

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA
RECHERCHE SCIENTIFIQUE
UNIVERSITE MOHAMED BOUDIAF - M'SILA

FACULTE DE TECHNOLOGIE
DEPARTEMENT D'ELECTRONIQUE



N° :

DOMAINE: SCIENCE&TECHNOLOGIE

FILIERE : ELECTRONIQUE

OPTION : ELECTRONIQUE DES
SYSTEMES EMBARQUE

Mémoire présenté pour l'obtention
Du diplôme de Master Académique

Par : MOHAMMEDI Maha et KOUDRI Fatna

Intitulé

Segmentation d'image IRM cérébrale en
utilisant l'intensité et l'information contextuelle
par le champ aléatoire de Markov

Soutenu devant le jury composé de :

KHALFA Ali

Université de M'sila Président

LALAOUI Lahouaoui

Université de M'sila Rapporteur

ZERDOUMI Zohra

Université de M'sila Examineur

Année universitaire : 2020/2021

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

Dédicaces



Nous dédions ce travail à :

*Nos parents. qui nous ont toujours soutenus et qui ont fait tout le
long de notre vie scolaire
tout possible pour nous aider.*

Nos frères et nos sœurs, que nous aimons beaucoup.

Notre grande famille.

Nos cher ami (e) s, et enseignants.

*Tout qui 'ont collaboré de près ou de loin à l'élaboration de ce
travail.*

Remerciements

*Avant tout je remercie le puissant, le grand, le roi Allah
elhamdo wechokro leh*

*Je tiens à remercier mon encadrant Prof. Lahouaoui
Lalaoui pour la considération et l'intérêt qu'elle
a porté à mon travail. Je lui suis très reconnaissant de m'avoir
fait profiter de son expertise en
traitement d'image.*

*Nos remerciements vont aussi à tous les enseignants et le chef de
département Electronique qui a contribué à notre formation*

Résumé

La segmentation d'images est une étape préliminaire et fondamentale dans l'analyse d'images d'imagerie par résonance magnétique (IRM) assistée par ordinateur. Mais les performances de la plupart des méthodes de segmentation d'images actuelles sont facilement dépréciées par le bruit dans les images IRM. Une segmentation précise et antibruit des images IRM est souhaitée dans le diagnostic d'image médicale moderne. Certaines méthodes statistiques couramment utilisées basées sur le modèle de champ de Markov Dans nos mémoire présente une segmentation des images IRM cérébrale qui le champ aléatoire de Markov (MRF), pour une image de bonne qualité avec des caractéristiques et des zones claires.

Mots clés : Image segmentation, modèle de champ de Markov, MRI

Abstract

Image segmentation is a preliminary and fundamental step in the analysis of computer assisted magnetic resonance imaging (MRI) images. However, the performance of most current image segmentation methods are easily depreciated by noise in MRI images. A precise segmentation and anti-noise segmentation of the MRI images is desired in the diagnosis of modern medical image. Some commonly used statistical methods based on the Markov field model .In our memoir presents segmentation of the MRI images of brain that the random field of Markov (MRF), in order to obtain a high quality image with clear accuracy and different areas.

ملخص

تجزئة الصورة هي خطوة أولية وأساسية في تحليل صور التصوير بالرنين المغناطيسي باستخدام الكمبيوتر . لكن أداء طرق تجزئة الصور الحالية غير دقيقة بسبب الضوضاء في صور التصوير بالرنين المغناطيسي. لذا نلزم تجزئة دقيقة معظم ومضادة للضوضاء في تشخيص الصور الطبية الحديثة. بعض الاساليب الاحصائية الشائعة الاستخدام القائمة على نموذج حقل ماركوف. سنذكر في مذكرتنا تجزئة صور التصوير بالرنين المغناطيسي للدماغ باستخدام حقل ماركوف العشوائي من أجل الحصول على صورة ذات جودة عالية مع دقة واضحة ومناطق متباينة.

Table des Matières

Résumé	
Abstract	
Liste des figures	
Liste des tableaux	
Liste des symboles	
Introduction générale	1

Chapitre I : Généralités sur le traitement d'image

I.1 Introduction	3
I.2 Le traitement d'image	3
I.2.1 Historique	3
I.2.2 Définition de traitement d'image	4
I.3 Numérisation de l'image	4
I.3.1 Définition de l'image numérique	4
I.3.2 L'échantillonnage et la quantification	5
I.4 Codification d'une image numérique	6
I.4.1 Images en noir et blanc (monochromes)	6
I.4.1.1 Images binaires	6
I.4.1.2 Images à niveaux de gris	6
I.4.2 Images en couleurs (polychromes)	7
I.5 Caractéristique d'une image	8
I.5.1 Pixel	8
I.5.2 La résolution	9
I.5.3 Dimensions	9

I.5.4 Texture	9
I.5.5 Bruit	9
I.5.6 contours.	10
I.5.7 La luminance	10
I.5.8 Regions	11
I.5.9 Histogramme d'une image	11
I.5.10 Le contraste	11
I.6 Système de traitement d'images	12
I.6.1 Acquisition et numérisation	12
I.6.2 Visualisation	13
I.6.3 traitement numérique des images	13
A Filtrage numérique.....	13
A.1 Filtres linéaires	13
A.1.1 Filter passe-bas (lissage)	13
A.1.2 Filtre passe-haut (Accentuation)	14
A.2 Filter non linéaire	14
A.2.1 Filtre médian	15
A.2.2 Filtre maximum	15
A.2.3 Filtre minimum	16
I.7 Imagerie médicale et IRM	16
I.7.1 l'imagerie médicale	16
I.7.2 Principe de l'imagerie par Résonance Magnétique (IRM)	17
I.8 Domaines d'application de traitement d'image	19
I.9 Conclusion	19

Chapitre II: Les approche de segmentation d'image

II.1 Introduction	20
II.2 Définition de la segmentation	20
II.3 Définition formelle de la segmentation.....	21
II.4 Objectifs de la segmentation.....	21
II.5 Application de la segmentation	21
II.6 Spécificités de la segmentation de l'IRM cérébral	23
II.7 Les étapes de segmentation d'image	23
II.8 Différentes approches de segmentation	24
II.8.1 Segmentation par approches Contours	24
II.8.1.1 Méthodes dérivatives	24
II.8.1.1.1 Opérateurs dérivatifs du premier ordre	25
II.8.1.1.1.1 Gradient	25
II.8.1.1.1.2 Opérateurs de Prewitt et de Sobel	26
II.8.1.1.1.3 Opérateur de Roberts	26
II.8.1.1.2 Opérateurs dérivatifs du deuxième ordre	26
II.8.1.1.2.1 L'approche Laplacien	26
II.8.1.2 Méthodes analytiques.....	27
II.8.1.2.1 Approche de Canny et Deriche	27
II.8.1.3 Méthodes déformables	27
II.8.1.3.1 Contours actifs.....	28
II.8.1.3.2 Principe de fonctionnement des contours actifs	28
II.8.1.3.3 La limite de segmentation par contour	28

II.8.2 Approche région	28
II.8.2.1 Segmentation par croissance de région (région growing)	29
II.8.2.1.1 Application de la méthode de croissance de région	29
II.8.2.1.2 Interprétation des résultats.....	29
II.8.2.2 Segmentation par division/rassemblage (split and merge).....	29
II.8.3 Segmentation par les réseaux de neurones artificiels.....	30
II.8.4 Support vecteur machine (SVM)	31
II.8.5 Segmentation par classification	32
II.8.5.1 Méthodes supervisées	32
II.8.5.1.1 Segmentation bayésienne	32
II.8.5.1.1.1 Segmentation Markovienne	32
II.8.5.1.1.2 Les chaînes de Markov.	32
II.9 Critère de choix d'un méthode de segmentation	33
II.10 Conclusion	33
 <i>Chapitre III : Segmentation d'images par HMM (modèle de Markov cachées)</i>	
III.1 Introduction	34
III.2 Historique	34
III.3 Description De l'image.	34
III.3.1 Système de voisinage (Neighborhood system)	34
III.3.2 Notion de clique	36
III.4 Champs de Markov et champs de Gibbs	37
III.4.1 Champs de Markov	37
III.4.2 Champ de Gibbs.....	38
III.4.3 Equivalence champs de Markov - champs de Gibbs	38

III.4.4 Champs de Markov standard.....	39
III.4.4.1 Le modèle d'Ising	39
III.4.5.2 Le modèle de Potts	40
III.5 Le modèle de champ de Markov caché	41
III.5.1 Définition de HMM	41
III.5.2 Deux types de HMM	41
III.5.2.1 Le modèle gauche-droite	41
III.5.2.2 Le modèle ergodique est sans contrainte	42
III.6 Modèles de Markov cachés	42
III.6.1 Modèles de Markov cachés linéaire (1D-HMM).....	43
III.6.1.1 Principes d'un HMM	43
III.6.1.2 Eléments d'un HMM	43
III.6.1.3 Les trois problèmes fondamentaux d'un HMM.....	44
III.6.1.3.1 Evaluation du modèle	45
III.6.1.3.1.1 La méthode d'évaluation directe	45
III.6.1.3.1.2 Méthode Forward-Backward	46
III.6.1.3.1.2.1 Calcul de la fonction Forward	47
III.6.1.3.1.2.2 Calcul de la fonction Backward	47
III.6.1.3.2 Estimation de la suite d'états cachés.....	47
III.6.1.3.2.1 Algorithme de Viterbi.....	48
III.6.1.3.3 Apprentissage du modèle	49
III.6.1.3.3.1 l'algorithme Baum-Welch	49
III.6.2 Modèle de Markov cachés bidimensionnels (2D-HMM).....	52

III.6.2.1 Principes d'un 2D-HMM.....	52
III.6.2.2 Eléments d'un 2D-HMM.	53
III.6.2.3 Problème de complexité de calcul dans un 2D-HMM	54
III.7. Conclusion	55

Chapitre IV : *simulation et interprétation des résultats*

IV.1 Introduction	56
IV.2 Rappels sous Matlab	56
IV.2.1 Lire et écrire des images sous Matlab	56
IV.3 Mesure de la qualité	56
IV.4 Evaluation objective	57
IV.4.1 Les méthodes avec référence complète	57
IV.4.2 Les méthodes sans référence	57
IV.4.3 Méthodes avec référence réduites	57
IV.5 Métrique de qualité d'image	57
IV.5.1 Erreur quadratique moyenne (MSE)	58
IV.5.2 Le rapport signal sur bruit crête (PSNR).....	58
IV.5.3 La sensibilité E_i et la spécificité P_i	59
IV.6 Résultats de simulation	59
IV.6.1 Méthodologie	59
IV.6.2 Segmentation des images synthétiques	59
IV.7 Segmentation une images réelles	60
IV.8 Conclusion	64
Conclusion Générale	65

Références Bibliographiques.....	67
----------------------------------	----

Liste des figures

Chapitre I

Figure I.1 Représentation d'image numérique	4
Figure I.2 quantifications d'une image.	5
Figure I.3 Exemple d'image utilisant une quantification de 1 bit/composante primaire	5
Figure I.4 Image binaire.....	6
Figure I.5 Image Monochrome.....	7
Figure I.6 Image polychrome (65536 couleurs).....	7
Figure I.7 Exemple d'image 12x12 pixels.	8
Figure I.8 Quelques exemples de résolutions	9
Figure I.9 (a) Image sans bruit. (b) Image avec bruit.....	10
Figure I.10 Contour d'une image	10
Figure I.11 Image avec histogramme.....	11
Figure I.12 Schéma d'un système de traitement d'images.....	12
Figure I.13 Principe du filtre médian.	15
Figure I.14 Principe du filtre maximum	15
Figure I.15 Principe du filtre minimum.....	16
Figure I.16 l'appareil de l'IRM avec principaux composants	17
Figure I.17 L'état d'excitation est instable et dès l'arrêt de l'impulsion RF commence le retour à l'état d'équilibre (stable).	18

Chapitre II

Figure II.1 Image segmentée	20
Figure II.2 Suivi de véhicule.....	22
Figure II.3 Images médicale segmenter.....	22
Figure II.4 Segmentation image de satellite.....	22
Figure II.5 problème du volume partiel.....	23
Figure II.6 quelques modèles de contours.....	24
Figure II.7 Contour et ses dérivées.....	25
Figure II.8 Image originale (à gauche), contour détecté par le Laplacien	27
Figure II.9 <i>Résultat de la segmentation par la méthode croissance de région, (a):images originale,(b) : images binaire, (c) : images segmentée.....</i>	29
Figure II.10 <i>Résultat de la segmentation par la méthode split and merge, (a): image initiale, (b): application de l'algorithme de division, (c): image segmentée après l'étape de fusion.</i>	30
Figure II.11 Structure d'un neurone artificiel.	31
Figure II.12 Exemple de segmentation image satellite par les réseaux de neurones artificiels	31

Chapitre III

Figure III.1 Contexte spatial dans les images naturelles	35
Figure III.2 Un système de voisinage dans les images 2D, premier ordre (a), second ordre (b).	35
Figure III.3 Un système de voisinage dans les images 3D, premier ordre (a), second ordre (b)	36
Figure III.4 : Les cliques associées aux systèmes de voisinage en 4-connexité et en 8-connexité	36
Figure III.5 modèle d'Ising, MRF à 2-D	40
Figure III.6 Exemple modèle de Pott avec différentes valeurs de β	41
Figure III.7 Le Hmm gauche-droite à quatre états	42

Chapitre IV

Figure IV.1 A et B) Images originales, C et D) images segmentées par HMM.....	60
---	----

Figure IV.2 image original.	61
Figure IV.3 image filtrée	61
Figure IV.4 l'emplacement de la zone de délimitation de la pièce anormal.	61
Figure IV.5 l'extraction de la partie Cancéreuse de l'image	61
Figure IV.6 l'ensemble d'image utilise pour l'analyse	61
Figure IV.7 graphique de Comparaison de (précision) obtenus enter HMM et différentes techniques	63

Liste des Tableaux

Chapitre IV

Tableaux IV.1 mesure du Paramétrés d' images	60
Tableaux IV.2 Paramétrés obtenus pour ensemble images	62
Tableaux IV.3 Valeurs paramétriques moyennes pour HMM	62
Tableaux IV.4 : Comparaison de (précision) obtenus enter HMM et différentes techniques.....	62
Tableaux IV.5 Comparaison de (PSNR) obtenus enter HMM et différentes techniques.....	63

Liste des symboles

$ $	Déterminant
α	Paramètre d'interaction
λ	Paramètre de régularité.
β	Paramètre associé aux singletons
Θ	Vecteur Paramètre
\mathbf{B}	Champ magnétique externe
C	Ensemble de clique
Cr	Crédibilité
∇	Gradient
δ	Symbole de Kronecker.
E	Espace de valeurs des descripteurs.
\exp, e	Exponentiel
γ	Fonction de partition
Ω	Ensemble de classes
ω_i	Classe
φ	Fonction potentielle
$I(i, j)$	Intensité du pixel de coordonnées (i, j) de l'image I .
L	Vraisemblance
\mathbf{Max}	Maximum.
P	Rapport à la probabilité
$P(\Omega)$	Ensemble des parties de Ω
R	Ensemble des réels

S	Ensemble des pixels
s	Site ou pixel
T	Seuil global fixe
U	Fonction énergie
Us	Energie locale en un site s
V_s	Système de voisinage
V	Ensemble de voisins de s
X	Champ aléatoire de Markov
X_s, Y_s	Variable aléatoire
Y	Champ observé
Zs	Facteur de normalisation
NG	Niveau de gris.
Pixel	Picture element.
RVB	Rouge / Vert / Bleu.
CG	Champ de Gibbs
CM	Champ de Markov
CMC	Champ de Markov Caché
CMCouple	Champ de Markov Couple
ICM	Mode Conditionnel Itéré (IteratedConditionnal Modes).
EM	Expectation Maximisation
BMP	Bit Map Picture.
JPEG	Joint Photographic Experts Group
Tiff	Tagged Image File Format
PNG	Portable Network Graphics
PS/EPS	Postscript / Encapsulated Postscript
IRM	Image par résonance magnétique
MSE	Erreur quadratique moyenne (Meansquarederror)

PSNR	Rapport crête signal sur bruit (Peak Signal to Noise Ratio).
SC	Contenu structurel (Structural Content).
NCC	Corrélation croisée normalisée (Normalized Cross Correlation).
MD	Différence maximale (Maximum difference).
N	Erreur absolue normalisée (Normalized absolute error)

Introduction Générale

Les tumeurs cérébrales sont des maladies mortelles qui se propagent dans le monde entier et touchent tous les types de groupes d'âge. En raison de son impact direct sur le système nerveux central, si les cellules tumorales prédominent à certains endroits du cerveau, la fonctionnalité globale du corps est perturbée et les chances qu'une personne approche de la mort sont élevées. Les tumeurs peuvent être cancéreuses ou non cancéreuses, mais dans de nombreux cas, les chances de guérison complète sont moindres.

Lorsque l'imagerie médicale est apparue, elle a révolutionné la médecine en donnant un accès immédiat et fiable à des informations invisibles au diagnostic clinique. Elle fournit un volume très important de données à analyser.

L'imagerie médicale est l'ensemble des moyens permettant d'explorer et d'examiner le corps humain sans procéder à une opération avec tous ses risques et complications, son but est de déceler les urgences en premier plan, diagnostiquer les maladies et suivre leur évolution afin de mieux les soigner, cela a fait apparaître plusieurs techniques : la radio, l'échographie , l'imagerie par résonance magnétique et d'autres selon la partie en question et/ou la précision requise.

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est l'une de ces techniques, permettant d'obtenir des images très contrastées de certains tissus en fonction de leurs propriétés histologiques, c'est un outil particulièrement utilisé en imagerie cérébrale, de plus elle permet l'acquisition d'images en coupes, dans tous les plans de l'espace, ainsi que des représentations tridimensionnelles.

Mais le diagnostic et la détection de la maladie ne s'arrête pas à la prise d'une image par imagerie magnétique (IRM) uniquement, mais repose sur plusieurs étapes par lesquelles il faut traiter cette image, et ici nous expliquons la technique de segmentation qui est considérée comme une étape primordiale dans l'imagerie médicale, elle consiste à extraire à partir de l'image, une ou plusieurs régions formant la zone d'intérêt pour un diagnostic. Autrement dit, c'est le processus qui divise une image numérique en plusieurs segments afin de la simplifier et faciliter son interprétation par les médecins.

Mais malgré les récents développements en matière de technologie, d'équipement et de sensibilisation le taux de mortalité a continué d'augmenter dans le monde entier pour plusieurs raisons, notamment l'incapacité des experts à interpréter l'image IRM et à prendre beaucoup de temps pour révéler les résultats, et cela conduit à ce que la tumeur ne soit pas découverte à un stade précoce et se détériore l'état de santé des patients.

L'objectif de notre travail est de fournir un outil d'aide au diagnostic, rapide et très efficace en termes de qualité de segmentation, pour cela nous nous sommes basés sur l'un des modèles de Markov cachés qui est HMM (Hidden Markov model).

Selon les travaux de Huang, segmentation dans le Markov Random Field Model (MRFM), qui est une version antérieure du HMM (Hidden Markov model), peut être obtenu en maximisant la probabilité a posteriori de la segmentation en fonction d'une donnée d'image donnée.

L'analyse des HMM (Hidden Markov model) cherche à récupérer la séquence d'états à partir des données observées. Comme indiqué dans les travaux de Rabiner, HMM (Hidden Markov model) est fondamentalement une automatisation stochastique à états finis qui est formellement définie par les éléments suivants : Un ensemble d'états (S), une matrice de distribution de probabilité de transition d'état (A) qui représente la probabilité de passer de l'état (S_i) à (S_j), un ensemble de symboles d'observation (V), distribution de probabilité de symbole d'observation ou matrice d'émission (B), indiquant la probabilité d'émission d'un symbole à un état système spécifique. Et une distribution de probabilité d'état initial (π) représentant les probabilités des états initiaux. Pour plus de commodité, HMM (Hidden Markov model) a désigné comme un triplé $\lambda = A, B, \pi$, qui détermine de manière unique le modèle.

Ce mémoire s'articule autour de quatre chapitres qui nous permettront de présenter les différents aspects de notre travail. Le premier chapitre nous avons présenté les Généralité sur le traitement d'image. Ensuite nous avons présentés dans le deuxième chapitre les approches de segmentation d'image. Dans le troisième chapitre on a présenté la segmentation par HMM et Le quatrième chapitre est la partie simulation et résultats, nous terminons ce travail par une conclusion générale.

CHAPITRE I

Généralité sur le traitement d'images

I.1 Introduction

Le traitement d'images est un domaine très vaste qui a connu, et qui connaît encore, un développement important depuis quelques dizaines d'années.

On désigne par traitement d'images numériques l'ensemble des techniques permettant de modifier une image numérique afin d'améliorer ou d'en extraire des informations.

De ce fait, le traitement d'images est l'ensemble des méthodes et techniques opérant sur celles-ci, dans le but de rendre cette opération possible, plus simple, plus efficace et plus agréable, d'améliorer l'aspect visuel de l'image et d'en extraire des informations jugées pertinentes.

Dans ce chapitre, nous abordons les notions de base nécessaires à la compréhension des techniques de traitement d'images. Ensuite, nous expliquons la technique d'imagerie par résonance magnétique que produit l'image qu'est à la base de ce projet.

I.2 Le traitement d'image

I.2.1 Historique

Le traitement d'images commence à être étudié dans les années 1920 pour la transmission d'images par le câble sous-marin allant de New York à Londres. Harry G. Bartholomew et Maynard D. Macfarlane effectuent la première numérisation d'image avec compression de données pour envoyer des fax de Londres à New York. Le temps de transfert passe ainsi de plus d'une semaine à moins de trois heures. Il n'y a pas vraiment d'évolution par la suite jusqu'à la période d'après-guerre. [6]

En 1980, David Marr formalise le premier la détection de contours de manière précise. Au cours des années 1980, un véritable engouement se fait jour pour le traitement de l'image et surtout pour la compréhension de l'image par des systèmes experts. Les ambitions étaient beaucoup trop grandes, l'échec fut d'autant plus cuisant.

