

UNIVERSITE BLIDA1

Faculté de Technologie
Département d'électronique

THESE DE DOCTORAT

Filière Génie Biomédical

SYSTEME D'ANALYSE D'IRMs CEREBRALES PATHOLOGIQUES POUR L'AIDE AU DIAGNOSTIC

Par

Ait mohamed Linda

Devant le jury composé de

N. BENBLIDIA	Professeur	U. de Blida 1	Présidente
A. GUESSOUM	Professeur	U. de Blida 1	Examineur
A. MEZIANE	Directeur de Recherche	CERIST Alger	Examineur
A. CHERFA	Maître de conférences A	U. de Blida 1	Directrice de Thèse
Y. CHERFA	Professeur	U. de Blida 1	Co-directeur de Thèse

Blida, Février 2022

DEDICACES

« Louange à Allah, Seigneur de l'univers »

Avec un énorme plaisir, un cœur ouvert et une immense joie, je dédie mon travail à mes chers, respectueux et magnifiques parents, qui m'ont soutenue tout au long de ma vie, ainsi qu'à mes chers frères : Tarik et Yassine.

A mon cher époux et mes trois amours de filles, Lydia, Yasmine et Sarah.

À toutes les personnes qui m'ont encouragé, ou aider, tout au long de mes études.

REMERCIEMENTS

Je remercie tous ceux qui m'ont aidé, de près ou de loin, dans la réalisation de cette thèse, et plus particulièrement, mes encadreurs Dr A.Cherfa et Pr Y.Cherfa , pour leurs conseils et leurs orientations.

Merci à mes parents, pour m'avoir toujours laissée choisir ma voie, pour m'avoir soutenue et accompagnée. Merci à ma famille, à ceux qui étaient là le jour J, et à ceux qui n'ont pu venir.

Enfin, je tiens à remercier les membres du jury :Pr Benblidia ,Pr Guessoum et Pr Meziane ,qui me font l'honneur de juger mon travail.

À mes trois filles, Lydia, Yasmine et Sarah. . .

RESUME

Actuellement, l'analyse des images IRM cérébrales de sujets pathologiques se fait de façon manuelle, aussi bien pour la reconnaissance des structures cérébrales ou des lésions, que pour leur caractérisation. Les images médicales fournissent des informations qui sont extrêmement difficiles à exploiter de manière quantitative et objective. Bien que les images soient originellement numériques, leur examen est typiquement basé sur l'observation d'un support analogique (un film). Ce qui rend le résultat en général purement qualitatif et subjectif. Nous proposons comme solution dans cette thèse, une nouvelle approche précise et automatique pour la segmentation et la détection précoce des gliomes, en combinant l'algorithme de la marche aléatoire avec l'algorithme SLIC (Simple Linear Iterative Clustering). L'étude est faite en quatre étapes, la première étape consiste à décomposer l'image en superpixels, pour obtenir un contour initial de la tumeur. Les super pixels sont générés à l'aide de l'algorithme SLIC (Simple Linear Iterative Clustering), en regroupant des pixels de l'image, à l'aide d'informations, basées sur les contours et les régions de l'image. Dans la seconde étape, pour chaque superpixel, un ensemble de caractéristiques statistiques et multifractales sont calculées. Dans la troisième étape, les superpixels sont classés à l'aide d'un classificateur supervisé, en un tissu cérébral sain ou tumoral. Dans l'étape finale, le contour de la tumeur détectée est amélioré, en utilisant l'algorithme personnalisé de la marche aléatoire, qui permet de segmenter les pixels mal segmentés, situés autour de la tumeur. Après l'étape de segmentation des lésions, le système d'analyse d'IRMs va prédire le grade de la tumeur détectée à l'aide d'un apprentissage supervisé, à partir d'un ensemble de paramètres de texture et multifractals.

Mots Clés : IRM Cérébrales, Pathologies Cérébrales, Segmentation, Classification supervisée, Détection, Interprétation.

ملخص

حاليًا ، يتم تحليل صور التصوير بالرنين المغناطيسي للدماغ للمواضيع المرضية يدويًا ، سواء من أجل المرضيين ، سواء للتعرف على هياكل أو آفات الدماغ أو من أجل توصيفها. توفر الصور الطبية معلومات من الصعب للغاية استخدامها من الناحية الكمية والموضوعية. على الرغم من أن الصور رقمية في الأصل ، إلا أن فحصها يعتمد عادة على ملاحظة وسيط تناظري (فيلم). وهذا يجعل النتيجة بشكل عام نوعية وذاتية بحتة. تقدم هذه الأطروحة نهجًا جديدًا ودقيقًا وتلقائيًا للجزئية الدقيقة للأورام الدبقية المبكرة ، والجمع بين خوارزمية المشي العشوائي وخوارزمية التجميع التكراري الخطي البسيط. تم إجراء الدراسة في أربع خطوات. تتكون الخطوة الأولى من تحليل الصورة إلى بكسلات فائقة للحصول على مخطط أولي للورم. تم إنشاء وحدات البكسل الفائقة باستخدام خوارزمية SLIC. في الخطوة الثانية ، لكل بكسل فائق ، تم حساب مجموعة من الخصائص الإحصائية ومتعددة الفركتلات (مصفوفة التكرار ذات المستوى الرمادي ، والمتوسط المتحرك متعدد الفركتلات). في الخطوة الثالثة ، تم تصنيف وحدات البكسل الفائقة باستخدام فئة الغابات العشوائية الخاضعة للإشراف إلى أنسجة دماغية صحية أو ورمية. في الخطوة الأخيرة ، تم تحسين محيط الورم المكتشف باستخدام خوارزمية RW المخصصة. بعد خطوة تجزئة الأفة ، سيتنبأ نظام تحليل التصوير بالرنين المغناطيسي بدرجة الورم التي سيتم اكتشافها باستخدام التعلم الخاضع للإشراف لمجموعة من المعلمات النسيجية ومتعددة الفركتلات.

الكلمات السرية: تصوير الدماغ بالرنين المغناطيسي، أمراض الدماغ، الانقسام، التصنيف الخاضع للإشراف ،

الكشف، التفسير.

ABSTRACT

Currently, the analysis of magnetic resonance imaging (MRI) brain images of pathological patients is performed manually, both for the recognition of brain structures or lesions and for their characterization. Medical images provide information that is extremely difficult to use quantitatively and objectively. Although the images are originally digital, their examination is typically based on the observation of an analog medium (a film). This makes the result in general purely qualitative and subjective. This thesis presents a new, accurate, and automatic approach for the precise segmentation of early gliomas, combining the random walk algorithm and the simple linear iterative clustering algorithm. The study was carried out in four steps. The first step consisted of decomposing the image into superpixels to obtain an initial outline of the tumor. The superpixels were generated using the SLIC algorithm. In the second step, for each superpixel, a set of statistical and multifractal characteristics were calculated (gray-level co-occurrence matrix, multifractal detrending moving average). In the third step, the superpixels were classified using a supervised random forest type classifier into healthy or tumorous brain tissue. In the final step, the contour of the detected tumor was enhanced using the customized RW algorithm. After the lesion segmentation step, the MRI analysis system will predict the grade of the tumor to be detected using supervised learning of a set of texture and multifractal parameters.

Keywords : Brain MRI, Brain Pathologies, Segmentation, Supervised classification, Detection, Interpretation.

TABLE DES MATIERES

DEDICACES	II
REMERCIEMENTS	III
RESUME	IV
TABLE DES MATIERES	VII
LISTE DES ILLUSTRATIONS GRAPHIQUES	IX
LISTE DES ILLUSTRATIONS DES TABLEAUX	XI
INTRODUCTION	1
CHAPITRE 1 IRM ET ANATOMIE CEREBRALE	4
1.1 Le système nerveux central	4
1.1.1 L'encéphale.....	5
1.1.2 La moelle épinière	6
1.2 Imagerie cérébrale pour le diagnostic des tumeurs	6
1.3 Imagerie par résonance magnétique	7
1.3.1 Principes physiques	7
1.3.2 Formation des images	9
1.3.3 Différentes pondérations.....	11
1.4 Tumeurs cérébrales.....	13
1.5 Différents types de tumeurs cérébrales.....	14
1.5.1 Gliome	15
Discussion	20
CHAPITRE 2 METHODES DE SEGMENTATION DES TUMEURS CEREBRALES : ÉTAT DE L'ART	21
2.1 Méthodes basées contours :	22
2.1.1 Méthodes dérivatives	22
2.1.2 Modèles déformables.....	23
2.2 Méthodes basées régions	24
2.2.1 Seuillage et morphologie mathématique.....	24
2.2.2 Méthodes par croissance de région.....	25
2.2.3 Méthodes par classification	25
2.3 Théorie des Graphes	31

2.3.1 Graph Cuts	31
2.3.2 Marche aléatoire	32
2.4 Segmentations des IRMs cérébrales : Etat de l`art	32
Discussion	41
CHAPITRE 3 SYSTEME D`AIDE AU DIAGNOSTIC (CAD) : PRE-SEGMENTATION DES TUMEURS CEREBRALES	43
3.1 Pré-segmentation des tumeurs cérébrales.....	44
3.2 Méthode de pré-segmentation proposée	45
3.2.1 Problématique	45
3.2.2 Décomposition en superpixels par l`algorithme SLIC	46
3.2.3 Extraction des paramètres des superpixels	47
3.2.4 Extraction des paramètres de la matrice de cooccurrence sur des superpixels.....	53
3.2.5 Fusion des superpixels par Foret Aléatoire	57
3.3 Evaluation des résultats de la pré-segmentation.....	61
3.4 Interprétation des résultats de la pré-segmentation	62
Discussion	63
CHAPITRE 4 SYSTEME D`AIDE AU DIAGNOSTIC (CAD) : SEGMENTATION ET CLASSIFICATION DES TUMEURS CEREBRALES	65
4.1 Segmentation de la tumeur cérébrale.....	65
4.1.1 Algorithme de la marche aléatoire.....	66
4.1.2 Génération automatique des germes	68
4.2 Evaluation de la segmentation de la tumeur :.....	70
4.3 Interprétation des résultats.....	75
4.4 Diagnostic du type de tumeur.....	78
4.4.1 Extraction des paramètres pour le diagnostic du type de tumeur	78
4.5 Résultats expérimentaux et discussion	81
4.6 Application sous le logiciel Matlab	82
Discussion	84
CONCLUSION	85
REFERENCES	88
BIBLIOGRAPHIE DE L`AUTEUR	97

LISTE DES ILLUSTRATIONS GRAPHIQUES

Figure 1.1: L'encéphale, composée du cerveau, du cervelet et du tronc cérébral [4].	5
Figure 1.2: La moelle épinière, le corps vertébral et le disque vertébral.	6
Figure 1.3 : Le mouvement de spin.	8
Figure 1.4 : Mouvement de précession d'un ensemble de moments magnétiques.	8
Figure 1.5 : Signal FID recueilli par les bobines réceptrices.	10
Figure 1.6 : Plans axial, coronal et sagittal (de gauche à droite).	11
Figure 1.7 : Image de la même coupe obtenue sous différents paramètres d'acquisition.	13
Figure 1.8 : Astrocytome de bas grade.	17
Figure 1.9 : Astrocytome de grade IV. (a) et (b) Coupes axiales d'images CT,	17
Figure 1.10 : Oligodendrogliome de bas grade. (a) Tumeur non rehaussée en coupe axiale de l'image pondérée en T1 avec rehaussement de contraste, (b) même tumeur sur FLAIR, (c) coupe sagittale de la tumeur [18].	18
Figure 1.11 : Image en présence de Gangliogliomes. (a) IRM axiale pondérée en T1 avec tumeur frontale. (b) la même tumeur apparaît hypo-intense non rehaussée. (c) La même lésion apparaît hyperintense sur IRM pondérée en T2 [18].	19
Figure 3.1: Schéma général du système d'aide au diagnostic proposé.	43
Figure 3.2 Diagramme global représentant le processus de fonctionnement de l'étape de pré-segmentation du gliome.	45
Figure 3.3: Estimation du spectre multifractal, des superpixels, d'image IRM cérébrale (a). Spectre multifractal des superpixels sains (+vert) et superpixels tumeur (*rouge), (b) Exposant d'échelle $\tau(q)$ pour superpixels sains (+vert) et tumeur (*rouge).	53
Figure 3.4 : Classification par arbre de décision. À chaque feuille est associée le vote majoritaire des éléments qu'elle contient (-1 pour prédire noir et 1 pour prédire rouge).	58
Figure 3.5 : Schéma du Bagging avec pour règle de base un arbre CART	60

Figure 3.6 : Résultats de la pré-segmentation. Colonne (a) : images T2 du cerveau, colonne (b) : segmentation par SLIC, colonne (c) : classification par Foret aléatoire, et la colonne (d) représente la segmentation des experts BRATS.	62
Figure 4.1 : Exemple de représentation d'image en graphe. (a) : Image couleur 4X 4 pixels. (b) : Graphe construit à partir de l'image.	67
Figure 4.2 : Génération automatique des germes. La surface jaune représente les germes de la tumeur et le vert représente les germes du fond.	70
Figure 4.3 : Représentation graphique des différentes étapes du traitements de 20 patients de la base de données BRATS 2013 avec DSC des méthodes SLIC, et SLIC-MA, avec un seuil T_1 , et un seuil T_2	73
Figure 4.4 : Les tracés de la fonction de fluctuation sans tendance $F_q(n)$ pour différentes valeurs de q . (a) : la fonction $F_q(n)$ de GHG, (b) : la fonction $F_q(n)$ de GBG	79
Figure 4.5 : Représentation du spectre multifractal $D(\alpha)$, qui caractérise la multifractalité des images. En bleu, gliome bas grade, en rouge, gliome haut grade.	80
Figure 4.6 : Représentation de la dimension multifractale. En bleu, gliome de bas grade, en rouge, gliome de haut grade.	81
Figure 4.7 : Interface du système d'aide au diagnostic.	82
Figure 4.8 : Barre de menu de l'application	83
Figure 4.9 : Sous-menus du menu 'Prétraitement'.	83
Figure 4.10 : Sous-menus du menu 'Segmentation'.	84
Figure 4.11 : Sous-menus du menu 'Classification'.	84

LISTE DES ILLUSTRATIONS DES TABLEAUX

Tableau 1.1 : Ordre de grandeur des temps de relaxation à 1.5 Tesla.	9
Tableau 1.2 : Gradation des tumeurs selon l’OMS.	14
Le tableau qui suit (Tableau 2.1) résume d`autres travaux présents dans l`état de l`art.	40
Tableau 4.1 : Resultats des différentes étapes du traitements de 20 patients, de la base de données BRATS 2013, DSC SLIC : indice de similarité de Dice de la méthode SLIC, DSC MA_t1 : indice de similarité de Dice de la méthode SLIC et MA avec un seuil $T1$, et DSC MA_t2 : indice de similarité de Dice de la méthode SLIC et MA, avec un seuil $T2$	72
Tableau 4.2: Résultats de la segmentation proposée en termes de Dice, de sensibilité et de spécificité sur le gliome de bas grade (GBG) MICCAI BRATS 2013.	76
Tableau 4.3 : Comparaison des résultats de segmentation, avec quelques méthodes, utilisant les données BRATS 2013.	77

INTRODUCTION

La tumeur cérébrale, est l'une des maladies du cerveau, les plus courantes, de sorte que son diagnostic, et son traitement précoce, sont d'une grande importance, pour un grand nombre de patients. Les gliomes sont, parmi les tumeurs les plus courantes. L'organisation mondiale de la santé (OMS), propose leur classification, en quatre grades, selon leur degré d'agressivité [1]. On peut distinguer les gliomes circonscrits (grade I), qui ont la caractéristique, de ne pas évoluer, dans la plupart des cas. Leur forme est circonscrite, et ne présente pas de diffusion, tandis que les gliomes, du grade II au grade IV, sont des gliomes diffus, appelés respectivement, gliomes de bas grade GBG (grade II), et gliomes de haut grade GHG (grade IV). Les GBG sont souvent asymptomatiques, et faiblement contrasté à L'IRM, et c'est ce qui les distingue des GHG. Leur croissance est lente, et ils peuvent rester asymptomatiques, pendant de très nombreuses années. Non traités, ils peuvent évoluer du titre de tumeur <bénigne >, en tumeur <maligne>, appelée aussi, glioblastomes. Les GHG se définissent, par une croissance rapide, une vascularité tumorale importante, avec une grande infiltration dans le cerveau. Lorsque le médecin suspecte la présence de tumeur du cerveau, plusieurs examens doivent être réalisés. Au cours des dernières années, de grandes avancées ont vu le jour, sur la compréhension du corps humain. Le développement de nouvelles technologies d'observation, est à l'origine de ces avancées. Grâce à l'interaction, avec plusieurs recherches scientifiques, telles que les mathématiques, la physique, la médecine et l'informatique, plusieurs phénomènes physiques particuliers, ont pu être exploités, décrits, et même simulés par ordinateur, pour être finalement appliqués, sur un environnement clinique réel. Parmi les divers types de techniques d'imagerie médicale utilisées, on peut citer le scanner-X, la médecine nucléaire, l'échographie, et l'Imagerie par résonance magnétique.

Nos travaux se basent sur le phénomène de résonance magnétique (IRM). L'IRM est une technique de choix, aussi bien en recherche, que dans le contexte clinique, et c'est l'une des méthodes d'exploration, les plus courantes, pour le cerveau. Cette dernière s'est imposée, comme un outil incontournable, d'aide au diagnostic, pour plusieurs types de pathologie cérébrales : dégénératives, inflammatoires, tumorales, accidents vasculaires cérébraux (AVC), ...etc.

Pour le suivi des gliomes diffus, les radiologues s'appuient généralement, sur une coupe axiale d'IRM. Cependant, les médecins ne se contentent pas de l'IRM, pour le diagnostic histologique, et il est donc nécessaire, de faire également une biopsie [2] [3]. Dans la majorité des cas, la délimitation exacte des contours de la tumeur, est plus que nécessaire, pour entamer l'acte chirurgical, afin que le choix du site de prélèvement, soit le plus représentatif, de la lésion tumorale [2].

Vu la complexité, et l'importance des examens, de nombreux chercheurs tentent d'aider les médecins, dans leurs prises de décision, que ce soit dans la localisation, dans la segmentation, pour avoir les informations les plus précises possibles, concernant la tumeur (contour, forme, position...), dans la connaissance du type, et du degré d'agressivité du gliome (grade), ou dans l'élaboration d'un système, qui englobe toutes les directives citées.

Les algorithmes de segmentation automatique, ou semi-automatique, apparaissent, dès lors, comme porteurs d'une solution pratique, en termes de rapidité d'exécution, et d'une potentielle amélioration de la précision des contours tumoraux.

Cette thèse vise, plus particulièrement, à réaliser un système d'aide au diagnostic, des tumeurs cérébrales, en développant des méthodes de détection, de segmentation automatique, et de classification des tumeurs, en imagerie IRM. Les algorithmes doivent être suffisamment génériques, mais aussi modulables, afin de s'adapter à la pluralité des pathologies cérébrales. L'approche proposée, repose sur une première étape de détection de la tumeur (pré-segmentation), utilisée pour guider une segmentation précise en IRM, pour arriver au final à une étape de classification.

Structure du document

Cette thèse est organisée comme suit :

Le chapitre 1 présente le contexte médical, de l'imagerie médicale adoptée. Un aperçu de l'anatomie cérébrale, de l'imagerie des tumeurs cérébrales, des caractéristiques et quelques classifications y est donné.

Dans le chapitre 2, nous passons en revue, les méthodes existantes, dans la littérature, de segmentation des tumeurs cérébrales, l'étude bibliographique étant une étape cruciale, pour la réalisation de notre système d'aide au diagnostic. Les méthodes sont répertoriées, en trois catégories, notamment : celles basées sur les régions, celles basées sur les contours, et les méthodes hybrides, qui sont des combinaisons, d'une ou de plusieurs méthodes, basées sur les régions, ou basées sur les contours.

Au chapitre 3, nous présentons la partie pré-segmentation, ou la détection de la région d'intérêt, de notre système d'aide au diagnostic médicale (SADM). Celui-ci comporte l'approche proposée et les résultats obtenue.

Le chapitre 4, présente la deuxième partie, c'est-à-dire, une nouvelle méthode de segmentation, qui combine, les informations, obtenue à l'étape précédente (pré-segmentation), pour segmenter les gliomes. La classification du degré d'agressivité, et sa validation, sont également abordées dans ce chapitre.

Enfin, dans le chapitre 6, on conclut notre travail, en donnant quelques perspectives, pour les travaux futurs.

CHAPITRE 1

IRM ET ANATOMIE CEREBRALE

Dans ce chapitre, nous introduisons les notions liées au contexte de notre étude. Nous allons définir quelques termes du vocabulaire, liés aux tumeurs cérébrales, qui vont nous permettre de mieux comprendre ce que l'on observe avec l'imagerie cérébrale. Nous commencerons par une présentation de l'anatomie du cerveau, avec une description de ce dernier. Puis, nous décrirons le principe d'acquisition de l'image par résonance magnétique nucléaire (IRM) qui est la technique la plus utilisée en routine clinique, permettant l'observation fine de l'anatomie cérébrale et de ses pathologies. A la fin, nous présenterons les différentes lésions et tumeurs qui peuvent l'affecter, ainsi qu'une classification des tumeurs cérébrales selon l'OMS, en fonction de leur apparence radiologique.

1.1 Le système nerveux central

Le système nerveux central regroupe l'encéphale et la moelle épinière, qui baignent dans le liquide céphalo-rachidien qui les protège. La majorité des processus cognitifs se déroulent au niveau de la partie supérieure de l'encéphale, qui est d'ailleurs divisée en deux hémisphères : gauche et droit. Sous ces deux hémisphères, on retrouve le tronc cérébral qui gère les fonctions vitales, comme la respiration et les mouvements oculaires. Le prolongement du système nerveux central sous le tronc cérébral, donne forme à la moelle épinière. L'encéphale et le reste du corps sont reliés par celle-ci. Elle joue aussi le rôle de centre de coordination dans certains réflexes. Le système nerveux périphérique est constitué par les nerfs crâniens, et les nerfs spinaux qui sont rattachés au système nerveux central. Son rôle est de conduire jusqu'au système nerveux central, les informations issues des récepteurs périphériques de la sensibilité ou de la douleur, et de transmettre les ordres moteurs émis par les centres nerveux.

1.1.1 L'encéphale

L'encéphale comprend, le cerveau, le cervelet et le tronc cérébral ; c'est la partie, du système nerveux, contenue dans la boîte crânienne, et qui repose sur la base du crâne (voir la figure 1.1).

1.1.1.1 Le cerveau

Il est composé de deux hémisphères cérébraux : l'hémisphère droit et l'hémisphère gauche. Le cerveau occupe la majeure partie de l'encéphale. Les nombreux replis, que présente la surface du cerveau, sont limités, par des sillons, qui permettent de diviser, chaque hémisphère, en 4 lobes : le lobe frontal, le lobe pariétal, le lobe temporal, et le lobe occipital. Chaque lobe comprend des zones, bien précises, impliquées dans des fonctions spécifiques (motricité, sensibilitéetc.).

1.1.1.2 Le cervelet

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

1.1.1.3 Le tronc cérébral

Il représente, l'intersection majeure, du système nerveux central, entre le cerveau, et le cervelet. Il est responsable, de nombreuses fonctionnalités, du corps humain, principalement, la régulation de la respiration, et du rythme cardiaque, le passage des voies motrices, et sensitives, ce qui en fait ainsi, un centre de contrôle de la douleur.

Le poids moyen de l'encéphale, est de 1400 à 1800 grammes. Il est enveloppé, et protégé, par la dure-mère, l'arachnoïde, et la pie-mère, qui constituent des membranes, appelées méninges.

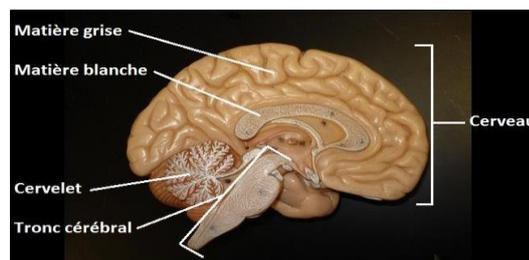


Figure 1.1: L'encéphale, composée du cerveau, du cervelet et du tronc cérébral [4].

1.1.2 La moelle épinière

On pourrait comparer la moelle épinière, à un long cordon nerveux, s'étendant de la base du tronc cérébral, jusqu'au bas du dos, soit au niveau des premières vertèbres lombaires, ce qui correspond, aux deux tiers supérieurs de la colonne vertébrale. Au centre des vertèbres, se trouve le canal vertébral, aussi appelé canal rachidien, dans lequel, se situe la moelle épinière, qui est ainsi protégée. On retrouve 31 paires de nerfs rachidiens, qui se rattachent à la moelle épinière.

La principale fonction de la moelle épinière, est de transmettre l'influx nerveux, de l'encéphale, aux nerfs moteurs, et aussi des nerfs sensitifs, à l'encéphale. Comme les neurones, ne permettent le passage de l'influx, que dans un seul sens, les influx voyageant vers l'encéphale, circulent dans la partie dorsale de la moelle, alors que ceux, qui circulent vers les nerfs moteurs, le feront dans la partie avant de la moelle. La moelle épinière a aussi pour fonction, de gérer les réflexes rachidiens, aussi appelés réflexes de protection.

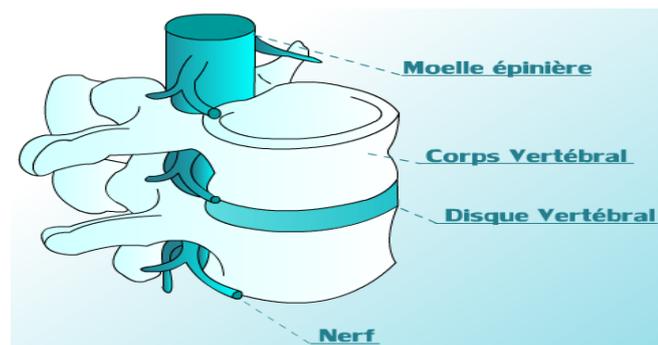


Figure 1.2: La moelle épinière, le corps vertébral et le disque vertébral.

1.2 Imagerie cérébrale pour le diagnostic des tumeurs

L'imagerie médicale a révolutionné, les connaissances sur le cerveau, car elle a permis, son observation, in vivo. Diverses modalités, ont été mises au point, durant le siècle dernier. Chacune d'entre elles, se base sur des propriétés physiques différentes, et met en œuvre, un dispositif d'acquisition spécifique. Cette numérisation des acquisitions, a permis le développement de systèmes automatiques, d'aide au diagnostic. Dans le cas particulier, du diagnostic des tumeurs cérébrales, cette aide consiste, à détecter, et à localiser précisément, les tumeurs, sur les clichés radiologiques. Il s'agit donc, de développer, des méthodes de segmentation, capables de séparer les zones tumorales (composées de la, ou des tumeurs, et d'éventuels œdèmes), des structures anatomiques saines (principalement la matière blanche, la matière grise, et le liquide céphalo-rachidien).

Les images obtenues, selon chacune des modalités, ont des caractéristiques propres (résolution, contraste, artefacts, acquisition 2D, 3D ou 3D+t, ...), et fournissent, des observations complémentaires. L'IRM, est la modalité non invasive, qui permet le mieux, l'observation, et la caractérisation des tumeurs cérébrales. Elle offre une résolution fine (≤ 1 mm), pour des temps d'acquisition, de 1 min à 20 min.

Les travaux, présentés dans cette thèse, comprennent la segmentation d'IRM cérébrales, pour la détection, la segmentation, et la classification, des tumeurs cérébrales, en particulier, les gliomes, de haut grade (GBG), et de bas grade (GHG). La section suivante présente, le principe physique de l'IRM, ainsi que ces différentes modalités d'acquisitions.

1.3 Imagerie par résonance magnétique

L'imagerie par résonance magnétique (IRM), constitue une des avancées, les plus révolutionnaires, en médecine. Elle est issue, des travaux sur les propriétés magnétiques, des noyaux des atomes, menés par BLOCH[5] et PURCELL[6], en 1946. Elle constitue une technique privilégiée, pour l'observation, in vivo, des structures anatomiques cérébrales, et de leurs pathologies. Cette technique a été nettement récompensée, à travers le prix Nobel de Médecine 2003, attribué à LAUTERBUR et MANSFIELD, à l'origine, de l'utilisation du phénomène de résonance magnétique, en imagerie médicale, et à travers le prix Nobel de Physique 2003, attribué à ABRIKOSOV et GINZBURG, pour leurs travaux sur les supraconducteurs.

1.3.1 Principes physiques

La technique de l'IRM, exploite les propriétés magnétiques, des éléments constitutifs de la matière, et se fonde, sur les phénomènes physiques, de résonance, et de relaxation.

1.3.1.1 Moment magnétique des noyaux

BLOCH et PURCELL, ont démontré simultanément, l'existence du moment magnétique des noyaux. En moyenne, le corps humain est composé de 70% d'eau. Le noyau d'hydrogène contenu dans l'eau, se comporte comme une charge en rotation, autour de son axe : c'est le mouvement de spin (Figure 1.3). L'application d'un champ magnétique B_0 , définit une direction dans l'espace, sur laquelle vont s'aligner les spins, et forme alors, une sous-population de spins $+1/2$; l'ensemble, s'orientant dans le sens inverse, forme la sous-population de spins $-1/2$. La sous-population de spins $+1/2$ étant la plus importante, il existe une aimantation résultante M_0 , proportionnelle au nombre de protons présents. M_0 ne possède qu'une

composante longitudinale, dans le sens de B_0 (Figure 1.4). En l'absence de tout champ magnétique, les protons s'orientent aléatoirement dans l'espace. Ce mouvement fournit au noyau, un moment cinétique, qui dépend de sa masse, et un moment magnétique, qui dépend de sa charge [5].

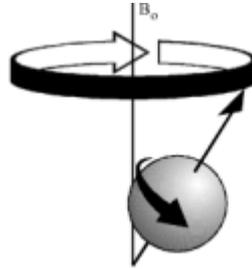


Figure 1.3 : Le mouvement de spin.

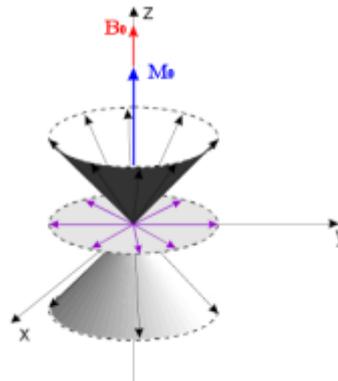


Figure 1.4 : Mouvement de précession d'un ensemble de moments magnétiques.

1.3.1.2 Phénomènes de résonance et de relaxation

Il peut y avoir une interaction, entre une onde de radiofréquence (onde RF), et les spins en précession : c'est le phénomène de résonance, qui correspond à un transfert d'énergie, entre deux systèmes, ayant la même fréquence. L'onde de radiofréquence, va entraîner un phénomène de résonance, seulement si sa fréquence, est la même, que celle de la précession des spins. Elle va apporter de l'énergie, au système de spins : c'est la phase d'excitation. Lorsque l'émission de (l'onde) radiofréquence est interrompue, le système va restituer l'énergie absorbée, pour retourner à l'état d'équilibre de départ : c'est la phase de relaxation. L'onde RF provoque un basculement de l'aimantation tissulaire résultante, d'un groupe de spins, placés dans un champ magnétique. Cette bascule, est liée à un transfert d'énergie, vers le système de spins. Au niveau quantique, elle se traduit par une modification, des niveaux énergétiques des spins (passage de

l'état de basse énergie, "parallèle", vers le niveau de haute énergie, "antiparallèle"), et de leurs phases[7].

L'orientation du champ magnétique résultant, change, et passe à un nouvel état d'équilibre M , tant que B_1 dure. On décompose alors M , en un moment magnétique longitudinal M_L , et en un moment magnétique transversal M_T . Le retour à l'équilibre des protons, lors de la relaxation, après la disparition du champ magnétique B_1 , s'accompagne, d'un mouvement en spirale des protons, autour du champ magnétique B_0 . BLOCH [8] a montré, que l'évolution de ce mouvement, est liée au temps de relaxation longitudinal T_1 , et au temps de relaxation transversal T_2 (Figure 1.5). Les valeurs de ces derniers, dépendent des tissus biologiques rencontrés (Tableau 1.1).

Tableau 1.1 : Ordre de grandeur des temps de relaxation à 1.5 Tesla.

	T₁	T₂
Liquide céphalo-rachidien	2500 ms	2000 ms
Matière grise	900 ms	90 ms
Matière blanche	750 ms	80 ms
Graisse	300 ms	40 ms

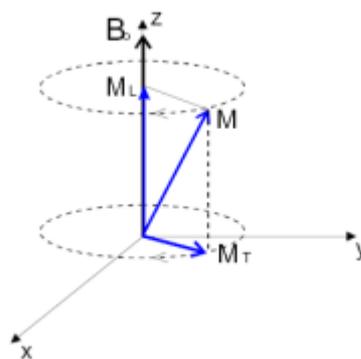


Figure 1.5: Décomposition du moment magnétique M , en un moment transversal M_T , et un moment longitudinal M_L , lors de la résonance.

1.3.2 Formation des images

La construction d'une image IRM, est réalisée, après l'application au patient, d'un champ magnétique B_0 , et d'une onde radiofréquence B_1 , de fréquence égale, à la fréquence de

précession des protons. A cet effet, les protons basculent, d'un angle α , égal à 90° , ou de 180° , par rapport à M_0 . À l'arrêt de l'impulsion, le retour à l'équilibre s'établit : il y a réduction rapide, du moment transversal M_T , et repousse, du moment longitudinal M_L . Pendant ce retour à l'équilibre, le proton continue à précesser, et induit un champ magnétique FID (Free Induction Decay). C'est ce signal, qui est recueilli, par les bobines de réception, puis transformé, en signal électrique (Figure 1.6). Le signal RMN est enregistré, après les différentes étapes, de la séquence employée. Ce signal doit être numérisé (convertisseurs analogique-numérique), pour être traité, de façon numérique, pour former l'image. Le signal RMN « brut », est stocké dans un tableau (une matrice), appelé Espace K. Les données de l'espace K (ou plan de Fourier, espace fréquentiel), permettront ensuite, de constituer l'image 2D, grâce à une transformée de Fourier 2D inverse [9].

