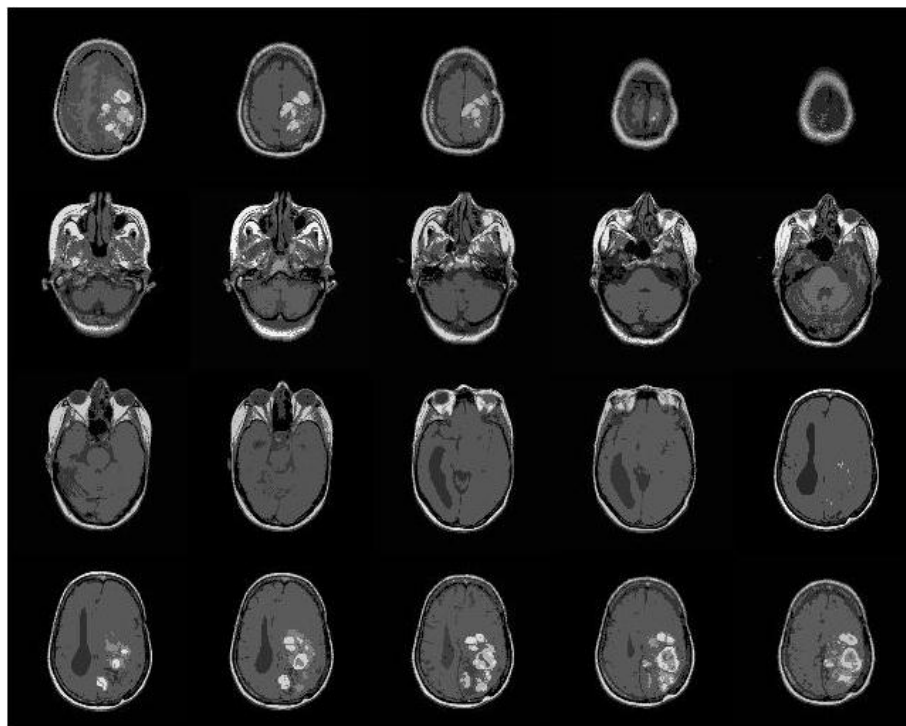


Figure 4. 20 : Résultats de segmentation de la séquence 2 par FCM_DE-v1.

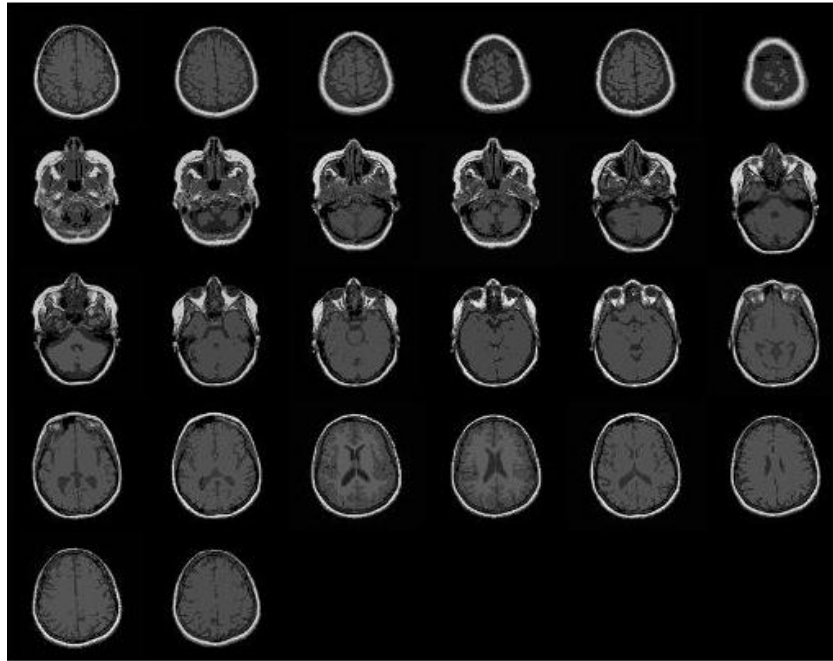


Figure 4. 21 : Résultats de segmentation de la séquence 3 par FCM_DE-v1.

Les tableaux ci-dessous, présente les résultats d'application critères (PSNR, IE, Vpc, Vpe) de la méthode FCM_DE-variante 1 .

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	31.873	1.3955	0.88244	0.34139
2	32.893	1.3071	0.88726	0.3316
3	32.663	1.337	0.87363	0.36134
4	27.518	1.6902	0.8245	0.50349
5	28.559	1.654	0.82304	0.50192
6	31.203	1.6026	0.84115	0.45663
7	29.726	1.2942	0.88486	0.33538
8	31.94	1.3238	0.8805	0.34591
9	31.77	1.2556	0.88803	0.32642
MOYENNE	30.905	1.4289	0.86505	0.38934
ECART_TYPE	30.452	0.79917	0.3407	0.4824

Tableau 4. 10 : Résultats d'évolution de séquence 1 segmentation par FCM_DE-v1

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	31.16	1.1738	0.93388	0.19731
2	31.345	1.0929	0.93697	0.18968
3	31.826	1.0157	0.93921	0.18661
4	33.016	0.77403	0.95594	0.13121
5	33.156	0.59588	0.96527	0.10737
6	29.565	1.3311	0.904	0.27817
7	29.269	1.3571	0.90038	0.29253
8	29.872	1.3605	0.90159	0.28933
9	30.047	1.3349	0.90651	0.27806
10	30.325	1.3234	0.91162	0.26398
11	30.976	1.3283	0.91774	0.24555
12	30.881	1.318	0.91969	0.24684
13	30.699	1.3476	0.92426	0.2322

14	31.005	1.3395	0.92701	0.22929
15	30.988	1.4416	0.90107	0.27903
16	31	1.3676	0.90726	0.26725
17	31.26	1.2892	0.92863	0.2165
18	31.014	1.2679	0.92676	0.22689
19	30.773	1.2478	0.92733	0.22352
20	30.937	1.207	0.92473	0.22827
MOYENNE	30.956	1.2257	0.92299	0.23048
ECART_TYPE	30.466	0.56506	0.26604	0.41833

Tableau 4. 11 : Résultats d'évolution de séquence 2 segmentation par FCM_DE-v1

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	30.272	1.3326	0.9147	0.24694
2	30.628	1.3048	0.92258	0.23437
3	30.336	1.1475	0.92777	0.20941
4	31.218	1.083	0.93979	0.17993
5	30.713	1.2484	0.93084	0.20876
6	30.538	0.93851	0.93635	0.19244
7	28.044	1.307	0.89181	0.3157
8	28.74	1.3828	0.89703	0.30758
9	28.647	1.3475	0.89162	0.3077
10	28.661	1.3533	0.89134	0.31244
11	29.303	1.3606	0.90081	0.28957
12	30.554	1.3882	0.89737	0.30302
13	29.698	1.3715	0.89783	0.29609
14	29.779	1.3858	0.90093	0.29354
15	30.142	1.3717	0.90454	0.27491
16	29.197	1.4298	0.90714	0.2785
17	29.229	1.4284	0.90409	0.28713
18	30.229	1.4202	0.89764	0.29601
19	30.176	1.4061	0.89758	0.29895
20	29.917	1.4073	0.9006	0.2823
21	30.316	1.5496	0.89166	0.31082
22	30.38	1.5358	0.8909	0.31094
23	30.611	1.3888	0.90527	0.27302
24	30.222	1.3637	0.90822	0.27265
25	29.545	1.361	0.90806	0.25773
26	30.332	1.3357	0.90817	0.27326
MOYENNE	30.0	1.3442	0.90633	0.2736
ECART_TYPE	29.406	0.69144	0.29103	0.44416

Tableau 4. 12 : Résultats d'évolution de séquence 3 segmentation par FCM_DE-v1

Les histogrammes ci-dessous correspondent aux tableaux précédent, de plus représente la moyenne et l'écart type des critères (PSNR, Vpc, Vpe, IE) de la méthode FCM_DE- variante 1 illustré dans les figures : 4.25 ,4.26 ,4. 27, 4.28 ,4.30 ,4.31, 4.32, 4.33.