Les années 1990 voient l'amélioration constante des opérateurs. La recherche médicale devient un très gros demandeur en traitement d'images pour améliorer les diagnostics faits à partir des nombreuses techniques d'imagerie médicale, la technique reine étant l'IRM. Les publicitaires, puis le grand public se familiarisent avec la retouche d'image grâce au logiciel Photoshop, et le traitement d'images dans un objectif esthétique se répand avec l'apparition

d'autres logiciels dédiés (The Gimp, Paint Shop Pro). Enfin, la décennie s'achève sur l'engouement pour les ondelettes et les images multimodales.

I.2.2 Définition de traitement d'image

Le traitement d'image est une opération qui commence avec une image et finit avec une autre ou bien une image corrigée. Cette opération ne doit être confondue avec l'analyse d'image qui débute sur une image et en extrait des résultats brefs, réduisant les données nécessaires pour stocker l'image originale comme un tableau des pixels. Le traitement produit habituellement une autre image aussi grande que l'originale mais dans laquelle les valeurs des pixels (intensité ou couleur) ont changé. [6]

I.3 Numérisation de l'image

I.2.1 Définition d'une image numérique

L'image numérique est une image dont la surface est divisée en éléments d'une taille fixe appelés cellules ou pixels, ayant chacune comme caractéristiques : le niveau de couleurs (ou de gris) prélevé et l'emplacement correspondant dans l'image réelle.

La numérisation d'une image est la conversion de celle-ci de son état analogique en une image numérique représentée par une matrice bidimensionnelle de valeurs numériques $F(x,y)$.

x, y : Coordonnées cartésiennes d'un point de l'image.

$F(x, y)$: Niveau d'intensité.

Pour des raisons de commodité de représentation pour l'affichage et l'adressage, les données images sont généralement rangées sous forme de tableau I de n lignes et p colonnes où chaque élément $I(x, y)$ représente un pixel de l'image et sa valeur est associée à un niveau de gris codé sur m bits (2^m niveaux de gris, $0 = \text{noir}$, $2^m - 1 = \text{blanc}$). [17]

La valeur en chaque point exprime la mesure d'intensité lumineuse perçue par le capteur.

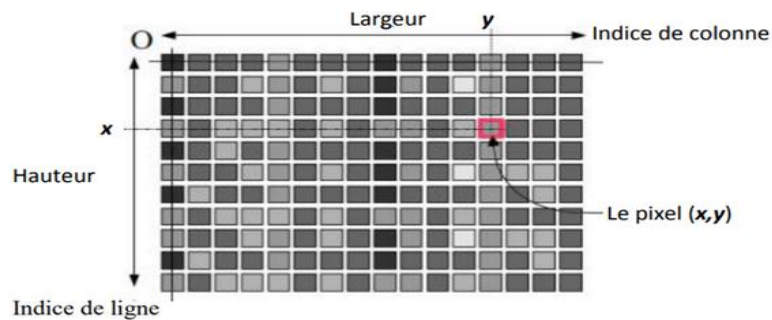


Figure I.1 : Représentation d'image numérique

I.3.2 L'échantillonnage et la quantification

La quantification détermine la qualité de l'échantillonnage du signal. Celui-ci se mesure en nombre de bits par pixel de l'image. La précision du rendu colorimétrique de l'image dépend du nombre de niveaux du signal pouvant être codés pour chaque pixel. Les valeurs les plus courantes sont 8 bits/pixel pour les images en niveaux de gris (256 niveaux de gris) et 24 bits/pixels, c'est à dire 8 bits par composantes primaires, pour les images en couleur (plus de 16 millions de couleurs distinctes).

Les images suivantes illustrent l'influence de la quantification (nombre de bits pour le codage de chaque composante primaire) sur la qualité de l'image. Par rapport à l'image originale codée sur 8 bits par composante, la dégradation est progressive jusqu'à atteindre une image qui est "monochrome" dans chacune des couleurs primaires (image retravaillée en contraste).



Figure I.2 : quantifications d'une image

Certaines techniques de tramage permettent d'augmenter artificiellement le nombre de Il est possible d'utiliser, par exemple, un tramage de diffusion (régulier ou aléatoire) permettant de répartir les erreurs colorimétriques par rapport à l'image modèle sur des pixels adjacents. [6]



Figure I.3 : Exemple d'image utilisant une quantification de 1 bit/composante primaire

I.4 Codification d'une image numérique

I.4.1 Images en noir et blanc (monochromes)

Ces images sont dites à niveaux de gris, car on ne prend pas en compte ici la couleur mais seulement l'intensité lumineuse (l'exemple classique correspond aux photographies noir et Blanc) parmi ces image on peut trouver :

I.4.1.1 Images binaires

Chaque pixel est représenté par un bit (0/1) avec en général (0) pour le noir, intensité nulle et (1) pour le blanc, intensité maximale). Notons que la plupart des systèmes de traitement d'images placeront chaque pixel dans un octet (code 0 ou 255 (pour coder le 1 de l'image binaire » pour des facilités d'accès et d'écriture des algorithmes. (34)



Figure I.4 : Image binaire

I.4.1.2 Images à niveaux de gris

Le niveau de gris est la valeur de l'intensité lumineuse en un point. La couleur du pixel peut prendre des valeurs allant du noir au blanc en passant par un nombre fini de niveaux intermédiaires. Donc pour représenter les images à niveaux de gris, on peut attribuer à chaque pixel de l'image une valeur correspondant à la quantité de lumière renvoyée. Cette valeur peut être comprise par exemple entre **0 et 255**. Chaque pixel n'est donc plus représenté par **1 bit**,

mais par **1 octet**. Pour cela, il faut que le matériel utilisé pour afficher l'image, soit capable de produire les différents niveaux de gris correspondant.

Le nombre de niveaux de gris dépend du nombre de bits utilisés pour décrire la " couleur " de chaque pixel de l'image. Plus ce nombre est important, plus les niveaux possibles sont nombreux.[12]



Figure I.5 : Image Monochrome

I.4.2 Images en couleurs (Polychromes)

Elle est obtenue par la combinaison de trois couleurs dites primaires : Rouge, vert et bleu(RVB). Chaque couleur est codée comme une image à niveaux de gris, avec des valeurs allant de 0 à 255. Pour $R=V=B=0$ nous auront un noir pur, et pour $R=V=B=255$ nous auront un blanc pur. La représentation des images couleurs se fait donc soit par une image dont la valeur du pixel est une combinaison linéaire des valeurs des trois composantes couleurs, soit par trois images distinctes représentant chacune une composante couleur, on distingue généralement deux types d'images : [6]

-Images 24 bits



-Images à palettes

Figure I.6 : Image polychrome (65536 couleurs)

I.5 Caractéristique d'une image

Comme nous l'avons vu, l'image est un ensemble structuré d'informations parmi ses caractéristiques nous pouvons citer les paramètres suivants :

I.5.1 Pixel

Une image numérique est constituée d'un ensemble de points appelés **pixels** (abréviation de *Picture Élément*) pour former une image. Le pixel représente ainsi le plus petit élément constitutif d'une image numérique. L'ensemble de ces pixels est contenu dans un tableau à deux dimensions constituant l'image [13]

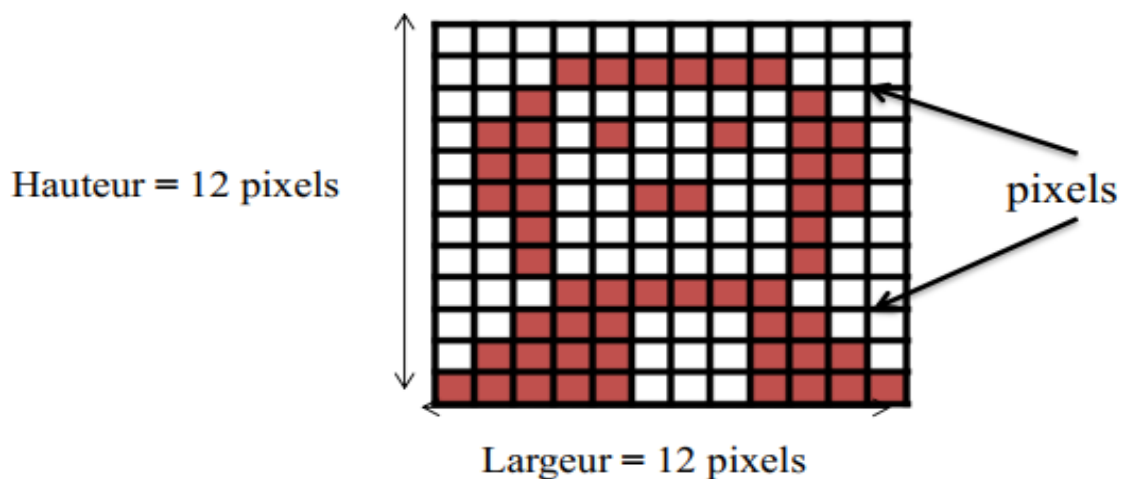


Figure I.7: Exemple d'image 12x12 pixels.

I.5.2 La résolution

La résolution est définie par un nombre de pixels par unité de longueur de l'image à numériser en dpi (dots per inch) ou ppp (points par pouce). On parle de définition pour un écran et de résolution pour une image. Plus le nombre de pixels est élevé par unité de longueur, plus la quantité d'informations qui décrit l'image est importante et plus la qualité est meilleure (mais plus le poids de l'image est élevé). Autrement dit, la résolution d'une image correspond au niveau de détails qui vont être représentés sur une image, voir l'exemple ci-dessous [17]

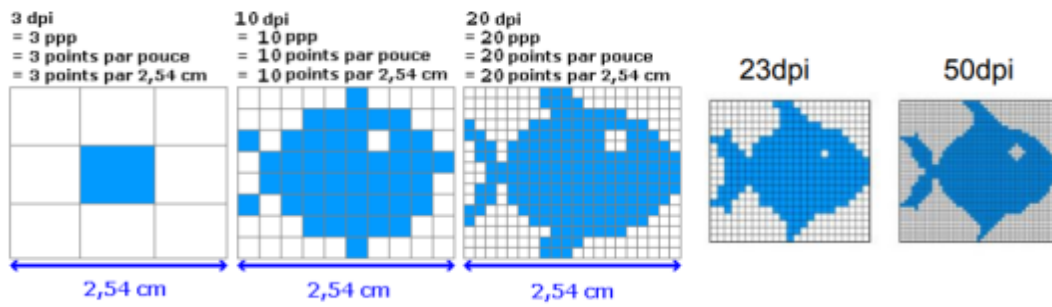


Figure I.8 : Quelques exemples de résolutions

I.5.3 Dimensions :

C'est la taille de l'image. Cette dernière se présente sous forme de matrice dont les éléments sont des valeurs numériques représentatives des intensités lumineuses (pixels). Le nombre de lignes de cette matrice multiplié par le nombre de colonnes nous donne le nombre total de pixels dans une image.[6]

I.5.4 La texture :

Une texture est une région dans une image numérique qui a des caractéristiques homogènes. Ces caractéristiques sont par exemple un motif basique qui se répète .la texture est composée de Texel, l'équivalent des pixels.[20]

I.5.5 Bruit :

Un bruit (parasite) dans une image est considéré comme un phénomène de brusque variation de l'intensité d'un pixel par rapport à ses voisins, il provient de l'éclairage des dispositifs de optiques et électroniques du capteur. [20]



(a)

(b)

Figure I.9 : (a) Image sans bruit. (b) Image avec bruit.

I.5.6 Contours :

Les contours représentent la frontière entre les objets de l'image, ou la limite entre deux pixels dont les niveaux de gris représentent une différence significative. Les textures décrivent la structure de ceux-ci. L'extraction de contour consiste à identifier dans l'image les points qui séparent deux textures différentes. [6]



Figure I.10 : Contour d'une image.

I.5.7 La luminance :

C'est le degré de luminosité des points de l'image. Elle est définie aussi comme étant le quotient de l'intensité lumineuse d'une surface par l'aire apparente de cette surface, le mot luminance est substitué au mot brillance, qui correspond à l'éclat d'un objet.

Une bonne luminance se caractérise par :

- ✓ Des images lumineuses (brillantes)
- ✓ Un bon contraste : il faut éviter les images où la gamme de contraste tend vers le blanc ou le noir ; ces images entraînent des pertes de détails dans les zones sombres ou lumineuses.
- ✓ L'absence de parasites. [20]

I.5.8 Régions

Groupe de pixel présentant des caractéristique similaires (intensité, mouvement, etc..).

I.5.9 Histogramme d'une image

Un histogramme (traitement statistique de l'image) représente la fréquence des valeurs d'intensité des pixels dans une image. Ce concept peut être expliqué en considérant une

image comme celle montrée dans la figure 1.6 un histogramme h pour une image I des niveaux de gris avec les valeurs d'intensité $I(u, v) \in [0, K - 1]$ contient exactement k entrées. Pour une image de 256 niveaux de gris ($k = 28 = 256$), chaque entrée de l'histogramme est définie :

$$\text{Pour } 0 \leq i < k \quad h(i) = \text{card} \{(u, v) / I(u, v) = i\} \quad (\text{I.1})$$

$h(i)$ = le nombre de pixels dans l'image I avec la valeur d'intensité i . [6]

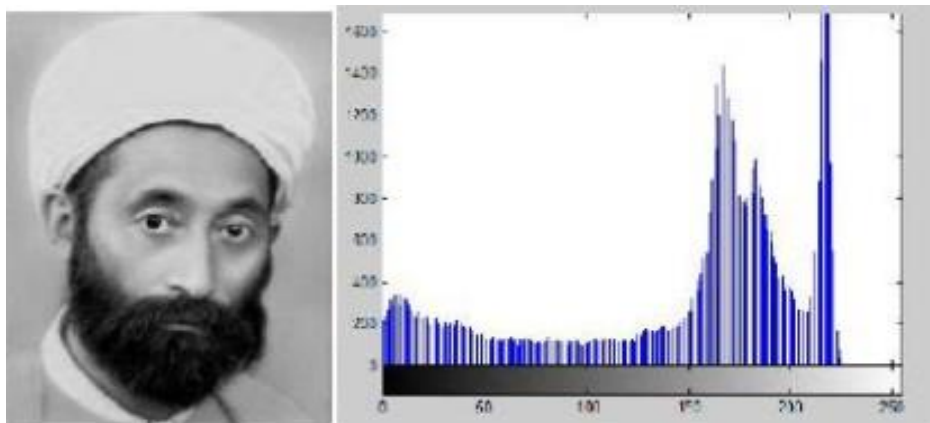


Figure 1.11 : Image avec histogramme.

I.5.10 Le contraste :

C'est l'opposition marquée entre deux régions d'une image, plus précisément entre les régions sombres et les régions claires de cette image. Le contraste est défini en fonction des luminances de deux zones d'images. Si $L1$ et $L2$ sont les degrés de luminosité respectivement de deux zones voisines $A1$ et $A2$ d'une image, le contraste C est défini par le rapport : [17]

$$C = (L1 - L2) / (L1 + L2).$$

I.6 Système de traitement d'image

Un système de traitement d'image est généralement composé des unités suivantes :

- UN système d'acquisition et de numérisation qui permet d'effectuer l'échantillonnage et la quantification d'une image. Une mémoire de masse pour stocker les images numérisées.
- UN système de visualisation.
- Une unité centrale permettant d'effectuer les différentes opérations de traitement d'images. [6]

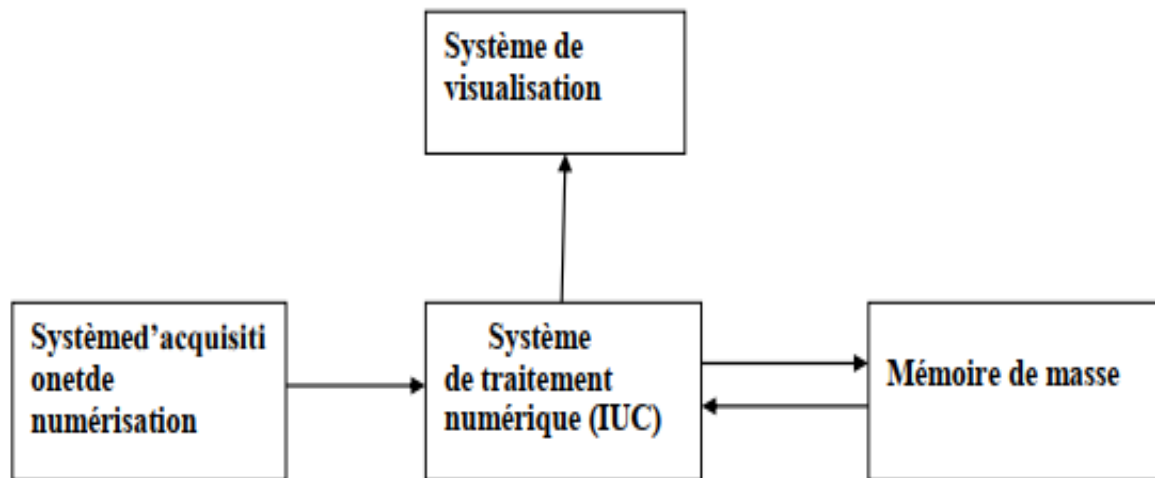


Figure I.12 : Schéma d'un système de traitement d'images

I.6.1 Acquisition et numérisation :

L'acquisition d'images constitue un des maillons essentiels de toute chaîne de conception et de production d'images. Pour pouvoir manipuler une image sur un système informatique, il est avant tout nécessaire de lui faire subir une transformation qui la rendra lisible et manipulable par ce système. Le passage de cet objet externe (l'image d'origine) à sa représentation interne (dans l'unité de traitement) se fait grâce à une procédure de numérisation. Ces systèmes de saisie, dénommés optiques, peuvent être classés en deux catégories principales : les caméras numériques et les scanners.

I.6.2 Visualisation

Tout système de traitement d'image est doté d'un dispositif de visualisation qui permet l'affichage des images. L'utilisation de différents types de reconstituteurs permet de transformer le signal numérique qu'est la matrice image en un signal analogique visible par l'œil de l'observateur. Pour cela, différents types de supports peuvent être employés : moniteur vidéo, clichés photographiques, impression sur papier. Dans tous les cas et pour chaque échantillon de l'image numérique, on recrée un nouvel élément d'image ou un nouveau pixel dont on choisit la forme de façon à reconstituer une image analogique qui soit la plus proche possible de l'image avant numérisation compte tenu des erreurs introduites lors de l'acquisition, de la numérisation et de la transmission. [6]

I.6.3 traitement numérique des images

Les techniques de traitement sont destinées à l'exploitation des informations contenues dans les images, ceci dans le but d'améliorer la qualité des images et de les rendre plus facilement interprétables, en d'autres termes elles permettent d'augmenter la qualité visuelle de l'image.

A. Filtrage Numérique

Les images numériques telles qu'elles sont acquises, sont très souvent inexploitables pour le traitement d'images. Elles contiennent des signaux bruités. Pour remédier à cela, différents prétraitements pour l'amélioration ou la correction sont effectués. [40]

A.1 Filtres linéaires

Les filtres linéaires transforment un ensemble de données d'entrée en un ensemble de données de sortie par une convolution bidimensionnelle qui est une opération mathématique. Ils permettent de supprimer le bruit dans l'image. Chaque filtre a une taille $N \times N$ avec N impair. Les filtres linéaires les plus connus sont les filtres passe-bas, passe-haut.[6]

A.1.1 Filtre passe-bas (lissage)

Opération destinée à éliminer le bruit dans l'image ; le filtre passe-bas élimine les signaux de haute fréquence caractérisés par de grandes variations des niveaux de Gris entre pixels voisins. IL est appelé aussi filtre de lissage car il adoucit considérablement les contours de l'image. Le principe de ce filtre consiste à remplacer la valeur de chaque pixel par la moyenne effectuée sur un voisinage.[6]

$$\frac{1}{9} * \begin{array}{|c|c|c|} \hline 1 & 1 & 1 \\ \hline 1 & 1 & 1 \\ \hline 1 & 1 & 1 \\ \hline \end{array}$$

Masque du filtre

A.1.2 Filtre passe-haut (Accentuation) :

Le renforcement des contours et leur extraction s'obtiennent dans le domaine fréquentiel par l'application d'un filtre passe-haut. Le filtre digital passe-haut a les caractéristiques inverses du filtre passe-bas .Ce filtre n'affecte pas les composantes de haute fréquence d'un signal, mais doit atténuer les composantes de basse fréquence.[20]

$$H = \begin{array}{|c|c|c|} \hline -1 & -1 & -1 \\ \hline -1 & 9 & -1 \\ \hline -1 & -1 & -1 \\ \hline \end{array}$$

Masque de filtre

A.2 Filtres non linéaire

Ils sont conçus pour régler les problèmes des filtres linéaires, Leur principe est le même que celui des filtres linéaires, il s'agit toujours de remplacer la valeur de chaque pixel par la valeur d'une fonction calculée dans son voisinage. La différence majeure, est que cette fonction n'est plus linéaire mais une fonction quelconque (elle peut inclure des opérateurs de comparaisons ou de classification). Les filtres non linéaires les plus connus sont : [1]

A.2.1 Filtre médian

Ce filtre est très utilisé pour éliminer le bruit sur une image qui peut être de différentes origines (poussières, petits nuages, baisse momentanée de l'intensité électrique sur les capteurs, ...). L'avantage de ce filtre réside dans le fait qu'il conserve les contours alors que les autres types de filtres ont tendance à les adoucir.