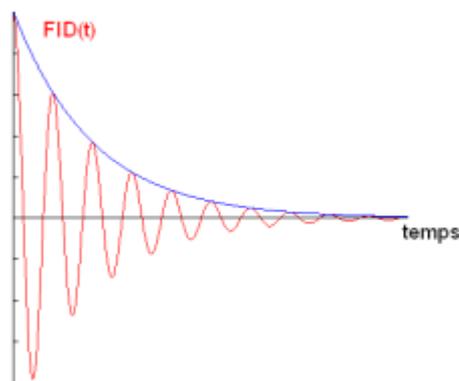


Figure 1.6 : Signal FID recueilli par les bobines réceptrices.

L'espace K est l'intermédiaire obligatoire, entre le signal codé dans l'espace, et l'image. La manière, dont l'espace K est acquis, va influencer l'image obtenue.

L'emplacement des données, enregistrées dans l'espace K, dépend directement de l'intensité, et de la durée, d'application des gradients, de codage de phase et de fréquence :

- Un gradient de faible intensité ou appliqué pendant un temps court, code les basses fréquences spatiales.
- Un gradient de forte intensité ou appliqué pendant longtemps code pour les hautes fréquences spatiales.

Les basses fréquences spatiales, sont situées, à proximité du centre de l'espace K, tandis que, les hautes fréquences spatiales, correspondent à la périphérie de l'espace K. Le mode de remplissage, le plus simple, de l'espace K, correspond, à la séquence Echo, de spin classique.

Les lignes de l'espace K, sont balayées, une par une, du haut vers le bas. Une ligne est balayée en entier, à chaque répétition. Au fur et à mesure des répétitions, on va donc acquérir :

- sur l'axe horizontal : les contours et le contraste, en même temps ;
- sur l'axe vertical : les contours, puis le contraste, puis les contours.

Chaque élément produit, est appelé pixel, quand on considère individuellement, une coupe, et voxel, quand on considère le volume, constitué de l'empilement des coupes. On retrouve cependant, trois orientations principales : axiale, coronale et sagittale (Figure 1.7).

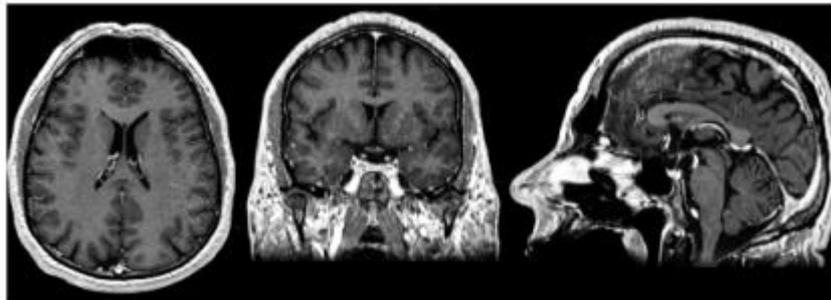


Figure 1.7 : Plans axial, coronal et sagittal (de gauche à droite).

1.3.3 Différentes pondérations

La différence, des aspects tissulaires dans une IRM, est due à la variabilité, du comportement des protons sur eux. La quantité de signal produite, par ces types de tissus spécifiques, est déterminée par : leur nombre de protons d'hydrogène mobiles, la vitesse, à laquelle ils se déplacent, et les temps de relaxation T1, et T2 du tissu [7].

La séquence d'acquisition, dépend essentiellement, du temps de répétition TR, séparant deux impulsions, de l'onde radiofréquence B1, et du temps d'écho TE, séparant l'impulsion, de la lecture du signal. Chaque tissu a des comportements différents, selon la pondération T1, ou T2, d'un signal [10].

1.3.3.1 Image pondérée en T1

Pour obtenir des images, pondérées en T1, il faut un TR court, et un TE court :

- Un TR, de l'ordre de 600 ms, induit un contraste entre les tissus, qui dépend essentiellement, de leur vitesse d'aimantation.
- Un T1 et un TE, d'environ 20 ms, induit des différences de décroissance, du signal entre les tissus, qui n'ont pas le temps de s'exprimer, rendant le contraste

indépendant de T2. Ainsi, on obtient une image, pondérée en T1, où les tissus sont ordonnés, par niveaux de gris croissants, en : liquide céphalo-rachidien, matière grise, puis matière blanche.

1.3.3.2 Image pondérée en T2

La pondération T2 d'une image, nécessite l'application d'un TR long, pour ne pas avoir de pondération T1, et il faut employer un TE long, pour avoir le temps, d'enregistrer un signal différent, dû à la différence d'aimantation transversale. Un TR, de l'ordre de 2 s, et des TE, d'environ 90 ms, impliquent une décroissance du signal, qui domine la différence de densité protonique, entre tissus. Le signal est alors suffisant, pour réaliser une image, dite pondérée en T2, où les tissus sont ordonnés, par niveaux de gris croissants, en : matière blanche, matière grise, puis liquide céphalo-rachidien.

1.3.3.3 Image pondérée en densité de protons ρ

Un TR long, et un TE court, donnent une image, pondérée en densité de proton ρ (DP ou rho), c'est-à-dire, peu influencée par le T1, comme par le T2. Le signal RMN d'un tissu, varie donc, selon ses caractéristiques T1, T2 et sa densité protonique. Ainsi, avec un TR, de l'ordre de 2 s, et un TE court, d'environ 20 ms, la différence de densité protonique, entre la matière grise, et la matière blanche, s'exprime. Les tissus sont ordonnés, par niveaux de gris croissants, en : matière blanche, matière grise, puis liquide céphalorachidien.

1.3.3.4 Image Flair

L'image de récupération par inversion atténuée par le fluide (FLAIR), est une autre séquence d'impulsions, utile, pour détecter les lésions à faible contraste. Cette pondération est obtenue, avec un T1 long, TR long, et un TE variable. Le signal liquide céphalo-rachidien (LCR) est annulé, ce qui permet de voir plus clairement la pathologie, adjacente au LCR.

De nombreux rapports, confirment la supériorité de la séquence FLAIR, sur les séquences classiques d'écho de spin (SE), en raison de sa capacité présumée, à améliorer la visibilité des lésions cérébrales, par rapport à celle de la densité de protons pondérée, et des séquences d'écho de spin, pondérées en T2 [11]. Les images FLAIR augmentent la précision de détection des lésions corticales, sous-corticales, et périventriculaires, et permettent un examen plus efficace, que les images pondérées en T2. Dans les images FLAIR, l'œdème délimite souvent la tumeur, et le LCR se distingue, d'un composant kystique ou nécrotique, mieux que les images pondérées en T2, et pondérées en densité de protons [12].

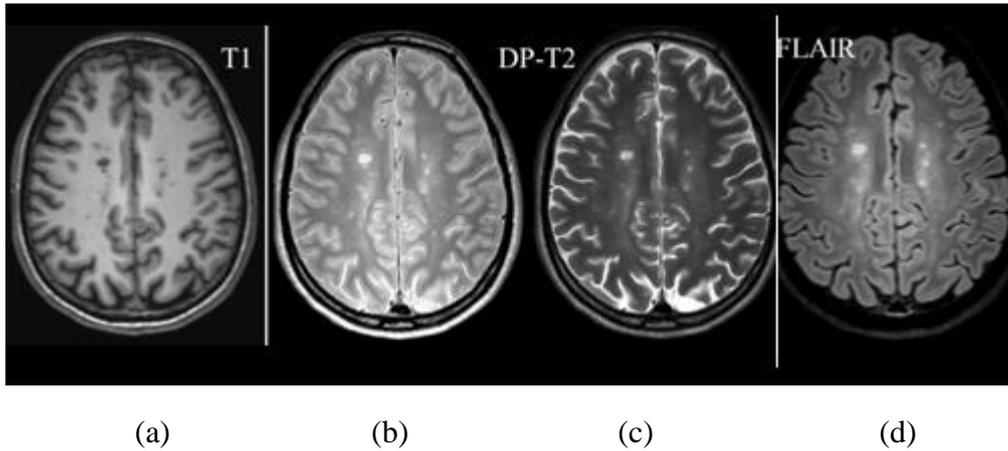


Figure 1.8 : Image de la même coupe obtenue sous différents paramètres d'acquisition.
 (a) Image pondérée en T1, (b) image pondérée en ρ , (c) image pondérée en T2 et (d) image pondérée en Flair.

L'utilisation conjointe des différentes pondérations d'acquisition, est particulièrement intéressante, dans le cadre du diagnostic des lésions cérébrales. En effet, il est fréquent, qu'une tumeur n'apparaisse, que partiellement, sur une image. La solution adoptée est alors de multiplier les acquisitions, et les pondérations utilisées, et éventuellement, de faire des acquisitions, sous-produit de contraste, de manière à compléter successivement l'information, sur le processus recherché. Chaque pondération, qui apporte ainsi une part d'information complémentaire, mais aussi redondante, peut ainsi être considérée, comme une observation particulière, de la zone cérébrale. Notons que, ces observations peuvent parfois être conflictuelles, par exemple, lorsqu'une tumeur est complètement absente sur une pondération, et apparaît sur une autre. L'utilisation conjointe par les médecins de l'ensemble des images, leur permet de synthétiser l'information, et ainsi, d'avoir une information plus complète, sur la zone tumorale.

1.4 Tumeurs cérébrales

Les tumeurs du cerveau, désignent l'ensemble des masses cancéreuses, qui se développent dans le crâne. Elles peuvent se trouver, dans n'importe quelle zone du cerveau, que ce soient les hémisphères cérébraux, le cervelet ou l'hypophyse. Une tumeur peut également, être appelée lésion, néoplasme ou excroissance. Les tumeurs du cerveau rassemblent une grande variété de cancers, avec près de 140 types de tumeurs différentes. Chacune portant un nom, en rapport avec le type de cellule atteinte.

Près de deux tiers des tumeurs cérébrales sont bénignes, c'est-à-dire non cancéreuses. De plus, on distingue les tumeurs cérébrales primitives, et des tumeurs secondaires, qui sont des métastases de cancers, ayant proliférés hors du cerveau.

L'OMS (Organisation mondiale de la santé) a établi une classification des tumeurs, en fonction de leur malignité, et de leurs caractéristiques. Le grade d'une tumeur, dépend du degré d'anormalité (anaplasie) des cellules cancéreuses, et du taux de croissance, et d'expansion de la tumeur. Ce n'est qu'après des prélèvements, et d'une analyse microscopique des tissus suspects (biopsie), que le grade de la tumeur est déterminé.

Tableau 1.2 : Gradation des tumeurs selon l'OMS.

Grade I Tumeur Bénignes	Tumeurs à croissance lente, et circonscrites (limites bien définies).
Grade II Tumeur Bénignes	Tumeur à croissance lente, mais, contrairement aux tumeurs de grade I, leurs limites son imprécises.
Grade III Tumeur Malignes	Tumeurs anaplasiques Un ou plusieurs foyers « anaplasiques » se sont développés, au sein d'une tumeur préexistante, de bas grade (I ou II). Leur croissance est plus rapide, que celle des tumeurs de bas grade.
Grade IV Tumeur Maligne	Les tumeurs de grade IV présentent une anaplasie très prononcée. Leurs croissances est plus rapide, que celle des tumeurs de bas grade.

1.5 Différents types de tumeurs cérébrales

L'OMS a procédé à la classification d'environ 200 types de tumeurs cérébrales, suivant les cellules dont elles sont issues[13]. On citera quelques tumeurs cérébrales, parmi les plus fréquentes :

- Les gliomes (58%), principalement : les astrocytomes, les glioblastomes, les oligodendrogliomes, les épendymomes ;
- Les méningiomes (20%) ;
- Les adénomes de l'hypophyse (14%) ;
- Les neurinomes (7%) ;

- Les médulloblastomes ;
- Les lymphomes.

Les métastases représentent les 30 à 40% de toutes les tumeurs intracrâniennes.

1.5.1 Gliome

Une tumeur cérébrale, qui se développe, à partir de cellules gliales, s'appelle un gliome. Les gliomes ont tendance à se développer, dans les hémisphères cérébraux, mais, peuvent également survenir dans le tronc cérébral, les nerfs optiques, la moelle épinière, et le cervelet. Ils sont divisés en sous-groupes, selon l'origine des cellules gliales. Il existe plusieurs types de gliomes, classés en fonction de l'endroit où ils se trouvent, et du type de cellules, à l'origine de la tumeur. Nous passons ici en revue, les gliomes les plus courants : l'astrocytome, le gangliogliome, l'oligodendrogliome et l'épendymome.

1.5.1.1 Astrocytomes

Ce sont des tumeurs cérébrales primaires, dérivées de cellules du tissu conjonctif, appelées astrocytes, qui sont des cellules gliales, en forme d'étoile. Ce sont les types, les plus courants de tumeurs cérébrales, et qui représentent environ 40%, de toutes les tumeurs cérébrales primaires. Les astrocytomes sont inclus dans la catégorie des tumeurs malignes, et l'OMS les classe, en fonction de l'apparence, de certaines caractéristiques : atypie, mitoses, prolifération endothéliale, et nécrose[14]. Ces caractéristiques sont des indicateurs de malignité, en termes d'invasion, et de taux de croissance. L'absence de ces caractéristiques, correspond au grade I de la tumeur, et celles qui présentent l'une de ces caractéristiques (généralement une atypie), sont de grade II, alors que, les tumeurs avec 2 critères, et les tumeurs avec 3 ou 4 critères, sont respectivement, de grades III et IV, selon l'OMS. Ainsi, le groupe d'astrocytomes de bas grade, sont de grades I, et les astrocytomes II, et de haut grade, sont de grades III et IV.

- Astrocytome de bas grade (grades I et II)

Le développement de ce type de tumeurs, évolue relativement lentement, mais elles peuvent se propager aux tissus voisins. En général, les gliomes de bas grade, provoquent moins d'effet de masse, que les astrocytomes de haut grade, car ils se développent, plus lentement, et provoquent peu d'œdème vasogène. L'emplacement de ces tumeurs est souvent, dans la région frontale, dans la substance blanche sous-corticale, le cervelet ou le tronc cérébral.

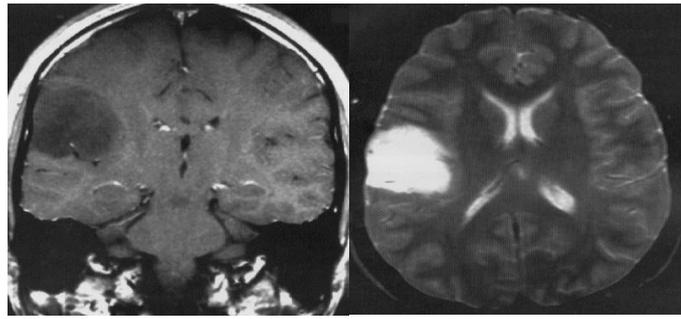
Les tumeurs les plus courantes, dans ce type, sont les astrocytomes pilocytiques (grade I), et les astrocytomes diffus (grade II). Ces types touchent le plus souvent, les enfants, et les jeunes adultes [15] [16]. En général, l'IRM est considérée comme l'outil de choix, pour le diagnostic d'un astrocytome de bas grade. Les gliomes de bas grade, apparaissent, dans l'IRM, avec un faible signal, par rapport aux structures environnantes, sur les séquences T1 (Figure 1.9). Dans les séquences T2 et FLAIR, un signal plus élevé, reflète à la fois la tumeur, et l'œdème environnant (s'il existe).

- Astrocytome de haut grade (grades III et IV)

L'astrocytome anaplasique, et le glioblastome multiforme (GBM), sont les tumeurs, les plus courantes de ce type de tumeurs. Elles se développent plus rapidement, et infiltrent d'autres cellules voisines. Les deux types d'astrocytomes, de haut grade, ont tendance à être moins circonscrits, que les astrocytomes de bas grade, et ils sont entourés de plus d'œdèmes. La différence, entre les astrocytomes anaplasiques, et les GBM, est la présence de nécrose dans les GBM. Les astrocytomes de haut grade, ont une apparence radiographique variable. Les astrocytomes anaplasiques peuvent apparaître, comme des lésions de faible densité, ou des lésions inhomogènes, avec des zones de densité, à la fois élevée et faible, dans la même lésion. Contrairement aux lésions de bas grade, une amélioration partielle du contraste est courante. Le GBM est la tumeur gliale, la plus courante, et la plus maligne. Ces tumeurs peuvent se développer, à partir d'astrocytomes de bas grade (grade II), ou d'astrocytomes anaplasiques (grade III) [17] [16].

Les tumeurs, et l'œdème entourant, apparaissent en faible intensité de signal, avec la pondération T1, et en intensité de signal élevée, dans les images IRM, pondérées en T2, et en Flair (figure 1.9). On observe généralement, dans les GBM, un anneau rehaussé, avec la pondération T1, et un œdème l'entourant, qui apparaît en large zone, dans la pondération T2.

Le noyau central hypodense, représente la nécrose, et l'anneau contrasté, est composé de cellules néoplasiques très denses, avec des vaisseaux anormaux, pénétrables aux agents de contraste. La zone périphérique, est un œdème vasogène, contenant un nombre variable de cellules tumorales invasives.

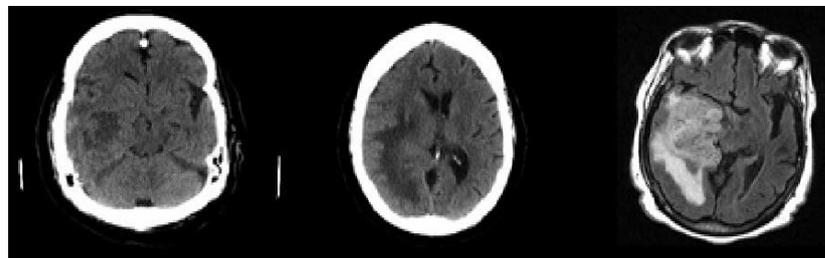


(a)

(b)

Figure 1.9 : Astrocytome de bas grade.

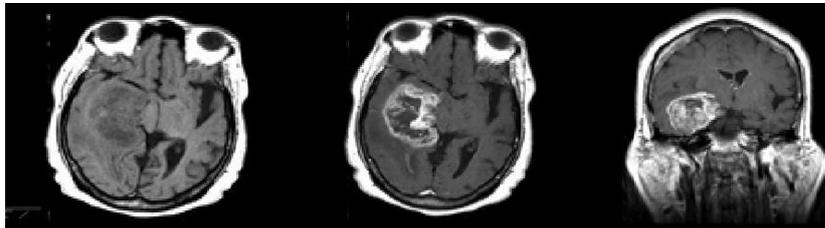
a) IRM coronale, pondérée en T1, b) IRM axiale, pondérée en T2 [18].



(a)

(b)

(c)



(d)

(e)

(f)

Figure 1.10 : Astrocytome de grade IV. (a) et (b) Coupes axiales d'images CT, (c) IRM, pondérée en Flair, (d) IRM axiale, pondérée en T1 non rehaussée, (e) IRM axiale, pondérée en T1 rehaussée, (f) coupe coronale d'IRM, en T1 rehaussée[18].

1.5.1.2 Oligodendrogliomes

Ils sont ainsi nommés, car ils se développent, à partir des oligodendrocytes, soient les cellules gliales, à l'origine de la formation de la myéline, qui isole les fibres des nerfs. Les épémdymomes se développent dans les cavités cervicales, à partir des cellules gliales qui tapissent les ventricules cérébraux. Leur malignité est variable. La croissance de la tumeur, peut provoquer une obstruction de la circulation du LCR, génératrice

d'hydrocéphalie, et peut nécessiter une dérivation. Ces tumeurs touchent surtout, les enfants et les adolescents. Les tumeurs ressemblent à des astrocytomes, et, dans le passé, de nombreuses tumeurs, qui étaient en fait des oligodendrogliomes, ont été diagnostiquées comme étant différents types d'astrocytomes. Mais, grâce à l'imagerie cérébrale, fournie par l'IRM, les gliomes sont diagnostiqués plus correctement, que par le passé. Leur aspect est plus foncé que la MG, et plus brillants que le LCR, sur les images pondérées en T1, et hyperintenses, sur les images pondérées en T2, avec rehaussement variable (Figure 1.11), et avec un œdème environnant.

Les oligodendrogliomes sont généralement, des tumeurs, à croissance lente. La dégénérescence kystique est fréquente, mais l'hémorragie et l'œdème, y apparaissent rarement. Leur aspect est distinctif, composées de cellules homogènes, compactes, qui sont bien arrondies, avec des contours distincts, et un cytoplasme clair, entourant au centre, un noyau dense (figure 1.11). Il y a deux grades de ces tumeurs : A et B. En grade A, le rehaussement du contraste, et la nécrose ne sont pas visibles, contrairement au grade B, où une amélioration du contraste nodulaire, et une nécrose sont observées.

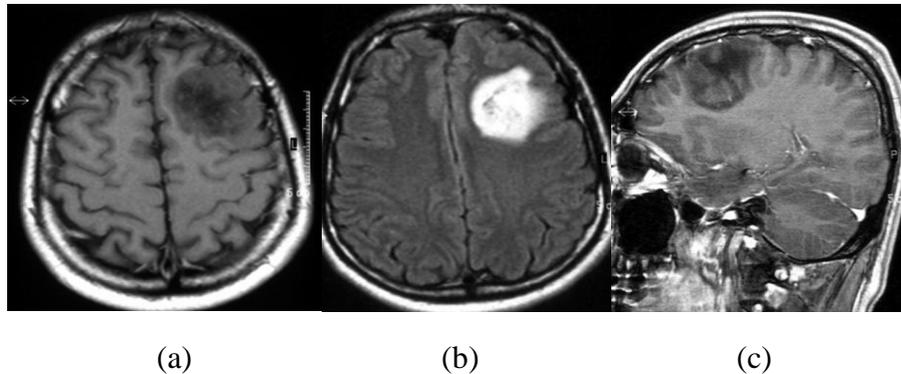


Figure 1.11 : Oligodendrogliome de bas grade. (a) Tumeur non rehaussée en coupe axiale de l'image pondérée en T1 avec rehaussement de contraste, (b) même tumeur sur FLAIR, (c) coupe sagittale de la tumeur [18].

1.5.1.3 Gangliogliomes

Les gangliogliomes surviennent le plus souvent chez les enfants et les jeunes adultes. Leur croissance est lente et apparait dans la plupart des cas, sur les lobes temporaux et les hémisphères cérébelleux. Dans ce type de tumeurs, aucun œdème environnant n'est observé

(figure 1.11), mais elles sont généralement accompagnées d'un kyste. L'aspect radiologique n'est pas spécifique. Les tumeurs ressemblent à des oligodendrogliomes et semblent hypo-intenses (plus foncées que MG et plus lumineuses que LCR) dans les images pondérées en T1, et hyperintense en T2 [19].

En raison de la rareté relative et de l'aspect non spécifique de ces lésions, les gangliogliomes ne sont que rarement considérés comme un diagnostic pré-chirurgical [20], [21].

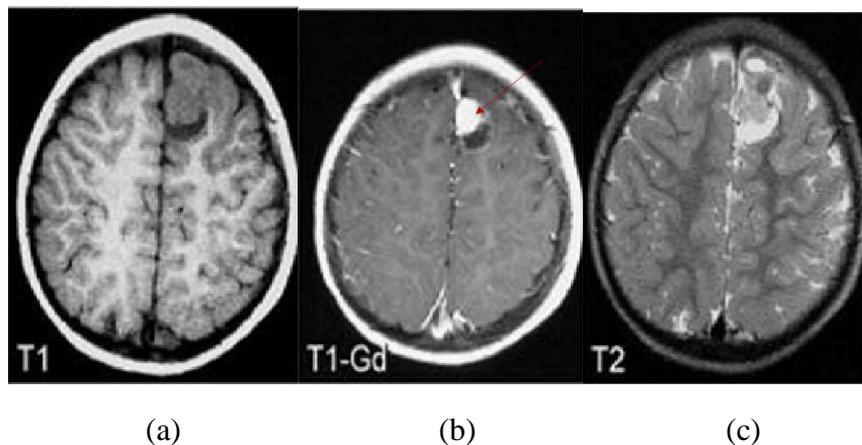


Figure 1.12 : Image en présence de Gangliogliomes. (a) IRM axiale pondérée en T1 avec tumeur frontale. (b) la même tumeur apparaît hypo-intense non rehaussée. (c) La même lésion apparaît hyperintense sur IRM pondérée en T2 [18].

1.5.1.4 Ependymomes

Les épendymomes sont des tumeurs gliales, qui proviennent de cellules épendymaires, du système nerveux central. L'organisation mondiale de la santé (OMS), divise les épendymomes en plusieurs types, qui sont les suivants [13]:

- Sous-épendymome (grade I de l'OMS) ;
- Épendymome myxopapillaire (grade I de l'OMS) ;
- Épendymome (avec variantes papillaires, à cellules claires et tancytiques; grade II de l'OMS) ;
- Épendymome à fusion positive RELA (de grade II ou III selon l'OMS, avec modification du gène RELA) ;
- Épendymome anaplasique (grade III selon l'OMS) .

Discussion

Dans ce chapitre, nous avons décrit les différents éléments, indispensables au contexte de notre étude. Dans un premier temps, nous avons présenté brièvement, les différents constituants, du système nerveux central. Puis, nous avons décrit l'intérêt de l'imagerie, à savoir la technique de l'imagerie IRM, pour le diagnostic des tumeurs cérébrales, et aussi fourni une observation de qualité, de l'anatomie cérébrale et des zones pathologiques. Enfin, nous exposons différents cas réels de pathologies cérébrales, mettant ainsi en évidence, la complexité et la difficulté du diagnostic. Nous avons choisi en particulier d'étudier des tumeurs difficiles à isoler des autres structures, du fait de leur nature infiltrante, et qui sont les gliomes.

L'imagerie médicale a beaucoup contribué aujourd'hui, à la mise en place de systèmes d'aide au diagnostic. Ces systèmes permettent d'offrir diverses fonctionnalités, à savoir le prétraitement, la segmentation, ou encore la classification, pour la prise de décision et bien d'autres. La segmentation est l'une des principales étapes d'un système d'aide au diagnostic, qui consiste à séparer précisément la zone tumorale, c'est-à-dire à l'isoler des principales structures anatomiques. Cette segmentation doit bien sûr se faire de manière automatique ou semi-automatique, reproductible, précise et fiable. Ainsi, dans le chapitre suivant, nous présentons quelques travaux de segmentation des tumeurs cérébrales.

CHAPITRE 2

METHODES DE SEGMENTATION DES TUMEURS CEREBRALES : ÉTAT DE L'ART

Au cours des dernières années, de grandes avancées ont vu le jour, sur la compréhension du corps humain, et le développement de nouvelles technologies d'observation, est à l'origine de ces avancées. Grâce à l'interaction avec plusieurs recherches scientifiques, sur les mathématiques, la physique, la médecine et l'informatique, plusieurs phénomènes physiques particuliers, peuvent être exploités et décrits, et même simulés par ordinateur, pour, à la fin, être appliqués sur un environnement clinique réel. Parmi les diverses modalités d'imagerie, qui convergent vers la mixité des sciences, on peut citer le scanner-X, la médecine nucléaire, l'échographie, l'imagerie par résonance magnétique.

L'imagerie médicale a profondément influencée à la fois la recherche médicale, mais aussi la pratique clinique. Elle est devenue incontournable, aussi bien pour l'établissement d'un diagnostic, que pour la mise en place, et le suivi d'un traitement thérapeutique. Elle fournit un volume croissant de données tridimensionnelles, provenant de modalités d'acquisitions différentes. Ce volume important d'informations, rend délicates et laborieuses, les tâches d'analyse, et d'interprétation par un expert (expertise médical). Le traitement d'images s'avère être un outil permettant une automatisation des tâches, qui va assister l'expert, aussi bien dans l'analyse qualitative que quantitative, des images.

L'analyse des images médicales est très complexe, car ces dernières sont représentées par de grandes quantités de données, et présentent parfois, des effets non désirables, ou artefacts (mauvais contraste, présence de biais, de bruits), ou ne sont pas interprétables. La présence de bruit peut gêner, ou même fausser l'interprétation. Elles doivent donc être refaites, puisqu'aucune amélioration manuelle, ne peut leur être appliquée, ce qui engendre, en plus d'une perte de temps, des surcoûts importants.

La littérature spécialisée, dans le traitement automatique des IRMs cérébrales, est riche en travaux et la segmentation des images, constitue l'une des tâches les plus fondamentales, dans ce domaine. Elle permet de diviser l'image, en ses constituants fondamentaux, laissant envisager un raisonnement de haut niveau (reconnaissance, compréhension,.. etc.). Pour ce qui est du cerveau, la segmentation assure généralement, l'une ou l'autre des tâches suivantes :

- Division en matière blanche, matière grise, liquide céphalo-rachidien, et pathologie (si cette dernière est présente) ;
- Division en plusieurs structures (ventricules, thalamus, putamen, etc.).

À noter que, chacune de ces tâches a des finalités qui lui sont propres (détection de pathologies, estimation du volume d'une structure, afin de diagnostiquer une éventuelle dégénérescence, analyse morphométrique, etc.).

Dans ce chapitre, nous classons, et étudions les méthodes existantes de détection et de segmentation des tumeurs cérébrales, dans les images IRM. La plupart des méthodes présentées, pour la détection et la segmentation des tumeurs, ont utilisé plusieurs techniques, et nous ne pouvons pas faire une division claire entre elles, nous avons choisi de diviser les méthodes en quatre groupes : les méthodes régions, les méthodes contours, les méthodes basées sur la théorie des graphes et les méthodes hybrides.

2.1 Méthodes basées contours :

La segmentation orientée contours, vise à délimiter les objets, selon leurs contours. Ces approches travaillent sur les discontinuités dans les objets des images afin, de déterminer leurs contours, en se basant sur les variations d'intensité dans l'image. Différentes méthodes ont été proposées, et les sections suivantes en présentent quelques-unes, et donnent plus de détails sur certaines approches, qui sont mises en œuvre dans la segmentation d'IRM cérébrales.

2.1.1 Méthodes dérivatives

Les méthodes dérivatives peuvent être regroupées en deux catégories : la première recherche les extremums de la dérivée première, en général les maximums locaux de l'intensité du gradient, la seconde recherche les annulations de la dérivée seconde, en général les annulations du Laplacien, ou d'une expression différentielle non-linéaire. On retrouvera alors des opérateurs tels que les filtres de Roberts , de SOBEL [22] ,ou de PREWITT [23] , pour le gradient, et le Laplacien pour les dérivées secondes.

Dans [24] ,les tumeurs cérébrales sont segmentées, en utilisant le gradient de SOBEL combiné à un seuillage, suivi d'une fermeture de contour. Nous avons d'autres opérateurs, comme celui de MARR-HILDRETH [25], qui fournit des contours fermés, et qui a été utilisé par SANDOR et LEAHY [26]. Le cerveau est segmenté, en combinant un filtrage anisotropique, une détection de contours par l'opérateur de MARR-HILDRETH et des opérations de morphologie mathématique.

Les méthodes citées, sont relativement peu nombreuses dans la littérature, et peu employées pour la segmentation des images IRM cérébrales, malgré leurs rapidités, leurs facilités d'implémentations, et de la non nécessités d'apport d'informations a priori. Cela est dû à leur inconvénient d'obtenir des contours fermés, et de leurs sensibilités au bruit. Enfin, ces méthodes fournissent fréquemment de la sous- ou sur-segmentation.

2.1.2 Modèles déformables

Les modèles déformables, dérivent des méthodes de contours dynamiques, introduites par TERZOPOULOS [27]. Ils ont l'avantage, par rapport aux méthodes dérivatives, de fournir des contours ou surfaces fermés. Le principe de base, est de faire évoluer un objet, d'une position initiale, vers une position d'équilibre, par la minimisation itérative d'une fonctionnelle d'énergie. Cette dernière, permet de prendre en compte, par l'intermédiaire de forces externes et internes, des informations a priori, sur la forme de l'objet à détecter. L'équation d'énergie à minimiser est comme suit :

$$E[(C)(p)] = \alpha \int_0^1 E_{int}(C(p))dp + \beta \int_0^1 E_{img}(C(p))dp + \gamma \int_0^1 E_{con}(C(p))dp \quad (2-1)$$

- On note que C est le contour, et p un point du contour.

E_{int} est une contrainte de régularité/lissage, qui s'applique tout au long du contour, et qui empêche l'étirement et le pliage.

$$E_{int}(C(p)) = w_{tension}(C(p)) \left| \frac{\partial C}{\partial p}(p) \right|^2 + w_{stiffness}(C(p)) \left| \frac{\partial^2 C}{\partial p^2}(p) \right|^2 \quad (2-2)$$

$$E_{img}(C(p)) = w_{line}(C(p)) + w_{edge}E_{edge}(C(p)) + w_{term}E_{term}(C(p)) \quad (2-3)$$

Le terme E_{img} guide la courbe vers les propriétés de la région d'intérêt (les forts gradients). Elle est composée de trois termes : Le premier terme le guide vers une ligne, le deuxième vers un contour, alors que le troisième le guide vers un autre critère de terminaison qui reste à spécifier.

Le terme E_{con} représente une autre une autre contrainte que l'utilisateur peut ajouter.

FRESNO et al. [28] utilisent les modèles déformables, combinés à la méthode de croissance de région, pour la segmentation des images 3D. [29] utilisent également les modèles déformables, où le contour initial de la courbe d'évolution est généré par EPFCM (Enhanced Possibilistic Fuzzy C-Means). Les contours actifs sont des méthodes très utilisées qui donnent un bon résultat. Cependant, pour obtenir un bon résultat, ces méthodes nécessitent une initiation de la courbe d'évolution, assez proche des limites de l'objet.

Dans [30], un modèle déformable, dérivé du modèle Gradient Vector Flow (GVF), est utilisé, pour segmenter les tumeurs cérébrales, sur des images pondérées en T1. En utilisant une initialisation manuelle, la déformation du modèle permet d'isoler la tumeur, coupe après coupe, sans prise en compte de l'aspect tridimensionnel des données. Les différents cas de tumeurs présentés sont correctement détectés, mais ce travail ne traite que les tumeurs, particulièrement homogènes.