Les figures suivantes illustrent les images de toutes séquences segmentées par méthode FCM base sur évolution différentielle (FCM_DE- variante 2)

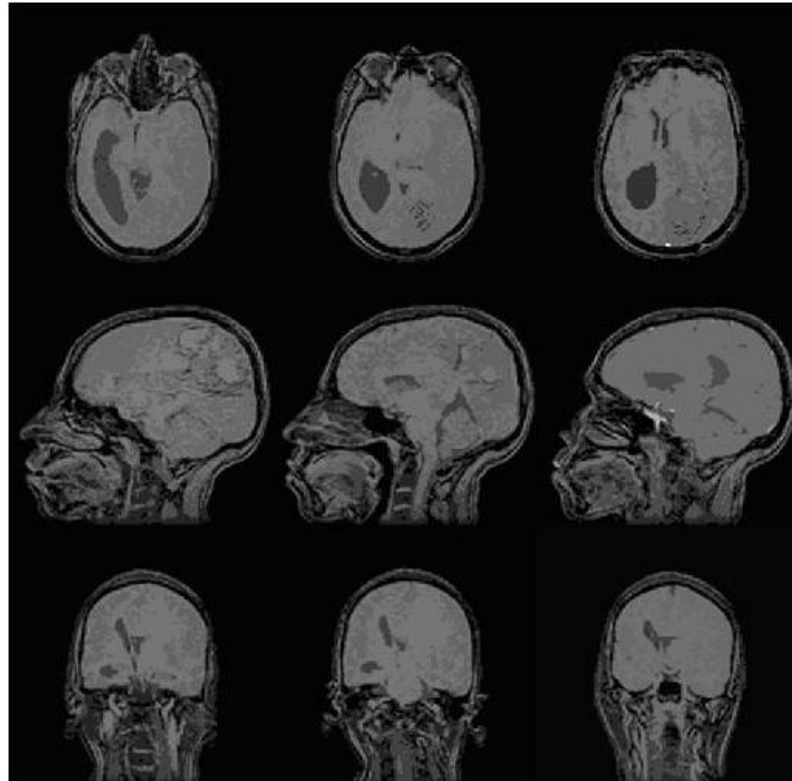


Figure 4. 22 : Résultats de segmentation de la séquence 1 par FCM_DE-v2.

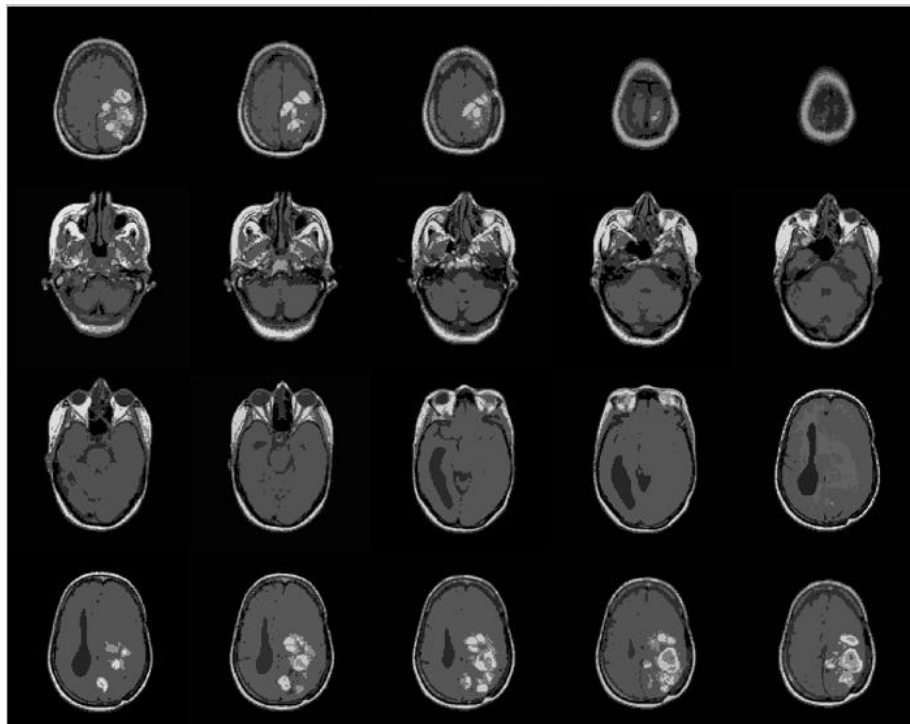


Figure 4. 23 : Résultats de segmentation de la séquence 2 par FCM_DE-v2.

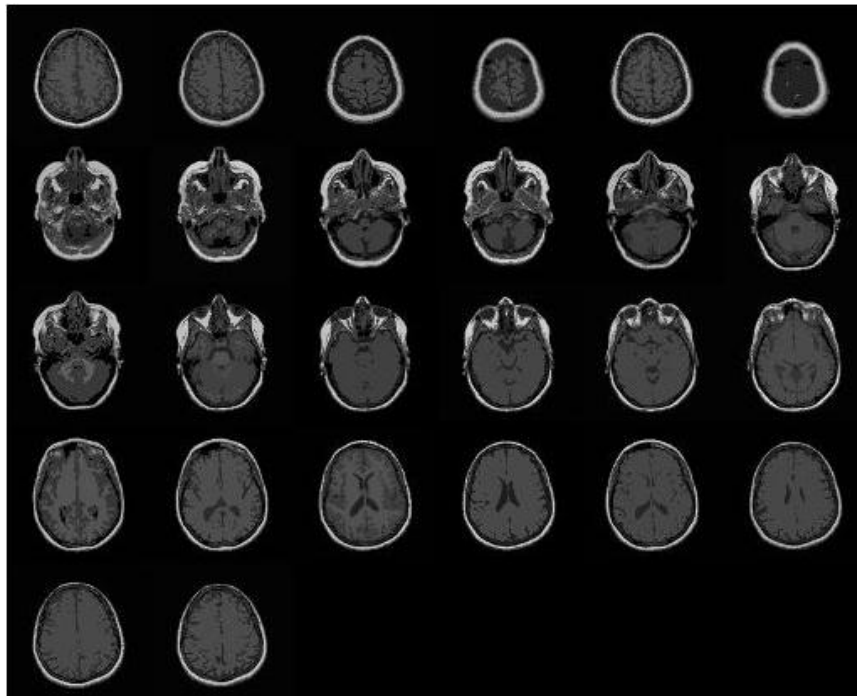


Figure 4. 24 : Résultats de segmentation de la séquence 3 par FCM_DE-v2.

Les tableaux ci-dessous, présente les résultats d'application critères (PSNR, IE, Vpc,Vpe)de la méthode FCM_DE- variante 2 .

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	31.967	1.3882	0.882	0.3417
2	32.879	1.2896	0.89141	0.31484
3	32.021	1.4787	0.8979	0.28364
4	27.577	1.7537	0.82638	0.49466
5	28.912	1.6937	0.83068	0.47944
6	30.995	1.7953	0.8642	0.39906
7	30.099	1.3676	0.88374	0.33699
8	32.273	1.3084	0.88795	0.32377
9	31.345	1.3435	0.88061	0.34745
MOYENNE	30.896	1.491	0.87165	0.36906
ECART_TYPE	30.436	0.8764	0.33357	0.47753

Tableau 4. 13 : Résultats d'évolution de séquence 1 segmentation par FCM_DE-v2

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	31.351	1.1638	0.93088	0.20582
2	31.575	1.0917	0.93933	0.18197
3	31.521	1.0339	0.94062	0.17826
4	32.952	0.76422	0.95577	0.132
5	33.385	0.59237	0.96488	0.1088
6	29.606	1.3386	0.90315	0.27815
7	29.55	1.363	0.90516	0.27791
8	29.482	1.3711	0.898	0.29393
9	29.807	1.3468	0.90107	0.30395

10	30.38	1.3344	0.91422	0.25365
11	30.999	1.328	0.91764	0.24539
12	30.86	1.3271	0.91461	0.25614
13	30.665	1.325	0.91769	0.25686
14	30.943	1.3329	0.92998	0.21981
15	30.964	1.4306	0.90423	0.27055
16	31.254	1.3518	0.91343	0.25345
17	31.244	1.2983	0.93094	0.2118
18	30.51	1.2823	0.92156	0.23859
19	31.029	1.246	0.92881	0.21461
20	31.154	1.2047	0.92869	0.21314
MOYENNE	30.962	1.2263	0.92303	0.22974
ECART_TYPE	30.473	0.56623	0.26596	0.41772