L'algorithme de filtre médian est le suivant :

1. Trier les valeurs par ordre croissant.
2. Remplacer la valeur du pixel centrale par la valeur située au milieu de la triée.
3. Répéter cette opération pour tous les pixels de l'image

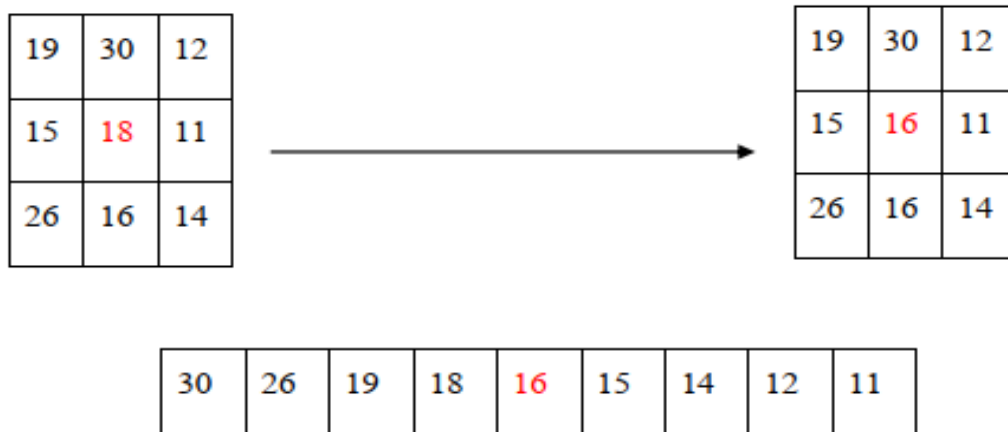


Figure I.13 : Principe du filtre médian.

A.2.2 Filtre maximum

On applique le même traitement que celui du filtre médian mais la valeur du pixel du centre comme la montre la figure 9, va être changée par le maximum.

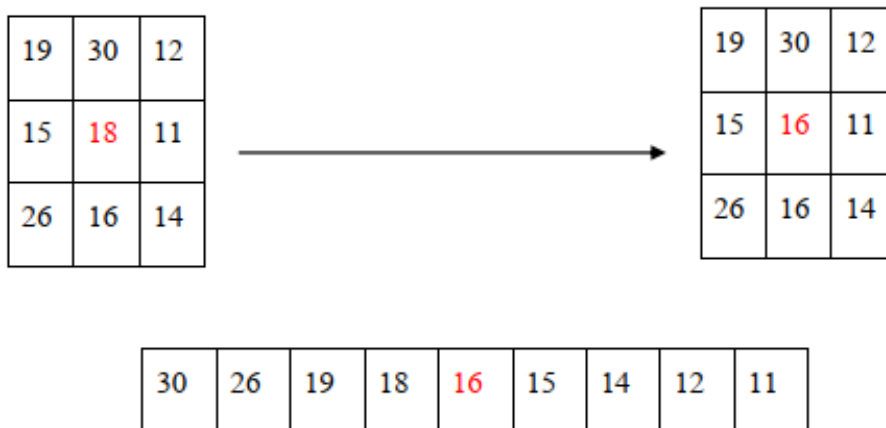


Figure I.14 : Principe du filtre maximum

A.2.3 Filtre minimum

On applique le même traitement que celui du filtre maximum mais, cette fois, la valeur du pixel du centre comme la montre la figure va être remplacée par le minimum. [1]

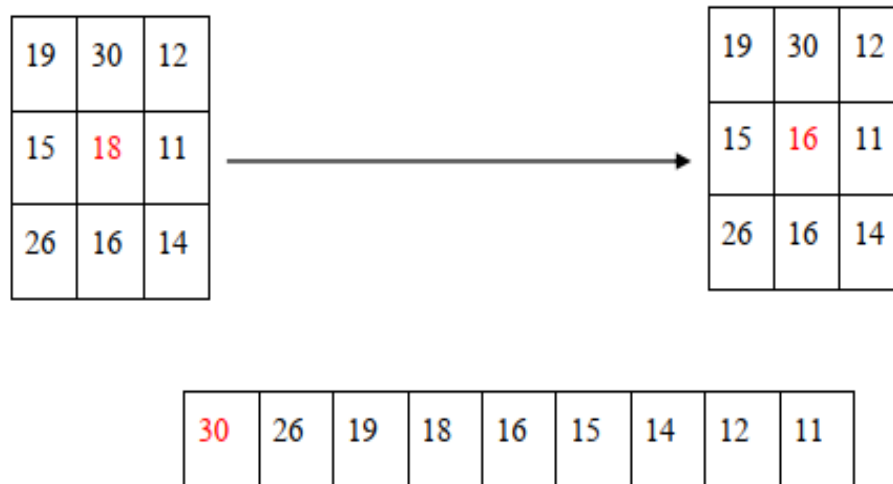


Figure I.15 : Principe du filtre minimum

1.7 Imagerie Médicale et IRM

1.7.1 L'imagerie médicale

L'imagerie médicale consiste à l'utilisation du rayonnement électromagnétique et certaines autres technologies pour produire les images des structures internes du corps humain à des fins de diagnostic médical. Il existe plusieurs types d'images selon la technologie en zone et/ou la maladie en question.

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technique d'imagerie utilisée principalement dans les établissements médicaux pour réaliser des images de haute qualité de l'intérieur du corps humain de façon non invasive et non irradiante. L'IRM est basée sur les principes de la résonance magnétique nucléaire (RMN), une technique spectroscopique utilisée par les chercheurs pour obtenir des informations physiques sur les molécules chimiques et microscopique. La technique a été appelée imagerie par résonance magnétique plutôt que l'imagerie par résonance magnétique nucléaire (IRM) en raison des connotations négatives associées avec le mot nucléaire à la fin des années 1970. IRM a commencé comme une technique d'imagerie tomographique et a progressé au-delà tomographique vers une technique d'imagerie de volume voir (figure11). [19]

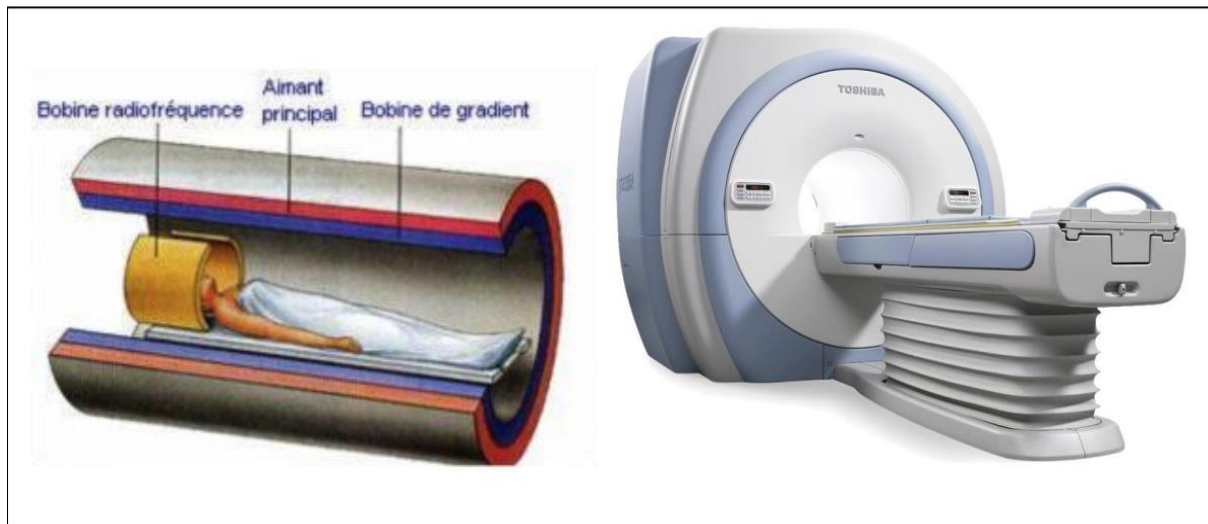


Figure I.16 : l'appareil de l'IRM avec principaux composants.

I.7.2 Principe de l'imagerie par Résonance Magnétique (IRM)

L'IRM est une technique de diagnostic médical fournissant des images tridimensionnelles et en coupe de grande précision anatomique. Cette technique récente, non invasive, est basée sur le phénomène physique de la résonance magnétique nucléaire. Le principe de l'IRM repose sur la propriété de certains atomes à entrer en résonance dans certaines conditions c'est le cas de l'atome d'hydrogène (H) qui est un des deux constituants de la molécule d'eau (H_2O) que l'on trouve en grande quantité dans le corps humain (entre 60 et 75%). De plus, la quantité d'eau varie d'un tissu à l'autre, mais aussi à l'intérieur d'un même tissu selon son état physiologique, ce qui est utilisé pour établir une cartographie du corps humain et de ses pathologies. Lorsque les atomes d'hydrogène entrent en résonance sous l'action d'un champ magnétique, ils absorbent de l'énergie : ainsi, plus la concentration en eau du milieu est élevée, plus il y a absorption d'énergie. A l'arrêt du phénomène de résonance, l'énergie emmagasinée par les atomes est restituée au milieu.

Les atomes possèdent un moment angulaire intrinsèque nommé spin auquel est lié un moment magnétique pouvant être assimilé à un aimant. Sans perturbation extérieure ces aimants élémentaires sont orientés de façon aléatoire dans toutes les directions. Si on applique un champ magnétique constant et homogène, ils s'orientent selon des directions privilégiées. Si on applique en plus un champ magnétique tournant perpendiculaire au premier, un phénomène de résonance des noyaux de l'échantillon étudié intervient. Lorsqu'on supprime ce second champ, les atomes vont retourner à l'état initial en émettant un signal RMN (Résonance Magnétique Nucléaire).

Pour la formation de l'image, le processus se fait en trois étapes : dans un premier temps, le corps est placé dans un champ magnétique qui oriente tous les protons dans la même direction.

Puis les protons sont excités par des ondes radio qui modifient leur orientation. Dès l'arrêt de l'impulsion RF (Radiofréquence), les protons retournent à l'état d'équilibre. L'acquisition des signaux RMN émis permet de reconstruire l'image. [19] Voir (figure 12)

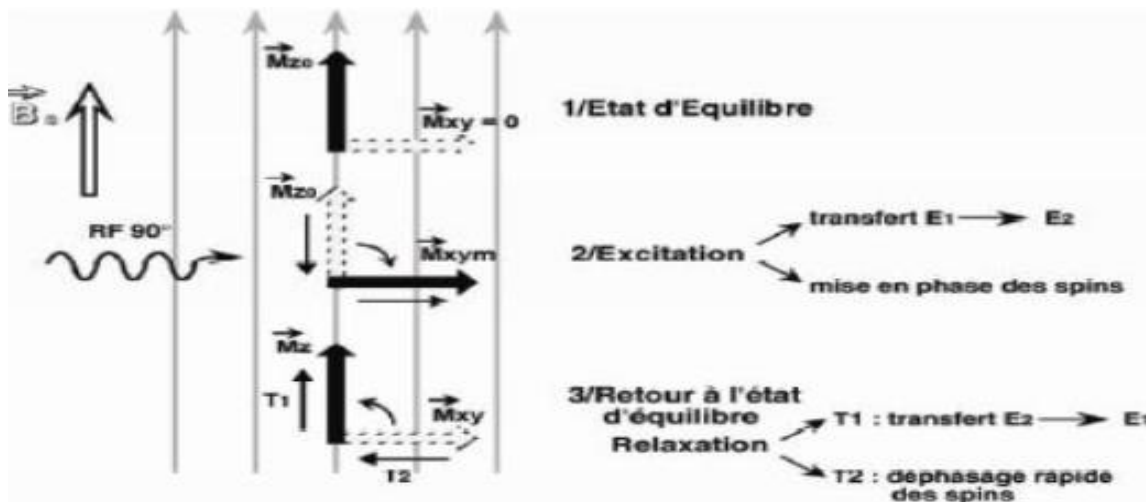


Figure I.17 : L'état d'excitation est instable et dès l'arrêt de l'impulsion RF commence le retour à l'état d'équilibre (stable).

La transition progressive $E_2 \rightarrow E_1$ entraîne le ré-augmentation de : phénomène de relaxation T_1 , et le déphasage rapide des spins entraîne la diminution de phénomène de relaxation T_2 . La formation du volume, est faite par la localisation dans les trois plans de l'espace. Pour ce faire trois gradients de champs magnétiques sont utilisés. Ces gradients sont créés par des bobines qui vont se superposer au champ magnétique. Le gradient de sélection de coupe (GS) est d'abord appliqué puis le gradient de codage de phase (GP) permet de sélectionner les lignes de la matrice à l'origine de l'image et le gradient de lecture (GL) permet de sélectionner les colonnes.

Une transformée de Fourier permet ensuite de reconstruire l'image. Lors de l'acquisition du signal, le processus d'échantillonnage engendre un phénomène appelé volume partiel : certains voxels issus de l'échantillonnage du volume observé sont à la frontière entre deux tissus et peuvent donc contenir de l'information de plusieurs classes tissulaires. Ces voxels

appartiennent donc à plusieurs classes en même temps, du fait de la résolution spatiale de l'imageur, ce qui pose un problème lors de la labellisation. Les images IRM sont donc obtenues par application de gradients de champ et de séquences d'impulsions RF. [19]

I.8 Domaines d'application de traitement d'image

Le traitement d'images possède l'aspect multidisciplinaire. On trouve ses applications dans des domaines très variés tels que les télécommunications (T.V., vidéo, publicité,...), la médecine (radiographie, ultrasons,...), biologie, astronomie, géologie, l'industrie (robotique, sécurité), la météorologie, l'architecture, l'imprimerie, l'armement (application militaire).

De nouvelles applications pratiques sont possibles aujourd'hui et touchent tous les domaines d'activités, tels que : métiers du spectacle, de la radio, créations artistiques,...

I.9 Conclusion

Ce chapitre, nous l'avons voulu à ce qu'il soit une brève introduction aux concepts liés au domaine du traitement d'images. Les différentes définitions qui y sont développées sont celles des connaissances élémentaires de cette discipline, mais combien même elles sont essentielles pour l'initiation aux traitements approfondis des images.

L'imagerie médicale est un des domaines auxquels l'informatique apporte depuis une dizaine d'années de véritables bouleversements. Cet apport concerne essentiellement les moyens de diagnostic (IRM, études cinétiques, etc.), mais également les habitudes médicales en ce qui concerne l'interprétation, l'archivage, la transmission et comparaison des images obtenues par différentes techniques.

Malgré son développement très important ces dernières années, le domaine de l'imagerie médicale est confronté à de nombreux problèmes tant sur le plan du codage de l'information que sur celui de sa transmission et même au niveau du diagnostic fait par le radiologiste par exemple.

Nous pouvons, à présent, aborder au prochain chapitre les techniques de la segmentation d'image.

CHAPITRE II

Les approches de segmentation d'images

II.1 Introduction

La segmentation reste un des problèmes fondamentaux de l'analyse d'image. La segmentation étant le processus principal pour connaître les parties de l'image médicale du cerveau dans le but d'aider le praticien dans ses diagnostics en lui signalant les risques pathologiques, l'une des opérations primordiales pour tout traitement d'images est évidemment la segmentation.

La segmentation est un processus important en traitement d'images, à partitionner une image en plusieurs régions. Dans un but de simplifier la représentation de l'image pour la rendre plus facile à analyser et à interpréter. La segmentation d'images est typiquement utilisée pour localiser des objets ou reconnaître des contours d'objets. Ce processus aidera à trouver des zones d'intérêt dans une image, plus spécifiquement la segmentation d'images IRM cérébrales, permet de délimiter les différents tissus cérébraux et éventuellement les structures pathologiques. Dans ce chapitre nous allons aborder les différentes approches de segmentation.

II.2 Définition de la segmentation

La Segmentation des image est un étape essentielle dans les application de vision par ordinateur , la Segmentation est un processus qui consiste à partitionner l'image en zone homogènes selon un critère de similarité déterminé comme par exemple la Couleur, Texture, Contours, Niveau de gris, ...

On regroupe généralement les algorithmes de segmentation en trois grandes classes

- Segmentation basée sur les pixels
- Segmentation basée sur les régions
- Segmentation basée sur les contours

La première catégorie travaille sur des histogrammes de l'image. Par seuillage. La deuxième catégorie correspond aux algorithmes d'accroissement ou de découpage de région. La troisième catégorie s'intéresse aux contours des objets dans l'image.

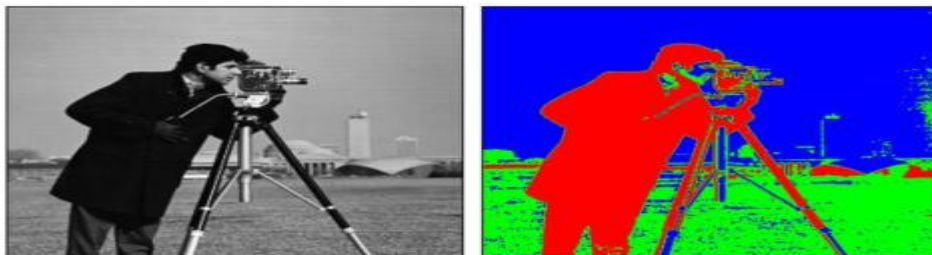


Figure II.1 : Image segmentée

II.3 Définition formelle de la segmentation

1. $\cup_{i=1}^n R_i = I$
2. $R_i \cap R_j = \emptyset; \forall i, j \text{ telle que } i \neq j$
3. $(R_i) = vr; \forall i \in \{1, 2, \dots, n\}$
4. $(R_i \cap R_j) = fa; \forall i, j \text{ telle que } i \neq j$
5. $R_i \text{ est un composant conn}; \forall i \in \{1, 2, \dots, n\}$

Formellement, la segmentation d'une image A en régions R_i , $i = 1 \dots n$, est définie par les propriétés suivantes : [3]

- P est un prédicat d'homogénéité.
- La première condition indique que l'union des régions nous ramène à l'image de départ.
- La deuxième indique que deux régions différentes sont disjointes.
- La troisième exprime que les pixels appartenant à une région doivent satisfaire le critère d'homogénéité.
- La quatrième exprime le critère d'homogénéité pour la segmentation en régions disjointes.

II.4 Objectifs de la segmentation

La segmentation d'image sert à :

- Fournir des régions homogènes (selon un critère donné) pour y appliquer un traitement spécifique et interpréter le contenu de l'image :[4]
- Extraction des informations qualitatives de l'image, les similitudes (intensités, couleurs, textures, etc.).
- Localiser de manière précise les contours des régions (les arêtes, les changements abruptes, etc.).
- L'étude et l'interprétation des structures anatomiques
- Réduction de bruit.[7]

II.5 Applications de la segmentation

La segmentation d'image est souvent utilisée lorsqu'une grande précision est requise pour l'application de vision par ordinateur, la segmentation de l'image fait référence à la division d'image dans plusieurs zones présentant des propriétés similaires.

Il y a plusieurs utilisations de technique de segmentation d'image de nombreuses images dans la voiture autonome, comme indiqué dans l'image ci-dessous, les voitures étaient divisées en bleu et les personnes en rouge, violet est autres routes. Ces divisions facilitent l'analyse de l'ordinateur ou du programme.

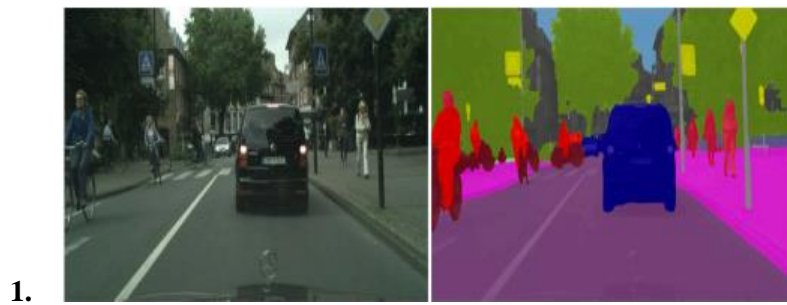


Figure II.2 : Suivi de véhicule

En imagerie médicale, la segmentation d'images est également utilisée pour segmenter des cellules et des organes du corps afin de détecter des tumeurs ou un défaut, comme indiqué dans l'image ci-dessous, pour assurer la santé du patient.

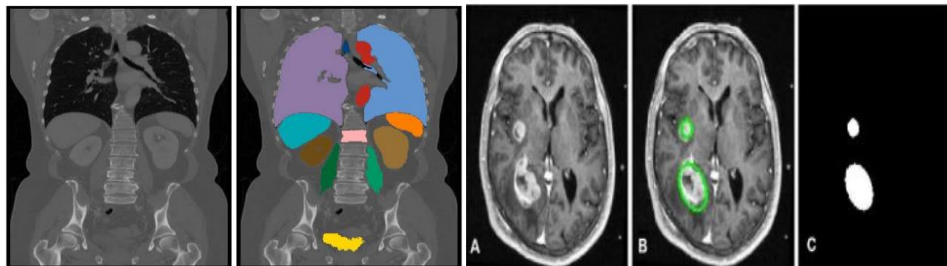


Figure II.3 : Images médicale segmenter

La segmentation des images satellite est un moyen efficace d'exploration et d'analyse, et elle est utilisée, par exemple: pour connaître le climat, les feux de forêt, les marées noires, et bien d'autres sujets.

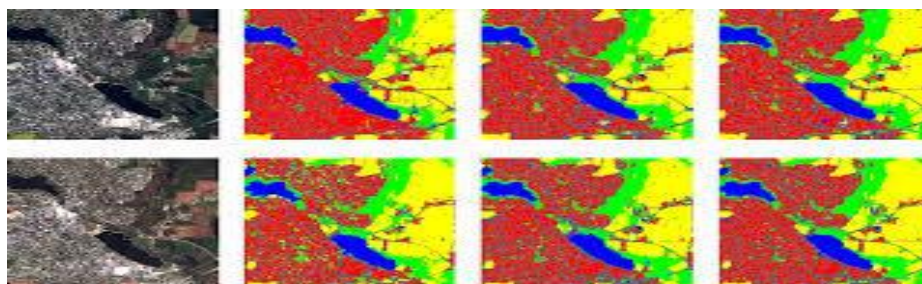


Figure II.4 : Segmentation image de satellite

II.6 Spécificités de la segmentation de l'IRM cérébral

La segmentation des images IRM cérébrales présente des spécificités par rapport à d'autres domaines d'application de la segmentation, comme la segmentation d'images satellitaires, ou d'images faciales [40]. Ces spécificités sont liées aux particularités des objets à segmenter

(l'anatomie du cerveau) et au processus d'acquisition des IRM. Ces spécificités sont caractérisées par :

- **Information d'intensité insuffisante** : plusieurs structures cérébrales peuvent avoir la même intensité pour une modalité donnée, ce qui engendre une difficulté de distinction de transition entre les tissus. L'utilisation simultanée de plusieurs modalités permet de pallier ce type de problème.
- **Perturbations pathologiques** : les changements pathologiques, comme les déformations des structures cérébrales peuvent perturber le processus de segmentation.
- **Connaissances a priori** : la position et la forme de quelques structures cérébrales internes/externes est assez prédictible. Ce qui permet d'utiliser ces connaissances a priori afin de faciliter la tâche de segmentation (supervisée). A noter que pour d'autres structures qui présentent une forte variabilité anatomique, l'utilisation de connaissances a priori pour guider la segmentation, pose des problèmes et perturbera le résultat final [40].
- **Nature des images IRM** : plusieurs artefacts apparaissent en IRM, qui sont typiques à cette imagerie : le bruit lié au mouvement, l'effet de volume partiel et l'inhomogénéité de la radio fréquence RF.