2.2 Méthodes basées régions

2.2.1 Seuillage et morphologie mathématique

Le seuillage est une approche, qui considère l'intensité comme la seule caractéristique d'un objet, et c'est l'une des méthodes de segmentation, la plus simple à implémenter. Le plus souvent, des opérations de morphologie mathématique sont nécessaires au raffinement des contours de la segmentation, telles que : l'érosion, la dilation, l'ouverture et la fermeture. Cette approche nécessite, une interaction avec l'utilisateur, de même qu'elle est adaptée aux objets à fort contraste, mais ne prend pas en considération, ni le bruit, ni les inhomogénéités d'intensité. Les résultats apportés par ces approches, sont peut adaptées, pour la segmentation d'IRM cérébrales.

Dans [31] on trouve une méthode de seuillage hybride à plusieurs niveaux, et un ensemble de niveaux, pour la segmentation automatique de la tumeur cérébrale. L'innovation pour cet article est la segmentation initiale, à partir du seuillage à plusieurs niveaux et l'affinement des contours de la tumeur, en utilisant la méthode du level set avec des opérations morphologiques.

ILHAN et ILHAN [32] ont présenté une méthode de seuillage, pour la segmentation de tumeurs cérébrales, qui a donné un meilleur résultat, comparé au seuillage d'Otsu. De même, SELKAR et al. [33] utilisent un seuillage, combiné à quelques opérateurs morphologiques, pour la détection des tumeurs cérébrales, qui seront segmentées par la suite par LPE.

Les méthodes de seuillage sont rapides, et peu sensibles au bruit, sauf qu'il est difficile de généraliser leurs performances, à cause de la grande variation des intensités des IRM. Le seuillage est souvent utilisé comme étape qui précède la segmentation, et souvent combiné avec la croissance de région pour combler ses lacunes en sensibilité au bruit, et pour permettre la sélection manuelle des germes [34] [29].

2.2.2 Méthodes par croissance de région

La méthode de croissance de régions utilise un ou plusieurs germes, qui représentent un sous-ensemble de la zone recherchée, et les fait croître, afin de labéliser un objet. Le critère de croissance, peut être basé sur les intensités, mais aussi sur des critères géométriques et topologiques. Le choix de ce critère, ainsi que des germes, affecte en grande partie, la qualité de la segmentation obtenue. Les méthodes par croissance de région sont en général, combinées avec d'autres méthodes de segmentation. Par exemple RICHARD et al. [35] combinent, la méthode de croissance de région avec une approche par mixture de gaussiennes, pour segmenter les tissus.

Dans [36] la zone segmentée, obtenue à partir de l'approche conventionnelle de croissance de région, est automatiquement sélectionnée, comme le contour initial, à la méthode itérative d'évolution, d'ensemble de niveaux régularisés à distance, supprimant ainsi le besoin de sélectionner la région d'intérêt initiale par l'utilisateur. Par conséquent ZABIR et al. [36] développent une technique entièrement automatisée assistée par ordinateur pour détecter le gliome à partir d'images IRM multimodales.

RAMAKRISHNAN et al. [37] combinent les croissances de région avec les Support Vector Machine (SVM), pour la segmentation automatique de tumeur cérébrale.

Il existe bien d'autres méthodes qu'on peut classer avec les approches région comme les méthodes statistiques, telles que les méthodes EM [38], [39], la méthode GMM (Gaussian mixture model) et les modèles par champ de Markov (MRF) [40]. Ces méthodes labélisent les pixels, en calculant leurs probabilités, par rapport à la distribution d'intensité de l'image.

2.2.3 Méthodes par classification

Les méthodes par classification, s'appuient généralement, sur l'analyse semi-automatique de l'histogramme de niveaux de gris, pour partitionner l'image en un nombre fini et connu de classes. On distingue deux approches de classifications : les approches supervisées et non supervisées.

2.2.3.1 Approches supervisées

Les approches supervisées nécessitent généralement, une interaction avec l'utilisateur, pour le choix de l'échantillon d'apprentissage, source de variabilité, et de non-reproductibilité des résultats. Parmi les méthodes supervisées, on peut citer les SVM[41] (Support Vector Machine), les K-plus proche voisins[42], les forêts aléatoires (FA) [43] ...

- Segmentation des tumeurs, basée sur les forêts aléatoires (FA)

Les FA ont été introduite en 2001, par BREIMAN [43]. C'est une procédure d'apprentissage automatique, très utilisée, et efficace, pour développer des modèles de prédiction. Les forêts aléatoires sont constituées, d'un ensemble d'arbres de classification, et de régression CART (Classification and Regression Tree). Les FA génèrent de nombreux arbres de classification. Afin de classer un nouveau vecteur de caractéristique, chaque arbre donne une classification, et la forêt choisie par la suite, la décision ayant le plus de votes (vote majoritaire).

Parmi les travaux qui ont utilisé la FA, nous avons ceux de MITRA et al. [44], qui appliquent la Forêt aléatoire (FA), pour la segmentation du volume d'une lésion AVC, en utilisant les informations de l'image, de chaque pondération T1, T2 et Flair. La segmentation finale, est obtenue, par seuillage des cartes probabilistes de forêts aléatoires (Forêt aléatoire Probabilistic Maps).

KOLEY et al. [45] présente une nouvelle approche de segmentation et de caractérisation de quatre types différents de tumeurs cérébrales, à savoir, le glioblastome multiforme, une métastase, le méningiome et le granulome à l'aide d'IRM de la séquence pondérée en T1 (T1C). La segmentation a été réalisée par un seuillage, basé sur l'entropie approximative, et la caractérisation du type de tumeur, par un ensemble de paramètres entraînés par FA, comme les paramètres basés sur l'histogramme, la forme, la texture, LBP et la multi résolution.

Dans des travaux récents, la FA est combinée avec l'apprentissage profond, dans un cadre d'apprentissage coopératif, pour la segmentation de l'ensemble de la tumeur, et ces principaux compartiments. Après une décomposition en superpixels d'images issues de plusieurs modalités d'IRM (T1, T2 et Flair), AMIRI et al. [46] intègrent les deux classificateurs puissants, la forêt aléatoire structurée (SRF) et les réseaux bayésiens (BN) dans une architecture profonde multicouches.

- Segmentation des tumeurs, basée sur les Machine à vecteurs de support (SVM)

En 1999, VAPNIK [47] a proposé un classificateur, d'apprentissage automatique, basé sur la théorie de l'apprentissage statistique, le SVM, qui a été très utilisé depuis. L'approche SVM est très adaptée, lorsque la dimension des caractéristiques est élevée.

Le SVM utilise l'idée suivante : il mappe le vecteur d'entrée x , dans un espace de caractéristiques, de grande dimension Z , à travers une application non linéaire, choisie a priori. Dans cet espace, un hyperplan de séparation optimal est construit. Dans les cas de reconnaissance de formes, les SVM classifient deux classes de points, en trouvant une surface de décision, déterminée par certains points, de l'ensemble d'apprentissage, appelés vecteurs de support. Plus d'informations sur SVM peuvent être trouvées dans [48], [47].

GARCIA et MORENO [49] ont proposé un système simple, pour la segmentation des tumeurs cérébrales. Ils ont utilisé le SVM, pour classer le cerveau en classes, tumorale et non tumorale, à partir d'images, pondérées en T1 et en T1, avec amélioration de contraste. Par la suite, certaines opérations morphologiques ont été utilisées, pour supprimer les erreurs, obtenues par la classification. Ce système a été comparé, avec deux types différents de SVM, la méthode standard à 2 classes, et la méthode, plus récente, à 1 classe. Cependant, l'avantage d'utiliser une méthode à 1 classe, était une réduction du temps, puisqu'un seul type d'examen était nécessaire, pour effectuer l'apprentissage du classificateur. Ces méthodes effectuent la segmentation, en une seule coupe (2D), et ne peuvent pas segmenter d'autres composants.

D'autre part HALDER et DOBE [50] utilisent un classificateur SVM, sur des paramètres statistiques, extraient de deux modalités différentes, T1 et T2. L'apprentissage est réalisé pour la segmentation du volume de l'image.

SERT et al. [51] utilisent l'approche super résolution (SISR : Single Image Super Resolution), pour éliminer les problèmes, causés par le bruit de l'image, et la faible résolution de l'image. . Ensuite, ils segmentent la tumeur, par la méthode « maximum fuzzy entropy segmentation (MFES) », et extraient des caractéristiques de la tumeur segmentée, par un réseau profond, d'architecture Resnet, pour entraîner le classificateur SVM, à la prise de décision pour une tumeur bénigne ou maligne.

Bien que la méthode SVM, présente l'avantage de la généralisation, et permet de travailler dans un espace de données, de grande dimension, elle suppose que les données sont distribuées, indépendamment et de manière identique, ce qui n'est pas le cas pour des tâches, telles que la segmentation d'images médicales, en raison de l'inhomogénéité des images et du

bruit. En outre, elle doit être combinée, avec d'autres méthodes, qui prennent en considération les informations spatiales.

- Les réseaux de neurones convolutifs

Les « Convolutional Neural Network » (CNN) sont appliqués par de nombreux chercheurs, dans le domaine médical [52], [53]. De nombreuses architectures s'en inspirent, telles que le Patch-Wise CNN, qui est une approche simple du CNN, où le modèle d'apprentissage se forme sur chaque patch $N \times N$, extrait autour de chaque pixel de l'image, qui est classé, soit en tissu normal, ou tumoral. L'architecture contient de multiples couches de convolution, « pooling » and « fully connected ». La « Semantic-Wise CNN » architecture, est utilisée, pour réaliser une segmentation sémantique. Pour chaque pixel de l'image, une prédiction est effectuée. L'architecture contient un encodeur et un décodeur, pour l'extraction des caractéristiques, et la déconvolution pour la classification des pixels de l'images [54]. L'architecture des CNN en cascade (Cascaded CNN) utilise deux CNN, assemblés en cascade, où la sortie du premier est l'entrée du second. Le CNN du premier, étage sert à l'apprentissage du modèle de prédiction, alors que le deuxième CNN améliore les résultats du premier classifieur CNN [55].

Les méthodes supervisées sont beaucoup utilisées, pour leurs nombreux avantages, et leur grande précision, mais ces méthodes nécessitent un nombre important de données labélisées, surtout pour les CNN. Plus la base de données est grande, meilleurs sont les résultats, mais le temps de calcul est plus important, que pour les méthodes non supervisées. Ces dernières n'ont pas besoin de données étiquetées, et de connaissances préalables, dans leurs traitements, mais dans certains cas, leurs résultats sont un peu moins bons, que ceux obtenus par les méthodes supervisées.

2.2.3.2 Approches non supervisées

Une classification non supervisée, consiste à regrouper des modèles (observations, éléments de données, ou des vecteurs de caractéristiques), en groupes (clusters). Les algorithmes de clustering fonctionnent essentiellement, comme des méthodes de classification, à la différence, de l'absence d'un ensemble de données d'apprentissage [56]. Les algorithmes de clustering les plus utilisés, pour la segmentation des tumeurs cérébrales, sont l'algorithme c-moyen, et l'algorithme FCM (Fuzzy C-means) [57], et récemment un grand intérêt s'est porté sur la méthode SLIC (Simple Linear Iterative Clustering) [58].

- K-means (c-moyens)

L'algorithme de clustering (« c-means »), se base sur le calcul itératif, d'une intensité moyenne, pour le regroupement des données et la segmentation de l'image se fait, en classant chaque pixel/voxel, dans la classe, avec la moyenne la plus proche. Cette méthode est généralement utilisée, comme première segmentation, et donc elle est souvent combinée à d'autres approches, tels que les travaux de CHANDRA et RAO [59], où ils l'utilisent, avec l'algorithme génétique pour la segmentation.

Dans [50], l'algorithme de clustering c-means est utilisé pour la réduction des paramètres statistiques, calculés à partir des tumeurs cérébrales. Ce même vecteur de paramètres est par la suite classé par SVM, en tumeur ou non tumeur.

- Algorithme de SLIC

L'algorithme de SLIC est une version modifiée, de l'algorithme de k-moyennes, proposé par ACHANTA et al. [58]. L'algorithme fournit une sur-segmentation de l'image, en regroupant très rapidement ses pixels (superpixel). Des superpixels initiaux sont produits, en regroupant les pixels, selon une grille régulière. La taille des cases de superpixel peut être fixée, soit par un nombre souhaité de superpixels, soit en précisant l'aire moyenne désirée, pour les superpixels (la hauteur et la largeur des cases sont alors déterminées pour s'approcher le plus possible de cette aire).

L'algorithme SLIC répète successivement les étapes suivantes :

- Calculer les paramètres de la couleur, et la localisation moyennes de chaque superpixel;
- Chaque pixel est rattaché au superpixel maximisant une fonction de similarité.

La contribution d'Achanta et al. [58], concerne la mesure de similarité, entre un pixel et un superpixel. Ils ont ajouté une fonction qui permet de faire la mesure, en faisant intervenir, à la fois la couleur, et la localisation.

Parmi les travaux récents, qui ont utilisé les SLIC, on trouve ceux de SOLTANINEJAD et al. [60]. Leur travail consiste, à utiliser les informations de l'ensemble de données multimodales de l'IRM, IRM structurelle et composants isotropes (p), et anisotropes (q), dérivée de l'imagerie par tenseur de diffusion, pour la génération des supervoxels. Pour chaque supervoxel, une variété de caractéristiques est extraite, y compris des histogrammes de descripteur de texture, calculés à l'aide d'un ensemble de filtres de Gabor, avec différentes tailles et orientations, et des caractéristiques statistiques d'intensité, de premier ordre. Ces caractéristiques sont introduites dans un classificateur de forêts aléatoires (FA), pour classer

chaque supervoxel, en noyau tumoral, en œdème, ou en tissu cérébral sain. Dans [61], l'algorithme de SLIC est utilisé pour la segmentation du placenta, à partir de l'IRM foetale. Ils combinent plusieurs volumes, acquis dans différentes vues, pour obtenir une segmentation précise du placenta. Les SLIC sont utilisés comme segmentation initiale des coupes.

- C-moyennes floues

L'algorithme c-moyennes floues (FCM), est un algorithme qui généralise l'algorithme des k-moyennes, mais qui a recours à la logique des ensembles flous. Dans le cas des c-moyennes floues, la fonctionnelle L à minimiser est :

$$L = j_w(x, v; y) = \sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^k (x_{ij})^w \|y_j - v_i\|_A^2 \quad (2-4)$$

On note que y_j désigne les éléments qui seront associés à des clusters et $j = 1, \dots, n$, x_{ij} représente le degré d'appartenance d'un élément y_j au $i^{\text{ème}}$ cluster.

- n : le nombre de points à traiter ;
- k : le nombre de classes désirées ;
- $w \in [1, +\infty[$ est le poids de fuzzyfication ;
- $v = (v_1, \dots, v_k)$ est le vecteur des centres de classes ;
- $\|\cdot\|_A^2$ est la distance euclidienne.

Il convient de mentionner, que les algorithmes FCM, souffrent du manque de prise en compte d'informations contextuelles, et fournissent des classifications moins efficaces, en présence de bruit ; mais ceci est amélioré dans [62], avec l'algorithme « Possibiliste C-Means (PCM) » .

HSIEH et al. [63] ont combiné des techniques de c moyennes floues (FCM), et de croissance de régions, pour la segmentation automatisée, des images tumorales, de patients atteints de méningiome, tandis que RAJENDRAN et al. [64], ont utilisé EPFCM (Enhanced Possibilistic Fuzzy c-Means), comme contour initial, du modèle déformable , pour la segmentation de la tumeur cérébrale.

Dans [65] l'algorithme FCM a été repris, puis amélioré, en IFCM (Improved fuzzy c-means) , ils ont utilisé une approche, basée en premier, sur une pré-segmentation, par ligne de partage des eaux, puis en une segmentation, par ensemble de niveau, guidée par une courbe, initialement générée par leur FCM modifié.

2.3 Théorie des Graphes

La segmentation d'images est réalisée, en classifiant les pixels similaires, ce qui permet d'obtenir un partitionnement de l'image, sous la forme de classes. On peut associer cette procédure de regroupement, à un graphe de pixels, ou de points caractéristiques, où les sommets représentent les pixels, et les arêtes relient les pixels voisins, pour former une connexité discrète.

Par la suite, le but majeur est de réaliser une segmentation de l'image basée sur des mesures globales, et non sur des propriétés locales en utilisant un modèle d'algorithmes. La théorie des graphes est porteuse de solution à cette représentation.

2.3.1 Graph Cuts

La segmentation par Graph Cut est une méthode, qui agit par minimisation d'énergie, comme pour les contours actifs. Cette énergie est présentée sous cette forme :

$$E(x) = \sum D_i(x_i) + \sum R_{ij}(x_i, x_j) \quad (2-5)$$

D_i est l'attache aux données ; R_{ij} est le terme de régularisation des pixels voisins.

GREIG et al. [66] ont été les premiers à démontrer, que l'estimation du maximum a posteriori, d'un champ aléatoire de Markov, peut être réalisée, par la coupe minimale d'un graphe, de deux nœuds terminaux, pour la restauration d'image binaire. Leurs travaux ont été repris dix ans après, et généralisés pour des cas non binaires. Leur méthode, dite "S-T Graph Cut", a été reprise par Roy et Cox [67], pour résoudre le problème de correspondance stéréo, avec N-caméras, et par [68] pour la restauration d'image, la stéréo et le mouvement.

La méthode Graph Cut repose sur les graphes de voisinage. Cela veut dire que chaque pixel de l'image, est représenté par un nœud du graphe, et les arêtes, issues de ce nœud, rejoignent les nœuds, représentant les pixels voisins. La valeur des arêtes est d'autant plus petite, que la dissimilarité entre les pixels voisins, est grande. Deux nœuds spéciaux sont rajoutés au graphe, l'un représente l'objet, et l'autre l'arrière-plan ou fond.

Une coupe de graphe, est considérée comme l'ensemble des arêtes, qui vont d'une partie à l'autre, et qui est d'ailleurs considérée, comme une bipartition des sommets. La coupe de poids minimale est celle, dont la somme de la valeur des arêtes est minimale, et cette valeur est égale au flot maximal, transitant par ce graphe. Il existe une multitude d'algorithmes, pour résoudre les problèmes de calcul de flot maximal, dont celui de FORD-FULKERSON [69] .

Le paramètre de régularisation, traduit la notion de régionalité, et est représenté par les arêtes entre nœuds (appelés n-liens) ; le terme d'attache aux données, est codé par les arêtes, entre les terminaux et les nœuds (appelés t-liens) ; il présente les propriétés de contour.

2.3.2 Marche aléatoire

La marche aléatoire (MA) a été proposée par GRADY[70], pour traiter le problème de k-partition d'une image. Son concept consiste, en une modélisation mathématique, d'un processus dynamique discret « le marcheur », dont chaque évolution est définie, à l'aide d'un processus stochastique de type chaîne de Markov. Pour chaque étape, le marcheur change aléatoirement, d'un état (ou position) à un autre, selon une certaine probabilité, qui ne dépend pas des états (positions) passées, mais uniquement de l'état actuel.

Après réalisation d'un graphe de similarité de l'image et un ensemble de germes, positionnés manuellement, il reste à savoir, comment identifier les germes, sur lesquels un marcheur aléatoire, au départ d'un pixel, a le plus de chance d'arriver en premier.

Cependant, le problème posé, correspond à la solution d'un problème de DIRICHLET [71], qui consiste à calculer la fonction harmonique, c'est à dire dont la dérivée seconde est nulle en tout point, prolongeant les marqueurs. La solution de ce type de problème, peut être résolue, à l'aide d'un système d'équations, basé sur la matrice Laplacienne du graphe. Certaines optimisations peuvent être apportées, pour contrer la lourdeur, et la complexité de résolution d'un tel système. Il y a eu plusieurs extensions de la méthode marche aléatoire ; on peut citer les travaux de GRADY [70], et de DUCHENNE [72], et ceux de JHA[73] .

Notre choix de méthode de segmentation des tumeurs cérébrales, s'est porté essentiellement sur la méthode de marche aléatoire, pour sa flexibilité, pour sa possibilité à gérer un nombre arbitraire d'objets, par rapport à d'autres approches, en plaçant les germes sur l'image, et, en fonction de ces emplacements, un ensemble d'informations sera étendue sur toute l'image.

2.4 Segmentations des IRMs cérébrales : Etat de l'art

La littérature spécialisée dans le traitement automatique des IRM cérébrales est riche d'innombrables approches. Cependant, les méthodes qui traitent la segmentation des images avec pathologies sont encore à un stade exploratoire, et tous les travaux publiés à ce jour ne sont pas infallible et souffrent pour certains d'entre eux, soit d'un manque de robustesse ou de précision. Nous présentons dans ce qui suit, un état de l'art sur les différentes approches en matière de segmentation des tumeurs du cerveau.

DOU et al.(2007) [74] présentent une méthode de segmentation des zones tumorales du cerveau à partir de l'imagerie par résonance magnétique multispectrale, telles que les images pondérées en T1, pondérées en T2 et de densité de protons (PD),cette méthode repose sur une fusion de différentes informations floues obtenues à partir de différents types d'images IRM et la méthode fuzzy region growing.

WANG et al. (2008) [75] proposent une modification sur l'algorithme FCM (Fuzzy C-means), pour la segmentation d'images IRM cérébrales. La méthode proposée incorpore à la fois, le contexte spatial local, et les informations non locales dans l'algorithme de FCM standard, en utilisant un nouvel indice de dissimilarité à la place de la métrique de distance habituelle. Les résultats obtenus par l'algorithme proposé sont comparés avec d'autres algorithmes de pointe, et affiche de bons résultats par apports à eux.

DEL FRESNO et al.(2009) [28] abordent plusieurs problèmes pratiques, pour la segmentation d'images médicales 3D ,qui ne sont pas encore totalement résolus, tels que les interférences du bruit, la variation des structures d'objets et les artefacts d'image. La méthode proposée consiste à déterminer une approximation approximative, mais robuste des objets, à l'aide d'un algorithme de croissance de région. Ensuite, la région détectée est utilisée comme géométrie initiale d'un modèle déformable, pour le raffinement final.

DAHAB et al.(2012)[76] présentent une approche de segmentation, et de classification de la tumeur, basée sur plusieurs étapes ,une détection de la ROI par la méthode de CANNY modifiée, ensuite pour chaque ROI, un ensemble de paramètres de la forme de la tumeur, et d'intensité sont extraits et normalisés. Chaque ROI reçoit ensuite un poids, pour chaque tumeur cérébrale dans l'image IRM. Ces poids sont utilisés comme processus de modélisation, pour modifier les PNN. Cette méthode est basée sur l'apprentissage de la quantification vectorielle (LVQ), qui est une technique d'apprentissage supervisé.

EL-MELEGY et MOKHTAR (2014) [40] proposent une nouvelle approche floue, pour la segmentation automatique du cerveau normal et pathologique, d'ensembles de données volumétriques d'imagerie par résonance magnétique (IRM). L'approche proposée reformule l'algorithme populaire FCM, en prenant en compte toute information disponible sur le centre de classe, pour régulariser les clusters produits par l'algorithme, ainsi ils augmentent les performances de l'algorithme, dans le cas de donner bruyantes. De plus, il accélère le processus de convergence de l'algorithme.

EL-DAHSHAN et al.(2014) [77] passent en revue, les techniques de segmentation et de classification, pour les images de résonance magnétique cérébrale (IRM),et proposent

également une technique intelligente hybride, pour un CAD des tumeurs cérébrales. la méthode comporte une segmentation par le réseau de neurones FPCNN, une extraction de caractéristiques par la transformée en ondelettes discrète, une analyse en composante principale pour réduire la dimensionnalité des coefficients d'ondelettes, et la classification des tumeurs en normales ou pathologiques par le réseau de neurones à propagation en retour.

VEERAMUTHU et al. (2015)[78] réalisent un CAD pour le diagnostic de présence ou non de tumeur et aussi la malignité ou non de la tumeur. En utilisant les outils de morphologie mathématique pour la détection de la tumeur, ensuite la caractérisation de celle-ci par les paramètres de texture de la GLCM et des transformées en ondelettes DWT, ensuite leurs classifications par un réseau neuronal probabiliste PNN.

LI et al.(2015) [79] présentent une segmentation automatique de tumeur et de l'œdème, en combinant entre le modèle probabiliste et le champ de Markov Aléatoire (MRF).

SUDHARANI et al.(2016) [80]réalisent une détection de la tumeur cérébrale et de l'œdème, en utilisant la morphologie mathématique et la transformée de Fourier (FFT) « Fast Fourier transform ».

PRAVEEN and AGRAWAL (2016) [81] réalisent une détection et une classification des tumeurs, en gliome ou en méningiome ,par un apprentissage automatique, à l'aide du classificateur de forêt aléatoire . Les données d'apprentissage sont calculées par les descripteurs de texture, par la matrice de cooccurrence (GLCM) et les descripteurs de longueur plage (GLRLM).

KOLEY et al.(2016) [45] réalisent une délimitation de la zone tumorale, à partir d'IRM cérébrale, pondérée en T1, avec amélioration de contraste, en utilisant un seuil basé sur l'entropie approximative, ensuite une classification en plusieurs types de tumeurs, Glioblastome multiforme, métastase et méningiome ; en utilisant les paramètres basés sur l'histogramme, la forme, la texture, LBP et les textures multi-résolution.

RAJINIKANTH et al.(2017) [82] réalisent dans leurs travaux, une segmentation des gliomes cérébraux, par la méthode d'ensemble de niveaux, et en utilisant le contour initial qui est obtenue par un seuillage.

RAMAKRISHNAN et SANKARAGOMATHI (2017)[37] proposent une classification des images CT avec tumeur ,et des images non tumorales, par la méthode (SVM) avec optimisation minimale séquentielle nommer (SMO), suivie de la segmentation de la région

tumorale, par la méthode de croissance de région modifiée (MRG) avec optimisation du seuil. Des algorithmes tels que, Harmony Search (HS), Evolutionary Programming (EP) et Grey Wolf Optimization (GWO), sont utilisés, pour l'optimisation du seuil.

MENGQIAO et al. (2017)[83] réalisent un algorithme de segmentation automatique, des tumeurs cérébrales, basé sur un réseau neuronal convolutif tridimensionnel de 22 couches de profondeur (CNN), pour le problème difficile de la segmentation des gliomes. Pour corriger la distorsion du champ de biais des images IRM, ils ont utilisé la méthode N4ITK (improved N3 bias correction) de la boîte outil ITK.

SHREYAS et PANKAJAKSHAN (2017)[84] utilisent un réseau entièrement convolutif (FCN), novateur mais simple, qui se traduit par des performances compétitives et une durée d'exécution plus rapide que le modèle de pointe, ils introduisent l'architecture U-Net, qui est un réseau de neurones à convolution développé, pour la segmentation d'images biomédicales.

SHEHAB et al. (2020) [85] présentent une technique automatique, de segmentation des tumeurs cérébrales, en fonction du Deep Residual Learning Network (ResNet), pour surmonter le problème causé habituellement aux réseaux de neurones profonds (DNN), en raison de la complexité, de la diffusion du gradient dans les IRM cérébrales, il faut généralement beaucoup de temps, et une puissance de calcul supplémentaire, pour former des réseaux de neurones plus profonds. Les ResNets sont plus précis et peuvent accélérer le processus de formation par rapport à leur équivalent le DNN.

SUN et al. (2021) [86] abordent la problématique, de construire efficacement un réseau neuronal, avec des ressources informatiques très limitées, en proposant un nouveau modèle, basé sur un réseau 3D entièrement convolutif. En appliquant une architecture multi-voies à l'extraction de caractéristiques, l'architecture extrait plus efficacement des caractéristiques à partir d'images IRM multimodales.

ZHANG et al. (2021) [87] proposent une architecture avec une intersection de triple U-Nets (TIU-Nets), pour la segmentation du gliome cérébral. Les TIU-Nets 2D / 3D proposés atteignent une précision de segmentation, plus élevée que les méthodes de segmentation 2D / 3D de pointe correspondante, notamment à FCN, U-Net, SegNet, CRDN, IVD-Net, FCDenseNet, DeepMedic, DMFNet, etc.,

ZHOU et al. (2020) [88] présentent un réseau de segmentation des tumeurs cérébrales en 3D, à partir de multi-séquences de données IRM, basé sur l'apprentissage en profondeur U-Net. Un nouveau réseau, en trois étapes est présenté, pour la segmentation multimodale des tumeurs cérébrales, afin de réduire les besoins en mémoire et d'accélérer le processus de formation du modèle. Ils introduisent une contrainte supplémentaire, et l'intègrent à l'architecture de réseau, basée sur plusieurs codeurs, pour permettre au réseau d'utiliser moins de paramètres, et d'améliorer la précision de segmentation. Une nouvelle fonction de perte est proposée, pour résoudre le problème de segmentations multi-classes.

KHOSRAVANI et al. (2021) [89] proposent une nouvelle méthode d'ensemble de niveaux, pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales. Leurs approches sont basées sur le clustering flou des superpixels, et la méthode de Lattice Boltzmann, pour la minimisation d'énergie dans la fonction d'ensemble de niveau.

CHEN et al. (2020) [90] présentent un système automatique basé sur l'apprentissage automatique, pour déterminer la présence d'une tumeur, et segmenter automatiquement la tumeur et la classer comme bénigne ou maligne. Premièrement, une étape de prétraitement est utilisée, et une normalisation des images est appliquée à toutes les images. Ceci est suivi par la suppression du bruit avec un filtre moyen non local, et par une correction du contraste avec la méthode d'égalisation d'histogramme dynamique améliorée. Deuxièmement, une matrice de cooccurrence est utilisée, pour l'extraction des caractéristiques afin d'obtenir des descripteurs de l'image. Troisièmement, les caractéristiques extraites sont introduites dans un SVM, pour classer l'IRM, dans un premier temps, et un filtre de KALMAN étendu (EKF) est utilisé, pour classer les tumeurs cérébrales. Enfin, une méthode de segmentation automatique basée sur la combinaison de C-moyenne et de croissance de région est utilisée.

TRIPATHI et al. (2020) [91] proposent une méthode qui utilise la combinaison entre la méthode Otsu, et le c-moyenne, pour la segmentation des tumeurs du type glioblastome, dans les IRMs. Les pondérations utilisées sont la T2, et le FLAIRE, pour la segmentation de la tumeur, de la nécrose et de l'œdème.

NASER et DEEN(2020) [92] répondent aux besoins des cliniciens, pour le diagnostic, et la planification du traitement des gliomes, par une approche d'apprentissage en profondeur, qui combine des réseaux de neurones convolutifs (CNN), basés sur l'U-net, pour la segmentation tumorale et l'apprentissage par transfert, basé sur une base de convolution préformée de Vgg16, et un classificateur entièrement connecté, pour le classement des tumeurs.

HASAN et AHMAD(2018) [93] proposent une méthode de segmentation des zones tumorales, sur des images RMs, par une série de traitement. Ils utilisent un filtrage bilatéral, pour le prétraitement, et pour la segmentation ils adoptent une méthodologie basée sur le seuillage, les opérateurs morphologiques, la convolution avec un noyau gaussien, le gradient et la segmentation par la méthode de partage des eaux (LPE). Les résultats obtenus sont meilleurs que ceux déjà obtenus sur l'ensemble des données BRATS (Multimodal Brain Tumor Segmentation Challenge) 2017.

SINGH et al. (2017) [94] présente un système de segmentation et de classification des tumeurs cérébrales, très simple, efficace et automatique. Le système proposé est composé de quatre étapes, pour segmenter, détecter et classer la tumeur comme bénigne ou maligne. Un prétraitement est effectué en première, deuxièmement une méthode de partage des eaux (LPE) est appliquée pour segmenter l'image, ensuite un post-traitement est appliqué, pour supprimer les faux positifs. La décision finale, pour classer la tumeur cérébrale est réalisée, par des caractéristiques de la matrice de cooccurrence (GLCM), comme entrée au classifieur SVM.

PEI et al. (2020) [95] proposent une architecture de réseau neuronal profond UNet-VAE, pour la segmentation des tumeurs cérébrales, et la prédiction de la survie. L'architecture UNet-VAE a été utilisée, pour son grand succès dans la segmentation des tumeurs cérébrales, du défi BRATS. L'architecture UNet-VAE est utilisée, pour extraire des caractéristiques de haute dimension, puis les fusionner avec des caractéristiques de texture, la méthode proposée a été validée sur l'ensemble de données BraTS 2019.

MISHRA et al. (2021) [96] analysent plusieurs recherches qui traitent la segmentation des tumeurs cérébrales, en fonction des données utilisées, ils fournissent à travers leurs travaux des observations, des résultats de recherche, des avantages et des inconvénients des différentes méthodes utilisées.

SIVA RAJA et RANI (2020)[97] développent une classification des tumeurs cérébrales, à l'aide d'un auto-encodeur hybride profond, et une approche de segmentation bayésienne floue, basée sur le clustering BFC (Bayesian fuzzy clustering). Un filtre moyen non local est appliqué en premier, pour le dé-bruitage. Ensuite, l'approche BFC (Bayesian Fuzzy Clustering) est utilisée, pour la segmentation des tumeurs cérébrales. Après la segmentation, des paramètres robustes sont calculés, par des méthodes de transformation de diffusion, et des paramètres d'ondelettes WPTE (wavelet packet Tsallis entropy). A la fin, une architecture hybride DAE

(deep autoencoder) basé sur un algorithme d'optimisation JOA (Jaya optimization algorithm) avec une technique de régression softmax est utilisée, pour classer la partie tumorale.

WULANDARI et al. (2018) [98] réalisent un système de segmentation de tumeur cérébrale, le processus de segmentation de la tumeur nécessite deux étapes, la première, pour l'isolation du cerveau, en utilisant un filtre médian comme prétraitement, un seuillage, pour détecter la plus grande surface et l'utiliser comme marqueur à la méthode LPE. La deuxième étape est pour la segmentation de la tumeur par un algorithme basé sur le seuillage.