Tableau 4. 14 : Résultats d'évolution de séquence 2 segmentation par FCM_De-v2

	PSNR	IE	VPC	VPE
1	29.757	1.4383	0.89513	0.29838
2	30.777	1.2954	0.92457	0.22287
3	30.67	1.1857	0.93577	0.1889
4	31.44	1.0768	0.94152	0.17665
5	30.667	1.233	0.92859	0.21167
6	31.097	0.95826	0.94172	0.17376
7	28.854	1.3736	0.8974	0.29887
8	28.805	1.3607	0.89428	0.30422
9	29.374	1.359	0.89983	0.28927
10	29.357	1.3597	0.89953	0.29319
11	28.633	1.3725	0.89361	0.30374
12	30.668	1.3879	0.89916	0.29719
13	29.33	1.3913	0.89509	0.31523
14	29.576	1.3842	0.90034	0.28527
15	30.281	1.3642	0.90503	0.27536
16	30.167	1.4091	0.90836	0.27066
17	30.083	1.4041	0.9075	0.27929
18	29.775	1.4446	0.90064	0.2847
19	30.3	1.4026	0.90665	0.27372
20	30.428	1.3798	0.90759	0.27189
21	30.385	1.3811	0.90251	0.27966
22	30.495	1.3802	0.90996	0.26364
23	30.505	1.3851	0.90188	0.28481
24	30.347	1.5192	0.90183	0.28527
25	29.852	1.4855	0.8936	0.3005
26	30.241	1.476	0.90108	0.28452
MOYENNE	30.072	1.3542	0.90743	0.26974
ECART_TYPE	29.576	0.70271	0.28948	0.44208

Tableau 4. 15 : Résultats d'évolution de séquence 3 segmentation par FCM_De-v2

Les histogrammes ci-dessous correspondent aux tableaux précédent, de plus représente la moyenne et l'écart type des critères (PSNR, Vpc,Vpe,IE) de la méthode FCM_DE- variante 2 illustré dans les figures : 4.25 ,4.26 ,4. 27, 4.28 ,4.30 ,4.31, 4.32, 4.33.