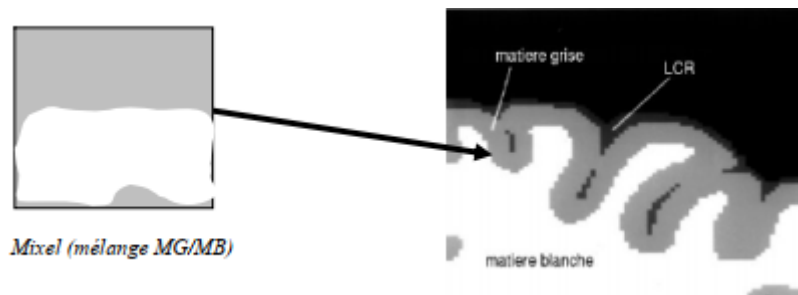


Figure II.5 : problème du volume partiel.

II.7 Les étapes de segmentation d'images

Les différentes étapes permettant la segmentation d'une image sont résumées comme suit :

- Le prétraitement concerne les images acquises.
- La classification, pour que l'image étant formée d'un certain nombre de propriétés qu'on classera selon des critères appropriés.
- La segmentation est obtenue par extraction des composantes connexes des pixels appartenant à la même classe.
- Analyse des images : extraire des paramètres ou des fonctions représentatives de l'image ou des régions.

II.8 Différentes approches de segmentation

La segmentation est une étape primordiale en traitement d'image, à ce jour, il existe de nombreuses méthodes de segmentation, que l'on peut regrouper en trois principales classes :

II.8.1 Segmentation par approches Contours

Le principe de ces méthodes est de déterminer les frontières des régions (les contours des objets) Ces méthodes servent à déterminer les pixels des frontières, qui engendrent des discontinuités ou une variation rapide des caractéristiques.

Fait référence à une variation locale du niveau ou de la couleur. Une fois les frontières détectées, on procède à une fermeture des contours pour obtenir une partition complète de l'image et donc les régions

L'approche contour consiste à identifier les changements entre les régions. En général, un élément de contours est un point de l'image appartenant à la frontière de deux ou plusieurs objets ayant des niveaux de gris différents. Les variations d'intensité de lumière et de couleurs sont très bien perçues par le système visuel humain. la figure suivant montre quelques modèles de contours.[3]

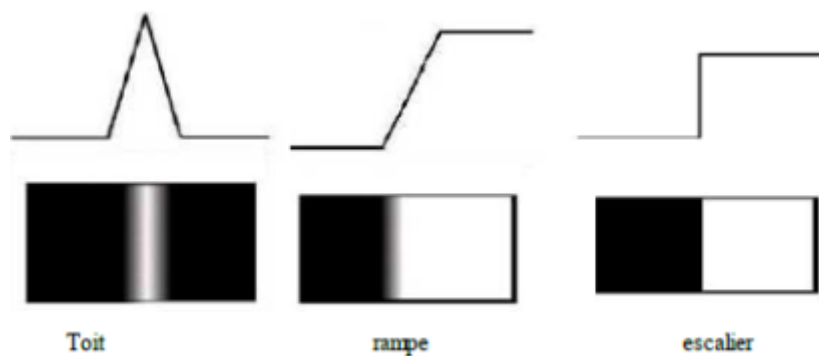


Figure II.6 : quelques modèles de contours.

- 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.

Nous présentons dans ce qui suit les différentes méthodes adaptées pour la détection des contours dans des images en niveaux de gris. Pour ces dernières, deux familles de méthodes sont distinguées :

II.8.1.1 Méthodes dérivatives

Les méthodes dérivatives sont les plus utilisées pour détecter des transitions d'intensité par différenciation numérique (Première et deuxième dérivé). A chaque position, un opérateur est appliqué afin de détecter les transitions significatives au niveau de l'attribut de discontinuité

choisi. Le résultat est une image binaire constituée de points de contours et de points non contours. [21]

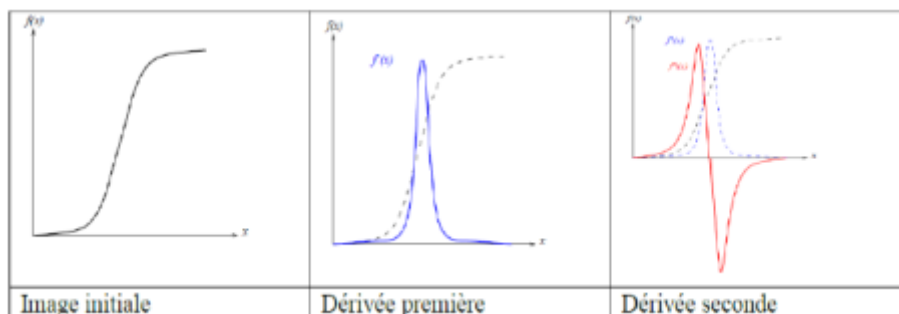


Figure II.7 : Contour et ses dérivées.

De nombreuses techniques d'extraction de contours existent dans la littérature. Elles peuvent être classées comme suit [22]:

- Les algorithmes basés sur le gradient (ou opérateurs du premier ordre).
- Les algorithmes basés sur le Laplacien (ou opérateurs du second ordre).

A) Opérateurs dérivatifs du premier ordre

A.1) Gradient

Pour une image $I(x, y)$, le vecteur gradient au point de coordonnées (x, y) est donnée par :

$$\nabla I(x, y) = \left(\frac{\partial I}{\partial x}, \frac{\partial I}{\partial y} \right)^T$$

Le module de gradient :

$$|\nabla I(x, y)| = \sqrt{\left(\frac{\partial I}{\partial x} \right)^2 + \left(\frac{\partial I}{\partial y} \right)^2}$$

Pour les images digitales, les dérivées directionnelles sont approchées par des simples différences finies:

$$|\nabla I(i, j)| = \sqrt{\left(\frac{\Delta I}{\Delta i} \right)^2 + \left(\frac{\Delta I}{\Delta j} \right)^2}$$

Ou encore par : اكتب المعادلة هنا:

$$|\nabla I(i, j)| = \max \left\{ \left| \frac{\Delta I}{\Delta i} \right|, \left| \frac{\Delta I}{\Delta j} \right| \right\}$$

$$\frac{\partial I}{\partial x} = \frac{\Delta I}{\Delta i} = I(i, j) - I(i, j - 1): \text{Difference horizontale}$$

$$\frac{\partial I}{\partial y} = \frac{\Delta I}{\Delta j} = I(i, j) - I(i, j - 1): \text{Difference verticale}$$

Remarque : notons que ces opérateurs sont particulièrement sensibles au bruit.

A.2) Opérateurs de Prewitt et de Sobel

Pour ces opérateurs les dérivées directionnelles horizontale et verticale s'expriment sous la forme :

$$\frac{\Delta I}{\Delta j} = h_j * I(i, j) \text{ et } \frac{\Delta I}{\Delta i} = h_i * I(i, j)$$

Avec:

$$h_j = \begin{bmatrix} 1 & 0 & -1 \\ c & 0 & -c \\ 1 & 0 & -1 \end{bmatrix} \quad \text{et} \quad h_i = \begin{bmatrix} 1 & c & 1 \\ c & 0 & 0 \\ -1 & -c & -1 \end{bmatrix}$$

Les matrices h_j et h_i sont appelées aussi masques, sont les noyaux de convolution de filtres à réponse impulsionnelle finie.

Les masques de Prewitt sont définis par $c=1$ et les masques de Sobel par $c=2$.

Rappelons que la relation entre convolution et corrélation peut être traduite par l'expression :

$$h * I(i, j) = \sum_{m=-M}^M \sum_{n=-N}^N h(m, n) \cdot I(i - m, j - n)$$

Où h est un noyau de convolution de taille $(2M + 1) \times (2N + 1)$ [20].

A.3) Opérateur de Roberts

Les masque de Roberts sont des versions de Δx et Δy ayant subi une rotation de -45 degrés.

Ce sont de simples différences de niveaux de gris, sans aucun lissage :

$$\frac{\Delta I}{\Delta j} = I(i + 1, j + 1) - I(i, j)$$

Et
$$\frac{\Delta I}{\Delta i} = I(i + 1, j) - I(i, j + 1)$$

Les masques de convolution de Robert sont :

$$\begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & -1 \end{bmatrix} \quad \text{et} \quad \begin{bmatrix} 0 & 1 \\ -1 & 0 \end{bmatrix}$$

Le module du gradient présente des valeurs les plus élevés au niveau des frontières et quasi nulles sur les régions uniforme.

B) Opérateurs dérivatifs du deuxième ordre

Les contours peuvent être localisés par les passages par zéros du Laplacien

$$\Delta I(x, y) = \frac{\partial^2 I(x, y)}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 I(x, y)}{\partial y^2}$$

L'approche Laplacien

Dans cette approche, l'extraction des contours est basée sur le calcul des dérivée secondes, cela signifié que le Laplacien [3]

$$\nabla^2 f(i, j) = \frac{\partial^2 f}{\partial x^2} (i, j) + \frac{\partial^2 f}{\partial y^2} (i, j)$$

L'approximation des deux dérivées est donnée par la relation suivante :

$$\nabla^2 f = f(x + 1, y) + f(x - 1, y) + f(x, y - 1) + f(x, y + 1) - 4f(x, y)$$

Les plus simples opérateurs du Laplacien est donnée par l'application des masque suivant :

- Laplacien en connexité 4 :

$$\begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & -4 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

La figure suivante représente la détection de contour en utilisant le Laplacien :



Figure II.8 : image originale (à gauche), contour détecté par le Laplacien

II.8.1.2 Méthodes analytiques

Approche de Canny et Deriche

Canny a proposé en 1983 une étude théorique de la détection de contour [44]. elle consiste à trouver un filtre optimal satisfaisant les 3 contraintes suivantes :

- **Une bonne détection** : faible probabilité d'oublier un vrai point de contour et une faible probabilité de marquer un point image comme contour alors qu'il ne l'est pas.
- **Une bonne localisation** : les points contours doivent être le plus près possibles de leur position réelle dans l'image.
- **Une réponse unique** : à un contour unique : un point de contour ne doit être détecté qu'une seule fois par le filtre mis en œuvre.

Le détecteur de contour de Canny est le plus utilisé. Il est basé sur trois critères : la détection (robustesse au bruit), la localisation (précision de la localisation du point contour), l'unicité (une seule réponse par contour) [13]. Au filtre de Canny, Deriche a proposé un autre filtre (condition initiale différente) qui permet une simplification de son implémentation nous préférons souvent le détecteur de Deriche, qui répond exactement aux mêmes critères de qualité que celui de Canny. [56]

II.8.1.3 Méthodes déformables

Les modèles déformables, introduits par Kass sont aussi connus sous les noms de « snakes » ou « contours actifs ».

L'intérêt principal des contours actifs est de détecter des objets dans une image en utilisant les techniques d'évolution de courbes. L'idée est de partir d'une courbe initiale, généralement un carré ou un cercle, et de la déformer jusqu'à obtenir le contour de l'objet. En effet, celui-ci présente quelques inconvénients tels que la

sensibilité à l'initialisation, au bruit, et le réglage difficile de ses différents paramètres. [8]

a) Contours actifs

Les contours actifs tirent leur origine des modèles élastiques, mais la communauté s'accorde à les attribuer à l'équipe Kass, Witkin et Terzopoulos, qui introduisirent les Snakes ou courbes minimisantes. Les snakes tiennent leur nom de leur aptitude à se déformer comme des serpents. L'approche est variationnelle, c'est-à-dire que l'équation d'évolution du contour actif se déduit de la minimisation d'une énergie modélisant l'objet d'intérêt.

Depuis la publication de cette équipe, les modèles déformables sont devenus un sujet très important pour la communauté du traitement d'images. [3]

b) Principe de fonctionnement des contours actifs

Un contour actif est une courbe définie dans l'image et qui est capable de se mouvoir sous l'influence de plusieurs forces qui vont la tirer ou la pousser vers la forme. Un snake consiste à placer aux alentours de l'objet à détecter une ligne initiale de contour, l'évolution se fait à travers un processus itératif qui déforme la courbe à chaque itération jusqu'à sa position finale.

c) La limite de segmentation par contour

Les principales limites des méthodes de détection de contour sont les suivantes [10] :

- Les contours extraits selon les méthodes classiques souvent ne correspondent pas nécessairement à la limite des objets. Dans de nombreuses images de basse qualité, quelques-unes des méthodes produisent des faux contours.
- Les techniques de détection de contour dépendent de l'information contenue dans le voisinage local de l'image. Il n'y a pas d'information globale.
- Après l'extraction des points de contours, ces derniers sont reliés afin de déterminer les frontières. Le processus de fermeture des contours peut parfois conduire à des discontinuités et des lacunes dans l'image.
- Il est souvent difficile d'identifier et de classer les contours parasites.

II.8.2 Approche région

Les approches régions visent à créer une partition de l'image en un ensemble de régions homogènes au sens d'un ou plusieurs critères. On recherche donc à rassembler les pixels par critères de similarité. Par la suite, nous nous intéressons plus particulièrement aux méthodes à base de seuillages, puis aux méthodes par croissance de régions et finalement aux méthodes fondées sur la morphologie mathématique.

II.8.2.1 Segmentation par croissance de région (région growing)

- La méthode de croissance de régions est une méthode de fusion.
- L'image est décomposée en primitives 'régions' (une région \equiv un seul pixel).
- Celles-ci sont ensuite regroupées de manière itérative selon un ou plusieurs critères de similarité, jusqu'à ce qu'il n'y ait plus de fusion possible.

a) Application de la méthode de croissance de région

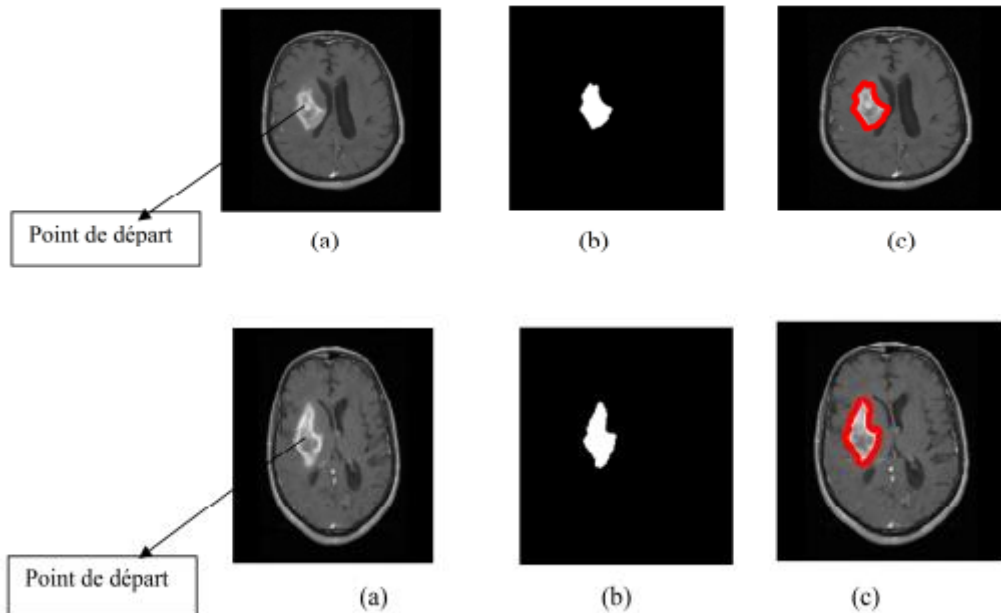


Figure II.9: Résultat de la segmentation par la méthode croissance de région, (a): images originale, (b): images binaire, (c): images segmentée.

b) Interprétation des résultats

L'approche que nous proposons se base sur la méthode de croissance de région. Elle a prouvé son efficacité dans la segmentation d'image médicale. Cela s'explique par le fait que c'est une méthode simple à initialiser et rapide.

On remarque que cette méthode ne s'intéresse pas de lisser le contour de la région segmenter. Contrairement à d'autre méthode comme les contours actifs.

II.8.2 .2 Segmentation par division/rassemblément (split and merge)

Le processus est décomposé en deux étapes :

Division : analyse de chaque région R_i . Si celle-ci ne vérifie pas le critère d'homogénéité, alors on divise cette région en blocs (le plus généralement en 4 quadrants) et l'on réitère le processus sur chaque sous-région prise individuellement.

Rassemblément : Si l'union de deux régions voisines (R_i, R_j) vérifie le critère d'inhomogénéité: fusion des régions.

Soit R ($i = 1, \dots, n$) un ensemble de régions effectuant la partition d'une image, et soit P un prédicat mesurant l'homogénéité de ces régions.

Si $P(R) = \text{faux}$: R non homogène (subdivision des régions ou split).

Si $P(R \cup R) = \text{vrai}$ ($i \neq j$ et $R \cup R = \text{ensemble connexe}$): R et R sont homogènes et doivent être fusionnées (fusion des régions ou merge).

Les résultats suivants (figure 10) c'est une application de la méthode de division fusion

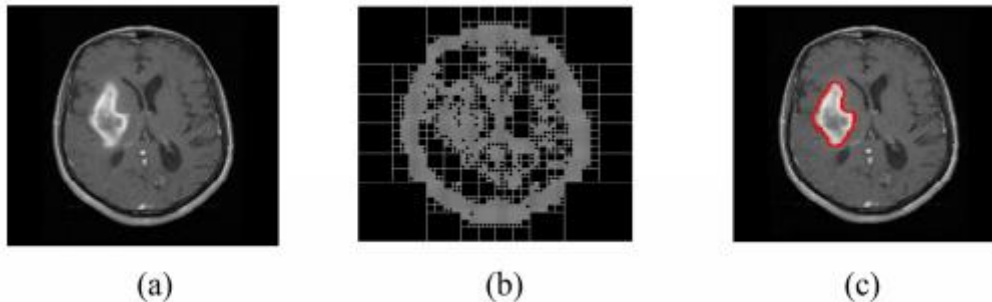


Figure II.10 : Résultat de la segmentation par la méthode split and merge, (a): image initiale, (b): application de l'algorithme de division, (c): image segmentée après l'étape de fusion.

II.8.3. Segmentation par les réseaux de neurones artificiels

Les réseaux de neurones artificiels ont été utilisés avec succès dans plusieurs applications de reconnaissance de formes. Ils sont capables d'agir comme des classificateurs. La puissance des réseaux de neurones artificiels tient non pas dans la capacité de calcul du processeur, mais plutôt dans le nombre de leurs interconnexions et dans le parallélisme de l'algorithme.

Les réseaux de neurones artificiels sont des réseaux de traitement parallèle où leurs nœuds simulent un apprentissage biologique. Chaque nœud dans les réseaux de neurones artificiels est capable d'exécuter des calculs élémentaires. Il est réalisé par l'adaptation de poids assignés aux connexions entre nœuds. Les réseaux de neurones artificiels représentent un paradigme pour une machine d'apprentissage et peut être employé dans une variété de voies pour segmentation d'images. L'utilisation la plus largement appliquée dans l'imagerie médicale est comme étant un classificateur, où les poids sont déterminés en employant des données d'apprentissage et le réseau neuronal est alors employé pour segmenter de nouvelles données. Le réseau neuronal peut aussi être employé d'une façon non supervisée comme une méthode de cluster, aussi bien que pour des modèles déformables.

À cause de beaucoup d'interconnexions employées dans un réseau neuronal, l'information spatiale peut facilement être incorporé dans ses procédures de segmentation [24].

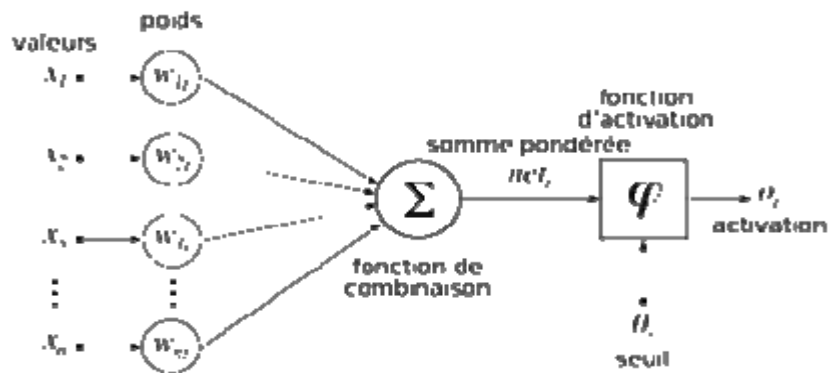


Figure II.11 : Structure d'un neurone artificiel.