JEMIMMA et VETHARAJ(2018) [99] proposent une technique de pointe, pour la détection des tumeurs, en combinant entre deux grandes méthodes du traitement d'images, à savoir, la LEP et le CNN. Leur méthode (WDAPP-CNN) se base sur la segmentation par l'algorithme de LPE et l'extraction des caractéristiques de texture, par le modèle de projection angulaire dynamique, et ensuite le réseau neuronal convolutif classe les régions tumorales et non tumorales de l'image cérébrale IRM.

AKRAM et USMAN(2011) [100] Proposent une méthode pour un système de diagnostic automatique des tumeurs cérébrales à partir d'images RM. Le système se compose de trois étapes pour détecter et segmenter les tumeurs cérébrales. Ils utilisent un prétraitement pour éliminer le bruit par le filtre médian et le filtre passe haut pour affiner et rehausse les contours de l'image. La segmentation est réalisée à l'aide d'un seuil global ensuite post-traitée par des opérations morphologiques afin de supprimer les faux pixels segmentés (Faux positifs).

UDAY et al. (2014) [101] proposent un système de planification préopératoire de la neurochirurgie, par la segmentation des images de résonance magnétique, grâce à un seuillage manuelle de la tumeur, une modélisation en 3D, avec le logiciel SLICER 3D de la tumeur, et la tractographie DTI (imagerie du tenseur de diffusion).

YANG et SONG (2018)[102] proposent un algorithme de segmentation automatique, des images par résonance magnétique (IRM) des tumeurs cérébrales, basées sur un réseau U-net, entièrement convolutif. Un modèle optimal adapté à la segmentation d'image de tumeur cérébrale est construit, par un modèle original U-net, en prétraitant les paramètres d'entrée. De plus, afin d'améliorer encore le résultat de la segmentation, ils proposent d'ajouter des noyaux convolutifs 1x1, comme couche de recombinaison linéaire caractéristique dans la couche convolutive U-net.

ZELJKOVIC et al. (2014) [103] présentent un algorithme automatisé, pour la détection des tumeurs cérébrales, et l'assistance des médecins dans une procédure de diagnostic, qui le facilite et l'accélère. La méthode se base sur la symétrie et le seuillage.

YIN(2020) [104] présente une nouvelle approche de segmentation nommée PVS (Partial View Segmentation), qui utilise le réseau neuronal artificiel, pour la segmentation des tumeurs cérébrales. Contrairement à la méthode traditionnelle, la méthode PVS se concentre sur une partie de chaque balayage d'image par résonance magnétique multimodale, où la tumeur cérébrale est la plus concentrée. Le modèle est formé et évalué sur la base de l'ensemble de données public, contenant le glioblastome (GBM) et le gliome de bas grade (GBG), du Multimodal Brain Tumor Segmentation Challenge 2019.

CHEN et al. (2017) [105] présentent une segmentation des tumeurs cérébrales IRMs, par une série d'étapes, un prétraitement par correction du biais à l'aide de l'outil N4ITK. L'algorithme de segmentation SLIC a été utilisé, pour partitionner l'image en superpixel, avec des régions homogènes et des caractéristiques et une taille approximativement similaire. Ensuite, l'extraction des caractéristiques statistique du premier ordre, avec les caractéristiques GLCM, et les caractéristiques de LBP, pour la construction du modèle de segmentation. Enfin, la classification par SVM des superpixels en régions tumorales ou en régions non tumorales.

JAGAN (2018) [106] développe une méthode de segmentation automatique intégrée, pour la détection de la tumeur, dans les images IRM 3D du cerveau .Le cadre proposé fusionne de manière optimale, les résultats de segmentation par l'algorithme EM (Expectation Maximization), et la méthode de clustering FCM. Le filtre anisotrope est utilisé, pour améliorer les résultats de segmentation.

SINGH et al. (2017) [107] réalisent un CAD des tumeurs cérébrales, leurs systèmes détectent en premier, la présence ou non de tumeur, par l'apprentissage automatique des paramètres de texture en utilisant la méthode GLCM et le LBP, la classification est effectuée par le ANN-BPN (artificial neural network-back propagation network). Après la détection de présence d'une tumeur, vient l'étape de la segmentation, à l'aide de l'algorithme SFCM (Spatial Fuzzy C-mean).

DANDIL et SELVI (2018)[108] utilisent la méthode SFCM (Spatial Fuzzy C-mean), pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales, sur les images IRMs. Les résultats obtenus à l'aide du SFCM sont comparés au FCM conventionnel, et prouvent l'efficacité de l'approche apportée.

ARAKERI et al. (2011)[109] présentent un nouvel algorithme FCM efficace, pour éliminer l'inconvénient du FCM conventionnel, pour la segmentation des tumeurs cérébrales, sur des images de résonance magnétique. Cependant, la limitation majeure du FCM conventionnel est son temps de calcul énorme, et il est sensible aux centres de cluster initiaux. L'algorithme proposé est formulé en incorporant la distribution des informations de niveau de gris dans l'image, et une nouvelle fonction objective qui assure une meilleure stabilité et compacité des clusters.

Le tableau qui suit (Tableau 2.1) résume d'autres travaux présents dans l'état de l'art.

Tableau 2.1: Résumé des différentes approches de détections des tumeurs cérébrales

Références	Année	Approches de Segmentation	de Application
DOU et al.[74]	2007	Fusion & croissance de région	Segmentation automatique de tumeur cérébrale des images IRM multi spectrales
WANG et al.[75]	2011	C-moyennes floues modifiée	Segmentation d'images IRM cérébrales
DEL FRESNO et al.[28]	2009	Modèle déformable & croissance de région	Segmentation 3D du cerveau
DAHAB et al.[76]	2012	Détection de contour de Canny & Probabilistic Neural Network (PNN)	Segmentation et identification de tumeur cérébrale
FARJAM et al.[110]	2012	Cross-correlation thresholds	CAD (Computer-aided diagnosis) pour les petites métastases du cerveau
EI-MELEGY et al.[40]	2014	Informations a priori guidées FCM(PIGFCM)	Segmentation automatique du cerveau sein ou pathologique
EI-DAHSHAN et al.[77]		FPCNN & DWT& CPA ANN	Réalisation d'un CAD pour
KAZEROONI et al. [111]	2015	C-moyennes floues & croissance de région	Segmentation semi-automatique des différentes régions de la tumeur Glioblastoma multiforme (GBM), (Tumeur, œdème, nécrose).
VEERAMUTHU et al.[78]	2015	Morphologie mathématique &GLCM &DWT &PNN-RBF	Réalisation d'un CAD, pour le diagnostic de présence, ou non de tumeur, et aussi de la malignité, ou non de la tumeur.
LI et al. [79]	2015	Modèle probabiliste & champ de markov aléatoire (MRF)	Segmentation automatique de tumeur et de l'œdème
SUDHARANI et al.[80]	2016	Morphologie mathématique &	Détection de tumeur cérébrale et de l'œdème

		Fast transform(FFT)	Fourier	
PRAVEEN et al.[81]		GLCM-GLRLM- paramètres d'histogramme, FA		Détection et classification des tumeurs en gliome ou méningiome
KOLEY et al.[45]		Seuils basés sur l'entropie approximative Paramètres basés sur l'histogramme, la forme, la texture, LBP et les textures multi résolution		Délimitation de la zone tumorale, à partir d'IRM cérébrale T1C, et classification de plusieurs types de tumeur : glioblastome multiforme, métastase, méningiome et granulome
RAJINIKANTH et al.[82]	2017	Seuillage et ensemble de niveau		Segmentation des gliomes cérébraux
RAMAKRISHNAN et al.[112]	2017	SVM-SMO (Sequential Minimal Optimization) & MRG-GWO (Grey Wolf Optimization)		Segmentation et classification de tumeur et non tumeur
MENGQIAO et al.[83]	2017	CNN (Convolutional Neural Network)		Segmentation automatique des tumeurs cérébrales
SHREYAS et al.[84]	2017	fully convolutional network (FCN)		Segmentation automatique des tumeurs cérébrales
SHEHAB et al.[85]	2020	Deep residual networks (ResNets)		Segmentation automatique des tumeurs cérébrales
SUN et al.[86]	2021	3D FCN		Segmentation multi modale des tumeurs cérébrales
ZHANG et al.[87]	2021	TIU-Nets		La segmentation du gliome cérébral.

Discussion

Dans cet état de l'art, nous avons examiné les méthodes existantes, de segmentation des tumeurs cérébrales, en IRM. L'étude réalisée dans ce chapitre, n'est pas exhaustive, mais nous avons essayé de mettre en évidence la diversité des approches abordées, par les différents auteurs. Le cerveau est de composition complexe, par ces différentes structures enchevêtrées, et en présence de tumeur, la segmentation devient encore plus difficile, par sa forme, par sa radiométrie, et par ses diverses localisations. Les méthodes étudiées ont été classées, sur la base de quatre classes : méthodes basées, sur les régions, celles basées, sur les contours, celles basées, sur la théorie des graphes, et enfin celles basées, sur les méthodes hybrides, utilisant la fusion entre deux approches. Les méthodes basées, régions, segmentent les cas des plus difficiles de tumeurs, et avec un haut niveau d'automatisation, mais elles présentent un inconvénient majeur, aux limites des tumeurs. En raison de l'effet de volume partiel, les techniques basées, sur les régions souffrent d'une mauvaise classification des voxels, et par conséquent, il est difficile d'avoir une région de la tumeur. Les méthodes basées, sur les contours

ont été proposées, pour résoudre ce problème, mais elles souffrent également de problèmes d'initialisation, tout comme les méthodes, basées sur la théorie des graphes. Leurs résultats dépendent, le plus souvent, de l'emplacements des marqueurs de l'objet, et de l'arrière-plan. Pour obtenir un bon résultat, ils doivent être bien initialisés. Les méthodes hybrides, utilisent l'avantage des méthodes, basées sur les contours, et celles, basées sur les régions, pour surmonter les problèmes de chaque type. Elles utilisent la capacité d'automatisation, des méthodes, basées sur les régions, pour initialiser automatiquement, les méthodes, basées sur les contours, et utilisent également, les bonnes propriétés de segmentation, des méthodes, basées sur les contours, pour surmonter le problème de faux positifs, et de faux négatifs, de la classification, aux limites des tumeurs. D'après notre état de l'art, aucune méthode n'est meilleure que l'autre, le résultat revient à la manière de combiner, et d'implémenter, les différentes approches existantes.

Ainsi, afin de répondre à notre problématique de segmentation des images IRM, pour la réalisation d'un système d'aide au diagnostic, qui comporte une détection, une segmentation et une classification des tumeurs cérébrales, nous proposons de définir un processus de segmentation, en utilisant la décomposition en superpixels, ce qui réduira les sources d'informations, et d'exploiter des données plus riches. Avant d'aborder et de décrire ce processus de segmentation dans le chapitre 4, nous proposons, dans le chapitre 3, une méthode de « pré-segmentation » de la tumeur, permettant d'extraire l'objet « tumeur » des images IRM. Dans les deux chapitres qui suivent, une nouvelle approche, basée sur la combinaison d'informations de régions, et de contour, pour segmenter et classer les gliomes, de haut grade et de bas grade, sera présentée.

CHAPITRE 3

SYSTEME D`AIDE AU DIAGNOSTIC (CAD) : PRE-SEGMENTATION DES TUMEURS CEREBRALES

Un système d`aide au diagnostic (CAD), facilite l`interprétation des images, pour le diagnostic et la caractérisation des tumeurs cérébrales. C`est d`ailleurs un outil logiciel, qui a comme fonction, d`aider le médecin, dans sa prise de décision, en l`orientant, ou en confirmant son diagnostic. Il existe deux catégories de système : ceux qui sont basiques, capables de détecter les tissus tumoraux seulement, et se font appeler les CADe, et la deuxième catégorie, est celle qui concerne le travail de thèse, et qui est le CADx. Le CADx est une extension des CADe, plus évoluée, et capable de fournir des informations, sur le grade du cancer (niveau d`agressivité), son extension, et également, de prédire sa réponse à la thérapie, selon les données d`apprentissage, dont dispose le médecin, pour le diagnostic du cancer, à savoir, les données cliniques (taux de PSA sanguin, résultats de biopsie, âge, ...), et les données d`imagerie (IRM, TEP, TDM, ...).

Le système d`aide au diagnostic proposé est divisé en trois principales étapes :

- ✚ La première étape sert à détecter la région d`intérêt (ROI), en utilisant l`algorithme SLIC de ACHANTA et al. [58] ainsi que la classification par forêt aléatoire (FA) [43], pour la fusion des superpixels ;
- ✚ Par la suite, vient l`étape pour améliorer et affiner (qui a pour but d`améliorer et d`affiner) le résultat de la segmentation de la tumeur, détectée par MA (redonner au moins au début du chapitre le sens des abréviations) ;
- ✚ Et au final la classification par FA de la tumeur, en GHG ou GBG.

Le processus proposé est présenté dans la figure 3.1.

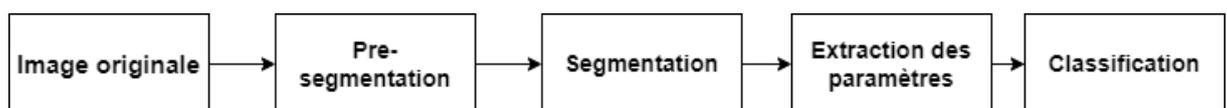


Figure 3.1: Schéma général du système d`aide au diagnostic proposé.

3.1 Pré-segmentation des tumeurs cérébrales

Malgré de nombreux efforts, pour obtenir des résultats, aussi fiables que ceux des experts, et répétitions prometteuses, dans la communauté de l'imagerie médicale, la segmentation et la caractérisation, précises et reproductibles, des anomalies, restent une tâche difficile, en raison de la variété des formes, des emplacements et des intensités d'image, et des divers types de tumeurs. Certaines tumeurs peuvent également déformer les structures environnantes, ou être associées à un œdème, ou à une nécrose, qui modifient l'intensité de l'image, autour de la tumeur, comme nous l'avons vu dans le chapitre 1. Pour cela une pré-segmentation de la zone d'intérêt, <tumeur> sera sujet d'un prétraitement utile pour contourner ces difficultés.

L'avantage d'un tel prétraitement est double. D'une part, la zone de travail est considérablement réduite, pour des traitements ultérieurs, et donc le volume des données à traiter est réduit. D'autre part, travailler sur une région d'intérêt, rend le traitement plus performant, car plus ciblé, et moins perturbé par des informations, pouvant être considérées comme du bruit. JOHNSTON et al.[113] ont bien approuvé cet avantage, dans une segmentation statistique, des lésions de sclérose en plaques.

L'objectif de ce chapitre, est de contribuer dans ce domaine, en proposant une méthode originale, suffisamment générale, pour détecter et segmenter les gliomes, et par la suite les classées, en GBG ou GHG. Nous proposons une approche, de combinaisons de paradigmes, basés sur les régions et les contours. Ce cadre comporte deux composantes principales, comme l'illustre la figure 3.2 : une décomposition de l'image en superpixels, et la détection de la ROI, par classification supervisée. Ces dernières années, les superpixels sont devenus des éléments de base, des algorithmes de vision par ordinateur [58], et gagnent en importance, dans le domaine de la santé. ANGULAKSHMI et al. [114] utilisent la décomposition de l'image en superpixels, pour la détection de la ROI. Cette dernière est segmentée par Spectral Clustering. Le grand intérêt, porté à la méthode, est dû à sa facilité, et à sa rapidité d'implémentation. Il est plus rapide et plus facile de traiter des superpixels, quand leur nombre ne dépasse pas les 2500, que de traiter des centaines de milliers de pixels. La méthode des superpixels se base principalement, pour leur génération, sur l'homogénéité des intensités des superpixels.

La pré-segmentation de la tumeur, ne fournit pas une estimation précise de ses limites, donc pour cela, nous proposons une étape de raffinement. Ceci est réalisé, grâce à l'étape de segmentation, qui utilise les résultats obtenus, à l'étape de pré-segmentation, et qui se base sur deux étapes :

- La première est une méthode, de génération automatique des germes optimaux. Les germes obtenus, sont calculés sur les informations, extraites de l'étape de pré-segmentation ;
- La seconde étape est le raffinement des contours, par l'algorithme MA [115] .

Le processus de pré-segmentation proposé, est présenté dans la figure 3.2.

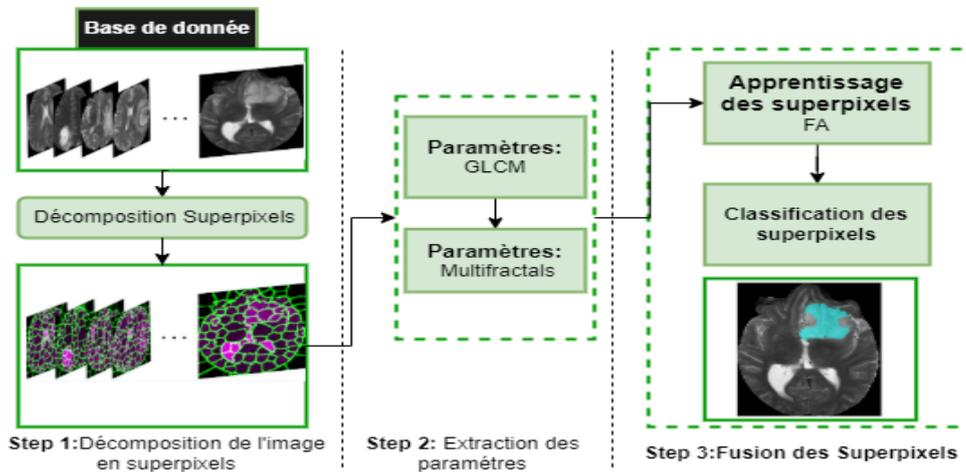


Figure 3.2 Diagramme global représentant le processus de fonctionnement de l'étape de pré-segmentation du gliome.

3.2 Méthode de pré-segmentation proposée

L'une des principales contributions, présentées dans cette thèse, est l'utilisation de l'intelligence artificielle (IA), combinée aux superpixel. Plusieurs travaux ont démontré la faisabilité des systèmes d'aides au diagnostic, à l'aide de IA. On peut citer :

- Les travaux de OLCZAK [116] , pour la détection des fractures ;
- Les travaux de BECKER [117], pour le dépistage du cancer du sein ;
- Les travaux de VEERAMUTHU [78], pour la détection des tumeurs cérébrales, et de leurs malignités ;
- Les travaux de d'EL-DAHSHAN [77], pour la détection des tumeurs cérébrales.

3.2.1 Problématique

L'algorithme de sur-segmentation utilisé, doit permettre de regrouper rapidement les pixels de l'image, en superpixels, de manière à minimiser la probabilité, qu'un superpixel chevauche deux objets différents. Des descripteurs sont attribués à chaque superpixel, et une même classe, est attribuée à l'ensemble de ses pixels, en classe tumeur, ou en classe non tumeur. Le choix d'un algorithme de sur-segmentation est donc une étape clé, pour le bon fonctionnement de cette étape.

À ce jour, il existe plus d'une vingtaine de méthodes de sur-segmentation. On peut compter parmi elles, les travaux de :

COMANICIU et MEER [118] [118], qui ont utilisé la méthode « mean shift ». Le module de calcul de base de la technique, est une ancienne procédure de reconnaissance de formes : le décalage moyen ;

VEDALDI et al. [119], avec la méthode « Quick Shift », qui procède de façon similaire, à celle de mean shift ;

LIU et al. [120], ont proposé la méthode ERS (de l'anglais : « Entropy Rate Superpixels »). Les auteurs proposent une nouvelle fonction objective, pour la segmentation des superpixels, qui comprend deux composantes, le taux d'entropie et un terme d'équilibrage. La ERS accomplit une excellente adhérence aux contours, avec un nombre réduit de superpixels. En revanche, elle est lente, et n'a aucune adaptabilité ;

FELZENSZWALB et al. [121] ont proposé un algorithme de coupes de graphe, qui fournit un compromis intéressant, entre une correcte adhérence aux contours, avec un nombre de superpixels raisonnable, et une bonne adaptabilité. L'algorithme de [121] est plus rapide que la méthode ERS.

ACHANTA et al.[58] ont réalisé l'algorithme SLIC (« Simple Linear Iterative Clustering »). Chaque pixel de l'image, est comparé uniquement, aux ensembles les plus proches, ainsi la méthode produit une sur-segmentation de complexité quasi linéaire, vis-à-vis du nombre de pixels dans l'image. L'algorithme SLIC est de loin, la méthode la plus rapide, avec un temps d'exécution, dix fois inférieur à celui d'ERS. Cependant, le nombre de superpixels, est plus important), pour obtenir la même adhérence aux contours, que l'algorithme ERS, et celui de FELZENSZWALB. D'après la comparaison de MATHIEU [122], apparaît nettement plus rapide, que celui de [121], et de [120], et ainsi le privilège. Notre choix s'est porté sur l'algorithme SLIC pour le bon compromis, entre qualité du résultat, et rapidité.

3.2.2 Décomposition en superpixels par l'algorithme SLIC

L'algorithme SLIC [58], nous permet, de partitionner l'image, en sous images (superpixels), avec presque la même taille, nommée S. Le centre géométrique, de chaque segment, est considéré comme le centre du superpixel. Les coordonnées du centre sont mises à jour, à chaque itération. Les superpixels regroupent les pixels, en fonction de mesures de distances spatiales d_s , et d'intensité d_c (spatials and intensity distance metrics).

$$d_s = \sqrt{(x_j - x_i)^2 + (y_j - y_i)^2} \quad (3-1)$$

$$d_c = \sqrt{(I_j - I_i)^2} \quad (3-2)$$

- (x_i, y_i) : coordonnées du pixel i . I_i, I_j : intensité normalisée des pixels i et j respectivement. On calcule la distance globale noté D , qui introduit les deux unités de mesure d_s et d_c .

$$D = \sqrt{d_c^2 + \left(\frac{d_s}{s}\right)^2 m^2} \quad (3-3)$$

- m : Coefficient de compacité (Compactness coefficient).

Plus le paramètre m est grand, plus les superpixels obtenus sont plus compacts, et plus m diminue, et plus les contours des superpixels, adhèrent mieux aux contours de l'image, mais avec une taille, et une forme, moins régulières. D'après la littérature, m prend ses valeurs dans l'intervalle $[1, 20]$ ($1 \leq m \leq 20$).

3.2.3 Extraction des paramètres des superpixels

Les images IRM sont difficiles à segmenter, du fait de leur complexité structurelle. Les gliomes ont des formes complexes, et irrégulières, avec différents niveaux : nécrose, œdème et tumeur. Leurs textures sont de nature hétérogène, à cause de la complexité du comportement de la tumeur, c'est à dire qu'elle ne peut pas être décrite, par de simples caractéristiques du premier ordre. L'extraction de la zone d'intérêt sans aucune connaissance à priori, ni sur sa forme, ni sur sa localisation, n'est pas chose facile, c'est pour cela, que le choix des paramètres significatifs est très important.

L'analyse de texture, regroupe un ensemble de techniques, permettant de quantifier, les différents niveaux de gris, présents dans une image, en termes d'intensité et de distribution, dans le but de calculer, un certain nombre de paramètres caractéristiques, de la texture à étudier. Depuis les travaux de HARALICK en 1979, sur la texture [123], plusieurs approches ont été proposées:

3.2.3.1 Approches structurelles

Permettent de décrire la texture, en définissant les primitives et les "règles" d'arrangement, qui les relient. Elles sont donc applicables, sur les textures aléatoires[124].

3.2.3.2 Approches par caractéristiques statistiques

Elles permettent de faire l'étude des relations, entre un pixel et ses voisins, et de fournir des paramètres discriminants de la texture, en se basant sur des outils statistiques. Généralement, elles sont utilisées, pour caractériser des structures fines, sans régularité apparente.

- Matrices de cooccurrences

Cette méthode constitue la référence, en analyse de texture, [125] , [126] , [127], [128], et est souvent utilisée, comme méthode comparative, pour les nouvelles approches [128]. Elle est simple à mettre en œuvre, mais offre de bonnes performances. La méthode des matrices de cooccurrences, ne prend en compte, qu'une information très locale de voisinage.

- Mesures de différence de niveau de gris (GLDM)

La méthode de différence de niveau de gris (GLDM) proposée par GOOL et al. [129] est vraisemblable aux matrices de cooccurrence. Les caractéristiques de texture sont également dérivées des fonctions de densité de probabilité des niveaux de gris. La différence est que les densités de probabilité dans la méthode de différence de niveau de gris ne sont pas directement calculées à partir de l'image de texture d'origine, mais à partir d'une image soustraite.

- Matrice de longueur de plage (GLRLM)

Introduite par TANG et al. [130], les caractéristiques de texture peuvent également être calculées sur la base du calcul de la longueur primitive et du niveau de gris. Une primitive est un ensemble continu de nombre maximum de pixels dans la même direction qui ont le même niveau de gris. Un grand nombre de pixels voisins du même niveau de gris représente une texture grossière et un petit nombre de pixels voisins du même niveau de gris représentent une texture fine.

3.2.3.3 Méthodes de traitement du signal

Les types utilisés dans les approches de filtrage sont à savoir les méthodes de filtrage spatial, l'analyse du domaine fréquentiel, les filtres de Gabor et les méthodes de transformation de trame en ondelettes discrètes.

- Approche par bancs de filtre (GABOR)

La texture est caractérisée, par différentes statistiques (moyenne, variance, histogramme...), des réponses aux filtres (énergie). Des informations fréquentielles, localisées et orientées, sont extraites par les filtres de GABOR [131].

- Transformée en ondelettes

la transformation en ondelettes a résolu bien des problèmes, relevant de différents domaines d'application, depuis les travaux de GROSSMAN et MORLET [132]. Dès lors, un grand intérêt s'est manifesté, à l'égard de la transformation en ondelettes, en traitement d'images [133] [134].

3.2.3.4 Approche basée sur un modèle

Les deux modèles les plus populaires et les plus utilisées sont : les modèles aléatoires de Markov et les modèles fractals.

- Formalisme multifractal

L'utilisation de la théorie des fractales, est répandue en analyse de texture (même si les textures ne sont pas nécessairement des objets fractals)[135]. Les paramètres fractals sont capables, de caractériser une plus grande variété de textures naturelles, où la rugosité de ces textures, n'est pas nécessairement invariante à l'échelle. Elle permet également, de mesurer la complexité géométrique d'un ensemble. Mais, les paramètres fractals ne suffisent pas à eux seuls, à discriminer des textures naturelles. Ils peuvent cependant, être ajoutés, à un groupe de caractéristiques statistiques, pour rendre compte, de la rugosité d'une texture.

Cependant, la recherche de paramètres discriminants, caractérisant la texture, et l'utilisation de ces paramètres, pour la segmentation et la classification des images, restent encore un problème délicat, sans solution universelle.

Dans notre étude on a choisi d'extraire des informations données par des paramètres statistiques du 2^{ème} ordre de HARALICK (matrice de cooccurrence) ainsi que des paramètres multifractals, ainsi les régions hétérogènes des superpixels sont décrites par $f(x_i)$ tel que :

$$f(x_i) = [f^{Multi}(x_i)^T \quad f^{Cooc}(x_i)^T]^T \quad (3-4)$$

- $f^{Cooc}(x_i)$ représente les paramètres statistiques, du 2^{ème} ordre d' HARALIK [123].

- $f^{Multi}(x_i)$ représente les paramètres multifractals.

3.2.3.5 Extraction des paramètres par la méthode Multifractal DMA (Detrending Moving Average Analysis)

La dimension fractale, peut quantifier la complexité géométrique, des tissus tumoraux, par le niveau d'irrégularité de la surface, et peut également, différencier entre différents types de textures, qui sont similaires à grande échelle. Nous avons choisi la méthode « Multifractal Detrending Moving Average » (MF-DMA)[136], qui est une amélioration de l'approche « Detrending Fluctuation analysis » (DFA)[137], pour sa capacité à quantifier les fluctuations. Par conséquent, la méthode de [136] (MF-DMA) caractérise les irrégularités des images, par rapport aux méthodes classiques, telles que la méthode de comptage de boîtes [138].

On considère les superpixels du cerveau, comme une surface auto-similaire, et on la représente par une matrice $X(i_1, i_2)$, de taille $N_1 \times N_2$, avec $i_1 = 1, 2, 3, \dots, N_1$. et $i_2 = 1, 2, 3, \dots, N_2$.

3.2.3.5.1 Algorithme de la méthode MF-DMA

Etape 1: Calcul de la somme $Y(i_1, i_2)$, avec fenêtre glissante de taille $n_1 \times n_2$

Avec $n_1 \leq i_1 \leq N_1 - [(n_1 - 1)\theta_1]$, $n_2 \leq i_2 \leq N_2 - [(n_2 - 1)\theta_2]$ et $\theta_1, \theta_2 \in [0, 1]$

- Extraction de la sous matrice $Z(u_1, u_2)$, de la matrice X, de taille $(n_1 \times n_2)$ où

$$\begin{cases} i_1 - n_1 + 1 \leq u_1 \leq i_1 \\ i_2 - n_2 + 1 \leq u_2 \leq i_2 \end{cases}$$

- Calcul de $Y(i_1, i_2)$ par l'équation suivante :

$$y(i_1, i_2) = \sum_{j_1=1}^{n_1} \sum_{j_2=1}^{n_2} Z(j_1, j_2) \quad (3-5)$$

Etape 2: Détermination de la fonction de la moyenne mobile $\tilde{y}(i_1, i_2)$.

Où $n_1 \leq i_1 \leq N_1 - [(n_1 - 1)\theta_1]$ et $n_2 \leq i_2 \leq N_2 - [(n_2 - 1)\theta_2]$,

- Il faut d'abord extraire une sous matrice $W(k_1, k_2)$ de taille $n_1 \times n_2$ de la matrice X, Avec

$$k_1 - [(n_1 - 1)(1 - \theta_1)] \leq k_1 \leq k_1 + [(n_1 - 1)\theta_1]$$

$$k_2 - [(n_2 - 1)(1 - \theta_2)] \leq k_2 \leq k_2 + [(n_2 - 1)\theta_2]$$

- Calcul de la somme commutative $\tilde{W}(m_1, m_2)$ de W (W est une sous matrice de la matrice X de taille $n_1 \times n_2$).

$$\tilde{W}(m_1, m_2) = \sum_{d_1=1}^{m_1} \sum_{d_2=1}^{m_2} W(d_1, d_2) \quad (3-6)$$

$$\text{avec } \begin{cases} 1 \leq m_1 \leq n_1 \\ 1 \leq m_2 \leq n_2 \end{cases}$$

$$\tilde{y}(i_1, i_2) = \frac{1}{n_1 n_2} \sum_{d_1=1}^{n_1} \sum_{d_2=1}^{n_2} W(d_1, d_2) \quad (3-7)$$

Etape 3 : Elimination des tendances de la matrice, par la suppression de la moyenne mobile

$$\varepsilon(i_1, i_2) = y(i_1, i_2) - \tilde{y}(i_1, i_2) \quad (3-8)$$

- $\varepsilon(i_1, i_2)$: matrice résiduelle.

Etape 4 : Partitionner la matrice résiduelle $\varepsilon(i_1, i_2)$, en $N_{n_1} \times N_{n_2}$ segments rectangulaires disjoints, de même taille $n_1 \times n_2$, $N_{n_1} = \lfloor (N_1 - n_1(1 + \theta_1))/n_1 \rfloor$ et $N_{n_2} = \lfloor (N_2 - n_2(1 + \theta_2))/n_2 \rfloor$.

- Chaque segment est noté $\varepsilon_{v_1, v_2}(i_1, i_2) = \varepsilon(l_1 + i_1, l_2 + i_2)$, pour $\begin{cases} 1 \leq i_1 \leq n_1 \\ 1 \leq i_2 \leq n_2 \end{cases}$

Avec $l_1 = (v_1 - 1)n_1$ et $l_2 = (v_2 - 1)n_2$.

La fonction des fluctuations $F_{v_1, v_2}(n_1, n_2)$, pour les segments $\varepsilon_{v_1, v_2}(i_1, i_2)$, peut être calculée comme suit :

$$F_{v_1, v_2}^2(n_1, n_2) = \frac{1}{n_1 n_2} \sum_{i_1=1}^{n_1} \sum_{i_2=1}^{n_2} \varepsilon_{v_1, v_2}(i_1, i_2) \quad (3-9)$$

Etape 5 : Calcul de l'ordre, q énième-ordre de la fonction des fluctuations globales $F_q(n)$ - Si $q \in \mathbb{R}^*$:

$$F_q(n) = \left\{ \frac{1}{N_{n_1} N_{n_2}} \sum_{v_1=1}^{N_{n_1}} \sum_{v_2=1}^{N_{n_2}} F_{v_1, v_2}^q(n_1, n_2) \right\}^{\frac{1}{q}} \quad (3-10)$$

Avec $n^2 = \frac{1}{2}(n_1^2 + n_2^2)$ et

- Si $q = 0$:

$$\ln[F_0(n)] = \frac{1}{N_{n_1} N_{n_2}} \sum_{v_1=1}^{N_{n_1}} \sum_{v_2=1}^{N_{n_2}} \ln[F_{v_1, v_2}(n_1, n_2)] \quad (3-11)$$

Etape 6 : Détermination de la relation en loi de puissance entre la fonction de fluctuation $F_q(n)$ et l'échelle n , en variant la taille des segments n_1 et n_2 .

$$F_q(n) \sim n^{h(q)} \quad (3-12)$$

L'équation 3.12 nous permet d'obtenir indice de Hurst $h(q)$, via $\ln F_q(n)$ en régression linéaire sur $\ln n$.

L'exposant d'échelle multifractale $\tau(q)$ peut être utilisé pour caractériser la nature multifractale, et se calcul par l'équation 3.13.

$$\tau(q) = qh(q) - D_f \quad (3-13)$$

Selon le principe du formalisme multifractal, si l'exposant d'échelle $\tau(q)$ « scaling exponent » est une fonction non linéaire de q , cela veut dire que l'image a des propriétés multifractales. D_f est la dimension fractale et dans le cas des images $D_f = 2$.