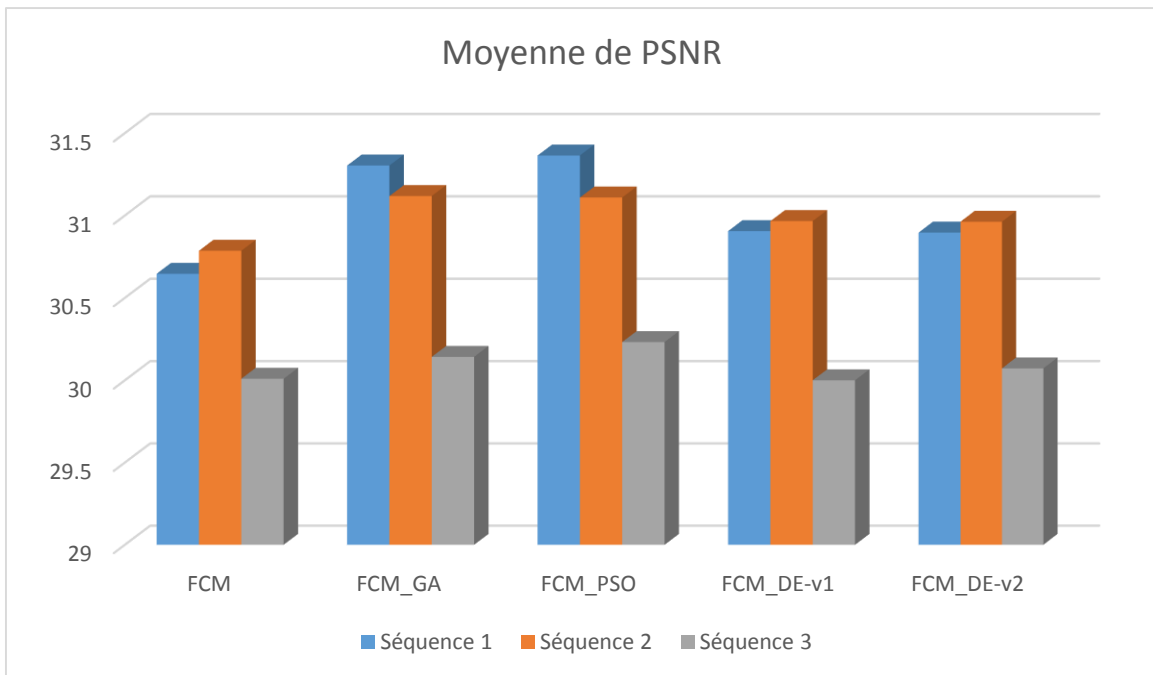


Figure 4. 25 : Histogramme moyenne de PSNR

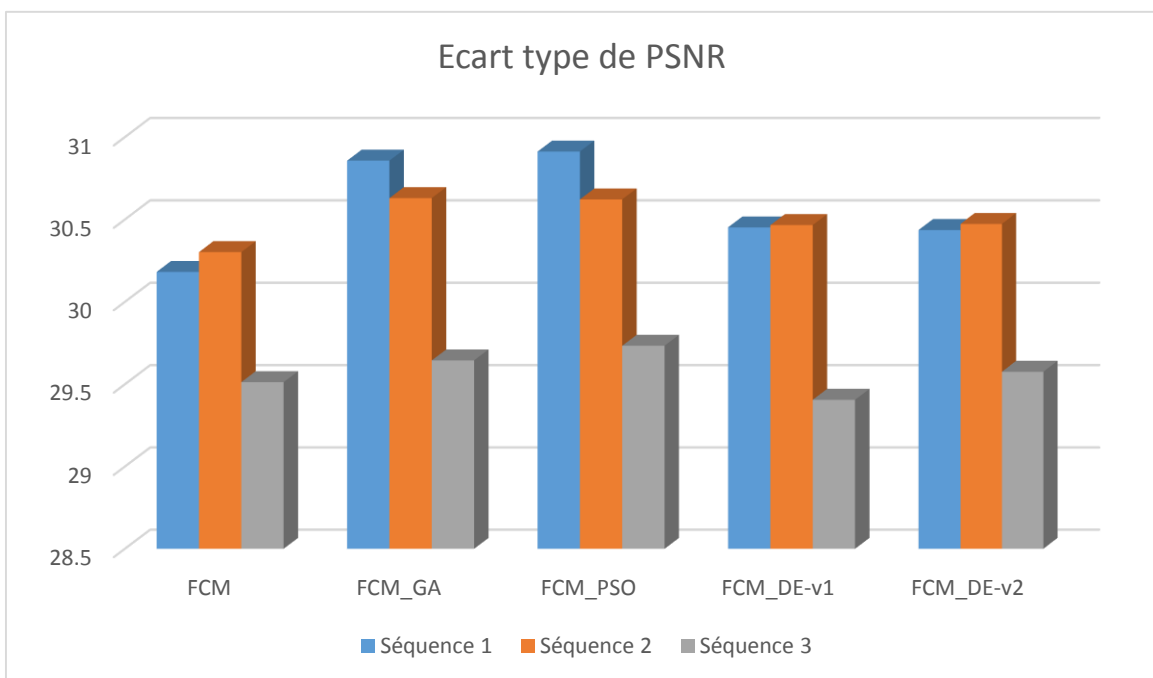


Figure 4. 26 : Histogramme écart type de PSNR

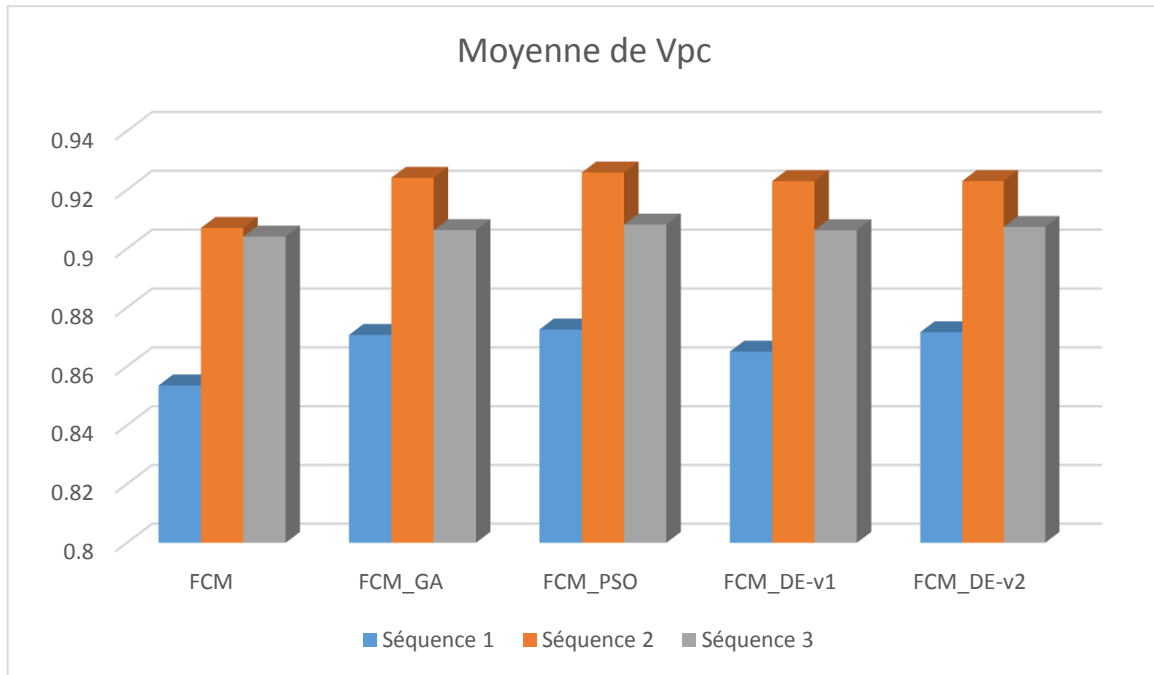


Figure 4. 27 : Histogramme moyenne de Vpc

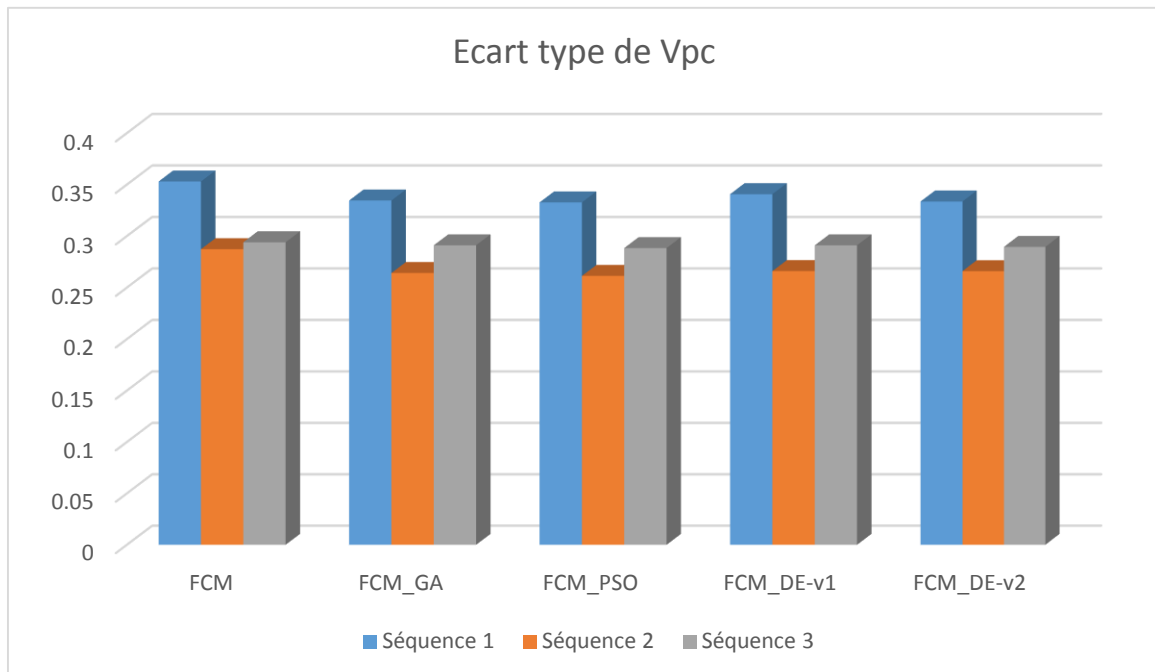


Figure 4. 28 : Histogramme écart type de Vpc

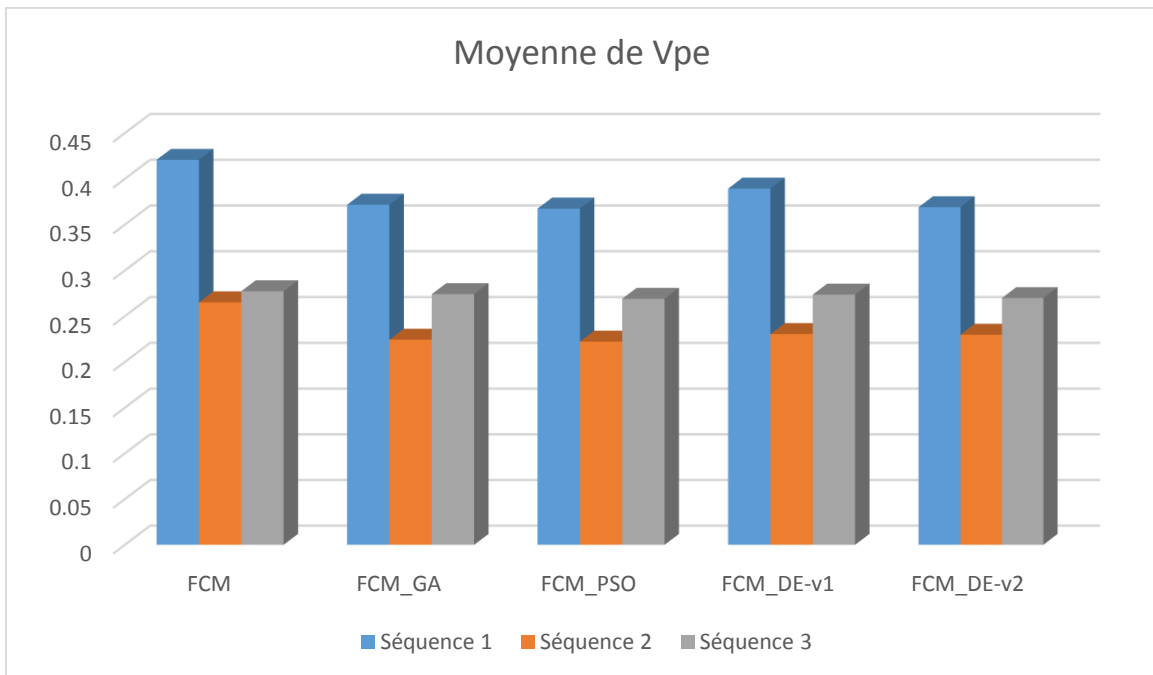


Figure 4. 29 : Histogramme moyenne de Vpe

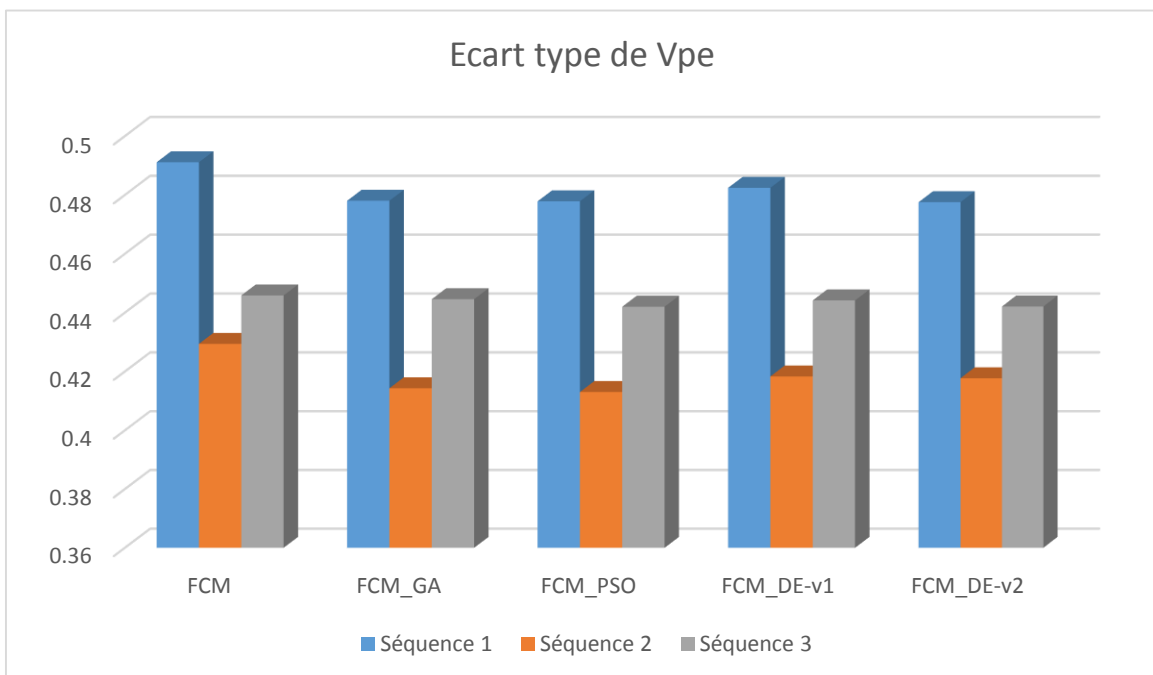


Figure 4. 30 : Histogramme écart type de Vpe

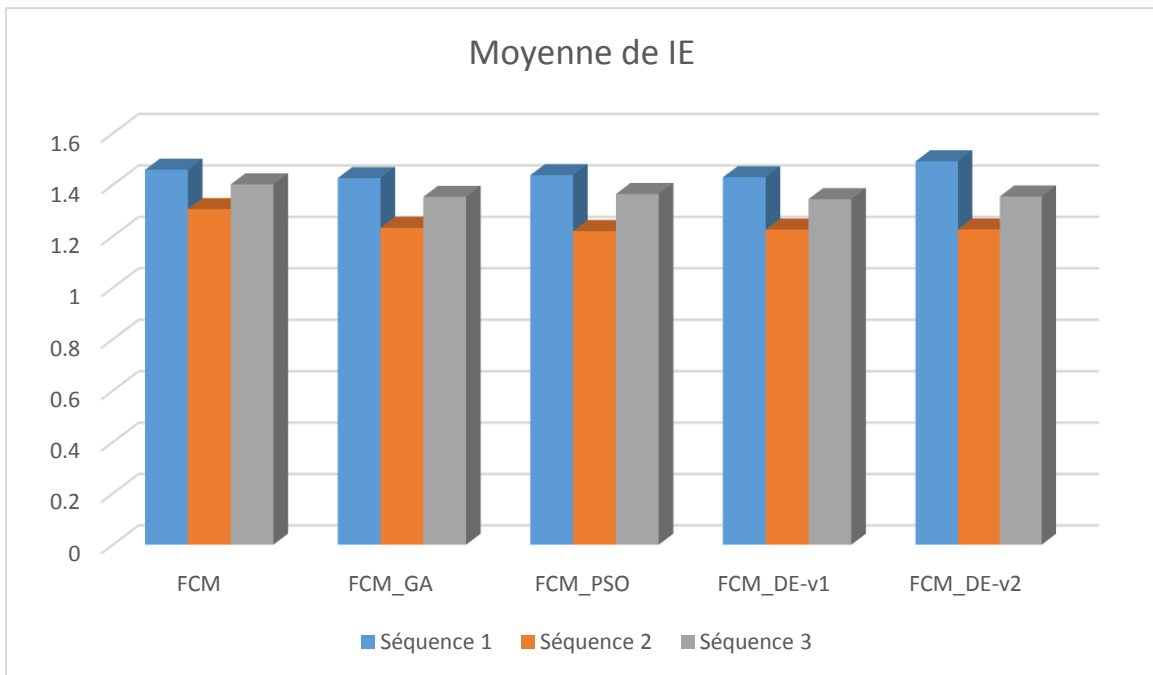


Figure 4. 31 : Histogramme moyenne de IE

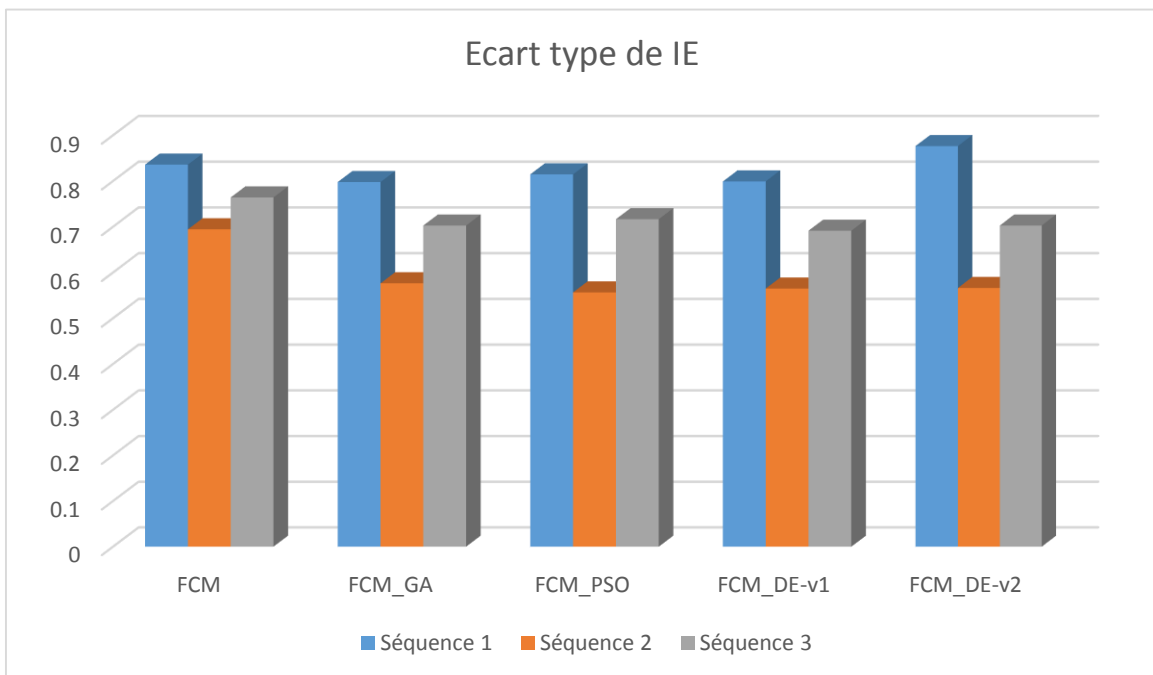


Figure 4. 32 : Histogramme écart type de IE

L'évolution de fonction d'objective par les méthodes suivant : FCM standard, FCM_GA, FCM_PSO, FCM_DE dans les figures 4.33 et 4.34:

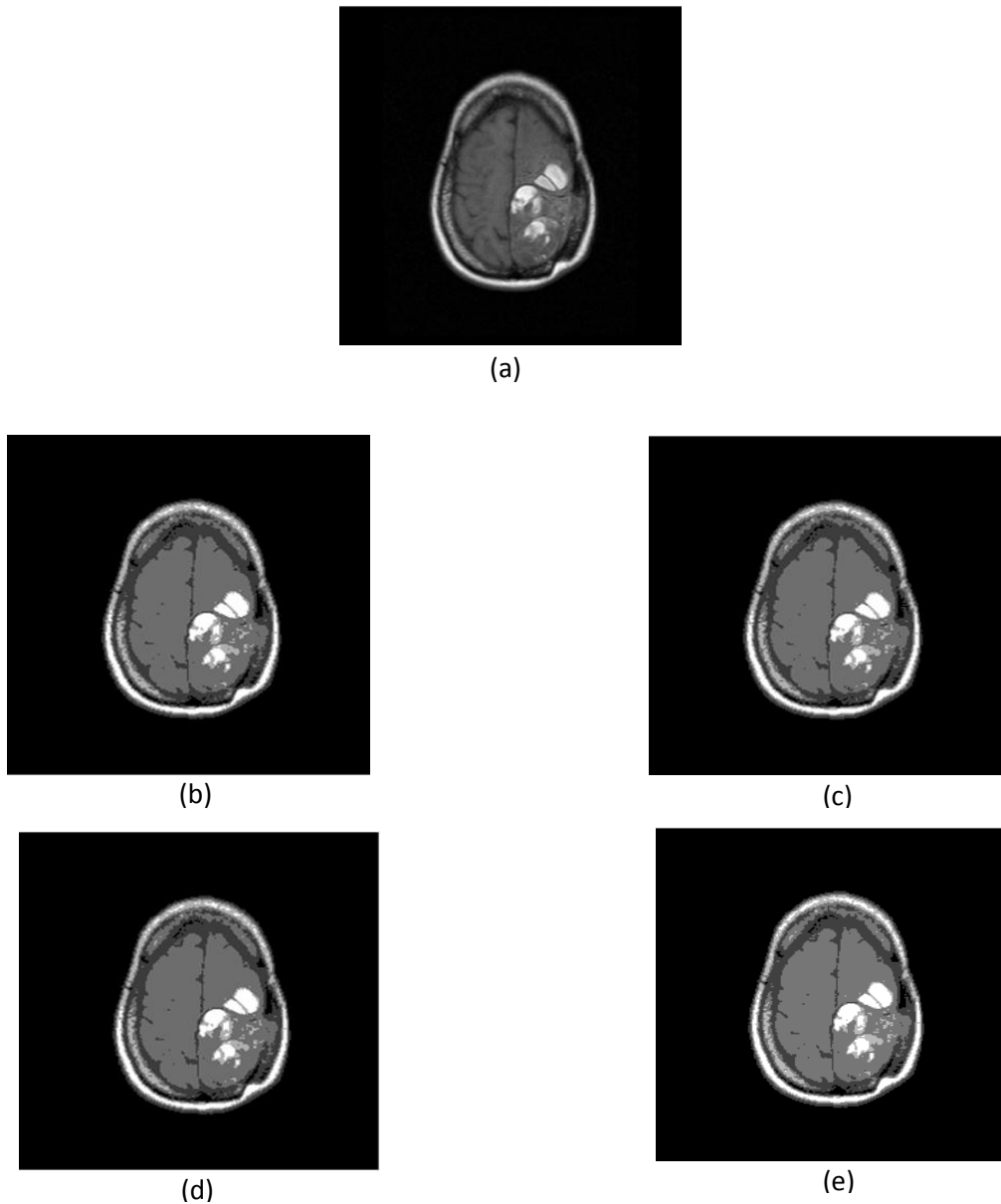


Figure 4. 33 : Résulta de segmentation d'une image a : image modalité T1 ; image b : segmenté par FCM standard ; image (c) : segmenté par FCM_PSO ; image (d) : segmenté par FCM_GA ; image e : segmenté par FCM_DE.

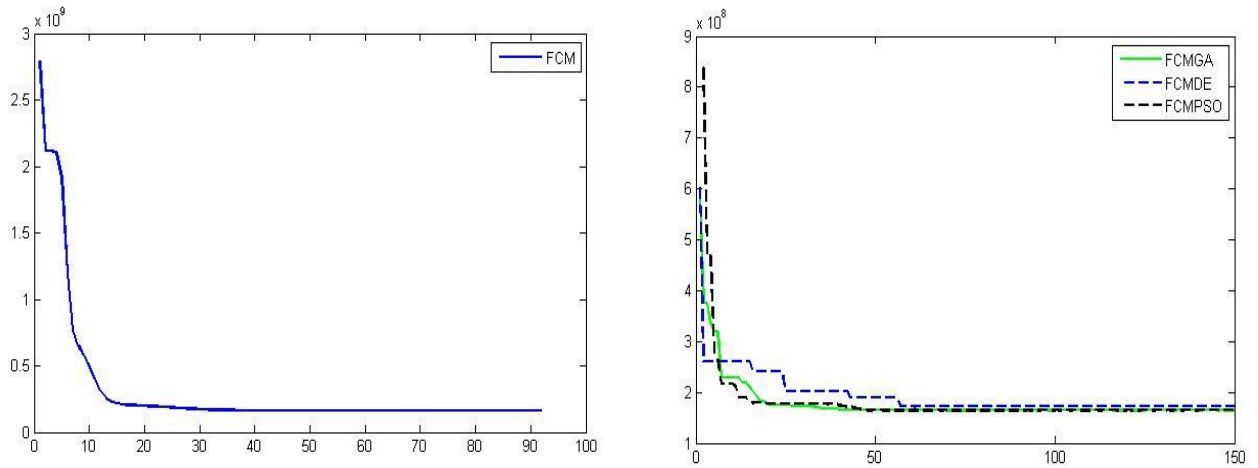


Figure 4. 34 : Résultats de fonction objective de segmentation des images (a) par différentes méthodes : FCM standard, FCM_PSO, FCM_GA, FCM_DE.

Le tableau ci-dessous, présente le temps de chaque méthode : FCM standard, FCM_PSO, FCM_GA, FCM_DE- variante 1, FCM_DE- variante 2 .

Méthodes	FCM standard	FCM_PSO	FCM_GA	FCM_DE-v1	FCM_DE-v2
Temps(s)	12.9602	61.5872	60.5745	58.8747	58.5128

Tableau 4. 16 : Temps d'exécution de chaque Méthode

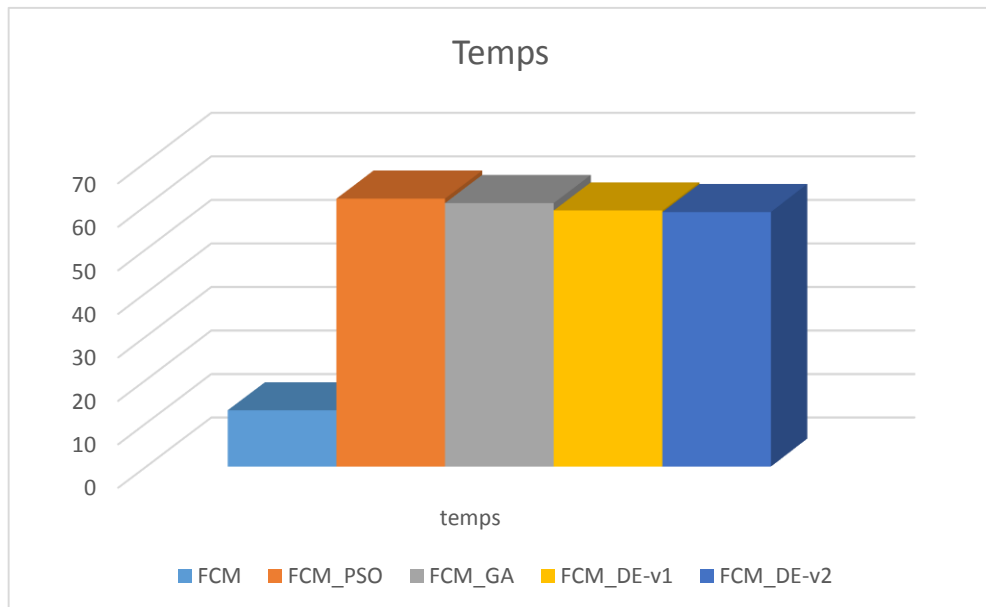


Figure 4. 35 : Histogramme de temps d'exécution de chaque méthode.

4.1. Discussion

A partir des tableaux et figures précédents, nous avons remarqué que :

- Les résultats obtenus de la segmentation par FCM standard, FCM_PSO, FCM_GA, FCM_DE- variante 1, FCM_DE- variante 2 sont satisfaisants,
- D'après les critères de mesure de validité (PSNR, V_{pc} , V_{pe}), on peut conclure que FCM_PSO, FCM_GA, FCM_DE- variante 1 et FCM_DE- variante 2 sont des algorithmes plus performants que le FCM standard suivant l'ordre cité.
- On remarque aussi, que le critère d'information entropie FCM est le meilleur, par rapport aux autres critères.
- D'après la fonction objective, toutes les méthodes convergentes, mais on remarque que la convergence de FCM_PSO et FCM_GA, FCM_DE (v1 et v2) est bien meilleure que celle de FCM.
- On conclut alors que la méthode FCM_DE est la plus rapide dans le temps de la segmentation d'images et qu'en réalité le FCM_PSO est le meilleur.

5. Quelques interfaces de l'application

L'interface principale de notre logiciel est présentée par la figure suivant :

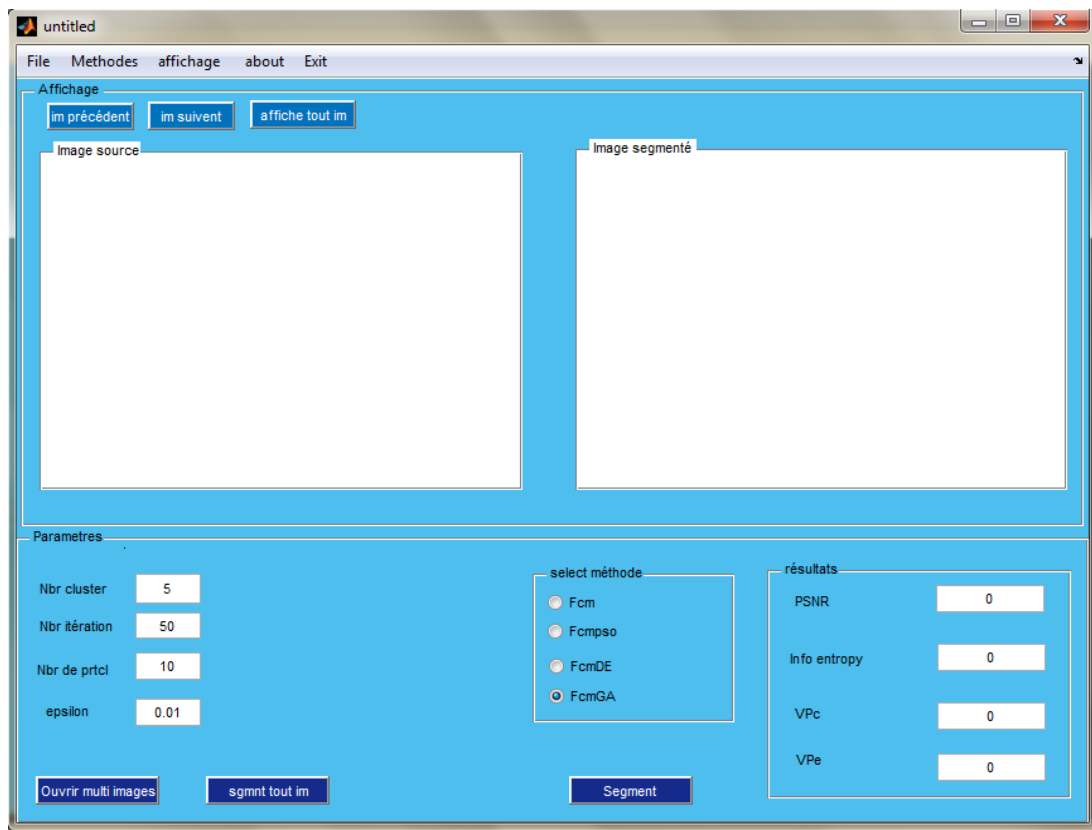


Figure 4. 36 : L'interface principale.

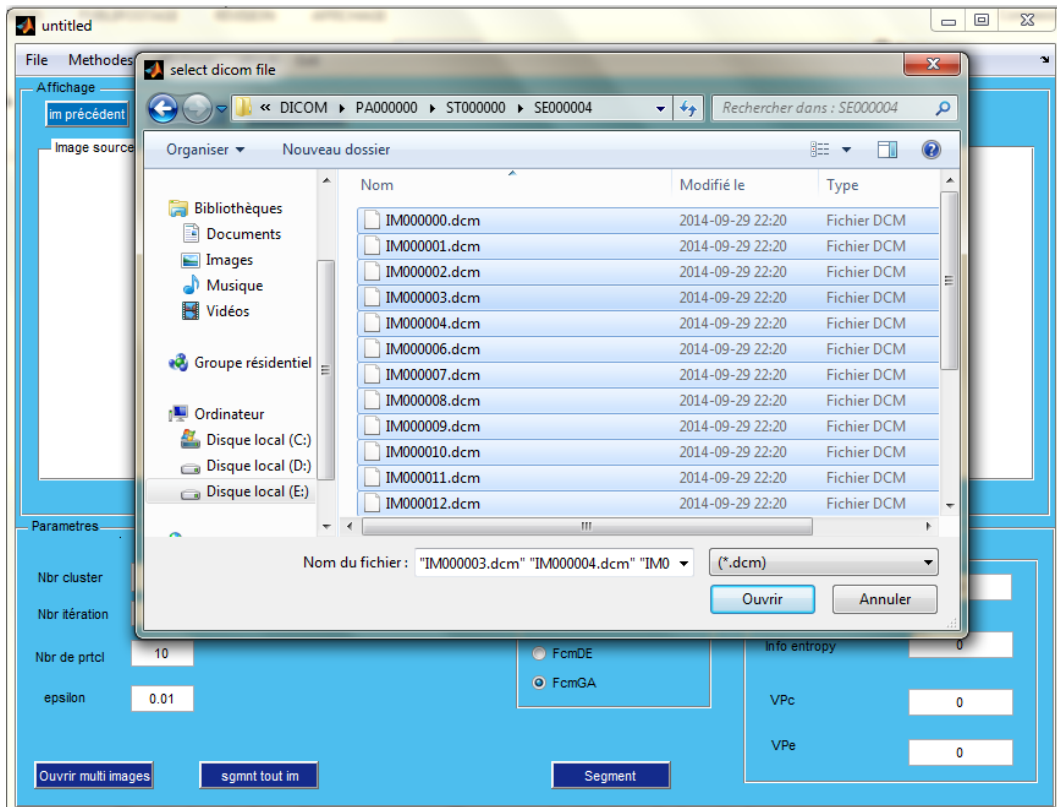


Figure 4. 37 : L'interface boîte de dialogue choisir une image

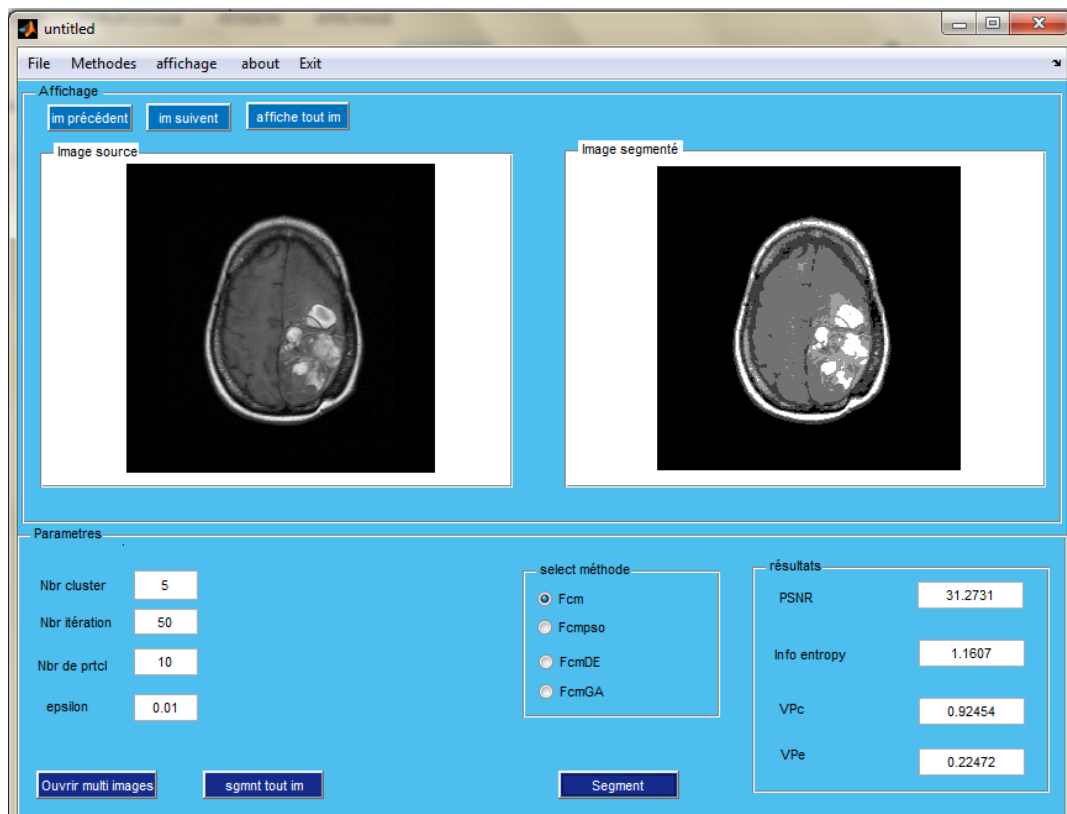


Figure 4. 38 : Le résultat de la segmentation.

6. Conclusion

Le chapitre présent a été dédié pour l'évaluation de la méthode de segmentation d'images IRM fuzzy c-means standard (FCM) pour accélérer de recherche et trouve solution optimal. En effet, les résultats obtenus affirment pertinemment, que l'utilisation de la méta-heuristique optimisation par essaim particulaire(OEP) (PSO), algorithme génétique (GA) et algorithme évolution différentiel(DE) permet d'augmenter la performance de la méthode de segmentation FCM avec un temps d'exécution raisonnable.

CONCLUSION GENERALE

Conclusion générale

La segmentation des images médicales reste encore un domaine de recherche très vaste, On dit que le but de la segmentation d'une image est donc de faciliter l'extraction des éléments qui la composent, c'est pour cela que toutes les tâches ultérieures comme l'extraction de primitives, la détection d'une position d'un objet, ou la reconnaissance d'un objet dépendent fortement de la qualité de la segmentation. Vu son importance plusieurs approches de segmentation ont été proposées.

Après avoir étudié plusieurs approches de segmentation sont proposées dans la littérature, la segmentation par contour et la segmentation par région, nous avons dressé une étude bibliographique sur les méthodes de segmentation d'images qui nous a permis d'appréhender la diversité des méthodes de segmentation des tissus cérébraux. Puis nous avons localisés notre étude sur la méthode de segmentation utilisée, la méthode de classification non supervisés fuzzy c-mean standard (FCM).

L'objectif de notre mémoire sert à :

- Consacrer sur la segmentation des tissus cérébraux à partir d'images de résonance magnétique nucléaire, en vue de segmenter la partie tumorale et aussi le cerveau (matière blanche + matière gris).
- Présenter l'anatomie cérébrale et la technique d'imagerie par résonance magnétique nucléaire, ainsi que les principes importants de la formation de l'image.
- Sert à étudier et implémenter les méthodes de segmentation suivante :
 - FCM : La méthode fuzzy c-means standard
 - FCM_PSO : La méthode fuzzy c-means basée sur l'optimisation par essaim particulaire (OEP)
 - FCM_GA : La méthode fuzzy c-means basée sur algorithme génétique.
 - FCM_DE : La méthode fuzzy c-means basée sur évolution différentiel.

Finalement, l'étude approfondie de la segmentation nous a permis de souligner des grandes lignes pouvant être sujet à d'éventuels axes de recherche :

- On peut affirmer que l'utilisation de la méta-heuristique les algorithmes évolutionnaire permet d'augmenter la performance de la méthode de segmentation fuzzy c-means avec un temps d'exécution raisonnable.
- Ajoute de nouveaux algorithmes.
- Etudes des paramètres.
- Donc à la fin on met en réalité que FCM_PSO est le meilleur.

Bibliographie

- [1] : Nicolas Wiest- Daesslé, « imagerie du tenseur de diffusion pour l'étude de pathologies cérébrales ». Thèse présentée devant l'Université de Rennes 1 pour obtenir le grade de : Docteur de l'Université de Rennes 1 Mention Informatique, 2009.
- [2] : Loïc Willmann, « Étude de l'évolution des tumeurs cérébrales en IRM », cahiers d'IRM, Masson 1989.
- [3] : Boussedi Rym Sabrine, Kenadil Meryem, « Segmentation des tumeurs cérébrales par la ligne de partage des eaux sur des images IRM », mémoire de projet de fin d'étude pour l'obtention du : Diplôme de Master en Électronique Biomédicale, 2010-2011.
- [4] :Soumia Hadjal, Feroui Amel, « Visualisation des images scanner en trois dimension », Mémoire de fin d'études pour l'obtention du diplôme d'ingénieur d'état en électronique biomédicale, 2007.
- [5] : Sanae MIRI, « segmentation des structures cérébrales en IRM: intégration de contraintes topologiques », Master 2 ISTI [R] Spécialité PARI, option IRMC 03-07/2007.
- [6] : Mlle Hadjer LAGUEL, « Déploiement sur une plateforme de visualisation, d'un algorithme coopératif pour la segmentation d'images IRM basé sur les systèmes multi-agents», Projet de Fin d'Étude pour l'obtention du diplôme d'ingénieur d'état de l'université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene, page 22-28 ,12 octobre 2010.
- [7] : M. Khouadjia, H. Khanfouf, and S. Meshoul. Une approche adaptative pour la segmentation d'images : Implémentation sur la plate-forme multi-agents net logo.
- [8] : Abdelmadjid Bitam. Analyse et segmentation d'images multispectrales : Application aux images MSG. Thèse de doctorat. UMMTO, 2013.
- [9] : Jean Pierre Cocquerez et Sylvie Philipp. Analyse d'images : filtrage et segmentation. Masson, 1997.
- [10] : H.BELHAMRA, S.MELZI. La segmentation d'image par croissance de région. ESI. 2010.
- [11] : Chen-Chan, J.K. AggarwalChu. The integration of image segmentation maps using region and edge information. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 15, n° 12, pp. 1241-1252. 1993.

- [12] : J-C. Atine. Méthodes d'apprentissage flou : application à la segmentation d'images biologiques. PhD thesis, Institut national des sciences appliquées de Toulouse, 2005.
- [13] : J.-P.COCQUEREZ et S.PHILIPP, « Analyse d'images : filtrage et segmentation », Paris, (février 2003).
- [14] : F.Bellet. Une approche incrémentale à base de processus coopératifs et adaptatifs pour la segmentation des images en niveaux de gris. Institut National Polytechnique de Grenoble. Thèse de doctorat. 1998.
- [15] : BELLET, F. S. Une approche opportuniste et coopérative pour la vision de bas niveau. 1995.
- [16] : SEBARI. Les approches de segmentation d'image par coopération région contour. 2007.
- [17] : Chen-Chan, J.K. AggarwalChu. The integration of image segmentation maps using region and edge information. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 15, n° 12, pp. 1241-1252. 1993.
- [18] : M. Semchedine, L. Toumi, and A. Moussaoui. Classification adaptative ro- buste pour la segmentation d'images irm cérébrales. JIG'2007 - 3èmes Jour- nées Internationales sur l'Informatique Graphique, 2007.
- [19] : Mlle Hadjer LAGUEL, « Déploiement sur une plateforme de visualisation, d'un algorithme coopératif pour la segmentation d'images IRM basé sur les systèmes multi-agents », l'université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene, octobre 2010.
- [20] : J. Kennedy, R.C. Eberhart, Y. Shi, Swarm intelligence, San Francisco, Morgan Kaufmann, 2001.
- [21] : Aoki, I. (1984). Internal Dynamics of Fish Schools in Relation to Inter-Fish Distance. In Bulletin of the Japanese Society of Scientific Fisheries, Vol. 50, no. 5, pp. 751–758.
- [22] : Breder, C. (1951). Studies in the structure of the Fish School. Bull. Am. Museum Nat. Hist, vol. 98, no. 7FF.
- [23] : Breder, C. (1959). Studies in the Social Grouping of Fishes. Bull. Am. Museum Nat.Hist., vol. 117, no. 399FF.

- [24] : Davis, J. (1975). Socially Induced Flight Reactions in Pigeons. *Animal Behaviour*, vol. 23, pp. 597–601.
- [25] : Davis, J. (1980). The Coordinated Aerobatics of Dunlin Flocks. *Animal Behaviour*, vol. 28, pp. 668–673.
- [26] : Camazine, S., Deneubourg, J. L., Franks, N. R., Sneyd, J., Theraulaz, G., & Bonabeau, E. (2001). *Self-Organization in Biological Systems*. Princeton University Press.
- [40] Reynolds, C. W. (1987). Flocks, Herds, and Schools: A Distributed Behavioural Model. *Computer Graphics (SIGGRAPH '87 Conference Proceedings)*, vol. 21, no4, p. 25–34.
- [27] : Kennedy, J., & Eberhart, R. (1995). Particle Swarm Optimization. In *Proceedings of IEEE International Conference on Neural Network*, vol. IV, pp. 1942–1948.
- [28] : Clerc M. and Kennedy J., The Particle Swarm: Explosion, Stability and Convergence in a Multi- Dimensional complex Space, *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, vol. 6, 2001.
- [29] : Dréo J. & Siarry P., *Métaheuristiques pour l'optimisation difficile*, Edition Eyrolles, 2003
- [30] : Omran M.G.H., *Particle Swarm Optimization Methods for Pattern Recognition and Image Processing*, PhD Thesis, University of Pretoria, November 2004.
- [31] : Kouadio M.R, Khanfouf .H, "une approche adaptative pour la segmentation d'images:implementation sur la plate-forme multi-agents", *Net Logo*, 2005.
- [32] : Souquet Amédée, Radet Francois-Géar, "ALGORITHMES GENETIQUES", TE de fin d'année Tutorat de Mr Philippe Audebaud, 21/06/2004.
- [33] : Jean-Marc Alliot, Nicolas Durand, " Algorithmes génétiques ", 14 Mars, 2005.
- [34] : K. Price, R. Storn, Differential evolution a simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces Report TR95 -012, International Computer Science Institute, Berkeley, California. *Journal of Global Optimization* vol. 11, pp. 341–359, 1997.
- [35] : Kenneth V. Price, Rainer M. Storn, & Jouni A. Lampinen. *Differential Evolution A Practical Approach to Global Optimization*. Natural Computing Series. Springer-Verlag, Berlin, Germany, 2005.

Un site web :

[38] : <http://arc-cancer.net>

[39] : http://fr.wikipedia.org/wiki/Substance_grise

[40] : http://fr.wikipedia.org/wiki/Substance_blanche

[41] : http://fr.wikipedia.org/wiki/Liquide_cérébro-spinal

[42] : http://fr.wikipedia.org/wiki/Lésion_cérébrale

[43] : http://www.chuv.ch/neurochir/nch_home/nch_activites_cliniques/nch_interventions_adultes/nch_tumeurs_adultes.htm

[44] : http://www.tumeur_tronc_cerebral.com/traitements_8_biopsie_.html

[45] : <http://fr.answers.yahoo.com/question/index>

[26] : http://fr.wikipedia.org/wiki/Imagerie_par_résonance_magnétique

[47] : http://acces.ensyon.fr/acces/ressources/neurosciences/methodes_etude_cerveau/irm_atomique_et_fonctionnel/irm_generalites/generalites-sur-irm

[48] : http://fr.wikipedia.org/wiki/Bruit_numérique

[49] : http://www.limsi.fr/~jps/enseignement/examsma/2005/4.apprentissage/SylvainLeBeux/Swarm_Intelligence.htm

[50] : <http://www-lih.univ-lehavre.fr/~dutot/enseignement/IA/optimisationParEssaim.pdf>

[51] : <http://produ.cherchez.com/abdou.html>