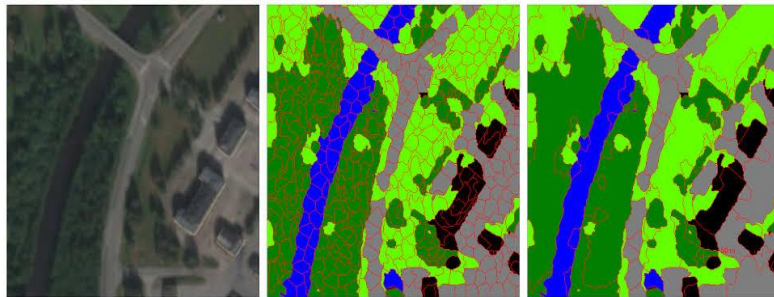


Figure II.12 : Exemple de segmentation image satellite par les réseaux de neurones artificiels

II.8.4 Support vecteur machine (SVM)

La méthode des Support Vecteur Machine (SVM) [25] est une approche non linéaire élégante. En effet, les SVM utilisent un noyau (simple fonction analytique), ou une combinaison de noyaux simples, afin de linéariser les données et obtenir un hyperplan séparant les classes. La méthode SVM est rapide et souple d'utilisation notamment grâce à la construction de noyaux particuliers et spécifiques à une problématique donnée mais reste supervisée.

Par ailleurs, les algorithmes génétiques [26] sont une méthode d'optimisation possible se calquant sur la théorie de l'évolution biologique. Ces algorithmes peuvent explorer un très grand espace de solutions et trouver une solution minimisant une fonction d'erreur (fonction d'adaptation) par une série de croisements, de mutations des individus constituant la population. Les individus minimisant la fonction d'adaptation sont conservés tandis que ceux ne s'adaptant pas au problème sont éliminés lors d'une étape de sélection. Le choix de la fonction d'adaptation permet une généricité totale dans l'utilisation de ces algorithmes évolutionnaires mais les algorithmes génétiques ont l'inconvénient d'être lents et leur utilisation nécessite une calibration correcte de leurs nombreux paramètres.

II.8.5 Segmentation par classification

La classification des tissus cérébraux (principalement le liquide cérébro-spinal, la matière blanche et la matière grise) est un problème abondamment abordé dans la littérature, dans cette partie nous proposons d'expliciter quelques méthodes supervisées, puis nous étudions quelques algorithmes non supervisés en insistant tout particulièrement sur les algorithmes de classification flous.

II.8.4.1 Méthodes supervisées

II.8.4.1.1 Segmentation bayésienne

II.8.4.1.1.1 Segmentation Markovienne

La théorie des champs de Markov permet d'associer le processus de segmentation à la minimisation d'une fonction d'énergie définie sur l'image à segmenter. Grâce à l'introduction de notions de voisinages entre pixels, cette approche permet d'envisager la recherche de modèles locaux de distributions selon un principe équivalent localement à celui de la classification bayésienne.

II.8.4.1.1.2 Les chaînes de Markov

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

$$P(X_s/X_{t,t \neq s}) = P(X_s/X_{t,t \in V_s})$$

Les champs de Markov se sont révélés être particulièrement bien adaptés à la segmentation des tissus cérébraux dans un environnement bruité, comme le montrent [27],[28],] et L'article [30] présente une approche recherchant la déformation avec une régularisation par des champs de Markov cachés. Ainsi pour la méthode de [31] utilise une régularisation par chaînes de Markov, où le voisinage est pris en compte grâce à un parcours fractal de l'image. Nous pouvons également citer [33] qui a défini un modèle de champs de Markov locaux coopératifs, permettant une segmentation conjointe des tissus (LCR, matière grise et matière blanche) et des structures cérébrales (par exemple le putamen ou le thalamus). Enfin, la méthode de [35] réalise un raffinement de la segmentation du cortex en

changeant localement l'a priori de l'atlas et en introduisant une modélisation explicite du volume partiel et un changement local du poids des MRF.

II.9 Critère de choix d'une méthode de segmentation

Il est difficile de définir manichéisme absolue, une bonne approche de segmentation, alors que le choix d'une technique est lié, à [11] :

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

II.10 Conclusion

Il n'existe pas d'approche unique de segmentation, il est difficile de définir absolue, une bonne méthode de segmentation, Dans ce chapitre nous avons introduit la segmentation d'image en se concentrant sur les méthodes les plus utilisées et les plus connues de de segmentation des images médicale (IRM) cérébral. Sont traitées dans la littérature vue leur importance pour l'extraction de l'information qualitative de l'image telle que notre travail dans le troisième chapitre sera détaillé la segmentation par champ aléatoire de Markov.

CHAPITRE III

***Segmentation d'image par HMM
(modèle de Markov cachées)***

III.1 Introduction

A l'heure actuelle, il n'existe guère d'applications commerciales de méthode efficace de segmentation d'images sur laquelle on peut baser les traitements ultérieurs. La technique qui s'est avérée la meilleure par exemple en imagerie médicale pour le moment est l'application des chaînes de Markov. On verra dans ce chapitre une présentation succincte des modèles de Markov cachés (HMM) dans le domaine de segmentation.

On parlera : Le champ de Markov, le modèle de Markov cachés (HMM), les types de HMM, les problèmes que le traiter et les solutions pour un bon résultat.

III.2. Historique

La modélisation stochastique permet l'utilisation des modèles probabilistes pour traiter les problèmes à information incertaine ou incomplète. Ainsi, les modèles de Markov connaissent un regain d'intérêt tant dans leurs aspects théoriques qu'appliqués.[45]

La théorie des chaînes de Markov est née en 1913, une première application a été développée par Markov pour analyser le langage. Ces travaux ont été utilisés régulièrement mais les premières applications exploitables furent réalisées dans les années 60, telles que les modèles probabilistes d'urnes par Neuwirth, le calcul direct du maximum de vraisemblance ou l'observation de la suite d'états dans une chaîne de Markov. Ceci a permis à la communauté scientifique d'exploiter pleinement le potentiel de ces modèles. C'est dans les années 70 que des chercheurs ont apporté des algorithmes puissants permettant de résoudre les problèmes de reconnaissance, d'analyse et d'apprentissage.

Depuis 1975, les HMM sont utilisés dans de nombreuses applications, principalement dans le domaine de la parole. Ces applications ne se contentent pas de s'appuyer sur la théorie des Modèles de Markov Cachés, mais développent plusieurs extensions théoriques dans le but d'améliorer les modèles. C'est ce qui en a fait leur succès. [6]

III.3. Description De l'image

Cette section décrit quelques notions et termes importants liés à l'image.

III.3.1. Système de voisinage (Neighborhood system)

Une image est formée d'un ensemble fini S de sites, les pixels, $S = \{s_1 \dots s_M\}$. Les sites de S sont reliés par un système de voisinage $V(S)$. On notera $V_t(S)$ l'ensemble des sites voisins du site t . Un système de voisinage $V(S)$ a les propriétés suivantes :

- $\forall s \in S, s \notin V_s(S)$; Un site n'est pas son propre voisin
- $\forall \{s, t\} \in S, s \in V_t(S) \Leftrightarrow t \in V_s(S)$

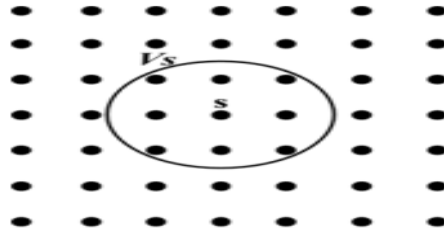


Figure II.1 : Contexte spatial dans les images naturelles

La relation $V(S)$ exprime une contrainte de voisinage entre les sites adjacents. Un système de voisinage d'ordre r , noté $V_r(S)$, est donné par la formule suivante [46] :

$$V_{s,r}(S) = \{t \in S \mid \text{distance}(s, t) \leq r, s \neq t\} \tag{III.1}$$

Où V_s est le voisinage du site s et la distance (s, t) ne dépend que de la position de s et t , et pas de leurs niveaux de gris (ou descripteurs). [32]

Les systèmes de voisinage de premier et second ordre sont les plus utilisés. Dans le cas des images à deux dimensions (2D), un pixel dans le système de voisinage de premier ordre peut avoir jusqu'à 4 voisins et un pixel dans le système de second ordre peut avoir jusqu'à 8 voisins. [32]



Figure III.2 : Un système de voisinage dans les images 2D, premier ordre (a), second ordre (b).

Dans le cas des images volumétriques (3D), qui ne sont rien d'autre qu'une succession de coupes d'images 2D, un pixel dans le système de voisinage de premier ordre peut avoir jusqu'à 6 voisins et un pixel dans le système de second ordre peut avoir jusqu'à 18 voisins.[32]

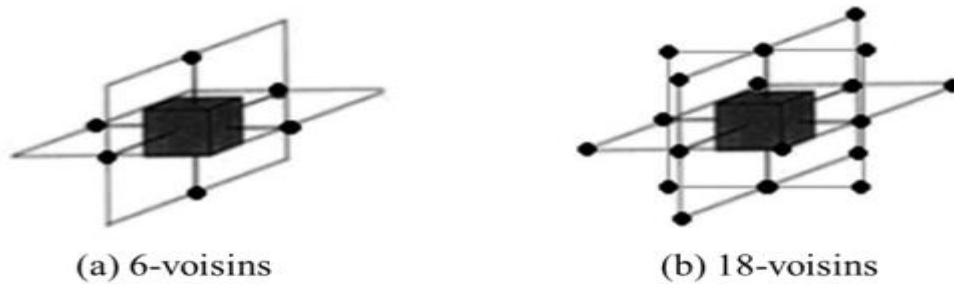


Figure III.3 : Un système de voisinage dans les images 3D, premier ordre (a), second ordre (b)

III.3.2. Notion de clique :

Soit S l'ensemble des sites d'une image reliés entre eux par un système de voisinage (S). Une clique c est un sous ensemble de S dans lequel tous les sites sont voisins entre eux. Donc pour toute clique c on aura [32]

- Soit c contient un seul site
- Ou bien : $\forall \{s, t\} \in c, s \neq t \Rightarrow (t \in VS(s) \iff s \in VS(t))$

Si une clique contient K sites, on l'appelle clique d'ordre k et on la notera C_k , et on notera C le système de cliques qui contient un ensemble des cliques relatif à un système de voisinage $V(S)$. Par exemple, en 2D un système de voisinage de premier ordre, le système de cliques C contient toutes les cliques d'ordre 1 et d'ordre 2 et dans un système de voisinage de second ordre, le système de cliques C contient toutes les cliques d'ordre 1, d'ordre 2, d'ordre 3 et d'ordre 4. La figure suivante illustre les cliques associées aux systèmes de voisinage de premier et second ordre dans le cas des images en 2D. Soit $c \in C$ une clique de C ; on lui associe un [18]

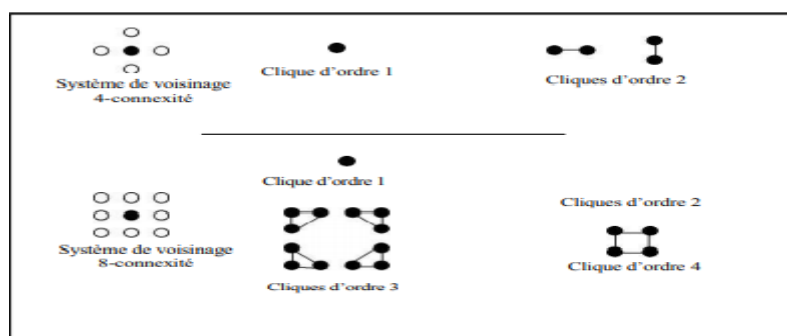


Figure III.4 : Les cliques associées aux systèmes de voisinage en 4-connectivité et en 8-connectivité

Potentiel U_c dont la valeur dépend des descripteurs des pixels constituant la clique. L'énergie globale de l'image est alors définie comme la somme des potentiels de toutes les cliques :

$$U = \sum_{c \in C} U_c \tag{III.2}$$

Dans le cas du système de voisinage de premier ordre (4-voisins) on aura :

$$U = \sum_{c \in \{S\}} U_{c1} + \sum_{c \in \{S,t\}} U_{c2} \tag{III.3}$$

L'énergie locale en un site S est définie comme la somme des potentiels de toutes les cliques auxquelles le site S appartient :

$$U_S = \sum_{c \in C / s \in S} U_c \tag{III.4}$$

III.4. Champs de Markov et champs de Gibbs

A chaque pixel $s \in S$ est associée une variable aléatoire X_s prenant ses valeurs dans l'espace de valeurs E ; le descripteur x_s en s est alors une réalisation de X_s . On définit le champ aléatoire $X = (X_1, \dots, X_{\text{card}(S)})$ prenant ses valeurs dans $\Omega = E^{\text{card}(S)}$. L'image est donc tout simplement une réalisation $x = (x_1, \dots, x_{\text{card}(S)})$ du champ aléatoire X . La probabilité $P[X = x]$ donne la vraisemblance de l'image ; la probabilité conditionnelle

$P[X_s = x_s / X_t = x_t, t \neq s]$ permet de mesurer le lien statistique entre le pixel s et le reste de l'image. [32]

III.4.1 Champs de Markov

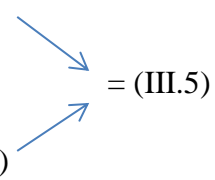
Soit S un ensemble de pixels et $X = (x_s)_{s \in S}$ une famille de variables aléatoires, définie sur S , où chaque x_s est à valeurs dans un ensemble fini de classes $\Omega = \{\omega_1, \dots, \omega_k\}$. Une telle famille sera dans la suite appelée "champ aléatoire". Soit un système de voisinage V . On notera par la même lettre p les diverses lois de probabilité liées à X . On dit qu'un champ X est un champ de Markov relativement à V , si et seulement si les deux propriétés suivantes sont vérifiées. [14]

- Positivité

$$\forall x \in \Omega \quad p(x) > 0 \text{ (contrainte de positivité)} \tag{1}$$

- Markovianité :

$$p(x_s / x_t, t \neq s) = p(x_s / x_t, t \in V_s) \tag{2}$$



La propriété (III.2) signifie que la probabilité en un site s conditionnelle à tous les autres sites n'est fonction que de la configuration du voisinage du site considéré. En d'autres termes, la probabilité d'apparition d'une classe donnée en un site s conditionnellement au reste du champ, est égale à sa probabilité d'apparition connaissant simplement ses voisins. Notons que tous les champs positifs aléatoires peuvent être considérés comme markoviens, à condition de choisir un système de voisinage suffisamment grand [46]. Cependant, l'intérêt de restreindre le voisinage est de permettre des temps de calculs exploitables.

III.4.2 Champ de Gibbs

Avant de définir le champ de Gibbs, nous devons introduire la notion de mesure de Gibbs. Soit $x = (x_1, \dots, x_{\text{card}(S)})$ une image, C est le système de cliques associé au système de voisinage $V(S)$, T est un paramètre de contrôle appelé température et Z est une constante de normalisation appelée fonction de partition de Gibbs. La mesure de Gibbs de la fonction d'énergie $U : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$, est la probabilité P définie sur Ω comme suit :

$$\left\{ \begin{array}{l} P[X = x] = Z^{-1} e^{\frac{U(x)}{T}} \\ U(x) = \sum_{c \in C} U_c(x) \\ Z = \sum_{\varepsilon \in \Omega} e^{\frac{U(\varepsilon)}{T}} \end{array} \right. \quad (\text{III.6})$$

Le calcul de Z est impossible en pratique à cause du très grand nombre de configurations.[32]

III.4.3 Equivalence champs de Markov - champs de Gibbs

Sous les hypothèses suivantes : - S fini ou dénombrable - Le système de voisinage $V(S)$ est borné - Espace des descripteurs E discret. Le théorème d'Hammersley-Clifford établit le résultat suivant : « X est un champ de Markov relativement à $V(S)$ et $P[X=x] > 0, \forall x \in \Omega$ si et seulement si X est un champ de Gibbs de potentiel associé à $V(S)$ ».

Par exemple, si nous considérons un champ de Markov de voisinage 4-connexe, nous pouvons écrire l'énergie de la configuration x sous la forme :

$$U(X) = \sum_{c=(i) \in C_1} U_c(X_i) + \sum_{c=(i,j) \in C_2} U_c(X_i, X_j) \quad (\text{III.7})$$

À partir de ce théorème-là, nous pouvons donner l'expression de la probabilité de vraisemblance de l'image [6] :

$$P[X = x] = \frac{e^{-\frac{U(x)}{T}}}{\sum e^{-\frac{U(y)}{T}}} \rightarrow Z \tag{III.8}$$

Avec

$$U(x) = \sum_{c \in C} U_c(x) \tag{III.9}$$

Et aussi l'expression de la probabilité conditionnelle locale :

$$(X_s = x_s / X_t = x_t, t = s) = (X_s = x_s / X_t = x_t, t \in V_s(S)) = \frac{e^{-\frac{U_s(X_s = \frac{x_s}{X_t} = x_t, t \in V_s(S))}{T}}}{\sum_{e \in E} e^{-\frac{U_s(X_s = \frac{e}{X_t} = x_t, t \in V_s(S))}{T}}} \tag{III.10}$$

Avec :

$$U_s(x) = \sum_{c \in C / s \in c} U_c(x) \tag{III.11}$$

III.4.4. Champs de Markov standard

Nous allons présenter dans cette partie les modèles de champs de Markov les plus utilisés. Ils seront définis essentiellement par leur fonction de potentiel. [32]

III.4.4.1. Le modèle d'Ising

Ce modèle est le plus ancien. Il a été proposé par Ernst Ising en 1925 lors de l'étude du ferromagnétisme en physique statique. L'espace des descripteurs $E = \{-1, 1\}$ (espace binaire) et le système de voisinage peut être le 4-voisinage ou le 8-voisinage. Le potentiel des cliques C_1 de cardinal 1 est donné par : [6,47]

$$U_{C_1} = \{s\} (X_s) = -B \tag{III.12}$$

Tandis que le potentiel des cliques C_2 de cardinal 2 est défini par :

$$U_{C_2} = \{s, t\} (X_s, X_t) \begin{cases} = -\beta \text{ si } X_s = X_t \\ = +\beta \text{ si } X_s \neq X_t \end{cases} \tag{III.13}$$

Avec une fonction d'énergie :

$$U(X) = -\sum_{c_1 = \{s\}} B X_s - \sum_{c_2 = \{s, t\}} \beta X_s X_t \tag{III.14}$$

Telle que β : est le paramètre du modèle ($\beta > 0$) mesure d'interaction entre sites voisins B : champ magnétique externe. [6,36]

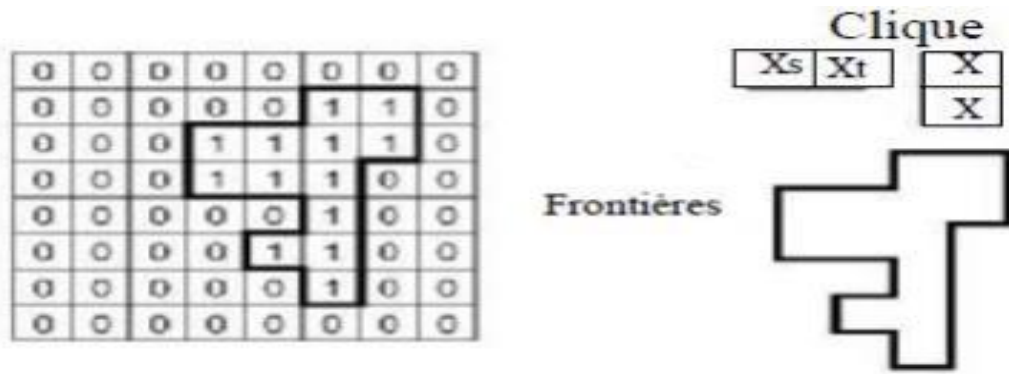


Figure III.5 : modèle d'Ising, MRF à 2-D

III.4.5.2 Le modèle de Potts

Le modèle de Potts est une généralisation du modèle d'Ising pour un espace de descripteurs $E = \{1, \dots\}$, qui peut être dans le domaine de la segmentation d'images soit l'espace des niveaux de gris ou alors l'espace des étiquettes. Le système de voisinage est de premier ou de second d'ordre (4-voisins ou 8-voisins). Ce modèle est défini seulement pour les cliques de cardinal 2 ; leur potentiel est donné par

$$U_{c2=\{s,t\}}(X_s, X_t) = \beta * (1 - 2\delta(x_s, x_t)) \tag{III.15}$$

Ou δ est le symbole de Kronecker

$$\delta(a, b) \begin{cases} 1 & \text{si } a = b \\ 0 & \text{si } a \neq b \end{cases}$$

Les potentiels sur les cliques d'ordre supérieur à 2 ou égal à 1 sont fixés à zéro. L'énergie globale est donnée par :

$$U(x) = \beta \sum_{c2=\{s,t\}} (1 - 2\delta(x_s, x_t)) \tag{III.16}$$

Lorsque $\beta > 0$, les configurations les plus probables sont obtenues quand des sites voisins ont des descripteurs égaux, ce qui se traduit en segmentation par de larges régions homogènes ; la taille de ces régions est contrôlée par la valeur de β . [32]

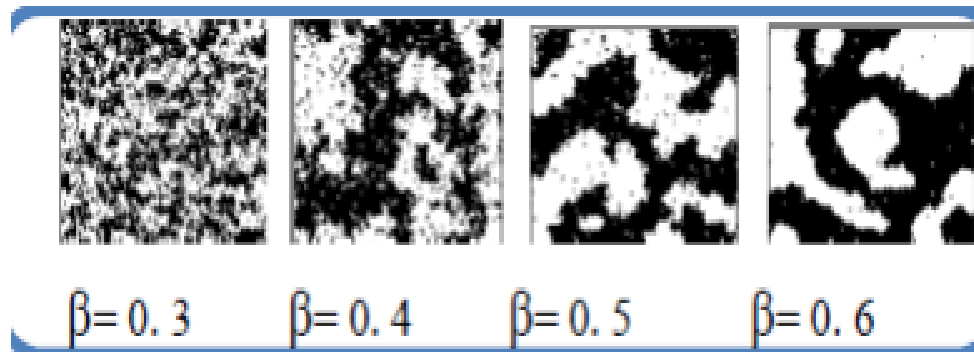


Figure II.6 : Exemple modèle de Pott avec différentes valeurs de β .