La fonction de la force de singularité $\alpha(q)$ et le spectre multifractal $f(q)$ sont calculés par la transformation de Legendre.

$$\alpha(q) = d \tau(q) / dq \quad (3-14)$$

$$f(q) = q \alpha - \tau(q) \quad (3-15)$$

3.2.3.6 Résultats d'extraction des paramètres par DMA (Detrending Moving Average)

Nous avons appliqué le formalisme multifractal, qui consiste à éliminer la tendance, par la moyenne mobile (MF-DMA) [136], sur la base de données BRATS 2013.

Pour chaque superpixel de l'image, nous avons extrait les paramètres multifractales suivants :

1. F_q : fonction de fluctuation globale.
2. $\tau(q)$: l'exposant d'échelle.
3. $\alpha(q)$: La fonction de la force de singularité.
4. $f(q)$: spectre multifractale.

Les paramètres sont calculés pour $\theta = 0$, $\theta = 1$ et $\theta = 0.5$, pour pouvoir faire la séparation, entre les superpixels correspondants à la classe saine, et ceux correspondants à la classe tumeur. La figure 3.3 (a) représente l'estimation du spectre multifractal des superpixels. Le spectre multifractal des superpixels sains, est étroit $\Delta h = 0.2$, et différent, par rapport au spectre des superpixels tumoraux, qui est large $\Delta h = 1.5$, ce qui prouve l'efficacité de ce paramètre, à différencier entre les superpixels sains, et les superpixels tumoraux du cerveau.

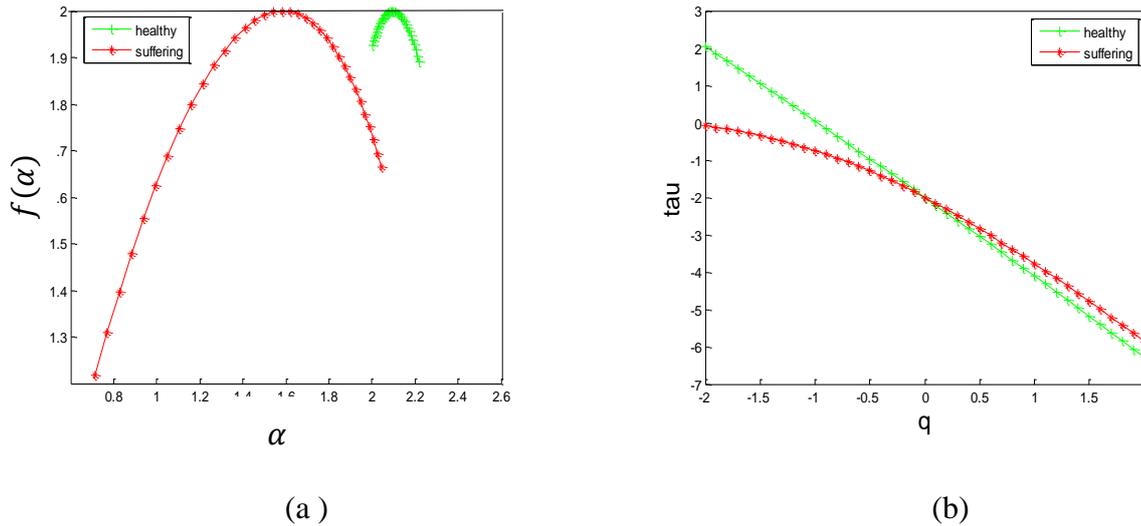


Figure 3.3: Estimation du spectre multifractal, des superpixels, d'image IRM cérébrale (a). Spectre multifractal des superpixels sains (+vert) et superpixels tumeur (*rouge), (b) Exposant d'échelle $\tau(q)$ pour superpixels sains (+vert) et tumeur (*rouge).

La figure 3.3 (b) représente l'exposant, d'échelle $\tau(q)$, des superpixels sains, et des superpixels tumoraux. La fonction est linéaire, et cela veut dire que, les tissus sains ont un comportement monofractal, contrairement aux tissus de la tumeur, qui ont une fonction d'exposant, d'échelle non linéaire, et cela confirme la supposition, que les tissus de la tumeur sont multifractals.

3.2.4 Extraction des paramètres de la matrice de cooccurrence sur des superpixels

La matrice de cooccurrence (GLMC), est une méthode statistique, qui étudie les relations, entre un pixel et ses voisins, et qui représente donc, les dépendances spatiales des niveaux de gris. Elle définit les paramètres discriminants de la texture, en se basant sur les outils statistiques d'HARALICK [123]. La GLCM est une matrice, de taille $N \times N$, où N est le nombre de niveaux de gris de l'image, et chaque élément de la matrice, égal au nombre de fois, que deux pixels voisins, ayant respectivement, les niveaux de gris i et j , apparaissent avec une relation spécifique, avec une distance d (généralement égale à 1), et une direction θ ($\theta = 0^\circ, \theta = 45^\circ, \theta = 90^\circ, \theta = 135^\circ$). Plusieurs paramètres de HARALICK [123], sont extraits

pour chaque superpixel de l'image. Ces attributs visent chacun, à représenter une caractéristique physique de la texture, et se veulent un ensemble discriminant, pour chaque texture.

Nous donnons les notations de base qui seront utilisées par la suite dans le calcul des paramètres de HARALICK, ou N_g est le nombre de niveaux de gris distincts dans l'image, P_d est la GLCM symétrique normalisé de dimension $N_g \times N_g$ et $P_d(i, j)$ est la i ème ligne, j ème colonne de la GLCM symétrique normalisé. Parmi les principaux attributs, on peut citer :

En donnant les définitions suivantes.

- **Le contraste** (moment 2 ou écart-type) est une mesure des variations d'intensité de niveau de gris entre un pixel et son voisin. Un grand contraste, reflète une grande différences d'intensité dans GLCM :

$$\text{Contrast} = \sum_i \sum_j (i - j)^2 P_d(i, j) \quad (3-16)$$

- **L'homogénéité** mesure la proximité de la distribution des éléments dans le GLCM par rapport à ça diagonale. À mesure que l'homogénéité augmente, le contraste diminue généralement.

$$\text{Homogeneity} = \sum_i \sum_j \frac{1}{1+(i-j)^2} P_d(i, j) \quad (3-17)$$

- **L'entropie** est le caractère aléatoire ou le degré de désordre présent dans l'image. La valeur de l'entropie est la plus grande quand tous les éléments de la matrice de cooccurrence sont identiques et petite lorsque les éléments sont inégaux.

$$\text{Entropy} = H_{XY} = \sum_i \sum_j P_d(i, j) \ln P_d(i, j) \quad (3-18)$$

- **L'énergie** est calculée à partir du second moment angulaire (ASM). Le ASM mesure l'homogénéité (l'uniformité locale des niveaux de gris) de l'image ; Lorsque les pixels sont très similaires, la valeur ASM sera grande.

$$\text{Energy} = \sqrt{\text{ASM}} \quad (3-19)$$

$$\text{ASM} = \sum_i \sum_j P_d^2(i, j) \quad (3-20)$$

- **La corrélation** décrit la corrélation des niveaux de gris, d'un pixel avec un autre, distant de d , dans la direction θ .

$$\text{Correlation} = \sum_i \sum_j P_d(i, j) \frac{(i - \mu_x)(j - \mu_y)}{\sigma_x \sigma_y} \quad (3-21)$$

Où μ_x, μ_y, σ_x et σ_y sont les moyennes, et les écart-types des densités partielles de probabilité P_x et P_y .

$$\mu_x = \sum_i \sum_j i P_d(i, j) \quad (3-22)$$

$$\mu_y = \sum_i \sum_j j P_d(i, j) \quad (3-23)$$

$$\sigma_x = \sqrt{\sum_i \sum_j (i - \mu_x)^2 P_d(i, j)} \quad (3-24)$$

$$\sigma_y = \sqrt{\sum_i \sum_j (j - \mu_y)^2 P_d(i, j)} \quad (3-25)$$

- **Le moment 1 (m_1)** est la moyenne des valeurs de pixel dans une image, et elle est représentée par

$$m_1 = \sum_i \sum_j (i - j) P_d(i, j) \quad (3-26)$$

- **Le moment 2 (m_2)** est l'écart type, qui peut être noté comme :

$$m_2 = \sum_i \sum_j (i - j)^2 P_d(i, j) \quad (3-27)$$

- **Le moment 3 (m_3)** mesure le degré d'asymétrie dans la distribution, et il est défini comme :

$$m_3 = \sum_i \sum_j (i - j)^3 P_d(i, j) \quad (3-28)$$

- **Le moment 4 (m_4)** mesure le pic relatif d'une distribution, et est également appelée kurtosis :

$$m_4 = \sum_i \sum_j (i - j)^4 P_d(i, j) \quad (3-29)$$

De plus, d'autres statistiques de différence, qui sont un sous-ensemble de la matrice de cooccurrence, sont utilisées sur la distribution de probabilité $p_{x-y}(k)$ définie par :

$$P_{x-y}(K) = \sum \sum C_d(i, j) \quad (3-30)$$

Avec $k = 0, 1, \dots, N_g - 1$, et $C_d(i, j)$ est la $i^{\text{ème}}$ ligne et $j^{\text{ème}}$ colonne de la GLCM.

Les descriptions de texture statistique de différence, les plus basiques sont l'ASM, la moyenne et l'entropie :

- **Diff-ASM** : Lorsque les valeurs $p_{x-y}(k)$ sont très similaires ou proches, ASM est petit. ASM est grand lorsque certaines valeurs sont élevées et d'autres sont faibles.

$$ASM = \sum_K (P_{x-y}(K))^2 \quad (3-31)$$

- **Diff-Mean** : Lorsque les valeurs $p_{x-y}(k)$ sont concentrées près de l'origine, la moyenne est petite, et le contraire est lorsqu'elles sont éloignées de l'origine

$$Mean = \sum_K K P_{x-y}(K) \quad (3-32)$$

- **Diff-Entropy** : L'entropie est la plus petite, lorsque les valeurs de $p_{x-y}(k)$ sont inégaux, et elle est plus grande, lorsque les valeurs de $p_{x-y}(k)$ sont égaux.

$$Entropy = - \sum_K P_{x-y}(K) \log P_{x-y}(K) \quad (3-33)$$

- **Mesure d'information de la corrélation 1** (inf1) « Information measure of correlation1 ».

$$inf1 = \frac{H_{XY} - H_{XY1}}{\max(H_X, H_Y)} \quad (3-34)$$

$$H_{XY1} = \sum_{i,j} p(i, j) \log(p_x(i)p_y(j)) \quad (3-35)$$

$$H_{XY2} = \sum_{i,j} p_x(i)p_y(j) \log(p_x(i)p_y(j)) \quad (3-36)$$

- H_X et H_Y désignent les entropies des densités de probabilité partielles p_x et p_y .
- H_{XY1} et H_{XY2} sont deux estimations d'entropie jointe.

- **Mesure d'information de la corrélation 2** (inf2) (« Information measure of correlation2 »).

$$\text{inf2} = \sqrt{1 - \exp^{-2(H_{XY2} - H_{XY})}} \quad (3-37)$$

- **Probabilité maximale** (*maxpr*)

$$\text{maxpr} = \max (p(i, j)) \quad (3-38)$$

3.2.5 Fusion des superpixels par Forêt Aléatoire

La forêt aléatoire (FA) a été introduite en 2001, par Breiman [43]. C'est une procédure d'apprentissage automatique, très utilisée, et efficace pour développer des modèles de prédiction. Les forêts aléatoires sont constituées, d'un ensemble d'arbres de classification, et de régression CART (Classification and Regression Tree). L'algorithme des forêts aléatoires est une variante du bagging, où est regroupée un ensemble d'arbres aléatoires, proches de la méthode CART[139]. Les forêts aléatoires sont utilisés à la fois en régression, et en classification, ces algorithmes ont prouvé leurs efficacités en surmontant de nombrables problèmes complexes. Notre choix s'est porté sur les forêts aléatoires, pour leurs nombreux avantages. On peut citer :

- La capacité à gérer des bases de données, constituées de grandes données, et pouvant se passer de normalisation des données, et aussi à gérer les bases de données non équilibrées. Effectivement, le nombre de données de la classe "tumeur" est moins important, que celui de la classe "non tumeur" dans notre cas ;
- Ils possèdent un petit nombre de paramètres, à régler initialement ;
- L'estimation de l'importance des prédictions, permet une meilleure interprétation du modèle obtenu.

3.2.5.1 Arbre de décision

Les arbres de décision, ou arbres aléatoires, regroupe un ensemble de techniques afin de construire un classifieur, cela est possible en partitionnant l'espace des observations de façon récursive. La structure d'arbre est le résultat de la découpe récursive de façon dyadique (Figure 3.4). Le premier nœud de l'arbre représente la racine, les autres éléments les plus bas sont les feuilles, et constituent la partition de l'espace des observations. Parmi les algorithmes les plus connu de construction des arbres aléatoires, l'algorithme CART (Classification And Regression Trees) [139].

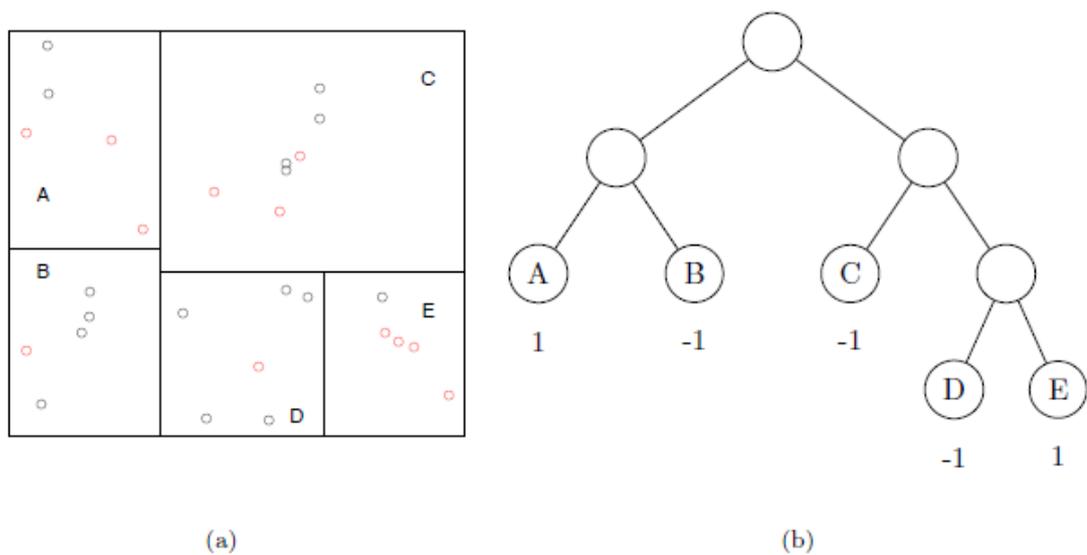


Figure 3.4 : Classification par arbre de décision. À chaque feuille est associée le vote majoritaire des éléments qu'elle contient (-1 pour prédire noir et 1 pour prédire rouge).

L'algorithme CART construit un arbre de décision optimal en procédant sur deux étapes: la phase d'expansion et la phase d'élagage. Toute les observations D_n sont contenue dans la racine de l'arbre, l'algorithme CART recherche alors la meilleure découpe possible parmi toutes les variables explicatives. Pour y parvenir il construit deux sous-parties N_1 et N_2 (les noeuds fils) comme suit :

$$N_1 = \{X_i, X_{ij^*} \leq d^*\} \quad (3-39)$$

$$N_2 = \{X_i, X_{ij^*} > d^*\} \quad (3-40)$$

Le couple (j^*, d^*) est choisi de manière à ce que chaque nœud fils soit le plus homogène possible. La mesure de l'homogénéité d'un nœud N est estimée par l'indice de *Gini*

$$Gini(p) = \sum_{k=1}^K \hat{p}_N^k (1 - \hat{p}_N^k) \quad (3-41)$$

\hat{p}_N^k est la proportion des éléments de classe k dans le nœud N . L'algorithme CART consiste à minimiser l'indice de Gini dans ces différentes possibilités de découpages. Une fois la racine ainsi partitionnée, la procédure est répétée pour chacun de ses fils, pour arriver au résultat où les nœuds ont que des observations de même classe. Cette partition de l'arbre est appelée arbre maximal (noté T_{max}), et les derniers nœuds construits sont les feuilles. Chaque feuille lui est associée une prédiction définie par la classe majoritaire des observations qu'elle contient. Le prédicteur de l'arbre est alors l'histogramme des prédictions de chaque feuille, c'est-à-dire la fonction suivante :

$$\widehat{f}_T(x) = \sum_{m=1}^{|\mathcal{T}|} k(m) \mathbb{1}_{x \in N_m} \quad (3-42)$$

$k(m)$ représente la classe majoritaire du nœud N_1 et $k(m) \in \arg \max \hat{p}_{N_m}^k$.

$|\mathcal{T}|$ est le nombre de feuilles de l'arbre.

L'algorithme CART est adapté à la régression de par son calcul de la moyenne empirique de chaque feuille. Après construction de l'arbre maximal T_{max} , l'avantage est que son biais est faible, mais il a cependant une variance élevée. C'est pour cela qu'il existe une seconde étape (un sous-arbre) d'optimisation des performances d'un arbre maximal dans l'algorithme CART, cette étape permet de réaliser le compromis biais-variance ; c'est la phase d'élagage. Une suite de sous-arbres emboîtés de l'arbre maximal est construite en minimisant un critère pénalisé, l'arbre optimal est celui qui admet les meilleures performances et généralement obtenu par validation croisée [140].

Plusieurs manières existent pour construire des CART. On peut procéder au changement de la famille de coupure autorisées, ou bien au niveau de la fonction de coût, ou encore au niveau de la règle d'arrêt. Cependant l'algorithme CART reste une technique instable ; En effet, une simple permutation de deux observations de l'ensemble d'apprentissage peut créer un arbre très différent. BREIMAN [43] a amélioré les performances de l'algorithme CART par les forêts aléatoires, qui sont une variante du Bagging [141].

3.2.5.2 Bagging

Le « bagging » est la contraction des mots bootstrap et agregating. C'est un grand algorithme qui combine la technique de « Bootstrap » et celle de « agregating ». Le bagging peut être utilisé sur tout type de classifieur élémentaire pour l'apprentissage d'ensemble de classifieurs. BREIMAN à bien prouver l'efficacité de cette technique dans le cadre de combinaison d'arbres de décision. L'idée de base est d'entraîner un algorithme d'apprentissage élémentaire sur plusieurs bases d'apprentissage obtenues par tirage avec remise.

3.2.5.3 Bootstrap

Soit N un ensemble de donnée, le bootstrap de cet ensemble N correspond à l'ensemble des données obtenues par un tirage aléatoire et avec remise de n fois des éléments de N .

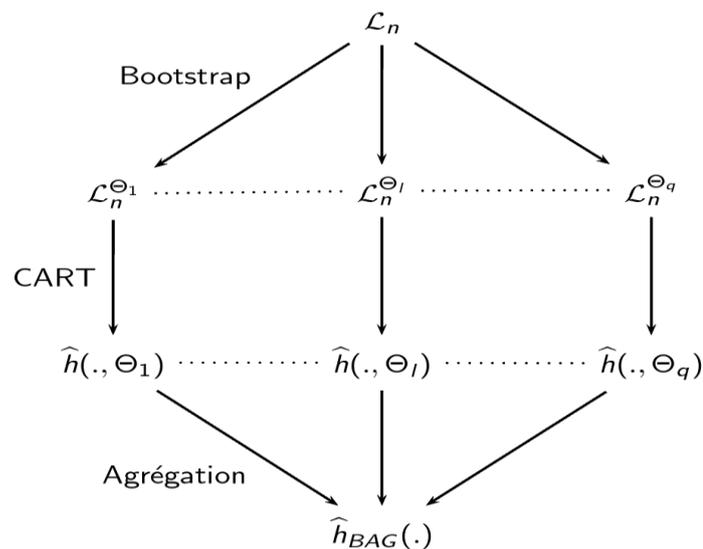


Figure 3.5 : Schéma du Bagging avec pour règle de base un arbre CART

3.2.5.4 Agrégation

Est un algorithme qui réalise un échantillonnage avec remplacement sur l'ensemble d'apprentissage ; Il est possible alors qu'une observation apparaît plusieurs fois dans un même échantillon (bag) et chaque bag contient environ 2/3 des observations de l'ensemble d'apprentissage et environ 1/3 des observations resteront en dehors du bag (out-of-bag ou OOB).

Dans le cas d'une classification, l'algorithme construit des centaines d'arbres décisionnels et les combine en un seul modèle et le résultat se fait par vote majoritaire mais en cas de régression, on considèrera la moyenne.

3.2.5.5 Forêts aléatoires de BREIMAN

Les forêts aléatoires de BREIMAN [43] sont une variante du Bagging[141] où la règle de décision est un arbre aléatoire. Les M arbres aléatoires $\hat{f}_1, \dots, \hat{f}_M$ sont construits sur des échantillons bootstrap D_n^1, \dots, D_n^M où les observations sont tirées aléatoirement (avec ou sans remise) dans D_n . Contrairement à la CART, à chaque nœud un petit nombre de variables est choisi aléatoirement pour déterminer la meilleure partition possible. Par défaut, chaque nœud contient un nombre de variables de \sqrt{p} pour la classification et de $p/3$ pour la régression.

Les arbres ainsi randomisés sont pleinement développés et ne sont pas élagués ce qui permet la construction d'une collection variée de classificateurs. L'estimateur final est donné par l'agrégation de ces estimateurs, soit le vote majoritaire dans le cas de la classification et la moyenne empirique pour la régression.

3.3 Evaluation des résultats de la pré-segmentation

Nous avons appliqué la méthode proposée, aux données IRM de 100 patients, de la base de données de challenge BRATS 2013, atteints de tumeurs cérébrales, avec la pathologie du Gliome Haut grade seulement ; la pathologie du Gliome bas grade, nous a servi de test de validation, pour notre approche. Ces images contiennent des tumeurs, de différentes tailles, intensités, formes et emplacements. Cela nous permet d'illustrer, le large champ d'application, de notre méthode.

La segmentation par superpixels est utilisée, pour faciliter les calculs. En effet, il est préférable, et plus rapide, de classer des superpixels (150 superpixels dans chaque image), que de classer des centaines de milliers de pixels. Cette méthode utilise, les informations de redondance de l'image, en se basant sur le principe de clustering, pour regrouper en superpixels, les pixels qui ont une distribution uniforme, et une limite régulière. Un vecteur de caractéristiques statistiques de HARALICK [123], et des caractéristiques multifractales, de GU and ZHOU [136], sont extraits, de chaque superpixels, de la base de données BRATS 2013, pour l'apprentissage du classificateur FA [43]. Le modèle FA est généré avec 100 arbres, et atteint une précision (accuracy) de 99% de reconnaissance, entre les superpixels tumoraux et les superpixels sains.

La raison du choix du modèle FA, est sa capacité à supporter un grand nombre de données, et aussi à gérer, les bases de données non équilibrées. Effectivement, le nombre de données de la classe "tumeur" est moins important, que celui de la classe "non tumeur".

La figure 3.6 présente les résultats obtenus par segmentation avec l’algorithme SLIC [58], et la classification par Foret aléatoire [43].

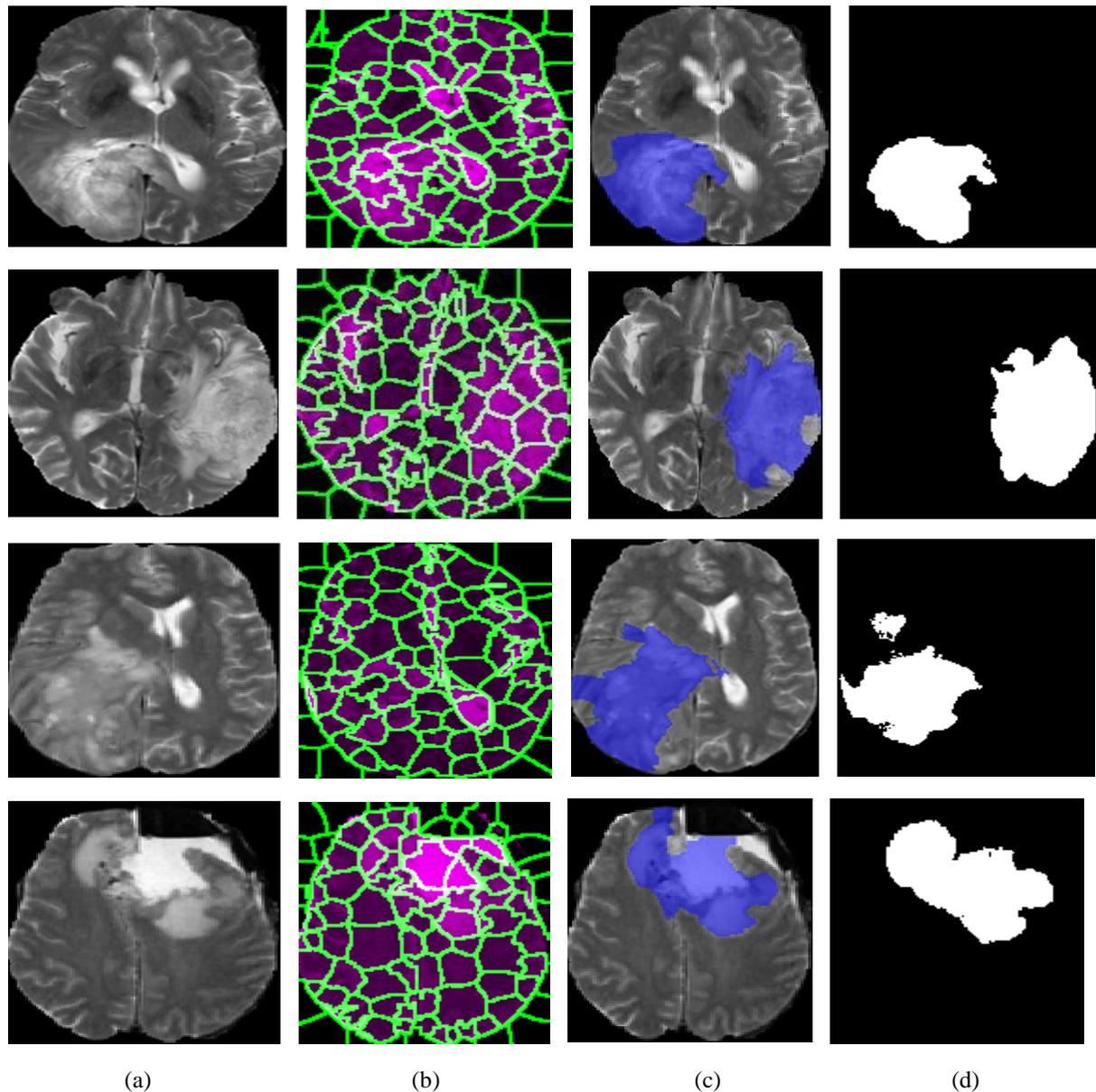


Figure 3.6 : Résultats de la pré-segmentation. Colonne (a) : images T2 du cerveau, colonne (b) : segmentation par SLIC, colonne (c) : classification par Foret aléatoire, et la colonne (d) représente la segmentation des experts BRATS.

3.4 Interprétation des résultats de la pré-segmentation

Les contours de la segmentation obtenus par superpixels correspondent aux contours de la tumeur (Gliome), mais dans certains cas, les contours peuvent inclure d’autres types de tissus. Les superpixels ont la capacité de séparer entre les régions homogènes, mais dans certains cas de structures complexes, ils peuvent mal séparer entre différents tissus (sain et

tumeur). Nous avons utilisé l'algorithme des forêts aléatoires introduit par LEO BREIMAN pour la classification des différents superpixels générés par l'algorithme de SLIC. Pour garantir une estimation non biaisée des résultats de classement obtenus par la méthode présentée, le jeu de données initial a été divisé en deux ensembles soit 2/3 pour l'ensemble d'apprentissage et 1/3 pour l'ensemble de test par un tirage aléatoire sans remise de la classe GHG. Un jeu de données indépendant de 120 observations a été utilisé pour construire l'estimateur (échantillon d'apprentissage), les 60 observations restantes sont donc réservées pour l'estimation de l'erreur de classement (échantillon test). La taille de notre forêt est fixée préalablement à l'exécution de la fonction. Chaque arbre est ainsi développé jusqu'à sa taille maximale, sans élagage. Nous définissons le nombre d'arbres ($nTrees=100$) dans notre forêt. La colonne (c) qui suit présente les résultats de la fusion des superpixels par notre forêt, 110 ROI sont détectées sur l'ensemble de 120 images. Les résultats obtenus en utilisant cet algorithme sont très prometteurs. Néanmoins, ils sont améliorés et affinés par l'étape de segmentation qui sera détaillée dans le chapitre qui suit.

Discussion

Dans la section de pré-segmentation, nous exécutons certaines étapes, qui sont nécessaires, pour la détection de la région tumorale, avant la segmentation.

Dans ce chapitre, nous avons montré que l'approche des superpixels, combinée avec l'apprentissage automatique, peut être très utile, dans le traitement de l'image cérébrale. Nous avons proposé une nouvelle méthode de segmentation cérébrale, qui repose sur les superpixels. Dans cette méthode, nous avons utilisé une combinaison de paramètres de texture, pour bien classer chaque superpixel, en tumeur ou non tumeur, et ainsi localiser la tumeur.

Nous avons proposé une nouvelle méthode, pour la détection des types de tumeurs (Gliome de Haut grade et Gliome de bas grade), dans les images T2. Cette approche peut être appliquée à d'autres types de tumeurs cérébrales, selon l'apprentissage effectué. Nous avons appliqué la méthode proposée, à 150 images T2, avec différentes tailles de gliome, à différents endroits, et avec différentes formes. Dans tous les cas, notre approche détecte correctement la tumeur. Les résultats ont montré la bonne détection de l'ensemble des tumeurs, pour l'ensemble des classifications. Cependant, le résultat obtenu, nécessite une autre étape de raffinement et de correction, des contours obtenus pour les tumeurs. Nous avons surmonté cet inconvénient, par l'application de l'algorithme de marche aléatoire. Désormais, le système peut utiliser les images traitées, et les informations extraites, pour segmenter la tumeur. Dans le chapitre suivant, nous

proposons une nouvelle méthode, pour la segmentation des gliomes cérébraux, en utilisant les informations de région, et de frontière.

CHAPITRE 4

SYSTEME D`AIDE AU DIAGNOSTIC (CAD) :

SEGMENTATION ET CLASSIFICATION DES TUMEURS

CEREBRALES

La deuxième partie de notre approche est la segmentation. L'entrée se compose des images déjà pré-segmentées (la région d'intérêt est détectée et segmentée). Comme nous l'avons vu au chapitre 3, les approches régions, exploitent uniquement les informations locales, pour chaque voxel, et n'intègrent pas la forme globale, et les contraintes aux limites. Mais, elles ont un haut niveau d'automatisation. D'autre part, les approches contours ont comme difficulté, contours non fermés, sensibilisation au bruit, ..., et l'ajustement des paramètres, pour les contours mal définis. Mais, ils accomplissent une bonne segmentation, aux limites des objets. Dans ce chapitre, nous proposons une nouvelle approche hybride, qui profite des avantages des deux grandes approches, contour et région. Le chapitre 3 a servi à la détection, et à la localisation approximative de la tumeur, automatiquement. Cela ne fournit pas une estimation précise de ses limites, nous proposons donc une étape de raffinement, qui sera présentée dans ce chapitre. Ceci est réalisé grâce à l'algorithme, basé sur la théorie des graphes de GRADY [70].

4.1 Segmentation de la tumeur cérébrale

Les algorithmes, basés sur des graphiques, traitent l'image, comme un graphique, avec des nœuds et des arêtes. Les nœuds sont les pixels, et les arêtes indiquent les connexions, entre deux nœuds, avec un poids qui décrit la relation entre les nœuds relatifs. Parmi ces algorithmes les plus connus, on peut citer la coupe de graphe (Graph Cut (GC)) [142], et la marche aléatoire [115]. Leur fonctionnement est basé, sur l'étiquetage des pixels (appelés germes) de l'objet à segmenter, et de son arrière-plan.

La MA considère la fonction de segmentation, comme un « marcheur » aléatoire, marchant à partir de chacun des nœuds non étiquetés, et se déplaçant aléatoirement, le long des arêtes pondérées, jusqu'à ce qu'il atteigne les germes. La probabilité de chaque type de germe, auquel chaque nœud envoie un marcheur aléatoire, peut être calculée analytiquement, en résolvant un système d'équations linéaires avec la matrice Laplacienne

graphique via la minimisation de l'intégrale de DIRICHLET [71], qui permet à l'algorithme de la marche aléatoire de résoudre les tâches de segmentation objective multi-étiquetées. Cependant, la robustesse et la précision de cette méthode dépend de l'emplacements des germes, car les variations des conditions aux limites entraînent des fonctions différentes.

Par ailleurs, certains chercheurs ont exploité, et modifié l'algorithme de la MA. COLLINS et al. [143] ont introduit le terme de lissage (smooth), basé sur la distance euclidienne normalisée, des informations d'intensité. KIM et al. [144] ont également proposé un marcheur aléatoire, avec une probabilité de redémarrage (RWR), qui signifie que le marcheur aléatoire, reviendra au nœud de départ, avec une probabilité à chaque pas, puis se dirigera vers les autres nœuds adjacents. SHEN et al. [145] ont développé la marche aléatoire « lazy marche aléatoire (LRW) », pour la génération des superpixels. Le marcheur aléatoire restera au nœud actuel, ou sortira le long des arêtes, qui lui sont connectés. Un autre algorithme similaire, appelé marche aléatoire partiellement absorbante (partially absorbing marche aléatoire (PARW)), a été proposé par WU et al. [146]. DONG et al. [147] ont proposé un algorithme de MA sous-markovien (subRW), qui peut être interprété, comme un marcheur aléatoire traditionnel sur un graphe, avec des nœuds auxiliaires ajoutés.