III.5 Le modèle de champ de Markov caché

III.5.1 Définition de HMM

Le modèle de Markov caché généralise le modèle de Markov observable car il produit une séquence en utilisant deux suites de variables aléatoires ; l'une cachée et l'autre observable.

- La suite cachée correspond à la suite des états q_1, q_2, \dots, q_T , notée $Q (1 : T)$, où les q_i prennent leur valeur parmi l'ensemble des n états du modèle $\{s_1, s_2, \dots, s_n\}$.
- La suite observable correspond à la séquence des d'observations O_1, O_2, \dots, O_T , notée

$O (1 : T)$, où les O_i sont des lettres d'un alphabet de M symboles observables $V = \{V_1, V_2, \dots, V_M\}$. Par conséquent, pour un HMM, un état n'est pas associé exclusivement à une lettre donnée qu'il émettrait à coup sûr : chaque lettre a désormais une certaine probabilité d'être émise par chaque état. En outre, ce ne sont pas les états qui sont observés, mais les lettres qu'ils émettent. Une conséquence importante est que l'on peut maintenant travailler avec des alphabets infinis. Une « lettre » est alors émise avec une certaine densité de probabilité, correspondant à une distribution propre à chaque état. En pratique, on cherche à construire des HMM représentant des concepts dans l'espace de représentation des séquences. **III.5.2. Deux types de HMM**

En pratique, on utilise deux types de modèles de Markov cachés, le modèle ergodique et le modèle gauche-droite.

III.5.2.1. Le modèle gauche-droite : est un modèle contenant des contraintes résultant de la mise à zéro de certaines valeurs a_{ij} . Dans le modèle le plus utilisé, celui de la figure (7), l'état i n'est relié par une transition de probabilité non nulle qu'à trois états : lui-même, l'état $i + 1$ et l'état $i + 2$. D'où le nom de modèle gauche-droite [41]

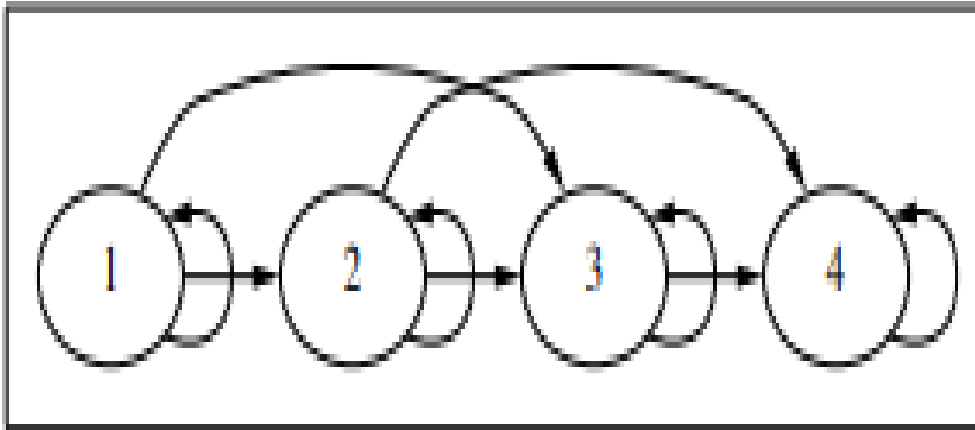


Figure III.7: Le Hmm gauche-droite à quatre états

III.5.2.2. Le modèle ergodique est sans contrainte : toutes les transitions d'un état vers un autre sont possibles.

III.5.2.2.1. Comment un Hmm engendre-t-il une séquence ?

Un Hmm peut être vu comme un processus permettant d'engendrer une séquence ; inversement, on peut considérer une séquence comme une suite d'observations sur un Hmm en fonctionnement.

En se plaçant du premier point de vue, la génération d'une séquence peut se décrire par l'algorithme 15 : c'est une procédure itérative gérée par des tirages aléatoires

Algorithme 15 : Génération d'une séquence par un HMM

```

début
  t ← 1
  Choisir l'état initial  $q_1 = s_i$  avec la probabilité  $\pi_i$ 
  tant que  $t \leq T$  faire
    Choisir l'observation  $o_t = v_k$  avec la probabilité  $b_i(k)$ 
    Passer à l'état suivant  $q_{t+1} = s_j$  avec la probabilité  $a_{ij}$ 
    t ← t + 1
  fin tant que
fin
  
```

Répetons ici qu'une séquence donnée peut en général être engendrée de plusieurs façons distinctes par un Hmm [41]

III.6. Modèles de Markov cachés

III.6.1. Modèles de Markov cachés linéaire (1D-HMM)

Un modèle markovien, dans lequel chaque état correspond à un évènement observable, est très limité pour être appliqué à certains problèmes où les états ne sont pas directement observables. Le modèle de Markov caché (HMM) est un modèle prévu pour le cas où l'observation est une fonction probabiliste de l'état.

L'utilisation des HMM permet de rassembler au sein d'un même modèle les alternatives de représentation de chaque classe, en faisant ressortir les primitives caractéristiques, et en amoindrissant l'effet des 'rares' et du bruit. De plus, ces alternatives étant reparties de manière optimale, il est possible d'effectuer une reconnaissance rapide et d'accorder un score de confiance à la décision. La forme est considérée comme un signal observable dans le temps à différents endroits constituant des états observables ; le modèle décrit ces états à l'aide de probabilités de transitions d'états à états et de probabilités d'observation par état.

Dans les HMM, les formes sont décrites par une séquence de primitives qui seront observées dans les états du modèle. La probabilité d'émission de la forme par le modèle est calculée en maximisant, sur l'ensemble des chemins d'états, la probabilité d'observation des segments pondérée par les probabilités de transitions entre états. Le calcul de la vraisemblance de la forme par rapport au modèle est fondé sur la règle de Bayes qui inclut la probabilité *a priori* du modèle.[2]

III.6.1.1 Principes d'un HMM

Un HMM est défini par deux processus aléatoires ; le premier consiste en une chaîne de Markov dont les états ne sont observables qu'à travers le deuxième processus lié à l'ensemble des observations, ce qui donne aux modèles HMM leur puissance. Un HMM représente donc une forme par deux suites de variables aléatoire ; l'une est cachée et l'autre est observable. Soit la séquence d'observation O_1, O_2, \dots, O_T avec T la longueur de la séquence et soit le processus caché q_1, q_2, \dots, q_T .

La séquence d'états cachés représente la réalisation d'une chaîne de Markov alors que la séquence d'observation est une fonction probabiliste de la séquence d'états cachés.[2]

III.6.1.2 Eléments d'un HMM

Un modèle de Markov caché noté $\lambda = (A, B, \pi)$ est caractérisé par les paramètres suivants :

- N , le nombre d'états du modèle : l'ensemble des états est noté $S = \{s_1, s_2, \dots, s_N\}$. L'état (caché) du système à l'instant t est noté $q_t \in S$.
- M , le nombre des symboles d'observations distincts dans le cas où l'observation à la sortie physique du système est représentée sous forme discrète : ces symboles correspondent à la sortie physique du système (niveau de gris par exemple). L'ensemble des symboles est désigné par $V = \{v_1, v_2, \dots, v_M\}$. L'observation à l'instant t est notée $O_t \in V$. Si l'observation est représentée sous forme continue, nous définissons un ensemble continu de symboles tel que $V = \mathcal{R}$.
- $A = \{a_{ij}\}$, la matrice de transition où a_{ij} représente la probabilité de transition de l'état s_i vers l'état s_j . [23]

$$a_{ij} = P(q_{t+1} = s_j / q_t = s_i) \quad , \quad 1 \leq i, j \leq N \quad \text{(III.17)}$$

$$\text{Avec } \sum_{j=1}^N a_{ij} = 1. \quad \text{(Condition)}$$

- $\pi = \{\pi_i\}$, la distribution de probabilités initiales des états :

$$\pi_i = P(q_1 = s_i) \quad , \quad 1 \leq i \leq N \quad \text{(III.18)}$$

$$\text{Avec } \sum_{i=1}^N \pi_i = 1 \quad \text{(Condition)}$$

- B , la distribution des probabilités d'observation des symboles à partir des états. Nous distinguons deux cas :

-Dans le cas où l'observation est représentée sous forme discrète :

$$B = \{b_i(v_k)\}, b_i(v_k) = P(O_t = v_k / q_t = s_i), \quad 1 \leq i \leq N, \quad 1 \leq k \leq M \quad \text{(III.19)}$$

$$\text{Avec } \forall i \in \{1, 2, \dots, N\} : \sum_{k=1}^M b_i(v_k) = 1 = M_i \quad \text{(Condition)}$$

Dans ce cas, B est appelée la matrice de probabilité d'observation des symboles.

-Dans le cas où l'observation est représentée sous forme continue : [2]

$$B = \{b_i(x)\}, b_i(x) = P(O_t = x / q_t = s_i) \quad 1 \leq i \leq N, \quad x \in V \quad \text{(III.20)}$$

$$\text{Avec } \forall i \in \{1, 2, \dots, N\} : \int_{+\infty}^{-\infty} b_i(x) dx = 1 \quad \text{(Condition)}$$

III.6.1.3 Les trois problèmes fondamentaux d'un HMM

Etant donné un HMM, les trois problèmes fondamentaux à résoudre sont les suivants :

A. Evaluation du modèle : Etant donné une suite d'observation $O = O_1 O_2 \dots O_T$, et un modèle HMM $\lambda(\pi, A, B)$, comment calculer en un temps raisonnable la probabilité de générer la suite d'observation sachant le modèle $P(O | \lambda)$? [16]

B. Estimation de la suite d'états cachés : Etant donné une suite d'observation

$O = O_1 O_2 \dots O_T$, et un modèle HMM $\lambda(\pi, A, B)$, comment choisir une suite d'états cachés

$Q = q_1 q_2 \dots q_T$ selon un critère convenable? [39]

C. Apprentissage : Etant donné une suite d'observation $O = O_1 O_2 \dots O_T$, comment ajuster $\lambda(\pi, A, B)$ pour maximiser la probabilité de générer la suite d'observation sachant le modèle $P(O | \lambda)$? [15]

A.1. Evaluation du modèle: Etant donné une suite d'observations $O = O_1 O_2 \dots O_T$, et un modèle $\lambda(\pi, A, B)$, comment peut-on calculer efficacement la probabilité que la suite d'observation soit produite par λ , c'est-à-dire $P(O | \lambda)$. En d'autres termes, comment évaluer le modèle afin de choisir parmi plusieurs celui qui génère le mieux cette suite d'observations. Plusieurs techniques permettent de résoudre ce problème : méthode d'évaluation directe, procédure *Forward-Backward* et l'algorithme de Viterbi (approximation). Nous présenterons les deux premières techniques. La dernière quant à elle, sera détaillée plus tard.

A.1.1 La méthode d'évaluation directe

La probabilité de générer une suite d'observations O à partir du modèle λ est égale à la somme sur tous les chemins d'états possibles Q des probabilités conjointes de O et de Q par rapport à ce modèle.

$$P(O | \lambda) = \sum_Q P(O, Q | \lambda) = P(O | \lambda) \quad (\text{III.21})$$

$$Q = q_1 q_2 \dots q_T, q_t = s_i, 1 \leq i \leq N$$

On a:

$$P(O | Q, \lambda) = b_{q_1}(O_1) b_{q_2}(O_2) \dots b_{q_T}(O_T) \quad , \quad P(Q | \lambda) = \pi_{q_1} a_{q_1 q_3} a_{q_2 q_3} \dots a_{q_{T-1} q_T}$$

$$P(O|\lambda) = \sum_Q \pi_{q_1} b_{q_1}(O_1) a_{q_1 q_2} b_{q_2}(O_2) a_{q_2 q_3} \dots a_{q_{T-1} q_T} b_{q_T}(O_T) \quad (\text{III.22})$$

Pour calculer la probabilité $P(O, \lambda)$ par cette méthode, il faut $(2T - 1)N^T$ multiplications et N^{T-1} additions soit environ $2TN^T$ opérations. Cet ordre de calcul est non faisable même pour des petites valeurs de T et N . [41]

A.1.2. Méthode Forward-Backward

Dans cette approche, nous supposons que l'observation $O = O_1 O_2 \dots O_t$ se fait en deux étapes : d'abord l'émission de la suite d'observation en finissant à l'état s_i à l'instant t , puis l'émission du reste de l'observation $O = O_{t+1} O_2 \dots O_T$ en partant de l'état s_i à l'instant t .

$$P(O|\lambda) = \sum_i \alpha_t(i) \beta_t(i) \quad (\text{III.23})$$

Où $\alpha_t(i)$ est la probabilité d'émettre la suite $O = O_1 O_2 \dots O_t$ et d'aboutir à l'état s_i à l'instant t à partir du modèle λ et $\beta_t(i)$ est la probabilité d'émettre la suite $O = O_{t+1} O_2 \dots O_T$ en partant de l'état s_i à l'instant t sachant le modèle λ .

Le calcul de $\alpha_t(i)$ se fait avec t croissant, tandis que celui de $\beta_t(i)$ se fait avec t décroissant, d'où l'expression Forward-Backward.

Le calcul de la fonction *Forward* suffit pour résoudre le problème d'évaluation. Le calcul de la fonction *Backward* n'est nécessaire que pour la résolution du problème de décodage. [41]

A.1.2.1 Calcul de la fonction Forward

Soit la variable *Forward*

$$\alpha_t(i) = P(O_1 O_2 \dots O_t, q_t = s_i | \lambda), 1 \leq i \leq N, 1 \leq t \leq T \quad (\text{III.24})$$

Initialisation, $t = 1$:

$$\alpha_1(i) = \pi_i b_i(O_1), 1 \leq i \leq N \quad (\text{condition})$$

Cette étape fournit une initialisation à la probabilité *Forward* : c'est la probabilité conjointe de l'observation initiale O_1 et l'état s_i .

Induction :

$$\alpha_t(j) = [\sum_i \alpha_{t-1}(i) a_{ij}] b_j(O_t), 1 \leq j, i \leq N, 2 \leq t \leq T \quad (\text{III.25})$$

Cette étape permet de calculer la probabilité de produire la suite $O_1 O_2 \dots O_t$ en aboutissant à l'état s_j à l'instant t à partir des N états possibles $s_i \in S$ à l'instant t .

Terminaison :

$$P(O/\lambda) = \sum_{j=1}^N \alpha_T(j) \quad (\text{III.26})$$

Le coût d'évaluation du modèle via cette procédure est d'environ $N^2 T$ opérations ($N(N+1)(T-1)+N$ multiplications et $N(N-1)(T-1)$ additions). [2]

A.1.2.2 Calcul de la fonction Backward

Soit la variable *Backward* $\beta_t(i)$.

$$\beta_t(i) = P(O = O_t O_{t+1}, \dots, O_T, q_t = s_i / \lambda), 1 \leq i \leq N, 1 \leq t \leq T \quad (\text{III.27})$$

Initialisation, $t = T$:

$$\beta_t(i) = 1, 1 \leq i \leq N \quad (\text{condition})$$

Cette étape initialise la fonction *Backward* à 1 pour tous les états.

Induction :

$$\beta_t(i) = \sum_{j=1}^N a_{ij} b_j(O_{t+1}) \beta_{t+1}(j), 1 \leq i \leq N, 1 \leq t \leq T \quad (\text{III.28})$$

Pour être dans l'état s_i à l'instant t , et pour tenir compte de la suite d'observations $O_{t+1}, O_{t+2}, \dots, O_T$, nous devons considérer tous les états possibles s_j (toutes les transitions possibles a_{ij}) aussi bien que l'observation O_{t+1} dans l'état s_j ($b_j(O_{t+1})$), puis de tenir compte de la suite d'observations partielle restante à partir de l'état s_j ($\beta_{t+1}(j)$). Pour évaluer le modèle par cette méthode, $N(N+1)(T-1)+N$ multiplications et

$N(N-1)(T-1)$ additions soit environ $N^2 T$ sont effectuées.

Les deux variables *Forward* $\alpha_t(i)$ et *Backward* $\beta_t(i)$ peuvent être utilisées pour évaluer le modèle (calculer $P(O/\lambda)$) à tout instant t .

$$P(O/\lambda) = \sum_{i=1}^N \alpha_t(i) \beta_t(i) \quad (\text{III.29})$$

$$P(O/\lambda) = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N \alpha_t(i) a_{ij} b_j(O_{t+1}) \beta_{t+1}(j) \quad (\text{III.30})$$

Cette formule est utilisée pour résoudre le problème de l'apprentissage du modèle. [16]

B.1. Estimation de la suite d'états cachés : Etant donné une suite d'observation

$O = O_1 O_2 \dots O_T$, et un modèle HMM $\lambda(\pi, A, B)$, comment choisir une suite d'états cachés $Q = q_1 q_2, \dots, q_T$ selon un critère convenable?

Le critère le plus adopté est la maximisation de la probabilité $P(O, Q / \lambda)$, ce qui revient à trouver la trajectoire optimale de la suite d'états cachés. Et ici on mise Une technique formelle basée sur la programmation dynamique est l'algorithme de *Viterbi*. [51, 52]

B.1.1 Algorithme de Viterbi :

C'est un algorithme récursif qui permet de trouver à partir d'une suite d'observations provenant d'un canal sans mémoire, une solution optimale au problème d'estimation de la suite d'états d'un processus de Markov à temps discret qui produit cette suite d'observations.

Pour trouver le meilleur chemin $Q = q_1 q_2 \dots q_T$ pour une suite d'observations

$O = O_1 O_2 \dots O_T$, nous définissons $\delta_t(i)$ qui représente la probabilité du meilleur chemin amenant à l'état s_i à l'instant t guidé par les t premières observations. [10]

$$\delta_t(i) = \max_{q_1 q_2 \dots q_{t-1}} P(q_1 q_2 \dots q_{t-1}, q_t = s_i, O_1 O_2 \dots O_t / \lambda) \quad (\text{III.31})$$

Par induction, nous calculons :

$$\delta_{t+1} = b_j(O_{t+1}) \max_i \{ \delta_t(i) a_{ij} \} \quad (\text{III.32})$$

Tout en gardant la trace, lors du calcul, de la suite d'états cachés qui donne le meilleur chemin amenant à l'état s_i à l'instant t dans un tableau. Formellement, on peut résumer le déroulement de l'algorithme de Viterbi comme suit :

$$\delta_1(i) = \pi_i b_i(O_1), \quad \psi_t(i) = 0, \quad 1 \leq i \leq N$$

Induction :

$$\delta_t(i) = b_i(O_t) \max_j \{ \delta_{t-1}(j) a_{ij} \}, \quad \psi_t(i) = \arg \max_j \{ \delta_{t-1}(j) a_{ij} \}, \quad 1 \leq i, j \leq N \quad (\text{III.33})$$

Terminaison :

$$P^* = \max_i \delta_T(i) \quad (\text{III.34})$$

$$q_t^* = \operatorname{argmax}_i \delta_T(i) \quad (\text{III.35})$$

Le chemin obtenu est :

$$q_t^* = \psi_{t+1}(q_{t+1}^*), \quad 1 \leq t \leq T-1 \quad (\text{III.36})$$

La complexité de cet algorithme est de N^2T . [43]

C.1 Apprentissage du modèle : Etant donné une suite d'observations $O=O_1O_2\dots O_T$, comment ajuster $\lambda(\pi, A, B)$ pour maximiser la probabilité de générer la suite d'observations sachant le modèle $P(O/\lambda)$?

Le but de l'apprentissage est de déterminer les paramètres qui maximisent la probabilité de la suite d'observations, cela pose un problème relatif à l'absence d'une méthode exacte. L'algorithme *Baum-Welch*, le plus utilisé pour ajuster les paramètres d'un HMM, applique des techniques de ré-estimation qui affinent le modèle petit à petit en suivant les étapes suivantes :

- Choisir un ensemble initial de paramètres λ_0 .
- Calculer λ_{n+1} à partir de λ_n .
- Répéter ce processus jusqu'à un critère d'arrêt.

Ce processus itératif permet d'améliorer la probabilité d'émission des observations, ce qui revient à définir une fonction F telle que $\lambda_{n+1} = F(\lambda_n)$.

Il existe plusieurs approches pour définir cette fonction. La plus simple consiste à faire des statistiques sur l'utilisation des transitions et des distributions, ce qui revient à calculer des fréquences d'utilisation à partir de l'ensemble d'apprentissage. Si l'ensemble est important, les statistiques fournissent une bonne approximation des probabilités *a priori* utilisables alors comme paramètres du modèle pour l'itération suivante [53].

Dans ce qui va suivre, nous allons détailler l'approche d'estimation des paramètres selon l'algorithme *Baum-Welch*.