4.1.1 Algorithme de la marche aléatoire

L'algorithme de MA [70] est une chaîne finie de Markov, réversible dans le temps. Il est défini comme un mouvement aléatoire discret, dans lequel une particule se déplace répétitivement, à une distance fixe, dans les directions est, ouest, nord ou sud. La méthode a été utilisée dans différents domaines, comme en vision par ordinateur, pour la discrimination de textures [148]. Elle a été aussi appliquée, pour résoudre d'autres problèmes de traitement d'images, tels que le filtrage et le débruitage d'images, par SUN et al. [149], SZCZEPANSKI et al. [150]. Essentiellement, la MA est souvent utilisée, pour la segmentation d'images médicales, et appliquée dans différentes modalités, par GRADY [70], et dans les images IRM cérébrales, par KANAS et al. [149], pour la segmentation des tumeurs cérébrales. Elle a aussi été utilisée pour la segmentation des images 3D CT-scans du foie [150].

Les étapes de l'algorithme sont les suivants [70]:

(i). L'image est représentée par le graphe $G = (V, E)$, pondéré et non orienté, $= \{v_1, \dots, v_{N_1}\}$, avec N_1 l'ensemble des sommets, correspondant aux pixels de l'image, et E l'ensemble des arêtes, reliant les sommets v_x et v_y , à condition qu'ils soient voisins.

La figure 4.1 donne une représentation d'une image par un graphe.

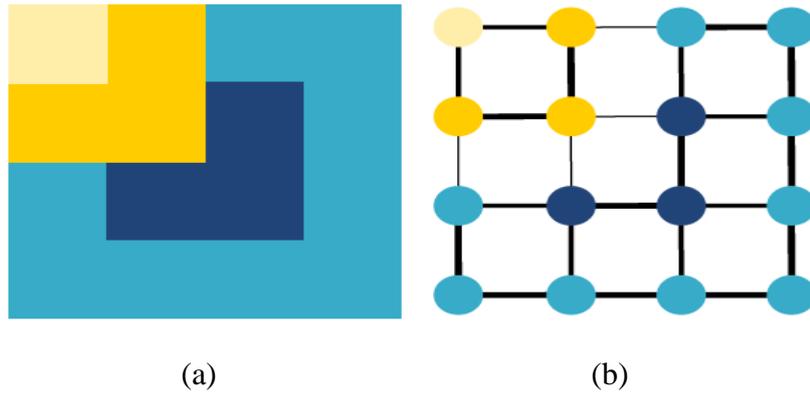


Figure 4.1 : Exemple de représentation d'image en graphe. (a) : Image couleur 4X 4 pixels. (b) : Graphe construit à partir de l'image.

Nous considérons dans la figure 4.1 que les pixels sont voisins au sens du 4-voisinage. L'épaisseur des arêtes est proportionnelle au degré de similarité entre les pixels.

On attribue le poids W_{xy} à l'arrête e_{xy} qui relie le pixel x au pixel y selon la relation suivante.

$$W_{xy} = \exp(-\beta \cdot (u(x) - u(y))^2) \quad (4-1)$$

Avec β : paramètre de poids (Paramètre libre de l'algorithme) ;
 et $u(x)$ et $u(y)$: intensités respectives, du pixel x et du pixel y .

(ii). L'utilisateur doit interagir, et indiquer quelques germes. En général, les germes sont produits de manière interactive, par l'utilisateur. Le but de l'algorithme de MA, est de calculer les probabilités, de chaque nœud non marqué. Le nœud, avec la plus grande probabilité, sera ajouté à l'objet.

(iii). Résoudre un système linéaire d'équations, pour la probabilité des nœuds non marqués, par un système d'équations de Laplace, avec des conditions aux limites internes de DIRICHLET (discret version of weighted Dirichlet integral) [71].

$$D[x] = \frac{1}{2} X^T L X \quad (4-2)$$

Avec X : vecteur contenant les indices de tous les pixels, et L : matrice du laplacien.

$$L_{xy} \begin{cases} dx & \text{Si } x = y \\ -W_{xy} & \text{Si } x, y \text{ sont des noeuds adjacents} \\ 0 & \text{Sinon} \end{cases} \quad (4-3)$$

$dx = \sum_y W_{xy}$: est le degré d'un pixel x , qui compte le nombre d'arêtes e_{xy} reliant les pixels x et y . Tous les nœuds V sont divisés en deux groupes, un groupe marqué V_M , et un autre non marqué V_U .

La fonction d'énergie est reformulée comme suit :

$$\begin{aligned} D[X_U] &= \frac{1}{2} [X_M^T X_U^T] \begin{bmatrix} L_M & B \\ B^T & L_U \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_M \\ X_U \end{bmatrix} \\ &= \frac{1}{2} (X_M^T L_M X_M + 2X_U^T B^T X_M + X_U^T L_U X_U) \end{aligned} \quad (4-4)$$

- X_M, X_U : Probabilités des nœuds, marqués et non marqués.
- V_M, V_U : Nœuds des germes, marqués et non marqués
- L_M, L_U : Dépendance entre V_M, V_U .
- B, B^T : Relation entre les pixels marqués, et non marqués (décrivent le couplage entre les pixels marqués et non marqués).

(iv). Résoudre le système d'équation

$$L_U X_U = -B^T X_M \quad (4-5)$$

Finalement, afin d'atteindre le germe, avec le label K du pixel x , une probabilité $p^k(x)$ est attribuée à chaque pixel x ou $p^k(x) = X_i^k$ et $\sum_k^K p^k(x) = 1$.

4.1.2 Génération automatique des germes

Nous avons appliqué l'algorithme de MA, sur le résultat de la méthode précédente des superpixels. Nous avons combiné, une série d'opérations morphologiques et de seuillage, pour obtenir les germes adéquats et optimaux, pour atteindre un meilleur résultat de la segmentation de la tumeur.

Nous avons appliqué un seuillage sur l'image initiale d'entrée, qui va aider à trouver les pixels candidats, pouvant appartenir à la tumeur. La figure 4.2 présente les différentes étapes de génération des germes, pour la segmentation par marche aléatoire.

Les germes de la tumeur T_S , et les germes de fond B_S , peuvent être définis, par les équations suivantes :

$$T_S = Superp \ominus B_{Erosion} \quad (4-6)$$

- \ominus opération d'érosion ;
- T_S : germes de la tumeur ;
- $Superp$: ROI résultant de la méthode de spré-egmentation, par SLIC et Foret aléatoire ;
- $B_{Erosion}$: élément structurant disque pour l'érosion.

Les germes de la tumeur T_S sont obtenus, en effectuant une opération d'érosion, afin de mieux raffiner les contours, par la Marche aléatoire (équation 4.6).

Après avoir estimé les germes de la tumeur, l'image original est seuillé par $I_{Thresholded}$ pour déterminer des « pixels candidats », appelés C_P . Cette étape va permettre d'éliminer plus de candidats qui n'appartiennent pas à la tumeur.

$$B_S = not[(Superp \oplus B_{Dilatation}) + I_{Thresholded}] \oplus (Superp \ominus B_{Erosion}) \quad (4-7)$$

$B_{Dilatation}$: Elément structurant disque, pour la dilatation du résultat de la ROI ;

$I_{Thresholded}$: Représente le résultat du seuillage de l'image originale, par le seuil T, donné par l'expression suivante : pour déterminer des « pixels candidats », appelés CP, pour

$$T = (Intensity Max - Intensity Min)/3 \quad (4-8)$$

Nous pouvons donc déduire, les pixels candidats (C_P), susceptibles d'appartenir à la tumeur. L'algorithme de MA, va attribuer à chaque pixel, une probabilité. Chaque pixel (C_P), avec la plus grande probabilité $p^k(C_P)$, lui sera attribué le germe de la classe K , pour obtenir une segmentation finale.

$$C_P = ((Superp \oplus B_{Dilatation}) OR I_{Seuillage}) XOR (Superp \ominus B_{Erosion}) \quad (4-9)$$

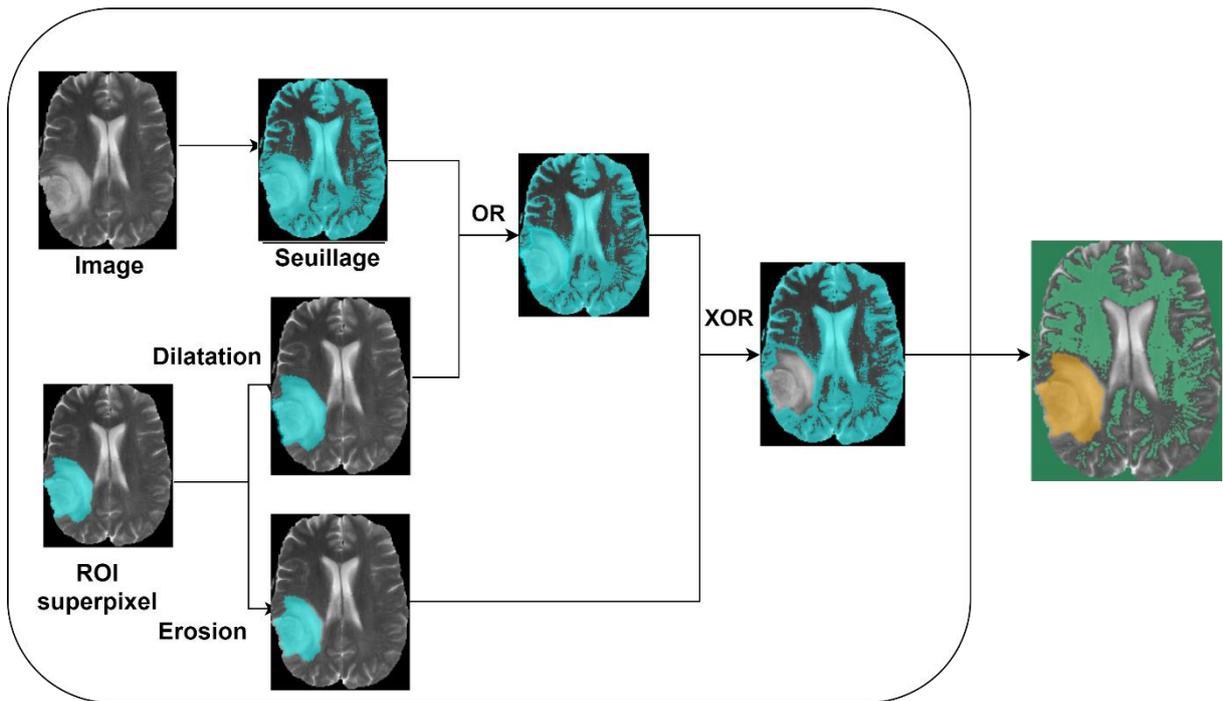


Figure 4.2 : Génération automatique des germes. La surface jaune représente les germes de la tumeur et le vert représente les germes du fond.

4.2 Evaluation de la segmentation de la tumeur :

Plusieurs méthodes ont été développées pour valider la qualité d'une segmentation, et de la classification. Nous avons calculé les métriques de mesures, les plus utilisées dans la littérature, pour la segmentation des tumeurs [151]. Parmi ces paramètres l'indice de similarité de Dice (Dice similarity coefficient (DSC), la sensibilité (Sensitivity), et la spécificité (Specificity). Toutes les métriques de mesure, sont évaluées par rapport à la base de données BRATS 2013.

Soit S_a le résultat de la segmentation automatique, et S_m la segmentation des experts. l'indice de similarité de Dice est donnée par la relation :

$$DSC = \frac{2|S_a \cap S_m|}{|S_a| + |S_m|} \quad (4-10)$$

La sensibilité de délimitation (SENS), et la spécificité de délimitation (SPEC), sont décrites ci-dessous :

$$SENS = \frac{|S_a \cap S_m|}{|S_a|} \quad (4-11)$$

$$SPEC = 1 - \frac{|S_a \cap S_m|}{|I - S_m|} \quad (4-12)$$

I : représente toute l'image.

Nous avons constaté, dans le chapitre 3, que les contours de la plupart des images, pouvaient inclure d'autres types de tissus, ou bien les limites ne sont pas précises. Les superpixels ont la capacité de séparer, entre les régions homogènes, mais, dans certains cas de structures complexes, ils peuvent mal séparer, entre différents tissus (sains et tumoraux).

Nous avons surmonté cet inconvénient, par l'application de l'algorithme de la MA. Après l'étape de détection de la région d'intérêt ROI (considérée comme étape de pré-segmentation), nous appliquons une succession de traitements, afin de générer les germes adéquats, pour l'amélioration des résultats de la segmentation. Le tableau 4.1 illustre les performances de *DSC*, calculé sur les différentes étapes du traitement, à savoir l'étape de pré-segmentation, et l'étape de segmentation par MA. Les résultats présentés sont calculés sur un ensemble de 20 sujets, en utilisant deux seuils différents, le T_1 et le T_2 , pour la génération automatique des germes de la MA.

Les valeurs des seuils sont obtenues par ces deux équations :

$$T_1 = (Intensity Max - Intensity Min)/2. \quad (4-13)$$

$$T_2 = (Intensity Max - Intensity Min)/3. \quad (4-14)$$

Tableau 4.1 : Resultats des différentes étapes du traitements de 20 patients, de la base de données BRATS 2013, DSC SLIC : indice de similarité de Dice de la méthode SLIC, DSC MA_t1 : indice de similarité de Dice de la méthode SLIC et MA avec un seuil T_1 , et DSC MA_t2 : indice de similarité de Dice de la méthode SLIC et MA, avec un seuil T_2 .

Image	DSC SLIC	DSC MA_t1	DSC MA_t2
1	0,822	0,864	0,947
2	0,911	0,916	0,943
3	0,794	0,859	0,95
4	0,868	0,889	0,923
5	0,888	0,896	0,92
6	0,891	0,856	0,913
7	0,863	0,885	0,911
8	0,821	0,8	0,911
9	0,887	0,815	0,91
10	0,808	0,667	0,91
11	0,799	0,842	0,92
12	0,875	0,782	0,932
13	0,94	0,937	0,935
14	0,732	0,918	0,939
15	0,84	0,886	0,945
16	0,852	0,888	0,941
17	0,903	0,899	0,94
18	0,849	0,874	0,918
19	0,902	0,944	0,933
20	0,878	0,875	0,922
Moyenne	0,856	0,865	0,928

Les résultats de la segmentation par superpixel présentent les plus mauvais résultats de l'indice de similarité de Dice (DSC), comparativement avec l'algorithme de MA, qui obtient un meilleur résultat avec le seuil T_2 , par rapport au seuil T_1 .

En utilisant le seuil T_2 , on a pu générer les meilleurs germes potentiels pour la segmentation de la tumeur entière. La méthode de segmentation de MA a considérablement amélioré les résultats obtenus par SLIC, et le choix du seuil utilisé dans l'étape de génération des germes est un facteur qui influe sur le résultat de la segmentation proposée. Pour plus de clairvoyance, nous avons sélectionné quelques images de la base de données BRATS 2013, pour afficher nos résultats de segmentation.

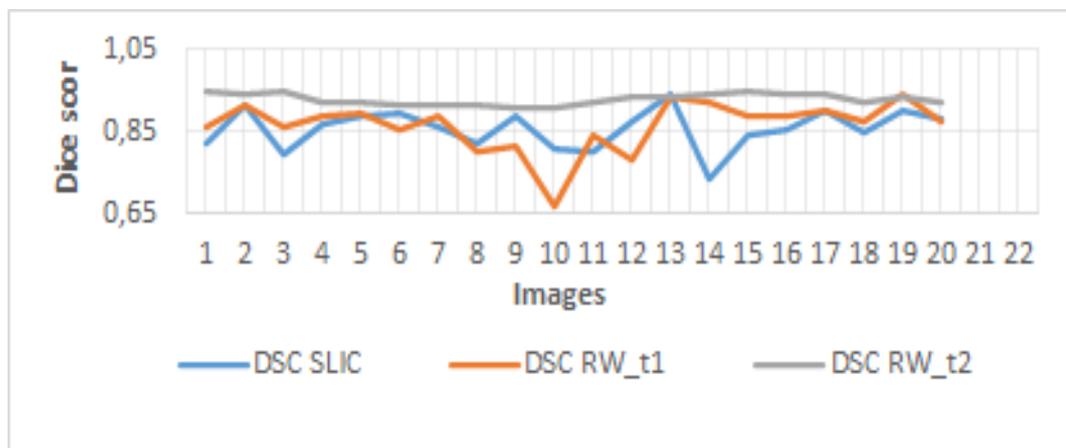


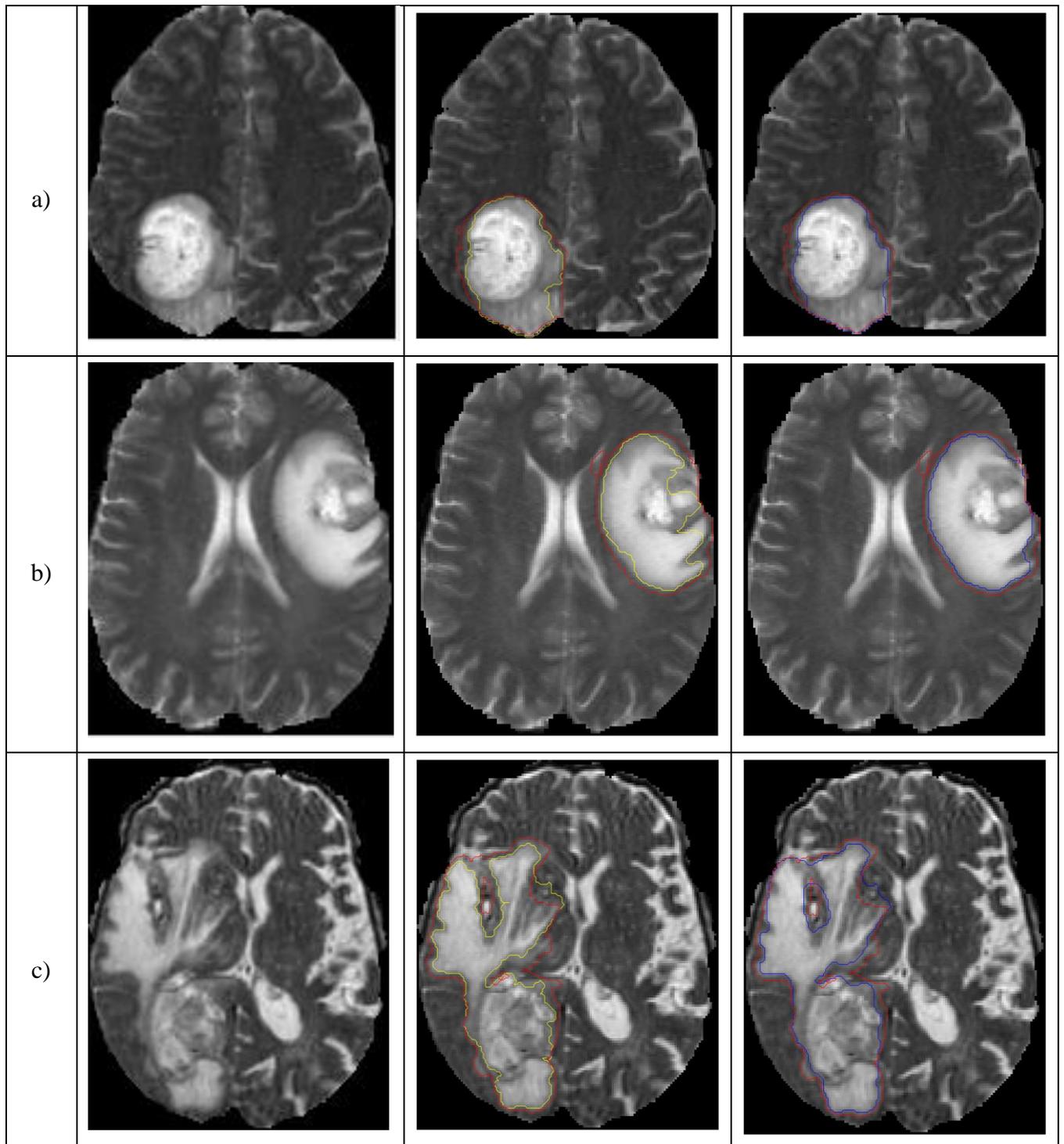
Figure 4.3 : Représentation graphique des différentes étapes du traitement de 20 patients de la base de données BRATS 2013 avec DSC des méthodes SLIC, et SLIC-MA, avec un seuil T_1 , et un seuil T_2 .

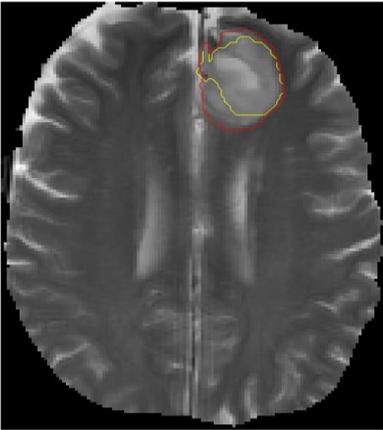
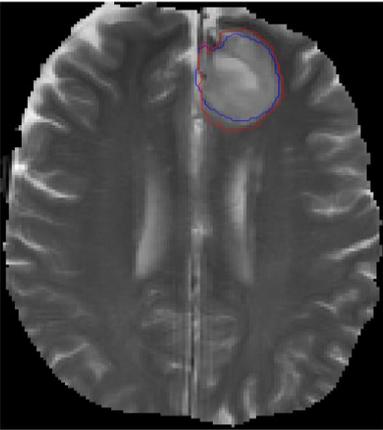
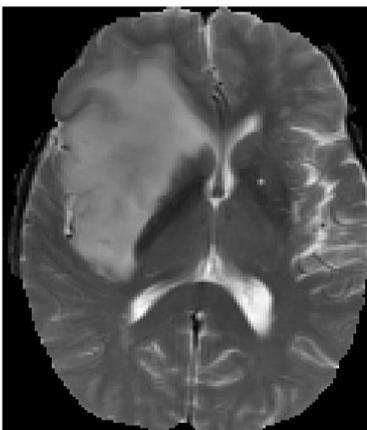
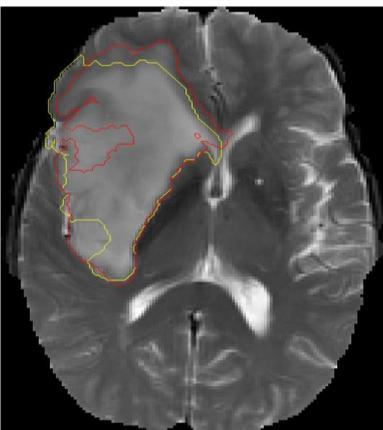
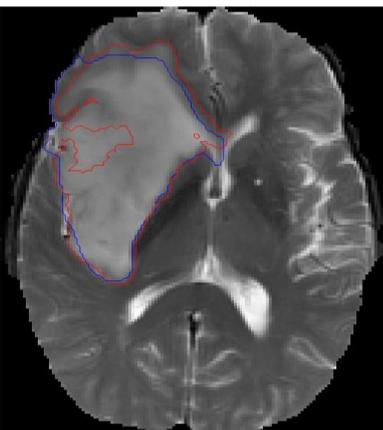
La figure 4.3 représente les résultats de segmentation, de la tumeur entière, avec les différents processus de la méthode proposée. Les résultats, de la segmentation par superpixels, présente les plus mauvais résultats, de l'indice de similarité de Dice (DSC), comparativement avec l'algorithme de MA, qui obtient un meilleur résultat, avec le seuil T_2 , par rapport au seuil T_1 .

En utilisant le seuil T_2 , on a pu générer les meilleurs germes potentiels, pour la segmentation de la tumeur entière. La méthode de segmentation par MA, a considérablement amélioré les résultats obtenus par SLIC, et le choix du seuil utilisé, dans l'étape de génération des germes, est un facteur, qui influe sur le résultat de la segmentation proposée. Pour plus de clairvoyance, nous avons sélectionné, quelques images de la base de données BRATS 2013, pour afficher nos résultats de segmentation. La figure 4.4 présente les résultats de la segmentation, de notre méthode hybride, dans ses deux principales étapes :

- Etape de détection de la tumeur par SLIC.

- Etape de segmentation par MA.



d)			
e)			
	(1)	(2)	(3)
<p>Figure 4.4 : Résultats de segmentation d` images T2 de la base de données MICCAI BRATS 2013. Lignes (a) (b) (c) : de haut grade (glioblastome), lignes (d) (e) : tumeurs de bas grade (glioblastome), colonne (2) résultats de la segmentation par SLIC, colonne (3) résultats obtenus par notre méthode. (Les contours bleus correspondent à la segmentation automatique, et les contours rouges à celle des experts).</p>			

4.3 Interprétation des résultats

Le contour rouge, sur les colonnes (2) et (3) de la figure 4.4, représente la segmentation des experts radiologues, alors que le contour en bleu, dans la colonne (2) de la figure 4.4, représente le résultat de segmentation par SLIC. Les résultats de l`algorithme SLIC-MA, sont présentés dans la colonne (3) de la figure 4.4. D`après les résultats obtenus, nous pouvons remarquer, que les résultats obtenus par notre méthode, sont très proches de ceux, obtenus par les experts. Nous pouvons déduire que l`apport de l`algorithme SLIC-MA est très significatif, pour suivre l`évolution des limites du gliome. Les valeurs maximums des indices de dice, sensibilité et spécificité, pour la segmentation de la tumeur entière, du gliome de haut grade

(HGG), sont respectivement, de 0.95, 0.98 et 0.96. Les résultats sont évalués, par rapport à la vérité terrain.

A ce jour ,il n'existe pas de méthode parfaite de référence, pour la comparaison des résultats ; cependant, on a choisi des travaux récents, tels que [152], [153], pour la comparaison de nos résultats de segmentation des GBG

Tableau 4.2: Résultats de la segmentation proposée en termes de Dice, de sensibilité et de spécificité sur le gliome de bas grade (GBG) MICCAI BRATS 2013.

Travaux	Grade	DSC	SENS	SPEC
Pereiraet al. [53]	GBG	0,65	0,54	0,86
Vaidhya [153]	GBG	0.72	-	-
Notre approche	GBG	0,73	0,98	0,69

Le tableau 4.2 représente, les résultats de validation de notre méthode, pour la segmentation du gliome de bas grade (LGG). Mais, pour le modèle du classificateur « random forest », nous avons utilisé une base d'apprentissage, constituée principalement, d'images de gliomes de haut grade (2/3 des images correspondent à des gliomes de haut grade). En d'autres termes, nous avons utilisé le modèle « random forest » des GHG, pour la segmentation, et la détection précoce, des GBG, ainsi que la segmentation des GHG. On a opté pour ce choix, du fait que, le nombre d'images des GBG est toujours inférieur, à celui des GHG, pour cause que les patients atteint de ce genre de tumeur, ne présentent aucun symptôme clinique. Nous avons donc pensé à construire, un modèle puissant, entraîné seulement sur les images des GHG.

Les résultats obtenus sur le tableau 4.2, confirment l'efficacité de la segmentation, par la méthode proposée, pour détecter et segmenter les gliomes, du grade II, au grade IV. La moyenne du DSC, pour la segmentation des (GBG), est de 0,73, alors celles de la sensibilité et de la spécificité, sont de 0,98 et 0,69, respectivement. [53] ont utilisé les réseaux de neurones convolutifs (CNN), pour la segmentation des gliomes de la base de données 2013, en concevant une architecture profonde (Deeper architecture), avec un petit noyau (kernel) de 3x3, avec comme nouveauté, l'introduction d'une normalisation de l'intensité, comme prétraitement, avant l'utilisation des CNN. PEREIR et al. [53] ont obtenu la seconde place, dans le challenge

de BRATS 2015, et ont surpassé les résultats de la première place, de brats2013, avec un DSC égale à 0,88 pour la segmentation de la tumor pour les GHG et un DSC de 0,65 pour les GBG.

VAIDHYA et al. [153] Ont utilisé les réseaux de neurones convolutifs (CNN), et ont atteint des résultats meilleurs, que ceux de [53], avec un DSC égal à 0,72.

Le tableau 3, résume les résultats de la segmentation des gliomes, de bas grade cité. Nous pouvons voir, que nos résultats dépassent, ceux de PEREIRA et al. [53], avec un résultat de 0,73.

Nous avons aussi comparé, l'ensemble de nos résultats, à quelques méthodes récentes, de l'état de l'art Le tableau 4.3 regroupe les résultats de segmentation.

Tableau 4.3 : Comparaison des résultats de segmentation, avec quelques méthodes, utilisant les données BRATS 2013.

Travaux	Description	DSC
Zaho [154]	MRF+Supapixel	0,84
Cordier et al. [155]	Patch-based Segmentation	0,84
Resa et al.[156]	FA +paramètres de texture	0,83
Vaidhya et al.[153]	CNN	0,81
Hvaei et al.[157]	Input cascade CNN	0,92
Soltaninejad et al.[60]	FA and multimodel superpixel	0,89
Lefkovits et al.[158]	Optimized FA	0,82
Notre approche	Supapixel+FA+MA	0,84

Les résultats obtenus sont assez prometteurs, comparés aux travaux présentés sur le tableau 4.3 Les performances, de notre système de détection, et de segmentation automatique, des gliomes, peuvent être améliorées, en exploitant d'autres modalités de l'IRM, comme la modalité T1 et la modalité Flair, comme cela a été fait par SOLTANINEJAD et al. [60]. Ces auteurs ont réalisé un meilleur résultat, mais pour notre cas, nous avons exploité le potentiel d'une seule modalité T2, de l'image IRM. D'autre part, ils ont travaillé sur tout le volume de la tumeur, pour utiliser plus de données sur la tumeur, et pour enrichir leur méthode.

4.4 Diagnostic du type de tumeur

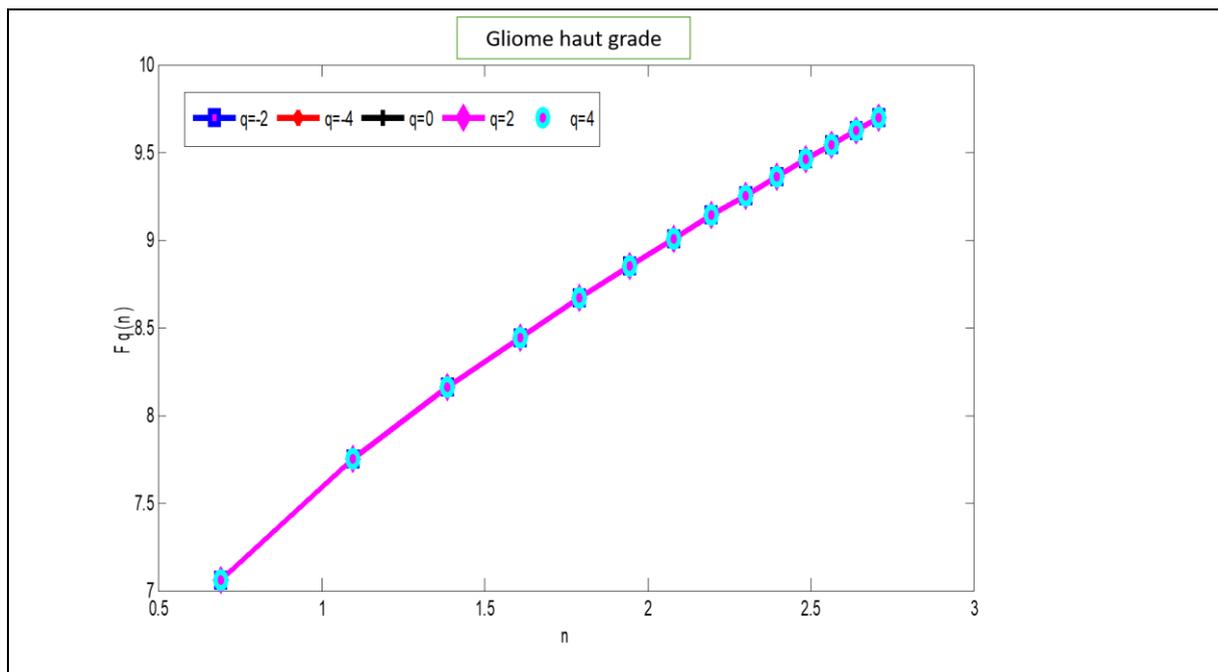
Nous distinguons deux types principaux de tumeurs, les GHG et GBG. L'identification du type de tumeur, est basée sur le résultat de la segmentation obtenue, et sur les paramètres calculés, sur chaque tumeur.

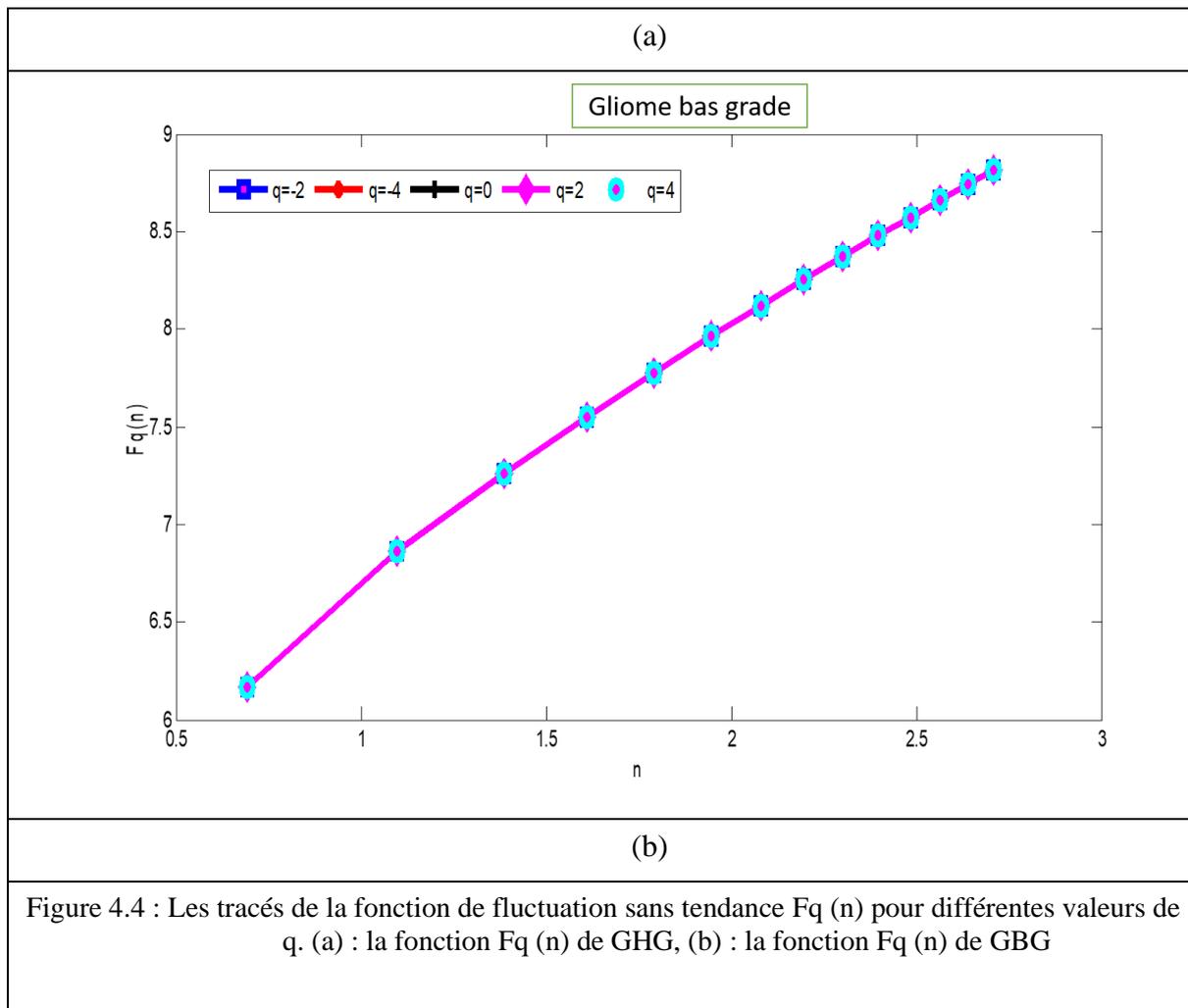
4.4.1 Extraction des paramètres pour le diagnostic du type de tumeur

Nous avons appliqué le formalisme multifractal, de la méthode « Multifractal Detrending Moving Average » (MF-DMA)[136], sur la base de données BRATS 2013, et les paramètres statistiques de Haralick[123], pour l'apprentissage du classifieur de forêt aléatoire, et aboutir au diagnostic, qui est GHG ou GBG. On a extrait les paramètres multifractales suivants :

- F_q : fonction de fluctuation globale ;
- $\tau(q)$: l'exposant d'échelle ;
- $\alpha(q)$: La fonction de la force de singularité ;
- $f(q)$: spectre multifractale.

Ces paramètres, nous ont permis d'étudier leur efficacité, à séparer les gliomes haut grade, des gliomes bas grade. La figure 4.5 illustre la dépendance, de la fonction de fluctuation $F_q(n)$ en fonction de l'échelle n , pour différentes valeurs de q , identifiées par différents symboles, pour les tumeurs de haut grade, et les tumeurs de bas grade.





Les lignes droites sont les meilleurs ajustements aux données. On remarque que les lignes ne sont pas parfaitement droites, ce qui confirme l'autosimilarité partielle des images IRM. Les pentes des lignes droites, dans la figure 4.4, donnent les estimations de $h(q)$ et la fonction $\tau(q)$ peut être calculée en conséquence.

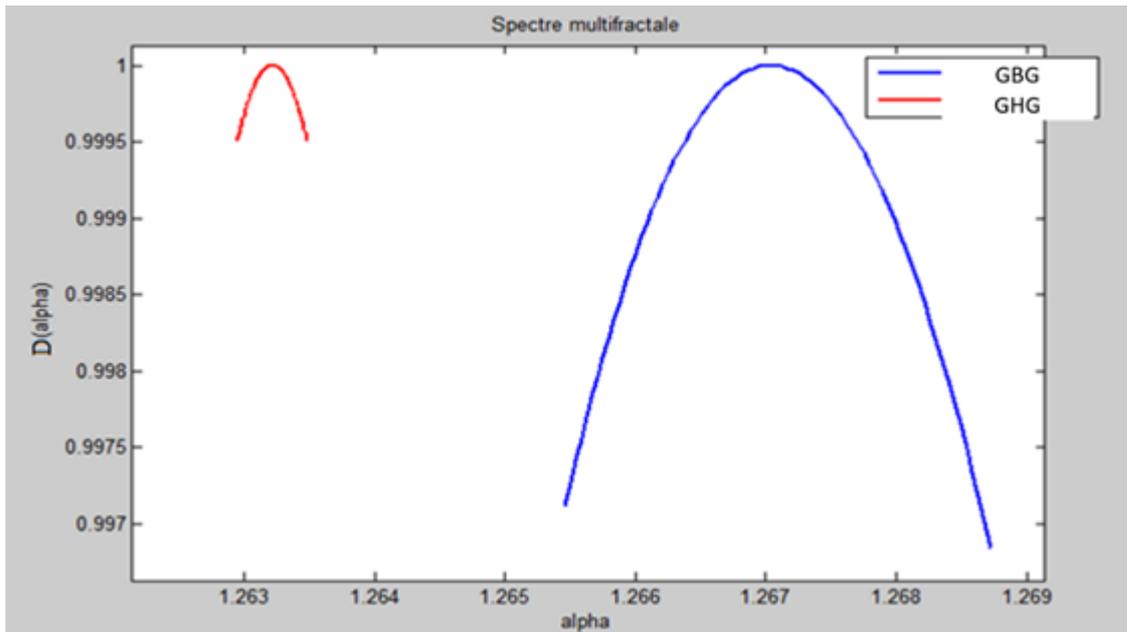


Figure 4.5 : Représentation du spectre multifractal $D(\alpha)$, qui caractérise la multifractalité des images. En bleu, gliome bas grade, en rouge, gliome haut grade.

Interprétation

La figure 4.5 est la représentation graphique du spectre multifractal $D(\alpha)$, des différents paramètres, extrait sur les superpixels des deux grades de gliome. Nous observons une grande différence, entre les paramètres du spectre multifractal, d'une tumeur, de grade II (GBG) et de grade IV (GHG), ce qui prouve l'efficacité de ce paramètre, à caractériser les deux types de grade.

Une comparaison, entre la dimension multifractale, calculée pour 17 cas de GHG, et de 17 cas GBG, est illustrée, respectivement par la figure 4.6.

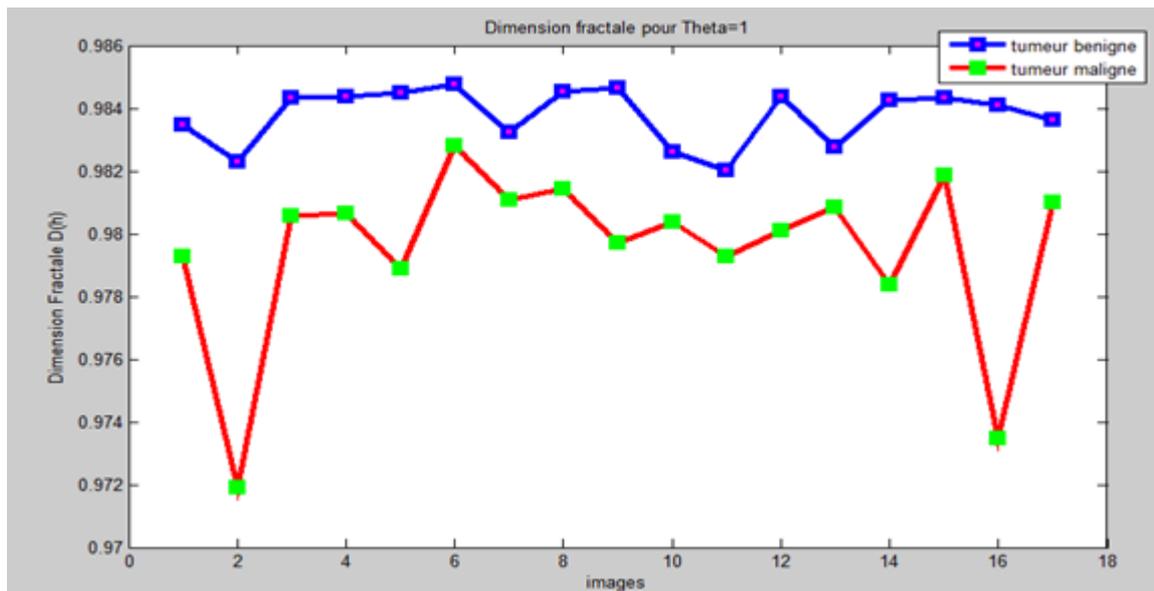


Figure 4.6 : Représentation de la dimension multifractale. En bleu, gliome de bas grade, en rouge, gliome de haut grade.

On remarque, à partir de la figure 4.6, que l'écart, entre la dimension fractale, des tumeurs de haut grade, et celle des tumeurs de bas grade, est assez pertinent, ce qui fait donc, que l'on peut distinguer facilement, entre les deux grades.

D'après les représentations réalisées, des paramètres multifractals de la fonction de fluctuation globale (Figure 4.4), du spectre multifractal (Figure 4.5), et de la dimension multifractal (Figure 4.6), on peut dire, que ces résultats sont significatifs, pour la distinction entre les deux grades, et leurs utilisations dans l'étapes de diagnostic sera bénéfique.

4.5 Résultats expérimentaux et discussion

Nous avons utilisé l'algorithme des forêts aléatoires qui utilise une distribution uniforme sur les arbres de la forêt dans le vote de majorité, les données initiales ont été répartir en deux ensembles dans les proportions 70% et 30% respectivement pour l'ensemble d'apprentissage et pour l'ensemble de test par un tirage aléatoire sans remise des données. Un jeu de données indépendant de 155 observations a été utilisé pour construire l'estimateur (échantillon d'apprentissage), les 70 observations restantes sont donc réservées pour l'estimation de l'erreur de classement (échantillon test). L'ensemble d'apprentissage est constitué de 120 cas de gliome haut grade et de 35 cas de gliome bas grade. Quant à l'ensemble de test, il est constitué de 60 cas de gliome haut grade et de 15 cas de gliome bas grade. La méthode de FA est alors appliquée sur le jeu d'apprentissage définit et un le nombre d'arbres ($nTrees=100$) dans notre forêt. Le taux de

classification ou la précision obtenue par ce modèle de FA est de 94 %, ce taux représente le pourcentage des exemples correctement classés.

La classification des gliomes avec un modèle ensembliste appelé FA nous a permis d'avoir un système performant pour la reconnaissance d'un sujet atteint de gliome de bas grade (Grade II) d'un sujet atteint de gliome de haut grade (Grade IV), nous avons implémenté l'algorithme des forêts aléatoires avec pour objectif de minimiser l'erreur et d'effectuer une meilleure classification. Les résultats obtenus en utilisant cet algorithme sont très prometteurs. Néanmoins, elles peuvent être améliorées par l'ajout d'un autre type de paramètre et l'ajout d'avantage de donnée, et sur tous la classe du gliome de bas grade (Grade II) qui est largement inférieure par rapport à la classe du GHG.

4.6 Application sous le logiciel Matlab

L'application contient une interface graphique d'utilisateur, et englobe une série de méthodes, pour le traitement des images IRMs, la détection, la segmentation et la classification des Gliomes. Cette application a été développée dans le cadre de la préparation du présent sujet de thèse de doctorat en génie biomédical. Elle est destinée à créer une interface facile à manipuler, pour l'utilisateur, afin de lui permettre de mieux visualiser, et de détecter les tumeurs du type gliome. L'interface graphique présentée dans la Figure 4.8, dispose de deux zones d'affichage. L'une, est consacrée à l'affichage des images en entrée (image originale), l'autre, permet la visualisation des résultats du prétraitement, de la segmentation et de la classification du niveau d'agressivité.

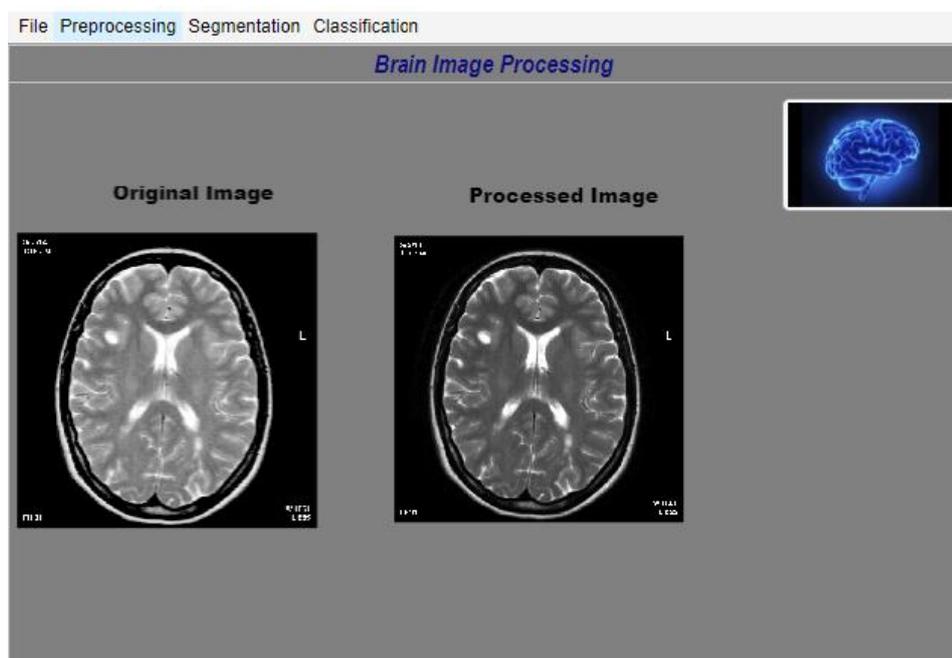


Figure 4.7 : Interface du système d'aide au diagnostic.

La barre de Menu se compose des cinq sous-menus suivants : Fichier, Prétraitement, Segmentation, Classification.

- **Fichier** : contient les applications suivantes (Figure 4.9) :
 - Ouvrir : Pour lire une nouvelle image.
 - Enregistrer : Pour enregistrer une image résultante.
 - Fermer : Pour fermer toute l'application.

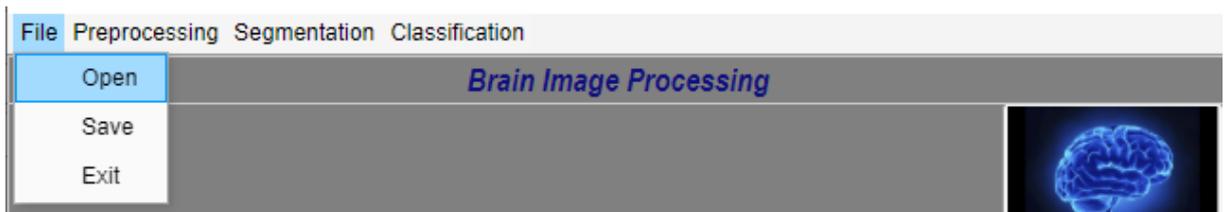


Figure 4.8 : Barre de menu de l'application

- **Prétraitement** : regroupe les prétraitements utilisés pour les images IRMs (figure 4.10).
 - Filtre Médian
 - Filtre Gaussien
 - Filtre de Weiner
 - Filtre Bilatéral
 - Isolation de cerveau
 - Suppression du LCR.
 - Egalisation d`histogramme.
 - Recalage.

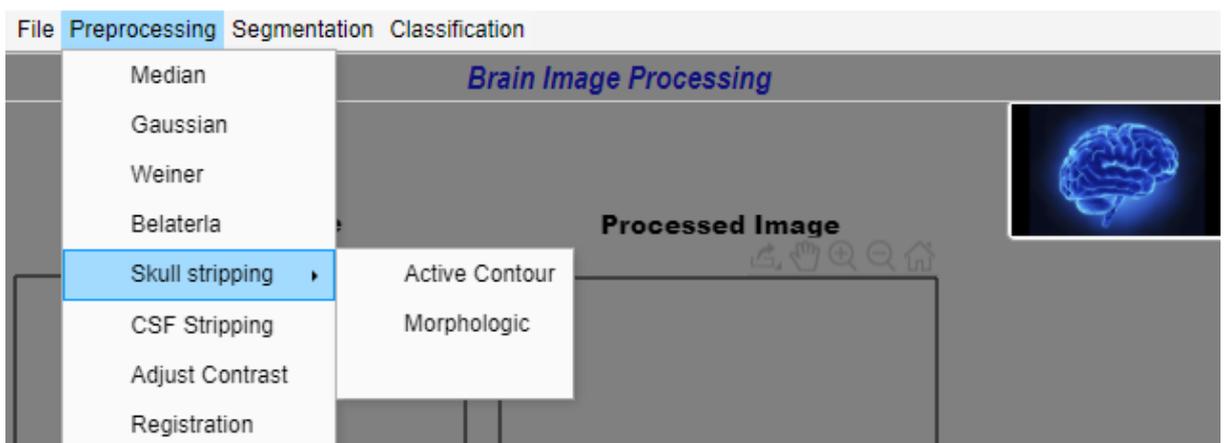


Figure 4.9 : Sous-menus du menu 'Prétraitement'.

- **Segmentation** : permet la segmentation automatique en 2D et en 3D, afin de bien visualiser les tumeurs (Figure 4.11).

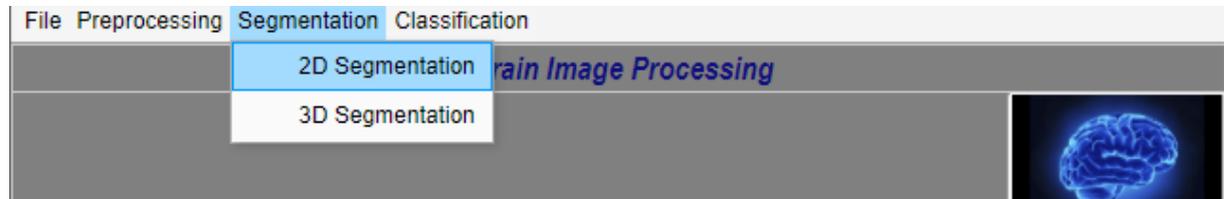


Figure 4.10 : Sous-menus du menu 'Segmentation'.

- **Classification** : permet de classer et de déterminer le niveau d'agressivité de la tumeur en grade IV (gliome haut grade) et grade II (gliome bas grade) (Figure 4.12).

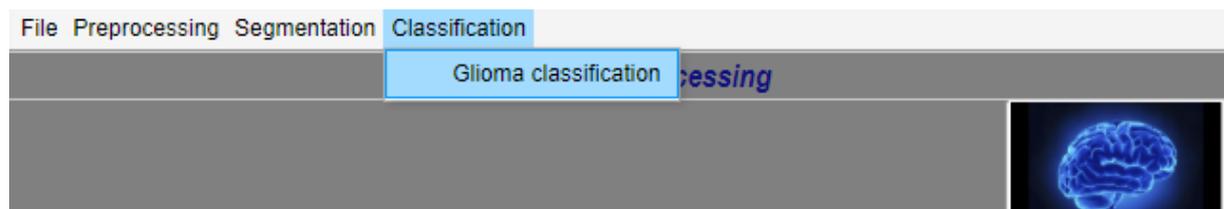


Figure 4.11 : Sous-menus du menu 'Classification'.

Discussion

Nous avons développé une méthode de segmentation hybride, qui utilise à la fois, les informations de la région, et celles de la frontière de l'image, pour segmenter la tumeur. Nous avons utilisé l'apprentissage automatique, pour détecter les tumeurs, et un algorithme de théorie des graphes, pour la segmentation et le raffinement. Ce travail montre que, l'apprentissage automatique est une fonction utile, pour la détection des tumeurs. Nous avons également présenté, une nouvelle approche de classification, des grades de la tumeur, basée sur un processus d'intégration, des informations de texture statistiques et multifractales, qui peut être utilisée dans les applications d'imagerie médicale. En comparaison avec d'autres méthodes, notre approche a certains avantages, tels que l'automatisation, et peut être généralisée, par rapport aux larges gammes de tumeurs. Nous prévoyons également, de l'appliquer à tout type d'images (Flair, PD, etc...), et de segmenter avec, les composants tumoraux, tels que l'œdème et la nécrose.

CONCLUSION

L'imagerie par résonance magnétique est, aujourd'hui, un outil puissant permettant l'observation in vivo de l'anatomie cérébrale. Utilisée en routine clinique, la multiplicité des pondérations d'acquisition permet aux médecins d'accéder à une information riche, abondante et particulièrement adaptée au diagnostic des tumeurs cérébrales.

Nous avons présenté dans ce document, les travaux, réalisés dans le cadre de l'aide au diagnostic médical, des gliomes de bas grade, et des gliomes de haut grade. Notre problématique se résume, en la classification d'images IRM, de patients atteints de tumeurs cérébrales : gliomes de bas grade et gliomes de haut grade.

La première partie de cette thèse, a été consacrée à la description du contexte clinique et scientifique de ce travail. Tout d'abord, on a détaillé les caractéristiques des tumeurs cérébrales, les enjeux de l'imagerie IRM, pour le diagnostic, le traitement, le suivi, la chirurgie, etc, des tumeurs. Après cela, un état de l'art des méthodes, utilisées dans la littérature, pour l'aide au diagnostic des tumeurs cérébrales, a été présenté.

La conception d'un système automatique d'aide au diagnostic (CAD), concerne l'application de différents choix méthodologiques, à différentes étapes, en passant par la segmentation (détection de la région d'intérêt), la définition des caractéristiques adéquates (ou features), le choix du classifieur, et du critère d'évaluation.

Les tumeurs cérébrales sont complexes à analyser, et il est alors difficile de les caractériser, et, à ce jour, il n'existe pas de description univoque, des images les représentant. De plus, elles sont très hétérogènes, et pour une pathologie donnée, plusieurs caractéristiques visuelles distinctes, peuvent être observées. Nous avons proposé, au travers de deux contributions, des méthodes performantes, d'aide au diagnostic, fournissant au praticien des outils quantitatifs, pour la détection, la segmentation et la classification des images analysées.

Les méthodes, basées régions, arrivent à segmentent les cas difficiles de tumeurs, avec un niveau élevé d'automatisation, mais elles présentent un inconvénient majeur, aux limites (contours) des tumeurs, en raison de l'effet de volume partiel. Ces techniques, souffrent parfois

d'une mauvaise classification, il est alors difficile d'avoir une région exacte de la tumeur. D'autre part, les méthodes, basées sur les contours, ont été proposées, pour résoudre ce problème, mais elles souffrent également des problèmes d'initialisation.

L'approche hybride proposée, tente de combiner ces deux types de méthodes, pour surmonter les problèmes sus-cités. Par exemple, une méthode basée sur la région, peut résoudre le problème de l'initialisation, d'une méthode, basée sur les contours. D'autre part, une méthode, basée sur les contours, est capable d'améliorer la qualité de la segmentation, à la frontière des objets.

La méthode hybride proposée comporte donc deux phases principales : la pré-segmentation, qui est effectuée par une méthode, basée sur la région, et la segmentation (raffinement), qui est effectuée par une méthode basée, sur les contours.

Notre première contribution réside dans la première phase de notre approche. Cela concerne la mise en place d'une approche automatique, pour la détection de la tumeur (pré-segmentation), par une décomposition en superpixels par SLIC, une extraction locale, une caractérisation, riche en informations, sur les tumeurs, et une approche de classification, par méthodes de forêt aléatoire de BREIMAN. En effet, nous avons montré que, l'approche de caractérisation, par les paramètres statistiques d'HARALICK, et les paramètres multifractals DMA, était performante, puisqu'elle nous a permis de détecter la quasi-totalité des tumeurs, de la base de données BRATS 2013.

L'algorithme SLIC nous a permis de regrouper rapidement les pixels de l'image, en superpixels, en se basant principalement, pour leur génération, sur l'homogénéité des intensités de ces derniers. Le résultat des contours, obtenu sur certaines images, n'est pas précis, et la décomposition en SLIC, n'offre pas souvent, une décomposition complète des parties des tumeurs.

La deuxième phase de la segmentation, affine la segmentation initiale, en utilisant un l'algorithme de Marche aléatoire (Random walk). Cette deuxième contribution, se résume en l'automatisation de la marche aléatoire, par la génération automatique des germes optimaux, pour la segmentation des tumeurs, Ces germes sont générés, par la surface de la tumeur détectée (ROI). Plus le nombre des germes, de l'objet à détecter, et de l'arrière-plan, est important, plus certains problèmes de la marche aléatoire, sont résolus, en termes de temps de calcul des probabilités des pixels, non attribués à une classe. Les résultats obtenus par cette approche, sont assez satisfaisant, comparativement aux résultats de l'état de l'art.

Afin d'améliorer les performances de l'approche CADx, que nous avons proposé, plusieurs solutions peuvent être envisagées. On peut intervenir, à n'importe quel niveau, du schéma du CADx. L'une des limites de l'approche proposée, est la conséquence de l'utilisation même des méthodes d'apprentissage supervisé, du fait qu'elles dépendent de l'extraction, et de la combinaison de caractéristiques, pour réaliser un modèle prédictif. Pour enrichir l'apprentissage, une solution d'ajout de connaissances physiologiques, pourraient être intégrée, par exemple, en utilisant une approche, basée sur la modélisation de processus physiologiques.

Le travail présenté au cours de ce mémoire, concernant la proposition d'un système d'analyse d'IRMs cérébrales pathologiques pour l'aide au diagnostic, offre des perspectives intéressantes pour la poursuite de nos recherches.

Tout d'abord, nous envisageons d'approfondir le lien mis en évidence entre la localisation de la position et la localisation des frontières de la tumeur issues de la segmentation. Ces deux informations, la première de type « régions » et la seconde de type « frontières » semblent fortement corrélées. Traitées conjointement, ces informations devraient permettre la définition d'une méthode de segmentation plus complète et offrir une meilleure précision et une plus grande fiabilité dans la définition des différentes régions cérébrales.

Ensuite, il nous semble important de prendre en considération d'autres types de données, des modalités d'imagerie, mais aussi, des données cliniques complémentaires, ou issues des tests biologiques, ou bien d'examens histologiques. Cette approche, qui englobe tous ces paramètres, est connue sous le nom de radiomic, et inclue également, la réponse potentielle de la tumeur, à une radiothérapie.

REFERENCES

- [1] E. Konukoglu, « Modeling Glioma Growth and Personalizing Growth Models in Medical Images », phdthesis, Université Nice Sophia Antipolis, 2009. Consulté le: 19 décembre 2019. [En ligne]. Disponible sur: <https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-00633697>
- [2] S. Bracard, L. Taillandier, V. Antoine, S. Kremer, C. Taillandier, et E. Schmitt, « Imagerie cérébrale des gliomes : diagnostic et suivi conventionnels », *Journal de Radiologie*, vol. 87, n° 6, Part 2, p. 779-791, juin 2006, doi: 10.1016/S0221-0363(06)74087-2.
- [3] H. Duffau et L. Capelle, « Preferential brain locations of low-grade gliomas », *Cancer*, vol. 100, n° 12, p. 2622-2626, 2004, doi: 10.1002/cncr.20297.
- [4] biologycorner, *Brain Model*. 2009. Consulté le: 30 octobre 2021. [Photo]. Disponible sur: <https://www.flickr.com/photos/biologycorner/4160835158/>
- [5] F. Bloch, « Nuclear Induction », *Phys. Rev.*, vol. 70, n° 7-8, Art. n° 7-8, oct. 1946, doi: 10.1103/PhysRev.70.460.
- [6] E. M. Purcell, H. C. Torrey, et R. V. Pound, « Resonance Absorption by Nuclear Magnetic Moments in a Solid », *Phys. Rev.*, vol. 69, n° 1-2, Art. n° 1-2, janv. 1946, doi: 10.1103/PhysRev.69.37.
- [7] A. G. Lee, P. W. Brazis, J. A. Garrity, et M. White, « Imaging for neuro-ophthalmic and orbital disease », *American Journal of Ophthalmology*, vol. 138, n° 5, Art. n° 5, nov. 2004, doi: 10.1016/j.ajo.2004.06.069.
- [8] F. Bloch, « Nuclear Induction », *Phys. Rev.*, vol. 70, n° 7-8, p. 460-474, oct. 1946, doi: 10.1103/PhysRev.70.460.
- [9] « Formation de l'image IRM - Introduction », *IMAIOS*, 7 octobre 2020. <https://www.imaios.com/fr/e-Cours/e-MRI/Bases-physiques/Introduction> (consulté le 7 octobre 2020).
- [10] P. Hahn, R. Weissleder, D. Stark, S. Saini, G. Elizondo, et J. Ferrucci, « MR imaging of focal splenic tumors », *American Journal of Roentgenology*, vol. 150, n° 4, Art. n° 4, avr. 1988, doi: 10.2214/ajr.150.4.823.
- [11] E. H. Herskovits, R. Itoh, et E. R. Melhem, « Accuracy for Detection of Simulated Lesions », *American Journal of Roentgenology*, vol. 176, n° 5, Art. n° 5, mai 2001, doi: 10.2214/ajr.176.5.1761313.
- [12] K. Tsuchiya, Y. Mizutani, et J. Hachiya, « Preliminary evaluation of fluid-attenuated inversion-recovery MR in the diagnosis of intracranial tumors. », *American Journal of Neuroradiology*, vol. 17, n° 6, Art. n° 6, juin 1996.
- [13] D. N. Louis *et al.*, « The 2016 World Health Organization Classification of Tumors of the Central Nervous System: a summary », *Acta Neuropathologica*, vol. 131, n° 6, p. 803-820, 2016, doi: 10.1007/s00401-016-1545-1.
- [14] M. B. S. Lopes et E. R. Laws, « Low-grade central nervous system tumors », *Neurosurgical Focus*, vol. 12, n° 2, p. 1-4, févr. 2002, doi: 10.3171/foc.2002.12.2.2.
- [15] J. W. Henson, P. Gaviani, et R. G. Gonzalez, « MRI in treatment of adult gliomas », *The Lancet Oncology*, vol. 6, n° 3, p. 167-175, mars 2005, doi: 10.1016/S1470-2045(05)01767-5.
- [16] K. E. Ferguson, G. L. Iverson, et M. R. Schoenberg, « Brain Tumors », in *The Little Black Book of Neuropsychology: A Syndrome-Based Approach*, M. R. Schoenberg et J. G. Scott, Éd. Boston, MA: Springer US, 2011, p. 787-811. doi: 10.1007/978-0-387-76978-3_26.
- [17] P. Mr et T. V, « Diagnosis and staging of brain tumors. », *Semin Roentgenol*, vol. 39, n° 3, p. 347-360, juill. 2004, doi: 10.1016/j.ro.2004.05.005.
- [18] « Neurologie - Medscape ». <https://français.medscape.com/neurologie> (consulté le 6 octobre 2020).

- [19] H. H. Engelhard, A. Stelea, et A. Mundt, « Oligodendroglioma and anaplastic oligodendroglioma: Clinical features, treatment, and prognosis », *Surgical Neurology*, vol. 60, n° 5, p. 443-456, nov. 2003, doi: 10.1016/S0090-3019(03)00167-8.
- [20] I. Lalya *et al.*, « Radiation Therapy Of Cerebellar Gangliogliomas: Case Report And Review Of The Literature », juin 2012, Consulté le: 5 octobre 2020. [En ligne]. Disponible sur: <http://www.webmedcentral.com/>
- [21] G. Hargus, A. Bink, I. Nagel, W. Paulus, et A. Harder, « Bilateral ganglioglioma of the trigeminal nerve in an 83-year-old man », *Neuropathology*, vol. 34, n° 2, p. 159-163, 2014, doi: 10.1111/neup.12054.
- [22] I. Sobel, « Neighborhood coding of binary images for fast contour following and general binary array processing », *Computer Graphics and Image Processing*, vol. 8, n° 1, p. 127-135, août 1978, doi: 10.1016/S0146-664X(78)80020-3.
- [23] B. S. Lipkin, *Picture Processing and Psychopictorics*. Elsevier, 1970.
- [24] A. Aslam, E. Khan, et M. M. S. Beg, « Improved Edge Detection Algorithm for Brain Tumor Segmentation », *Procedia Computer Science*, vol. 58, p. 430-437, janv. 2015, doi: 10.1016/j.procs.2015.08.057.
- [25] D. Marr, E. Hildreth, et S. Brenner, « Theory of edge detection », *Proceedings of the Royal Society of London. Series B. Biological Sciences*, vol. 207, n° 1167, p. 187-217, févr. 1980, doi: 10.1098/rspb.1980.0020.
- [26] S. Sandor et R. Leahy, « Surface-based labeling of cortical anatomy using a deformable atlas », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 16, n° 1, p. 41-54, févr. 1997, doi: 10.1109/42.552054.
- [27] M. Kass, A. Witkin, et D. Terzopoulos, « Snakes: Active contour models », *Int J Comput Vision*, vol. 1, n° 4, p. 321-331, janv. 1988, doi: 10.1007/BF00133570.
- [28] M. del Fresno, M. Vénere, et A. Clausse, « A combined region growing and deformable model method for extraction of closed surfaces in 3D CT and MRI scans », vol. 33, n° 5, p. 369-376, juill. 2009, doi: 10.1016/j.compmedimag.2009.03.002.
- [29] A. Rajendran et R. Dhanasekaran, « Fuzzy Clustering and Deformable Model for Tumor Segmentation on MRI Brain Image: A Combined Approach », *Procedia Engineering*, vol. 30, p. 327-333, janv. 2012, doi: 10.1016/j.proeng.2012.01.868.
- [30] A. J. Maeder, B. C. Lovell, et Australian Pattern Recognition Society, *WDIC 2003: APRS Workshop on Digital Image Computing : workshop proceedings, 7 February 2003, University of Queensland, St Lucia, Brisbane Australia*. St Lucia, Qld.: The University of Queensland, 2003.
- [31] X. Tang *et al.*, « Segmentation of brain magnetic resonance images based on multi-atlas likelihood fusion: testing using data with a broad range of anatomical and photometric profiles », *Front. Neurosci.*, vol. 9, 2015, doi: 10.3389/fnins.2015.00061.
- [32] U. Ilhan et A. Ilhan, « Brain tumor segmentation based on a new threshold approach », *Procedia Computer Science*, vol. 120, p. 580-587, janv. 2017, doi: 10.1016/j.procs.2017.11.282.
- [33] R. G. Selkar, P. Scholar, et M. N. Thakare, « BRAIN TUMOR DETECTION AND SEGMENTATION BY USING THRESHOLDING AND WATERSHED ALGORITHM », vol. 1, n° 3, p. 4, 2014.
- [34] M. del Fresno, M. Vénere, et A. Clausse, « A combined region growing and deformable model method for extraction of closed surfaces in 3D CT and MRI scans », *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 33, n° 5, p. 369-376, juill. 2009, doi: 10.1016/j.compmedimag.2009.03.002.
- [35] N. Richard, M. Dojat, et C. Garbay, « Automated segmentation of human brain MR images using a multi-agent approach », *Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 30, n° 2, p. 153-176, févr. 2004, doi: 10.1016/j.artmed.2003.11.006.
- [36] I. Zabir, S. Paul, M. A. Rayhan, T. Sarker, S. A. Fattah, et C. Shahnaz, « Automatic brain tumor detection and segmentation from multi-modal MRI images based on region growing and level set evolution », in *2015 IEEE International WIE Conference on Electrical and Computer Engineering (WIECON-ECE)*, déc. 2015, p. 503-506. doi: 10.1109/WIECON-ECE.2015.7443979.