C.1.1. l'algorithme Baum-Welch : On définit

$$\xi_t(i, j) = P(q_t = s_i, q_{t+1} = s_j / O, \lambda) = \frac{P(q_t = s_i, q_{t+1} = s_j, O / \lambda)}{P(O / \lambda)} \quad (\text{III.37})$$

En développant le numérateur et en introduisant α et β , on aboutit à :

$$\begin{cases} \xi_t(i, j) = \frac{\alpha_t(i) a_{ij} b_j(O_{t+1}) \beta_{t+1}(j)}{P(O/\lambda)} & 1 \leq t \leq T - 1 \\ \xi_T(i, j) = \alpha_T(i) & \forall j \end{cases} \quad (\text{III.38})$$

On définit également la quantité : [6]

$$\gamma_t = P(q_t = s_i / O, \lambda) = \sum_{j=1}^N p(q_t = s_i, q_{t+1} = s_j / O, \lambda) \quad (\text{III.39})$$

On en dérive la relation entre γ_t et ξ_t : [5]

$$\gamma_t(i) = \sum_{j=1}^N \xi_t(i, j) \quad (\text{III.40})$$

D'où :

- $\sum_{t=1}^T \xi_t(i, j)$ donne l'information sur le nombre de transitions possibles de s_i vers s_j .
- $\sum_{t=1}^T \gamma_t(i)$ donne l'information sur le nombre de fois possibles d'être dans l'état s_i . [42]

Pour une observation O la quantité $\gamma_t(i)$ donne l'information sur le nombre de fois possibles d'être dans l'état s_i à l'instant t , alors $\gamma_1(i)$ donne à son tour le nombre de fois possibles que l'état initial du modèle soit s_i pour une observation O . On considère l'ensemble O^* des observations O_1, O_2, \dots, O_r et on définit n_i comme étant la somme des $\gamma_1(i)$ lorsque le modèle produit successivement toutes les observations dans l'ensemble d'apprentissage (les images des formes).

$$n_i = \sum_r \gamma_1(i) \quad (\text{III.41})$$

A partir de ce comptage, on peut estimer la fréquence d'utilisation de chaque état si en tant qu'état initial pour produire toutes les observations de l'ensemble d'apprentissage, alors :

$$\pi_i = \frac{n_i}{\sum_{j=1}^N n_j} \quad 1 \leq i \leq N \quad (\text{III.42})$$

Pour donner l'information sur le nombre de fois que l'on emprunte la transition de l'état vers l'état s_j en produisant l'ensemble d'observations O^* , on introduit:

$$\sum_r \{ \sum_{t=1}^{T-1} \xi_T(i, j) \} \quad (III.43)$$

Pour donner l'information sur le nombre de transitions possibles partant de l'état s_j en produisant l'ensemble d'observations O^* , on introduit :

$$\sum_r \left\{ \sum_{t=1}^{T-1} \gamma_t(i) \right\} \quad (III.44)$$

On en dérive la probabilité de transition de l'état s_i vers l'état s_j :

$$\bar{a}_{ij} = \frac{\sum_r \{ \sum_{t=1}^{T-1} \xi_t(i, j) \}}{\sum_r \{ \sum_{t=1}^{T-1} \gamma_t(i) \}} \quad (III.45)$$

Enfin, il reste à estimer les probabilités d'observation. On distingue deux cas : le cas discret et le cas continu.

Dans le cas où l'ensemble des symboles est dénombrable, on définit :

$\sum_{t=1}^T, o_t=v_k \gamma_t(i)$ qui donne l'information sur le nombre de fois possibles d'être dans l'état s_i en observant le symbole v_k pour une séquence d'observations O .

Par extension au cas d'une suite de séquences d'observations $O^*=O_1, O_2, \dots, O^r$, on définit :

$$\sum_r \left\{ \sum_{t=1}^T, o_t=v_K \gamma_t(i) \right\} \quad (III.46)$$

On en dérive la probabilité d'observation du symbole v_K à partir de l'état s_i :

$$b_i(K) = \frac{\sum_r \{ \sum_{t=1}^T, o_t=v_K \gamma_t(i) \}}{\sum_r \{ \sum_{t=1}^T \gamma_t(i) \}} \quad (III.47)$$

Dans le cas continu, on a :

$$b_j(O_t) = \sum_{k=1}^K c_{jk} g(\mu_{jk}, \nu_{jk}, O_t) = \sum_{k=1}^K c_{jk} g_{jk}(O_t) \quad (III.48)$$

Avec : K est le nombre de gaussiennes.

On désignera par $\xi_t(j, k)$ la probabilité d'utiliser la gaussienne g_{jk} (la K^{eme} gaussienne de l'état s_j) à l'instant t en observant une séquence d'observation Og

$$\xi_t(j, k) = P(\text{utiliser } g_{jk}^t / O, \lambda) = \frac{P(\text{utiliser } g_{jk}^t, O / \lambda)}{P(O / \lambda)} \quad (\text{III.49})$$

L'émission de l'observation O en utilisant la gaussienne g_{jk} à l'instant t revient à l'émission du début de l'observation O_1, O_2, \dots, O_{t+1} en aboutissant à l'état si à l'instant t - 1, puis à effectuer la transition de l'état si à l'état s_j et à émettre la fin de l'observation O_{t+1}, \dots, O_T en partant de l'état s_j à l'instant t. En utilisant les variables Forward et Backward, on obtient :

$$\begin{cases} \xi_t(i, j, k) = \frac{\alpha_{t-1}(i) a_{jk} c_{jk} g_{jk}(O_t) \beta_t(j)}{P(O / \lambda)} & 1 < t \leq T \\ \xi_t(i, j, k) = \frac{\alpha_0(i) a_{ij} c_{jk} g_{jk}(O_t) \beta_1(j)}{P(O / \lambda)} & 1 < t \leq T \end{cases} \quad (\text{III.50})$$

Alors, on pose :

$$\begin{cases} \gamma_t(j, k) = \sum_{i=1}^N \xi_t(i, j, k) \\ \gamma(i, j) = \sum_{t=1}^T \gamma_t(j, k) \end{cases} \quad (\text{III.51})$$

En considérant toutes les séquences d'observation (tout l'échantillon) $O^* = O_1, O_2, \dots, O_r$, on obtient :

$$\gamma^*(j, k) = \sum_r \gamma(j, k) \quad (\text{III.52})$$

On en dérive :

$$\gamma^* = \sum_{k=1}^M \gamma^*(j, k) \quad (\text{III.53})$$

D'où :

$$\overline{c_{jk}} = \frac{\gamma^*(j, k)}{\gamma^*(j)} \quad (\text{III.54})$$

Il reste enfin à estimer les paramètres des gaussiennes (leurs vecteurs de moyennes et matrices de covariance).

$$\overline{\mu_{jk}} = \frac{1}{\gamma^*(j, k)} \sum_r \sum_{t=1}^T \gamma_t(j, k) O_t^r \quad (\text{III.55})$$

$$\overline{v_{jk}} = \frac{1}{\gamma^*(j, k)} \sum_r \sum_{t=1}^T \{ \gamma_t(j, k) [(O_t^r - \mu_{jk})(O_t^r - \mu_{jk})^T] \} \quad (\text{III.56})$$

On peut initialiser chaque gaussienne de la manière suivante :

- Le vecteur de moyenne est initialisé uniformément.
- La matrice covariance est initialisée par la matrice identité. [2]

III.6.2. Modèles de Markov cachés bidimensionnels (2D-HMM)

Les modèles de Markov cachés unidimensionnels (1D-HMM) peuvent être adaptés au cas de données 2D telles que les images. Toutefois, la complexité des algorithmes d'évaluation, de décodage et d'apprentissage devient exponentielle. Ceci est dû à l'impossibilité de factoriser les formules de calcul contrairement au cas de signal unidimensionnel où la programmation dynamique peut être appliquée. Dans cette section, nous donnons les principes de base d'un modèle de Markov caché bidimensionnel (2D-HMM).

III.6.2.1 Principes d'un 2D-HMM

Tout comme le modèle de Markov caché unidimensionnel (1D-HMM), le 2DHMM est défini par deux processus aléatoires ; le premier consiste en une chaîne de Markov dont les états ne sont observables qu'à travers le deuxième processus lié à l'ensemble des observations. La seule différence par rapport au 1D-HMM concerne la définition du système de voisinage : dans le cas d'un 2D-HMM, les états sont liés les uns aux autres selon deux directions (horizontale et verticale) au lieu d'une seule direction.

Un 2D-HMM représente une image (ou toute autre forme de signal 2D) par deux suites de variables aléatoires ; l'une est cachée et l'autre est observable. Soit la séquence d'observation $Y = \{Y_{uv} \mid 1 \leq u \leq n, 1 \leq v \leq m\}$ où m et n représentent la hauteur et la largeur de l'image, respectivement, et soit le processus caché $X = \{X_{iuv} \mid 1 \leq u \leq n, 1 \leq v \leq m\}$. La séquence d'états cachés peut être vue comme la réalisation d'un champ aléatoire de Markov causal (à voisinage non symétrique) alors que la séquence d'observations est une fonction probabiliste de la séquence d'états cachés.

III.6.2.2 Eléments d'un 2D-HMM

Un modèle de Markov caché bidimensionnel noté $\lambda = (A, B)$ est caractérisé par les paramètres suivants :

- N , le nombre d'états du modèle : l'ensemble des états est noté $S = \{s_1, s_2, \dots, s_N\}$. L'état (caché) du système au pixel de position (u, v) est noté $X_{uv} \in S$.
- M , le nombre des symboles d'observations distincts dans le cas où l'observation à la sortie physique du système est représentée sous forme discrète : ces symboles correspondent à la sortie physique du système (niveau de gris par exemple). L'ensemble des symboles est désigné par $V = \{v_1, v_2, \dots, v_M\}$. L'observation au pixel de position (u, v) est notée $Y_{uv} \in V$.

Si l'observation est représentée sous forme continue, nous définissons un ensemble continu de symboles tel que $V = \mathfrak{R}$.

- $A = \{a_{ijk}\}$, la matrice de transition où a_{ijk} représente la probabilité de transition vers l'état

S_k à partir des états prédécesseurs horizontal et vertical s_i et s_j respectivement.

$$a_{ijk} = P(X_{uv} = s_k / X_{u-1v} = s_i, X_{uv-1} = s_j), \quad 1 \leq i, j \leq N, \quad 1 < u < n, \quad 1 < v < m \quad (\text{III.57})$$

$$\text{Avec } \sum_{k=1}^N a_{ijk} = 1. \text{ (Conduction)}$$

- B , la distribution des probabilités d'observation des symboles à partir états. Nous distinguons deux cas :

- Dans le cas où l'observation est représentée sous forme discrète :

$$B = \{b_i(v_k)\}, \quad b_i(v_k) = P(Y_{uv} = v_k / X_{uv} = s_i), \quad 1 \leq i \leq N, \quad 1 \leq k \leq M \quad (\text{III.58})$$

$$\text{Avec } \forall i \in \{1, 2, \dots, N\} : \sum_{k=1}^M b_i(v_k) = 1 \quad (\text{condition})$$

Dans ce cas, B est appelée la matrice de probabilité d'observation des symboles.

- Dans le cas où l'observation est représentée sous forme continue :

$$B = \{b_i(g)\}, \quad b_i(g) = P(Y_{uv} = g / X_{uv} = s_i), \quad 1 \leq i \leq N, \quad g \in V \quad (\text{III.59})$$

$$\text{Avec } \forall i \in \{1, 2, \dots, N\} : \int_{-\infty}^{+\infty} b_i(g) dg = 1 \text{ (Condition)}$$

III.6.2.3. Problème de complexité de calcul dans un 2D-HMM

Le 2D-HMM, tel que défini dans les paragraphes précédents, pose un problème de complexité de calcul dans la mesure où la programmation dynamique ne peut être appliquée pour factoriser les traitements. Ainsi, une explosion combinatoire est inévitable. Par conséquent, le modèle dans sa forme actuelle n'a qu'une valeur théorique qui peut servir de plate-forme pour d'autres modélisations moins complexes. Pour cela, plusieurs travaux de recherche ont considéré le 2D-HMM comme un point de départ pour concevoir des modèles similaires ou dérivés. La plupart de ces travaux ont recours à des hypothèses simplificatrices pour contourner le problème de complexité combinatoire du 2D-HMM [48,49,54].

Dans les auteurs proposent un modèle de Markov caché qui tient partiellement compte de l'aspect 2D de l'image en adoptant l'hypothèse suivante :

- L'état du système à un pixel de position (u, v) dépend soit de l'état du prédécesseur horizontal $(u - 1, v)$ ou vertical $(u, v - 1)$, mais pas les deux en même temps.

Cette hypothèse permet de définir un arbre de dépendance sur la grille de toute l'image, ce qui équivaut à définir un sens particulier (selon un arbre) de parcourir l'image. Par conséquent,

la complexité d'un tel traitement est la même que celle d'un 1D-HMM. Pour converger aux mêmes résultats que ceux d'un 2D-HMM, les calculs sont effectués sur un ensemble d'arbres de dépendance générés aléatoirement. Ce modèle est appelé modèle de Markov caché à arbre de dépendance (Dependency Tree- Hidden Markov Model ou DT-HMM). [48,49]

III.7 Conclusion

Les traitements statistiques d'images fondés sur des modèles Markoviens peuvent présenter des qualités exceptionnelles. L'avantage de ces modèles par rapport à des modèles « locaux » découle de leur aptitude à prendre en compte, de façon souvent élégante et mathématiquement rigoureuse, l'ensemble de l'information disponible. De plus, les diverses études semblent indiquer qu'une extraordinaire robustesse s'ajoute aux qualités classiques des méthodes statistiques que sont la souplesse et l'optimalité.

Dans le prochain chapitre nous appliquerons cette technique à la segmentation des images.

CHAPITRE IV

Simulation et interprétation des résultats

IV.1 Introduction

Dans ce chapitre nous avons présenté la segmentation des images par les modèles de Markov caches. Nous avons utilisé l'outil Matlab pour présenter la méthode de segmentation par région que nous avons proposé. L'objectif de cette introduction au traitement d'images sous Matlab est de présenter la notion d'image et d'effectuer des opérations simples d'analyse d'images, Le traitement d'images est un thème de recherche situé entre l'informatique et le traitement du signal. Pour faire une comparaison objective des différentes méthodes proposées, nous proposons d'opter comme critères d'évaluations : erreur quadratique moyenne (MSE), le rapport signal sur bruit (PSNR), La sensibilité (E_i) et la spécificité (P_i).

Nous présentons dans des tableaux les valeurs des critères de validation pour la méthode proposée. Ceci sera suivi d'une interprétation des résultats, pour pouvoir faire la comparaison entre la méthode proposée de segmentation utilisé et outre méthodes pour trouve la meilleure méthode.

IV.2 Rappels sous Matlab :

Une image Matlab est une matrice bidimensionnelle de valeurs entières ou réelles. Les principales fonctions de traitement d'images sous Matlab se trouvent dans la boîte à outils (toolbox) image processing (traitement d'images). L'aide sur cette boîte à outils est obtenue en tapant `help images` en ligne de commande de Matlab. Ensuite, l'aide sur une commande particulière est obtenue en tapant `help` suivi du nom de la commande, par exemple `help imread`. Comme on peut le constater, la boîte à outils images de Matlab contient de nombreuses fonctions qui permettent le développement facile et rapide d'algorithmes en fonction du problème à traiter. C'est un très bon outil pour la validation de méthodes de traitement d'images appliquées à un problème particulier [6].

IV.2.1 Lire et écrire des images sous Matlab

Matlab est capable de lire et de décoder les fichiers images JPEG, TIFF, BMP, PNG, HDF, PCX ou XWD. Une image sous Matlab peut être représentée sous plusieurs formes, mais toujours sous forme d'une matrice. Avant de traiter une image dans Matlab, il faut la lire et décoder son format afin de la transformer en une matrice de valeurs. L'exemple ci-dessous permet de lire une image au format TIFF, de la décoder dans la variable `img` et de l'afficher à l'écran dans une figure. La commande `axis('image')` rend l'image affichée carrée pour garder les proportions. L'appel à `axis` on permet l'affichage des graduations des axes. Enfin, `colorbar` affiche la barre des couleurs de l'image. Matlab autorise l'exportation d'images sous divers formats : BMP, TIFF, EPS, PS... La commande qui permet de sauvegarder une figure est `print -FORMAT fichier`. Dans une figure et grâce à la commande `print`, on exporte le résultat dans le format JPEG avec pour nom de fichier `resulte.jpg`. [6]

IV.3 Mesure de la qualité :

L'objectif de cette partie est l'étude et la définition de critères d'évaluation pour quantifier la qualité des résultats de segmentation d'images. Il existe une multitude de méthodes de segmentation dont l'efficacité reste difficile à évaluer. Il semble important

de pouvoir mesurer la qualité des images. Cependant, il s'agit d'un problème difficile pour lequel on ne dispose pas de solution idéale, surtout lorsqu'il n'y pas d'image de référence. Nous allons dans cette partie définir quelques métriques de bases. [6]

IV.4 Evaluation objective :

En un mot, la mesure de la qualité objective (par opposition à l'évaluation subjective de qualité par les observateurs humains) cherche à déterminer la qualité des images algorithmiquement. Le but de la recherche de l'évaluation de la qualité objective est de concevoir des algorithmes dont la prévision de la qualité est en accord avec l'évaluation subjective des observateurs humains. Les méthodes d'évaluation de la qualité d'image peuvent être classifiées dans trois larges catégories :

IV.4 .1 Les méthodes avec référence complète,

Dans lesquelles l'algorithme a un accès à une version parfaite de l'image avec lesquelles il peut comparer l'aversion dégradée. La version parfaite vient généralement d'un dispositif de haute qualité d'acquisition, après elle est dégradée par la compression et les erreurs de transmission.

IV.4 .2 Les méthodes sans référence,

Dans lesquelles l'algorithme a un accès qu'au signal déformé et doit estimer la qualité du signal sans connaissance de l'aversion parfaite. Puisque les méthodes sans référence n'exigent aucune information de référence, elles peuvent être employées dans n'importe quelle application où la mesure de qualité est exigée.

IV.4 .3 Méthodes avec référence réduites,

Dans lesquelles l'information partielle concernant la version parfaite est disponible. Un côté canal existe par lequel quelque information concernant la référence peut être rendue disponible à l'algorithme d'évaluation de la qualité. Les algorithmes réduits de référence emploient cette information de référence partielle pour juger la qualité du signal déformé. Les mesures quantitatives les plus utilisées sont : l'erreur quadratique moyenne(MSE), le rapport crête signal sur bruit (Peak Signal to Noise Ratio, PSNR), le rapport signal sur bruit (Signal to Noise Ratio : SNR) etc.[6]

IV.5 Métrique de qualité d'image

Mesure de qualité d'image joue un rôle important pour le développement des algorithmes de traitement d'images et pour évaluer la performance de l'image traitée. La qualité d'image est définie comme une caractéristique d'une image qui mesure la dégradation de l'image traitée en le comparant à une image idéale. Les humains sont généralement les observateurs et les utilisateurs de la majorité des systèmes d'imagerie, par conséquent l'évaluation de la qualité de l'image par méthode subjective est considérée comme la méthode fiable. Les applications temporelles, l'utilisation de la méthode subjective est limitée en raison de sa complexité et de sa difficulté de mise en œuvre. Par

conséquent, les méthodes objectives sont plus largement utilisées pour l'évaluation de la qualité de l'image ces dernières années. Dans ce travail, nous considérons plusieurs mesures de qualité d'image et analysons leur comportement statistique pour huit mesures ciblées de la méthode SFF. [37]

IV.5.1 Erreur quadratique moyenne (MSE)

L'image dégradée \hat{I} est toujours comparée à l'originale I pour déterminer son rapport de ressemblance. Ce critère est le plus utilisé. Il est basé sur la mesure de l'erreur quadratique moyenne (MSE) calculée entre les pixels originaux et dégradés :

$$MSE = \frac{1}{M \times N} \sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N \left(I(m, n) - \hat{I}(m, n) \right)^2$$

Où $(M \times N)$ est la taille de l'image, et I_p et \hat{I}_p sont respectivement les amplitudes des pixels sur les images originale et dégradée. Il est vraisemblable que l'œil tienne beaucoup plus compte des erreurs à grandes amplitudes, ce qui favorise la mesure quadratique. [6]

IV.5.2 Le rapport signal sur bruit crête (PSNR)

L'opérateur PSNR mesure le rapport entre l'information et le bruit dans une image. Il est calculé à partir d'une image initiale img_E qui comporte l'image et le bruit et d'une image img_S qui est la version segmentée de l'image initiale img_E . Les images img_E et img_S doivent avoir la même dimension et le même type. Le PSNR s'agit de quantifier la performance des algorithmes en mesurant la qualité de réinsertion de l'image segmentée par rapport à l'image originale.

Le PSNR est défini par :

$$PSNR = \log_{10} \frac{d^2}{EQM}$$

- d est la dynamique de l'image. Dans le cas standard d'une image où les composantes d'un pixel sont codées sur 8 bits, $d = 255$.

- EQM est l'erreur quadratique moyenne et est définie pour 2 images image E et image S de taille $M \times N$.

Maximiser le PSNR revient à minimiser l'erreur quadratique. Les valeurs typiques de PSNR pour des images de bonne qualité varient entre 30 et 40 dB.[50]

IV.5.3 La précision : $(TP+TN) / (TP+TN+FP+FN)$

-tells que, TP- True Positive, TN- True Negative, FP- False Positive, FN- False Negative. [35]

IV.5.4 La sensibilité E_i et la spécificité P_i : soit A_i une région qui contient tous les pixels étiquetés par dans le vérité terrain de l'image, et $S(A_i)$ est la région qui coupe A_i avec le plus

grand nombre de pixels dans le résultat de segmentation. La sensibilité E_i et la spécificité P_i associées avec la reconnaissance de A_i est défini comme suit :

- La sensibilité E_i :
$$E_i = \frac{|S(A_i) \cap A_i|}{|A_i|}$$

- La spécificité P_i :
$$P_i = \frac{|S(A_i) \cap A_i|}{|S(A_i)|}$$

Où $|A_i|$, sont le nombre de pixels dans A_i , $S(A_i)$, et $S(A_i) \cap A_i$ respectivement. Pour un image de vérité terrain qui contient n régions $A_1, A_2, A_3, A_4, A_5, \dots, A_n$, la sensibilité E et la spécificité P de S sont définies comme suit :

- $E = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n E_i$
- $P = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n P_i$

IV.6 Résultats de simulation

IV.6.1 Méthodologie :

Etape 1 : étude de la littérature base sur les techniques de détection du cancer du cerveau.

Etape 2 : prétraitement de l'image IRM d'entrée.

Etape 3 : les caractéristiques ont été extraites de l'image prétraitée pour un traitement ultérieur, chaque image IRM a son identification unique et le système associerait diverses caractéristiques telles que la forme, la couleur et l'intensité des cellules cancéreuses avec les cellules d'une image pour déclarer si elle est cunicière ou non.

Etape 4 : les modelés Markov (HMM) ont été applique au segment de la partie cancéreuse dans l'IRM par segmentation 2D.

Etape 5 : la classification des images a été effectuée pour différencier les cellules cancéreuses et non cancéreuses.