- [37] T. Ramakrishnan et B. Sankaragomathi, « A professional estimate on the computed tomography brain tumor images using SVM-SMO for classification and MRG-GWO for segmentation », *Pattern Recognition Letters*, vol. 94, p. 163-171, juill. 2017, doi: 10.1016/j.patrec.2017.03.026.
- [38] H. Greenspan, A. Ruf, et J. Goldberger, « Constrained Gaussian mixture model framework for automatic segmentation of MR brain images », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 25, n° 9, p. 1233-1245, sept. 2006, doi: 10.1109/TMI.2006.880668.
- [39] Y. Zhang, M. Brady, et S. Smith, « Segmentation of brain MR images through a hidden Markov random field model and the expectation-maximization algorithm », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, n° 1, p. 45-57, janv. 2001, doi: 10.1109/42.906424.
- [40] M. T. El-Melegy et H. M. Mokhtar, « Tumor segmentation in brain MRI using a fuzzy approach with class center priors », *J Image Video Proc*, vol. 2014, n° 1, p. 21, avr. 2014, doi: 10.1186/1687-5281-2014-21.
- [41] E. Mayoraz et E. Alpaydin, « Support vector machines for multi-class classification », in *Engineering Applications of Bio-Inspired Artificial Neural Networks*, Berlin, Heidelberg, 1999, p. 833-842. doi: 10.1007/BFb0100551.
- [42] G. Guo, H. Wang, D. Bell, Y. Bi, et K. Greer, « KNN Model-Based Approach in Classification », in *On The Move to Meaningful Internet Systems 2003: CoopIS, DOA, and ODBASE*, Berlin, Heidelberg, 2003, p. 986-996. doi: 10.1007/978-3-540-39964-3_62.
- [43] L. Breiman, « Random Forests », *Machine Learning*, vol. 45, n° 1, p. 5-32, oct. 2001, doi: 10.1023/A:1010933404324.
- [44] J. Mitra *et al.*, « Lesion segmentation from multimodal MRI using random forest following ischemic stroke », vol. 98, p. 324-335, sept. 2014, doi: 10.1016/j.neuroimage.2014.04.056.
- [45] S. Koley, A. K. Sadhu, P. Mitra, B. Chakraborty, et C. Chakraborty, « Delineation and diagnosis of brain tumors from post contrast T1-weighted MR images using rough granular computing and random forest », *Applied Soft Computing*, vol. 41, p. 453-465, avr. 2016, doi: 10.1016/j.asoc.2016.01.022.
- [46] S. Amiri, M. Mahjoub, et I. Rekik, *Bayesian Network and Structured Random Forest Cooperative Deep Learning for Automatic Multi-label Brain Tumor Segmentation*. 2018, p. 190. doi: 10.5220/0006629901830190.
- [47] V. Vapnik, *The Nature of Statistical Learning Theory*. Springer Science & Business Media, 2013.
- [48] C. J. C. Burges, « A Tutorial on Support Vector Machines for Pattern Recognition », *Data Mining and Knowledge Discovery*, vol. 2, n° 2, p. 121-167, juin 1998, doi: 10.1023/A:1009715923555.
- [49] C. García et J. A. Moreno, « Kernel Based Method for Segmentation and Modeling of Magnetic Resonance Images », in *Advances in Artificial Intelligence – IBERAMIA 2004*, Berlin, Heidelberg, 2004, p. 636-645. doi: 10.1007/978-3-540-30498-2_64.
- [50] A. Halder et O. Dobe, « Rough K-means and support vector machine based brain tumor detection », in *2017 International Conference on Advances in Computing, Communications and Informatics (ICACCI)*, sept. 2017, p. 116-120. doi: 10.1109/ICACCI.2017.8125826.
- [51] E. Sert, F. Özyurt, et A. Doğantekin, « A new approach for brain tumor diagnosis system: Single image super resolution based maximum fuzzy entropy segmentation and convolutional neural network », vol. 133, p. 109413, déc. 2019, doi: 10.1016/j.mehy.2019.109413.
- [52] M. Havaei *et al.*, « Brain tumor segmentation with Deep Neural Networks », *Medical Image Analysis*, vol. 35, p. 18-31, janv. 2017, doi: 10.1016/j.media.2016.05.004.
- [53] S. Pereira, A. Pinto, V. Alves, et C. A. Silva, « Brain Tumor Segmentation Using Convolutional Neural Networks in MRI Images », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 35, n° 5, p. 1240-1251, mai 2016, doi: 10.1109/TMI.2016.2538465.
- [54] D. Nie, L. Wang, Y. Gao, et D. Shen, « Fully convolutional networks for multi-modality isointense infant brain image segmentation », in *2016 IEEE 13th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, avr. 2016, p. 1342-1345. doi: 10.1109/ISBI.2016.7493515.
- [55] Q. Dou *et al.*, « Automatic Detection of Cerebral Microbleeds From MR Images via 3D Convolutional Neural Networks », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 35, n° 5, p. 1182-1195, mai 2016, doi: 10.1109/TMI.2016.2528129.

- [56] A. K. Jain, M. N. Murty, et P. J. Flynn, « Data clustering: a review », *ACM Comput. Surv.*, vol. 31, n° 3, p. 264-323, sept. 1999, doi: 10.1145/331499.331504.
- [57] N. R. Pal et J. C. Bezdek, « On cluster validity for the fuzzy c-means model », *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, vol. 3, n° 3, p. 370-379, août 1995, doi: 10.1109/91.413225.
- [58] R. Achanta, A. Shaji, K. Smith, A. Lucchi, P. Fua, et S. Süsstrunk, « SLIC Superpixels Compared to State-of-the-Art Superpixel Methods », *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 34, n° 11, p. 2274-2282, nov. 2012, doi: 10.1109/TPAMI.2012.120.
- [59] G. R. Chandra et K. R. H. Rao, « Tumor Detection In Brain Using Genetic Algorithm », *Procedia Computer Science*, vol. 79, p. 449-457, janv. 2016, doi: 10.1016/j.procs.2016.03.058.
- [60] M. Soltaninejad *et al.*, « Supervised learning based multimodal MRI brain tumour segmentation using texture features from supervoxels », *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 157, p. 69-84, avr. 2018, doi: 10.1016/j.cmpb.2018.01.003.
- [61] G. Wang *et al.*, « Slic-Seg: A minimally interactive segmentation of the placenta from sparse and motion-corrupted fetal MRI in multiple views », *Medical Image Analysis*, vol. 34, p. 137-147, déc. 2016, doi: 10.1016/j.media.2016.04.009.
- [62] R. Krishnapuram et J. M. Keller, « A possibilistic approach to clustering », *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, vol. 1, n° 2, p. 98-110, mai 1993, doi: 10.1109/91.227387.
- [63] T. M. Hsieh, Y.-M. Liu, C.-C. Liao, F. Xiao, I.-J. Chiang, et J.-M. Wong, « Automatic segmentation of meningioma from non-contrasted brain MRI integrating fuzzy clustering and region growing », *BMC Med Inform Decis Mak*, vol. 11, n° 1, p. 54, août 2011, doi: 10.1186/1472-6947-11-54.
- [64] A. Rajendran et R. Dhanasekaran, « Fuzzy Clustering and Deformable Model for Tumor Segmentation on MRI Brain Image: A Combined Approach », vol. 30, p. 327-333, janv. 2012, doi: 10.1016/j.proeng.2012.01.868.
- [65] S. Tara, P. yugendar, P. S. murthy, et B. Smitha, *improved Fuzzy C -Means clustering Algorithm Using watershed Transform on Level Set Method for image Segmentation*. 2012.
- [66] D. M. Greig, B. T. Porteous, et A. H. Seheult, « Exact Maximum A Posteriori Estimation for Binary Images », *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Methodological)*, vol. 51, n° 2, p. 271-279, 1989, doi: <https://doi.org/10.1111/j.2517-6161.1989.tb01764.x>.
- [67] S. Roy et I. J. Cox, « A maximum-flow formulation of the N-camera stereo correspondence problem », in *Sixth International Conference on Computer Vision (IEEE Cat. No.98CH36271)*, janv. 1998, p. 492-499. doi: 10.1109/ICCV.1998.710763.
- [68] Y. Boykov, O. Veksler, et R. Zabih, « Fast approximate energy minimization via graph cuts », *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 23, n° 11, p. 1222-1239, nov. 2001, doi: 10.1109/34.969114.
- [69] L. R. F. Jr et D. R. Fulkerson, *Flows in Networks*. Princeton University Press, 2015.
- [70] L. Grady, « Random Walks for Image Segmentation », *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 28, n° 11, p. 1768-1783, nov. 2006, doi: 10.1109/TPAMI.2006.233.
- [71] G. Pelosi, « The finite-element method, Part I: R. L. Courant [Historical Corner] », vol. 49, n° 2, p. 180-182, avr. 2007, doi: 10.1109/MAP.2007.376627.
- [72] O. Duchenne, J. Audibert, R. Keriven, J. Ponce, et F. Segonne, « Segmentation by transduction », in *2008 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, juin 2008, p. 1-8. doi: 10.1109/CVPR.2008.4587419.
- [73] S. K. Jha, P. Bannerjee, et S. Banik, « Random Walks based Image Segmentation Using Color Space Graphs », *Procedia Technology*, vol. 10, p. 271-278, janv. 2013, doi: 10.1016/j.protcy.2013.12.361.
- [74] W. Dou, S. Ruan, Y. Chen, D. Bloyet, et J.-M. Constans, « A framework of fuzzy information fusion for the segmentation of brain tumor tissues on MR images », *Image and Vision Computing*, vol. 25, n° 2, p. 164-171, févr. 2007, doi: 10.1016/j.imavis.2006.01.025.
- [75] J. Wang, J. Kong, Y. Lu, M. Qi, et B. Zhang, « A modified FCM algorithm for MRI brain image segmentation using both local and non-local spatial constraints », *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 32, n° 8, p. 685-698, déc. 2008, doi: 10.1016/j.compmedimag.2008.08.004.

- [76] D. A. Dahab, S. S. A. Ghoniemy, et G. M. Selim, « Automated Brain Tumor Detection and Identification Using Image Processing and Probabilistic Neural Network Techniques », vol. 1, n° 2, p. 8, 2012.
- [77] E.-S. A. El-Dahshan, H. M. Mohsen, K. Revett, et A.-B. M. Salem, « Computer-aided diagnosis of human brain tumor through MRI: A survey and a new algorithm », vol. 41, n° 11, p. 5526-5545, sept. 2014, doi: 10.1016/j.eswa.2014.01.021.
- [78] A. Veeramuthu, S. Meenakshi, et V. P. Darsini, « Brain Image Classification Using Learning Machine Approach and Brain Structure Analysis », *Procedia Computer Science*, vol. 50, p. 388-394, janv. 2015, doi: 10.1016/j.procs.2015.04.030.
- [79] Y. Li, Q. Dou, J. Yu, F. Jia, J. Qin, et P. Heng, « Automatic Brain Tumor Segmentation from MR Images via a Multimodal Sparse Coding Based Probabilistic Model », in *2015 International Workshop on Pattern Recognition in NeuroImaging*, juin 2015, p. 41-44. doi: 10.1109/PRNI.2015.18.
- [80] K. Sudharani, T. C. Sarma, et K. S. Prasad, « Advanced Morphological Technique for Automatic Brain Tumor Detection and Evaluation of Statistical Parameters », *Procedia Technology*, vol. 24, p. 1374-1387, janv. 2016, doi: 10.1016/j.protcy.2016.05.153.
- [81] G. B. Praveen et A. Agrawal, « Multi stage classification and segmentation of brain tumor », in *2016 3rd International Conference on Computing for Sustainable Global Development (INDIACom)*, mars 2016, p. 1628-1632.
- [82] V. Rajinikanth, S. C. Satapathy, S. L. Fernandes, et S. Nachiappan, « Entropy based segmentation of tumor from brain MR images – a study with teaching learning based optimization », *Pattern Recognition Letters*, vol. 94, p. 87-95, juill. 2017, doi: 10.1016/j.patrec.2017.05.028.
- [83] W. Mengqiao, Y. Jie, C. Yilei, et W. Hao, « The multimodal brain tumor image segmentation based on convolutional neural networks », in *2017 2nd IEEE International Conference on Computational Intelligence and Applications (ICCI)*, sept. 2017, p. 336-339. doi: 10.1109/CIAPP.2017.8167234.
- [84] V. Shreyas et V. Pankajakshan, « A deep learning architecture for brain tumor segmentation in MRI images », in *2017 IEEE 19th International Workshop on Multimedia Signal Processing (MMSP)*, oct. 2017, p. 1-6. doi: 10.1109/MMSP.2017.8122291.
- [85] L. H. Shehab, O. M. Fahmy, S. M. Gasser, et M. S. El-Mahallawy, « An efficient brain tumor image segmentation based on deep residual networks (ResNets) », *Journal of King Saud University - Engineering Sciences*, juin 2020, doi: 10.1016/j.jksues.2020.06.001.
- [86] J. Sun, Y. Peng, Y. Guo, et D. Li, « Segmentation of the multimodal brain tumor image used the multi-pathway architecture method based on 3D FCN », *Neurocomputing*, vol. 423, p. 34-45, janv. 2021, doi: 10.1016/j.neucom.2020.10.031.
- [87] J. Zhang, J. Zeng, P. Qin, et L. Zhao, « Brain tumor segmentation of multi-modality MR images via triple intersecting U-Nets », *Neurocomputing*, vol. 421, p. 195-209, janv. 2021, doi: 10.1016/j.neucom.2020.09.016.
- [88] T. Zhou, S. Canu, et S. Ruan, « Fusion based on attention mechanism and context constraint for multi-modal brain tumor segmentation », *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 86, p. 101811, déc. 2020, doi: 10.1016/j.compmedimag.2020.101811.
- [89] A. Khosravianian, M. Rahmanimanesh, P. Keshavarzi, et S. Mozaffari, « Fast level set method for glioma brain tumor segmentation based on Superpixel fuzzy clustering and lattice Boltzmann method », *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 198, p. 105809, janv. 2021, doi: 10.1016/j.cmpb.2020.105809.
- [90] B. Chen, L. Zhang, H. Chen, K. Liang, et X. Chen, « A novel extended Kalman filter with support vector machine based method for the automatic diagnosis and segmentation of brain tumors », *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, p. 105797, oct. 2020, doi: 10.1016/j.cmpb.2020.105797.
- [91] P. Tripathi, V. Kumar Singh, et M. Chandra Trivedi, « Brain tumor segmentation in magnetic resonance imaging using OKM approach », *Materials Today: Proceedings*, août 2020, doi: 10.1016/j.matpr.2020.06.548.

- [92] M. A. Naser et M. J. Deen, « Brain tumor segmentation and grading of lower-grade glioma using deep learning in MRI images », *Computers in Biology and Medicine*, vol. 121, p. 103758, juin 2020, doi: 10.1016/j.compbiomed.2020.103758.
- [93] S. M. K. Hasan et M. Ahmad, « Correction to: Two-step verification of brain tumor segmentation using watershed-matching algorithm », *Brain Inf.*, vol. 5, n° 2, p. 11, août 2018, doi: 10.1186/s40708-018-0089-7.
- [94] N. P. Singh, S. Dixit, A. S. Akshaya, et B. I. Khodanpur, « Gradient Magnitude Based Watershed Segmentation for Brain Tumor Segmentation and Classification », in *Proceedings of the 5th International Conference on Frontiers in Intelligent Computing: Theory and Applications*, Singapore, 2017, p. 611-619. doi: 10.1007/978-981-10-3156-4_65.
- [95] L. Pei, L. Vidyaratne, M. Monibor Rahman, Z. A. Shboul, et K. M. Iftekharruddin, « Multimodal Brain Tumor Segmentation and Survival Prediction Using Hybrid Machine Learning », in *Brainlesion: Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries*, Cham, 2020, p. 73-81. doi: 10.1007/978-3-030-46643-5_7.
- [96] P. Mishra, A. Garg, D. Gupta, M. Tuteja, P. Sinha, et S. Saxena, « Review on Brain Tumor Segmentation: Hard and Soft Computing Approaches », in *Image Processing and Capsule Networks*, Cham, 2021, p. 190-200. doi: 10.1007/978-3-030-51859-2_18.
- [97] P. M. Siva Raja et A. V. rani, « Brain tumor classification using a hybrid deep autoencoder with Bayesian fuzzy clustering-based segmentation approach », *Biocybernetics and Biomedical Engineering*, vol. 40, n° 1, p. 440-453, janv. 2020, doi: 10.1016/j.bbe.2020.01.006.
- [98] A. Wulandari, R. Sigit, et M. M. Bachtiar, « Brain Tumor Segmentation to Calculate Percentage Tumor Using MRI », in *2018 International Electronics Symposium on Knowledge Creation and Intelligent Computing (IES-KCIC)*, oct. 2018, p. 292-296. doi: 10.1109/KCIC.2018.8628591.
- [99] T. A. Jemimma et Y. J. Vetharaj, « Watershed Algorithm based DAPP features for Brain Tumor Segmentation and Classification », in *2018 International Conference on Smart Systems and Inventive Technology (ICSSIT)*, déc. 2018, p. 155-158. doi: 10.1109/ICSSIT.2018.8748436.
- [100] M. U. Akram et A. Usman, « Computer aided system for brain tumor detection and segmentation », in *International Conference on Computer Networks and Information Technology*, juill. 2011, p. 299-302. doi: 10.1109/ICCNIT.2011.6020885.
- [101] P. A. Uday, N. Digvijay, et J. B. Jeeva, « Pre-operative brain tumor segmentation using SLICER-3D », in *2014 International Conference on Green Computing Communication and Electrical Engineering (ICGCCEE)*, mars 2014, p. 1-4. doi: 10.1109/ICGCCEE.2014.6922404.
- [102] T. Yang et J. Song, « An Automatic Brain Tumor Image Segmentation Method Based on the U-net », in *2018 IEEE 4th International Conference on Computer and Communications (ICCC)*, déc. 2018, p. 1600-1604. doi: 10.1109/CompComm.2018.8780595.
- [103] V. Zeljkovic et al., « Automatic brain tumor detection and segmentation in MR images », in *2014 Pan American Health Care Exchanges (PAHCE)*, avr. 2014, p. 1-1. doi: 10.1109/PAHCE.2014.6849645.
- [104] Y. Yin, « Partial View Segmentation: A Novel Approach to the Brain Tumor Segmentation », in *2020 IEEE 3rd International Conference on Computer and Communication Engineering Technology (CCET)*, août 2020, p. 76-79. doi: 10.1109/CCET50901.2020.9213174.
- [105] W. Chen, X. Qiao, B. Liu, X. Qi, R. Wang, et X. Wang, « Automatic brain tumor segmentation based on features of separated local square », in *2017 Chinese Automation Congress (CAC)*, oct. 2017, p. 6489-6493. doi: 10.1109/CAC.2017.8243946.
- [106] A. Jagan, « A New Approach for Segmentation and Detection of Brain Tumor in 3D Brain MR Imaging », in *2018 Second International Conference on Electronics, Communication and Aerospace Technology (ICECA)*, mars 2018, p. 1230-1235. doi: 10.1109/ICECA.2018.8474874.
- [107] N. Singh, S. Das, et A. Veeramuthu, « An efficient combined approach for medical brain tumour segmentation », in *2017 International Conference on Communication and Signal Processing (ICCSP)*, avr. 2017, p. 1325-1329. doi: 10.1109/ICCSP.2017.8286598.

- [108] E. Dandil et A. O. Selvi, « Computer-aided automatic segmentation of brain tumors using s-FCM on MR images », in *2018 26th Signal Processing and Communications Applications Conference (SIU)*, mai 2018, p. 1-4. doi: 10.1109/SIU.2018.8404695.
- [109] M. P. Arakeri et G. Ram Mohana Reddy, « Efficient Fuzzy Clustering Based Approach to Brain Tumor Segmentation on MR Images », in *Computational Intelligence and Information Technology*, Berlin, Heidelberg, 2011, p. 790-795. doi: 10.1007/978-3-642-25734-6_141.
- [110] R. Farjam, H. A. Parmar, D. C. Noll, C. I. Tsien, et Y. Cao, « An approach for computer-aided detection of brain metastases in post-Gd T1-W MRI », *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 30, n° 6, p. 824-836, juill. 2012, doi: 10.1016/j.mri.2012.02.024.
- [111] A. Fathi Kazerooni, M. Mohseni, S. Rezaei, G. Bakhshandehpour, et H. Saligheh Rad, « Multi-parametric (ADC/PWI/T2-w) image fusion approach for accurate semi-automatic segmentation of tumorous regions in glioblastoma multiforme », *Magn Reson Mater Phy*, vol. 28, n° 1, p. 13-22, févr. 2015, doi: 10.1007/s10334-014-0442-7.
- [112] T. Ramakrishnan et B. Sankaragomathi, « A professional estimate on the computed tomography brain tumor images using SVM-SMO for classification and MRG-GWO for segmentation », *Pattern Recognition Letters*, vol. 94, p. 163-171, juill. 2017, doi: 10.1016/j.patrec.2017.03.026.
- [113] B. Johnston, M. S. Atkins, B. Mackiewicz, et M. Anderson, « Segmentation of multiple sclerosis lesions in intensity corrected multispectral MRI », *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 15, n° 2, p. 154-169, avr. 1996, doi: 10.1109/42.491417.
- [114] M. Angulakshmi et G. G. Lakshmi Priya, « Brain tumour segmentation from MRI using superpixels based spectral clustering », *Journal of King Saud University - Computer and Information Sciences*, févr. 2018, doi: 10.1016/j.jksuci.2018.01.009.
- [115] L. Grady, « Random Walks for Image Segmentation », 1 novembre 2006. <https://www.computer.org/csdl/journal/tp/2006/11/i1768/13rRUxOdD3I> (consulté le 19 décembre 2019).
- [116] J. Olczak *et al.*, « Artificial intelligence for analyzing orthopedic trauma radiographs », *Acta Orthopaedica*, vol. 88, n° 6, p. 581-586, nov. 2017, doi: 10.1080/17453674.2017.1344459.
- [117] A. S. Becker, M. Marcon, S. Ghafoor, M. C. Wurnig, T. Frauenfelder, et A. Boss, « Deep Learning in Mammography: Diagnostic Accuracy of a Multipurpose Image Analysis Software in the Detection of Breast Cancer », *Investigative Radiology*, vol. 52, n° 7, p. 434-440, juill. 2017, doi: 10.1097/RLI.0000000000000358.
- [118] D. Comaniciu et P. Meer, « Mean shift: a robust approach toward feature space analysis », *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 24, n° 5, p. 603-619, mai 2002, doi: 10.1109/34.1000236.
- [119] A. Vedaldi et S. Soatto, « Quick Shift and Kernel Methods for Mode Seeking », in *Computer Vision – ECCV 2008*, Berlin, Heidelberg, 2008, p. 705-718. doi: 10.1007/978-3-540-88693-8_52.
- [120] M. Liu, O. Tuzel, S. Ramalingam, et R. Chellappa, « Entropy rate superpixel segmentation », in *CVPR 2011*, juin 2011, p. 2097-2104. doi: 10.1109/CVPR.2011.5995323.
- [121] P. F. Felzenszwalb et D. P. Huttenlocher, « Efficient Graph-Based Image Segmentation », *International Journal of Computer Vision*, vol. 59, n° 2, p. 167-181, sept. 2004, doi: 10.1023/B:VISI.0000022288.19776.77.
- [122] B. Mathieu, « Segmentation interactive multiclasse d'images par classification de superpixels et optimisation dans un graphe de facteurs », phd, Université de Toulouse, Université Toulouse III - Paul Sabatier, 2017. Consulté le: 26 novembre 2020. [En ligne]. Disponible sur: <http://thesesups.ups-tlse.fr/3831/>
- [123] R. M. Haralick, K. Shanmugam, et I. Dinstein, « Textural Features for Image Classification », *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, vol. SMC-3, n° 6, p. 610-621, nov. 1973, doi: 10.1109/TSMC.1973.4309314.
- [124] K. Albeau, « Analyse à grande échelle des textures des séquences protéiques via l'approche Hydrophobic Cluster Analysis (HCA). », phdthesis, Université de Versailles-Saint Quentin en Yvelines, 2005. Consulté le: 27 novembre 2020. [En ligne]. Disponible sur: <https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-00011139>

- [125] J. R. Carr et F. P. de Miranda, « The semivariogram in comparison to the co-occurrence matrix for classification of image texture », *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, vol. 36, n° 6, p. 1945-1952, nov. 1998, doi: 10.1109/36.729366.
- [126] R. F. Walker, P. T. Jackway, et I. D. Longstaff, « Recent developments in the use of the co-occurrence matrix for texture recognition », in *Proceedings of 13th International Conference on Digital Signal Processing*, juill. 1997, vol. 1, p. 63-65 vol.1. doi: 10.1109/ICDSP.1997.627968.
- [127] X. Huang, X. Liu, et L. Zhang, « A Multichannel Gray Level Co-Occurrence Matrix for Multi/Hyperspectral Image Texture Representation », *Remote Sensing*, vol. 6, n° 9, Art. n° 9, sept. 2014, doi: 10.3390/rs6098424.
- [128] X. Zhang, J. Cui, W. Wang, et C. Lin, « A Study for Texture Feature Extraction of High-Resolution Satellite Images Based on a Direction Measure and Gray Level Co-Occurrence Matrix Fusion Algorithm », *Sensors*, vol. 17, n° 7, Art. n° 7, juill. 2017, doi: 10.3390/s17071474.
- [129] L. Van Gool, P. Dewaele, et A. Oosterlinck, « Texture analysis Anno 1983 », *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, vol. 29, n° 3, p. 336-357, mars 1985, doi: 10.1016/0734-189X(85)90130-6.
- [130] Xiaou Tang, « Texture information in run-length matrices », *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 7, n° 11, p. 1602-1609, nov. 1998, doi: 10.1109/83.725367.
- [131] A. C. Bovik, M. Clark, et W. S. Geisler, « Multichannel texture analysis using localized spatial filters », *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 12, n° 1, p. 55-73, janv. 1990, doi: 10.1109/34.41384.
- [132] A. Grossmann et J. Morlet, « Decomposition of Hardy Functions into Square Integrable Wavelets of Constant Shape », *SIAM J. Math. Anal.*, vol. 15, n° 4, p. 723-736, juill. 1984, doi: 10.1137/0515056.
- [133] A. Romero, M. Gouiffès, et L. Lacassagne, « Enhanced local binary covariance matrices (ELBCM) for texture analysis and object tracking », in *Proceedings of the 6th International Conference on Computer Vision / Computer Graphics Collaboration Techniques and Applications*, New York, NY, USA, juin 2013, p. 1-8. doi: 10.1145/2466715.2466733.
- [134] J.-F. Aujol, « Contribution à l'analyse de textures en traitement d'images par méthodes variationnelles et équations aux dérivées partielles », phdthesis, Université Nice Sophia Antipolis, 2004. Consulté le: 3 décembre 2020. [En ligne]. Disponible sur: <https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-00006303>
- [135] L. M. Kaplan, « Extended fractal analysis for texture classification and segmentation », *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 8, n° 11, p. 1572-1585, nov. 1999, doi: 10.1109/83.799885.
- [136] G.-F. Gu et W.-X. Zhou, « Detrending moving average algorithm for multifractals », *Physical Review E*, vol. 82, n° 1, p. 011136, 2010.
- [137] J. W. Kantelhardt, S. A. Zschiegner, E. Koscielny-Bunde, S. Havlin, A. Bunde, et H. E. Stanley, « Multifractal detrended fluctuation analysis of nonstationary time series », *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, vol. 316, n° 1, p. 87-114, déc. 2002, doi: 10.1016/S0378-4371(02)01383-3.
- [138] L. S. Liebovitch et T. Toth, « A fast algorithm to determine fractal dimensions by box counting », *Physics Letters A*, vol. 141, n° 8, p. 386-390, nov. 1989, doi: 10.1016/0375-9601(89)90854-2.
- [139] L. Breiman, J. H. Friedman, R. A. Olshen, et C. J. Stone, « Classification and regression trees », *CERN Document Server*, 1984. <https://cds.cern.ch/record/2253780> (consulté le 27 janvier 2021).
- [140] S. Gey et E. Nedelec, « Model selection for CART regression trees », *IEEE Transactions on Information Theory*, vol. 51, n° 2, p. 658-670, févr. 2005, doi: 10.1109/TIT.2004.840903.
- [141] L. Breiman, « Bagging predictors », *Machine learning*, vol. 24, n° 2, p. 123-140, 1996.
- [142] Y. Boykov et G. Funka-Lea, « Graph Cuts and Efficient N-D Image Segmentation », *Int J Comput Vision*, vol. 70, n° 2, p. 109-131, nov. 2006, doi: 10.1007/s11263-006-7934-5.

- [143] M. D. Collins, J. Xu, L. Grady, et V. Singh, « Random walks based multi-image segmentation: Quasiconvexity results and GPU-based solutions », in *2012 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, juin 2012, p. 1656-1663. doi: 10.1109/CVPR.2012.6247859.
- [144] T. H. Kim, K. M. Lee, et S. U. Lee, « Generative Image Segmentation Using Random Walks with Restart », in *Computer Vision – ECCV 2008*, Berlin, Heidelberg, 2008, p. 264-275. doi: 10.1007/978-3-540-88690-7_20.
- [145] J. Shen, Y. Du, W. Wang, et X. Li, « Lazy Random Walks for Superpixel Segmentation », *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 23, n° 4, p. 1451-1462, avr. 2014, doi: 10.1109/TIP.2014.2302892.
- [146] X. Wu, Z. Li, A. So, J. Wright, et S. Chang, « Learning with Partially Absorbing Random Walks », *Advances in Neural Information Processing Systems*, vol. 25, p. 3077-3085, 2012.
- [147] X. Dong, J. Shen, L. Shao, et L. V. Gool, « Sub-Markov Random Walk for Image Segmentation », *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 25, n° 2, p. 516-527, févr. 2016, doi: 10.1109/TIP.2015.2505184.
- [148] Masatsugu Kidode et Harry Wechsler, « A Random Walk Procedure for Texture Discrimination », 1 juillet 1979. <https://www.computer.org/csdl/journal/tp/1979/03/04766923/13rRUxlgxXb> (consulté le 19 décembre 2019).
- [149] V. G. Kanas, E. I. Zacharaki, C. Davatzikos, K. N. Sgarbas, et V. Megalooikonomou, « A low cost approach for brain tumor segmentation based on intensity modeling and 3D Random Walker », *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 22, p. 19-30, sept. 2015, doi: 10.1016/j.bspc.2015.06.004.
- [150] Y. Yuan, Y.-W. Chen, C. Dong, H. Yu, et Z. Zhu, « Hybrid method combining superpixel, random walk and active contour model for fast and accurate liver segmentation », *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 70, p. 119-134, déc. 2018, doi: 10.1016/j.compmedimag.2018.08.012.
- [151] W. R. Crum, O. Camara, et D. L. G. Hill, « Generalized Overlap Measures for Evaluation and Validation in Medical Image Analysis », vol. 25, n° 11, p. 1451-1461, nov. 2006, doi: 10.1109/TMI.2006.880587.
- [152] S. Pereira, A. Pinto, V. Alves, et C. A. Silva, « Brain Tumor Segmentation Using Convolutional Neural Networks in MRI Images », vol. 35, n° 5, p. 1240-1251, mai 2016, doi: 10.1109/TMI.2016.2538465.
- [153] K. Vaidhya, S. Thirunavukkarasu, V. Alex, et G. Krishnamurthi, « Multi-modal Brain Tumor Segmentation Using Stacked Denoising Autoencoders », in *Brainlesion: Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries*, Cham, 2016, p. 181-194. doi: 10.1007/978-3-319-30858-6_16.
- [154] Zhao L, Corso JJ, et Sarikaya D, « Automatic Brain Tumor Segmentation with MRF on Supervoxels ». MICCAI-BRATS 2013, 2013.
- [155] N. Cordier, B. Menze, H. Delingette, et N. Ayache, « Patch-based Segmentation of Brain Tissues », sept. 2013, p. 6. Consulté le: 19 décembre 2019. [En ligne]. Disponible sur: <https://hal.inria.fr/hal-00917084>
- [156] S. Reza et K. Iftekharuddin, « Multi-class Abnormal Brain Tissue Segmentation Using Texture Features », *Proc NCI MICCAI-BRATS*, vol. 2013, p. 38-42, janv. 2013.
- [157] M. Havaei *et al.*, « Brain tumor segmentation with Deep Neural Networks », vol. 35, p. 18-31, janv. 2017, doi: 10.1016/j.media.2016.05.004.
- [158] L. Lefkovits, S. Lefkovits, et L. Szilágyi, « Brain Tumor Segmentation with Optimized Random Forest », in *Brainlesion: Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries*, Cham, 2016, p. 88-99. doi: 10.1007/978-3-319-55524-9_9.

BIBLIOGRAPHIE DE L'AUTEUR

L. Ait mohamed, A. Cherfa, Y. Cherfa, N. Belkhamsa, et F. Alim-Ferhat, « Hybrid method combining superpixel, supervised learning, and random walk for glioma segmentation », *International Journal of Imaging Systems and Technology*, vol. 31, p. 288-301, sept. 2020, doi: 10.1002/ima.22499.