IV.6.2 Segmentation des images synthétiques :

La segmentation par la méthode HMM pour les images synthétiques

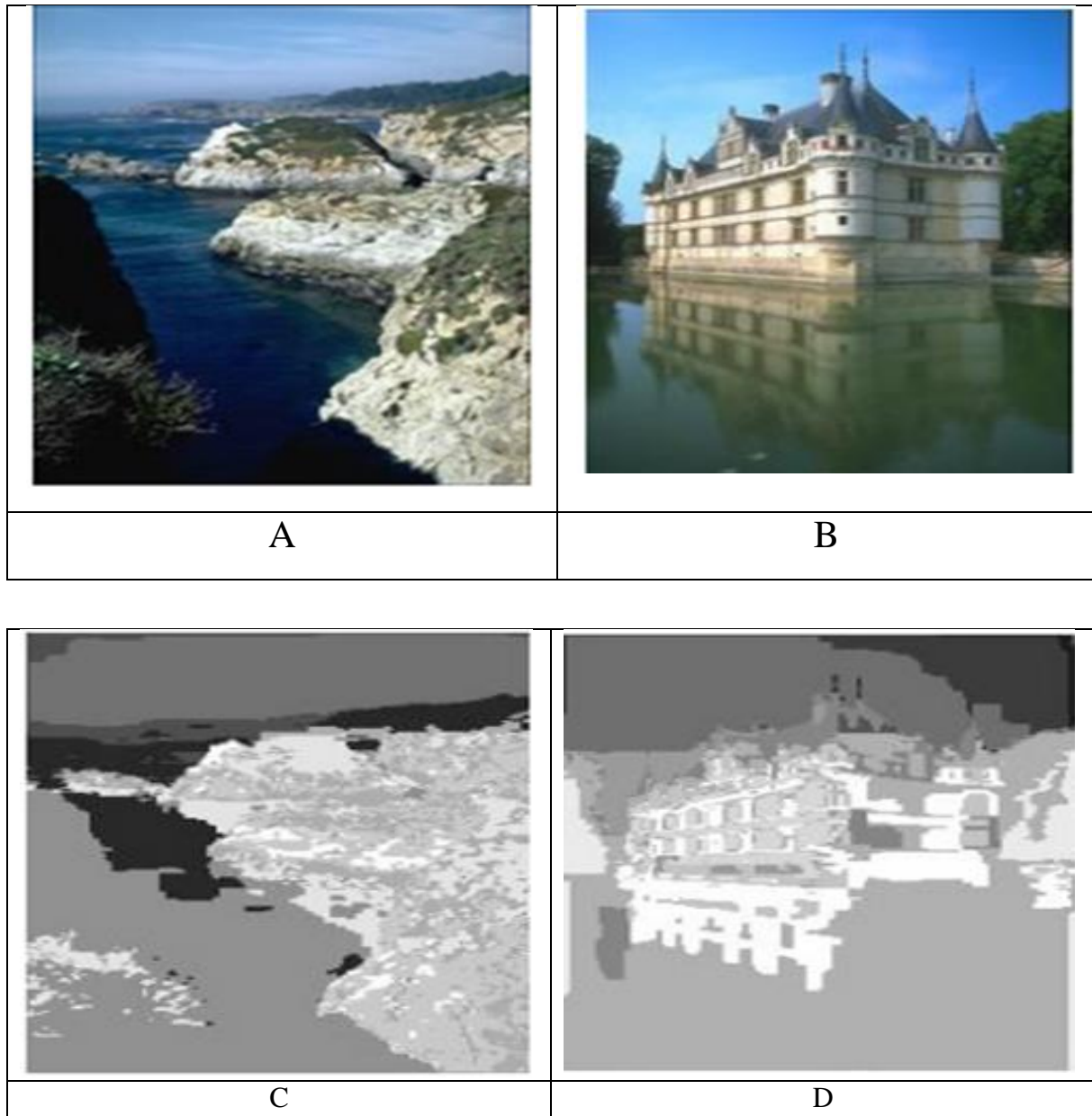


Figure VI. 1 : A et B) Images originales, C et D) images segmentées par HMM

Programme	Sensitivité		Specificité	
	Moyenne	Standard Deviation	Moyenne	Standard Deviation
Segmentation par HMM	0.7717	0.1246	0.8389	0.0556

Tableau IV.1. : mesure du Paramètres d' images

IV.7 Segmentation une image réelle :

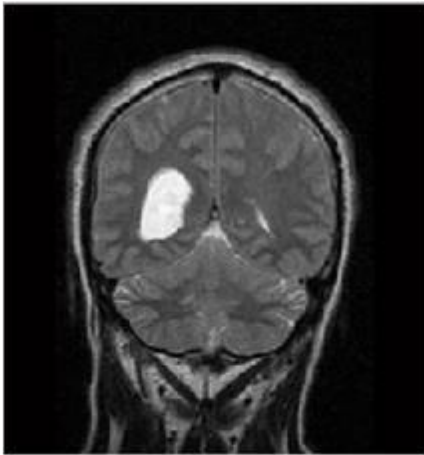


Figure IV.2 : image original.

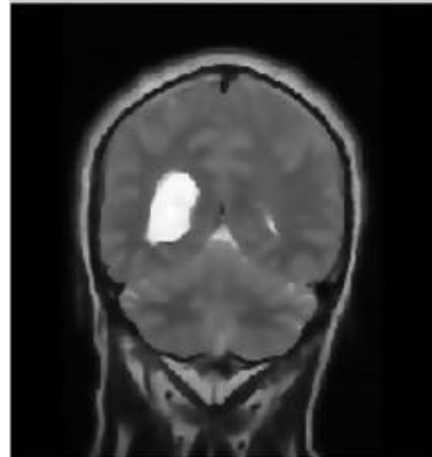


Figure IV.3 : image filtrée



Figure IV.4 : l'emplacement de la zone de délimitation de la pièce anormal.

Une tumeur au début de son développement

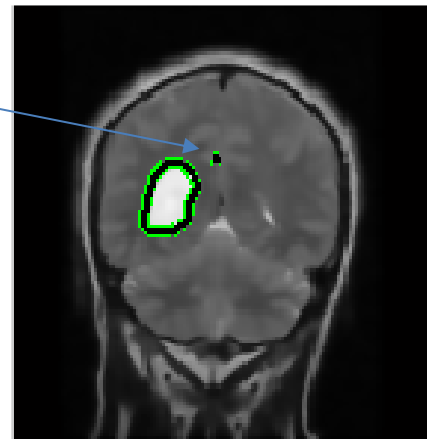


Figure IV.5 : l'extraction de la partie Cancéreuse de l'image.

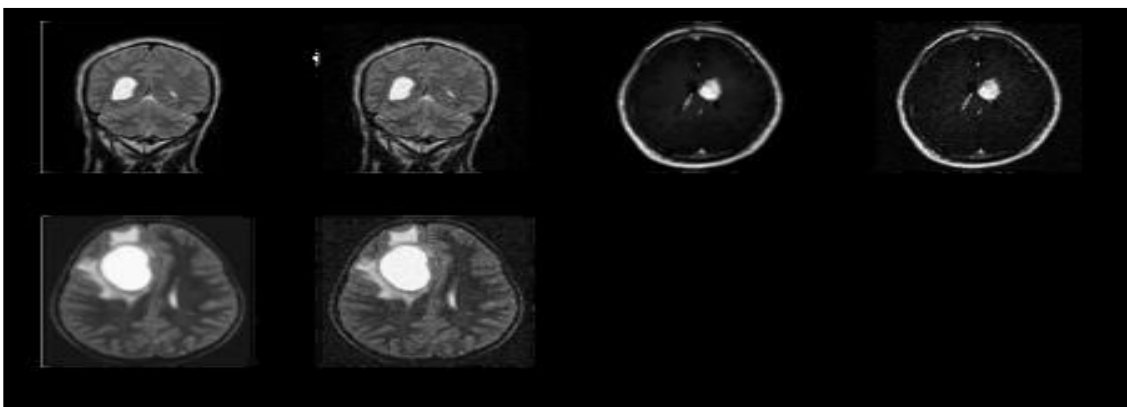


Figure IV.6 : l'ensemble d'image utilise pour l'analyse.

image	PSNR	MSE	Précision %
Image 1	—	—	—
Image 2	20.73902	937.05068	87.40067
Image 3	20.05673	1021.8977	88.37820
Image 4	22.40986	952.251556	89.22137

Tableau IV.2. : Paramètres obtenus pour ensemble images

S.NO	Paramètres	Valeurs
1.	PSNR	21.257781
2.	MSE	985.07166
3.	Précision	88.936 %

Tableau IV.3 : Les valeurs paramétriques moyennes pour HMM.

S.NO	Technique de segmentation	Précision
1.	Technique basée sur la répétition adaptative (Sheela and Babu, 2016)	58%
2.	Technique basée sur le maximum d'espérance et réseau de neurones (EMNN (Sheela and Babu, 2016))	71%
3.	AG avec SVM (Gopal and Karnan, 2010)	75%
4.	Fuzzy bisector, K- means et F- PSO (FKF) (Sheela and Babu, 2016)	78%
5.	SVR	80.6%
6.	HMM (méthode proposée)	88.9%

Tableau IV.4 : Comparaison de (précision) obtenus entre HMM et différentes techniques.

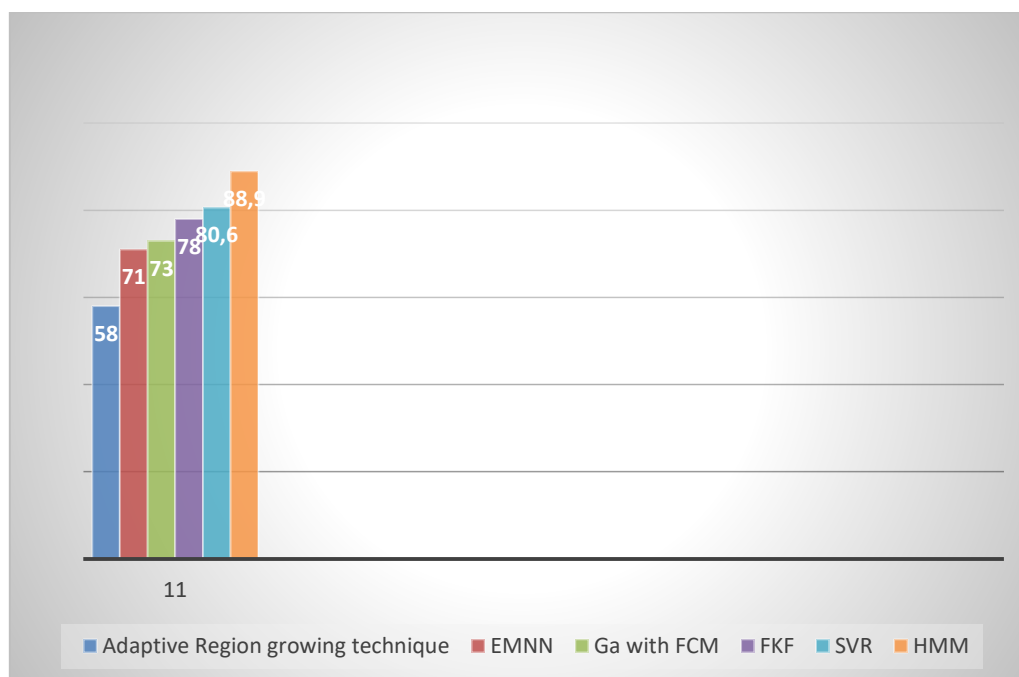


Figure IV.7: graphique de Comparaison de (précision) obtenus enter HMM et différentes techniques.

	Technique de segmentation	PSNR
1.	K- means (Mane <i>et al.</i> , 2014)	12.3986
2.	Watershed transform (Mane <i>et al.</i> , 2014)	11.2750
3.	Morphological operation (Borole and Kawathekar, 2016)	14.4102
4.	SVR	16.9847
5.	HMM	21.2577

Tableau IV.5 : Comparaison de (PSNR) obtenus enter HMM et différentes techniques.

-Les valeurs des critères indiqués dans le (tableau IV.5) montrent que la méthode HMM est meilleur que les autres méthodes utilisés par avons.

Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté les résultats obtenues par la méthode de segmentation basée région sur les modèles de Markov cachées, la classification de HMM est utilisée pour classer les cellules cancéreuses et non cancéreuses sur la base des propriétés des pixels via le processus de numérisation de la méthode proposée sur la base de HMM.

Donc il satisfait à la nécessité de développer des méthodes rapides et précises pour identifier et extraire automatiquement les ports cancéreux de l'image d'entrée.

Conclusion générale

Conclusion générale

Dans ce travail, nous avons présenté le principe de la segmentation d'images IRM cérébrale basé sur le modèle de champ Markov cachée. Nous avons conclu dans le chapitre qui concerne l'implémentation de modèle de Markov cachée que la segmentation par modèle de Markov cachée permet de supprimer certain bruit lié à l'image, la modélisation par champ de Markov cachée est lié à l'estimation des paramètres qui ont une grande influence sur le résultat , HMM est un outil parfait qui peut modéliser avec précision des dépendances spatiales ou contextuelles dans des images.

La mise en œuvre ainsi de la segmentation d'image par la synthèse d'informations contextuelles extraites par HMM produira des résultats souhaitables. Dans ce mémoire, nous avons suggéré l'approche de segmentation IRM combinant les régions mystérieux et le l'algorithme du champ de Markov cachée. Les informations de niveau de gris et spatiales sont extraites dans l'image fragmentée et traitées par MRF. Les expériences d'évaluation dans ce mémoire montrent que la méthode proposée fondée sur MRF est une approche efficace. L'approche proposée intègre les groupes d'adhésion de l'image d'origine dans une fonction MRF éventuelle comme une information qui prend en charge la fragmentation. Il génère une composition mystérieuse d'assemblage d'une image grossière d'un analyseur multi-étalonnant, qui est intégré à une fonction de MRF éventuelle pour soulager les troubles du bruit. Les fonctions de potentiel et de perte de poids spécifiques sont soumises pour réduire l'impact du bruit, dans nos expériences, nous testons l'approche proposée de l'image synthétique et imagerie de résonance magnétique. Les résultats expérimentaux montrent que l'approche proposée améliore la performance au détail, ainsi que la durabilité contre le bruit. la méthode proposée est obtenue une efficacité accrue dans les algorithmes de segmentation, à l'exception de la FCM d'origine. Les informations contextuelles sont uni-lisées par HMM dans la méthode suggérée

Références Bibliographiques

- [1] M .T.Chikh , amélioration des images par un modèle de réseau de neurones (comparaison avec les filtres de base), université abou-bakr belkaid tlemcen.2011
- [2] MR BOUDAREN MOHAMED EL YAZID, CLASSIFICATION MARKVIENNE DU TERRAIN DANS LES IMAGES AERIENNES DE HAUTE RESOLUTION, UNIVERSITE DES SCIENCES ET DE LA TECHNOLOGIE HOUARI BOUMEDIENE, ORAN ,2009
- [3] C.Houassine, segmentation d'images par une approche biomimétique hybride. Université m'hamed bougara- boumerdes. 2012.
- [4] Segmentation d'images médicales par champs aléatoire de Markov cachés, Melle *Zdira Meriem, Dr.Houari Kamel*, Université Larbi Ben M'hidi -Oum El Bouaghi 2010
- [6] FAID SARRA et DEHIMI Wafa : Modèle de segmentation d'image à champ aléatoire de Markov (MRF), université Mohamed Boudiaf- M'SILA 2019/202
- [7] Lechlek, M. Ghougal.2012''la segmentation d'image médicale par la méthode d'ensemble de niveau (level sets)'' . Thèse de Master, Université Larbi Ben M'hidi Oum El Bouaghi
- [8] M. Kass, A. Witkin and D. Terzopoulos, snakes: active contour models, *Cinternational journal of computer vision*, 1(4): pp321–331, 1987
- [9] M. Melliani, segmentation d'image par coopération régions-contours, magistère en informatique, *ecole national supérieur d'informatique*, 2012.
- [11] K. Aounallah, les approches de segmentation d'image par coopération régions contours, 2010.
- [12] Traitement numérique de l'image, Raphael Isdant - 2009
- [13] J. Canny, A, computational approach to edge detection, *IEEE trans. on pattern analysis and machine intelligence*, vol. 8, n°6, pp. 679-698, November 1986
- [14] R. Deriche, Using Canny's criteria to derive a recursively implemented optimal edge detector, *international journal of computer vision*, pp. 167-187, 1987
- [17] Wojciech PIECZYNSKI, Modèles de Markov en traitement d'images , GET/INT, Département CITI, CNRS UMR 5157, 9, rue Charles Fourier, 91000 Evry, France
- [18] MELOUK Anfel et HARMALI Ines : La segmentation des images médicales en utilisant les champs de Markov cachés et la technique Deep Learning, , École nationale Supérieure en Informatique (ESI) ,2020

Références Bibliographiques

- [19] Moussa SEMCHEDINE, Système Coopératif Hybride de Classification dans un SMA :« Application à la segmentation d'images IRM », UNIVERSITE FARHAT ABBAS – SETIF,2019
- [20] J.-P. COCQUEREZ et S. PHILIPP, « Analyse d'images : filtrage et segmentation », page3-266, Paris, (février 2003)
- [21] C.Houassine, segmentation d'images par une approche biomimétique hybride. université université m'hamed bougara- boumerdes. 2012.
- [22] M. Melliani, segmentation d'image par coopération régions-contours, magistère en informatique, école national supérieur d'informatique, 2012.
- [23] Sudha Morwal , Nusrat Jahan et Deepti Chopra : Named Entity Recognition using Hidden Markov Model (HMM), International Journal on Natural Language Computing (IJNLC) .2012
- [24] M. Mignotte, J. Meunier, J.-P. Soucy, C. Janicki, “Comparison of deconvolution techniques using a distribution mixture parameter estimation: application in SPECT imagery”, Journal of Electronic Imaging, Vol. 11, No. 1, pp. 11-25, 2002.
- [25] N. Cristianini and J. Shawe-Taylor. An introduction to support vector machines (and other kernel-based learning methods). Cambridge University Press, 2000.
- [26] D.E. Goldberg. Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning. Addison-Wesley, 1989
- [27] Held K, Rota Kops E, Krause B, Wells W, Kikinis R, Müller-Gärtner H, 1997 “Markov Random Field Segmentation of Brain MR Images”, IEEE Transactions on Medical Imaging, 16:878-886.
- [28] K. Van Leemput, F. Maes, D. Vandermeulen and P. Suetens, Automated model-based tissue classification of MR images of the brain, IEEE Trans. Med. Imag. **18** (10), pp. 897–908.
- [29] Y. Zhang, M. Brady and S. Smith, Segmentation of brain MR images through a hidden Markov random field model and the expectation maximization algorithm, IEEE Trans. Med.
- [30] J.L. Marroquin, B.C. Vemuri, S. Botello. F. Calderon et A. Fernandez Bouzas . An accurate and efficient Bayesian method for automatic segmentation of brain MRI. IEEE Transactions on Medical Imaging.
- [31] S. Bricq, C. Collet et J.P. Arrnsplach. Unifying framework for multimodal brain MRI segmentation based on hidden Markov chains. Medical Image Analysis, vol. 12, no. 6.
- [32]. M. GUERROUT EL-HACHEMI, Performances dans la Segmentation d'images médicales, École nationale Supérieure en Informatique (ESI)

Références Bibliographiques

- [33] B. Scherrer, F. Forbes, C. Garhav et M. Dojat. Distributed local MRF models for tissue and structure brain segmentation. IEEE Transactions on Medical Imaging.
- [34] LAMRI LAOUAMER, APPROCHE EXPLORATOIRE SUR LA CLASSIFICATION APPLIQUÉE AUX IMAGES, UNIVERSITÉ DU QUÉBEC, 2006
- [35] M.J. Cardoso, M.J. Clarkson, G.R. Ridgway, M. Modat, N.C. Fox et S. Ourselin, LoAd: a locally adaptive cortical segmentation algorithm. NeuroImage.
- [36] M^{elle}MEHIDI Aicha : Analyse d'images par champs de Markov (application mammographie), Université de MOSTAGANEM. 2008-2009
- [37] Memon, Farida, Mukhtiar Ali Unar, and Sheeraz Memon. "Image quality assessment for performance evaluation of focus measure operators." arXiv preprint arXiv: 1604.00546 (2015).
BibTeXEndNoteRefManRefWorks
- [38] C.Houassine, segmentation d'images par une approche biomimétique hybride. université université m'hamed bougara- boumerdes. 2012
- [40] Marcel Bosc. Contribution à la détection de changements dans des séquences IRM 3D multimodales. PhD thesis, Louis Pasteur University, Strasbourg, Alsace, France, 2003
- [42] JEAN-BAPTISTE VOUMA LEKOUNDI : MODÈLES DE MARKOV CACHÉS, UNIVERSITÉ DU QUÉBEC À MONTRÉAL.
- [45] Ayad Sawsen, Zeddouri Hanane, Mr Bourouaieh Douadi, Recouvrement de posture 2D, Université de Guelma, Juin 2011
- [46] Markov random field modeling in computer vision springer. Paper presented at the Tokyo 95.
- [47] Définition et simulation d'un champ de Markov Chapitre rédigé par Florence TUPIN et Marc SIGELLE
- [48] B. Merialdo: "Dependency Tree Hidden Markov Models", Research Report RR-05-128, Institut Eurecom, 2005.
- [49] B. Merialdo, J. Jiten, E. Galmar, B. Huet: "A new approach to probabilistic image modeling with multidimensional hidden Markov models", Adaptive multimedia retrieval
- [50] kharroubi mohamed amine, segmentation d'image médicale par champ de markov, Université abdelhamid ibn badis de mostaganem. 2013
- [51] A. J. Viterbi: "Error bounds for convolutional codes and asymptotic optimum decoding algorithms", IEEE. Trans. Inform. Theory, IT-13
- [52] G. D. Forney: "The Viterbi Algorithm", Proc. IEEE, pp 268-278, 1973.

Références Bibliographiques

- [53] L. R. Rabiner: “A tutorial on hidden Markov models and selected applications in speech recognition”, IEEE, pp 267-296, 1989.
- [54] B. Merialdo, S. Marchand-Maillet, B. Huet: “Approximate Viterbi decoding for 2 Dhidden Markov models”, *IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal*