

**UNIVERSITE SAAD DAHLAB DE BLIDA**

**Faculté des Sciences de l'Ingénieur**

Département d'Electronique

## **MEMOIRE DE MAGISTER**

**Spécialité: Electronique**

Option: Signaux et Systèmes

### **SEGMENTATION DE PATHOLOGIES CEREBRALES PAR COOPERATION DE METHODES**

Par

**Zineb HADJADJ**

Devant le jury composé de :

Z. BENSLAMA	Maître de Conférences A, U. de Blida	Président
A. MEZIANE	Maître de Recherches A, CERIST, Alger	Examineur
A. NAMANE	Maître de Conférences A, U. de Blida	Examineur
Y. CHERFA	Maître de Conférences A, U. de Blida	Rapporteur
A. CHERFA	Maître Assistant A, U. de Blida	Invitée

Blida, novembre 2011

## RESUME

Il existe une grande variété de techniques de segmentation, mais elles sont généralement fondées sur l'un des deux principes de base : **discontinuité** ou **similarité**. Les principales approches s'appuyant sur la détection des discontinuités correspondent aux techniques de recherche de **contours**, celles fondées sur le principe de similarité correspondent aux techniques de recherche de **régions**. Ces deux approches sont duales; elles mènent cependant à des algorithmes différents ne fournissant pas les mêmes résultats. Il existe aussi les approches coopératives qui consistent à combiner deux méthodes de segmentation ou plus.

Plutôt que de choisir entre une segmentation région et une segmentation contour, nous avons proposé, dans cette thèse, de les faire coopérer pour combiner les avantages de chacune prise séparément afin d'isoler d'éventuelles pathologies cérébrales (tumeurs, AVCs) à partir des images IRM.

L'objectif de ce travail est de contrôler et guider une segmentation en région obtenue par la méthode SVM « **S**upport **V**ector **M**achines » par une carte de contours préalablement calculée par le modèle déformable de Ron Kimmel.

**Mots clés** : IRM, cerveau, tumeurs, segmentation, SVM, modèles déformables, coopération.

## ABSTRACT

Lots of different image segmentation techniques exist, but they are generally either based on the **discontinuity** or the **similarity** principle. Detection methods based on discontinuity correspond to **edge** detection algorithms; those based on similarity detection correspond to **region** segmentation algorithms. These two approaches are dual, but they lead to the use of different algorithms, and hence to different results. There exist also the cooperative techniques whose consist to combine two segmentation techniques or more.

Instead of choosing either an edge detector or region segmentation, we propose to let them cooperate to segment cerebral pathologies (tumors, AVCs) from MRI images.

The aim of this work is to control and guide the **SVM** « **S**upport **V**ector **M**achines » method with edge points extracted before by Ron Kimmel deformable model.

**Key words:** MRI, brain, tumors, segmentation, SVM, deformable models, cooperation.

## ملخص

هناك العديد من تقنيات تجزئة الصور، لكنها تعتمد بصفة عامة على أحد العنصرين الأساسيين : مفهوم الإنقطاع و مفهوم التشابه. المقاربات الأساسية التي تتركز حول كشف التقطعات هي تقنيات البحث عن المحيطات و التي تعتمد على عنصر التشابه هي تقنيات البحث عن المناطق، هاتان المقاربتان يشكلان تكاملاً، في حين يؤديان إلى استخلاص خوارزميات مختلفة منهجاً و نتيجةً. توجد أيضاً المقاربات التعاونية للتجزئة و التي تعتمد على دمج طريقتين أو أكثر.

في خضم الاختيار بين التجزئة إلى مناطق و التجزئة إلى محيطات، نقترح من خلال هذه الأطروحة دمجها من منظور تعاوني بهدف تحصيل محاسن كل منهما على حدا بهدف عزل بعض الأمراض الدماغية المحتملة (الأورام، السكتات الدماغية) لصور الرنين المغناطيسي (IRM).

الفكرة الأساسية المعتمدة خلال عملنا هذا هي التحكم و توجيه عملية التجزئة إلى مناطق بطريقة **SVM** من خلال بطاقة للمحيطات مستخلصة مسبقاً بطريقة المحيط المتحرك ل Ron Kimmel .

كلمات المفتاح: صور الرنين المغناطيسي، مخ، أورام، تجزئة، SVM، الطرق المتحركة (Modèles déformables) ، تعاون .

## REMERCIEMENTS

Je tiens tout d'abord à remercier El laah de m'avoir donné la volonté et le courage qui m'ont permis de réaliser ce travail, veuille t-il me guider dans le droit chemin.

J'aime spécialement remercier mon promoteur Monsieur Y. Cherfa qui m'a proposé ce sujet, pour sa grande disponibilité pendant toute la durée de ce travail, et aussi pour ses conseils précieux.

Je remercie Mme A. Cherfa pour avoir co-dirigé ce travail, de m'avoir fait profiter de son expérience.

Je remercie aussi les membres du jury pour avoir accepté d'examiner mon travail.

Mes spéciaux remerciements vont bien sûr à ma famille qui m'a aidé, soutenu et pour m'avoir offert la chance de faire toutes mes études.

Mes derniers remerciements, mais non les moindres vont à toute personne ayant participé de près ou de loin pour la réalisation de ce modeste travail.

# TABLE DES MATIERES

**RESUME**

**REMERCIEMENTS**

**TABLE DES MATIERES**

**LISTE DES FIGURES**

**INTRODUCTION**

**13**

**1. IMAGERIE PAR RESONANCE MAGNETIQUE NUCLEAIRE ET ANATOMIE CEREBRALE**

**16**

1.1 Introduction.....	16
1.2 Imagerie par Résonance Magnétique.....	16
1.2.1 Principes physiques.....	17
1.2.2 Phénomène de résonance.....	19
1.2.3 Phénomène de relaxation.....	19
1.2.4 Formation des IRM.....	21
1.3 Principales pondérations.....	22
1.3.1 Images pondérées en $T_1$ .....	24
1.3.2 Images pondérées en $T_2$ .....	26
1.3.3 Images pondérées en densité de protons.....	27
1.3.4 Obtention de l'image.....	27
1.4 Imageur IRM.....	29
1.5 Inconvénients de l'IRM.....	30
1.6 Anatomie cérébrale.....	31
1.6.1 La moelle épinière.....	31
1.6.2 L'encéphale.....	31
1.6.3 Les méninges.....	37
1.7 Tumeurs cérébrales.....	38
1.7.1 Définition.....	38
1.7.2 Types de tumeurs cérébrales.....	38
1.7.3 Description des principaux types de tumeurs intracrâniennes.....	41
1.8 Conclusion.....	44

<b>2. ETAT DE L'ART DES METHODES DE SEGMENTATION DES IRM CEREBRALES</b>	<b>45</b>
2.1 Introduction.....	45
2.2 Définition de la segmentation.....	45
2.3 Méthodes de segmentation.....	46
2.3.1 Segmentation par approche contour (" frontière") .....	47
2.3.1.1 Modèles déformables.....	47
2.3.1.2 Morphologie mathématique.....	51
2.3.2 Segmentation par approche région.....	53
2.3.2.1 Méthode globale ou par séparation.....	53
2.3.2.2 Méthode locale ou par fusion.....	53
2.3.2.3 Méthode de croissance de régions (agrégation) .....	54
2.3.2.4 Approches par classification.....	55
2.3.2.5 Segmentation par approche floue.....	65
2.3.3 Segmentation par approche coopérative.....	67
2.3.3.1 Coopération séquentielle.....	68
2.3.3.2 Coopération des résultats.....	68
2.3.3.3 Coopération mutuelle.....	69
2.3.3.4 Etat de l'art des méthodes de segmentation par coopération.....	70
2.4 Conclusion.....	74
<b>3. SVM : SUPPORT VECTOR MACHINES OU SEPARATEURS A VASTE MARGE</b>	<b>75</b>
3.1 Introduction.....	75
3.2 Définition.....	75
3.3 Principe de SVM.....	76
3.4 Notions de base.....	77
3.4.1 Hyperplan.....	77
3.4.2 Marge.....	78
3.4.3 Hyperplans canoniques.....	78
3.4.4 Vecteurs de support.....	78
3.5 Construction de l'hyperplan optimal.....	79
3.5.1 Données séparables.....	80
3.5.2 Données non séparables.....	91
3.6 Domaines d'application de SVM.....	96

3.7 Conclusion.....	97
<b>4. MODELES DEFORMABLES (MODELE DE RON KIMMEL)</b>	<b>99</b>
4.1 Introduction.....	99
4.2 Définition des modèles déformables.....	99
4.3 Contours actifs classiques, paramétriques ou snakes.....	100
4.3.1 Présentation mathématique du modèle.....	101
4.3.2 Théorème d'Euler-Lagrange.....	102
4.4 Modèle déformable géométrique.....	104
4.5 Méthode des ensembles de niveaux d'Osher –Sethian.....	106
4.6 Modèles déformables géodésiques.....	108
4.7 Discussion.....	109
4.8 Modèle déformable géodésique de Ron Kimmel.....	110
4.8.1 Notations mathématiques.....	111
4.8.2 Calcul variationnel pour les mesures géométriques.....	112
4.8.3 Termes de l'énergie du modèle.....	112
4.8.4 Formulation avec les Level Sets.....	118
4.8.5 Algorithme du modèle de Ron Kimmel.....	119
4.9 Conclusion.....	120
<b>5. APPLICATIONS, RESULTATS ET INTERPRETATIONS</b>	<b>121</b>
5.1 Introduction.....	121
5.2 Matériel utilisé.....	121
5.3 Définition d'un système d'exploitation.....	122
5.4 Introduction au système d'exploitation Linux.....	122
5.4.1 Découverte de l'interface Ubuntu.....	122
5.4.2 Quelques applications disponibles sous Linux .....	125
5.4.3 Présentation et interprétation de quelques commandes Linux.....	125
5.5 Base de données.....	131
5.6 Interface utilisateur.....	132
5.7 Implémentation de la méthode SVM.....	134
5.7.1 Validation de SVM sur un ensemble fini de points.....	135
5.7.2 Validation de SVM sur des images synthétiques.....	138
5.7.3 Validation de SVM sur des images réelles du cerveau.....	142

5.7.4 Avantages et inconvénient de SVM.....	144
5.8 Implémentation du modèle déformable de Ron Kimmel.....	144
5.8.1 Validation sur des images synthétiques.....	145
5.8.2 Validation sur des images réelles.....	147
5.8.3 Avantages et inconvénients du modèle de Ron Kimmel.....	149
5.9 Principe de notre coopération.....	150
5.10 Résultats de la coopération.....	151
5.11 Comparaison avant-après coopération.....	155
5.12 Conclusion.....	158
<b>CONCLUSION</b>	<b>159</b>

## LISTE DES ILLUSTRATIONS, GRAPHIQUES ET TABLEAUX

<b>Figure 1.1</b>	Mouvement de spin d'un proton	<b>17</b>
<b>Figure 1.2</b>	Alignement des spins avant et après application d'un champ magnétique	<b>18</b>
<b>Figure 1.3</b>	Aimantation résultante $M_0$	<b>18</b>
<b>Figure 1.4</b>	Phénomène de résonance	<b>19</b>
<b>Figure 1.5</b>	Etapas d'IRM au niveau atomique	<b>20</b>
<b>Figure 1.6</b>	Relaxation de l'aimantation résultante	<b>20</b>
<b>Figure 1.7</b>	Les différentes coupes du cerveau	<b>21</b>
<b>Figure 1.8</b>	Courbes de relaxation longitudinale et transversale	<b>22</b>
<b>Figure 1.9</b>	Chronologie des impulsions RF et paramètres d'acquisition	<b>23</b>
<b>Figure 1.10</b>	Relation entre l'aimantation longitudinale et transversale	<b>24</b>
<b>Figure 1.11</b>	Influence du temps de répétition ( $T_R$ )	<b>24</b>
<b>Figure 1.12</b>	Influence du temps de répétition ( $T_R$ )	<b>25</b>
<b>Figure 1.13</b>	Influence du temps d'écho ( $T_E$ )	<b>26</b>
<b>Figure 1.14</b>	Séquence pondérée en densité protonique	<b>27</b>
<b>Figure 1.15</b>	Différentes images acquises par IRM	<b>28</b>
<b>Figure 1.16</b>	Pondération FLAIR	<b>28</b>
<b>Figure 1.17</b>	Utilisation d'un agent de contraste	<b>29</b>
<b>Figure 1.18</b>	Imageur IRM	<b>29</b>
<b>Figure 1.19</b>	Système nerveux central	<b>31</b>
<b>Figure 1.20</b>	L'encéphale	<b>32</b>
<b>Figure 1.21</b>	Les lobes cérébraux	<b>33</b>
<b>Figure 1.22</b>	Tissus du cerveau	<b>34</b>
<b>Figure 1.23</b>	Les noyaux gris centraux	<b>35</b>
<b>Figure 1.24</b>	Représentation du système ventriculaire (Vue sagittale)	<b>36</b>
<b>Figure 1.25</b>	Les méninges	<b>37</b>
<b>Figure 1.26</b>	Coupes axiales d'IRM cérébrales présentant des tumeurs de formes, tailles, localisations et types variés	<b>39</b>

<b>Figure 1.27</b>	Evolution de la croissance d'une tumeur de type glioblastome en 6 mois	<b>40</b>
<b>Figure 1.28</b>	Coupes d'IRM présentant quelques types de tumeurs cérébrales	<b>40</b>
<b>Figure 1.29</b>	Distribution des principales tumeurs intracrâniennes	<b>41</b>

<b>Figure 2.1</b>	Schéma représentant quelques techniques de segmentation	<b>46</b>
<b>Figure 2.2</b>	Segmentation de structures sous-corticales par modèle déformable explicite	<b>49</b>
<b>Figure 2.3</b>	Segmentation d'une coupe sagittale du cerveau par la méthode Level-Set	<b>51</b>
<b>Figure 2.4</b>	Segmentation des structures cérébrales d'IRM 3D par morphologie mathématique	<b>52</b>
<b>Figure 2.5</b>	Exemple de segmentation par séparation et par fusion	<b>54</b>
<b>Figure 2.6</b>	Segmentation par croissance de régions	<b>55</b>
<b>Figure 2.7</b>	Structure d'un neurone artificiel	<b>58</b>
<b>Figure 2.8</b>	Segmentation d'une tumeur cérébrale par SVM	<b>62</b>
<b>Figure 2.9</b>	Segmentation d'une IRM cérébrale par K-Moyennes	<b>64</b>
<b>Figure 2.10</b>	Segmentation d'IRM cérébrale par Mean Shift	<b>65</b>
<b>Figure 2.11</b>	Segmentation de tissus cérébraux par FCM SS	<b>66</b>
<b>Figure 2.12</b>	Segmentation par classification floue et algorithme EM	<b>67</b>
<b>Figure 2.13</b>	Principe de la coopération séquentielle	<b>68</b>
<b>Figure 2.14</b>	Principe de la coopération des résultats	<b>69</b>
<b>Figure 2.15</b>	Principe de la coopération mutuelle	<b>69</b>
<b>Figure 2.16</b>	Segmentation par Support Vector Random Fields	<b>71</b>
<b>Figure 2.17</b>	Segmentation par gradient morphologique et croissance de régions	<b>72</b>

<b>Figure 3.1</b>	Exemple de données linéairement séparables	<b>76</b>
<b>Figure 3.2</b>	Exemple de données non linéairement séparables	<b>76</b>
<b>Figure 3.3</b>	Changement d'espace par la fonction $\phi$	<b>77</b>
<b>Figure 3.4</b>	Illustration des notions de base	<b>78</b>
<b>Figure 3.5</b>	Hyperplans séparateurs	<b>79</b>
<b>Figure 3.6</b>	L'intérêt de la marge maximale	<b>80</b>
<b>Figure 3.7</b>	Les hyperplans	<b>80</b>
<b>Figure 3.8</b>	Une transformation rendant les données linéairement séparables	<b>87</b>
<b>Figure 3.9</b>	Cas de données non séparables	<b>91</b>
<b>Figure 3.10</b>	Compromis entre marge maximale et classification correcte	<b>92</b>
<b>Figure 3.11</b>	Organigramme de classification par SVM	<b>95</b>

<b>Figure 3.12</b>	Exemple d'application de SVM en traitement d'images (Classification de végétation)	<b>96</b>
<b>Figure 3.13</b>	Exemple d'application de SVM en traitement d'images (Détection de visage)	<b>97</b>

<b>Figure 4.1</b>	Abscisse curviligne	<b>102</b>
<b>Figure 4.2</b>	Snake appliqué à la détection de plusieurs objets	<b>103</b>
<b>Figure 4.3</b>	Sens de propagation d'une courbe sous l'action de la force de courbure dans la direction de la normale en chaque point	<b>104</b>
<b>Figure 4.4</b>	Représentation de la fonction ensembles de niveaux $\Phi(x, y)$ à un instant donné $t$	<b>106</b>
<b>Figure 4.5</b>	Fonction distance $\Phi$ signée au contour $C$	<b>107</b>
<b>Figure 4.6</b>	Tangente $C_s$ et courbure $C_{ss}$ d'une courbe $C$	<b>111</b>
<b>Figure 4.7</b>	La courbe $C$ , sa normale $\vec{n}$ et le gradient de l'image en un point	<b>112</b>

<b>Figure 5.1</b>	Rôle d'un système d'exploitation	<b>122</b>
<b>Figure 5.2</b>	L'interface Ubuntu	<b>123</b>
<b>Figure 5.3</b>	Shell du système Linux	<b>126</b>
<b>Figure 5.4</b>	L'interpréteur de commandes « shell »	<b>127</b>
<b>Figure 5.5</b>	Fenêtre principale du logiciel	<b>133</b>
<b>Figure 5.6</b>	Palette du choix des paramètres du modèle de Ron Kimmel	<b>133</b>
<b>Figure 5.7</b>	Palette du choix des paramètres de la méthode SVM	<b>134</b>
<b>Figure 5.8</b>	Interface pour la classification de données de type points	<b>135</b>
<b>Figure 5.9</b>	Application de SVM à deux ensembles de points avec des noyaux différents	<b>136</b>
<b>Figure 5.10</b>	Intérêt du paramètre $C$	<b>137</b>
<b>Figure 5.11</b>	Image synthétique de test	<b>138</b>
<b>Figure 5.12</b>	Organigramme de la méthode SVM	<b>139</b>
<b>Figure 5.13</b>	Classification de plusieurs objets par SVM	<b>140</b>
<b>Figure 5.14</b>	Histogramme de l'image de test	<b>140</b>
<b>Figure 5.15</b>	Détection d'un objet par SVM	<b>141</b>
<b>Figure 5.16</b>	Segmentation par SVM d'une image synthétique bruitée	<b>141</b>
<b>Figure 5.17</b>	Image IRM d'une coupe dans le cerveau	<b>142</b>
<b>Figure 5.18</b>	Détection de la MB et MG	<b>142</b>
<b>Figure 5.19</b>	Détection d'AVC par SVM	<b>143</b>
<b>Figure 5.20</b>	Détection d'une tumeur par SVM	<b>143</b>
<b>Figure 5.21</b>	Détection simultanée de tous les objets similaires dans l'image	<b>144</b>

<b>Figure 5.22</b>	Segmentation de plusieurs objets par le modèle déformable de Ron Kimmel	<b>145</b>
<b>Figure 5.23</b>	Segmentation d'un seul objet par le modèle déformable de Ron Kimmel	<b>146</b>
<b>Figure 5.24</b>	Segmentation d'un objet flou par le modèle déformable de Ron Kimmel	<b>146</b>
<b>Figure 5.25</b>	Segmentation par le modèle de Ron Kimmel d'une image synthétique bruitée	<b>147</b>
<b>Figure 5.26</b>	Détection d'AVC par le modèle de Ron Kimmel	<b>148</b>
<b>Figure 5.27</b>	Détection de tumeurs par le modèle de Ron Kimmel	<b>149</b>
<b>Figure 5.28</b>	Schéma explicatif de notre approche coopérative	<b>150</b>
<b>Figure 5.29</b>	Organigramme de notre coopération	<b>151</b>
<b>Figure 5.30</b>	Segmentation d'un seul objet par coopération de SVM - modèle de Ron Kimmel	<b>152</b>
<b>Figure 5.31</b>	Détection d'AVC par coopération de SVM-modèle de Ron Kimmel	<b>154</b>
<b>Figure 5.32</b>	Détection de tumeurs par coopération de SVM – modèle de Ron Kimmel	<b>154</b>
<b>Figure 5.33</b>	Comparaison avant-après coopération (Image synthétique)	<b>155</b>
<b>Figure 5.34</b>	Comparaison avant-après coopération (Image IRM)	<b>156</b>
<b>Figure 5.35</b>	Comparaison avant-après coopération (Image IRM)	<b>157</b>

## INTRODUCTION

L'imagerie médicale permet d'observer la structure et le comportement des organes du corps grâce à un ensemble important de techniques d'acquisition : imagerie par résonance magnétique (IRM), scanographie par rayon X, échographie...

Dans le cadre de l'étude du cerveau, l'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) est un outil de diagnostic clinique et de recherche extrêmement puissant, car il permet de discriminer les différents tissus cérébraux et autorise plusieurs modalités (T1, T2, densité de protons  $\rho$ , ...) ayant chacune des propriétés particulières.

L'IRM cérébrale est largement utilisée aujourd'hui et permet de mieux comprendre et suivre l'évolution de différentes et nombreuses pathologies du cerveau comme les AVC (Accident Vasculaire Cérébrale), les tumeurs cérébrales, la maladie d'Alzheimer et autres.

La segmentation est l'un des sujets les plus étudiés en traitement d'images, elle a pour but de mettre en évidence les objets dans une image. Il s'agit d'un domaine de recherche vaste et riche, qui a été abordé par de nombreux chercheurs. Elle est très utilisée en imagerie médicale et plus particulièrement l'étude du cerveau.

Il existe une grande variété de techniques de segmentation, mais elles sont généralement fondées sur l'un des deux principes de base : discontinuité ou similarité. Les principales approches s'appuyant sur la détection des discontinuités correspondent aux techniques de recherche de contours, celles fondées sur le principe de similarité correspondent aux techniques de recherche de régions. Ces deux approches sont duales; elles mènent cependant à des algorithmes différents ne fournissant pas les mêmes résultats.

Plutôt que de choisir entre une segmentation région et une segmentation contour, nous avons proposé, dans cette thèse, de les faire coopérer pour combiner les avantages de chacune prise séparément : la précision d'une segmentation contour, la fermeture des frontières et la densité de l'information extraite d'une segmentation en régions afin d'isoler d'éventuelles pathologies cérébrales.

La coopération contour-région que nous avons proposé consiste à combiner deux méthodes, le modèle déformable de Ron Kimmel comme méthode de détection contours et la méthode SVM « Support Vector Machines » comme méthode de segmentation en régions.

Pour faciliter la lecture de ce document, nous présentons les objectifs des différents chapitres de cette thèse :

- ✓ Le premier chapitre a pour objectif de présenter les notions de base, nécessaires à la compréhension de ce travail, de l'anatomie cérébrale, ainsi que le principe physique de l'imagerie par résonance magnétique.
- ✓ Dans le deuxième chapitre, nous donnons un bref aperçu des méthodes existantes en segmentation des images IRM cérébrales au cours d'un état de l'art, afin d'intégrer les meilleures, au sens de complémentarité et dualité, d'entre elles dans l'approche coopérative de segmentation que nous proposons.
- ✓ Une description détaillée ainsi que la formulation mathématique et la formulation duale quadratique de la méthode SVM « support vector machines » fait l'objectif du troisième chapitre.
- ✓ Dans la première partie du chapitre 4, nous proposons un résumé des grandes techniques classiques de contours actifs pour le traitement d'images. La deuxième partie du chapitre est consacrée à la présentation mathématique du modèle déformable de Ron Kimmel et sa formulation avec la méthode des ensembles de niveaux (Level Sets).

- ✓ Le cinquième chapitre étant destiné aux résultats qui ont été obtenus en appliquant les deux méthodes de segmentation précédentes à des images synthétiques et réelles. Ces deux méthodes seront ensuite coopérées pour segmenter des images médicales et plus précisément pour la détection de pathologies cérébrales sur des IRM. Sans oublier l'interface que nous avons développé sous Linux, distribution logicielle ubuntu, avec le langage Matlab et qui porte le nom « Segmentation d'IRM par Modèles Déformables et SVM ».

Enfin, nous terminerons par une conclusion générale et quelques perspectives pour améliorer ce travail et poursuivre éventuellement d'autres recherches dans ce domaine.

# CHAPITRE 1

## IMAGERIE PAR RESONANCE MAGNETIQUE NUCLEAIRE ET ANATOMIE CEREBRALE

### 1.1 Introduction

L'imagerie du système nerveux central a beaucoup évolué depuis que *Wilhelm Röntgen* a découvert les rayons X en 1895. Les premières observations radiographiques de la tête ne permettaient que d'observer le crâne. De nombreuses méthodes d'acquisition d'images furent ensuite développées au cours du siècle dernier pour améliorer la qualité des images obtenues et faire ressortir des structures d'intérêt. Parmi celles-ci : les méthodes basées sur l'absorption des rayons X (Angiographie cérébrale par rayons X et Scanner X) [1], la méthode basée sur l'utilisation de substances radioactives (Tomographie par Emission de Positrons) [1] et la méthode basée sur le phénomène de la résonance magnétique nucléaire (l'Imagerie par Résonance Magnétique).

La technique à laquelle nous nous sommes intéressés dans le cadre de ce travail, est l'imagerie par résonance magnétique (IRM) qui est la technique par excellence du domaine de l'étude du cerveau. L'intérêt de cette méthode réside principalement dans le détail des images, notamment au niveau des tissus, qu'ils soient sains ou présentant des pathologies. Il est donc important de présenter dans ce chapitre le principe physique de cette technique d'acquisition, et de revenir sur les différents tissus anatomiques qui seront concernés par notre étude.

### 1.2 Imagerie par Résonance Magnétique

L'imagerie par résonance magnétique est une technique d'acquisition d'images basée sur le principe de la résonance magnétique nucléaire (RMN). Elle a été mise au point en 1973 par Lauterbur et Damadian. Elle permet d'observer les

tissus biologiques à travers les propriétés magnétiques de l'un de leurs constituants majoritaires qui est l'atome d'hydrogène ( $H$ ) contenu dans les molécules d'eau ( $H_2O$ ) que l'on trouve en grande quantité dans le corps humain (près de 80%) [2].

L'IRM utilise les propriétés qu'ont les noyaux d'hydrogène (ou protons) de l'organisme d'émettre un signal lorsque, après avoir été placés dans un champ magnétique et excités (par une onde radio-fréquence (RF)), ils retournent à leur état d'équilibre (relaxation). Le signal émis au cours de ce phénomène de relaxation est à l'origine de la formation de l'image [4].

Dans les paragraphes suivants, nous présentons le principe d'acquisition du signal IRM et les différentes solutions de reconstruction du signal contenant les informations recherchées, mais auparavant, il est nécessaire de comprendre la physique fondamentale que l'IRM applique en permanence.

### 1.2.1 Principes physiques

Un atome se compose d'un noyau constitué de nucléons (neutrons et protons), et d'électrons qui gravitent autour de celui-ci.

Le noyau d'hydrogène est constitué d'un proton animé d'un mouvement autour d'un axe de rotation appelé SPIN (**Figure 1.1**); hors d'un champ magnétique extérieur ce spin peut prendre n'importe quelle orientation (**Figure 1.2 (a)**).

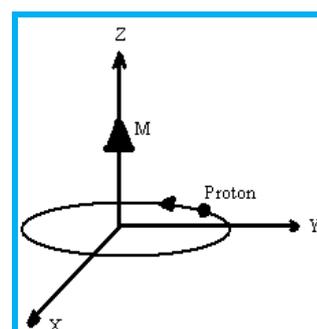
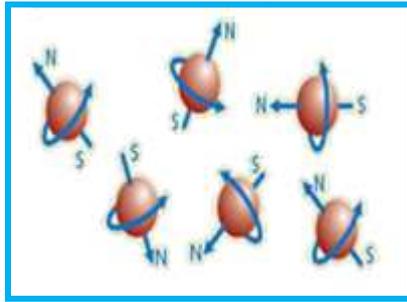
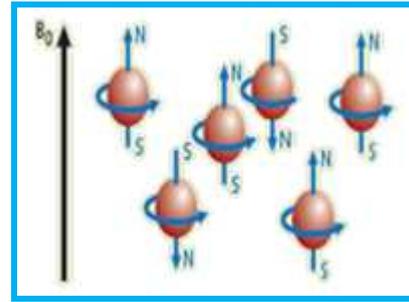


Figure 1.1 Mouvement de spin d'un proton



(a) Etat des spins avant l'exposition au champ magnétique  $B_0$ .



(b) Les spins s'orientent dans la direction de  $B_0$ .

Figure 1.2 Alignement des spins avant et après application d'un champ magnétique

Lorsqu'on applique un champ magnétique extérieur  $B_0$  constant et homogène, les atomes d'hydrogène entrent en résonance et le mouvement de rotation peut prendre deux orientations différentes seulement: "spin  $+1/2$ " et "Spin  $-1/2$ ". Les aimantations nucléaires correspondant aux "spins  $+1/2$ " s'orientent dans le sens du champ magnétique  $B_0$ , celles de "spin  $-1/2$ " s'orientent dans le sens inverse de  $B_0$  (Figure 1.2 (b)) [3].

Il en résulte de tout cela que la somme de toutes les aimantations élémentaires pour une certaine quantité d'hydrogène présentée dans un échantillon est dirigée dans l'axe du champ magnétique  $B_0$ . Cette somme est appelée aimantation résultante  $M_0$  (Figure 1.3).

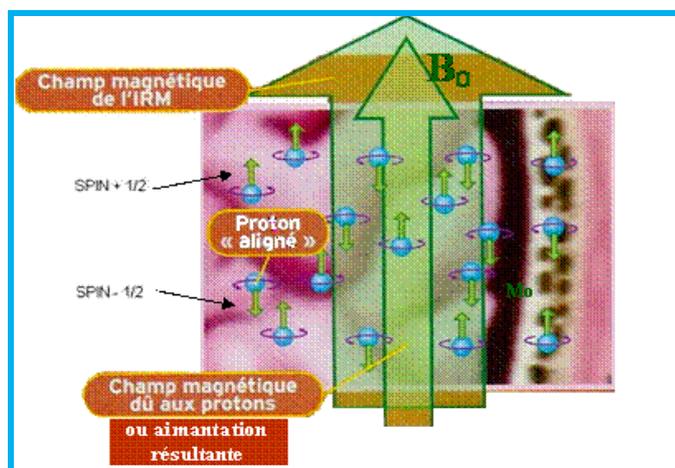


Figure 1.3 Aimantation résultante  $M_0$

### 1.2.2 Phénomène de résonance

L'application d'un courant sinusoïdal à la fréquence de résonance des noyaux (noyaux des atomes d'hydrogène présents dans les tissus), dans une bobine d'axe perpendiculaire, crée un champ magnétique (champ RF  $\mathbf{B}_1$ ) qui va perturber et modifier l'orientation de l'aimantation résultante  $\mathbf{M}_0$  (**Figure 1.5 (2)**), tout se passe comme si  $\mathbf{M}_0$  tournait autour d'un plan perpendiculaire à celui-ci [**2**].

Lors du phénomène de résonance, l'aimantation résultante peut être décomposée en une composante longitudinale (selon l'axe Z, dans l'axe de  $\mathbf{B}_0$ ) et une composante transversale. La phase d'excitation, et la bascule, se traduisent par une diminution de l'aimantation longitudinale, et l'apparition d'une aimantation transversale (**Figure 1.4**).

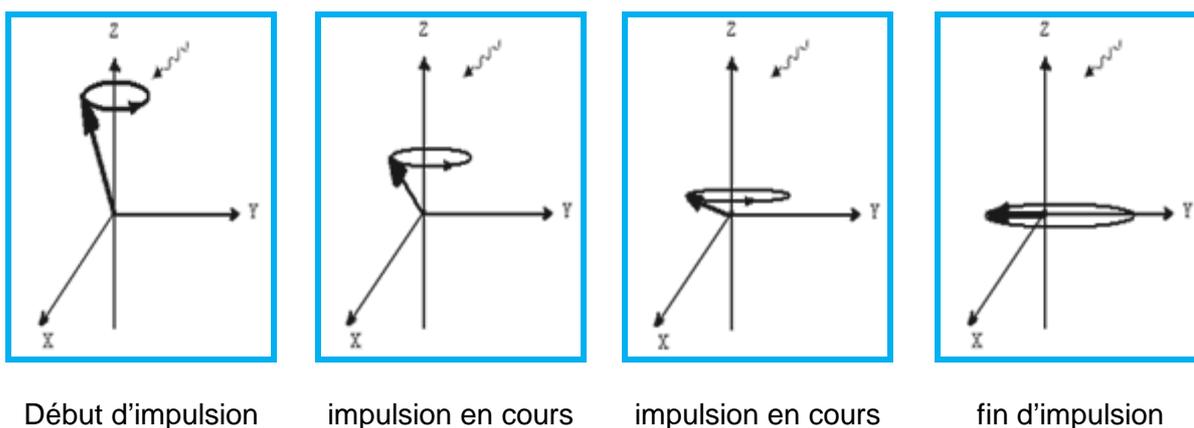


Figure 1.4 Phénomène de résonance

### 1.2.3 Phénomène de relaxation

Lorsque l'impulsion radiofréquence cesse, l'aimantation résultante tente de revenir à son état d'équilibre (**Figure 1.5 (3)**).

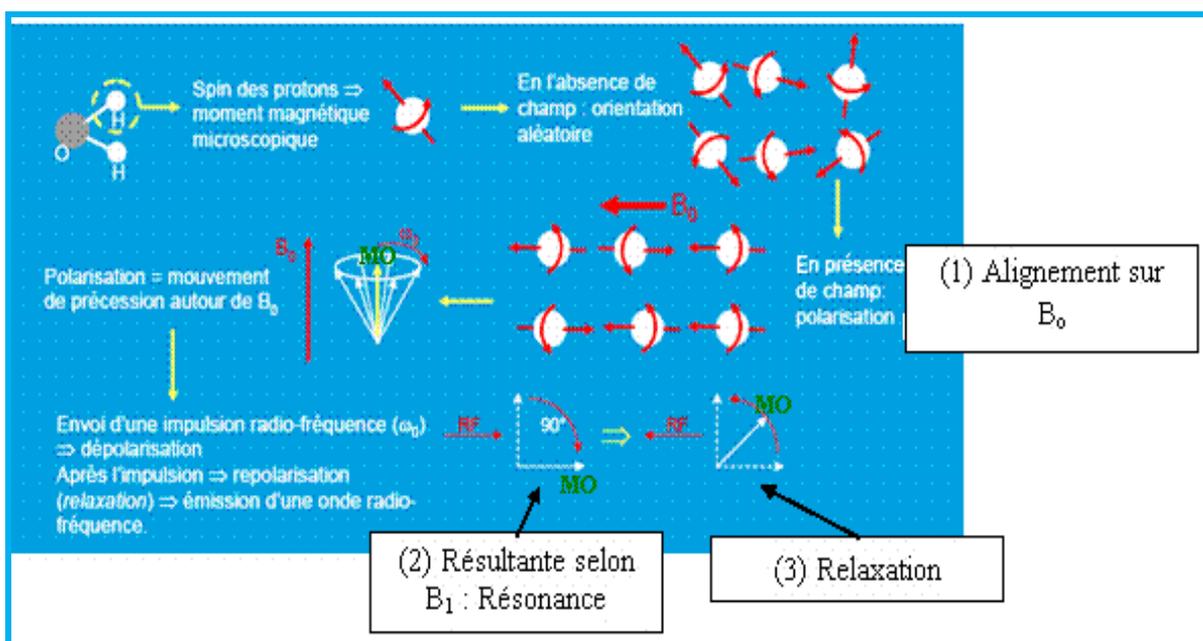


Figure 1.5 Etapes d'IRM au niveau atomique

La relaxation, retour à l'équilibre de l'aimantation résultante, s'accompagne d'une émission d'énergie sous forme d'ondes **RF**. Elle se décompose en deux phénomènes: la relaxation longitudinale qui correspond à la repousse de la composante longitudinale, et la relaxation transversale qui correspond à la chute de l'aimantation transversale (**Figure 1.6**) [2].

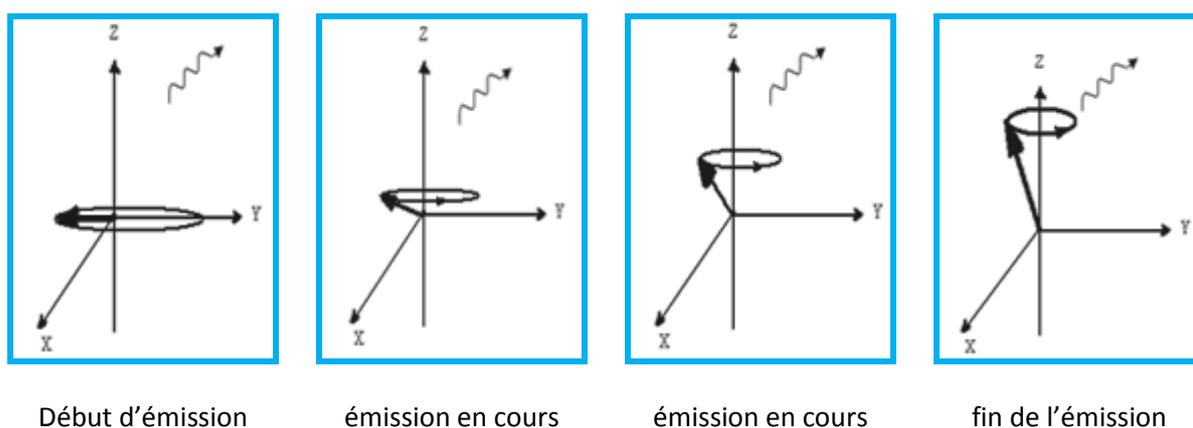
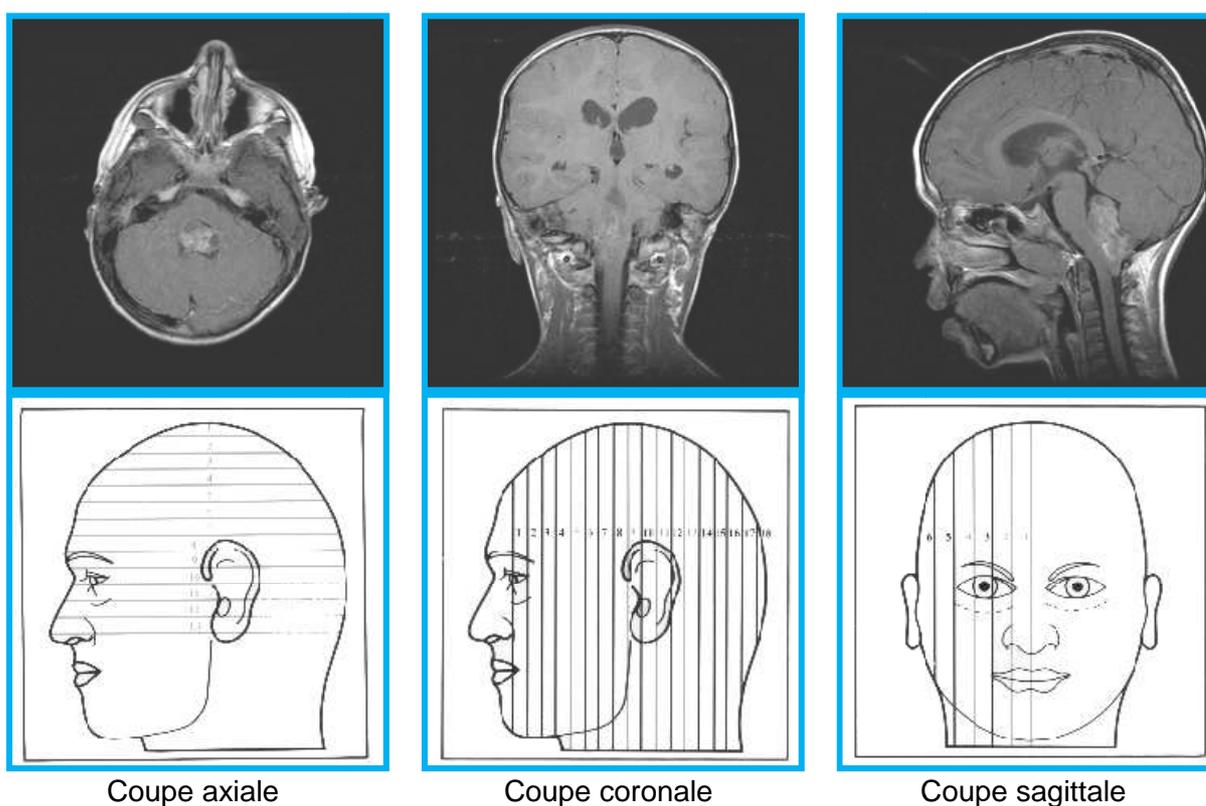


Figure 1.6 Relaxation de l'aimantation résultante

### 1.2.4 Formation des IRM

Au cours du phénomène de relaxation, des antennes réceptrices sont utilisées pour mesurer le signal RMN ou les ondes émises par les protons. Le signal est ensuite traité par informatique pour reconstruire l'image IRM en niveau de gris, l'image est noire si le signal est faible, au contraire elle est blanche si le signal RMN est élevé. Il est possible d'obtenir des coupes orientées dans les trois directions de l'espace (**Figure 1.7**), ainsi que des reconstitutions tridimensionnelles.



Coupe axiale

Coupe coronale

Coupe sagittale

Figure 1.7 Les différentes coupes du cerveau

Les images utilisées représentent des coupes axiales, coronales ou sagittales, qui sont des coupes du cerveau approximativement parallèles, respectivement, au plan qui comprend nez et oreilles, au plan du visage et au plan de symétrie de la tête. Ces coupes sont orthogonales deux à deux.

Trois types d'images sont obtenus en imagerie par résonance magnétique : l'image pondérée en  $T_1$ , en  $T_2$  et en densité protonique. Chaque image a des caractéristiques propres et est obtenue avec un choix particulier et bien défini de paramètres de mesure. Nous étudierons par la suite les propriétés de ces images et les moyens de les obtenir.

### 1.3 Principales pondérations [62] [2]

La croissance de l'aimantation longitudinale lors de la relaxation suit une courbe exponentielle croissante caractérisée par le temps  $T_1$ . Le  $T_1$  se définit par la durée au bout de laquelle l'aimantation longitudinale a récupéré deux tiers (63%) de sa valeur initiale avant résonance (**Figure 1.8**). Elle dépend en fait de la mobilité des atomes d'hydrogène.

La chute de l'aimantation transversale suit une courbe exponentielle décroissante caractérisée par le temps  $T_2$ . Le  $T_2$  se définit par la durée au bout de laquelle l'amplitude du signal a diminué de 63% (**Figure 1.8**). Le temps de relaxation  $T_2$  est toujours inférieur à  $T_1$ .

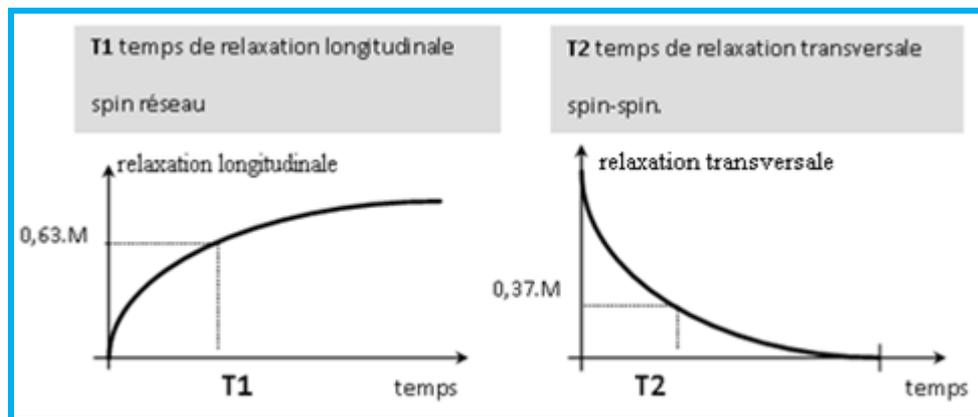


Figure 1.8 Courbes de relaxation longitudinale et transversale

Les temps de relaxation vont varier pour un tissu donné selon l'organisation physico chimique de l'eau dans ce tissu, et c'est sur ces variations qu'on s'appuiera pour détecter au sein d'un tissu les modifications liées à la présence d'une lésion.

La pondération de l'image peut être modifiée en fonction des paramètres d'acquisition, en particulier :

- le temps de répétition  $T_R$ , c'est à dire le temps de répétition entre deux excitations successives de  $90^\circ$  (entre deux impulsions RF de  $90^\circ$  successives) ; (**Figure 1.9**)
- le temps d'écho  $T_E$ , c'est-à-dire le temps qui sépare l'impulsion RF (le signal d'excitation) et l'acquisition du signal d'écho ;(**Figure 1.9**)

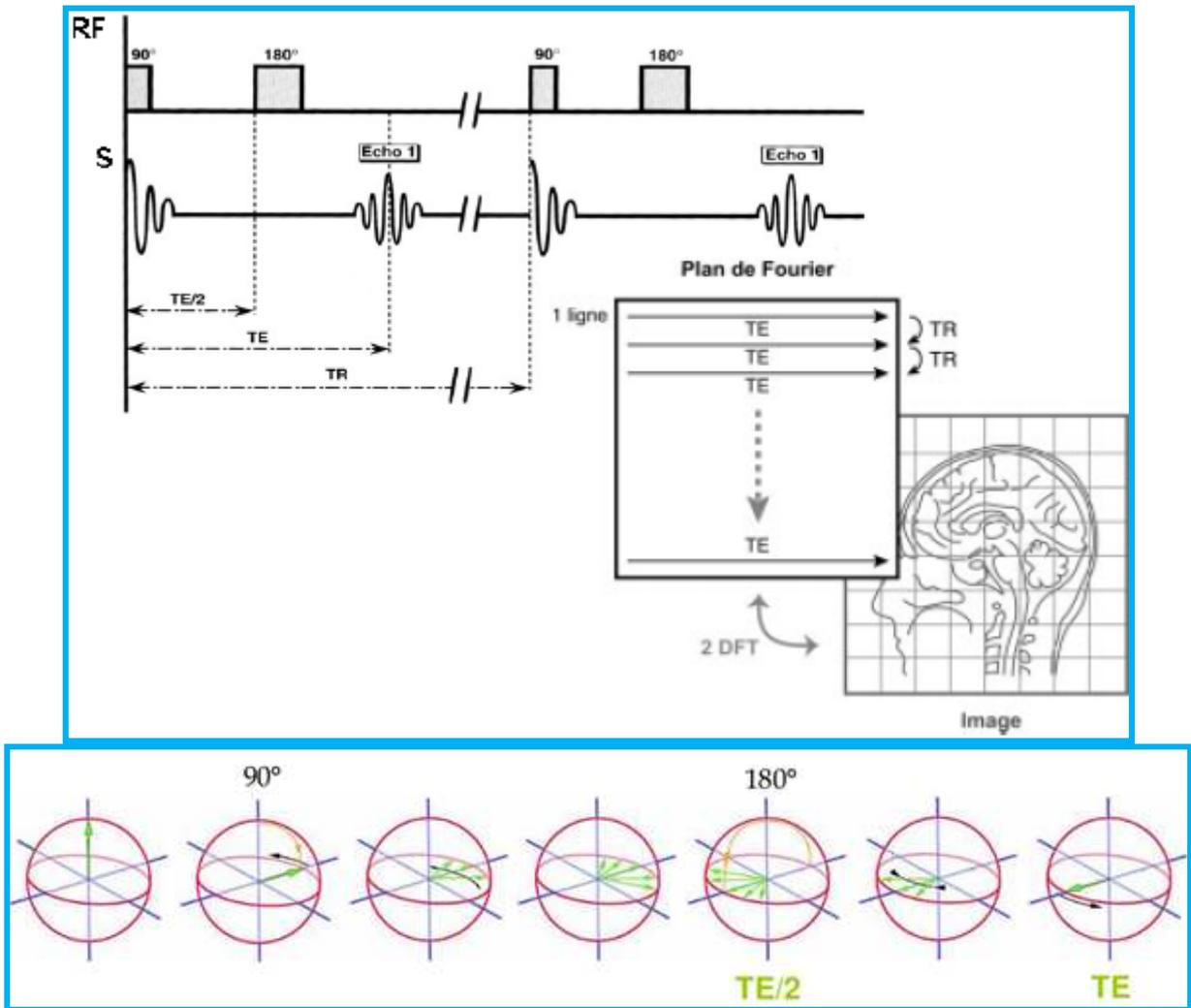


Figure 1.9 Chronologie des impulsions RF et paramètres d'acquisition

Le temps de répétition ( $T_R$ ) correspond au « temps de passage » d'une ligne sur l'autre, c'est-à-dire à l'intervalle séparant deux impulsions de 90°. Le cycle commence par une impulsion de 90° pour créer de l'aimantation transversale ou aimantation transversale maximale, là où on peut la mesurer (plan transversal), suivie d'une impulsion de 180° au bout du temps  $T_E/2$  pour s'affranchir des déphasages constants induits par  $B_0$  et on mesure le signal au  $T_E$  (**Figure 1.9**).

Un cycle d'impulsions de 90° et 180° ne permet d'obtenir qu'une ligne du plan de Fourier. Pour obtenir les lignes suivantes (un cycle complet correspond généralement à 128 ou 256 lignes), il va falloir répéter pour chaque ligne ce cycle. L'image définitive est obtenue à partir du plan de Fourier, par une double transformée de Fourier dans les deux directions x et y.

### 1.3.1 Images pondérées en $T_1$ [71]

Au cours de chaque cycle élémentaire, l'aimantation longitudinale  $\vec{M}_L(T_1)$  repousse et l'aimantation transversale  $\vec{M}_T(T_2)$  décroît (**Figure 1.10**).

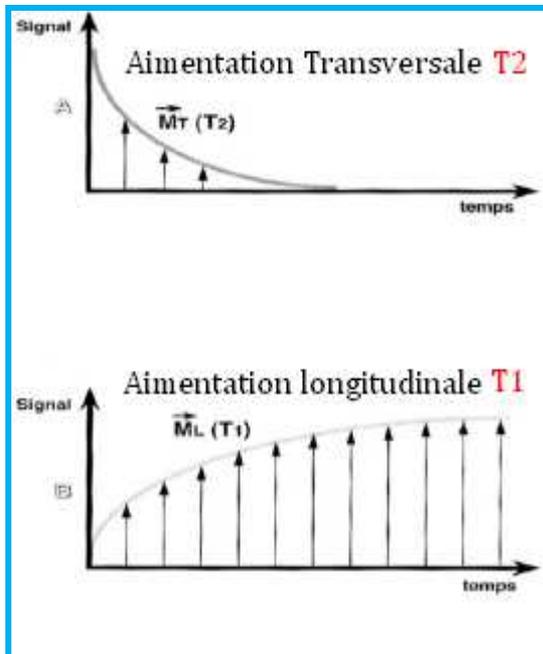


Figure 1.10 Relation entre l'aimantation longitudinale et transversale

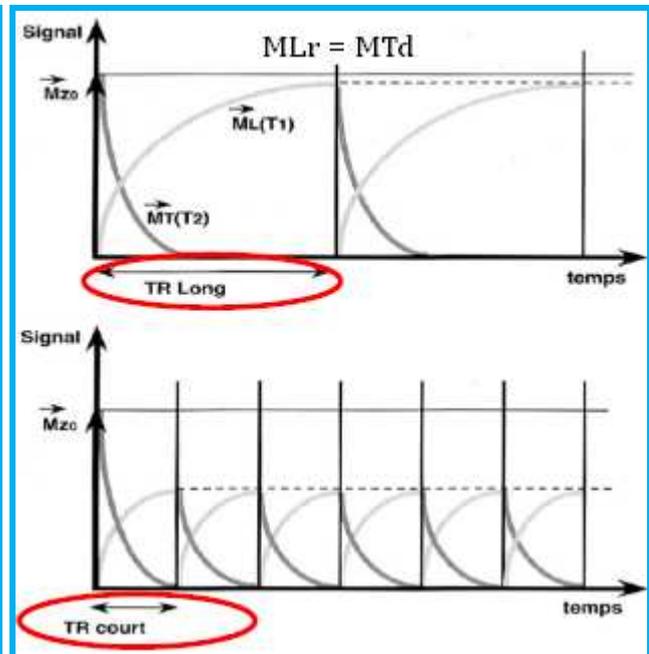


Figure 1.11 Influence du temps de répétition ( $T_R$ )

Le  $T_R$  (en conséquence, de la répétition « pour chaque ligne » du cycle élémentaire  $90^\circ$ - $180^\circ$ ) détermine le niveau de repousse de l'aimantation longitudinale  $\vec{M}_L(T_1)$  à la fin de chaque cycle ( $ML_r$ ) et donc du « signal disponible » (SD) ou « niveau maximal initial » à partir duquel le signal va décroître au début de chaque cycle ( $MT_d$ ) (**Figure 1.11**),  $ML_r = MT_d$ .

Le  $T_R$  conditionne donc le niveau de repousse en  $T_1$  (« temps de repousse ») :

- Si le  $T_R$  est long (2 secondes), il y a une repousse quasi totale (95%) de l'aimantation longitudinale  $\vec{M}_L(T_1)$  qui, par l'impulsion de  $90^\circ$ , va se transformer en aimantation transversale  $\vec{M}_T(T_2)$ , de module également élevé au départ (**Figure 1.11**).

- En revanche, si le  $T_R$  est court (0,5 s), la repousse n'est que de 50%, ce qui diminue d'autant le module du vecteur qui va décroître en transversal (**Figure 1.11**).

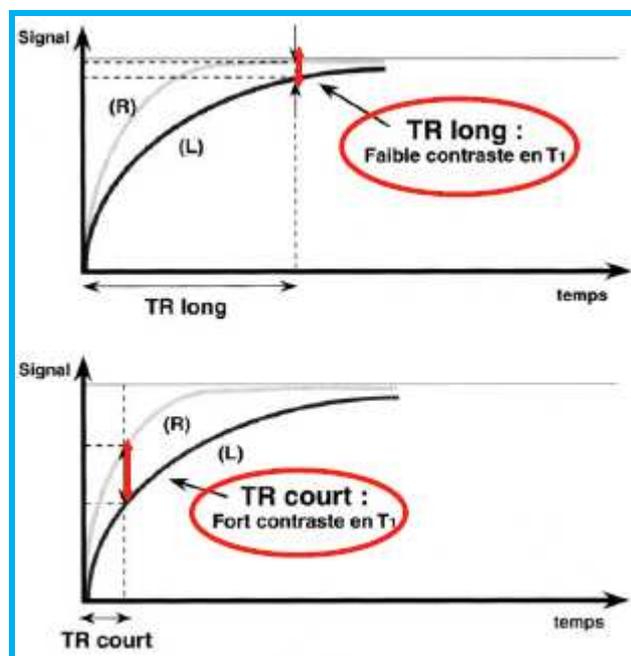


Figure 1.12 Influence du temps de répétition ( $T_R$ )

Prenons deux tissus dont les  $T_1$  sont respectivement court (R) et long (L) : quand le  $T_R$  est long (environ 2 secondes), il y a une repousse quasi complète des deux aimantations longitudinales et on ne peut plus les différencier (les courbes sont confondues) ; quand on raccourcit le  $T_R$  (environ 0,5 s), on sépare bien les deux tissus lors de la repousse (**Figure 1.12**). Celui qui a le  $T_1$  court (R) est bien au-dessus de celui qui a le  $T_1$  long (L) d'où un bon contraste en  $T_1$ .

Donc le  $T_R$ , temps de repousse, conditionne la repousse en  $T_1$  de l'aimantation longitudinale, quand le  $T_R$  est long, on détruit le contraste en  $T_1$  (pas de contraste en  $T_1$ ) et quand le  $T_R$  est court, au contraire, on favorise le contraste en  $T_1$ , on a un fort contraste en  $T_1$  (pondération en  $T_1$ ).

Séquence pondérée en  $T_1$  :

Une acquisition effectuée avec des temps  $T_R$  et  $T_E$  courts est dite en  $T_1$  : le temps de répétition ( $T_R$ ) est court pour faire du  $T_1$  ; le temps d'écho ( $T_E$ ) court pour ne pas faire du  $T_2$ . Pour les structures cérébrales on aura du clair au foncé

respectivement : la matière blanche MB, la matière grise MG puis le liquide céphalorachidien LCR (**Figure 1.15.a**).

### 1.3.2 Images pondérées en $T_2$ [71]

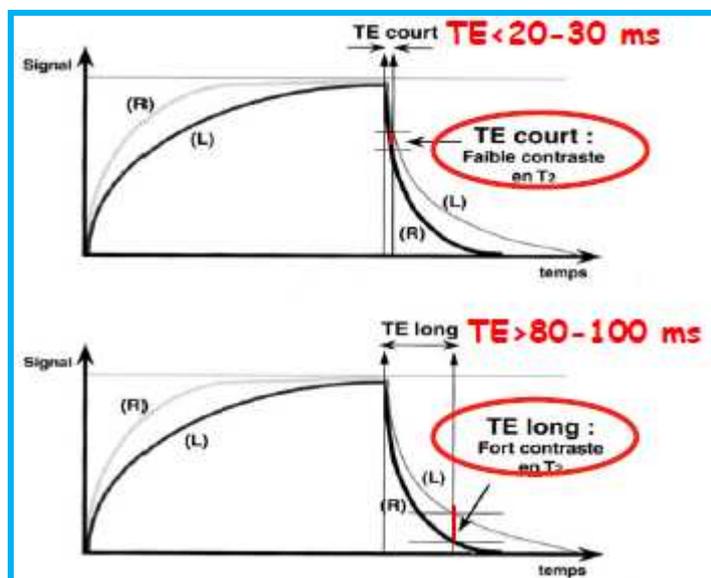


Figure 1.13 Influence du temps d'écho ( $T_E$ )

Prenons deux tissus dont les  $T_2$  sont respectivement court (R) et long (L) : si on fait des mesures avec un  $T_E$  très court, on sépare très mal les deux courbes de relaxation et on ne peut pas différencier les tissus (**Figure 1.13**) ; si, en revanche, on fait des mesures avec un  $T_E$  relativement long, on va bien séparer ces deux courbes de décroissance en  $T_2$  (**Figure 1.13**). Le tissu qui a le  $T_2$  long (L) est bien au-dessus de celui qui a le  $T_2$  court (R), d'où un bon contraste en  $T_2$ .

Séquence pondérée en  $T_2$  :

Lorsque ces deux temps sont longs, elle est dite en  $T_2$  : le temps d'écho ( $T_E$ ) est long pour faire du  $T_2$  ; le temps de répétition ( $T_R$ ) est long pour ne pas faire du  $T_1$ , on aura pour le cerveau respectivement du clair au foncé : le LCR, la MG, puis la MB (**Figure 1.15.b**).

### 1.3.3 Images pondérées en densité de protons [71]

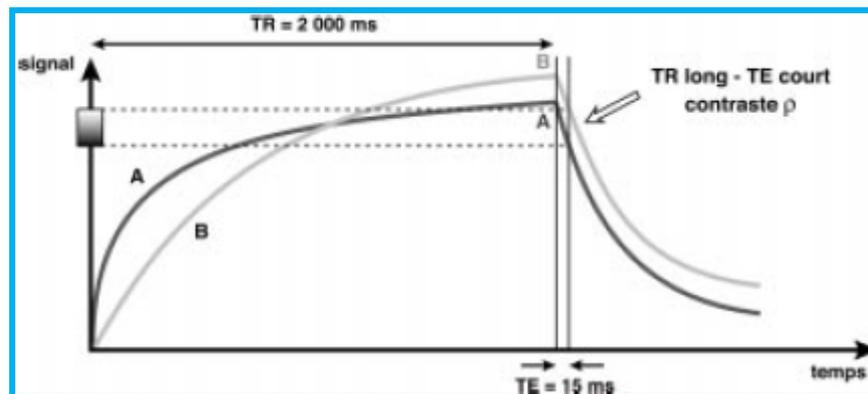


Figure 1.14 Séquence pondérée en densité protonique

Prenons l'exemple de deux tissus A et B : les tissus A et B n'ont pas le même  $T_1$  car ils ne repoussent pas à la même vitesse (A est au-dessus de B car son  $T_1$  est plus court) ; mais, en revanche, B a une densité protonique plus élevée que A : il va donc « passer » au-dessus de A et aura un signal plus élevé lors de la mesure.

Séquence pondérée en densité protonique :

Lorsque  $T_R$  est long et  $T_E$  est court, elle est dite en rho ou densité de protons, on aura pour le cerveau respectivement du clair au foncé : la matière grise, la matière blanche, puis le liquide céphalorachidien (**Figure 1.15.c**).

### 1.3.4 Obtention de l'image [71]

Chaque séquence comporte un double cycle élémentaire :

- Cycle signal : le cycle qui concerne le recueil du signal, que l'on va transformer en images de type  $T_1$ ,  $T_2$  et densité protonique ;
- Cycle de codage spatial

Une fois le signal recueilli (après le premier cycle que l'on a déjà vu), il va falloir réaliser une image (pixels) sur l'écran d'affichage, fidèle aux données du plan de coupe (voxels) sur le patient ; à ce cycle signal se rajoute donc un deuxième cycle de codage spatial qui va faire appel à trois gradients : un gradient de sélection de coupe ( $G_{sc}$ ), un gradient de codage par la phase ( $G_p$ ), qui va coder les lignes de la matrice, et un gradient de codage de fréquence ( $G_f$ ) qui va permettre de coder les colonnes de la matrice ; ce cycle de codage spatial stocke les données brutes dans un plan de Fourier où l'acquisition se fait ligne par ligne (**Figure 1.9**).

A chaque cycle, signal et codage spatial, une ligne du plan de Fourier est acquise; il faut répéter le cycle, signal  $90^{\circ}$ - $180^{\circ}$ , et les trois gradients à chaque  $T_R$  pour remplir une ligne supplémentaire du plan de Fourier; l'image définitive est obtenue à partir du plan de Fourier, par une double transformée de Fourier dans les deux directions (**Figure 1.9**). La répétition de ce cycle, étape obligatoire pour la formation de l'image en IRM.

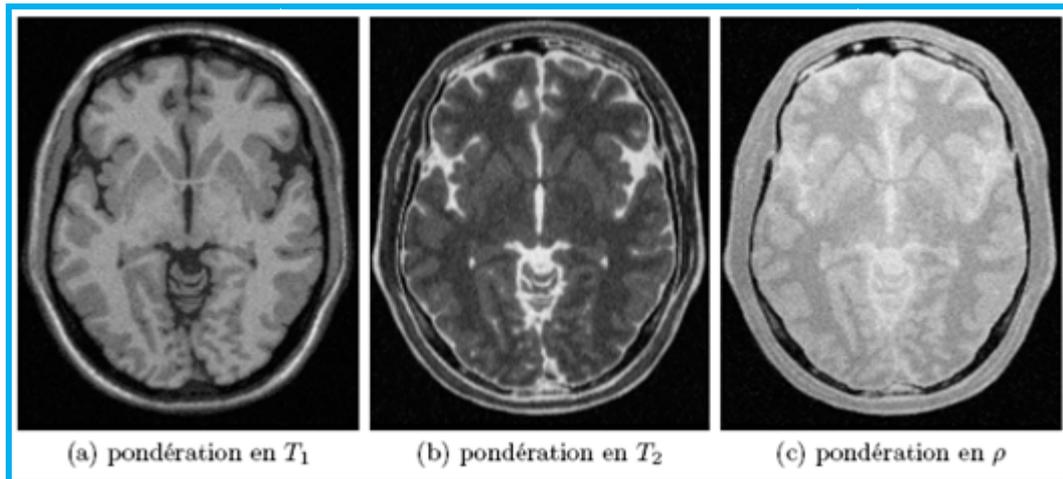


Figure 1.15 Différentes images acquises par IRM

(a) image pondérée  $T_1$ , (b)  $T_2$ , (c) densité de protons

La **figure 1.16** montre un autre type de modalité (FLAIR : FLuid Attenuation Inversion Recovery) :

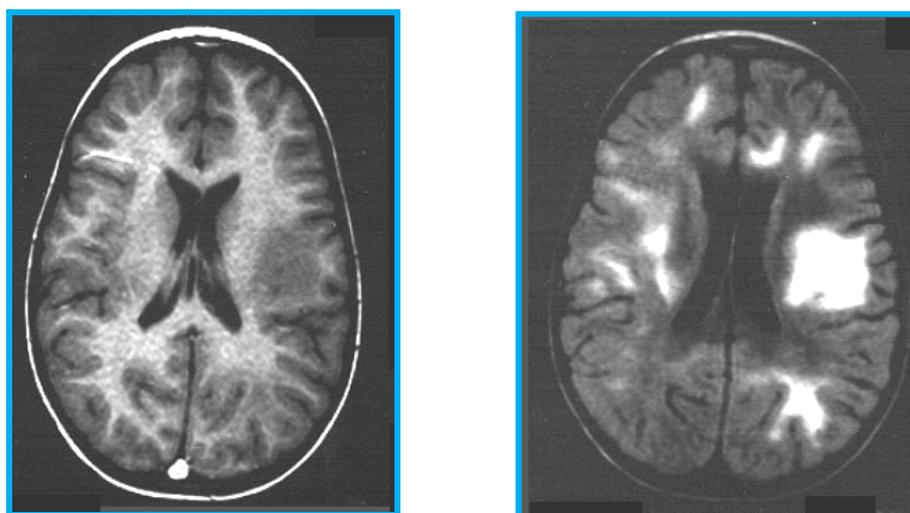


Image  $T_1$

Image FLAIR

Figure 1.16 Pondération FLAIR

On peut de plus, renforcer le signal de certaines structures grâce à l'utilisation d'un agent de contraste tel que le Gadolinium (**Figure 1.17**) [5].

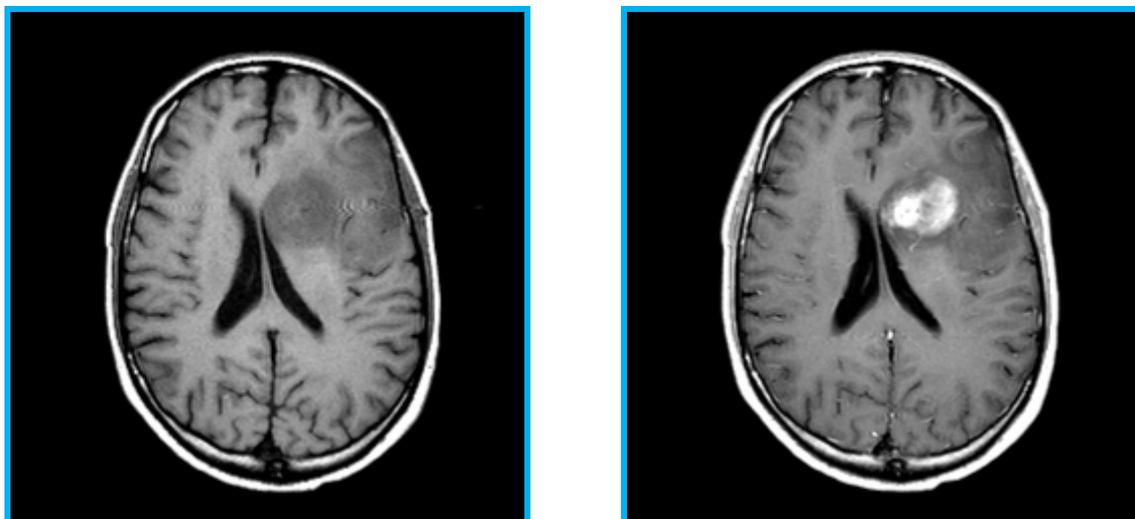
Image T<sub>1</sub>Image T<sub>1</sub> avec un agent de contraste

Figure 1.17 Utilisation d'un agent de contraste

#### 1.4 Imageur IRM [5]

Pour pouvoir arriver à obtenir des images IRM, il est nécessaire de réaliser un système d'imagerie capable de fournir le champ magnétique et l'excitation radio fréquence RF, de recueillir le signal, il doit aussi permettre le codage spatial de l'image (**Figure 1.18**).

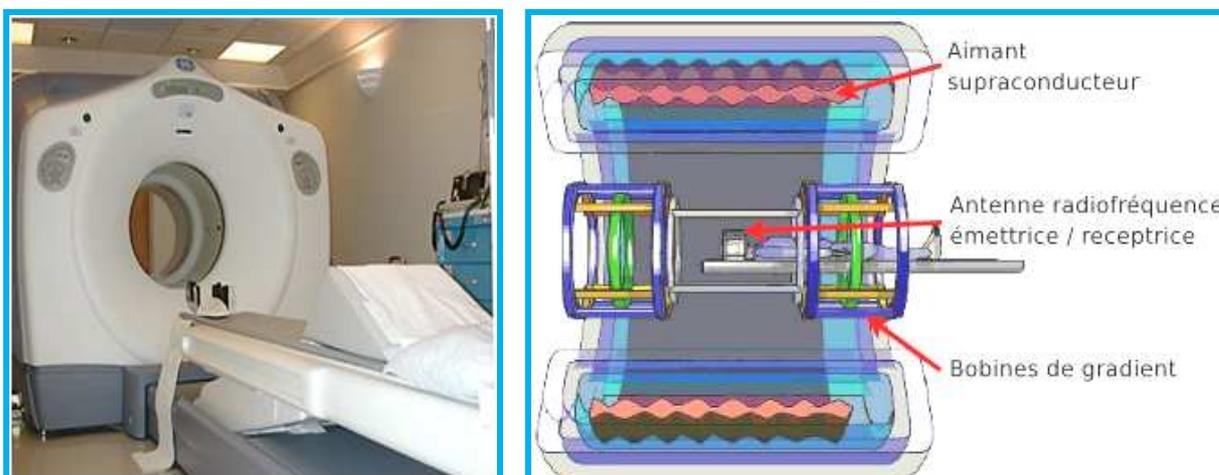


Figure 1.18 Imageur IRM  
(à droite, schéma simplifié d'un imageur IRM)

L'appareil est constitué d'un tunnel formé d'un aimant très puissant (de 0,5 Tesla (bas champ) jusqu'à 3 Tesla (haut champ), mais en général le champ est de 1,5T) entourant le lit d'examen sur lequel s'allonge le patient. Des antennes spécifiques y sont connectées et peuvent entourer une région de l'organisme (antenne tête, genou, ...) ou bien tout le corps (antenne corps). Certaines émettent une onde radio-fréquence qui excite ou stimule les noyaux d'hydrogène contenus dans l'eau.

Après arrêt de la stimulation (qui dure à peine quelques millisecondes), les atomes d'hydrogène restituent l'énergie absorbée qui va se dissiper dans différents plans de l'espace. L'énergie dissipée est alors captée par d'autres antennes dites antennes réceptrices puis analysée par un puissant ordinateur qui construit alors une véritable carte énergétique de la partie du corps étudiée.

Suivant la composante en eau des tissus analysés, leurs vascularisations et leurs pathologies éventuelles, les images seront différentes et l'ordinateur réalise des images en noir et blanc d'une très grande sensibilité, très précieuses pour le diagnostic, notamment en matière de pathologie tumorale ou infectieuse.

### 1.5 Inconvénients de l'IRM [5]

L'IRM est une nouvelle technologie servant à la médecine, elle offre beaucoup d'avantages mais possède aussi quelques inconvénients.

L'inconvénient majeur réside dans le fait que le patient doit respecter une stricte immobilité pendant toute la durée de l'examen (entre environ une quinzaine de minutes et quarante cinq minutes) et que par ailleurs le fait d'être enfermé dans un tunnel est parfois difficile à supporter pour certaines personnes (en particulier les claustrophobes).

De plus, du fait du champ magnétique puissant pouvant déplacer les objets dits ferromagnétiques, il existe certaines contre-indications : les valves cardiaques artificielles métalliques, les stimulateurs cardiaques, certains clips cérébraux ou certaines prothèses ou objets métalliques. Il va de soi que tous les objets métalliques ou magnétiques doivent être déposés à l'extérieur de la salle d'examen (clefs, pièces

de monnaie, carte bancaire...). La salle d'examen est par ailleurs protégée (blindée) par une protection spécifique (cage de Faraday) qui la met à l'abri des perturbations ou pollutions magnétiques extérieures.

Après avoir énoncé les principes physiques d'un système d'imagerie par résonance magnétique nucléaire dans la première partie de ce chapitre, la partie suivante présente quelques éléments d'anatomie cérébrale de la façon la plus simple possible, dans le but de se familiariser avec les termes employés dans la thèse.

### 1.6 Anatomie cérébrale

Le système nerveux central (le névraxe) (**Figure 1.19**) est constitué de la moelle épinière logée dans le canal vertébral, et de l'encéphale. Dans ce qui suit nous décrivons l'anatomie de ce dernier, et notamment les composants qui nous intéressent dans le cadre de cette étude. Pour plus de détails, on pourra se référer à **[6]**.

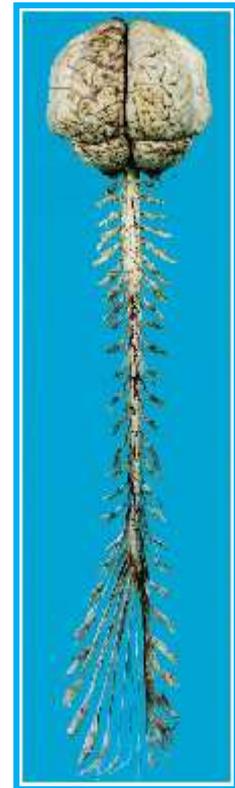


Figure 1.19 Système nerveux central

#### 1.6.1 La moelle épinière

La moelle épinière se situe dans la colonne vertébrale, elle est le responsable de certains réflexes et de la conduction des messages entre les nerfs qui lui sont rattachés et l'encéphale **[7]**.

#### 1.6.2 L'encéphale

L'encéphale (**Figure 1.20**) est une masse de tissus mous et spongieux. C'est en quelque sorte le centre de surveillance de tout l'organisme. Trois zones principales de l'encéphale sont aux commandes des différentes activités que nous pouvons accomplir **[7]** :

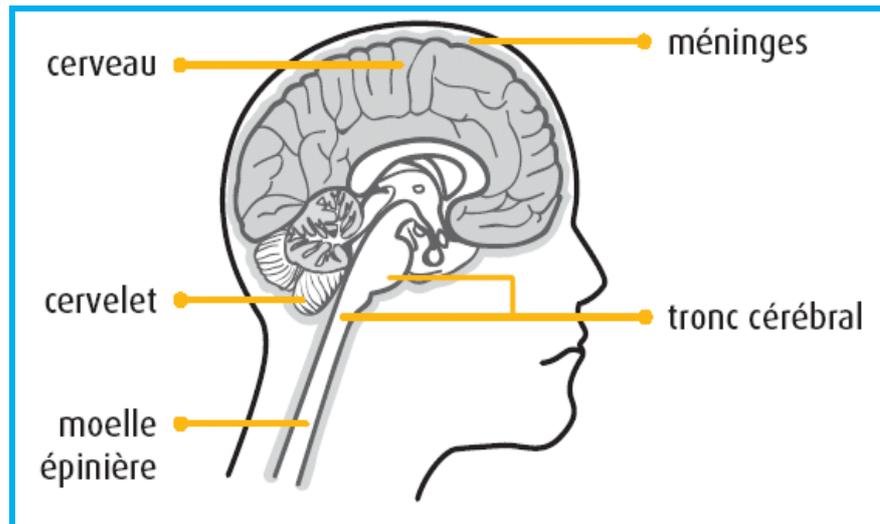


Figure 1.20 L'encéphale

#### 1.6.2.1 Le cerveau [8]

Le cerveau occupe la plus grande partie de l'encéphale. Il est composé du télencéphale et du diencéphale. Le télencéphale est constitué de deux hémisphères, qui sont réunis par le diencéphale.

Le cerveau vous permet de voir, de ressentir des émotions, de penser, de parler et de bouger. Vos sens envoient des messages au cerveau pour l'informer de ce qui se passe et lui indiquer comment réagir. Il est divisé en deux hémisphères. L'**hémisphère** droit du cerveau contrôle le côté gauche du corps et l'hémisphère gauche contrôle le côté droit.

En anatomie, chacun des deux hémisphères du cerveau est divisé en quatre **lobes** qui sont, d'avant en arrière (**Figure 1.21**) :

- Le *lobe frontal* situé juste derrière le front au dessus des yeux (en orange) pour la motricité, la production du langage et en moindre mesure pour la mémoire.
- Le *lobe temporal* situé au dessus de l'oreille légèrement en arrière et en dessous du lobe frontal (en rouge) pour l'audition, la compréhension du langage et pour les souvenirs récents.
- Le *lobe pariétal* situé en arrière du lobe frontal (en vert) pour l'attention et la perception.
- Le *lobe occipital* est situé sur la partie la plus arrière du crâne (en bleu) pour la vision.

Les deux hémisphères sont reliés par différentes structures cérébrales comme le corps calleux ou le thalamus.

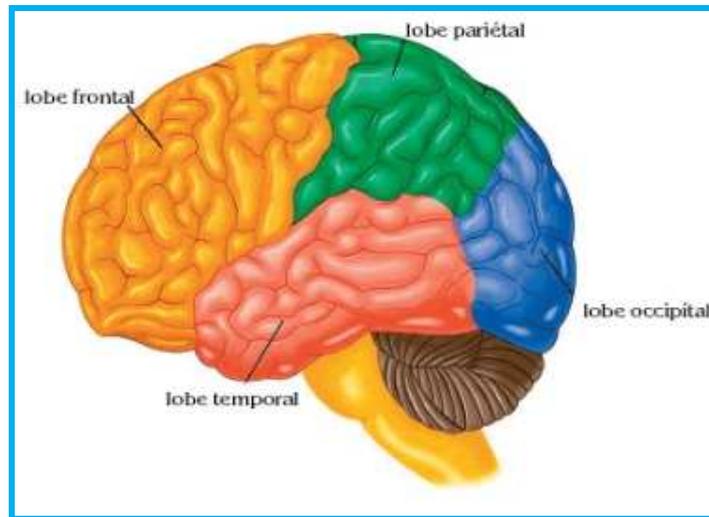


Figure 1.21 Les lobes cérébraux

Le cerveau est composé de trois tissus principaux (**Figure 1.22**) :

- Matière Blanche (MB) [8]

La matière blanche (**Figure 1.22**) est comprise entre le cortex, les noyaux gris centraux et les ventricules. Elle est composée d'axones qui établissent les connexions entre les corps cellulaires du cortex et d'autres parties du cerveau.

La substance blanche est blanche, car la myéline qui gaine les axones des neurones est une substance grasseuse, ce qui lui confère une couleur blanche nacré.

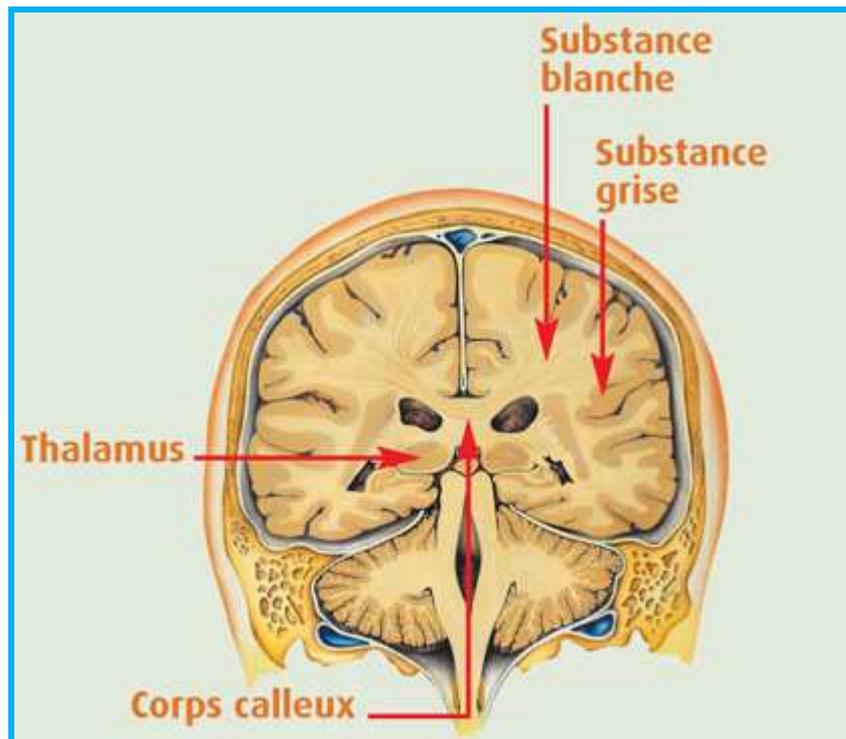


Figure 1.22 Tissus du cerveau

- Matière Grise (MG) [9]

La matière grise (**Figure 1.22**) est répartie en deux types de structures : le cortex, situé à la périphérie du cerveau et les noyaux gris centraux. La matière grise est essentiellement composée de corps cellulaires de neurones et constitue donc le siège de l'activité cérébrale.

Le cortex recouvre la totalité du cerveau. Son épaisseur varie de 2 à 3 millimètres, sa surface est importante car il suit toutes les convolutions externes (sillons) du cerveau. Afin de pouvoir loger dans la boîte crânienne le cortex est replié formant des arêtes (circonvolutions) et des vallées (fissures). Le cortex cérébral de l'homme contient environ 80% des corps cellulaires de tout le système nerveux. La forme et la position des plis corticaux sont très variables d'un individu à un autre.

Les noyaux gris sont des regroupements de substance grise, situés à l'intérieur de l'encéphale. Les principaux noyaux sont (**Figure 1.23**) :

- Les Noyaux Caudés : En forme de virgule, ils ont presque toujours en commun une frontière avec les ventricules latéraux.

- Le noyau lenticulaire composé du putamen et du pallidum, est lui aussi en forme de virgule et juste en dessous du noyau caudé.
- Le Thalamus est le noyau gris le plus volumineux, il est en position postérieure des cornes frontales.

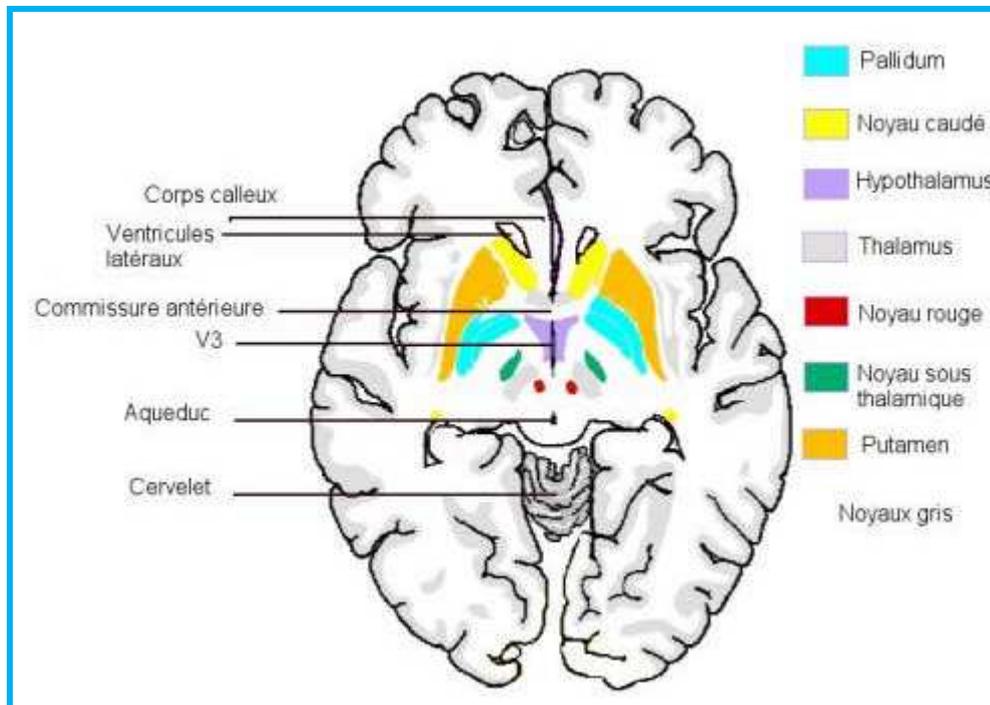


Figure 1.23 Les noyaux gris centraux (coupe axiale tirée de [10])

- Liquide Céphalo-Rachidien (LCR)

Le liquide céphalo-rachidien ou cérébro-spinal est une substance transparente constituée de 99% d'eau. Il forme un coussin protecteur pour le système nerveux central (SNC). Il remplit par ailleurs des fonctions importantes au niveau des échanges de substances entre le sang et le tissu nerveux [11].

Le LCR est contenu dans le SNC, dans deux zones anatomiques bien distinctes [8] :

- Le système interne constitué par les ventricules cérébraux (**Figure 1.24**), qui sont au nombre de quatre : les ventricules latéraux, un dans chaque hémisphère cérébral, le troisième ventricule dans le diencéphale, au centre du cerveau, et le quatrième ventricule en arrière du tronc cérébral. Les ventricules latéraux communiquent avec le troisième ventricule via le trou de Monro, et le quatrième ventricule avec le troisième ventricule par l'intermédiaire de

l'aqueduc de Sylvius. Ce sont les plexus choroïdes contenus dans les ventricules cérébraux qui sécrètent le liquide céphalo-rachidien.

- Le système externe appelé également système de résorption : il s'agit des cavités situées en dessous de l'arachnoïde (cette cavité est plus précisément située entre la pie-mère et l'arachnoïde (**Figure 1.25**)). Le compartiment ventriculaire et le compartiment de résorption communiquent entre eux au niveau de la partie inférieure du cervelet par un foramen ventriculaire appelé trou de Magendie.

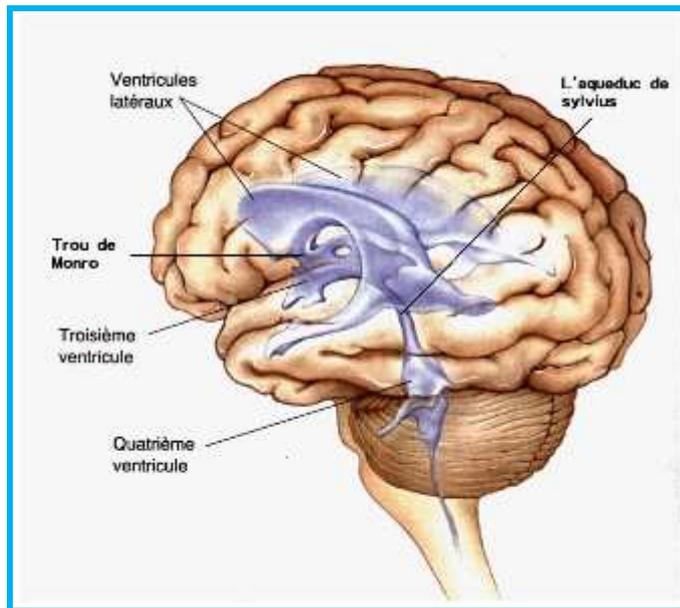


Figure 1.24 Représentation du système ventriculaire (Vue sagittale)

#### 1.6.2.2 Le cervelet

Le cervelet est situé sous le cerveau, dans la partie arrière de l'encéphale (**Figure 1.21**, en marron). C'est lui qui régit l'équilibre et la coordination [7].

#### 1.6.2.3 Le tronc cérébral

Le tronc cérébral se trouve au bas de l'encéphale et relie celui-ci à la moelle épinière (**Figure 1.21**, en jaune). Il est responsable des fonctions de base essentielles à la vie, incluant la tension artérielle, les battements du cœur, la respiration et les réflexes [7].

### 1.6.3 Les méninges

Trois fines membranes appelées **méninges** enveloppent les tissus qui se trouvent entre le crâne osseux et le cerveau. De la surface vers la profondeur, on distingue (**Figure 1.25**) [7] :

- La *dure-mère* (épaisse : protection).
- L'*arachnoïde* (beaucoup plus fine).
- La *pie-mère* (très fine).

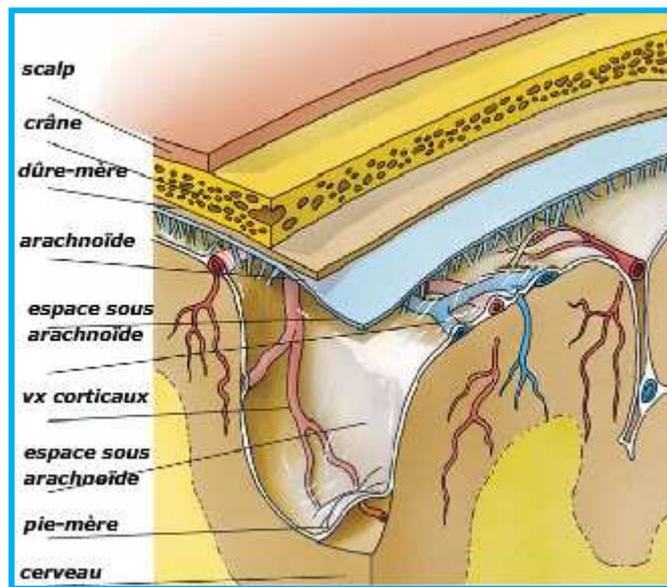


Figure 1.25 Les méninges

L'anatomie du cerveau humain est compliquée dans le sens où elle présente de nombreuses structures cérébrales enchevêtrées, très diverses dans leur forme et dans leur composition tissulaire. Dans ce chapitre nous avons présenté brièvement quelques éléments d'anatomie cérébrale, notamment les composants qui nous intéressent dans le cadre de cette étude.

Comme le but de notre étude est de localiser des tumeurs cérébrales, on va donner dans les paragraphes suivants, une simple présentation de celles-ci.

## 1.7 Tumeurs cérébrales

### 1.7.1 Définition [7]

Notre organisme compte des millions de cellules, regroupées en tissus et en organes (muscles, os, poumons, foie, etc.). Chaque cellule contient des gènes qui régissent son développement, son fonctionnement, sa reproduction et sa mort. Normalement, nos cellules obéissent aux instructions qui leur sont données et nous demeurons en bonne santé. Mais il arrive parfois que les instructions deviennent confuses dans certaines cellules. Celles-ci adoptent alors un comportement inhabituel, en se développant et en se multipliant de façon anarchique. Après un certain temps, ces groupes de cellules anormales forment une masse appelée **tumeur**.

### 1.7.2 Types de tumeurs cérébrales

Les tumeurs cérébrales primitives<sup>1</sup> se forment dans le cerveau et peuvent être bénignes ou malignes; les cellules formant des **tumeurs bénignes** demeurent localisées, tandis que les cellules à l'origine des **tumeurs malignes** ont la capacité d'envahir les tissus voisins. Dans la plupart des parties du corps, une tumeur bénigne ne représente pas le même danger qu'une tumeur maligne. Dans l'encéphale, les tumeurs bénignes comme les tumeurs malignes peuvent être graves et mettre éventuellement la vie en danger.

De nombreux cas de tumeurs peuvent apparaître (**Figure 1.26**). La texture peut être homogène (méningiome) ou hétérogène (oligodendrogliome). Elles peuvent être encapsulées (abcès), avoir des limites nettes (neurinome) ou être infiltrantes (glioblastomes). Elles peuvent être uniques ou multiples (métastases) (**Figure 1.28**). La topographie peut être intra ou extra-axiale, intraventriculaire... [5].

---

<sup>1</sup> Les tumeurs cancéreuses ayant pris naissance dans une autre partie du corps pour ensuite se propager au cerveau sont appelées tumeurs cérébrales secondaires. Elles portent aussi le nom de tumeurs cérébrales métastatiques ou de métastases cérébrales.

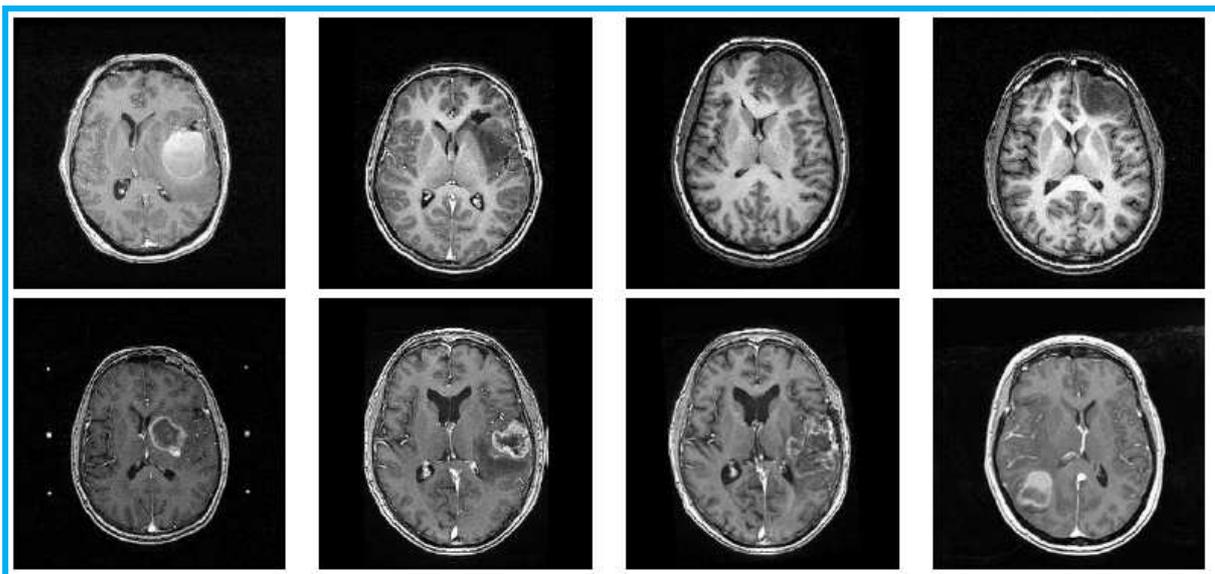


Figure 1.26 Coupes axiales d'IRM cérébrales présentant des tumeurs de formes, tailles, localisations et types variés

Par ailleurs, le développement des tumeurs peut se faire de manière invasive ou non.

Dans le cas non invasif, la tumeur, en se développant, ne fait que repousser les tissus environnants, pouvant entraîner des dysfonctionnements des zones comprimées. Les contours de ces tumeurs sont assez précis, permettant un traitement efficace par chirurgie [12].

Les tumeurs invasives par contre s'infiltrent dans les tissus sains (**Figure 1.27**). Elles sont plus difficiles à diagnostiquer car les symptômes liés à la compression des zones fonctionnelles apparaissent plus tardivement. Ces tumeurs sont caractérisées par une nécrose centrale et par un œdème périphérique qui correspond à la partie infiltrée de la tumeur. Il y a alors un risque pour que la chirurgie soit imparfaite et que la tumeur récidive après l'opération. Même la radiothérapie ne peut garantir une destruction complète de la tumeur [12].

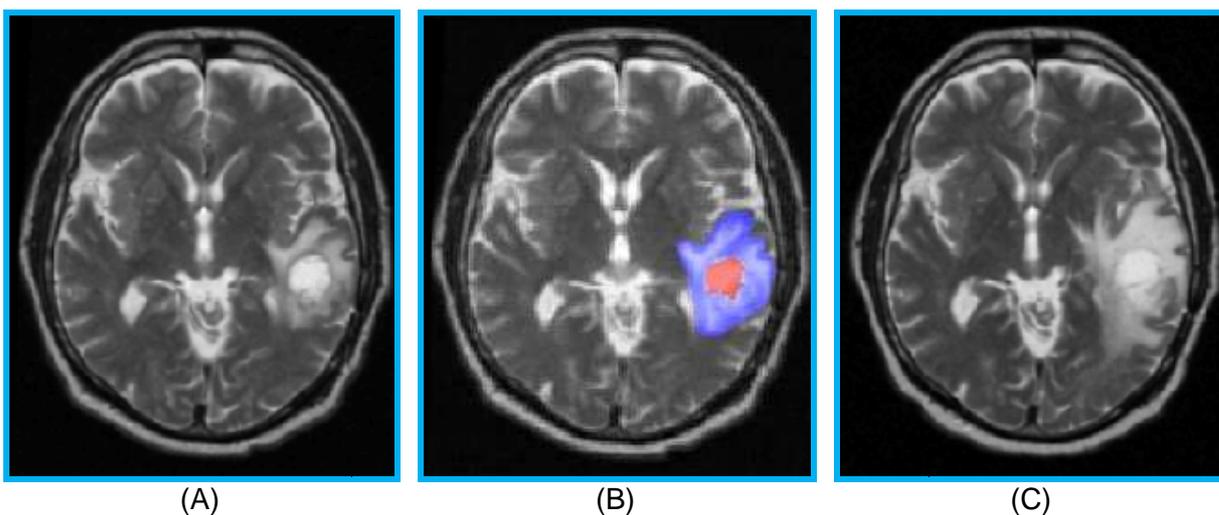
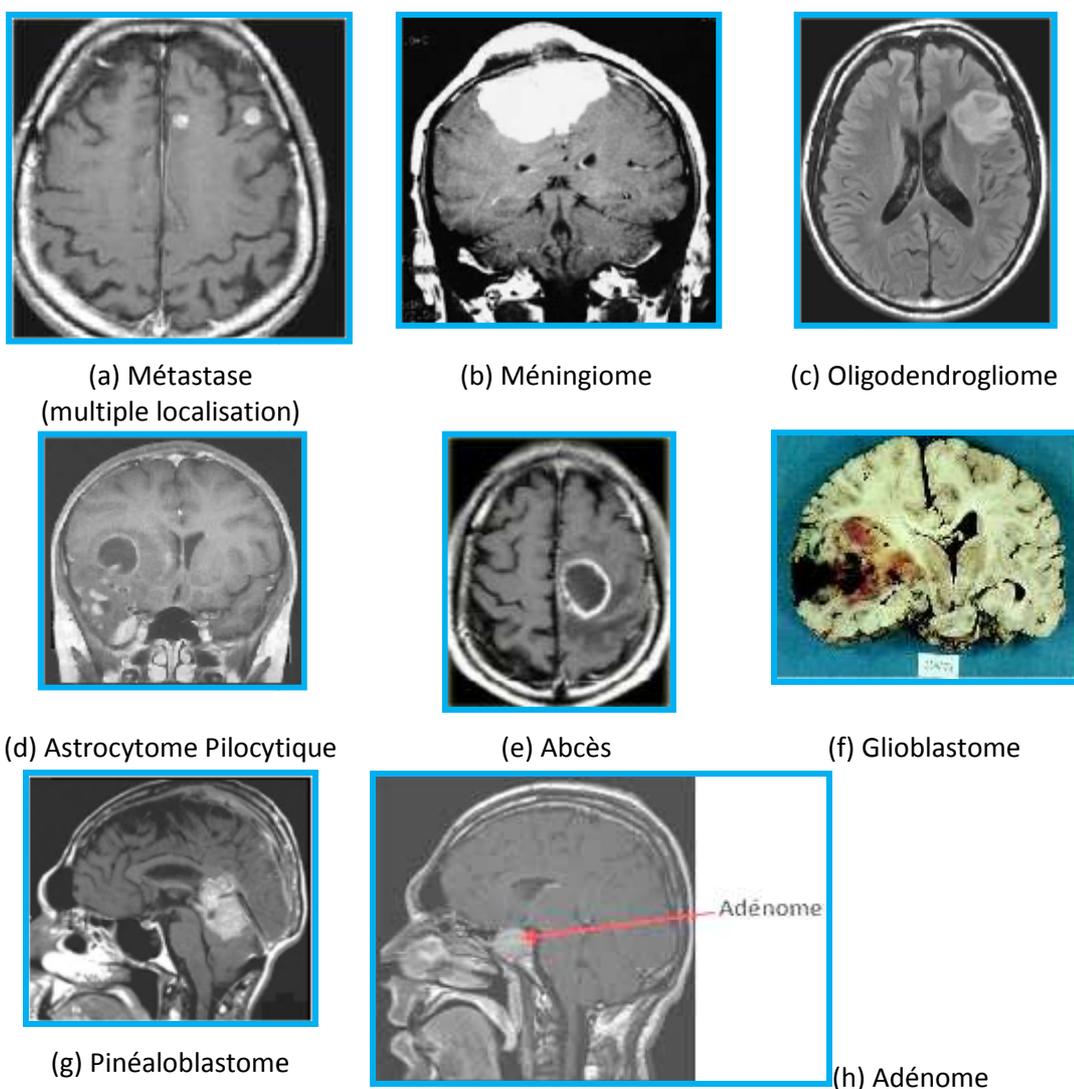


Figure 1.27 Evolution de la croissance d'une tumeur de type glioblastome en 6 mois

(A) IRM T<sub>2</sub> du patient en mars (B) en rouge, la partie la plus active de la tumeur; en bleu, la zone infiltrante de la tumeur (C) IRM T<sub>2</sub> du même patient en septembre [64].



(g) Pinéaloblastome

(h) Adénome

Figure 1.28 Coupes d'IRM présentant quelques types de tumeurs cérébrales [70]

### 1.7.3 Description des principaux types de tumeurs intracrâniennes [1]

Les tumeurs intracrâniennes représentent une pathologie fréquente en neurologie. Le terme « tumeurs intracrâniennes » englobe à la fois les tumeurs cérébrales mais également certaines tumeurs qui n'ont pas pour origine le tissu cérébral (méningiomes et lymphomes par exemple).

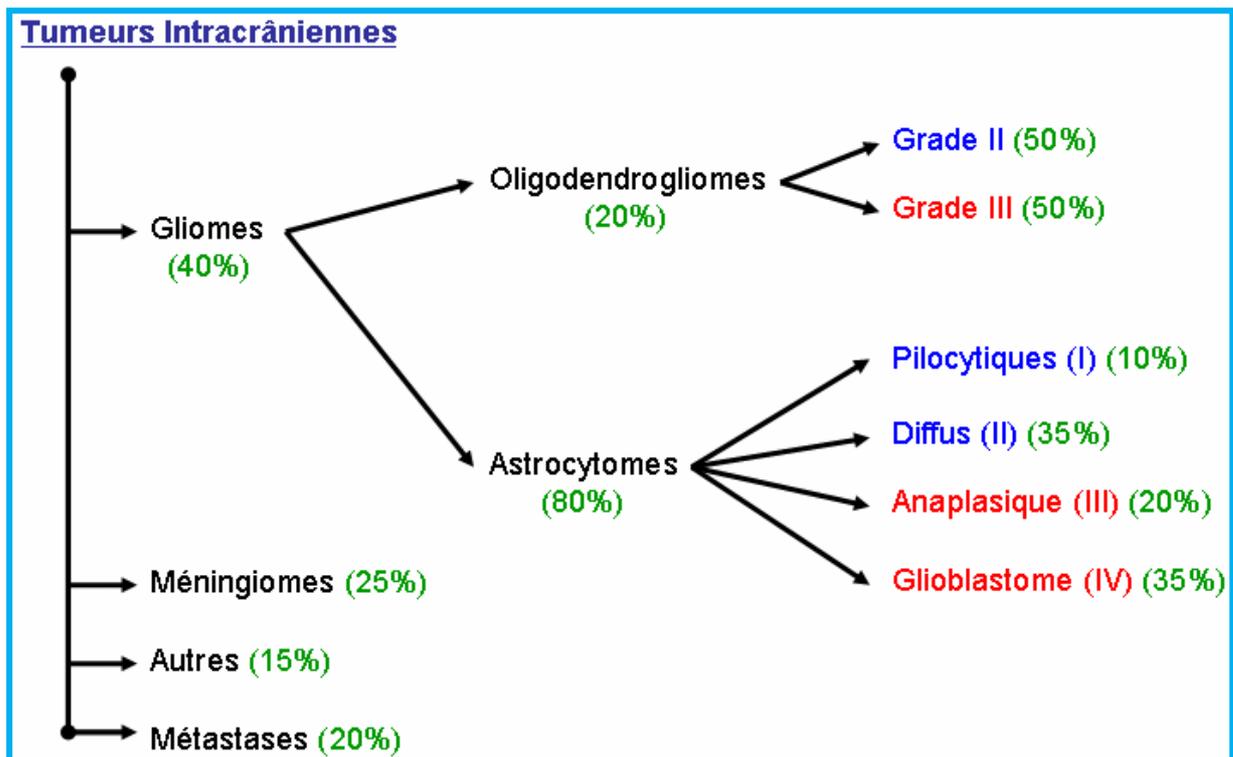


Figure 1.29 Distribution des principales tumeurs intracrâniennes [1]

(Autres : ependymomes, adénomes hypophysaires, lymphomes du système nerveux central, neurinomes, craniopharyngomes, ...); (bleu : tumeurs bénignes, rouge : tumeurs malignes – la malignité n'est indiquée que pour les gliomes).

#### 1.7.3.1 Gliomes

Les gliomes représentent 40% des tumeurs intracrâniennes et peuvent être subdivisés en deux grands groupes : les astrocytomes, ayant pour origine un astrocyte et les oligodendrogliomes, ayant pour origine un oligodendrocyte. Ils sont également classés en fonction de leur malignité, on distingue donc :

- Les gliomes de bas grade :
  - astrocytomes pilocytiques (grade I)
  - astrocytomes diffus (grade II)
  - oligodendrogliomes

### - Les gliomes de haut grade

- ◇ astrocytomes anaplasiques (grade III)
- ◇ glioblastomes multiformes (grade IV)
- ◇ oligodendrogliomes anaplasiques

La proportion relative de ces différentes catégories est indiquée dans la **figure 1.29**.

#### ○ Astrocytomes de bas grade

L'astrocytome fait partie des gliomes, tumeurs développées à partir des cellules gliales, qui constituent le tissu de soutien des neurones. Les astrocytomes de bas grade surviennent en général chez le jeune adulte entre 35 et 45 ans. Le premier signe clinique est souvent la survenue d'une crise comitiale accompagnée ou suivie par d'autres symptômes neurologiques. A l'examen IRM, la tumeur apparaît comme une masse diffuse ne prenant pas le contraste.

#### ○ Astrocytomes de haut grade

Les astrocytomes de haut grade sont les tumeurs cérébrales primitives les plus fréquentes de l'adulte. Ils surviennent en général entre 40 et 50 ans pour les astrocytomes anaplasiques et après 55 ans pour les glioblastomes. Le diagnostic est généralement réalisé suite à un examen par IRM. Les astrocytomes malins prennent le contraste de façon hétérogène et présentent souvent une structure en anneau dont le foyer est d'allure nécrotique. La lésion est entourée par un œdème, souvent très important. La tumeur peut également traverser le corps calleux pour aller coloniser le second hémisphère cérébral.

#### ○ Oligodendrogliomes

Il s'agit d'une tumeur bénigne développée au dépens de la cellule oligodendrogliale, évoluant lentement. Elle représente 5% de l'ensemble des tumeurs cérébrales. L'âge moyen varie entre 40 et 50 ans et le sexe masculin est intéressé dans 60% des cas. Ces lésions sont bénignes mais peuvent dégénérer souvent beaucoup plus tardivement que les astrocytomes.

### 1.7.3.2 Méningiomes

Les méningiomes représentent approximativement 20 à 25% des tumeurs intracrâniennes. Les méningiomes apparaissent plus fréquemment chez les femmes, on retrouve également une augmentation de la fréquence des méningiomes chez les patientes souffrant d'un cancer du sein. Leur croissance est lente et on note très peu d'oedème dans le parenchyme cérébral se trouvant sous le néoplasme. En règle générale, les symptômes observés sont causés par la compression de zones fonctionnelles dans le tissu cérébral sous-jacent à la lésion. Le diagnostic est effectué par IRM, sur les images le méningiome est adjacent à l'os. Dans certains cas, seule l'injection intraveineuse de Gadolinium permet de les mettre en évidence. Histologiquement, 95% des méningiomes sont bénins.

### 1.7.3.3 Métastases cérébrales

Les métastases cérébrales, uniques ou multiples, représentent 20% des tumeurs cérébrales. Elles sont observées surtout entre 50 et 60 ans avec une prédominance masculine. Elles sont habituellement arrondies et entourées d'un important oedème. Le diagnostic peut être effectué soit à l'aide d'un scanner X qui révèle les lésions après injection d'un agent de contraste soit par IRM qui est plus sensible. On estime de 10 à 20% les patients sur lesquels n'a été détecté qu'une seule métastase après examen au scanner X mais qui en réalité en présentent plusieurs après examen approfondi par IRM. Cette dernière méthode d'imagerie présente donc une plus grande sensibilité pour la détection des métastases.

## 1.8 Conclusion

L'IRM est donc une méthode de référence en neuroimagerie, les images obtenues sont utilisées comme une source d'informations précieuse et conséquente afin de réaliser le suivi des pathologies et les effets des thérapies.

Dans ce chapitre, nous avons vu le principe de l'imagerie par résonance magnétique nucléaire, le système d'imagerie est basé sur l'application d'un fort champ magnétique et d'une onde électromagnétique RF, la suppression de cette dernière va permettre de recueillir un signal émis par les tissus biologiques et

reconstruire une image anatomique. Ensuite, nous avons présenté quelques éléments d'anatomie cérébrale dans le but de se familiariser avec les termes employés dans cette thèse.

Après avoir décrit les images IRM et leurs caractéristiques, nous présenterons dans le deuxième chapitre les différentes méthodes de segmentation utilisées dans le domaine des images IRM.

## CHAPITRE 2

### ETAT DE L'ART DES METHODES DE SEGMENTATION DES IRM CEREBRALES

#### 2.1 Introduction

La segmentation est une opération d'analyse d'images qui a pour but de rassembler des pixels/voxels entre eux suivant des critères prédéfinis aboutissant à une partition de l'image étudiée. En imagerie médicale, et en particulier en IRM cérébrale, elle permet de différencier les tissus, (MG, MB et LCR), les structures anatomiques, et/ou les lésions et tumeurs. Il existe plusieurs travaux traitant de la segmentation des données IRM. Dans ce chapitre nous nous proposons de présenter quelques méthodes de segmentation d'IRM cérébrales que l'on peut retrouver dans la littérature, classées selon leurs approches.

#### 2.2 Définition de la segmentation

La segmentation, objectif de notre travail, consiste à regrouper l'ensemble des pixels de l'image selon certains critères (intensité, couleur, texture...) en régions connexes homogènes. Le choix du critère repose le plus souvent sur la nature des images traitées et les objectifs fixés.

Elle a été définie dans [13] comme un processus qui consiste à créer une partition de l'image  $I$  en  $n$  sous ensembles  $R_1, R_2, \dots, R_n$ , appelés *régions* (Une région est un ensemble de pixels connexes ayant des propriétés communes qui les différencient des pixels des régions voisines) tels que :

- $\forall i R_i \neq \emptyset$  aucune région ne doit être vide
- $\forall i, j, i \neq j, R_i \cap R_j = \emptyset$  aucun pixel n'appartient à plus d'une région
- $\cup R_i = I$  l'ensemble des régions recouvre toute l'image

Dans la section suivante, nous allons présenter les techniques de segmentation les plus connues, en les organisant selon l'approche qui les régit.

### 2.3 Méthodes de segmentation

Malgré la diversité des techniques de segmentation, il est possible de les classer en deux grandes catégories : **les approches non coopératives** et **les approches coopératives** [15].

Dans la première catégorie, nous pouvons distinguer essentiellement deux types d'approches : celles destinées à la détection des transitions locales (*contours*) [16]; et celles adaptées à l'extraction des *régions* uniformes [17]. Le schéma de la **figure 2.1** illustre les approches présentées dans ce chapitre.

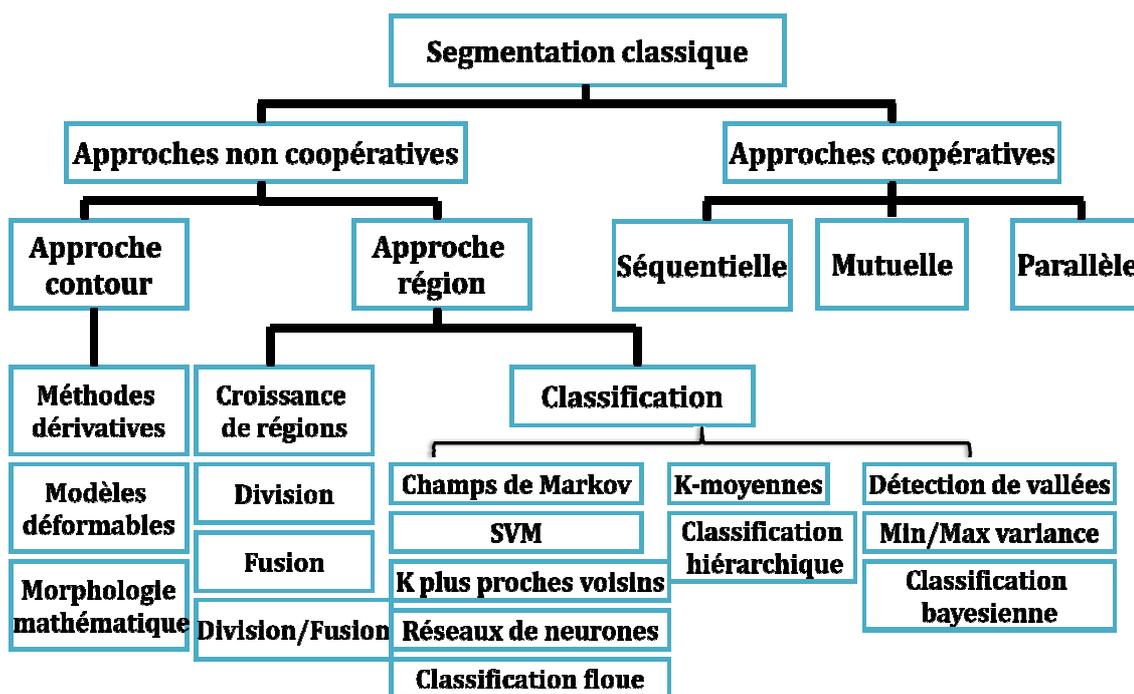


Figure 2.1 Schéma représentant quelques techniques de segmentation

Nous décrivons dans les paragraphes suivants, quelques unes des méthodes de chacune des deux approches de la première catégorie. Nous discutons les limites et les avantages de chacune d'elles afin d'intégrer éventuellement les meilleures d'entre elles, au sens de complémentarité, dans l'approche coopérative de segmentation que nous proposons.

### 2.3.1 Segmentation par approche contour ("frontière")

Dans la segmentation par approche "contour" (ou "frontière"), les primitives à extraire sont les lignes de contrastes séparant des régions connexes de propriétés différentes. On peut distinguer principalement les méthodes dérivatives et les méthodes fondées sur les modèles déformables.

Bien que les méthodes dérivatives, employées pour la segmentation des images IRM cérébrales, sont rapides et ne nécessitant pas d'apport d'informations à priori, elles ne permettent pas, en général, d'obtenir des contours fermés. Ces techniques ne sont plus utilisées actuellement, elles sont en effet très sensibles au bruit, leur efficacité repose sur l'existence de contrastes entre les structures recherchées.

#### 2.3.1.1 Modèles déformables

Les algorithmes de segmentation fondés sur les modèles déformables (MD) dérivent des méthodes de contours dynamiques introduites par **Terzopoulos [21]**. Ces modèles s'attachent à faire évoluer un contour initialement défini vers les frontières des objets considérés selon un processus de déformation itératif contrôlé par un test de convergence.

On différencie classiquement deux types de modèles déformables: les modèles déformables paramétriques et les modèles déformables géométriques **[22]**.

- Modèles déformables paramétriques « modèles explicites »

Les contours actifs, ou snakes, ont été introduits par **Kass en 1987 [51]**. Le principe des approches par forme paramétrique est de faire évoluer un contour ou une surface vers les frontières de l'objet que l'on cherche à segmenter, d'où le nom de contour actif. Cette déformation est fondée sur la minimisation d'une énergie, celle-ci est exprimée comme la somme d'un terme d'attache aux données (lié à l'image) et d'un terme de régularisation (lié à l'élasticité et la rigidité du contour). Les inconvénients majeurs des modèles explicites sont que :

- (1) L'énergie à minimiser dépend de la paramétrisation du contour ;
- (2) Les changements topologiques simples du contour, comme la fusion ou la séparation, sont difficiles à réaliser.

La formulation originelle des MD paramétriques est très sensible à l'initialisation et est facilement attirée par les minima locaux d'énergie. Pour contrôler cela,

- ✓ **Cohen (1991)** dans [98] a proposé l'incorporation d'une énergie dite de *ballon* par l'ajout d'un terme dans l'équation de l'énergie précédente. Ce terme ajouté définit un potentiel de pression qui permet de "gonfler" ou de "dégonfler" le contour et rend le snake plus robuste à l'initialisation et au bruit sur l'image. D'autres travaux se sont intéressés à l'utilisation de modes différents de paramétrisation comme les Gaussiennes rationnelles [99].
- ✓ **Xu et Prince (1997) (1998)** dans [102] [103] proposent des approches par gradient vector flow (GVF) pour étendre la zone de capture du modèle déformable (pour résoudre le problème du contour initial qui ne doit pas être trop éloigné des objets considérés). Elles reposent sur la diffusion de l'information via la résolution itérative d'une équation différentielle de diffusion. Ce GVF est calculé comme la diffusion spatiale du gradient d'une carte de bords (ou edge map) combiné aux forces usuelles. Ce GVF améliore grandement la qualité de la segmentation, notamment pour les images du cœur et du cerveau où les frontières sont très complexes.
- ✓ **Lecellier et al. (2006)** dans [100] [101] utilisent les contours actifs en y introduisant un a priori de forme.
- ✓ **Colliot et al. (2006)** dans [74] remarque ainsi que la correction des inhomogénéités d'intensité dégrade le contraste des noyaux gris centraux, et suggère d'utiliser les données non corrigées dans le terme d'attache aux données (**Figure 2.2**).

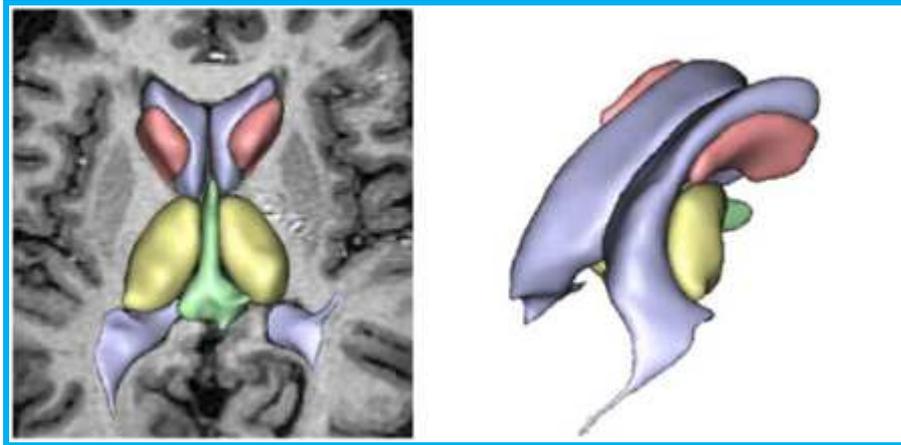


Figure 2.2 Segmentation de structures sous-corticales par modèle déformable explicite [74]

- Les résultats de la segmentation par ces modèles sont particulièrement dépendant des prétraitements réalisés sur l'image, nécessaires pour stopper l'évolution du contour sur les frontières des objets. Le bruit dans les images perturbe les informations de variation d'intensité, il est alors nécessaire de faire un filtrage sur les données.
- Le paradigme des snakes posant des problèmes de topologie (ils sont incapables de gérer les changements de topologies).

D'autres techniques se sont développées en parallèle, il s'agit des contours actifs non-paramétriques, ou implicites, encore appelés géométriques.

- Modèles déformables géométriques « modèles implicites »

Les modèles déformables géométriques sont fondés sur la théorie d'évolution des courbes et la méthode des ensembles de niveaux (level sets) introduite par **Osher et Sethian (1988) [23]**. Ils utilisent une représentation implicite du modèle et permettent des changements de topologie.

- ✓ **Rifai et al. (1999)** dans [24] ont utilisé les modèles déformables pour la segmentation des régions osseuses de la tête dans les IRM.
- ✓ **Baillard et al. (2000)** dans [94] ; **Baillard et al. (2001)** dans [95] ont appliqué cette méthode à la segmentation et au recalage d'image médicale 3D.

- ✓ **Goldenberg et al. (2001)** dans [96], ont proposé une méthode rapide de contours actifs géodésiques basée sur le schéma AOS (additive operator splitting) de **Weickert-Romeney-Viergever**.
- ✓ **Chan et Vese (2001)** dans [97] ont développé une amélioration de la version de base permettant ainsi de s'affranchir des problèmes observés lors de la segmentation de structures dont les contours sont doux.
- ✓ **Suri (2001)** dans [112] a proposé une méthode de segmentation de tissus cérébraux basée sur la méthode level-set et classification floue.
- ✓ **Ho et al. (2002)** dans [111] proposent un algorithme de segmentation qui utilise deux images (pondérées en T1 avec et sans agents de contraste) et calcule une carte de probabilité de tumeur utilisant la classification, l'analyse de l'histogramme et la différence entre les deux images, puis cette carte est utilisée comme le niveau zéro de la fonction level-sets.
- ✓ **Lefohn et al. (2003)** dans [28]; **Xie et al. (2005)** dans [110] ont proposé une méthode semi-automatique pour la segmentation de tumeurs cérébrales utilisant la méthode Level-sets. L'utilisateur sélectionne la région de la tumeur, afin d'initialiser une première segmentation.
- ✓ **Bourouis et al. (2008)** dans [75] proposent une méthode de segmentation des structures cérébrales qui combine la classification basée sur un atlas et l'approche Level sets.
- ✓ **Beladgham et al.** dans [69] utilisent une technique de contours actifs géométriques et plus particulièrement la méthode des ensemble de niveaux (level - sets) pour segmenter des images IRM cérébrales (**Figure 2.3**).



Figure 2.3 Segmentation d'une coupe sagittale du cerveau par la méthode Level-Set  
[69]

Tous les travaux de segmentation basés sur les MD ont montré qu'ils offrent toujours une courbe / surface fermée, permettent d'extraire un seul objet bien précis dans l'image, ils permettent aussi de gérer automatiquement les changements de topologie, comme la fusion et la division d'un seul contour pour la détection de plusieurs objets en même temps.

D'autre part, bien que les avantages des MD sont multiples, il subsiste cependant certains points négatifs, le plus important est la sensibilité du modèle au bruit.

#### 2.3.1.2 Morphologie mathématique

La morphologie mathématique est une branche des mathématiques fondée sur l'étude des ensembles permettant d'analyser les structures géométriques. Ses bases théoriques ont été établies par **J.Serra [19]**.

Les outils de base de la morphologie mathématique (érosion, dilatation, fermeture, ouverture, ...) se retrouvent fréquemment dans des méthodes de segmentation des images cérébrales.

- ✓ **Chen et al. (1993)** dans [113] proposent de faire une segmentation de tissus cérébraux d'IRM basée sur la morphologie mathématique.

- ✓ **Bueno et al. (2001)** dans [72] proposent de faire une segmentation des structures cérébrales d'IRM 3D basée sur la morphologie mathématique de grandes bases de données (**Figure 2.4**).
- ✓ **Dokladal et al. (2003)** dans [73] proposent une méthode originale pour la segmentation d'IRM cérébrales 3D pondérées en T1, plusieurs structures sont extraites en utilisant des opérateurs des structures de morphologie mathématique et topologie numérique.

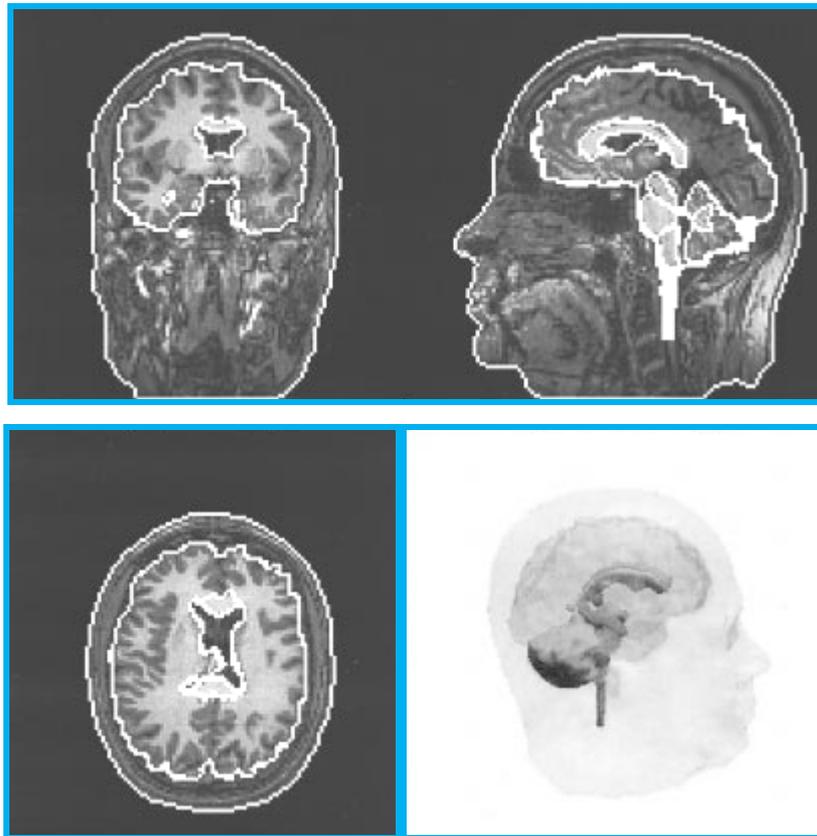


Figure 2.4 Segmentation des structures cérébrales d'IRM 3D par morphologie mathématique [72]

Les méthodes par morphologie mathématique conduisent souvent à une sur-segmentation, cependant, combinées avec d'autres méthodes de segmentation, elles permettent d'intégrer des connaissances pertinentes sur la morphologie des objets (approches « coopératives », voir Section 2.3.3).

### 2.3.2 Segmentation par approche région

La segmentation en régions est une approche spécifique dans laquelle on cherche à construire des surfaces en regroupant des pixels voisins suivant un certain *critère de similarité* ou d'homogénéité. Au final, la segmentation par région crée un ensemble de régions qui ont les propriétés suivantes :

- La réunion de toutes les régions donne l'image entière.
- Tous les pixels d'une même région sont homogènes entre eux.
- Les pixels de deux régions adjacentes ne sont pas homogènes entre eux.

La mesure de la similarité de deux pixels est le point clé des techniques de segmentation en régions. Il convient donc de choisir avec soin la méthode de calcul de la similarité.

Nous présentons ici quelques méthodes de segmentation en régions qui nous paraissent être les plus utilisées.

#### 2.3.2.1 Méthode globale ou par séparation

Le principe de cette méthode consiste à tester la validité d'un critère de similarité de manière globale sur une large zone de l'image. Si le critère est validé, l'algorithme s'arrête, sinon, on décompose la zone considérée en zones plus petites et on réapplique la méthode, jusqu'à obtention d'une zone qui valide le critère.

La méthode de séparation présente un inconvénient tel que le fractionnement d'une même région en sous ensembles distincts (**Figure 2.5**). Pour obtenir une segmentation avec un nombre minimal de régions connexes, on utilise la méthode de fusion.

#### 2.3.2.2 Méthode locale ou par fusion

L'idée de la méthode de fusion consiste à explorer l'image à partir de petites régions où chaque pixel de l'image constitue une région élémentaire et à faire croître celles-ci (**Figure 2.5**).



Figure 2.5 Exemple de segmentation par séparation et par fusion

- ✓ **Berrichi et Benyettou [66]** ont présenté un outil de segmentation des images scanographiques et IRM cérébrales qui est basé sur la méthode division-fusion (split & merge) pour la segmentation des anomalies dans ces images.

### 2.3.2.3 Méthode de croissance de régions (agrégation) [17]

Les méthodes par croissance de région consistent à étiqueter un objet en faisant croître une région à partir d'un ou de plusieurs points de départ appelés germes constituant un sous-ensemble de la zone recherchée. Le critère de propagation peut être basé sur les intensités, mais aussi sur des critères géométriques et topologiques. Les pixels voisins sont ajoutés à la région tant que l'indicateur d'homogénéité reste vrai. La croissance s'arrête lorsqu'on ne peut plus ajouter de pixels sans briser l'homogénéité.

Les méthodes fondées sur la croissance de régions permettent la segmentation de structures saines ou pathologiques,

- ✓ **Warfield et al. (1995)** dans [26] présentent une méthode d'identification des lésions de la matière blanche basée sur la croissance de régions (**Figure 2.6**).
- ✓ **Thiran, Warscotte et Macq (1997)** dans [25] proposent une méthode de croissance de régions pour la segmentation du cerveau sur des images IRM tridimensionnelles.

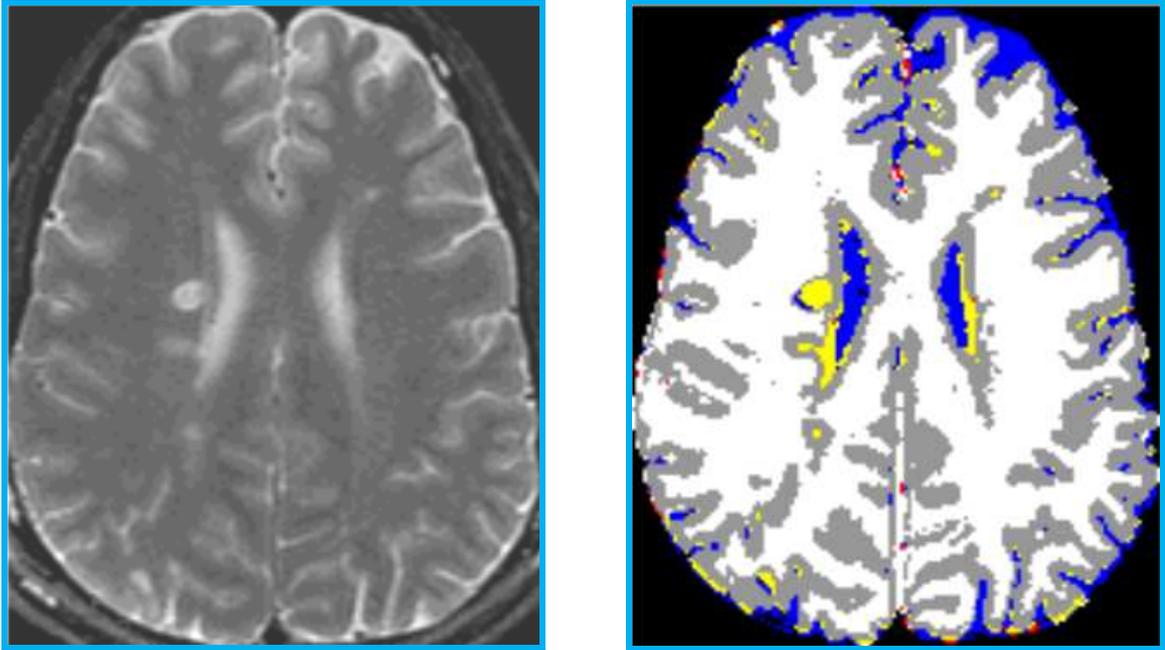


Figure 2.6 Segmentation par croissance de régions [26]

La pertinence du critère de propagation ainsi que le choix des germes et la condition d'arrêt de la croissance conditionnent en grande partie la qualité de la segmentation obtenue. Les méthodes par croissance de régions sont en général combinées avec d'autres méthodes de segmentation. Par exemple;

- ✓ **Schnack et al. (2001)** dans [76] les combinent avec des opérateurs de morphologie mathématique pour segmenter le système ventriculaire.
- ✓ **Richard et al. (2004)** dans [114] les combinent avec une approche par mixture de gaussiennes pour segmenter les tissus cérébraux.

#### 2.3.2.4 Approches par classification

D'un point de vue général, les méthodes de classification ont pour but de regrouper les éléments d'un ensemble (pixels d'une image)  $X = \{x_1, \dots, x_n\}$  en un nombre  $K$  optimal de classes selon leurs ressemblances [27].

Les classes sont construites à partir des attributs des pixels. Chaque pixel est affecté à une classe unique, et il se classe indépendamment de ces voisins. Une région sera constituée alors de pixels de même classe, et il peut y avoir plusieurs régions correspondant à une même classe dans une image.

#### 2.3.2.4.1 Segmentation par seuillage

Le seuillage d'histogramme (thresholding) est l'opération de segmentation la plus simple. Elle est fondée sur l'analyse des niveaux de gris de l'image. Elle permet d'extraire les régions dont l'intensité est supérieure à un seuil fixé. Cette approche n'utilise aucune information géométrique ni topologique. C'est l'une des plus anciennes méthodes de segmentation [13].

Ces méthodes sont très rapides, simple à mettre en œuvre. Cependant, la difficulté de ces approches apparaît au moment de la détermination du nombre de classes présentes dans l'image, ainsi que le niveau de gris délimitant chaque classe pour séparer correctement les différents objets contenus dans l'image. Par ailleurs, un autre problème de ces techniques, est l'apparition de faux contours vu qu'elles ne tiennent pas compte de l'espace spatial de l'image (position du pixel dans l'image). Nombreux algorithmes représentatifs de cette approche ont été réalisés tels que [129]: détection de vallées, minimisation de variance, maximisation de variance (OTSU), seuillage par entropie, seuillage par classification bayésienne...

##### Détection de vallées [130]

Cette technique est la plus intuitive. On suppose que chaque classe correspond à une gamme distincte de niveaux de gris. L'histogramme est alors m-modal. La position des minima (concavités) de l'histogramme permet de fixer les (m-1) seuils nécessaires pour séparer les m classes.

Malheureusement cette méthode, bien que simple, est très peu appliquée car l'histogramme traité peut être unimodal (ne contient aucune vallées donc aucun seuil ne peut être déterminé), ou comporte plusieurs vallées à cause du bruit. Dans ce cas la segmentation par cette méthode peut être complexe est très couteuse en temps de calcul.

Les méthodes de classification peuvent être séparées selon plusieurs critères: probabilistes ou déterministes, paramétriques ou non, supervisées ou non. Dans la partie suivante on s'intéresse à la classification supervisée et non supervisée.

#### 2.3.2.4.2 Méthodes de classification supervisées

Les méthodes supervisées nécessitent un ensemble d'images ou de régions d'intérêt. Dans l'image déjà étiquetée, cet ensemble de données est décomposé en deux sous ensembles : un ensemble d'apprentissage et un ensemble de test. L'ensemble d'apprentissage est construit par étiquetages manuels des images ou des régions d'intérêt en  $C$  classes par un ou plusieurs experts. Chaque classe  $C_i$  se voit donc affecter un ensemble d'apprentissage  $E_i$ , et les données de l'ensemble de test sont segmentées en fonctions des  $E_i$  [27].

S'il s'agit d'une segmentation d'images médicales IRM cérébrales, la classification supervisée de ces images nécessite donc la création d'une base d'apprentissage pour chaque classe et pour chaque patient, ce qui est en elle même une tâche fastidieuse pour les experts.

Parmi les méthodes de classification supervisées on peut citer : la segmentation Bayésienne, la segmentation par les champs de Markov, K plus proches voisins, réseaux de neurones, SVM (Machine à vecteurs de support) qui est l'objectif de notre étude.

- Réseaux de neurones

Un réseau de neurones artificiels [104] est en général composé d'une succession de couches dont chacune prend ses entrées sur les sorties de la précédente. Chaque couche  $i$  est composée de  $N_i$  neurones (**Figure 2.7**) prenant leurs entrées sur les  $N_{i-1}$  neurones de la couche précédente. A chaque synapse est associé un poids synaptique, de sorte que les  $N_{i-1}$  sont multipliés par ce poids, puis additionnés par les neurones de niveau  $i$ , ce qui est équivalent à multiplier le vecteur d'entrée par une matrice de transformation.

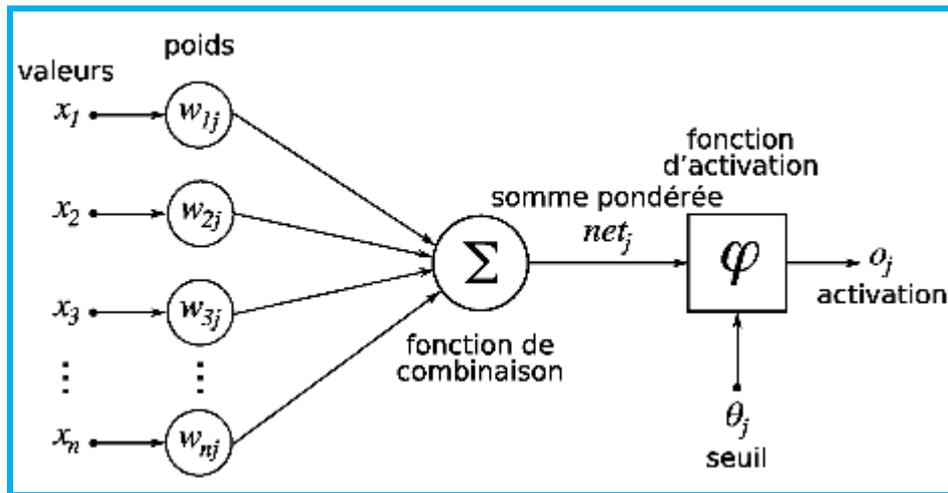


Figure 2.7 Structure d'un neurone artificiel

Le neurone calcule la somme de ses entrées puis cette valeur passe à travers la fonction d'activation pour produire sa sortie

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

Classiquement, en segmentation d'images médicales, les réseaux de neurones sont utilisés comme classifieurs. Les poids synaptiques sont déterminés par apprentissage sur une base d'images dont le résultat de segmentation est connu, on parle alors de réseau de neurones supervisé. Souvent, les neurones d'entrées sont les différentes IRM disponibles et les neurones de sorties nous donnent alors les différentes classes recherchées [105]. Il est en outre possible d'introduire des informations a priori en plus des volumes et donc de donner plus de robustesse à cette classification.

- ✓ **Alirezaire et al. (1998)** dans [115]; **Lin et al. (1996)** dans [116]; **Reddick et al. (1997)** dans [117] ont utilisé les réseaux de neurones pour la segmentation de tissus cérébraux.

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

Un grand nombre de travaux utilisant la méthode des réseaux de neurones, la combinent avec d'autres méthodes pour améliorer la segmentation ;

- ✓ **Song et al. (2006)** dans [118] combinent un réseau de neurones de type *self organizing map* avec un algorithme EM pour segmenter les tissus cérébraux.
- ✓ **Magnotta et al. (1999)** dans [119] segmentent dans un premier temps les tissus avec une approche bayésienne puis utilisent un réseau de neurones pour identifier certaines structures sous-corticales.

- Champs de Markov

Les champs de Markov offrent un cadre mathématique puissant qui permet une corrélation spatiale des étiquettes entre pixels voisins [92]. On peut le modéliser par deux champs  $Y$  et  $E$  tels que :

$Y$  est le champ des observations (niveau de gris, couleur...) représentant l'ensemble des  $N$  pixels de l'image. Nous cherchons à mettre en correspondance le champ  $Y$  avec un champ des étiquettes  $E$  prenant ses valeurs dans un ensemble fini  $F = \{1 \dots L\}$  tel que  $L$  est le nombre total des classes présentes dans l'image. Le problème de la segmentation est vu comme l'estimation de la réalisation de  $E$ , connaissant la réalisation observée  $Y$ . On cherche, en tout pixel de l'image, une bonne estimation de la configuration du champ des étiquettes  $E$  connaissant les données  $Y$ . En se plaçant dans le contexte de la maximisation d'une probabilité à posteriori : on cherche à maximiser la probabilité  $P(E/Y)$ .

Depuis leur apparition, les modèles markoviens sont largement utilisés pour la segmentation des images,

- ✓ **Geman et Geman (1984)** dans [92], **Held et al. (1997)** dans [77], **Jaggi et al. (1997)** dans [78] ont utilisé les champs de Markov pour la segmentation des tissus sur des IRM cérébrales.
- ✓ **Zhang et al. (2001)** dans [79] ont utilisé les champs de Markov cachés pour la segmentation de tissus cérébraux.

- ✓ **Fischl et al. (2002)** dans [120] accompli un étiquetage automatique de chaque voxel dans les images IRM du cerveau de l'homme en 37 structures neuroanatomiques en utilisant les MRF.
- ✓ **Bricq et al. (2008)** dans [80] proposent une méthode de segmentation markovienne des IRM 3D pour détecter les lésions de la sclérose en plaques.
- ✓ **Bricq (2008)** dans [81] propose une méthode basée sur la modélisation par chaînes de Markov cachées prenant en compte la notion de voisinage 3D et d'inclure l'information à priori apportée par un atlas pour la segmentation d'IRM cérébrales et la détection de lésions SEP.

- Les k-plus-proches-voisins

Cette approche supervisée, nécessitant une phase d'apprentissage, va classer chaque pixel de l'image en fonction de la classe d'appartenance des pixels de son voisinage (des k plus proches voisins en terme de distance entre leurs attributs et /ou leurs localisations spatiales) [106]. Contrairement à l'algorithme des k-moyennes, cette méthode est robuste même si les régions distinctes s'interpénètrent. Cette approche ne tenant toutefois pas compte des interactions spatiales entre pixels d'une même image. **Cocquerez et Philipp** en (1995) ont proposé une méthode de relaxation permettant de corriger la présence de pixels isolés.

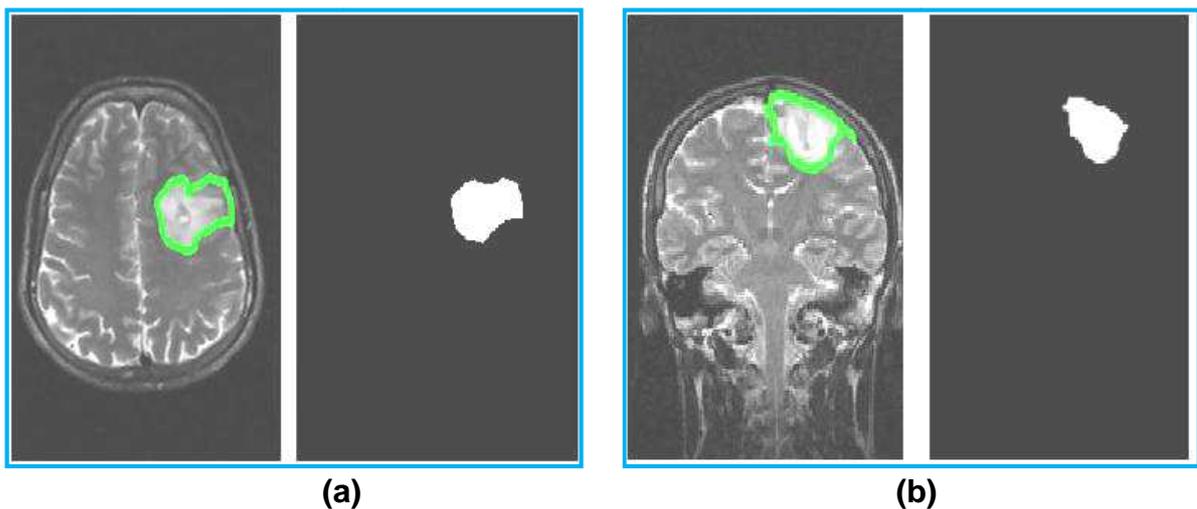
- Machine à Vecteurs de Support

Le principe des machines à vecteurs de support (en anglais « Support Vector Machines » ou SVM) est le suivant : déterminer un classificateur *linéaire* appelé *hyperplan* pour séparer deux classes de données. Les points de données les plus proches de celui-ci définissent des points appelés vecteurs de support. Pour obtenir une segmentation robuste, il faut maximiser la marge, i.e. la distance entre l'hyperplan et les vecteurs de support.

Si le problème de classification est non linéairement séparable : projeter les données par une transformation dans un espace de dimension supérieure à celle de l'espace d'entrée et trouver un séparateur dans cet espace de redescription.

Ce principe de séparation dans l'espace de redescription s'applique très bien à la segmentation d'images,

- ✓ **Ma et Ding (2002)** dans [29] ; **Shih et Liu (2006)** dans [30] ont utilisé les machines à vecteurs de support pour la détection de visages dans une image.
- ✓ **Diboune (2007)** dans [31] a utilisé les machines à vecteurs de support pour la reconnaissance de chiffres manuscrits.
- ✓ **Lao et al. (2004)** dans [33] ont utilisé les machines à vecteurs de support pour la classification des cerveaux.
- ✓ **Lao et al. (2006)** dans [34] ont utilisé les machines à vecteurs de support pour segmenter les lésions de la matière blanche.
- ✓ **Ayachi et al. (2009)** dans [32] ont utilisé les machines à vecteurs de support pour segmenter des tumeurs cérébrales (**Figure 2.8**).



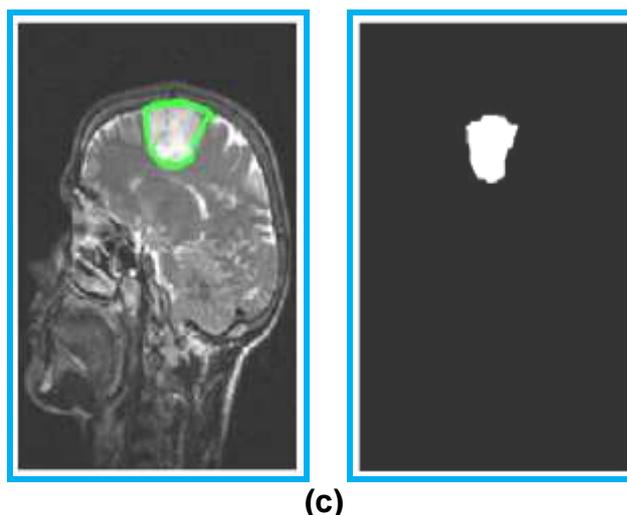


Figure 2.8 Segmentation d'une tumeur cérébrale par SVM [32]

Tous les travaux de segmentation basés sur la méthode SVM ont montré que l'utilisation de cette méthode est peu coûteuse en calculs, facile à l'emploi, nécessite peu de paramètres à fixer par l'utilisateur contrairement à d'autres méthodes comme la méthode des réseaux de neurones, en plus elle permet de contrôler le bruit.

Cependant, elle impose aux pixels d'être indépendamment et identiquement distribués, ce qui n'est pas le cas pour les images médicales. Alors il est indispensable de la combiner à d'autres méthodes qui prennent en compte les informations spatiales.

Comme la méthode SVM est parmi les plus récentes méthodes de segmentation des IRM et qu'elle a montré son efficacité dans plusieurs domaines d'application et en particulier dans le domaine de segmentation des IRM, on l'a utilisé pour la segmentation de pathologies cérébrales. Pour résoudre le problème concernant la prise en considération des informations spatiales, on va la coopérer avec un modèle déformable qui présente cet avantage (voir le paragraphe 2.3.1.1). En parallèle, on peut résoudre le problème de la sensibilité au bruit de ce modèle par la méthode SVM qui permet de choisir au préalable le pourcentage des pixels anormaux pris en considération lors de la classification.

Le principe, ainsi que la formulation mathématique de cette méthode sont expliqués en détail dans le prochain chapitre (chapitre 3).

### 2.3.2.4.3 Méthodes de classification non supervisées (Automatiques) [35]

L'intérêt des méthodes non supervisées (automatiques) est qu'elles ne nécessitent aucune base d'apprentissage et aucune tâche préalable d'étiquetage manuel. Les classes se créent au fur et à mesure de la procédure de classification. La seule intervention de l'expert se situe à la fin du processus pour identifier les tissus en comparant les classes calculées avec les classes biologiques.

Nous pourrions distinguer plusieurs méthodes de classification non supervisées : les approches K-moyennes, classification hiérarchique [36]...

- K-moyennes (K-means)

Méthode de classification non supervisée, elle nécessite cependant de choisir, à *priori*, le nombre de classes de l'ensemble d'arrivée. A l'initialisation, on choisit de façon aléatoire «  $n$  » centres de gravité («  $n$  » étant le nombre de classes souhaitées). On affecte alors à chaque pixel l'étiquette de la classe la plus proche (en prenant par exemple la distance comme critère d'affectation) puis les centres de gravité sont recalculés. On réitère le processus jusqu'à stabilisation des centres de gravité (pas de variation entre deux itérations successives).

- ✓ **Vemuri et Rahman (1995)** dans [82] ont utilisé cet algorithme pour la segmentation d'IRM cérébrales.
- ✓ **Pham et al. (1998)** dans [38] ont combiné l'algorithme K-means pour segmenter les tissus du cerveau avec les champs de Markov pour améliorer le résultat de la segmentation (**Figure 2.9**).
- ✓ **Batista et Kitney** dans [83] proposent une méthode de segmentation des tumeurs basée sur l'algorithme K-means combiné à des caractéristiques de texture.

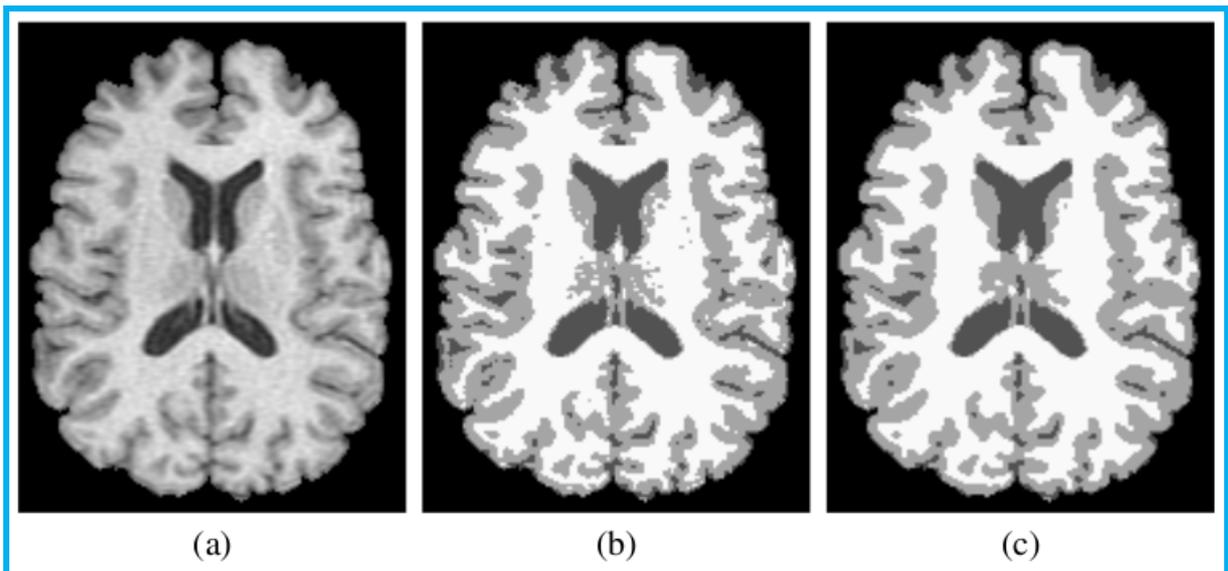


image originale

segmentation par l'algorithme  
k-meanssegmentation par l'algorithme k-  
means et champ de markov

Figure 2.9 Segmentation d'une IRM cérébrale par l'algorithme k-moyennes

[38]

L'avantage de l'algorithme K-means est sa simplicité et sa rapidité à converger. Son inconvénient est cependant sa sensibilité à l'initialisation des centres de gravité, et n'est de plus pas robuste [37].

- Mean Shift

A l'origine l'algorithme non-paramétrique « mean-shift » (introduit par **Fukunaga et Hostetler, 1975**) est une méthode non-paramétrique pour estimer les modes (maxima locaux) d'une densité de probabilité associée à une distribution de points. Cette méthode est basée sur l'estimation du gradient de la densité de probabilité, celui-ci étant nul pour un mode.

- ✓ **Comaniciu et Meer (2002)** dans [107], ont utilisé cet algorithme pour la segmentation de tissus cérébraux.
- ✓ **Mayer et al. (2006)** dans [109] Utilisent ce paradigme de manière adaptative pour segmenter les IRM cérébrales (**Figure 2.10**).
- ✓ **Garcia-Lorenzo et al. (2008)** dans [108] ont combiné cet algorithme avec un algorithme de type EM pour la segmentation des lésions de sclérose en

plaque. Il a l'avantage de ne pas définir a priori le nombre de classes et de ne pas contraindre la forme des distributions des classes. Il est cependant lourd en calculs et requiert une étape cruciale de fusion des classes dans le cadre de la segmentation des IRM cérébrales.

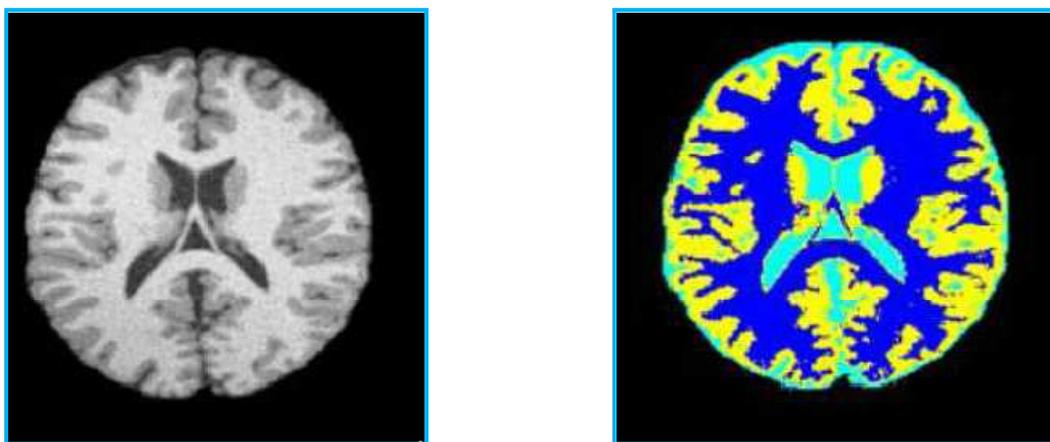


Figure 2.10 Segmentation d'IRM cérébrale par Mean Shift [109]

#### 2.3.2.5 Segmentation par approche floue

La théorie des sous ensembles flous a été proposée par Lotfi Zadeh en 1965. La classification floue assigne non pas à un pixel une étiquette relative à une classe unique, mais sa valeur d'appartenance à chacune des classes. Ces valeurs expriment l'appartenance incertaine d'un pixel à une région et sont appelées degrés d'appartenance. Ce degré d'appartenance se situe dans l'intervalle  $[0,1]$ , plus l'appartenance est forte, plus le degré est proche de 1 et inversement [35].

- ✓ **Suckling et al. (1999)** dans [121] ont utilisé une méthode de classification floue pour la classification de tissus cérébraux.
- ✓ **Ahmed et al. (2002)** dans [122] introduisent dans l'algorithme FCM un terme de régularisation spatiale inspiré de la modélisation markovienne : ils introduisent une influence du voisinage dans le degré d'appartenance de chaque voxel.
- ✓ **Kovacevic et al. (2002)** dans [123] ont utilisé l'algorithme expectation maximization (EM) pour la segmentation de tissus cérébraux.

- ✓ **Moon et al. (2002)** dans [124] ont utilisé l'algorithme expectation maximization (EM) et un atlas d'informations préalables. Cette méthode échoue dans le cas de grandes déformations dans le cerveau.
- ✓ **Zitouni et Belhadj (2005)** dans [39] utilisent l'algorithme FCM (C-Moyenne Floue) Semi Supervisé pour la segmentation du cerveau sur des images IRM (**Figure 2.11**).

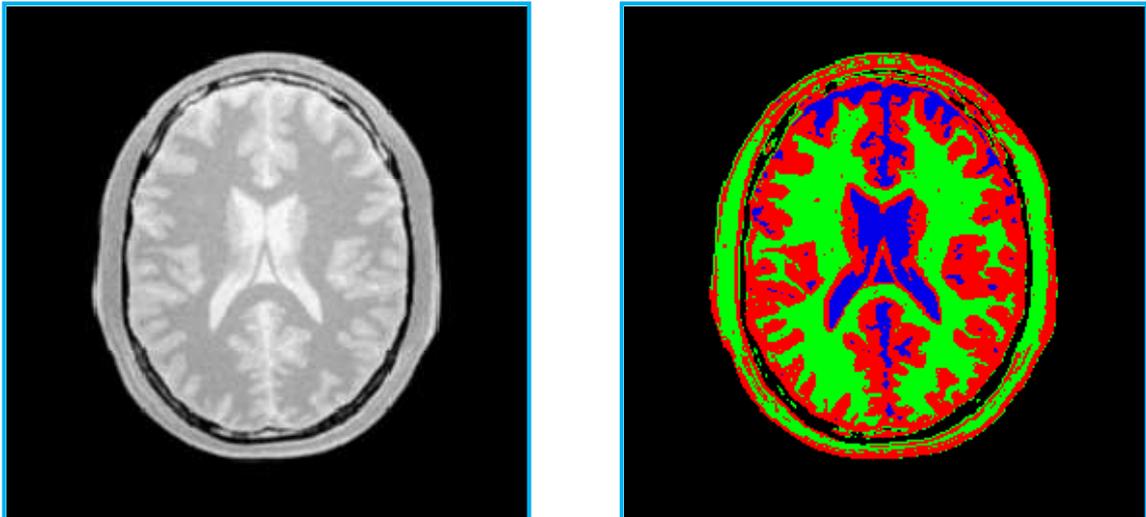


Figure 2.11 Segmentation de tissus cérébraux par FCM Semi Supervisé [39]

- ✓ **Semchedine et al. (2007)** ont proposé, dans leur article [67], une méthode de classification partiellement supervisée inspirée des méthodes de classification floue et des méthodes reposant sur l'algorithme EM (Expectation Maximization, est utilisé en classification pour estimer certains paramètres), l'aspect flou et possibiliste sont tous les deux pris en considération, rendant la méthode plus robuste pour la segmentation des images IRM pathologiques de différentes modalités (**Figure 2.12**).
- ✓ **Caldairou et al. (2009)** dans [84] proposent une méthode de segmentation floue non locale d'IRM cérébrales.

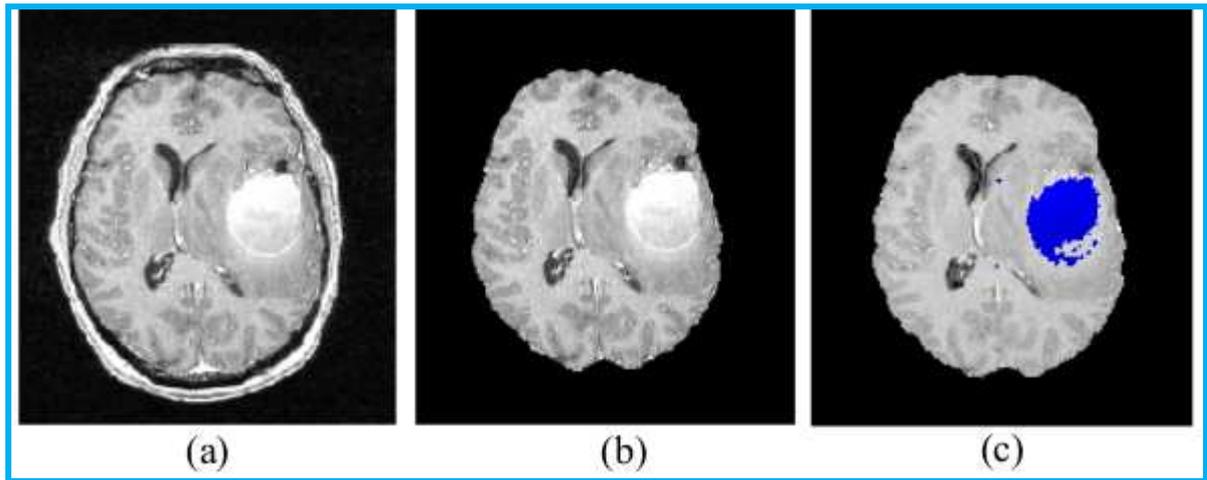


Figure 2.12 Segmentation par classification floue et algorithme EM [67]

(a) Coupe axiale (b) Résultat de l'extraction du cerveau (c) Résultat de l'étape de classification

A l'issue de cet état de l'art, on peut dire que l'approche contour et l'approche région sont duales et aucune n'a prouvé sa supériorité par rapport à l'autre, chacune ayant des avantages et des limites.

- Le principal avantage des *contours*, obtenus par la première approche, est qu'ils sont localisés de manière précise. Néanmoins, ces méthodes sont sensibles aux variations spatiales brusques de l'image (bruit ou texture), ce qui engendre la production de faux contours à l'intérieur des régions. De plus, l'application d'une approche contour se heurte souvent au problème de sous-détection de certaines discontinuités, ce qui engendre des contours ouverts.
- Le point fort de l'approche par extraction de *régions* est justement la fermeture des frontières. Leur localisation exacte reste cependant difficile à obtenir.

L'ensemble de ces remarques montre bien qu'il est difficile d'aboutir à un résultat satisfaisant en appliquant une seule méthode.

### 2.3.3 Segmentation par approche coopérative

L'approche coopérative consiste à exploiter la dualité entre approche contour et approche région pour limiter les faiblesses de chacune, la faible précision des contours (approche région) et l'obtention de régions non fermées (approche contour), en conservant les avantages de chacune.

Dans la partie suivante, nous proposons d'étudier la segmentation d'images par coopération contours-régions en fonction de trois approches [40].

### 2.3.3.1 Coopération séquentielle

Le principe général de la coopération séquentielle (ou série) est que l'une des techniques de segmentation (région ou contour) sera réalisée en premier lieu, et son résultat va être utilisé pour renforcer la définition des critères ou des paramètres de la deuxième technique. L'intégration de l'information provenant de la segmentation par contours dans une segmentation par régions est l'une des formes de coopération les plus courantes (**Figure 2.13**). Mais, l'information sur les régions peut aussi être intégrée dans une segmentation par contours.

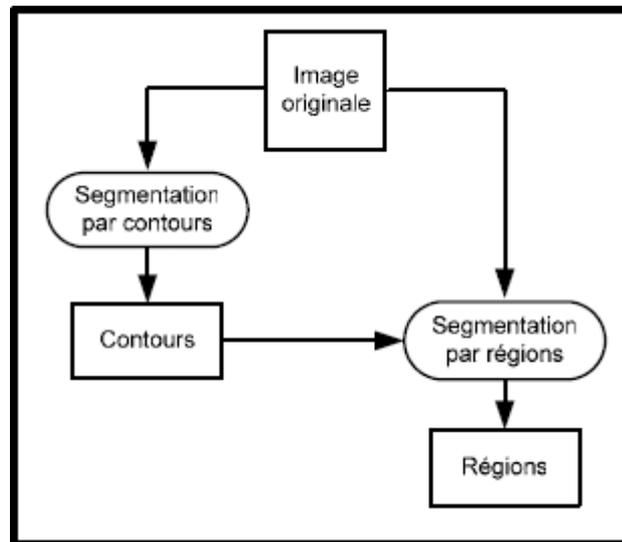


Figure 2.13 Principe de la coopération séquentielle

### 2.3.3.2 Coopération des résultats

Dans la coopération des résultats (ou parallèle), les deux techniques de segmentation sont réalisées d'une façon parallèle et indépendante, et la coopération sera faite au niveau de leurs résultats respectifs (**Figure 2.14**). Ils seront intégrés dans le but d'atteindre une meilleure segmentation que celle obtenue par une seule des techniques.

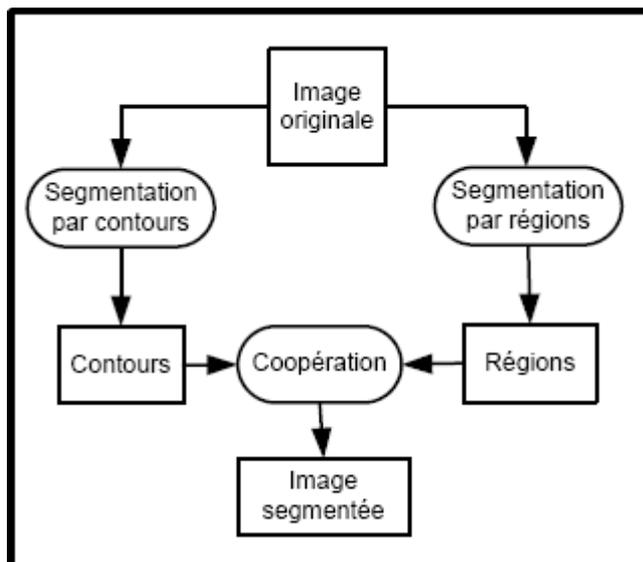


Figure 2.14 Principe de la coopération des résultats

### 2.3.3.3 Coopération mutuelle

Dans l'approche de coopération mutuelle (hybride ou mixte), les deux techniques de segmentation sont exécutées en parallèle, tout en échangeant mutuellement des informations (**Figure 2.15**). L'information échangée sert à aider la technique de segmentation dans la prise de décision dans le cas de lacunes ou d'informations insuffisantes. Dans ce cas la coopération permet de prendre des décisions plus sûres et plus fiables.

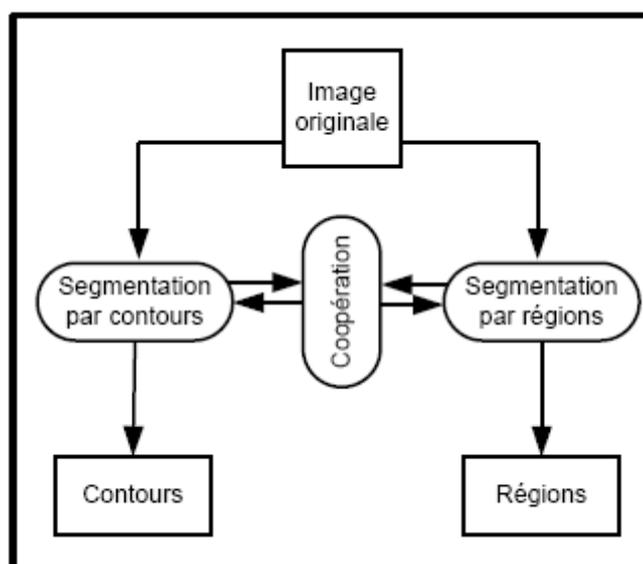


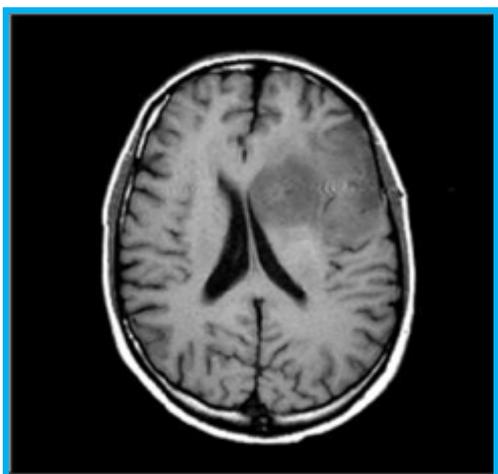
Figure 2.15 Principe de la coopération mutuelle

#### 2.3.3.4 Etat de l'art des méthodes de segmentation par coopération

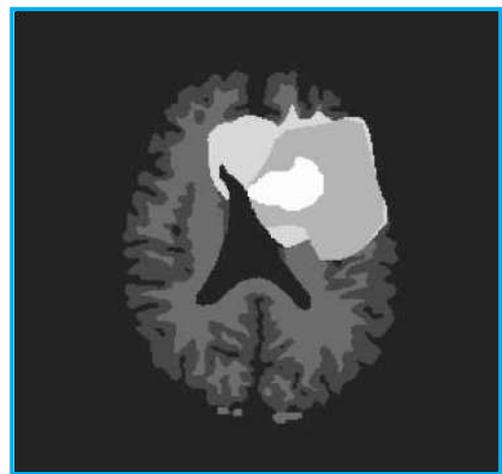
Les approches « coopératives » combinent des approches orientés régions et orientés contours. Dans cette volonté :

- ✓ **Wrobel et Monga (1987)** dans [41] proposent une technique de segmentation régions guidée par des points de contours obtenus par extraction préalable. L'idée de base de ce travail consiste à contrôler un processus de fusion de régions non seulement à l'aide de propriétés d'homogénéité, mais également avec une carte de contours préalablement calculée par l'algorithme de Rachid Deriche.
- ✓ **Pavlidis et Liow (1990)** dans [42] proposent une approche combinant un algorithme de division-fusion avec un processus de détection de contours. Ils utilisent l'avantage de la technique de croissance de régions afin d'obtenir des contours régions fermés, et corrigent ensuite leur position par une méthode de déformation de contours.
- ✓ **Zhu et Yang (1997)** dans [125] ont introduit un algorithme utilisant des réseaux de neurones et un modèle déformable. Leur méthode traite chaque slice séparément.
- ✓ **Pham et al. (1998)** dans [38] ont coopéré la méthode k-means avec les champs de markov pour faire segmenter les tissus du cerveau.
- ✓ **Admasu et al. (2003)** dans [85] proposent une méthode de segmentation qui permet d'extraire à partir de l'image originale, des segments qui font partie du LCR, MB et MG, par un algorithme de connectivité flou. Les segments extraits ne faisant pas partie du LCR, MB, MG sont traités par des opérations morphologiques, des caractéristiques sont calculées pour chacun d'eux, et un réseau de neurones servira à décider si un segment fait partie d'une lésion ou non. Les résultats obtenus sont comparables à ceux obtenus manuellement par des experts (90%).

- ✓ **Pitiot et al. (2004)** dans [86] contraint l'évolution d'un modèle de forme par une analyse de texture de l'image pour segmenter les structures sous-corticales.
- ✓ **Ciofalo et Barillot (2005)** dans [88] utilisent la méthode des ensembles de niveaux (level-set) en prenant en compte de la logique floue pour segmenter des structures 3D. Un système de décision flou combine la connaissance à priori fournie par un atlas anatomique avec la distribution de l'intensité de l'image et la position relative des contours, cette combinaison détermine automatiquement le terme de direction de l'équation d'évolution de chaque ensemble de niveaux.
- ✓ **Chen et Metaxas (2005)** dans [87] couplent un module de segmentation en régions basées sur les modèles à priori de Gibbs avec un module de segmentation en contours basée sur les modèles déformables et la méthode des « marching cubes » pour connecter les deux, dans le but de segmenter tissus ou structures sur les IRM cérébrales, chacune des étapes est exécutée de manière itérative, permettant à l'autre de s'améliorer.
- ✓ **Lee et al. (2005)** dans [65] proposent d'utiliser les SVM conjointement avec les champs de Markov pour créer les Support Vector Random Fields qui leur permettent de segmenter des tumeurs cérébrales (**Figure 2.16**).



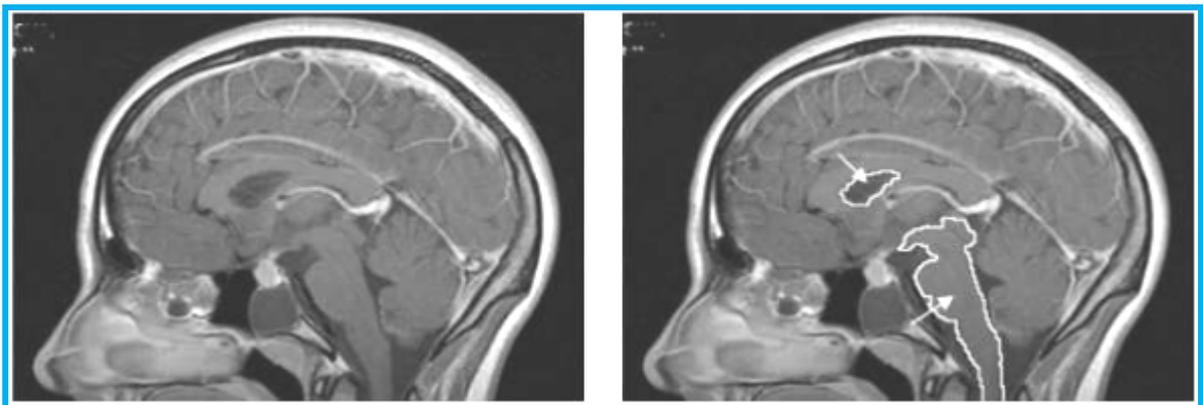
(a) IRM d'origine



(b) Segmentation du cerveau complet avec la tumeur

Figure 2.16 Segmentation par Support Vector Random Fields [65]

- ✓ **Chellakh et Moussaoui** dans [68] ont proposé de combiner les deux algorithmes FCM (Fuzzy C-Means) et PCM (Possibilistic C-Means) avec les champs de Markov, ils utilisent le PCM comme phase de régularisation, après la première phase qui correspond à la classification des différentes structures cérébrales par l'algorithme FCM. Ce dernier a pour objectif de fournir une bonne partition initiale pour l'algorithme PCM qui, à son tour, apporte des corrections à la partition issue de la première étape. Enfin, ils proposent d'inclure, dans la modélisation des données, des informations contextuelles par l'utilisation des champs de Markov, ce qui augmente la robustesse de leur approche face aux bruits et aux différents artefacts propres aux images IRM.
- ✓ **Hsiao et al. (2005)** dans [20] proposent une méthode de segmentation de tumeurs cérébrales basée sur le gradient morphologique et une étape de croissance et fusion de régions (**Figure 2.17**).



(a) IRM d'origine

(b) Résultat

Figure 2.17 Segmentation par gradient morphologique et croissance de régions [20]

- ✓ **Yu et al. (2006)** dans [89] fusionnent des méthodes par ensemble de niveaux (modèles déformables implicites) avec des techniques bayésiennes pour segmenter le cortex.
- ✓ **Taheri et al. (2007)** dans [127] proposent un algorithme basé sur la méthode level set et une méthode de seuillage pour la segmentation de tumeurs sur des images IRM 3D, la méthode de seuillage sert à calculer la fonction de vitesse du level-set.

- ✓ **Yang et Kruggel (2008)** dans [90] combinent des approches bayésiennes avec des algorithmes de type partage des eaux pour segmenter les sillons corticaux.
- ✓ **He et al. (2008)** dans [91] proposent un algorithme de segmentation automatique du corps calleux et du thalamus, qui combine clustering par K-means et modèles déformables, les deux méthodes sont accomplies récursivement. L'algorithme a donné une bonne précision pour la segmentation.
- ✓ **Khotanloua et al. (2009)** dans [126] proposent une nouvelle méthode générale pour la segmentation de différents types de tumeurs cérébrales en 3D des IRM. La première détection des tumeurs par classification approximative floue est basée sur la sélection des zones asymétriques par rapport au plan de symétrie du cerveau. Le résultat constitue l'initialisation d'une méthode de segmentation basée sur une combinaison d'un modèle déformable et relations spatiales, conduisant à une segmentation précise des tumeurs.
- ✓ **Bae et al. (2009)** dans [93], proposent une méthode de segmentation basée sur les champs de Markov étendus (eMRF). Ils intègrent les SVM dans les MRF pour améliorer la précision. Les eMRF emploient les distributions de probabilité à posteriori pour générer une classification basée sur l'intensité des IRM. Les eMRF introduisent des nouvelles fonctions potentielles basées sur la localisation de l'information. Pour maximiser les performances de la classification, les eMRF utilisent la contribution des poids déterminés de façon optimale pour chacune des trois fonctions potentielles : l'observation, la localisation, et le contexte qui sont traditionnellement pondérés de la même façon.

D'après cette présentation, on remarque qu'un grand nombre d'approches dans la littérature s'orientent vers la coopération contour-région, et aussi vers la combinaison de différentes méthodes de même catégorie (contour-contour et région-région) pour résoudre le problème de la segmentation.

## 2.4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté un certain nombre de techniques de segmentation d'IRM cérébrales, nous avons essayé de mettre en évidence la diversité des approches abordées par les différents auteurs. Nous en avons retenu les approches basées contours et celles s'appuyant sur la notion de région, et nous avons tiré les inconvénients suivants :

- Les approches contours n'aboutissent pas directement à une segmentation parfaite, car les contours obtenus ne sont généralement pas connexes et fermés, d'où la nécessité d'utiliser des techniques de fermeture de contours.
- La faible précision des frontières des régions obtenues par approche région.

Ensuite nous avons exploité la dualité entre contours et régions pour définir les approches coopératives, objectif de notre travail.

Nous avons discuté les limites et les avantages de chaque méthode présentée afin d'intégrer éventuellement les meilleures d'entre elles dans l'approche coopérative de segmentation que nous proposons.

La méthodologie adoptée dans ce travail tend à tirer un meilleur profit de la complémentarité et de la dualité entre les régions uniformes et les contours dans l'image. Pour cela nous avons choisi les modèles déformables comme méthode de détection de contours et la méthode SVM comme méthode d'extraction de régions uniformes, d'après les avantages et les inconvénients de chacune et la dualité entre les deux. Nous allons présenter en détail ces deux méthodes dans les deux chapitres suivants.

## CHAPITRE 3

### SVM : SUPPORT VECTOR MACHINES OU (SEPARATEURS A VASTE MARGE)

#### 3.1 Introduction

La segmentation d'images permet le partitionnement d'une image en régions, où chaque région est constituée d'un ensemble de composantes connexes, son but est l'extraction des informations pertinentes des objets afin de permettre leurs interprétations.

Dans ce chapitre, nous nous intéressons à une technique de segmentation en régions et plus précisément une technique de classification pour l'étudier et l'intégrer dans notre approche de segmentation par coopération, on parle de la méthode SVM « SUPPORT VECTOR MACHINES » [129].

#### 3.2 Définition

La méthode SVM : « **Support Vector Machines** » ou « **Séparateurs à Vaste Marge** » est une méthode de classification supervisée binaire (c-à-d qu'elle permet la séparation de données de deux classes  $u_i = \{-1, +1\}$ , dans un espace approprié), introduite par Vladimir Vapnik en 1996 [43].

Le principe, ainsi que la formulation mathématique de cette méthode sont expliqués dans ce chapitre.

### 3.3 Principe de SVM [43]

Soit l'ensemble de données suivant :  $S = \{(x_1, u_1), (x_2, u_2), \dots, (x_n, u_n)\}$  tel que,  $x_i \in \mathcal{R}^m$ ,  $i = 1 \dots n$  sont les données à séparer et  $u_i \in \{-1, +1\}$  indique la classe de  $x_i$ .

Pour deux classes de données, le but de SVM consiste à trouver le meilleur classificateur linéaire, parmi plusieurs, permettant de séparer les données de la première classe (supervisés par  $u_i = +1$ ) de la deuxième (supervisés par  $u_i = -1$ ) de sorte que toutes les données d'une même classe soient d'un même côté de l'hyperplan.

Deux cas de données se présentent :

- ❖ Données linéairement séparables (**Figure 3.1**).
- ❖ Données non linéairement séparables (**Figure 3.2**).

Pour faciliter la compréhension du principe de cette méthode, on schématisera les données par des « points » dans un plan (espace à deux dimensions).

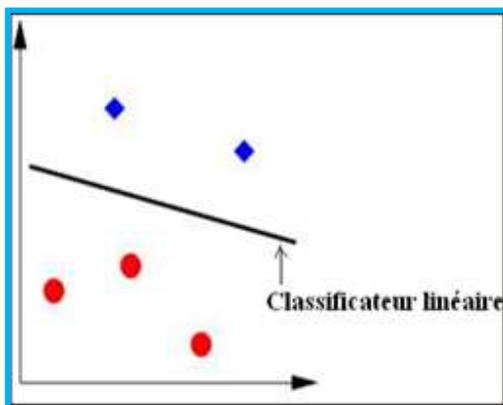


Figure 3.1 Exemple de données linéairement séparables

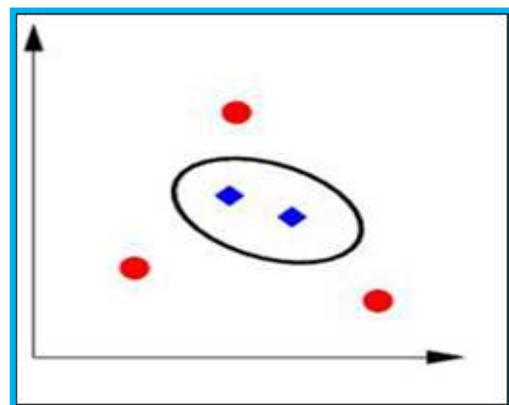
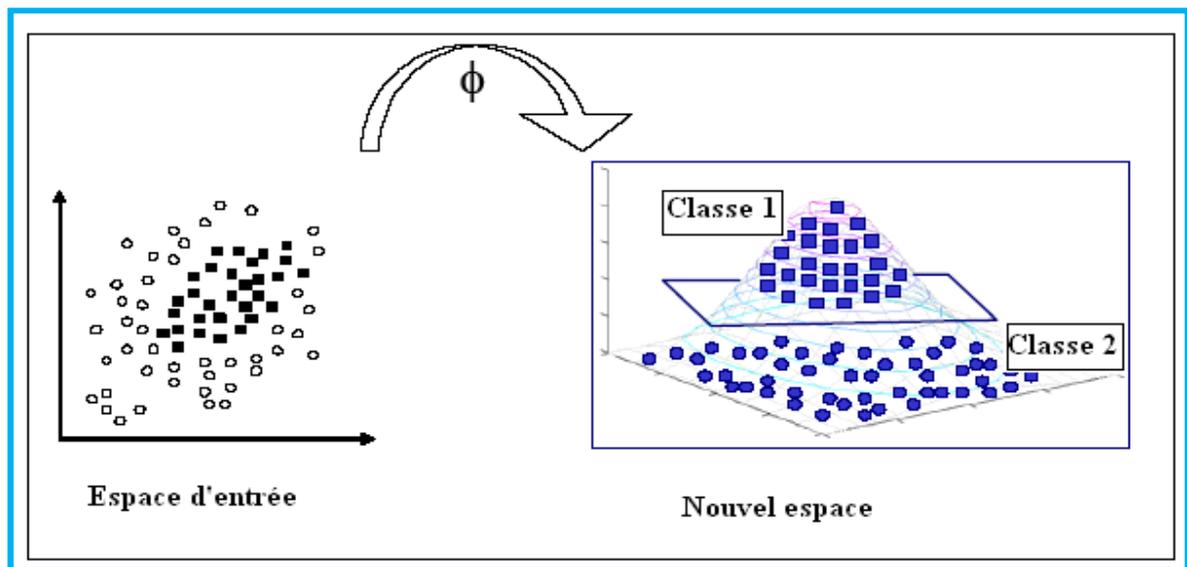


Figure 3.2 Exemple de données non linéairement séparables

Lorsque les données sont linéairement séparables on peut facilement trouver un séparateur linéaire entre les deux classes, mais dans le cas où les données ne sont pas linéairement séparables aucun séparateur *linéaire* n'existe entre les deux classes; dans ce cas le principe de SVM consiste à projeter les données dans un autre espace de

dimension supérieure à celle de l'espace d'entrée de façon que les données transférées deviennent linéairement séparables, cela en utilisant des fonctions de transformation non linéaire  $\phi$ .

Dans ce nouvel espace, on construit la *surface* linéaire optimale qui permet de séparer les données *transformées*, cette surface correspond à un classificateur *non linéaire* dans l'espace d'entrée.



(a) Deux classes non linéairement séparables dans  $\mathcal{R}^2$

(b) Les deux classes précédentes linéairement séparables dans  $\mathcal{R}^3$  par la transformation  $\phi$

Figure 3.3 Changement d'espace par la fonction  $\phi$

Les notions de base nécessaires pour passer à la formulation mathématique détaillée de cette méthode sont données dans la section suivante.

### 3.4 Notions de base [44]

#### 3.4.1 Hyperplan

Pour deux classes de données, le but de SVM est de trouver un classificateur linéaire permettant de séparer les deux classes, ce classificateur est appelé **hyperplan**.

### 3.4.2 Marge

La marge est définie comme la distance prise perpendiculairement entre l'hyperplan et le point le plus proche à celui-ci (**Figure 3.4**).

### 3.4.3 Hyperplans canoniques

Ce sont deux plans se trouvant de part et d'autre de l'hyperplan et parallèles à celui-ci, sur lesquels reposent les points les plus proches (**Figure 3.4**).

### 3.4.4 Vecteurs de support

Les vecteurs de support sont les points qui se trouvent sur les deux hyperplans canoniques.

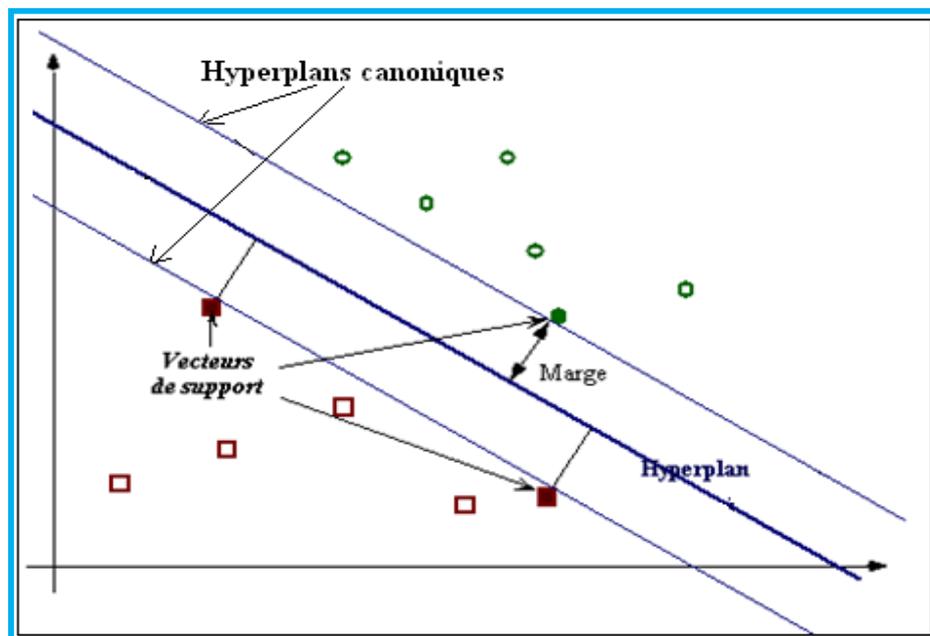


Figure 3.4 Illustration des notions de base

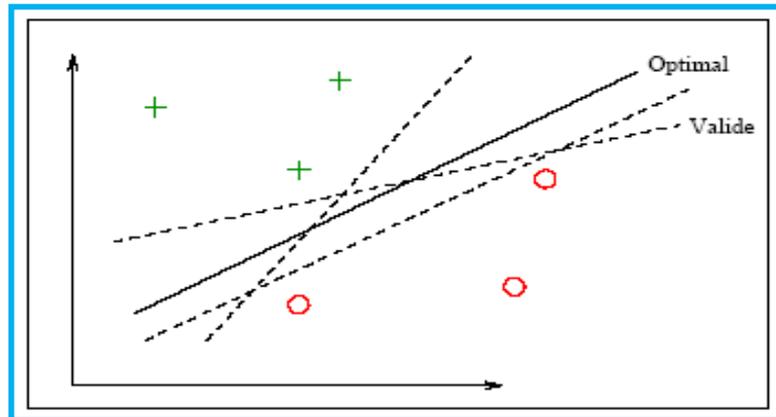


Figure 3.5 Hyperplans séparateurs

La **figure 3.5** montre qu'il existe une infinité d'hyperplans séparateurs valides, mais la méthode SVM consiste à trouver *l'optimal* parmi eux.

### 3.5 Construction de l'hyperplan optimal [43] [44]

Un hyperplan séparateur est dit optimal lorsque il maximise la marge qui représente la distance entre l'hyperplan et les points les plus proches, donc, on cherche l'hyperplan le plus écarté des deux nuages de points, il s'agit donc d'un **Séparateur à Vaste Marge**, autrement dit cela revient à chercher parmi les hyperplans valides, celui qui passe « au milieu » des deux nuages de points.

#### Pourquoi maximiser la marge ?

Supposant qu'un point de donnée n'est pas décrit parfaitement (bruit), si la distance de ce dernier à l'hyperplan est la plus grande possible, une petite variation de position de ce point ne modifiera pas sa classification.

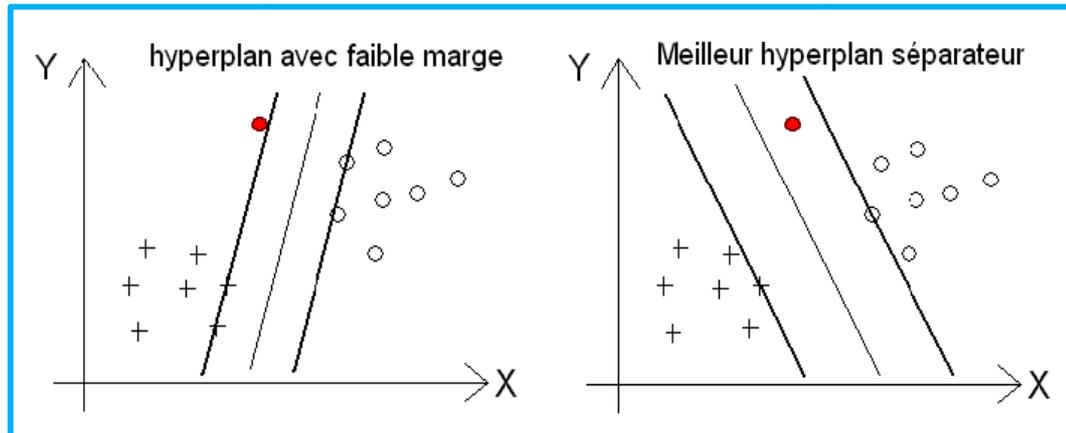


Figure 3.6 L'intérêt de la marge maximale

Dans un premier temps, nous allons appliquer le principe de SVM à un problème de données linéairement séparables.

### 3.5.1 Données séparables

#### 3.5.1.1 Cas de données linéairement séparables

Ce cas de problème de séparation est le plus simple, on peut trouver facilement un classificateur linéaire pour séparer les deux classes de données.

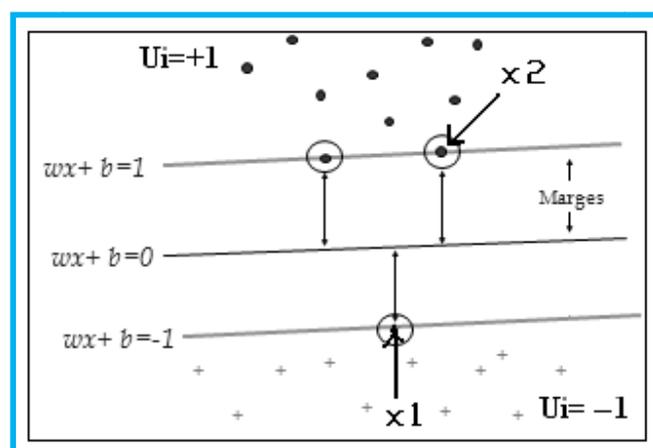


Figure 3.7 Les hyperplans

Le classificateur est linéaire, donc il est possible d'exprimer son équation par une fonction linéaire en  $x$ , cette fonction est de la forme :

$$f(x) = \omega \cdot x + b$$

Donc l'équation de l'hyperplan s'écrit :

$$\omega \cdot x + b = 0 \quad (3.1)$$

Où  $\omega \in \mathcal{R}^m$ ,  $b \in \mathcal{R}$  sont des paramètres à déterminer,  $x \in \mathcal{R}^m$  est une variable et  $m$  la dimension des données.

On voit que le vecteur  $\omega$  définit la pente de l'hyperplan, le terme  $b$  permet de translater l'hyperplan parallèlement à lui-même.

Il est possible d'ajuster  $\omega$  et  $b$  de telle sorte que les hyperplans canoniques aient respectivement pour équation :

$$\begin{cases} \omega \cdot x + b = +1 \\ \omega \cdot x + b = -1 \end{cases}$$

#### ❖ Calcul de la marge

Soient  $x_1$  et  $x_2$  deux points de classes différentes (**Figure 3.7**), on remarque que  $x_1$  et  $x_2$  sont sur les hyperplans canoniques donc on peut écrire :

$$\omega \cdot x_1 + b = -1 \quad (3.2)$$

$$\omega \cdot x_2 + b = +1 \quad (3.3)$$

$$(3.3) - (3.2) \xrightarrow{\text{Donne}} \omega \cdot (x_2 - x_1) = 2 \quad (3.4)$$

$$\frac{(3.4)}{\|\omega\|} \xrightarrow{\text{Donne}} \frac{\omega}{\|\omega\|} (x_2 - x_1) = \frac{2}{\|\omega\|} \xrightarrow{\text{Donc}} (x_2 - x_1) = \frac{2}{\|\omega\|}$$

On peut donc déduire que maximiser la marge revient à maximiser  $\frac{2}{\|\omega\|}$ . La maximisation de  $\frac{2}{\|\omega\|}$  revient à la minimisation de  $\frac{\|\omega\|}{2}$ .

En fait, il est plus facile de minimiser  $\frac{\|\omega\|^2}{2}$  que  $\frac{\|\omega\|}{2}$  et on obtient le même résultat.

#### ❖ Problème primal

Un point  $x_i$  de classe  $u_i$  ( $u_i = \pm 1$ ) est bien classé si et seulement si :

$$\omega \cdot x_i + b \text{ soit : } \begin{cases} \geq +1 & \text{si } u_i = +1 \\ \leq -1 & \text{si } u_i = -1 \end{cases}$$

Ces deux équations peuvent être combinées dans l'inégalité suivante :

$$u_i(\omega \cdot x_i + b) \geq 1$$

Cette contrainte assure que les points doivent être bien classés et qu'ils ne dépassent pas les hyperplans canoniques.

Donc on a le problème de minimisation sous contraintes suivant :

$$\begin{cases} \text{minimiser} & \frac{\|\omega\|^2}{2} \\ \text{sous les contraintes} & u_i(\omega \cdot x_i + b) \geq 1 \quad i = 1, \dots, n \end{cases} \quad (3.5)$$

$n$  : C'est le nombre de points à classer.

$x_i$  : Sont les points à classer.

$u_i = \pm 1$  : C'est la classe de  $x_i$ .

$\omega, b$  : Deux paramètres à déterminer.

Nous sommes en présence d'un problème de minimisation sous contraintes d'inégalités, on utilise la forme duale pour faciliter la résolution de ce problème.

❖ Problème dual

Pour résoudre le problème (3.5) on utilise le *théorème de Lagrange*. Il y a deux raisons pour cela :

La première est que la contrainte dans (3.5) sera remplacée par une contrainte simple, sur les multiplicateurs de Lagrange, plus facile à traiter. La deuxième, pour rendre le problème sous forme quadratique et le résoudre par des méthodes existantes.

Théorème de Lagrange [45] [46]

On considère le problème de minimisation suivant :

$$\begin{cases} \min & f(x) \\ \text{sous les contraintes} & g_i(x) \geq c_i \quad i = 1, \dots, n \end{cases}$$

On définit le Lagrangien  $L$  de ce problème comme la somme de la fonction objectif et d'une combinaison linéaire des contraintes :

$$L(x, \alpha) = f(x) - \sum_{i=1}^n \alpha_i (g_i(x) - c_i)$$

Où les coefficients  $\alpha_i \geq 0$  sont appelés multiplicateurs de Lagrange associés à chaque contrainte  $i$ ,  $\alpha = (\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_n)$ .

Le problème primal et sa formulation duale ont la même solution qui correspond à un point-selle du Lagrangien (il faut le minimiser par rapport aux variables primaires  $\omega, b$  et le maximiser par rapport aux variables duales  $\alpha_i$ ).

Pour notre problème, de l'équation (3.5) :

- $f(x) = f(\omega) = \frac{\|\omega\|^2}{2}$
- $g_i(x) = g_i(\omega, b) = u_i(\omega * x_i + b)$
- $c_i = 1$

Donc le lagrangien s'écrit de la manière suivante :

$$L(\omega, b, \alpha) = \frac{1}{2} \|\omega\|^2 - \sum_{i=1}^n \alpha_i [u_i(\omega \cdot x_i + b) - 1]$$

$$L(\omega, b, \alpha) = \frac{1}{2} \langle \omega, \omega \rangle - \sum_{i=1}^n \alpha_i [u_i(\omega \cdot x_i + b) - 1] \quad (3.6)$$

Au point-selle, d'après le théorème de Lagrange, la dérivée du Lagrangien par rapport aux variables primaires doit s'annuler. Ceci s'écrit :

$$\frac{\partial L(\omega, b, \alpha)}{\partial \omega} = 0 \xrightarrow{\text{conduit à}} \omega = \sum_{i=1}^n \alpha_i u_i x_i \quad (3.7)$$

$$\frac{\partial L(\omega, b, \alpha)}{\partial b} = 0 \xrightarrow{\text{conduit à}} \sum_{i=1}^n \alpha_i u_i = 0 \quad (3.8)$$

Avec  $\alpha_i \geq 0$

En substituant (3.7) et (3.8) dans (3.6), l'expression de  $L$  devient :

$$L(\omega, b, \alpha) = \frac{1}{2} \langle \omega, \omega \rangle - \sum_{i=1}^n \alpha_i [u_i(\omega \cdot x_i + b) - 1]$$

$$= \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^n u_i u_j \alpha_i \alpha_j \langle x_i, x_j \rangle - \sum_{i,j=1}^n u_i u_j \alpha_i \alpha_j \langle x_i, x_j \rangle - b \underbrace{\sum_{i=1}^n \alpha_i u_i}_0 + \sum_{i=1}^n \alpha_i$$

$$= \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^n u_i u_j \alpha_i \alpha_j \langle x_i, x_j \rangle$$

Maintenant il faut maximiser ce Lagrangien par rapport aux variables duales  $\alpha_i$  et le problème quadratique sera :

$$\left\{ \begin{array}{l} \max_{\alpha} \quad \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^n \mathbf{u}_i \mathbf{u}_j \alpha_i \alpha_j \langle \mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j \rangle \\ \text{sous les contraintes} \quad \left\{ \begin{array}{l} \sum_{i=1}^n \alpha_i \mathbf{u}_i = \mathbf{0} \\ \alpha_i \geq 0 \quad i = 1, \dots, n \end{array} \right. \end{array} \right. \quad (3.9)$$

Après la résolution de ce problème on trouve les multiplicateurs de Lagrange optimaux  $\alpha_i$ .

Une fois les  $\alpha_i$  obtenus, on peut trouver  $\omega$ , grâce à l'équation (3.7) :

$$\omega = \sum_{i=1}^n \alpha_i \mathbf{u}_i \mathbf{x}_i$$

Le  $b$  est obtenu en utilisant n'importe quel vecteur de support  $(x_c, u_c)$  dans l'équation :  $u_c(\omega \cdot x_c + b) = 1$ .

En remplaçant  $\omega$  et  $b$  dans l'équation de l'hyperplan (3.1), on obtient :

$$\sum_{i=1}^n \mathbf{u}_i \alpha_i \langle \mathbf{x}_i, \mathbf{x} \rangle + b = 0 \quad (3.10)$$

#### ❖ Conséquences

Les conséquences de la formulation duale découlent de la condition de **Kuhn et Tucker** suivante :

### Théorème de Kuhn et Tucker [45]

Lorsqu'on a un problème d'optimisation comme le suivant :

$$\begin{cases} \min & f(x) \\ \text{sous les contraintes} & g_i(x) \geq c_i \quad i = 1, \dots, n \end{cases}$$

Alors on a :

$\alpha_i [g_i(x) - c_i] = 0$  tel que les  $\alpha_i$  sont les multiplicateurs de Lagrange.

Deux cas se présentent :

$g_i(x) - c_i \neq 0 \xrightarrow{\text{implique que}} \alpha_i = 0$  : Dans ce cas la contrainte n'influe pas, elle n'a donc rien à imposer au niveau de la solution, (contrainte inactive).

$\alpha_i \neq 0 \xrightarrow{\text{implique que}} g_i(x) - c_i = 0$  : Dans ce cas la contrainte influe sur la solution, (contrainte active).

Pour notre problème, la condition de Kuhn et Tucker devient :

$$\alpha_i [u_i(\langle x_i, \omega \rangle + b) - 1] = 0$$

D'où

$$u_i(\langle x_i, \omega \rangle + b) \neq 1 \xrightarrow{\text{implique que}} \alpha_i = 0 \quad (\text{la contrainte est inactive})$$

Ou bien

$$\alpha_i \neq 0 \xrightarrow{\text{implique que}} u_i(\langle x_i, \omega \rangle + b) = 1 \quad \text{c-à-d. que le point est situé sur l'un des hyperplans canoniques (contrainte active).}$$

Les seuls points pour lesquels les multiplicateurs de Lagrange ne s'annulent pas sont donc les points tels que  $\langle x_i, \omega \rangle + b = \pm 1$ , qui sont les points situés sur les hyperplans canoniques, ces points sont appelés *vecteurs de support*. En d'autres termes, seuls les *vecteurs de support* participent à la construction de l'hyperplan optimal ( $\alpha_i \neq 0$ ).

On peut dire donc, qu'un nombre restreint de points participe à la construction de l'hyperplan séparateur, les autres points ne participent pas à sa construction. Donc le fait d'ajouter des points à l'ensemble de données qui ne sont pas des vecteurs support n'a aucune influence sur la solution finale.

### 3.5.1.2 Cas de données non linéairement séparables

Le classificateur à marge maximale que nous venons de présenter, permet d'obtenir de très bons résultats lorsque les données sont linéairement séparables. L'intérêt principal d'un tel classificateur réside dans le fait que l'on contrôle facilement la capacité et le pouvoir de généralisation. Naturellement, la majorité des problèmes sont non linéairement séparables, géométriquement, cela reviendrait à avoir une courbe qui marquerait la frontière entre les points positifs et négatifs. L'inconvénient de ce genre de méthodes provient du fait que le nombre de paramètres à déterminer est très élevé.

L'idée retenue dans SVM va dans un autre sens : on tente de trouver une transformation de l'espace d'entrée vers un autre espace de dimension supérieure à celle de l'espace d'entrée, dans lequel les données deviennent linéairement séparables [47], ce nouvel espace est appelé « *espace de redescription* ». La **figure 3.8** donne une représentation imagée d'une telle transformation. Nous pouvons alors appliquer la méthode à marge maximale dans l'espace de redescription.

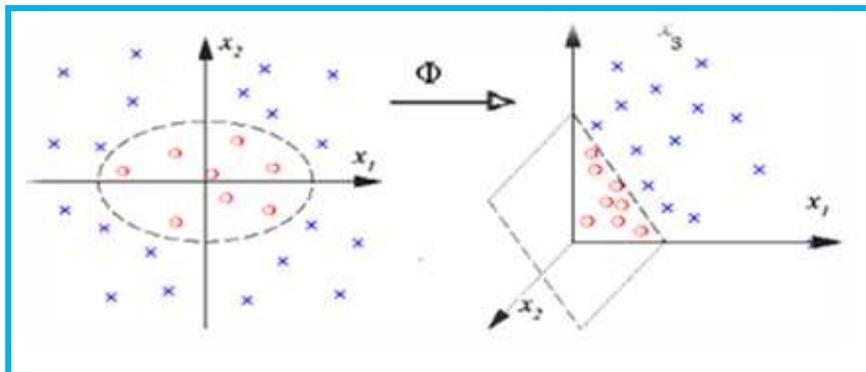


Figure 3.8 Une transformation rendant les données linéairement séparables

Donc, on applique aux vecteurs d'entrée  $x_i$  une transformation non-linéaire  $\Phi$ .

$$(x_1, x_2, \dots, x_n) \xrightarrow{\Phi} (\Phi(x_1), \Phi(x_2), \dots, \Phi(x_n))$$

Le problème d'optimisation (3.9) se transcrit dans ce cas par :

$$\left\{ \begin{array}{l} \max_{\alpha} \quad \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^n u_i u_j \alpha_i \alpha_j \langle \Phi(x_i), \Phi(x_j) \rangle \\ \text{sous les contraintes} \quad \left\{ \begin{array}{l} \sum_{i=1}^n \alpha_i u_i = 0 \\ \alpha_i \geq 0 \quad i = 1, \dots, n \end{array} \right. \end{array} \right. \quad (3.11)$$

Où  $\langle \cdot, \cdot \rangle$  dénote le produit scalaire dans le nouvel espace.

L'équation de l'hyperplan séparateur dans le nouvel espace devient :

$$\sum_{i=1}^n u_i \alpha_i \langle \Phi(x_i), \Phi(x) \rangle + b = 0 \quad (3.12)$$

Le problème de cette formulation (3.11) est qu'elle contient un produit scalaire entre vecteurs dans l'espace de redescription, ce qui est coûteux en termes de calculs lorsque la dimension de l'espace de redescription augmente. Suivant la théorie de Hilbert, une famille de fonctions  $K$ , appelées fonctions noyau, permet l'écriture suivante [43] :

$$K(x_i, x_j) = \langle \Phi(x_i), \Phi(x_j) \rangle$$

Le problème d'optimisation devient dans ce cas:

$$\left\{ \begin{array}{l} \max_{\alpha} \quad \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^n u_i u_j \alpha_i \alpha_j K(x_i, x_j) \\ \text{sous les contraintes} \quad \left\{ \begin{array}{l} \sum_{i=1}^n \alpha_i u_i = 0 \\ \alpha_i \geq 0 \quad i = 1, \dots, n \end{array} \right. \end{array} \right. \quad (3.13)$$

D'où l'expression de l'hyperplan séparateur en fonction de la fonction noyau s'écrit :

$$\sum_{i=1}^n u_i \alpha_i K(x_i, x) + b = 0 \quad (3.14)$$

❖ L'intérêt des fonctions noyau

- ✓ Le calcul se fait dans l'espace d'entrée, ceci est beaucoup moins coûteux qu'un produit scalaire dans un espace de grande dimension.
- ✓ La dimension de l'espace de redescription n'a pas besoin d'être connue.
- ✓ La transformation  $\Phi$  n'a pas besoin d'être connue, seule la fonction noyau intervient dans les calculs.

Seules les fonctions qui satisfont la condition de la section suivante, sont dites des fonctions noyau.

❖ Condition de Mercer [47]

La matrice  $G$  contient les similarités entre tous les points à classifier  $((x_i, x_j), i, j = 1, \dots, n)$

$$G = \begin{bmatrix} K_{1,1} & \cdots & K_{1,n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ K_{n,1} & \cdots & K_{n,n} \end{bmatrix}$$

Le théorème de Mercer fournit une condition suffisante et nécessaire pour qu'une fonction soit une fonction noyau.

La fonction  $K(x_i, x_j)$  est un noyau ssi :  $G$  est définie positive.

❖ Définition d'une matrice définie positive

Une matrice  $M$  de dimension  $n * n$  dont les éléments sont des réels, est définie positive ssi :

$$\forall v \in \mathcal{R}^n \quad v^T M v \geq 0$$

Ce qui revient à exiger que toutes les valeurs propres de  $M$  soient positives.

Notons qu'une fonction  $K$  générant une matrice définie positive possède les trois propriétés fondamentales du produit scalaire :  $\forall x_i, x_j$

1. Positivité :  $K(x_i, x_i) \geq 0$ .
2. Symétrie :  $K(x_i, x_j) = K(x_j, x_i)$ .
3. Inégalité de Cauchy-Schwartz :  $|K(x_i, x_j)| \leq \|x_i\| \|x_j\|$ .

La condition de Mercer nous indique si une fonction est un noyau, mais nous n'avons aucun renseignement sur la fonction  $\phi$  et donc sur l'espace de redescription induit par ce noyau.

Dans la section suivante, nous présentons quelques noyaux simples utilisés.

#### ❖ Noyaux usuels [47]

Les noyaux les plus utilisés sont :

- ✓ Le noyau Polynomial :  $K(x_i, x_j) = (x_i \cdot x_j + 1)^p$   $p$  : le degré du polynôme.
- ✓ Le noyau Gaussien :  $K(x_i, x_j) = e^{-\frac{\|x_i - x_j\|^2}{2\sigma^2}}$   $\sigma$  : la largeur de la gaussienne.
- ✓ Le noyau Sigmoidal :  $K(x_i, x_j) = \tanh(a \cdot x_i \cdot x_j - b)$ .

#### ❖ Composition de noyaux [47]

Il est possible de composer des nouveaux noyaux en utilisant des noyaux existants. En prenant  $K_1(\cdot)$  et  $K_2(\cdot)$  des fonctions satisfaisant la condition de Mercer,  $\alpha \in \mathcal{R}^+$  et  $B$  une matrice définie positive, alors les fonctions suivantes sont des noyaux :

- $K(x, z) = K_1(x, z) + K_2(x, z)$ .
- $K(x, z) = \alpha K_1(x, z)$ .
- $K(x, z) = K_1(x, z)K_2(x, z)$ .
- $K(x, z) = x^T B z$ .

### 3.5.2 Données non séparables [46] [47]

Nous avons donc toujours conservé l'hypothèse que les données sont linéairement séparables, soit dans l'espace d'entrée soit dans l'espace de redescription de dimension supérieure. Il reste cependant le problème du bruit, lorsque l'ensemble de données comporte du bruit, on pourrait trouver un espace de redescription induit par un noyau qui rendrait les données linéairement séparables, cependant, cela reviendrait à prendre le bruit des données en considération lors de la classification.

Au lieu de cela, il est plus raisonnable d'admettre que certains points (supposés bruités) soient mal classés par notre classificateur, en ne laissant que peu de points mal classés de chaque côté de ce classificateur (**Figure 3.9**). Cette notion introduit à son tour un nouveau paramètre sous la forme d'une constante  $C$  qu'il faut donc aussi l'optimiser.

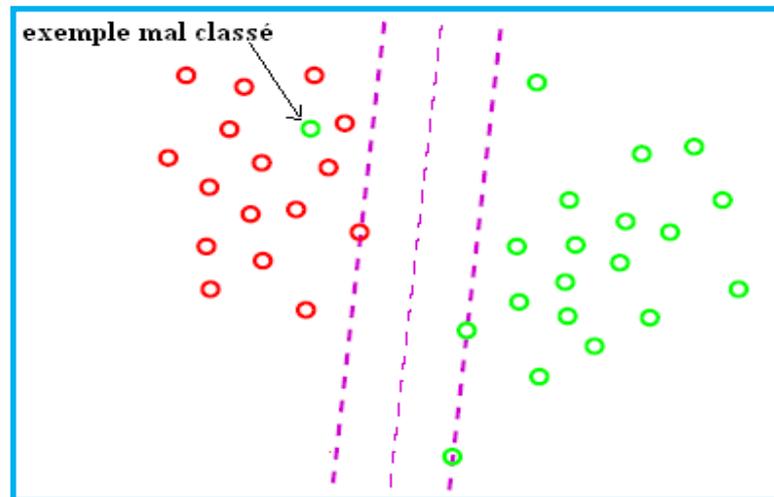


Figure 3.9 Cas de données non séparables

La **figure 3.10** montre que SVM réalise un compromis entre marge maximale (permission de quelques erreurs) et régularité de classification.

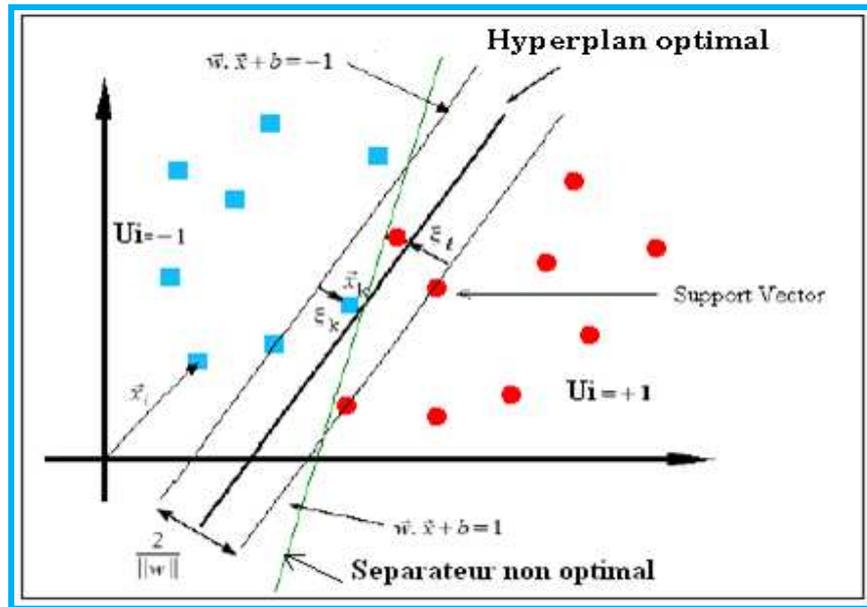


Figure 3.10 Compromis entre marge maximale et classification correcte

Du point de vue de notre problème primal, cela revient à relaxer la contrainte imposant que tous les points soient bien classés.

Donc, lorsque les données ne sont pas séparables, les contraintes du problème primal (3.5) sont relâchées pour permettre quelques erreurs (bruit), cela en introduisant des variables de relâchement  $\xi_i$  à chaque contrainte  $i$  :

$$\begin{aligned} u_i(\omega \cdot x_i + b) &\geq 1 - \xi_i & \forall i = 1..n \\ \xi_i &\geq 0 & \forall i = 1..n \end{aligned}$$

Pour contrôler le compromis entre marge maximale et classification correcte, on va intégrer une constante  $C$  dans la fonction objective du problème (3.5), pour contrôler la largeur de la marge :

$$\begin{cases} \text{minimiser} & \frac{\|\omega\|^2}{2} + C \sum_{i=1}^n \xi_i \\ \text{sous les contraintes} & \begin{cases} u_i(\omega \cdot x_i + b) \geq 1 - \xi_i \\ \xi_i \geq 0 \end{cases} \quad \forall i = 1, \dots, n \end{cases}$$

$C$  : est un paramètre choisi par l'utilisateur, plus il est grand plus le nombre de points mal classés est petit.

Comme précédemment, la formulation lagrangienne s'écrit de la manière suivante :

$$L(\omega, b, \xi, \alpha, \beta) = \frac{1}{2} \|\omega\|^2 + C \sum_{i=1}^n \xi_i - \sum_{i=1}^n \alpha_i [u_i(\omega \cdot x_i + b) - 1 + \xi_i] - \sum_{i=1}^n \beta_i \xi_i \quad (3.15)$$

Les dérivées de  $L$  par rapport à  $\omega, b$  et  $\xi_i$  donnent :

$$\frac{\partial L(\omega, b, \xi, \alpha, \beta)}{\partial \omega} = 0 \xrightarrow{\text{Conduit à}} \omega = \sum_{i=1}^n \alpha_i u_i x_i \quad (3.16)$$

$$\frac{\partial L(\omega, b, \xi, \alpha, \beta)}{\partial b} = 0 \xrightarrow{\text{conduit à}} \sum_{i=1}^n \alpha_i u_i = 0 \quad (3.17)$$

$$\frac{\partial L(\omega, b, \xi, \alpha, \beta)}{\partial \xi_i} = 0 \xrightarrow{\text{conduit à}} C - \alpha_i - \beta_i = 0 \quad (3.18)$$

Avec  $\alpha_i \geq 0$  et  $\beta_i \geq 0$

En substituant (3.16), (3.17) et (3.18) dans (3.15), l'expression de  $L$  devient :

$$L(\omega, b, \alpha) = \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^n u_i u_j \alpha_i \alpha_j \langle x_i, x_j \rangle \quad (3.19)$$

L'équation (3.19) doit être maximiser par rapport à  $\alpha$  et  $\beta$ , comme  $\beta$  n'apparaît pas dans l'équation (3.19), donc maximiser (3.19) par rapport à  $\alpha$ , avec un  $\beta$  qui vérifie l'équation (3.18).

$$(3.18) \Rightarrow C - \alpha_i - \beta_i = 0 \Rightarrow C - \alpha_i = \beta_i, \text{ comme } \beta_i \geq 0 \text{ donc } C - \alpha_i \geq 0 \xrightarrow{\text{implique}} \alpha_i \leq C.$$

Donc le problème d'optimisation quadratique sera :

$$\left\{ \begin{array}{l} \max_{\alpha} \quad \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^n u_i u_j \alpha_i \alpha_j \langle x_i, x_j \rangle \\ \text{sous les contraintes} \quad \left\{ \begin{array}{l} \sum_{i=1}^n \alpha_i u_i = 0 \\ 0 \leq \alpha_i \leq C \quad i = 1, \dots, n \end{array} \right. \end{array} \right. \quad (3.20)$$

Il existe dans ce cas, trois statuts différents pour le point  $x_i$  en regardant sa variable duale  $\alpha_i$  :

- ✓  $\alpha_i = 0$  : le point est bien classé et n'est pas sur l'un des deux hyperplans canoniques. On peut dire que le point n'est pas un vecteur de support.
- ✓  $0 < \alpha_i < C$  : le point est bien classé et se trouve sur l'un des hyperplans canoniques. Il s'agit donc d'un vecteur de support.
- ✓  $\alpha_i = C$  : le point est mal classé.

L'équation de l'hyperplan reste la même :

$$\sum_{i=1}^n \mathbf{u}_i \alpha_i \langle \mathbf{x}_i, \mathbf{x} \rangle + b = 0 \quad (3.21)$$

Dans ce cas, on appelle le séparateur par **classificateur à marge molle**. Donc pour le classificateur à marge molle il faut choisir le paramètre  $C$  qui contrôle en fait le nombre de points mal classés, il est à noter que l'ensemble des points pour lesquels  $\alpha_i$  est différent de zéro inclut non seulement les « points de support » habituels sur la marge, mais aussi les points qui sont du mauvais côté de leur hyperplan. Pour ceux-ci on obtiendra une valeur de  $\alpha_i = C$ , i.e. si on prenait une valeur de  $C$  plus grande, ces points pourraient devenir des points correctement classifiés ou des points sur la marge.

Avec  $C \rightarrow \infty$  (très grand) on a une contrainte dure : tous les points doivent être bien classés. En général une meilleure solution est obtenue avec un  $C > 0$  fini, c'est un paramètre de régularisation.

On peut résumer tous les cas de données possibles et leurs résolutions dans l'organigramme suivant :

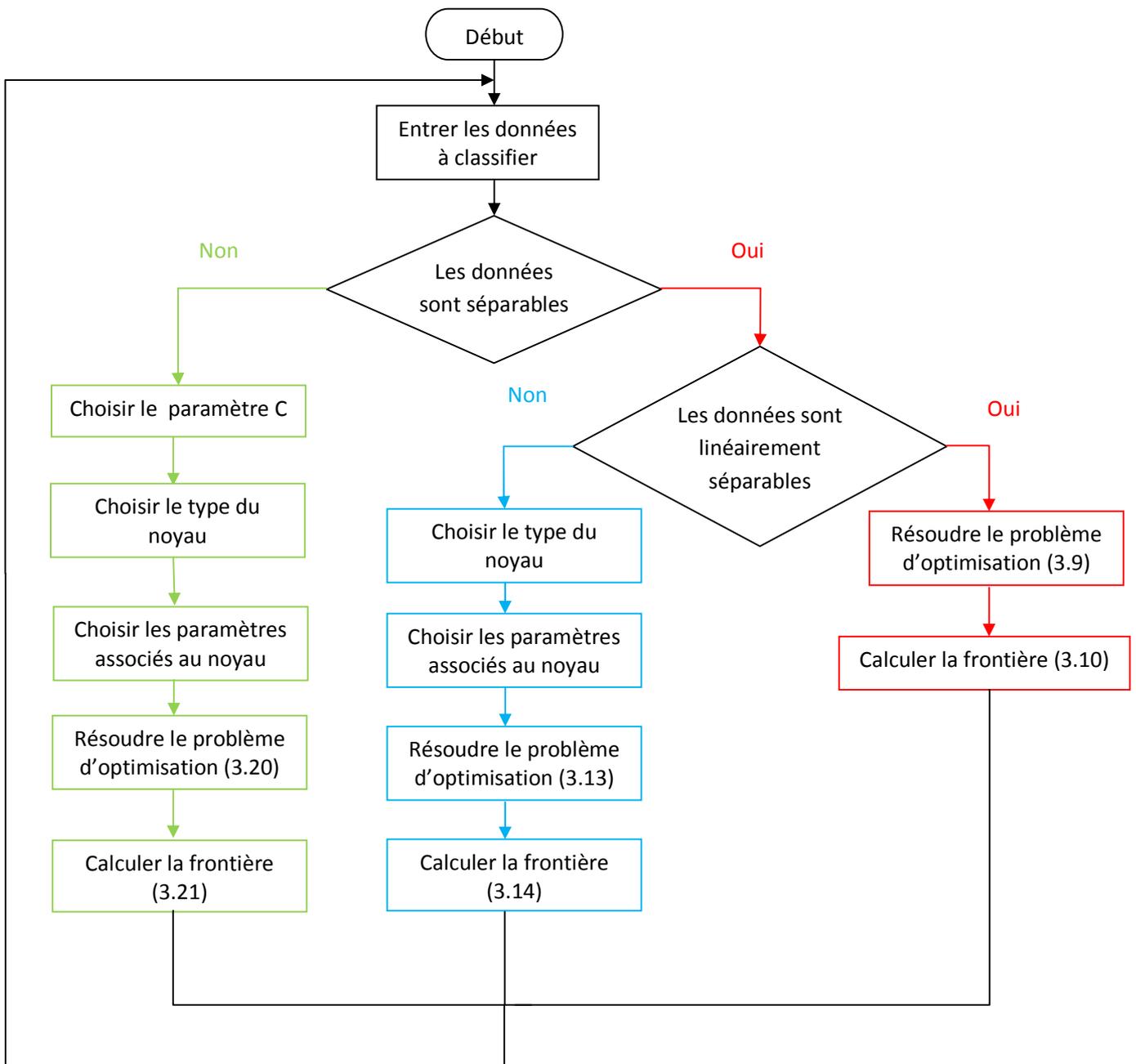


Figure 3.11 Organigramme de classification par SVM

### 3.6 Domaines d'application de SVM

La méthode SVM est une méthode de classification qui montre de bonnes performances dans la résolution de problèmes variés. Cette méthode a montré son efficacité dans de nombreux domaines d'applications :

- ✓ Traitement d'images [48] [31], (Figure 3.12, Figure 3.13)
- ✓ Catégorisation de textes
- ✓ Diagnostic médical
- ✓ Chimie [49].

Les SVM peuvent être appliqués même sur des ensembles de données de grandes dimensions. Des exemples d'application réussis des SVM peuvent être consultés sur internet [50].

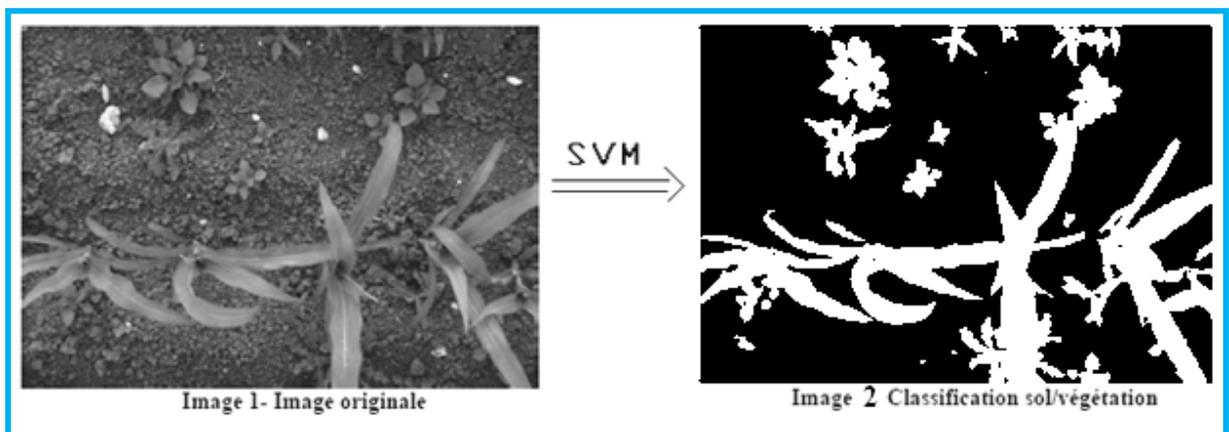


Figure 3.12 Exemple d'application de SVM en traitement d'images

(Classification sol / végétation) [48]

Dans cette application, la méthode SVM est utilisée pour classer les pixels de l'image en sol et végétation.



Figure 3.13 Exemple d'application de SVM en traitement d'images  
(Détection de visage) [30]

### 3.7 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons fait une étude complète et une présentation mathématique détaillée de la méthode SVM « Support Vector Machines ».

Elle repose sur deux idées principales : la maximisation de la marge et l'utilisation des fonctions noyau. Ces deux notions existaient depuis plusieurs années avant qu'elles ne soient mises en commun pour construire les SVM.

Le problème de recherche de la frontière séparatrice possède une formulation duale, ceci est particulièrement intéressant car, c'est sous cette formulation duale que l'on peut résoudre par des algorithmes existants.

A l'issue de la présentation décrite au cours de ce chapitre, on peut tirer les remarques suivantes :

- ✓ L'utilisation de la méthode SVM, grâce aux fonctions noyau est peu coûteuse en calculs.
- ✓ Peu de paramètres à fixer par l'utilisateur contrairement à d'autres méthodes comme la méthode des réseaux de neurones.

✓ L'intérêt de la constante  $C$  pour contrôler le bruit : si on sait que les données sont très bruitées, on accordera davantage d'importance à la marge en utilisant un  $C$  petit pour autoriser des points mal classés. Par contre, si l'intérêt se porte plutôt sur les résultats obtenus, on utilisera un  $C$  de grande valeur pour autoriser moins d'erreurs de classification.

Le résultat obtenu dépend de :

- ✓ Choix du noyau.
- ✓ Choix du paramètre associé au noyau : largeur d'un noyau gaussien, degré d'un noyau polynomial...
- ✓ Choix du paramètre  $C$  qui contrôle le nombre de points mal classés.

L'algorithme de cette méthode sera implémenté dans le chapitre 5.

## CHAPITRE 4

### MODELES DEFORMABLES (MODELE DE RON KIMMEL)

#### 4.1 Introduction

L'extraction d'objets dans une image est un domaine qui a beaucoup évolué en imagerie, cela signifie trouver les contours de certains objets ou séparer l'image en parties qui correspondent aux objets et au fond.

Une approche très différente des méthodes antérieures de détection de contours a été proposée en 1987 par Kass, Witkins et Terzopoulos, dans leur article: "Snakes : Active Contour Models" [51], appelée modèles déformables, contours actifs ou snakes.

Dans ce chapitre, nous proposons un bref résumé des grandes techniques classiques de contours actifs pour le traitement d'images, et plus précisément pour l'extraction d'objet(s) dans des images. Puis, nous nous intéresserons plus précisément au modèle de contours actifs géodésiques de Ron Kimmel.

#### 4.2 Définition des modèles déformables

Les contours actifs ont été initialement décrits par Kass, Witkins et Terzopoulos (1987) pour extraire des objets présents dans des images.

Un contour actif ou modèle déformable est une courbe, (une surface pour une image 3D), qui est positionnée initialement par l'utilisateur et qui se déplace successivement sous certaines contraintes issues de la courbe elle-même et des données de l'image, jusqu'à ce qu'elle coïncide avec la frontière de l'objet à détecter [52].

Dans ce chapitre, seront présentés trois modèles de contours actifs qui sont différents de par leur formulation du problème de détection de contours et la manière de représenter les déformations des courbes. On commence par le modèle initial des « Snakes », on fera ressortir ses avantages et ses limites ainsi que les différentes contributions introduites pour pallier certaines de ses limitations.

Ensuite, dans le quatrième paragraphe, on présentera un autre modèle appelé « modèle géométrique » fondé sur la théorie d'évolution des courbes et la méthode des ensembles de niveau (level sets) introduite par Osher et Sethian.

On terminera par la méthode des modèles actifs géodésiques qui se rapproche de la détection de contours par snakes mais avec quelques avantages.

A travers cette présentation, on discutera les avantages et inconvénients de chaque modèle afin d'intégrer le modèle adéquat dans l'approche de segmentation par coopération, (avec la méthode SVM), que nous proposons.

#### 4.3 Contours actifs classiques, paramétriques ou snakes

Les contours actifs classiques, paramétriques, ballons ou plus communément appelés snakes, sont les premiers modèles de contours actifs. Ils ont été introduits par Michael Kass, Andrew Witkins et Demetri Terzopoulos en 1987 [51]. Leur principe de base consiste à positionner, à proximité du contour (ou de surface pour une image 3D) à détecter, une courbe (ou une surface en 3D) notée  $C$  qui sera l'initialisation du contour actif, puis de la déformer successivement selon un processus itératif de déformation contrôlé par un test de convergence, jusqu'à ce qu'elle coïncide avec la frontière de l'objet à détecter.

L'origine du mot anglais « Snakes » provient du fait que les contours déformables ressemblent à des serpents (snakes en anglais) lorsqu'ils se déplacent.

Dans ce qui suit, une brève présentation mathématique de ce modèle sera montrée.

Dans le modèle des snakes classiques, le processus de déformation est lié à la minimisation d'une fonctionnelle d'énergie, construite de telle sorte qu'un minimum local se trouve en la frontière de l'objet à détecter.

Cette fonctionnelle d'énergie notée  $E$  se compose de deux termes :

$$E = E_{int} + E_{ext}$$

- Un terme contrôlant les caractéristiques géométriques (régularité, lissage) de la courbe  $C$  recherchée. Il est souvent appelé énergie interne  $E_{int}(C)$ .
- Un terme attirant la courbe  $C$  vers l'objet dont on cherche les frontières. Il est souvent appelé énergie externe  $E_{ext}(C)$ .

#### 4.3.1 Présentation mathématique du modèle

Considérons une image en niveau de gris comme une fonction  $I : \Omega \rightarrow \mathcal{R}^+$  où  $\Omega = [1, a] \times [1, b]$  est le domaine de l'image.

Dans [53], la fonctionnelle d'énergie à minimiser est donnée par :

$$E(C) = \underbrace{\int_0^1 (\alpha |C'(s)|^2 + \beta |C''(s)|^2) ds}_{E_{int}} - \underbrace{\int_0^1 \lambda |\nabla I(C(s))| ds}_{E_{ext}} \quad (4.1)$$

- La force interne dans l'équation (4.1) dépend des propriétés intrinsèques du contour actif (longueur, courbure...). Elle est composée de deux termes : élasticité (capacité à s'allonger) et rigidité (capacité à se déformer). Le choix des poids  $\alpha$  et  $\beta$  qui sont deux constantes réelles, permet d'ajuster l'effet de l'élasticité et de la rigidité de la courbe [54].
- L'énergie externe correspond à des forces externes, appelées aussi forces image, qui déforment le contour de manière à l'attirer vers les structures recherchées (contours) [54].

On note  $C(s) = [x(s), y(s)]'$  la courbe paramétrée recherchée (où  $s$  désigne l'abscisse curviligne le long de la courbe,  $s \in [0,1]$ ).

### Définition de l'abscisse curviligne

On appelle abscisse curviligne  $s$  la mesure de la distance parcourue le long de la trajectoire.

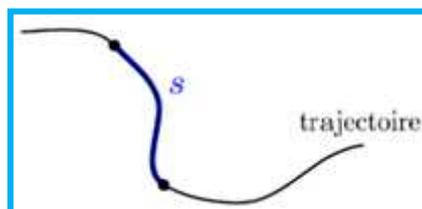


Figure 4.1 Abscisse curviligne

Dans l'équation (4.1),  $\nabla I$  est le gradient de l'intensité de l'image et  $\lambda$  une constante réelle, dont le signe permet de créer localement un mouvement de contraction ou de dilatation de la courbe  $C$ .

Le but donc est de trouver la courbe  $C(s): [0,1] \rightarrow \mathcal{R}^2$  et les constantes  $\alpha$ ,  $\beta$  et  $\lambda$  minimisant la fonctionnelle d'énergie donnée par l'équation (4.1); celle-ci doit être minimale lorsque les contours se trouvent sur les frontières de l'objet.

En considérant la détection de contour comme un problème d'optimisation, on peut trouver la solution en appliquant le théorème d'Euler-Lagrange portant sur les calculs de variation suivant :

#### 4.3.2 Théorème d'Euler-Lagrange [52]

Soit  $x$  une variable à valeurs dans l'intervalle  $[a, b]$ , et soit  $y$  une fonction dépendant de la variable  $x$ .

Soit  $F(x, y, y', y'', \dots, y^{(n)})$  une fonction de classe  $C^2$  par rapport à tous ses arguments.

Le  $y$  réalisant le minimum de la fonctionnelle  $J(y)$  définie par :

$$J(y) = \int_a^b F(x, y, y', \dots, y^{(n)}) dx$$

Est donné par l'équation d'Euler suivante :

$$\sum_{i=0}^{i=n} (-1)^i \frac{d^i}{dx^i} F_{y^{(i)}} = 0$$

Où  $F_{y^{(i)}}$  désigne la dérivée partielle de  $F$  par rapport à  $y^{(i)}$ .

En appliquant ce théorème, la minimisation de l'énergie  $E(C)$  de l'équation (4.1) se traduit par la résolution de l'équation d'Euler suivante :

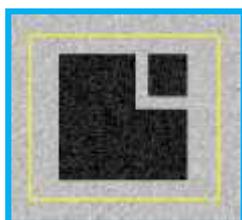
$$-(\alpha C')' + (\beta C'')'' = \nabla P(C) \quad (4.2)$$

Où  $P(C) = \frac{1}{2} \lambda |\nabla I(C)|$

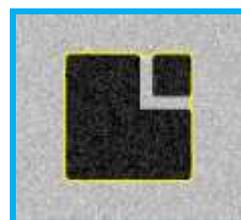
Le principal avantage offert par le modèle des Snakes classiques est d'obtenir une convergence de la courbe vers les frontières recherchées par une simple définition d'une fonctionnelle d'énergie. Il offre en outre la possibilité d'introduire de l'information là où elle est manquante ou difficile à prendre en compte (performance que l'on ne peut pas avoir par un détecteur de contours classique) [52].

En revanche, il souffre de plusieurs problèmes, les plus importants étant [52] :

- Le modèle des snakes classiques fournit une solution qui n'est pas unique et qui dépend des conditions initiales (forme et position du contour initial,...).
- Il ne gère pas les ruptures topologiques et ne peut donc pas assurer la répartition d'une courbe initiale en plusieurs « courbes filles », afin de détecter plusieurs objets dans une image comme l'exemple illustré en **figure (4.2)**.
- De plus aucune indication n'est donnée sur le choix des paramètres  $\alpha$  et  $\beta$ , ce soin étant souvent laissé à l'utilisateur, en fonction des caractéristiques du contour de l'objet.
- Le contour initial doit être suffisamment proche de l'objet à détecter.



(a). Snake initial



(b). Snake final

Figure 4.2 Snake appliqué à la détection de plusieurs objets [55]

De ce fait, les recherches se sont orientées vers la théorie des courbes et non plus vers la minimisation d'une fonctionnelle d'énergie. Le modèle géométrique des modèles déformables a donc été introduit.

#### 4.4 Modèles déformables géométriques

Un autre modèle de contours actifs, « *le modèle géométrique* », permet de remédier à certains inconvénients des modèles paramétriques. Il a été développé par *Caselles* et ses collaborateurs [22].

Dans ce modèle, les courbes (les surfaces 3D) évoluent en utilisant uniquement des mesures géométriques, ce qui donne une évolution indépendante de la paramétrisation.

Caselles et coll. [22] ont introduit un modèle géométrique des contours actifs formulé par des équations aux dérivées partielles d'évolution de courbes, où chaque point de la courbe  $C$  se déplace dans la direction de son vecteur normal  $\vec{n}$  à une vitesse de propagation proportionnelle à la courbure  $k$  (équation (4.3)).

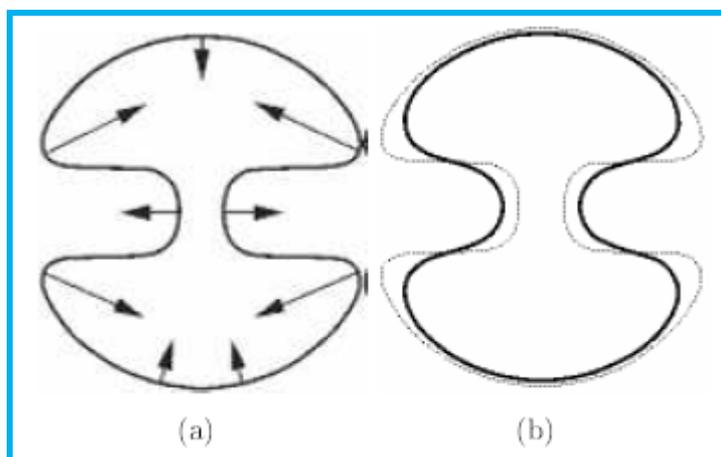


Figure 4.3 Sens de propagation d'une courbe sous l'action de la force de courbure dans la direction de la normale en chaque point;

(a) mouvement initial, (b) forme finale (en noir)

L'équation d'évolution s'écrit alors sous la forme [52] :

$$\frac{\partial C}{\partial t} = F(k)\vec{n} \quad (4.3)$$

Afin que la courbe converge vers les frontières de l'objet et s'arrête, la vitesse de propagation dépend aussi d'une fonction d'arrêt  $g$  (dépendant des données contenues dans l'image  $I$ ) qui est monotone, positive et décroissante strictement, les valeurs de cette fonction sont proche de 0 dans les régions où le gradient est élevé et proche de 1 dans les régions homogènes, d'intensité constante.

Nous retiendrons pour  $g$  des fonctions de type [53]:

$$g(I) = \frac{1}{1 + |\nabla G_\sigma * I|^p} \quad (4.4)$$

$G_\sigma * I$  est la convolution de l'image  $I$  avec une gaussienne pour atténuer l'influence du bruit,  $p$  prend pour valeurs 1 ou 2.

Osher & al. et Caselles & al. [56] proposent le modèle géométrique suivant pour la segmentation :

$$\begin{cases} \frac{\partial C(s, t)}{\partial t} = g(I)(v + k)\vec{n} \\ C(s, 0) = C_0(s) \end{cases} \quad \text{La courbe initiale} \quad (4.5)$$

Où l'objet à détecter est donné par la solution de  $\frac{\partial C(s, t)}{\partial t} = 0$ .

Le modèle défini par cette EDP se déforme avec une vitesse associant deux termes [52]:

- $k\vec{n}$  Un terme de régularité qui lisse la courbe  $C$ .
- Le terme  $v\vec{n}$  est introduit pour générer une force dans la direction normale à la courbe, permettant de faire évoluer cette dernière (courbe) vers les contours de l'objet,  $v$  est une constante que l'on peut prendre positive (resp négative) pour contracter (resp dilater) le contour actif. Cohen écrit que le contour est soumis à une force appelée « balloon », cette force correspond à la minimisation de l'aire intérieure au contour, ou à sa maximisation, selon le signe de  $v$ .

L'équation (4.5) constitue le modèle géométrique, le problème de segmentation est donc résolu en définissant de manière directe une équation d'évolution portant sur le contour. Cette EDP n'est plus associée à une minimisation d'énergie.

Nous allons maintenant intégrer l'équation (4.5) dans la formulation en courbe de niveaux d'Osher et Sethian pour la résoudre de façon efficace.

#### 4.5 Méthode des ensembles de niveaux d'Osher –Sethian [23]

La méthode des ensembles de niveaux (Level Sets en anglais), introduite par Osher et Sethian en 1996 est une technique établie pour représenter des courbes en mouvement en deux dimensions ou plus. Elle consiste à représenter une courbe  $C$  implicitement comme le niveau zéro d'une certaine fonction de niveaux de dimension supérieure. Le mouvement de la courbe se traduit alors en une évolution de la fonction de niveaux selon une EDP (équation aux dérivées partielles).

Dans le plan de l'image, la courbe  $C$  est donc considérée comme le niveau zéro d'une fonction  $\phi$  de dimension supérieure ( $C$  est donc l'intersection de  $\phi(x, y)$  avec le plan défini par  $xy(z = 0)$   $C: \{(x, y) / \phi(x, y) = 0\}$ ), telles que les axes horizontaux représentent le plan de l'image et l'axe vertical les différents niveaux de la fonction  $\phi$  (**Figure 4.4**).

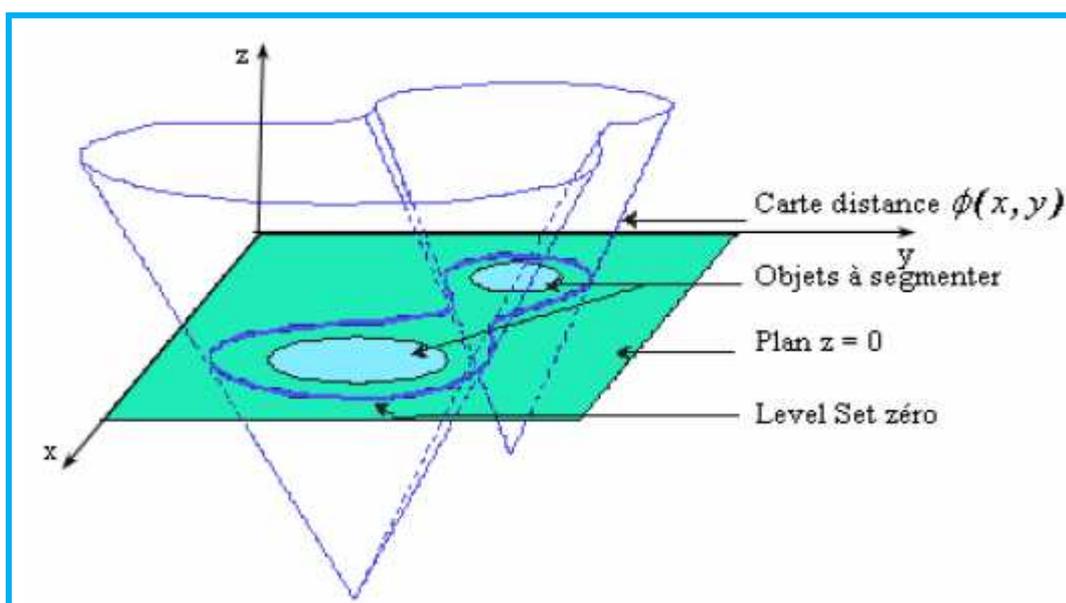


Figure 4.4 Représentation de la fonction ensembles de niveaux  $\phi(x, y)$  à un instant donné  $t$

La courbe  $C$  évolue dans le plan  $xy$  ( $z = 0$ ) vers les frontières des objets à segmenter (**Figure 4.4**) en utilisant l'image entière comme une carte de distance à la courbe  $C$  ; en effet chaque pixel a pour valeur sa distance à la courbe (**Figure 4.5**).

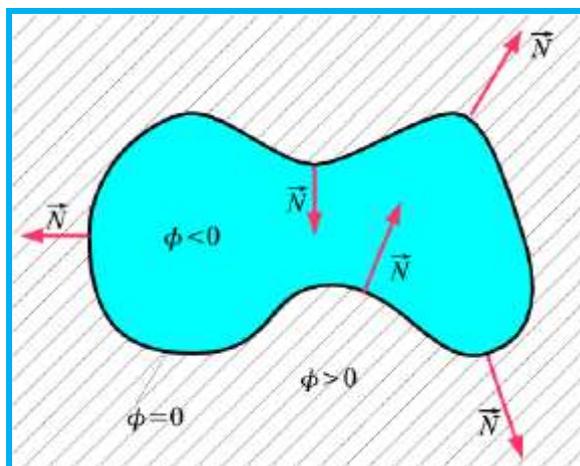


Figure 4.5 Fonction distance  $\Phi$  signée au contour  $C$

La fonction  $\Phi(x, y)$  représente la distance signée de tous les points de l'image à la courbe. Elle est définie comme ceci :

- $\Phi(s, t) < 0$  si  $s$  est à l'intérieur de la courbe.
- $\Phi(s, t) > 0$  si  $s$  est à l'extérieur de la courbe.
- $\Phi(s, t) = 0$  si  $s$  est sur la courbe.

En transposant de ce fait l'étude de l'évolution de la courbe  $C$  à celle de la fonction  $\Phi$ , le problème de l'équation (4.5) devient [52] :

$$\begin{cases} \frac{\partial \Phi}{\partial t} = g(I) \left( v + \operatorname{div} \left( \frac{\nabla \Phi}{|\nabla \Phi|} \right) \right) |\nabla \Phi| \\ \Phi(s, 0) = \Phi_0(s) \end{cases} \quad (4.6)$$

La courbe initiale

Le terme  $\left( \frac{\nabla \Phi}{|\nabla \Phi|} \right)$ , désigne la courbure  $k$ .

Contrairement au modèle des "Snakes classiques", les modèles géométriques et grâce à leur implémentation par la méthode des courbes de niveaux, ne dépendent pas de la paramétrisation, permettent de gérer automatiquement sans aucune difficulté les changements de topologie (voir **Figure 4.4**) comme la division ou la fusion de plusieurs contours et offrent toujours une courbe / surface fermée.

D'après l'équation (4.6), on remarque que la courbe s'arrête lorsque  $g = 0$ , ceci n'arrive que dans le cas d'un contour idéal, car pour des images réelles,  $g$  prend des valeurs *proches* de zéro le long des frontières de l'objet à segmenter. Il est donc nécessaire de considérer un intervalle dans lequel  $g$  prend des valeurs qui garantissent que la courbe s'arrête [52].

Nous avons donc décrit les MD classiques et géométriques, on passe maintenant à la description de l'approche géodésique pour la segmentation des objets qui permet de relier les snakes classiques basés sur la minimisation d'une énergie et les contours actifs géométriques basés sur la théorie d'évolution des courbes.

#### 4.6 Modèles déformables géodésiques

Les contours actifs géodésiques CAG sont introduits par Caselles, Catté et Dibos [56] et Malladi, Sethian et Vemuri [57] pour la détection des frontières d'objets. Ils sont fondés sur la relation entre les contours actifs classiques et le calcul de géodésiques ou de courbes de distance minimale. En effet, les CAG découlent d'une formulation simplifiée du modèle des Snakes classiques (équation 4.1), ce dernier a été modifié en éliminant le terme de rigidité ( $\beta = 0$ ). L'élimination du terme de rigidité permet de limiter les termes dérivés à un ordre élevé.

Dans le modèle proposé par Caselles, Kimmel et Sapiro [58] la formulation de l'énergie totale du contour obtenue après modification des Snakes classiques en supprimant le terme de rigidité est de la forme :

$$\begin{aligned}
 E &= \int_0^1 \alpha |C'(s)|^2 ds - \int_0^1 \lambda |\nabla I(C(s))| ds & (4.7) \\
 &= \int_0^1 E_{int}(C) + E_{ext}(C) ds
 \end{aligned}$$

Nous pouvons étendre cette formule de la façon suivante :

Soit  $g : [0, +\infty[ \rightarrow \mathcal{R}^+$  une fonction strictement décroissante telle que  $\lim_{r \rightarrow +\infty} g(r) = 0$ , nous pouvons alors remplacer  $-\nabla I(C(s))$  par  $g(|\nabla I|)^2$ , D'où l'équation (4.7) devient :

$$E(C) = \underbrace{\int_0^1 \alpha |C'(s)|^2 ds}_{E_{int}} + \underbrace{\int_0^1 \lambda g(|\nabla I(C(s))|)^2 ds}_{E_{ext}} \quad (4.8)$$

Le rôle de la fonction  $g$  est de ralentir l'évolution des courbes dans les zones de fort gradient.

Les modèles géodésiques actifs se rapprochent de la détection de contours par snakes mais ils ont pris le pas car ils sont capables de se dédoubler et de fusionner pour permettre la détection simultanée de plusieurs objets. Ils aboutissent à une détection de contours plus précise et indépendante de l'initialisation. Ils permettent également de résoudre certains problèmes liés à la paramétrisation.

D'autre part, bien que les avantages des CAG sur les snakes soient multiples, ils ont cependant certains points négatifs, notamment la sensibilité au bruit où l'image doit être filtrée au préalable.

#### 4.7 Discussion

Les modèles déformables sont des modèles mathématiques ou géométriques qui se déforment de façon à séparer d'un côté l'objet qui nous intéresse et de l'autre le reste de l'image.

Dans ce chapitre, nous avons présenté les principales méthodes d'extraction d'objets basées sur les contours actifs : les *modèles paramétriques classiques* « Snakes », leur principe, leurs avantages ainsi que leurs inconvénients qui sont palliés par la suite par l'introduction des *modèles déformables géométriques* qui sont implémentés par la méthode des ensembles de niveaux. On a vu aussi la combinaison entre l'approche variationnelle et l'approche géométrique qui a donné la naissance aux modèles déformables géodésiques.

La méthode des modèles géodésiques actifs se rapproche de la détection de contours par snakes mais a pour avantage de pouvoir détecter plusieurs objets en même temps.

Dans ce qui suit, nous allons choisir le modèle déformable géodésique de Ron Kimmel, qui est une amélioration du modèle de Chan et Vese, pour l'étudier vu la dualité qui existe entre ce modèle et la méthode SVM, nous commencerons par le principe et les notations mathématiques utilisées, puis les différents termes intégrés dans le modèle, à la fin nous formulerons le modèle avec la méthode des ensembles de niveaux (Level Sets).

#### 4.8 Modèle déformable géodésique de Ron Kimmel

Ron Kimmel dans [59], propose un modèle de contour actif géodésique pour la détection d'objets, dont le principe de base consiste à placer dans l'image une courbe  $C$  qui sera l'initialisation du contour actif, puis de la déformer successivement selon un processus itératif de déformation, jusqu'à ce qu'elle coïncide avec la frontière de l'objet à détecter.

Pour la déformation, Ron Kimmel dans [59], a proposé une fonctionnelle d'énergie incluant trois termes :

- Un terme d'alignement  $E_{AR}$
- Un terme de variance minimale  $E_{MV}$
- Un terme géodésique  $E_{GAC}$

La fonctionnelle d'énergie proposée est de la forme :

$$E(C, c_1, c_2) = E_{AR}(C) - \alpha E_{GAC}(C) - \beta E_{MV}(C, c_1, c_2) \quad (4.9)$$

Où  $c_1$  (resp  $c_2$ ) est l'intensité moyenne à l'intérieur (resp à l'extérieur) de la courbe  $C$ .

La dérivée de l'équation (4.9) correspond aux forces à appliquer sur la courbe  $C$  pour atteindre la position d'équilibre.

Dans ce qui suit, une présentation mathématique détaillée de ce modèle sera montrée.

#### 4.8.1 Notations mathématiques

On considère une image en niveau de gris  $I : \Omega \rightarrow \mathcal{R}^+$  dont  $\Omega \in \mathcal{R}^2$  est le domaine de l'image, le gradient de l'image  $I$  est donné par :  $\nabla I(x, y) = \{I_x, I_y\}$ ,

$$I_x = \frac{\partial I(x, y)}{\partial x} \quad I_y = \frac{\partial I(x, y)}{\partial y}$$

On cherche un contour  $C(s) : [0, L] \rightarrow \mathcal{R}^2$  tel que :  $C(s) = \{x(s), y(s)\}$ , la tangente  $C_s$  à la courbe (**figure 4.6**) est alors donnée par :

$$C_s = \{x_s, y_s\} = \left\{ \frac{dx(s)}{ds}, \frac{dy(s)}{ds} \right\}$$

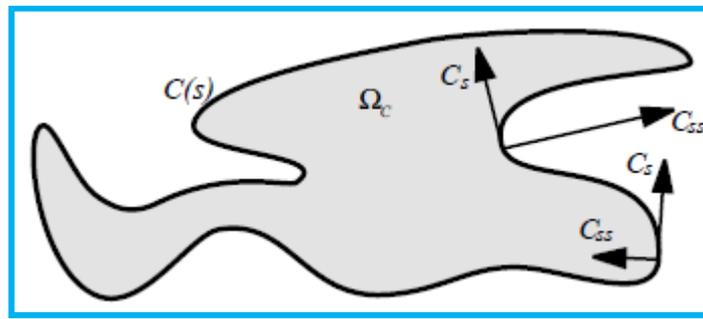


Figure 4.6 Tangente  $C_s$  et courbure  $C_{ss}$  d'une courbe  $C$

La normale dans ce cas est donnée par :

$$\vec{n}(s) = \{-y_s(s), x_s(s)\}$$

Si  $s$  varie de 0 à  $L$  ( $L$  longueur de la courbe), on peut définir une autre variable  $p$  équivalente à  $s$  mais qui varie de 0 à 1 (normalisation), dans ce cas la normale unitaire  $\vec{n}$  et la tangente  $C_s$  deviennent **[59]** :

$$\vec{n} = \frac{\{-y_p, x_p\}}{|C_p|} \quad \text{où} \quad |C_p| = \sqrt{x_p^2 + y_p^2}$$

$$C_s = \frac{C_p}{|C_p|}$$

D'après l'équation de la tangente :

$$C_s = \{x_s, y_s\} = \frac{C_p}{|C_p|} = \frac{\{x_p, y_p\}}{|C_p|} \quad \text{donc} \quad x_s = \frac{x_p}{|C_p|} \Rightarrow \frac{dx}{ds} = \frac{dx/dp}{|C_p|} \Rightarrow ds = |C_p| dp$$

#### 4.8.2 Calcul variationnel pour les mesures géométriques

Avant de définir les différents termes de la fonctionnelle d'énergie de l'équation (4.9), on définit tout d'abord un lemme utilisé par la suite dans les démonstrations.

✓ Lemme 1 [59]

Si on a une fonction de la forme suivante :

$$E(C) = \oint_C L(C_p, C) dp$$

Alors la dérivée première correspondante sera donnée par :

$$\frac{\partial E(C)}{\partial C} = \left( \begin{array}{c} \frac{\partial}{\partial x} - \frac{d}{dp} \frac{\partial}{\partial x_p} \\ \frac{\partial}{\partial y} - \frac{d}{dp} \frac{\partial}{\partial y_p} \end{array} \right) L(C_p, C)$$

#### 4.8.3 Termes de l'énergie du modèle

##### 4.8.3.1 Terme d'alignement

Le terme d'alignement est donné par [59] :

$$E_{AR}(C) = \oint_0^L |\langle \nabla I(x(s), y(s)), \vec{n}(s) \rangle| ds \quad (4.10)$$

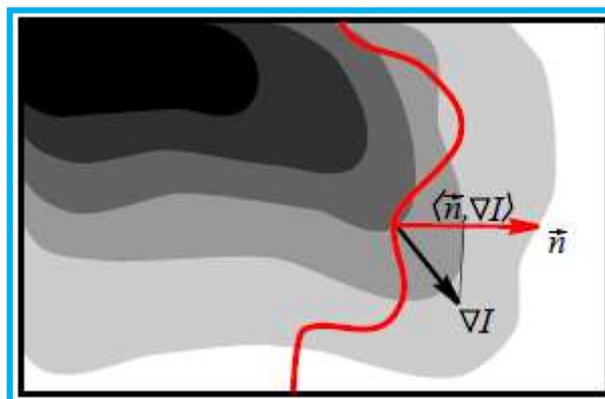


Figure 4.7 La courbe  $C$ , sa normale  $\vec{n}$  et le gradient de l'image en un point

Le terme d'alignement est la projection de  $\nabla I$  sur la normale le long de la courbe (définition du produit scalaire entre un vecteur unitaire  $\vec{n}$  et autre).

La première variation du terme d'alignement est alors donnée par :

$$\frac{\delta E_{AR}(C)}{\delta C} = \text{sign}(\langle \nabla I, \vec{n}(s) \rangle) \Delta I \vec{n} \quad (4.11)$$

◇ Démonstration

✓ Lemme 2

Soit  $\vec{V}(x, y) = \{u(x, y), v(x, y)\}$ , soit la fonctionnelle suivante :

$$\begin{aligned} E_{AR}(C) &= \oint_C |\langle \vec{V}, \vec{n} \rangle| ds \\ E_{AR}(C) &= \int_0^L |\langle \vec{V}, \vec{n} \rangle| ds = \int_0^L |\langle \{u, v\}, \{-y_s, x_s\} \rangle| ds = \int_0^1 \left| \left\langle \{u, v\}, \frac{\{-y_p, x_p\}}{|C_p|} \right\rangle \right| |C_p| dp \\ &= \int_0^1 \sqrt{(vx_p - uy_p)^2} dp \end{aligned}$$

La première variation de cette fonctionnelle par rapport à  $x$ , d'après le lemme 1, sera donnée par :

$$\begin{aligned} \frac{\delta E_{AR}(C)}{\delta x} &= \left( \frac{\partial}{\partial x} - \frac{d}{dp} \frac{\partial}{\partial x_p} \right) \sqrt{(vx_p - uy_p)^2} \\ &= -y_p \text{sign}(vx_p - uy_p) (u_x + v_y) = -y_p \text{sign}(\langle \vec{V}, \vec{n} \rangle) \text{div}(\vec{V}) \end{aligned}$$

De même pour  $y$  :

$$\frac{\delta E_{AR}(C)}{\delta y} = x_p \text{sign}(\langle \vec{V}, \vec{n} \rangle) \text{div}(\vec{V})$$

Donc :

$$\frac{\delta E_{AR}(C)}{\delta C} = \text{sign}(\langle \vec{V}, \vec{n} \rangle) \text{div}(\vec{V}) \vec{n}$$

Pour  $\vec{V} = \nabla I$  On trouve :

$$\frac{\delta E_{AR}(C)}{\delta C} = \text{sign}(\langle \nabla I, \vec{n}(s) \rangle) \Delta I \vec{n}$$

(Pour bien comprendre la démonstration de ce lemme voir le lemme 4 et sa démonstration).

La valeur absolue du produit scalaire entre le vecteur gradient de l'image et la normale à la courbe en un point est la mesure d'alignement. En général, la direction du vecteur gradient donne une bonne estimation de la direction du contour. Ce produit scalaire prend de grandes valeurs lorsque la normale à la courbe est alignée avec le gradient de l'image. Le but est donc de trouver une courbe qui maximise ce terme.

#### 4.8.3.2 Terme géodésique

Le terme géodésique est donné par **[59]** :

$$E_{GAC}(C) = \oint_C g(C(s)) ds \quad (4.12)$$

Ce terme sert à l'attachement aux données de l'image, il représente l'intégration d'une fonction  $g$  (dépendant des données contenues dans l'image  $I$ ) qui est monotone, positive et décroissante strictement.

Nous utilisons généralement la fonction  $g$  suivante :

$$g(x, y) = \frac{1}{1 + |\nabla I|^2} \quad (4.13)$$

Les valeurs de cette fonction sont proche de 0 dans les régions où le gradient est élevé et proche de 1 dans les régions homogènes, d'intensité constante, on cherche donc une courbe pour laquelle la fonction  $g$  prend des valeurs minimales, donc une courbe  $C$  qui minimise cette fonctionnelle (équation (4.12)).

La première variation de cette fonctionnelle est donnée par :

$$\frac{\delta E_{GAC}(C)}{\delta C} = -(kg - \langle \nabla g, \vec{n} \rangle) \vec{n} \quad (4.14)$$

◇ Démonstration

✓ Lemme 3

Soit la fonctionnelle suivante :

$$E_{GAC}(C) = \oint_C g(C(s)) ds$$

$$E_{GAC}(C) = \int_0^L g(C(s)) ds = \int_0^1 g(C(p)) |C_p| dp = \int_0^1 g(C(p)) \sqrt{x_p^2 + y_p^2} dp$$

La première variation de cette fonctionnelle par rapport à  $x$  sera donnée par :

$$\begin{aligned} \frac{\delta E_{GAC}(C)}{\delta x} &= \left( \frac{\partial}{\partial x} - \frac{d}{dp} \frac{\partial}{\partial x_p} \right) \left( g(x(p), y(p)) \sqrt{x_p^2 + y_p^2} \right) = g_x |C_p| - \frac{d}{dp} g \frac{x_p}{\sqrt{x_p^2 + y_p^2}} \\ &= g_x |C_p| - \frac{x_p}{\sqrt{x_p^2 + y_p^2}} \frac{d}{dp} g - g \frac{d}{dp} \frac{x_p}{\sqrt{x_p^2 + y_p^2}} \\ &= g_x |C_p| - \frac{x_p}{\sqrt{x_p^2 + y_p^2}} \frac{dx}{dp} \frac{d}{dx} g - g \frac{d}{dp} \frac{x_p}{\sqrt{x_p^2 + y_p^2}} \\ &= g_x |C_p| - (g_x x_p + g_y y_p) \frac{x_p}{|C_p|} - g \frac{x_{pp} |C_p| - x_p (x_p x_{pp} + y_p y_{pp}) / |C_p|}{|C_p|^2} \\ &= y_p (kg - \langle \nabla g, \vec{n} \rangle) \end{aligned}$$

Avec :

$$k = - \frac{x_{pp} y_p - y_{pp} x_p}{|C_p|^3}$$

De même pour  $y$  :

$$\frac{\delta E_{GAC}(C)}{\delta y} = -x_p (kg - \langle \nabla g, \vec{n} \rangle)$$

✓ Lemme 4 (utilisé par la suite pour la démonstration du lemme 5)

Soit  $\vec{V}(x, y) = \{u(x, y), v(x, y)\}$ , soit la fonctionnelle suivante :

$$E_A(C) = \oint_C \langle \vec{V}, \vec{n} \rangle ds$$

La première variation de cette fonctionnelle par rapport à  $x$  est donnée par :

$$\frac{\delta E_A(C)}{\delta C} = \text{div}(\vec{V}) \vec{n}$$

◇ Démonstration du lemme 4

$$\begin{aligned} E_A(C) &= \int_0^L \langle \vec{V}, \vec{n} \rangle ds = \int_0^L \langle \{u, v\}, \{-y_s, x_s\} \rangle ds \\ &= \int_0^1 \left\langle \left\{ \{u, v\}, \frac{\{-y_p, x_p\}}{|C_p|} \right\} \right\rangle |C_p| dp = \int_0^1 (v x_p - u y_p) dp \end{aligned}$$

Les dérivées seront :

$$\begin{aligned}\frac{\delta E_A(C)}{\delta x} &= \left( \frac{\partial}{\partial x} - \frac{d}{dp} \frac{\partial}{\partial x_p} \right) (vx_p - uy_p) = v_x x_p - u_x y_p - \frac{d}{dp} v \\ &= v_x x_p - u_x y_p - v_x x_p - v_y y_p \\ &= -y_p (u_x + v_y) = -y_p \operatorname{div}(\vec{V})\end{aligned}$$

De même pour  $y$  :

$$\frac{\delta E_A(C)}{\delta y} = x_p \operatorname{div}(\vec{V})$$

Donc :

$$\frac{\delta E_A(C)}{\delta C} = \operatorname{div}(\vec{V}) \vec{n}$$

✓ Lemme 5 (utilisé par la suite pour la démonstration du lemme 6)

Soit la fonctionnelle suivante :

$$E_W(C) = \iint_{\Omega_C} f(x, y) dx dy$$

La dérivée de cette fonctionnelle est donnée par :

$$\frac{\delta E_W(C)}{\delta C} = -f(x, y) \vec{n}$$

En parallèle,  $E_W(C) = \iint_{\Omega/\Omega_C} f(x, y) dx dy$  a pour dérivée  $\frac{\delta E_W(C)}{\delta C} = f(x, y) \vec{n}$

◇ Démonstration du lemme 5

On définit les deux fonctions  $P(x, y)$  et  $Q(x, y)$ , sachant que :

$$P_y(x, y) = -\frac{1}{2} f(x, y) \qquad Q_x(x, y) = \frac{1}{2} f(x, y)$$

Alors  $f(x, y) = Q_x - P_y$  et la fonctionnelle devient :

$$\begin{aligned}E(C) &= \iint_{\Omega_C} f(x, y) dx dy = \iint_{\Omega_C} (Q_x - P_y) dx dy \\ &= \int_C (P dx + Q dy) = \int_C (P x_s + Q y_s) ds \\ &= \int_C \langle \{-Q, P\}, \vec{n} \rangle ds\end{aligned}$$

D'après le lemme 4 et pour  $\vec{V} = \{-Q, P\}$ , on trouve :

$$\frac{\delta E(C)}{\delta C} = \operatorname{div}(\{-Q, P\}) \vec{n} = -(Q_x - P_y) \vec{n} = -f \vec{n}$$

#### 4.8.3.3 Terme de variance minimale

Soit le critère de variance minimale de Chan et Vese donné par [60] :

$$E_{MV}(C, c_1, c_2) = \frac{1}{2} \iint_{\Omega_C} (I(x, y) - c_1)^2 dx dy + \frac{1}{2} \iint_{\Omega/\Omega_C} (I(x, y) - c_2)^2 dx dy \quad (4.15)$$

Où  $c_1$  (resp  $c_2$ ) est l'intensité moyenne à l'intérieur (resp à l'extérieur) de la courbe  $C$ .

Les premières variations de cette fonctionnelle sont données par :

$$\frac{\delta E_{MV}}{\delta C} = - \left[ (c_2 - c_1) \left( I - \frac{c_1 + c_2}{2} \right) \right] \vec{n} \quad (4.16)$$

$$\frac{\delta E_{MV}}{\delta c_1} = - \left[ \iint_{\Omega_C} I dx dy - c_1 \iint_{\Omega_C} dx dy \right] \quad (4.17)$$

$$\frac{\delta E_{MV}}{\delta c_2} = - \left[ \iint_{\Omega/\Omega_C} I dx dy - c_2 \iint_{\Omega/\Omega_C} dx dy \right] \quad (4.18)$$

◇ Démonstration

✓ Lemme 6

En utilisant le lemme 5 on trouve :

$$\begin{aligned} \frac{\delta E_{MV}}{\delta C} &= - \frac{1}{2} [(I - c_1)^2 - (I - c_2)^2] \vec{n} \\ &= - \frac{1}{2} [I^2 - 2Ic_1 + c_1^2 - I^2 + 2Ic_2 - c_2^2] \vec{n} \\ &= - \left[ (c_2 - c_1)I - \frac{(c_1 + c_2)(c_2 - c_1)}{2} \right] \vec{n} \\ &= - \left[ (c_2 - c_1) \left( I - \frac{c_1 + c_2}{2} \right) \right] \vec{n} \end{aligned}$$

D'après cette présentation des différents termes du modèle, revenant maintenant à l'équation (4.9) :

$$\begin{aligned} E(C, c_1, c_2) &= E_{AR}(C) - \alpha E_{GAC}(C) - \beta E_{MV}(C, c_1, c_2) \\ &= \oint_C |\langle \nabla I, \vec{n} \rangle| ds - \alpha \oint_C g(C(s)) ds \\ &\quad - \beta \frac{1}{2} \left( \iint_{\Omega_C} (I - c_1)^2 dx dy + \iint_{\Omega/\Omega_C} (I - c_2)^2 dx dy \right) \end{aligned}$$

Nous allons maintenant intégrer cette équation dans la formulation en courbe de niveaux d'Osher et Sethian pour la résoudre de façon efficace.

#### 4.8.4 Formulation avec les Level Sets

Nous englobons la courbe  $C$  dans une fonction  $\Phi$  de dimension supérieure, qui représente implicitement la courbe comme son niveau zéro, c'est-à-dire :

$$C = \{x, y\} : \Phi(x, y) = 0\}$$

Comme on a déjà vu, l'équation d'évolution d'une courbe est donnée par :

$$\frac{\partial C}{\partial t} = C_t = F\vec{n} \quad (4.19)$$

Où «  $t$  » est un paramètre du temps.

Alors, l'évolution de sa formulation en courbe de niveaux se fait selon :

$$\frac{\partial \Phi}{\partial t} = \Phi_t = F|\nabla\Phi| \quad (4.20)$$

D'après ces deux équations on trouve  $\vec{n} = \frac{\nabla\Phi}{|\nabla\Phi|}$

#### ◇ Démonstration

D'après l'équation (4.20),  $\Phi_t = F|\nabla\Phi| = F\langle\nabla\Phi, \frac{\nabla\Phi}{|\nabla\Phi|}\rangle$

$$\Phi_t = \Phi_x x_t + \Phi_y y_t = \langle\nabla\Phi, C_t\rangle = \langle\nabla\Phi, F\vec{n}\rangle$$

Par identification on trouve :

$$\vec{n} = \frac{\nabla\Phi}{|\nabla\Phi|} \quad (4.21)$$

Revenant maintenant au modèle de Ron Kimmel :

$$\begin{aligned} E(C, c_1, c_2) &= E_{AR}(C) - \alpha E_{GAC}(C) - \beta E_{MV}(C, c_1, c_2) \\ &= \oint_C |\langle \nabla I, \vec{n} \rangle| ds - \alpha \oint_C g(C(s)) ds \\ &\quad - \beta \frac{1}{2} \left( \iint_{\Omega_C} (I - c_1)^2 dx dy + \iint_{\Omega/\Omega_C} (I - c_2)^2 dx dy \right) \end{aligned}$$

En utilisant les termes précédents, l'équation d'évolution de la courbe  $C$  dans le temps sera de la forme :

$$C_t = \left[ \text{sign}(\langle \nabla I, \vec{n} \rangle) \Delta I + \alpha(g(x, y)k - \langle \nabla g, \vec{n} \rangle) + \beta(c_2 - c_1) \left( I - \frac{c_1 + c_2}{2} \right) \right] \vec{n} \quad (4.22)$$

$$c_1 = \frac{1}{|\Omega_C|} \iint_{\Omega_C} I(x, y) dx dy \quad c_2 = \frac{1}{|\Omega/\Omega_C|} \iint_{\Omega/\Omega_C} I(x, y) dx dy$$

$c_1$  : moyenne des pixels internes.

$c_2$  : moyenne des pixels externes.

$|\Omega_C|$  : l'aire de la région  $\Omega_C$  (l'intérieur de la courbe  $C$ ).

D'après l'équation (4.21) on obtient l'évolution de notre fonction  $\Phi$  sous forme de courbe de niveaux :

$$\Phi_t = \left[ \text{sign}(\langle \nabla I, \nabla \Phi \rangle) \Delta I + \alpha \text{div} \left( g(x, y) \frac{\nabla \Phi}{|\nabla \Phi|} \right) + \beta(c_2 - c_1) \left( I - \frac{c_1 + c_2}{2} \right) \right] |\nabla \Phi|$$

En suite, en rapprochant la dérivée dans le temps par  $\Phi_t \approx \frac{\Phi^{n+1} - \Phi^n}{\Delta t}$ , on obtient un nouveau schéma explicite de l'équation d'évolution :

$$\Phi^{n+1} = \Phi^n + \Delta t \left( \left[ \text{sign}(\langle \nabla I, \nabla \Phi \rangle) \Delta I + \alpha(g(x, y)k) + \beta(c_2 - c_1) \left( I - \frac{c_1 + c_2}{2} \right) \right] |\nabla \Phi| \right)$$

$$\text{avec } k = \text{div} \frac{\nabla \Phi}{|\nabla \Phi|}$$

#### 4.8.5 Algorithme du modèle de Ron Kimmel

L'algorithme du modèle de Ron Kimmel est donné par :

- Initialiser  $\Phi^0$  le contour initial,  $n = 0$
- Calculer  $\Delta I$  (Laplacien de l'image)
- Calculer la fonction d'arrêt  $g(I) = \frac{1}{(1+|\nabla I|^2)}$  (par exemple)
- Répéter, jusqu'à convergence, les calculs suivants :
  - Calculer la variation du terme de variance minimale  $E_{MV}$
  - Calculer la variation du terme d'alignement  $E_{AR}$
  - Réinitialiser la fonction  $\Phi$  par :

$$\Phi^{n+1} = \Phi^n + \Delta t \left( \left[ \text{sign}(\langle \nabla I, \nabla \Phi \rangle) \Delta I + \alpha(g(x, y)k) + \beta(c_2 - c_1) \left( I - \frac{c_1 + c_2}{2} \right) \right] |\nabla \Phi| \right)$$

- Fin

#### 4.9 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons donné un bref résumé des grandes techniques classiques de contours actifs pour l'extraction d'objet(s) dans des images. Puis, nous avons fait une présentation mathématique du modèle de contours actifs géodésiques de Ron Kimmel, tel que le principe, les notations mathématiques utilisées, les différents termes intégrés dans le modèle et à la fin la formulation du modèle avec la méthode des ensembles de niveaux (Level Sets).

A l'issue de cette présentation, on peut dire que le modèle de Ron Kimmel et grâce à son implémentation par la méthode des courbes de niveaux :

- permet de gérer automatiquement les changements de topologie, comme la fusion et la division d'un seul contour pour la détection de plusieurs objets en même temps.
- Offre toujours une courbe / surface fermée.
- Permet d'extraire un seul objet bien précis dans l'image, ce qui est un inconvénient pour la méthode SVM (la détection simultanée de tous les objets similaires dans l'image).

D'autre part, bien que les avantages du modèle déformable de Ron Kimmel sont multiples, il subsiste cependant certains points négatifs, le plus important est la sensibilité du modèle au bruit dans l'image (il prend en considération le bruit, « les pixels anormaux », lors de la segmentation), ce qui est un avantage pour la méthode SVM, comme on a déjà vu, on peut choisir au préalable le pourcentage des pixels anormaux pris en considération lors de la classification.

L'algorithme de ce modèle sera implémenté par la méthode des ensembles de niveaux dans le chapitre 5.

## **CHAPITRE 5**

### **APPLICATIONS, RESULTATS ET INTERPRETATIONS**

#### **5.1 Introduction**

L'objectif principal de cette étude est de présenter une méthode adéquate, basée sur la coopération de deux méthodes de segmentation, pour la détection de pathologies cérébrales sur des IRM.

La méthode SVM et le modèle déformable de Ron Kimmel ont été largement étudiés, dans les deux chapitres précédents, afin de les utiliser pour la segmentation des images médicales.

Dans ce chapitre, on se propose de montrer les résultats qui ont été obtenus avec ces deux méthodes, ainsi que les résultats de leur coopération.

#### **5.2 Matériel utilisé**

Les deux méthodes de segmentation présentées précédemment (la méthode SVM et le modèle déformable géodésique de Ron Kimmel) ont été implémentées en utilisant le langage : MATLAB Version 2008b, sous le système d'exploitation Linux distribution Ubuntu 8.10.

Comme l'implémentation des deux méthodes ainsi que leur coopération a été faite sous linux, nous proposons de présenter, dans la partie suivante, le fonctionnement général de ce dernier, en donnant uniquement les bases, pour permettre à un utilisateur Linux de se familiariser à l'utilisation de ce système d'exploitation.

### 5.3 Définition d'un système d'exploitation [61]

Un système d'exploitation (en anglais, **Operating System** ou **OS**) est un ensemble de programmes responsables de :

- La gestion de l'ordinateur et de ses périphériques, il sert donc d'interface entre les applications de l'utilisateur (traitement de texte, jeu vidéo...) et le matériel d'un ordinateur (Processeur, mémoire, disque dur, lecteur de CDROM, écran...) (**Figure 5.1**);



Figure 5.1 Rôle d'un système d'exploitation

- Le développement et l'exécution de programmes d'application.

Exemple de systèmes d'exploitation : Windows, Unix, Linux, MS-DOS...

### 5.4 Introduction au système d'exploitation Linux

Linux est un système d'exploitation inspiré d'Unix [61]. Linus B.Torvalds est à l'origine de ce système d'exploitation. Au début des années 90 (1991), il voulait mettre au point son propre système d'exploitation pour son projet de fin d'études.

#### 5.4.1 Découverte de l'interface Ubuntu

Ubuntu est une distribution Linux lancée en 2004 [61]. Au démarrage, vous devez saisir votre nom d'utilisateur et votre mot de passe afin d'accéder à votre *bureau*.

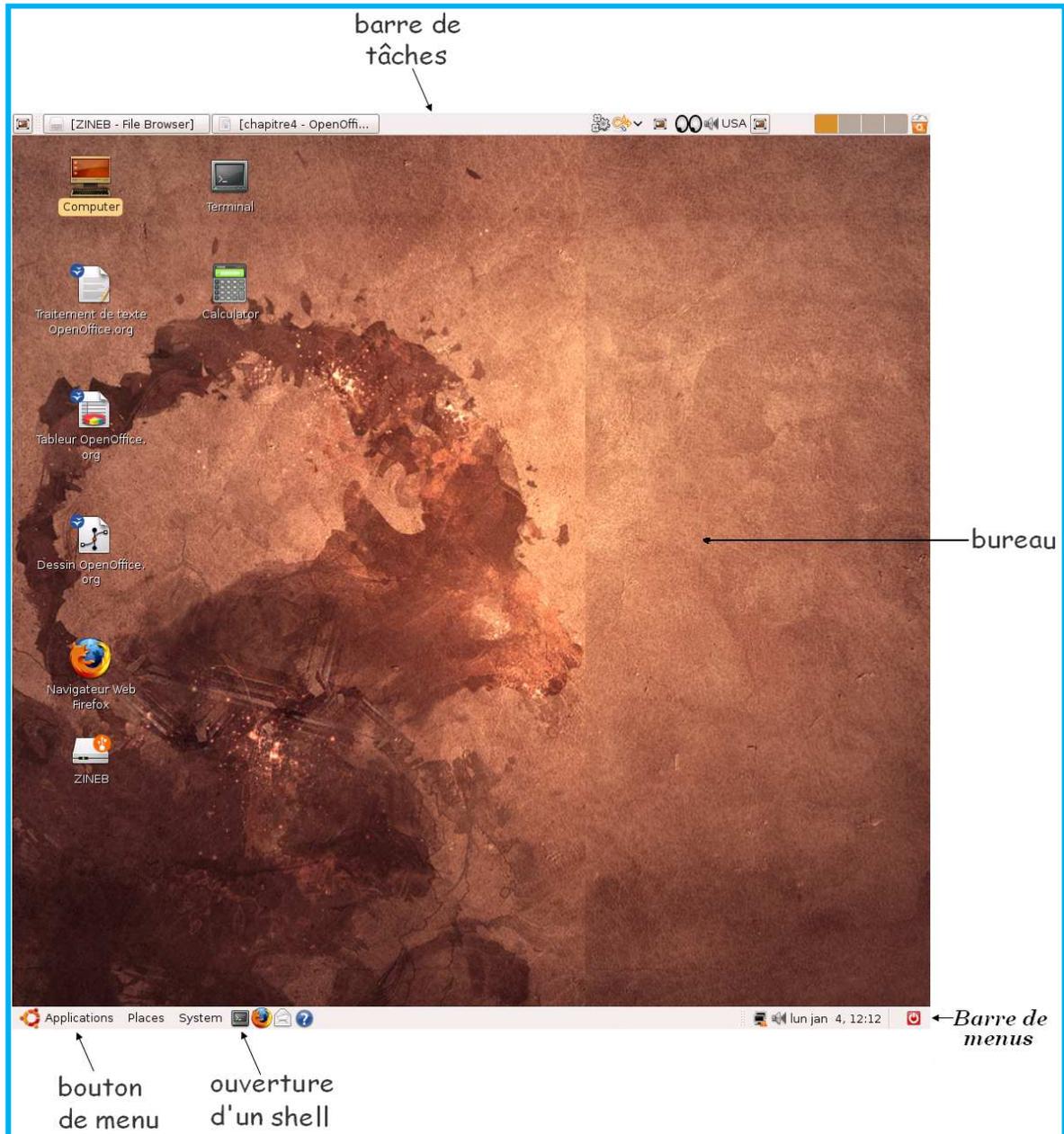


Figure 5.2 L'interface Ubuntu

Le bureau couvre toute l'étendue de l'écran et comprend trois zones principales :

1. La partie inférieure du bureau contient les menus : Applications, Places, System. Celle-ci également permet un accès direct aux applications par des icônes et affiche une horloge.

2. La zone de travail est un endroit commode pour placer des dossiers, des fichiers ou des raccourcis d'applications fréquemment employées pendant une session. En plus de ce que vous rajouterez sur la zone de travail, Ubuntu y ajoute automatiquement les raccourcis des CD, clés USB, et de tous les partages réseau.
3. Le niveau supérieur est configuré par défaut avec le « Bouton d'affichage du bureau », le « Sélecteur d'espaces de travail » et la « Corbeille ». Le reste de la barre sert à afficher les applications ouvertes.

- Le menu Applications

Il contient les programmes, groupés par type dans des sous-menus. Les catégories sont :

Accessoires, Jeux, Graphisme, Internet, Bureautique, Son et Vidéo, Outils système.

- Le menu Places

Il contient une commande pour afficher le Bureau, on y trouve aussi un accès direct aux Documents récents (les 10 derniers accès à des fichiers ou applications). Ce menu permet également de lancer une recherche de fichier.

- Le menu system

Quand vous avez fini d'utiliser l'ordinateur, choisir **System -> Shut Down the computer** pour sortir du système. Si une autre personne souhaite utiliser l'ordinateur, choisissez **Clore la session**, autrement choisissez la commande **Eteindre**. Quand vous fermez la session, vous pouvez choisir de la sauvegarder, ce qui enregistrera les programmes ouverts de sorte que lorsque vous relancerez une session, vous les retrouverez tels qu'ils étaient.

#### 5.4.2 Quelques applications disponibles sous Linux

- ✓ Les applications de Bureautique :  
(Formule, Tableur, Présentation, Traitement de texte) OpenOffice.org...
- ✓ Les outils Graphiques :  
GIMP Image Editor (éditeur d'images bitmap), Dessin OpenOffice.org, F-Spot...
- ✓ Les outils pour internet :  
Firefox, Evolution ...
- ✓ Les applications Multimédia :  
Totem Movie Player (lecteur vidéo), Xine, Amarok, ...

Nous allons présenter par la suite les commandes utilisateur principales de Linux.

#### 5.4.3 Présentation et interprétation de quelques commandes Linux

La ligne de commande est le cœur du système Linux, elle permet de lancer n'importe quelle commande (même un logiciel), à condition de savoir son nom; dans certaines situations son utilisation est inévitable, c'est pourquoi il est particulièrement important d'en connaître un minimum.

Les commandes sont des programmes écrits avec un langage informatique pour résoudre un problème donné. La syntaxe générale des commandes sous Linux est :  
nom\_commande options arguments

- Les options (souvent très nombreuses) sont généralement composées du signe '-' et d'un caractère. Elles modifient, ou précisent, le fonctionnement de la commande (ex. ls -a).
- Certaines commandes utilisent des arguments (ex. nom de fichier).

Les options et les arguments sont séparés par des caractères blancs.

#### 5.4.3.1 Aide sur les commandes

Lorsqu'on connaît une commande mais pas exactement comment l'utiliser, on peut être aidé par :

- \$ man cd[Entrée] : La commande **man** affiche une aide assez complète sur la commande en argument (*cd*).
- \$ cd --help[Entrée] : Par contre cette ligne de commande affiche une aide réduite sur la commande *cd*.

#### 5.4.3.2 Interpréteur de commandes « shell »

Un interpréteur de commandes est un programme qui sert d'intermédiaire entre le système d'exploitation et l'utilisateur, grâce aux lignes de commandes saisies par ce dernier, d'où son nom anglais « shell », qui signifie « coquille » (la coquille qui entoure le "noyau" du système) (**figure 5.3**). Son rôle consiste à lire la ligne de commande, interpréter sa signification, exécuter la commande, puis retourner le résultat sur les sorties.

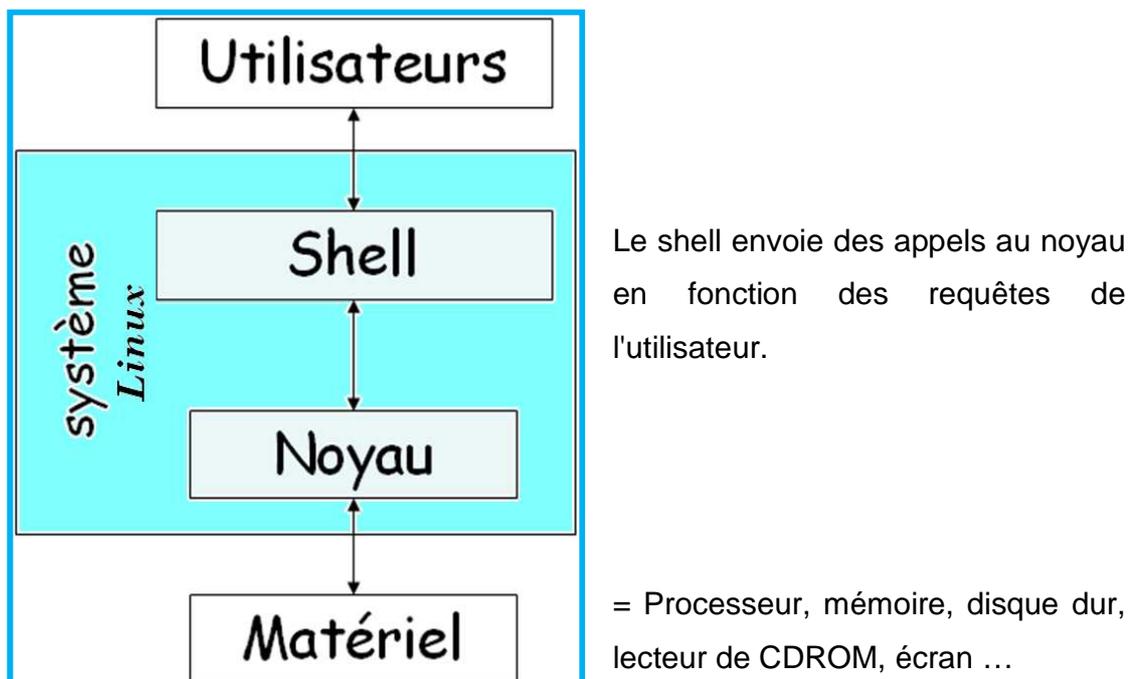


Figure 5.3 Shell du système Linux

- Ouverture du shell :
  - Cliquer sur l'icône représentant le shell.
  - sélectionner « Terminal » à partir du menu Applications --> accessoires.
- A ce point le shell peut recevoir des commandes (**Figure 5.4**):  
Exemples : **date** : affiche la date.  
**ls** : liste les fichiers du répertoire courant.

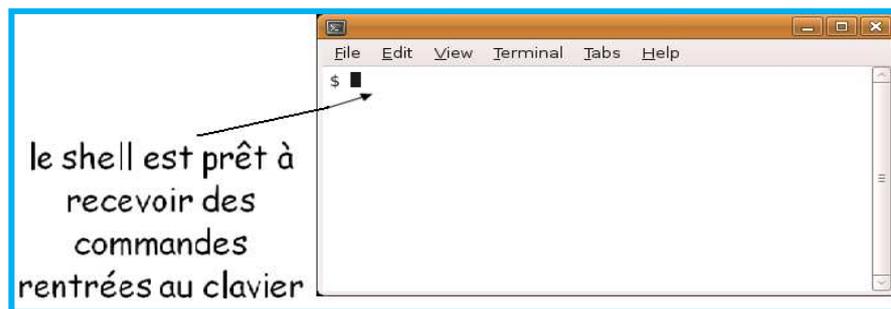


Figure 5.4 L'interpréteur de commandes « shell »

- Fermeture du shell :
  - Commande exit,
  - Commande logout,
  - Ctrl-D.
- Effacement de l'écran du terminal :
  - Commande **clear**.
- <CTRL-U> : efface tout ce qui est à gauche du curseur,
- <CTRL-A> : début de ligne,
- <CTRL-E> : fin de ligne,
- <CTRL-W> : efface le mot à gauche du curseur,
- <Esc B> ou <Alt-B> : recule d'un mot.

Il existe de nombreux shells avec des caractéristiques différentes, dont les plus connus sont : bash, sh, csh, tcsh et ksh [62]. Le plus utilisé s'appelle "bash", il contient des centaines de commandes différentes.

Le but de la partie suivante est la prise en main des commandes de base de l'environnement Linux. Avant de commencer, il faut savoir que Linux est *sensible à la casse*, c'est à dire qu'il distingue les majuscules des minuscules. Pour créer un répertoire, la commande est 'mkdir', ce n'est pas la peine d'essayer MKDIR ou mKdiR, cela ne fonctionnera pas. De même, les noms de fichiers et de répertoires sont également sensibles à la casse. De plus, sous Linux, les chemins sont séparés par des slashes : /etc/init/xfS mais jamais etc\init\xfS.

#### 5.4.3.3 Commandes de manipulation de fichiers

- **ls** – ("LiSt") Lister les noms des fichiers

La commande **ls** (abréviation de list), lorsqu'on la tape au clavier, demande au système d'afficher la liste des noms des fichiers que l'on possède.

\$ ls[Entrée]

La liste des fichiers renvoyée change sa forme suivant l'option choisie :

- \$ ls -l (Long) vous permet d'afficher toutes les informations sur chaque fichier du répertoire en cours.
- \$ ls -d (Directory) Affiche uniquement les répertoires.
- \$ ls -a (All) Liste tous les fichiers du répertoire y compris les fichiers cachés.
- \$ ls -m Affiche les fichiers en les séparant par une virgule.
- \$ ls -t Affiche les fichiers par date de création, en les classant du récent au plus ancien.
- \$ ls -lu Affiche les fichiers par date de dernier accès et indique cette date.
- \$ ls -F Affiche les fichiers par type.
- \$ ls -S Affiche les fichiers triés par ordre de taille décroissante.
- \$ ls -X Affiche les fichiers par type d'extension.
- \$ ls -r Affiche les fichiers en ordre alphabétique inverse.

- `more` - Afficher le contenu d'un fichier

Pour voir le contenu d'un fichier, le plus efficace est d'utiliser la commande **more** qui admet en argument le nom du fichier concerné.

```
$ more Documents/Chapitre.txt[Entrée] : Sur l'écran doit s'afficher le début du fichier
Chapitre.txt.
```

`more` permet quelques commandes pour se déplacer dans le fichier :

[Entrée] - fait apparaître une ligne supplémentaire du fichier.

[Espace] - idem mais par bloc de 24.

[b] - remonte dans le texte.

[q] - arrête l'exécution de `more`.

- `mv` – ("MoVe") Déplacer et renommer un fichier

La commande **mv** permettant de renommer un fichier ou de le déplacer.

```
$ mv Documents/lmg.odg Images/lmg.odg[Entrée] : pour déplacer lmg.odg du répertoire
Documents vers le répertoire Images.
```

```
$ mv Images/lmg.odg Images/lmg2.odg[Entrée] : pour renommer lmg.odg.
```

- `rm` – ("ReMove") Détruire un fichier

La commande **rm** permet d'effacer un fichier. Il y a quelques options, avec l'option **-i**, vous devez confirmer avant de détruire un fichier. Voici un exemple simple:

```
$ rm -i Documents/Chapitre.txt[Entrée]
```

```
rm: remove regular file `Documents/Chapitre.txt'? y
```

```
$
```

Donc répondre `y` ("`yes`") pour confirmer que vous voulez bien détruire le fichier, tout autre caractère sera pris comme un refus de détruire le fichier. L'option **-r** qui permet de détruire un répertoire qui contient des fichiers et d'autres répertoires. Par exemple, si l'on a un répertoire `'test'` qui contient des fichiers, on fera ceci:

```
$ rm -r Documents/test
```

```
$
```

Si l'on n'avait pas utilisé **-r**, on aurait eu le message d'erreur suivant:

```
$ rm Documents/test
```

```
rm: cannot remove `Documents/test' Is a directory
```

- find - Chercher un fichier

La commande **find** permet de chercher des fichiers.

\$ find /home -name 'ch\*'[Entrée] : pour trouver tous les fichiers commençant par 'ch' et afficher leur chemin. Voici le résultat :

hom/Documents/chapitre4.pdf

hom/Documents/chapitre4.doc

- grep - Recherche dans un fichier

La commande **grep** permet de rechercher toutes les lignes du fichier contenant l'expression recherchée.

\$ grep linux Documents/Chapitre4.txt[Entrée] (linux est l'expression recherchée).

#### 5.4.3.4 Commandes associées aux répertoires

- pwd – ("Print Working Directory") Connaître le répertoire courant

A force de se déplacer dans l'arborescence on fini par ne plus savoir où l'on est. Pour cela on utilise la commande **pwd** qui donne la référence du répertoire de travail.

\$ pwd[Entrée]

- cd – ("Change Directory") Changement de répertoire

Pour changer le répertoire de travail on dispose de la commande **cd**.

\$ cd /media/ZINEB[Entrée] : pour changer le répertoire de travail

\$ pwd[Entrée] : pour afficher le répertoire courant

\$ /media/ZINEB

\$ cd[Entrée] : pour revenir au répertoire précédent

- mkdir – ("MaKe DIRectory") Création de répertoire

Les répertoires sont un moyen très utile pour classer les fichiers, pour en créer on utilise la commande **mkdir**.

\$ mkdir TP[Entrée]

- `rmdir` – ("ReMove DIRectory") Destruction de répertoire

La commande **rmdir** permet de détruire un répertoire à condition que son contenu soit vide.

```
$ rmdir TP[Entrée]
```

```
$
```

Si le répertoire n'est pas vide, la ligne de commande précédente indiquera le message "Directory not empty". Voici un exemple:

```
$ rmdir toto[Entrée]
```

```
rmdir: failed to remove 'toto': Directory not empty
```

```
$
```

Pour être en mesure de détruire ce répertoire, il faut effacer tous les fichiers et répertoires qu'il contient. Si l'on ne veut pas détruire chaque fichier et répertoire, on peut utiliser la commande **rm** avec l'option **-r**.

```
$ rm -r toto[Entrée]
```

```
$
```

Vous pouvez aussi lancer des applications, e.g. **gimp** à partir de la ligne de commande suivante :

```
$ gimp[Entrée] : La fenêtre de gimp apparait et elle peut être utilisée comme si elle a démarrée à partir du menu. Par contre, le terminal qui nous a servi pour lancer cette application est bloqué. Cela est dû à la configuration par défaut, qui nécessite la fin de chaque commande avant de lancer une nouvelle. La fin de la commande "gimp" sera la fermeture de cette application.
```

Pour plus d'informations sur ce système d'exploitation voir [62].

### 5.5 Base de données

Les deux algorithmes de segmentation, dont on a expliqué le principe dans les deux chapitres précédents, ont été testés sur deux types d'images : des images synthétiques et des images IRM du cerveau humain avec les deux pondérations T1 et T2. Les images IRM sont fournies par deux sources :

- des images téléchargées d'un site Internet qui contient un atlas complet des images IRM : (<http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb/>),
- des clichés numérisés d'une clinique d'imagerie médicale sur des patients présentant différents types d'anomalies.

Nous allons donc présenter et commenter les différents résultats obtenus sur les deux types d'images.

### 5.6 Interface utilisateur

Il est nécessaire de fournir à l'utilisateur un outil permettant de visualiser les images résultats obtenues par la segmentation décrite dans les chapitres précédents. Pour cela, une interface utilisateur a été développée. Nous allons donc tout d'abord présenter brièvement cette interface.

**Segmentation d'IRM par MD et SVM** est le nom du logiciel résultat de ce projet (**Figure 5.5**).

L'interface doit permettre à l'utilisateur, un médecin, d'effectuer la segmentation développée décrite au cours de cette thèse, elle doit aussi permettre de visualiser les images obtenues. Afin d'obtenir une interface simple et intuitive, on peut donc distinguer sur l'interface des menus et des barres d'outils permettant à l'utilisateur de réaliser les traitements désirés. Les icônes présentées dans la barre d'outils sous la barre de menu correspondent à différentes actions.

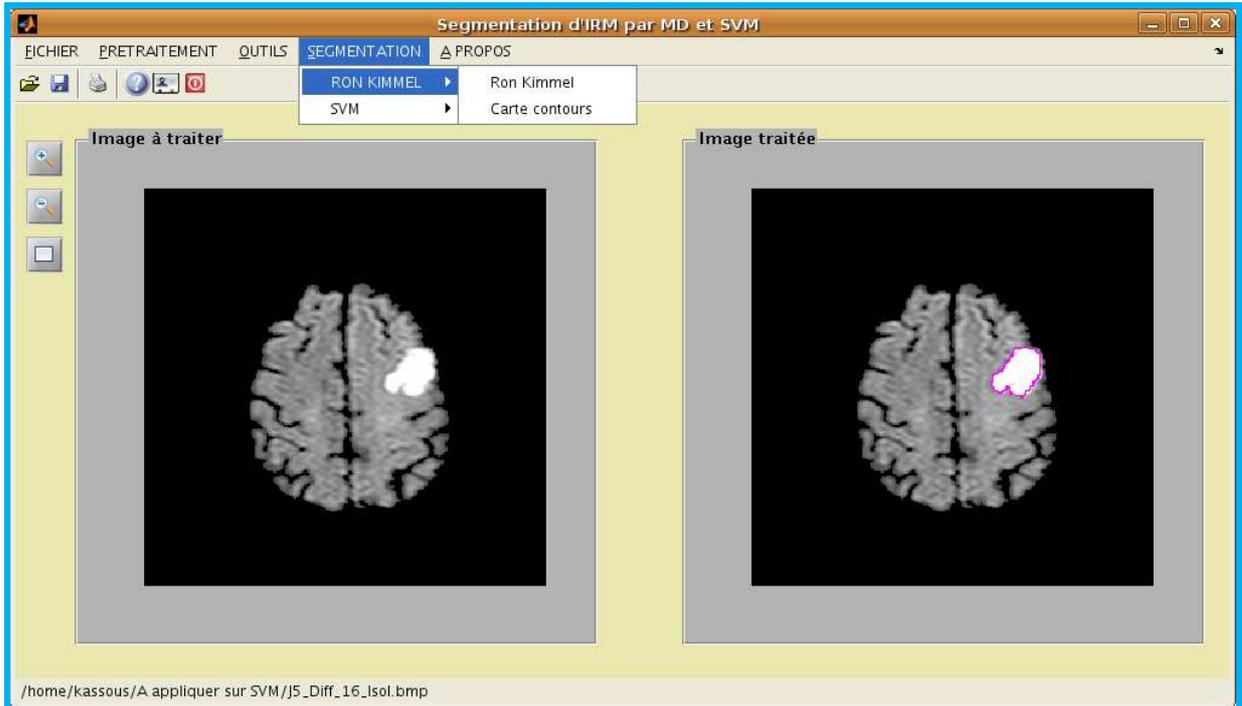


Figure 5.5 Fenêtre principale du logiciel

Un autre aspect spécifique de cette interface graphique utilisateur est la présence d'une seconde barre d'outils sur la gauche de la fenêtre. On y trouve des outils permettant la sélection d'une zone de l'image. De plus, il est possible de réaliser un zoom avant ou arrière sur une quelconque image.

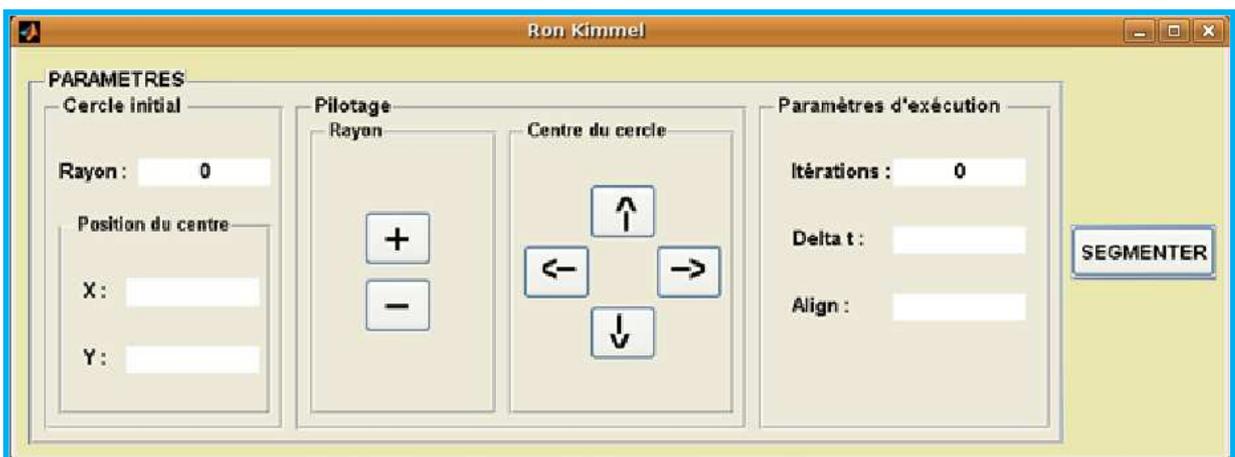


Figure 5.6 Palette du choix des paramètres du modèle de Ron Kimmel

Cette palette permet à l'utilisateur de :

- Piloter le rayon : permet d'augmenter ou de diminuer le rayon du cercle initial.
- Piloter le centre du cercle initial : permet de déplacer le centre du cercle dans les quatre directions.
- Choisir le nombre d'itérations de la segmentation.
- Choisir le pas du temps.
- Choisir le coefficient d'alignement avant de commencer la segmentation de l'image.

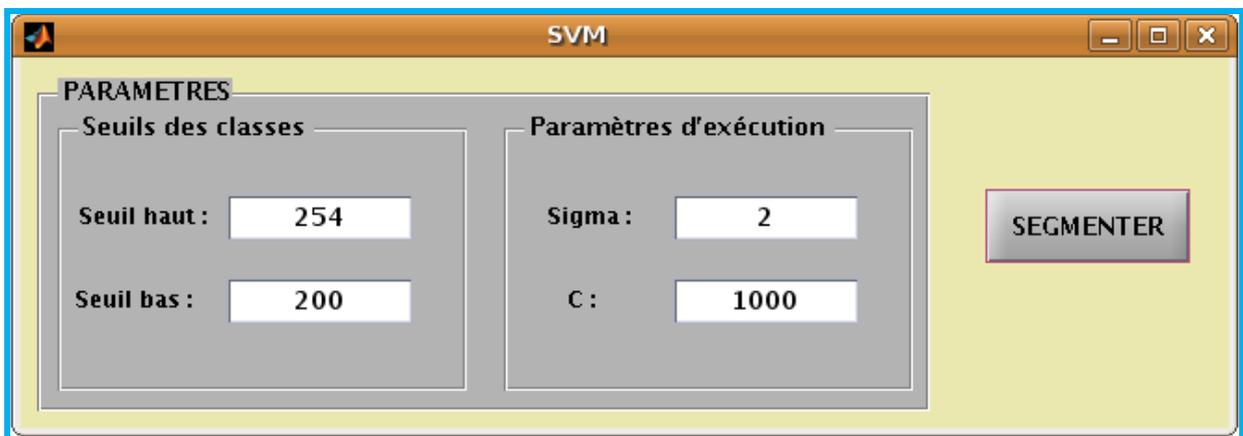


Figure 5.7 Palette du choix des paramètres de la méthode SVM

Cette palette permet à l'utilisateur de :

- Fixer les deux seuils pour distinguer les deux classes (Rq : lorsqu'on fait une coopération les deux seuils sont déterminés automatiquement d'après la carte contours du modèle de Ron Kimmel).
- Choisir le paramètre  $C$ .
- Choisir le paramètre noyau, sigma.

Dans la section suivante, on va présenter l'implémentation des deux méthodes, en commençant par la méthode SVM.

### 5.7 Implémentation de la méthode SVM

La méthode retenue a été testée tout d'abord sur des ensembles de points et sur une image synthétique afin de s'assurer de son bon fonctionnement.

### 5.7.1 Validation de SVM sur un ensemble fini de points

Dans un premier temps, on a créé une petite interface (**Figure 5.8**) par le langage Matlab pour vérifier l'efficacité de la classification par la méthode SVM, en appliquant cette dernière pour séparer deux ensembles différents de pts (**10 à 15 points**).

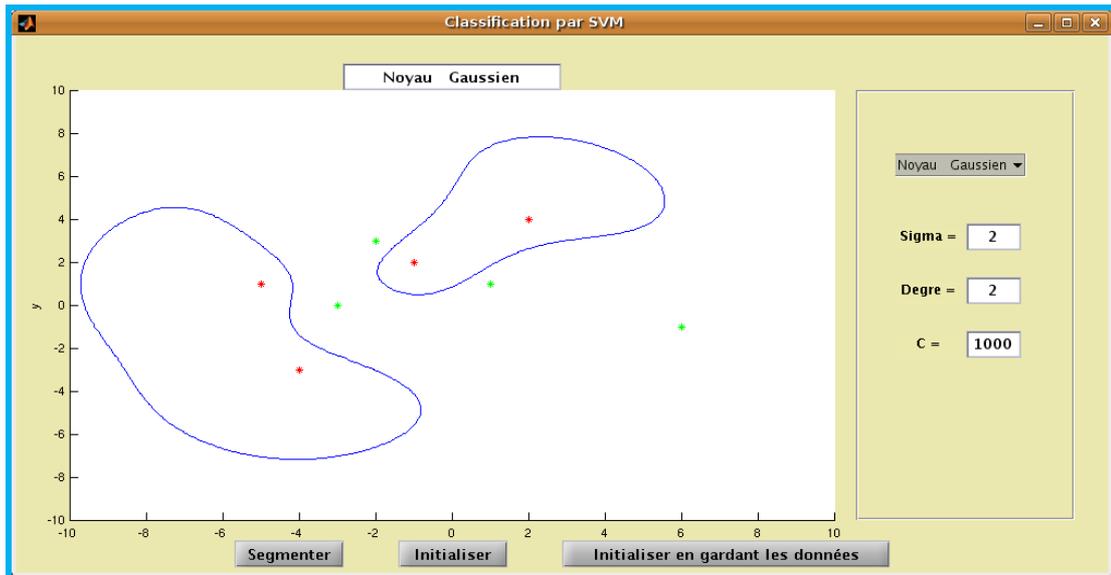
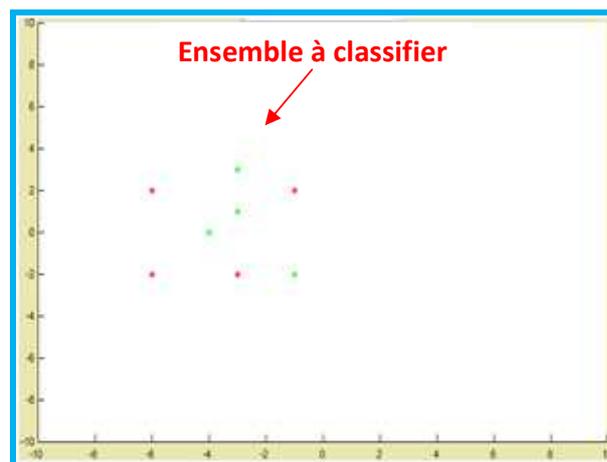


Figure 5.8 Interface pour la classification de données de type points

#### 5.7.1.1 Intérêt des fonctions noyau



Ensemble de pts à classifier

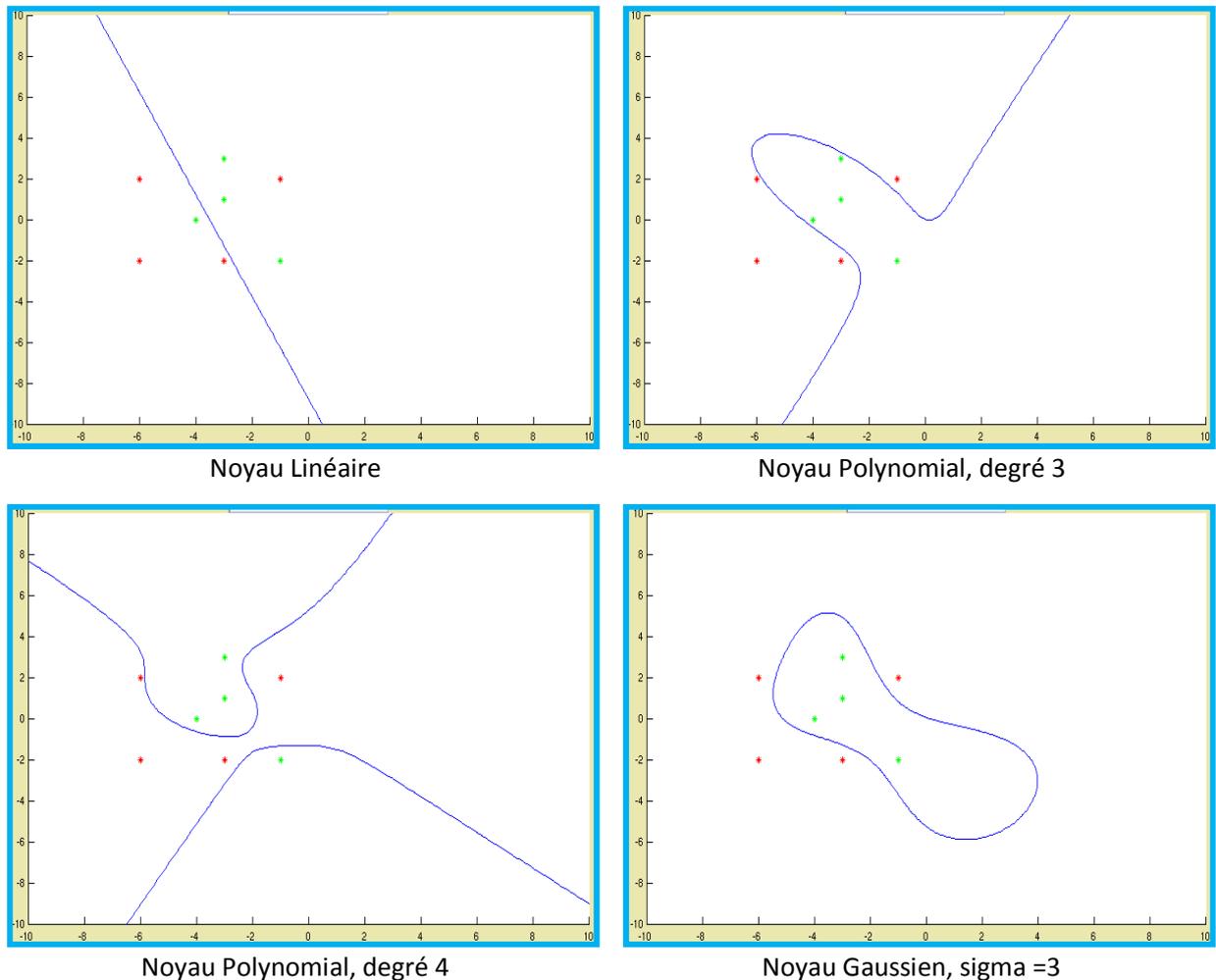


Figure 5.9 Application de SVM à deux ensembles de points avec des noyaux différents  
**C = 1000**

D'après cette figure, on remarque que pour le même ensemble de points, on obtient des frontières séparatrices différentes en utilisant des noyaux différents (*Linéaire*, *Polynomial*, *Gaussien*), et avec des paramètres noyau différents (*La largeur* pour un noyau gaussien, *le degré* pour un noyau polynomial).

En général, on remarque que la frontière séparatrice obtenue en utilisant le noyau *Gaussien* regroupe les données dans des paquets nets et entoure les points de l'une des deux classes mieux que celle obtenue par le noyau *Polynomial*.

### 5.7.1.2 Intérêt du paramètre C

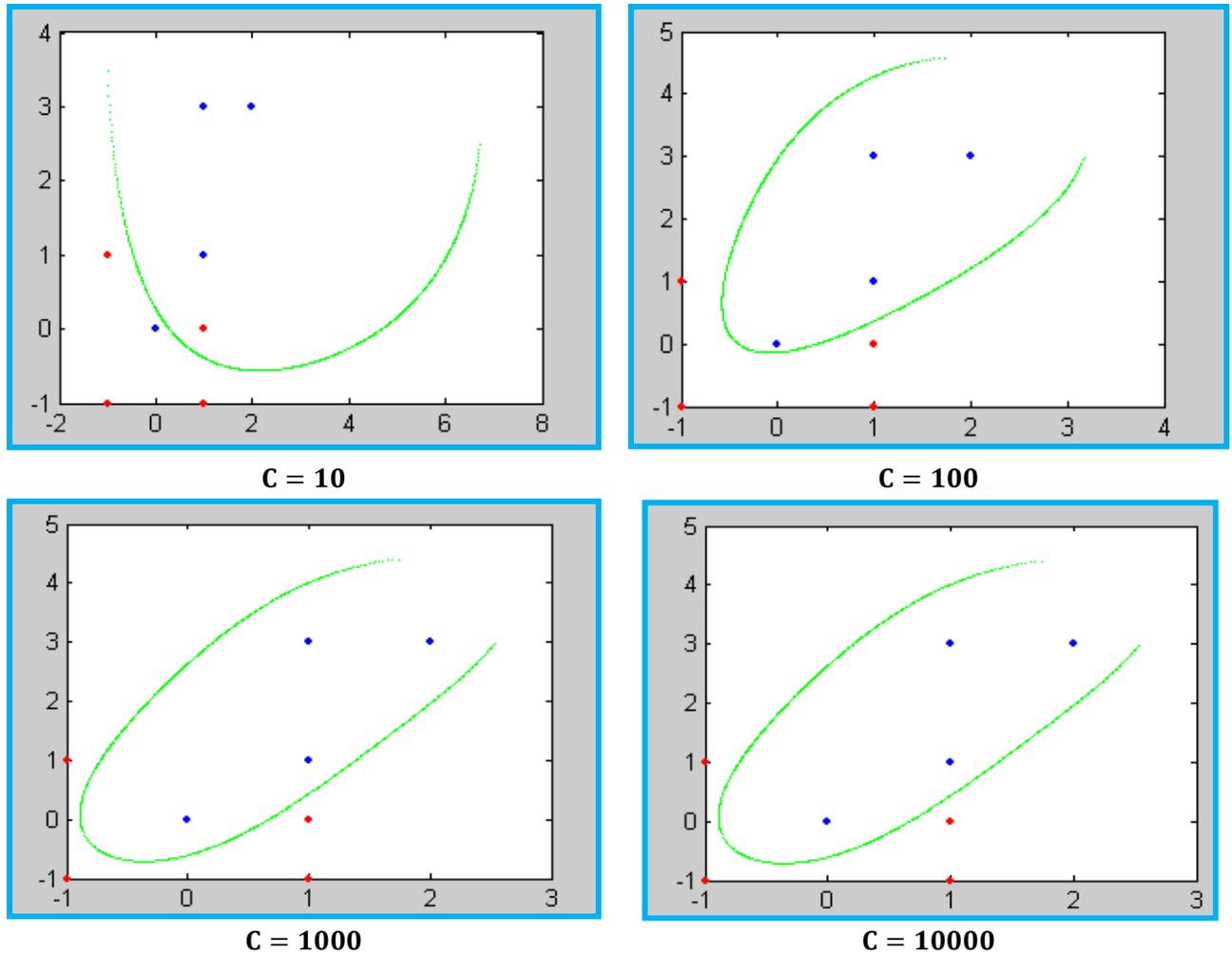


Figure 5.10 Intérêt du paramètre C, (Noyau Gaussien avec  $\sigma=3$ )

D'après cette figure, on remarque que lorsque  $C = 10$  il y a des points mal classés, lorsque  $C = 100$  les points deviennent bien classés, lorsqu'on augmente le paramètre  $C = 1000$  les points reste bien classés.

On peut dire donc que le paramètre C contrôle le compromis entre erreurs de classification (pts mal classés) et marge maximale (C grand, pts bien classés avec petite marge, C petit, quelques pts mal classés avec marge maximale).

Dans la partie suivante, nous allons présenter les résultats de classification pour des images synthétiques et réelles afin d'appliquer et tester notre algorithme.

### 5.7.2 Validation de SVM sur des images synthétiques

L'image que nous avons générée est une image synthétique d'une taille  $256 \times 256$  contenant plusieurs objets de niveaux de gris différents :

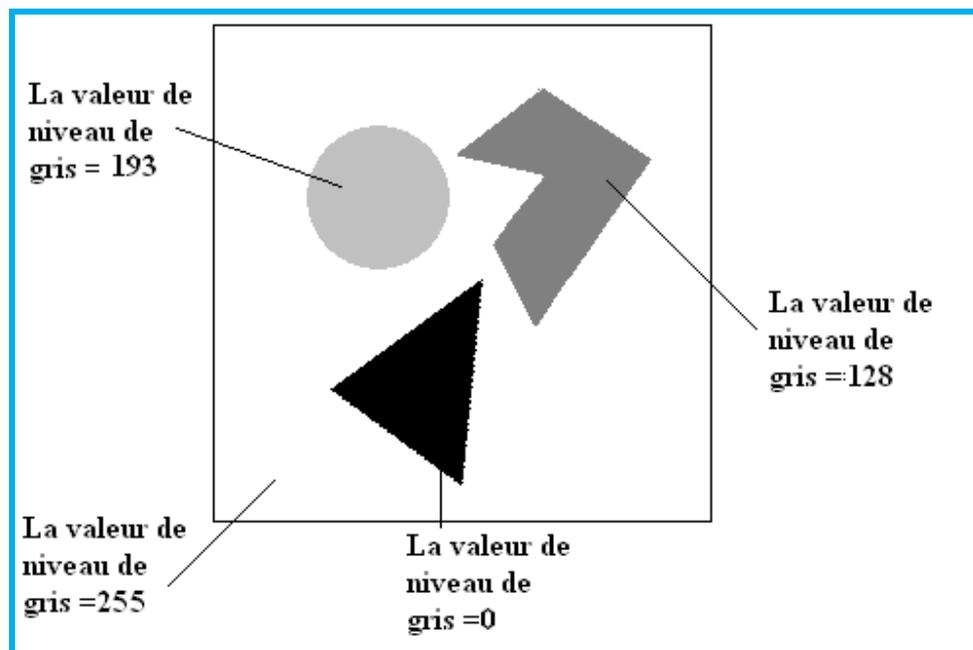


Figure 5.11 Image synthétique de test

Les étapes à suivre pour aboutir à l'image résultat segmentée sont organisées de la manière suivante :

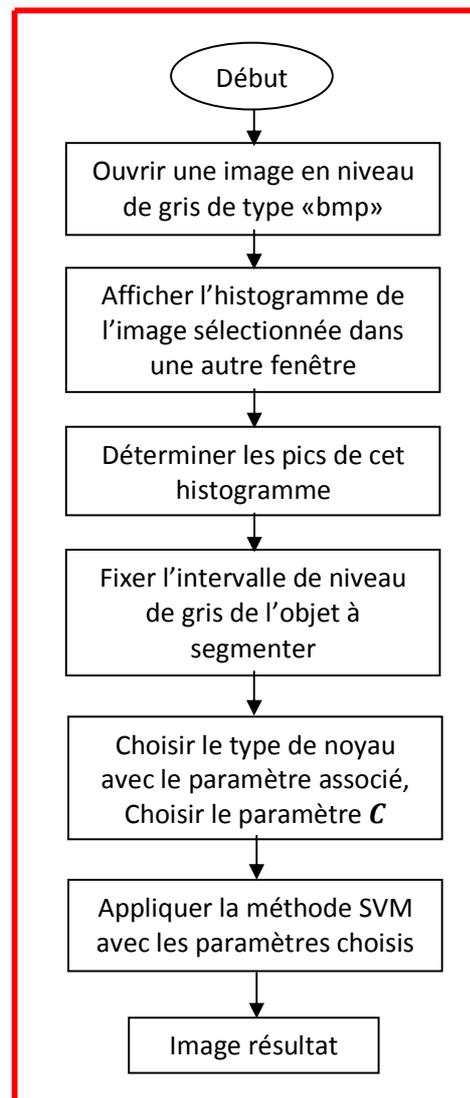


Figure 5.12 Organigramme de la méthode SVM

Les résultats de la classification par SVM sont comme suit:

### 5.7.2.1 Détection de plusieurs objets

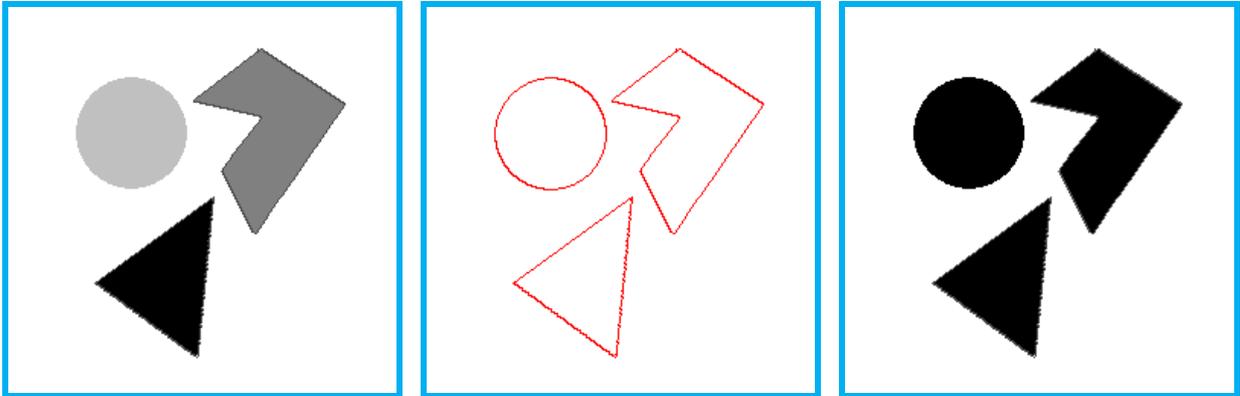


Image à segmenter

Frontières séparatrices

Image segmentée par SVM

Figure 5.13 Classification de plusieurs objets par SVM, (Noyau gaussien = 4 )

Ces résultats nous ont permis de vérifier l'avantage de la classification par SVM pour détecter plusieurs objets.

D'après cette figure, on peut dire qu'en utilisant la méthode SVM, on peut détecter les frontières des régions comme on peut détecter les régions. A partir de la frontière séparatrice on regroupe les pixels en deux régions pour faire apparaître les pixels représentant l'objet à segmenter et le fond.

### 5.7.2.2 Détection d'un seul objet

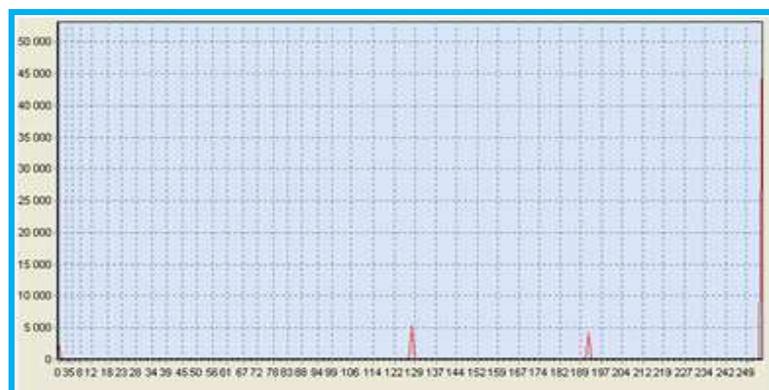
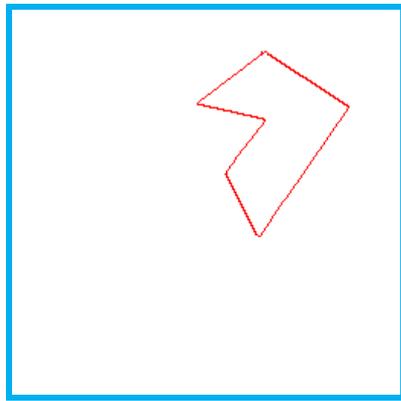


Figure 5.14 Histogramme de l'image de test

Afin de montrer la possibilité de SVM à extraire un seul objet on fixe l'intervalle de niveau de gris entre [125, 130] (donc les pixels qui ont un niveau de gris compris entre [125, 130] représentent la première classe, les autres représentent la deuxième).



Frontière séparatrice obtenue par SVM

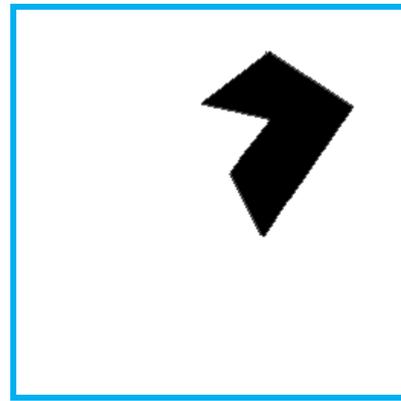


Image segmentée par SVM

Figure 5.15 Détection d'un objet par SVM

### 5.7.2.3 Traitement de données bruitées

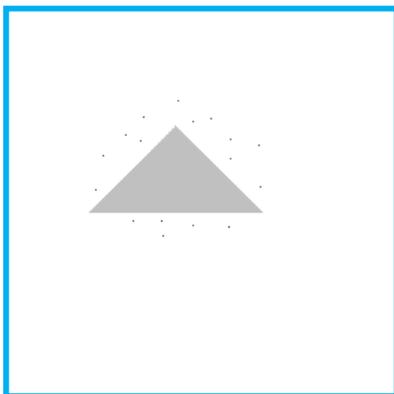


Image à segmenter

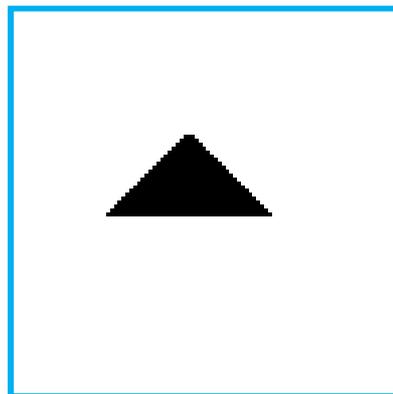


Image segmentée par SVM

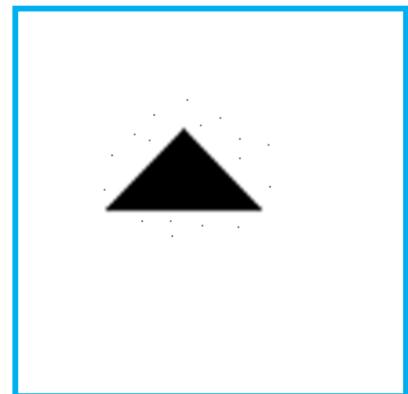
**C = 10**

Image segmentée par SVM

**C = 100**

Figure 5.16 Segmentation par SVM d'une image synthétique bruitée

Ces résultats montrent que l'image à segmenter contient des pixels indésirables (représentant du bruit) que l'on peut ignorer (pour C petit) ou que l'on peut prendre en considération lors de la classification (pour C grand).

### 5.7.3 Validation de SVM sur des images réelles du cerveau

L'image que nous avons choisi est une image IRM d'une coupe axiale dans le cerveau de taille  $256 \times 256$  :

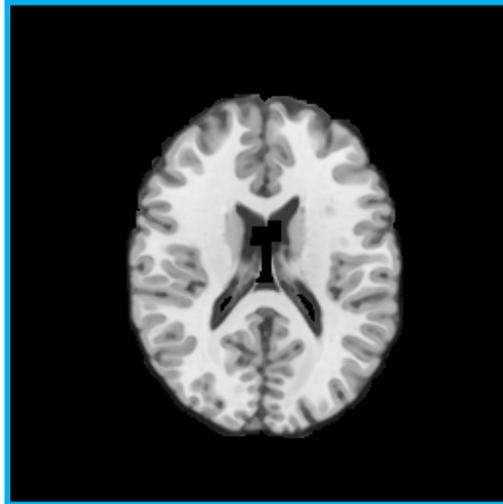


Figure 5.17 Image IRM d'une coupe dans le cerveau

Les résultats de la classification par SVM sont comme suit :

#### 5.7.3.1 Segmentation des tissus cérébraux

La figure suivante représente les résultats de classification par SVM afin de détecter la MB et la MG.

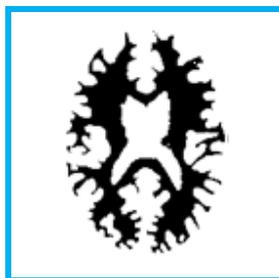


Image segmentée par SVM



Image segmentée par SVM

Figure 5.18 Détection de la MB et MG, (Noyau gaussien,  $\sigma = 4$ )

### 5.7.3.2 Détection de pathologies [AVC (Accident Vasculaire Cérébrale) et tumeurs cérébrales]

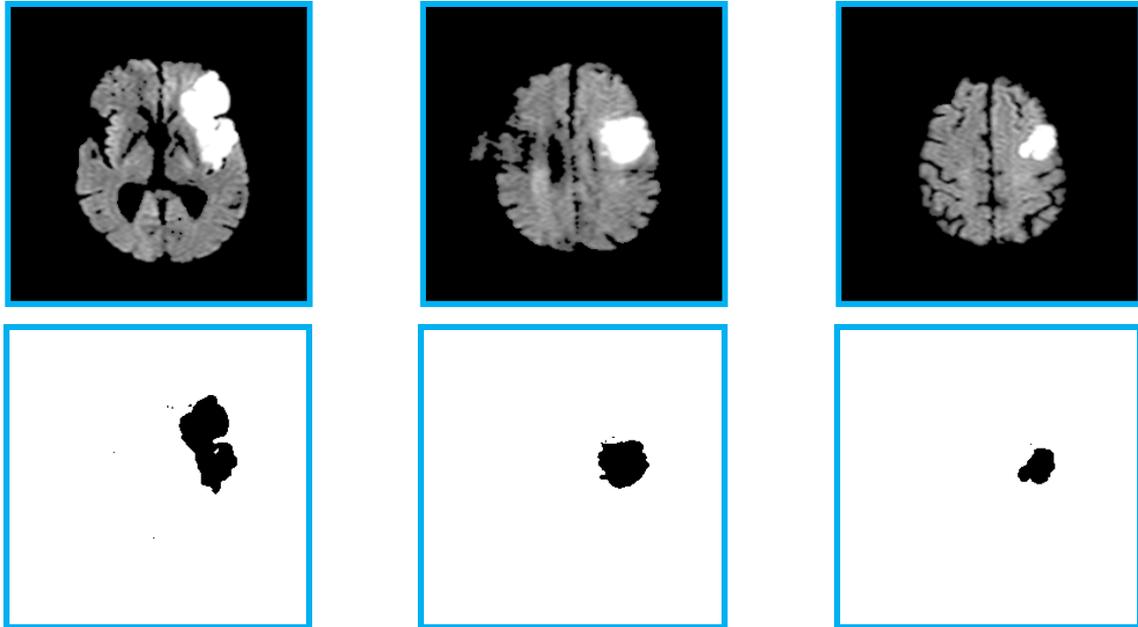


Figure 5.19 Détection d'AVC par SVM

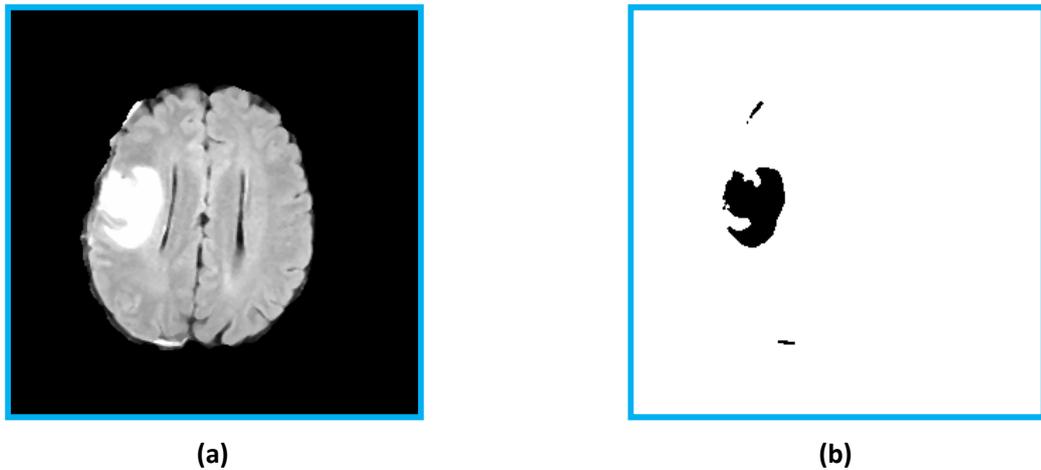


Figure 5.20 Détection d'une tumeur par SVM

**(a)** Image prétraitée d'une coupe axiale pondérée en T1 **(b)** Tumeur extraite

D'après ces deux figures on remarque que la méthode SVM détecte simultanément tous les objets similaires de l'image c.à.d la pathologie et d'autres parties (qui ont le même intervalle de niveau de gris que la pathologie).

#### 5.7.4 Avantages et inconvénients de SVM

A l'issue de ces résultats on peut dire que la méthode SVM, et grâce à sa transformation des données vers un espace de dimension supérieure :

- Permet de séparer des tissus cérébraux (MB, MG), et de détecter des pathologies cérébrales (AVC, Tumeurs).
- Fait la classification de données avec moins de paramètres à fixer par l'utilisateur contrairement à d'autres méthodes comme la méthode de réseaux de neurones.

D'autre part, elle souffre de quelques problèmes, les plus importants étant :

- La nécessité de faire appel à d'autres méthodes pour déterminer les seuils.
- La détection simultanée de tous les objets similaires de l'image (qui ont le même intervalle de niveau de gris) (**Figure 5.21**).



Figure 5.21 Détection simultanée de tous les objets similaires de l'image

#### 5.8 Implémentation du modèle déformable de Ron Kimmel

Pour étudier les performances du modèle de Ron Kimmel, on donnera tout d'abord une validation de ce dernier sur des images synthétiques, puis sur des images réelles.

### 5.8.1 Validation sur des images synthétiques

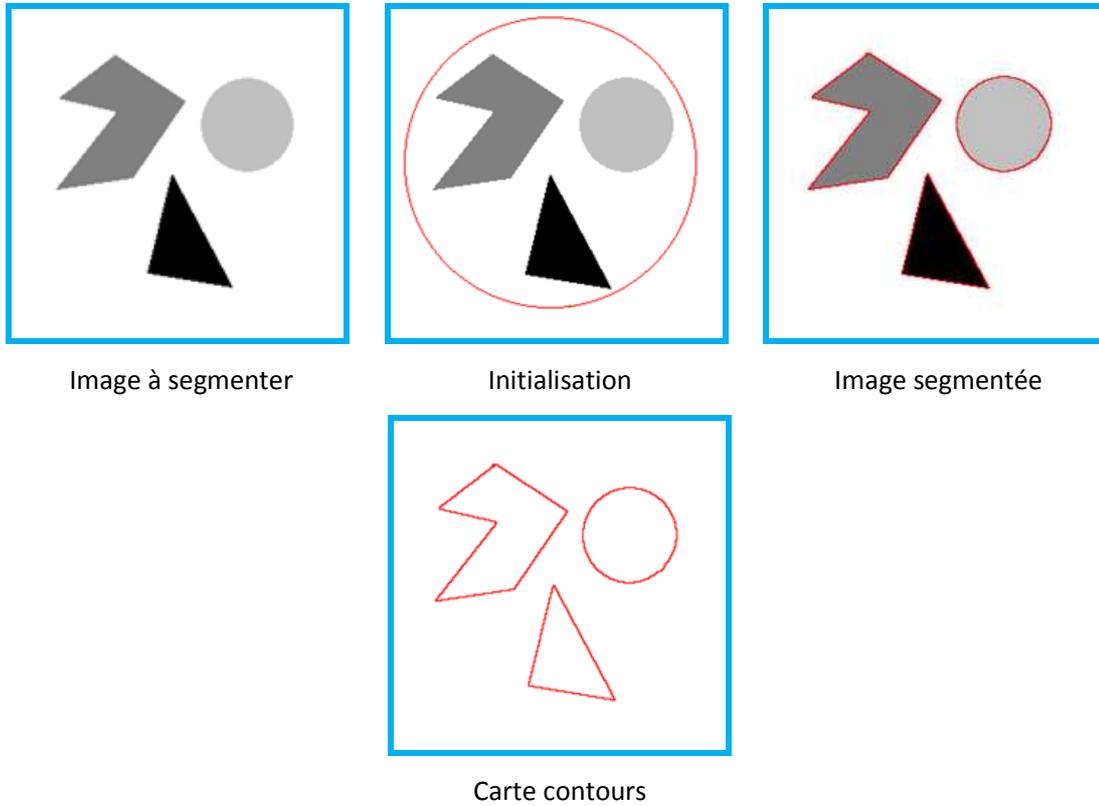
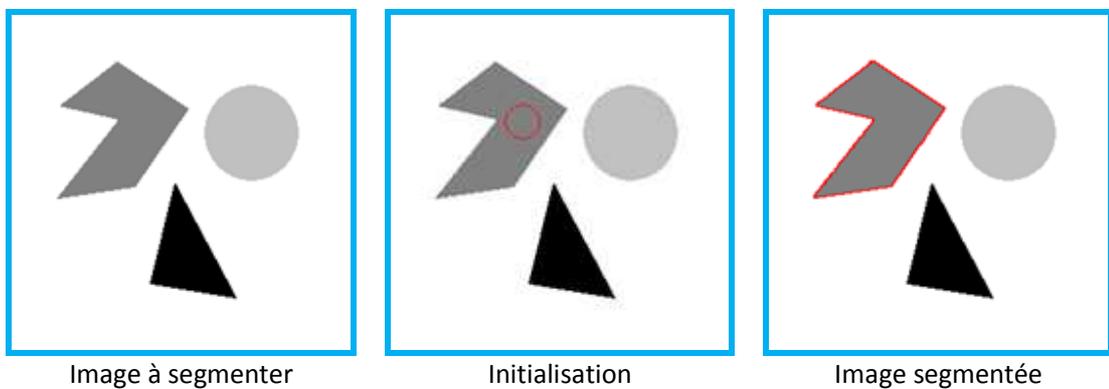
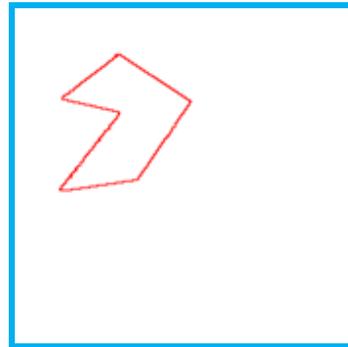


Figure 5.22 Segmentation de plusieurs objets par le modèle déformable de Ron Kimmel

D'après les résultats obtenus ci-dessus, on remarque bien que le modèle de Ron Kimmel s'adapte très facilement aux changements topologiques (détection de plusieurs objets à partir d'un seul contour initial).





Carte contours

Figure 5.23 Segmentation d'un seul objet par le modèle déformable de Ron Kimmel

Cet exemple montre la possibilité du modèle à extraire un seul objet bien précis dans l'image; pour cela nous initialisons le contour dans l'objet que l'on souhaite extraire.

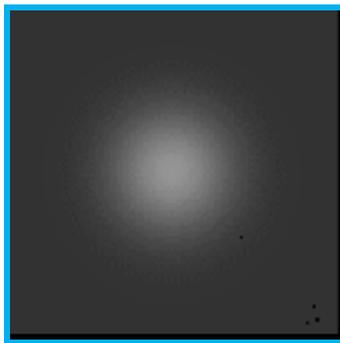


Image originale (astre)

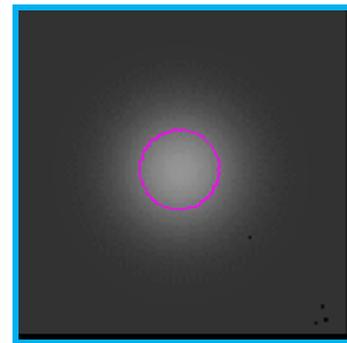


Image segmentée

Figure 5.24 Segmentation d'un objet flou par le modèle déformable de Ron Kimmel

Dans cet exemple, nous montrons le comportement du modèle lorsque l'image comporte un objet dont les contours ne sont pas précis (plutôt flou), on remarque qu'on obtient des contours réguliers et fermés.

#### 5.8.1.1 Traitement de données bruitées

Pour étudier les performances du modèle de Ron Kimmel, nous appliquons l'algorithme établi à une image synthétique particulière, cette image contenant des pixels indésirables, des taches blanches, représentant du bruit.

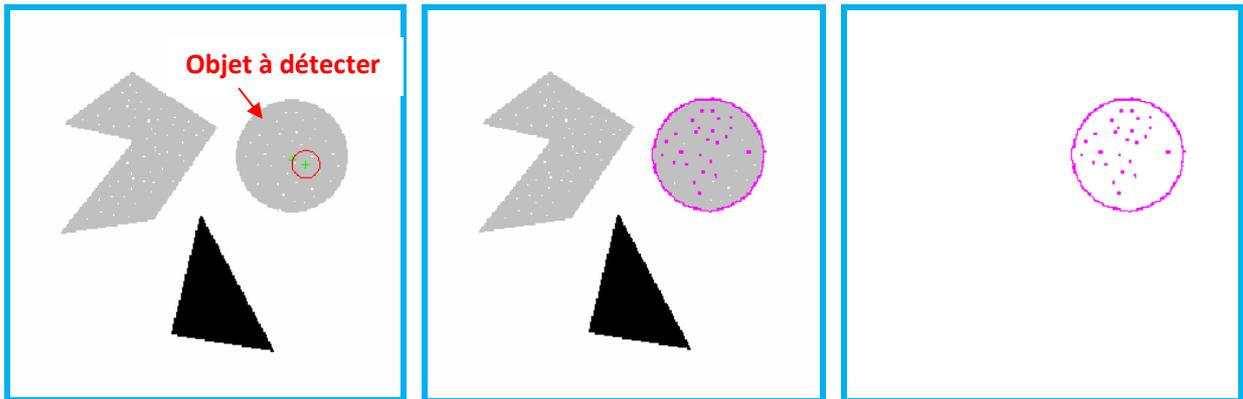


Figure 5.25 Segmentation par le modèle de Ron Kimmel d'une image synthétique bruitée

On remarque que, l'image à segmenter comporte des pixels indésirables et que le modèle de Ron Kimmel a pris ce bruit en considération lors de la segmentation, donc il est indispensable de passer par l'étape du prétraitement dans ce cas.

## 5.8.2 Validation sur des images réelles

### 5.8.2.1 Détection de pathologies : AVC (Accident Vasculaire Cérébrale) et tumeurs cérébrales

Les images à segmenter choisies sont des images médicales particulières. Ces images représentent des coupes axiales du cerveau pondérées en  $T_1$  et en  $T_2$  présentant des AVC et des tumeurs et enregistrées par le biais d'un imageur IRM.

Nous appliquons aux images le modèle de Ron Kimmel décrit précédemment dans le but d'extraire le contour de la pathologie existante. La courbe  $C$  initiale utilisée dans notre cas est un cercle de faible diamètre appliqué à proximité de la pathologie comme illustré sur les **figures 5.26** et **5.27**.

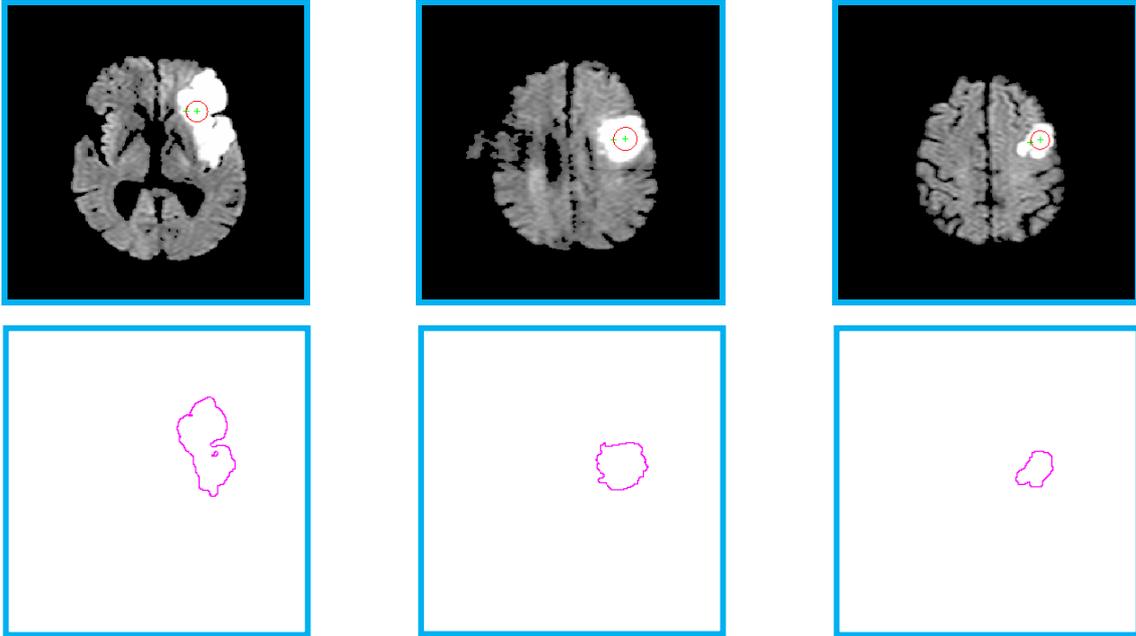


Figure 5.26 Détection d'AVC par le modèle de Ron Kimmel



Coupe axiale en  $T_1$  (Image prétraitée)



Coupe axiale en  $T_2$  (Image non prétraitée)

Figure 5.27 Détection de tumeurs par le modèle de Ron Kimmel

Nous avons testé l'algorithme de Ron Kimmel sur des images IRM cérébrales; les résultats obtenus ont montré que le contour actif épouse progressivement la forme de la pathologie. Donc nous avons prouvé la convergence et l'efficacité de ce modèle pour la détection d'anomalies de type (AVC, tumeur) que peuvent avoir les images IRM.

### 5.8.3 Avantages et inconvénients du modèle de Ron Kimmel

A l'issue de ces résultats on peut dire que le modèle de Ron Kimmel,

- permet de gérer automatiquement les changements de topologie, comme la fusion et la division d'un seul contour pour la détection de plusieurs objets en même temps.
- Offre toujours des contours fermés.
- Détection des objets dont les contours ne sont pas déterminés (exemple de l'astre)
- Permet d'extraire un seul objet bien précis dans l'image, ce qui est un inconvénient pour la méthode SVM, la détection simultanée de tous les objets similaires de l'image.

Cependant

- Il est sensible au bruit, ce qui est un avantage pour la méthode SVM, comme on l'a déjà vu, on peut choisir au préalable le pourcentage des pixels anormaux pris en considération lors de la classification.

L'ensemble de ces remarques montre bien qu'il est difficile d'aboutir à un résultat satisfaisant en appliquant une seule méthode.

La méthodologie adoptée dans ce travail tend à tirer un meilleur profit de la complémentarité et de la dualité qui existent entre ces deux méthodes.

### 5.9 Principe de notre coopération

La méthode SVM, et comme toutes les méthodes de classification, nécessite avant d'être appliquée à l'image de fixer les deux seuils de niveau de gris de l'objet à détecter. La détermination des deux seuils d'après les pics de l'histogramme est possible seulement si les contrastes entre les structures d'intérêt sont suffisamment marqués, malheureusement cette condition n'est pas toujours vérifiée surtout pour les images IRM qui présentent des pathologies de type tumeur, c'est pour cela qu'on a pensé à la coopérer séquentiellement avec le modèle déformable de Ron Kimmel (**Figure 2.28**).

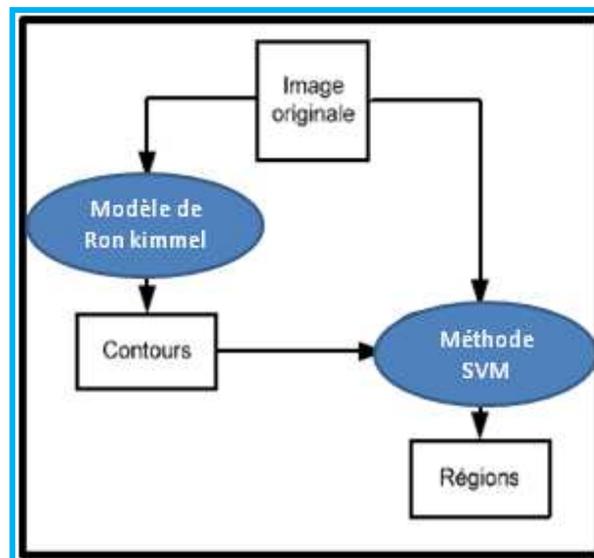
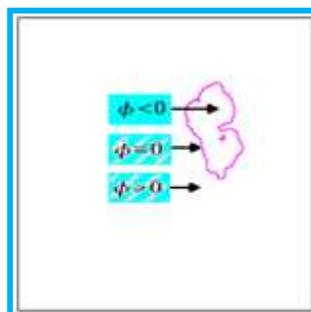


Figure 5.28 Schéma synoptique de notre approche coopérative

L'idée de base de notre coopération consiste à faire en premier lieu une détection de contours, de l'image originale, par le modèle déformable de Ron Kimmel pour extraire l'objet d'intérêt.



La carte contours obtenue par le modèle déformable de Ron Kimmel est utilisée par la suite comme une contrainte et une référence, permettant de définir les paramètres nécessaires à l'extraction de régions par la méthode SVM « séparateur à vaste marge » (**Figure 5.29**).

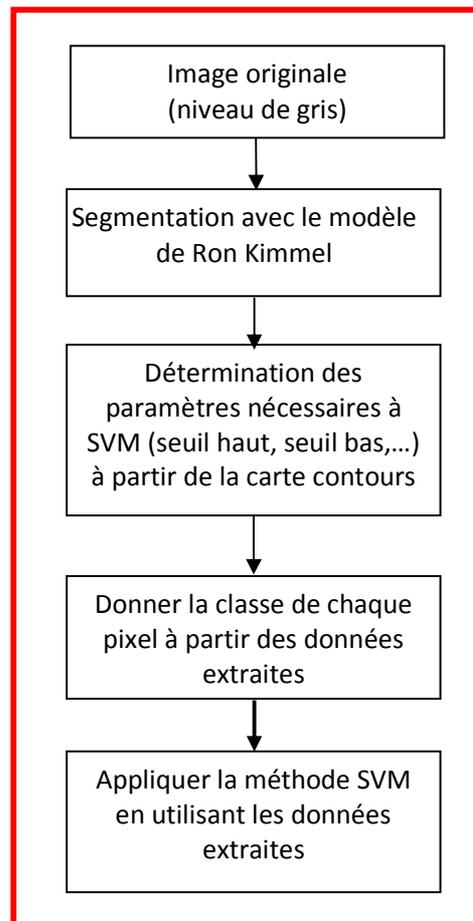


Figure 5.29 Organigramme de notre coopération

#### 5.10 Résultats de la coopération

L'algorithme de la coopération présenté précédemment a été testé sur des images synthétiques (**Figure 5.30**), puis sur des images IRM du cerveau afin de détecter d'éventuelles pathologies (**Figure 5.31**).

### 5.10.1 Validation sur des images synthétiques

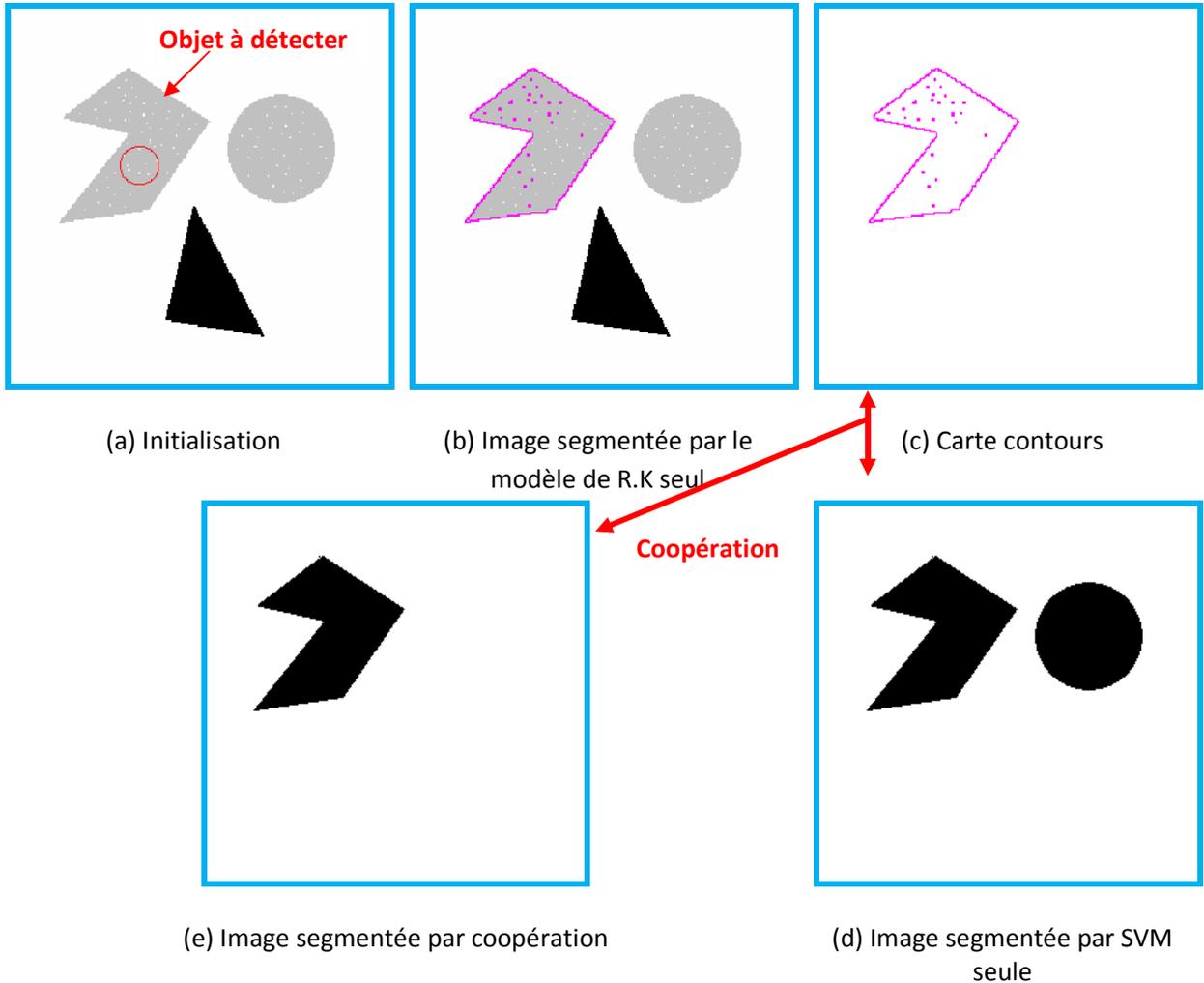


Figure 5.30 Segmentation d'un seul objet par coopération : SVM - Ron Kimmel

On remarque que, l'image à segmenter (image (a)) comporte des pixels indésirables et que le modèle de Ron Kimmel a pris ce bruit en considération lors de la segmentation (image (c)), la méthode SVM (image (d)) détecte simultanément tous les objets similaires de l'image, après coopération (image (e)) on détecte que l'objet voulu et sans bruit.

### 5.10.2 Validation sur des images réelles

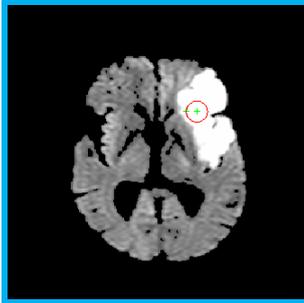


Image A

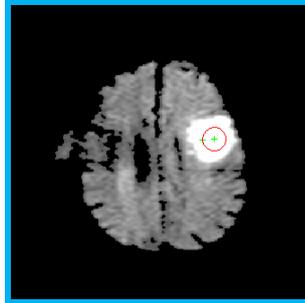


Image B

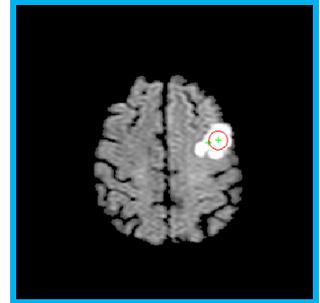
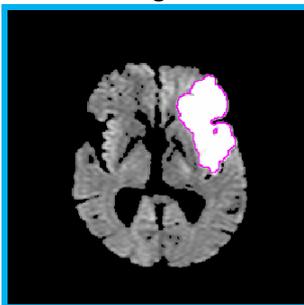
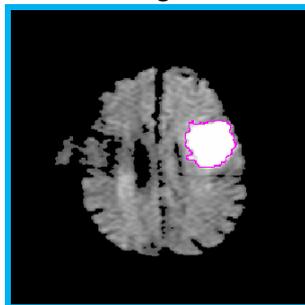
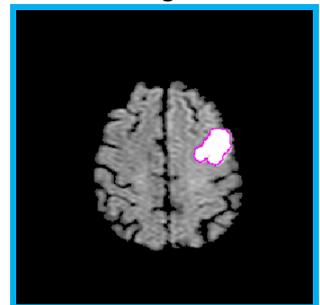
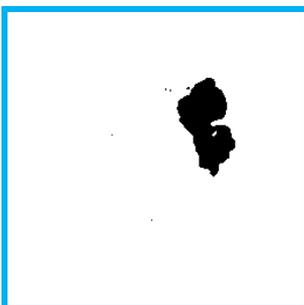
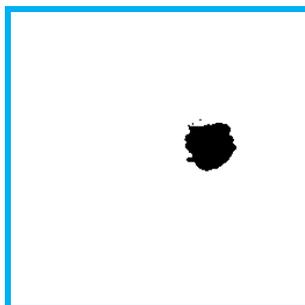
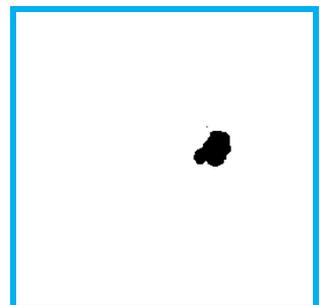
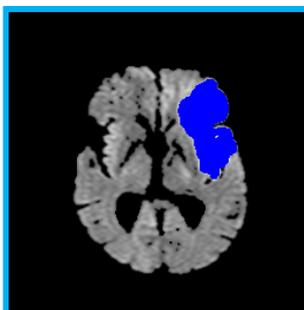
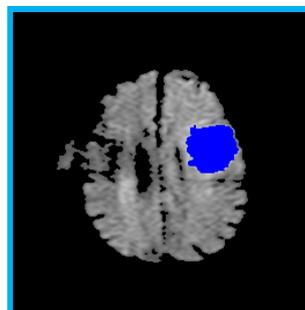
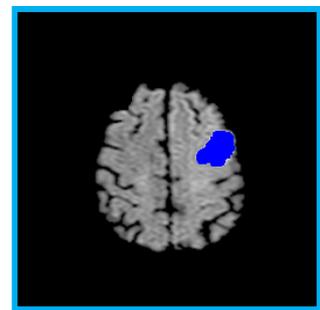
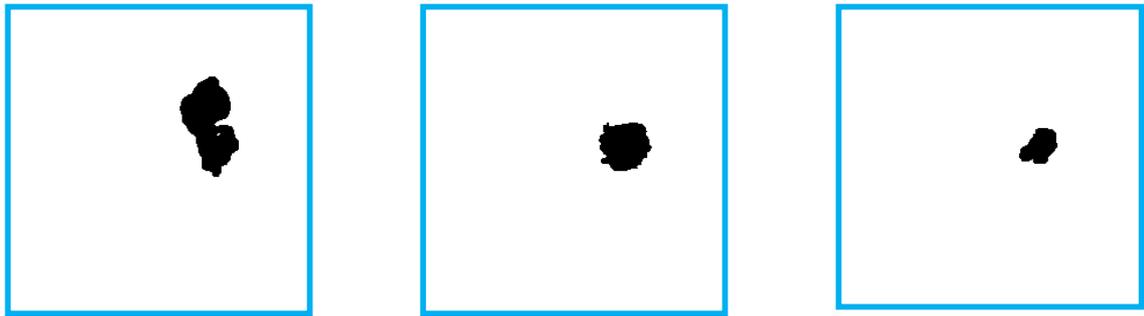


Image C

Image A segmentée par modèle  
de R.K seulImage B segmentée par modèle  
de R.K seulImage C segmentée par modèle  
de R.K seulImage A segmentée par SVM  
seuleImage B segmentée par SVM  
seuleImage C segmentée par SVM  
seuleImage A segmentée par modèle  
de R.K et SVMImage B segmentée par modèle  
de R.K et SVMImage C segmentée par modèle  
de R.K et SVM



AVC de l'image A détecté par  
modèle de R.K et SVM

AVC de l'image B détecté par  
modèle de R.K et SVM

AVC de l'image C détecté  
modèle de R.K et SVM

Figure 5.31 Détection d'AVC par coopération de SVM - modèle de Ron Kimmel

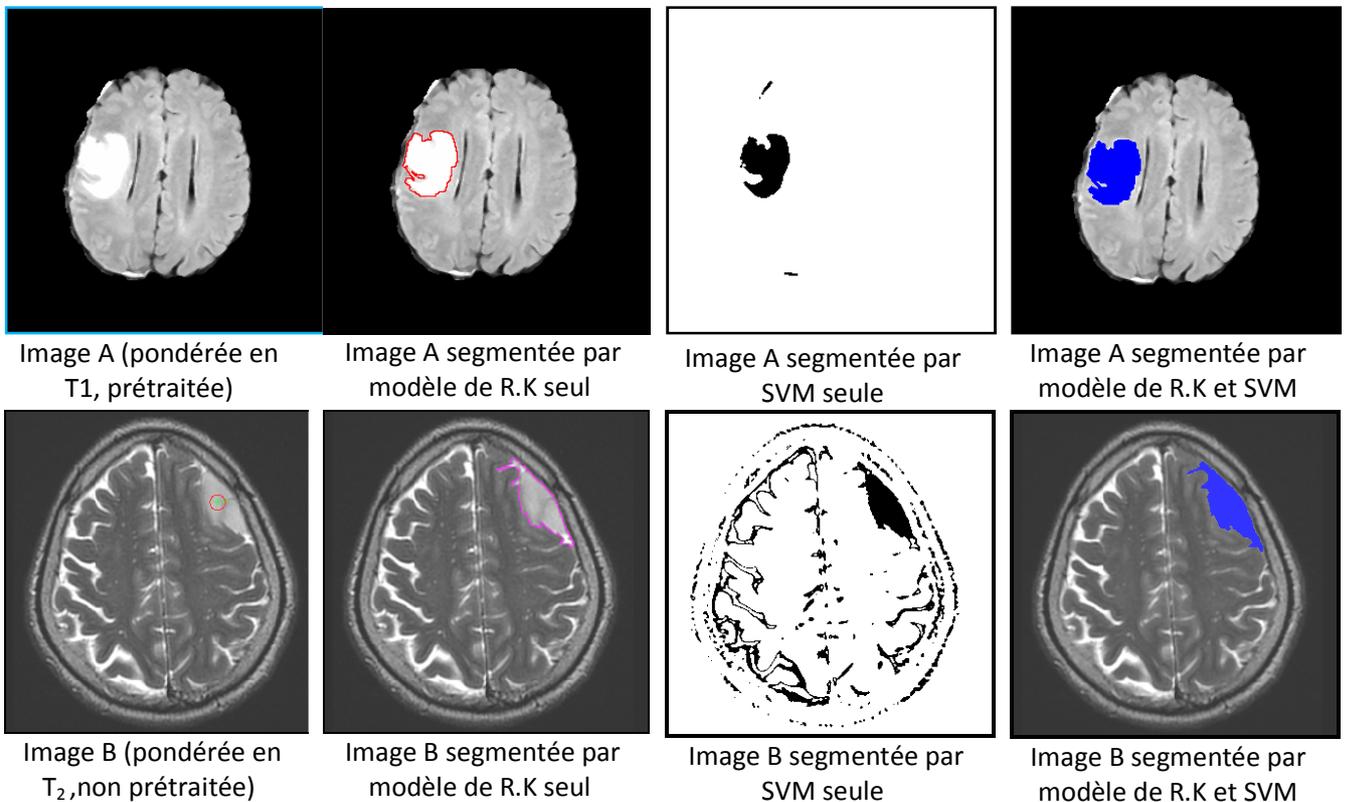


Image A (pondérée en  
 $T_1$ , prétraitée)

Image A segmentée par  
modèle de R.K seul

Image A segmentée par  
SVM seule

Image A segmentée par  
modèle de R.K et SVM

Image B (pondérée en  
 $T_2$ , non prétraitée)

Image B segmentée par  
modèle de R.K seul

Image B segmentée par  
SVM seule

Image B segmentée par  
modèle de R.K et SVM

Figure 5.32 Détection de tumeurs par coopération de SVM – modèle de Ron Kimmel

On remarque que, la méthode SVM détecte simultanément tous les objets similaires de l'image, pour l'image B (pondérée en  $T_2$ , non prétraitée) elle détecte la tumeur avec quelques parties du LCR et du crâne (qui ont le même niveau de gris) après coopération on détecte bien **la partie active de la tumeur**.

D'après les résultats obtenus, la coopération entre la méthode SVM et le modèle de Ron Kimmel donne des résultats satisfaisants pour la détection de pathologies cérébrales. La comparaison suivante montre l'intérêt de cette coopération.

### 5.11 Comparaison avant-après coopération

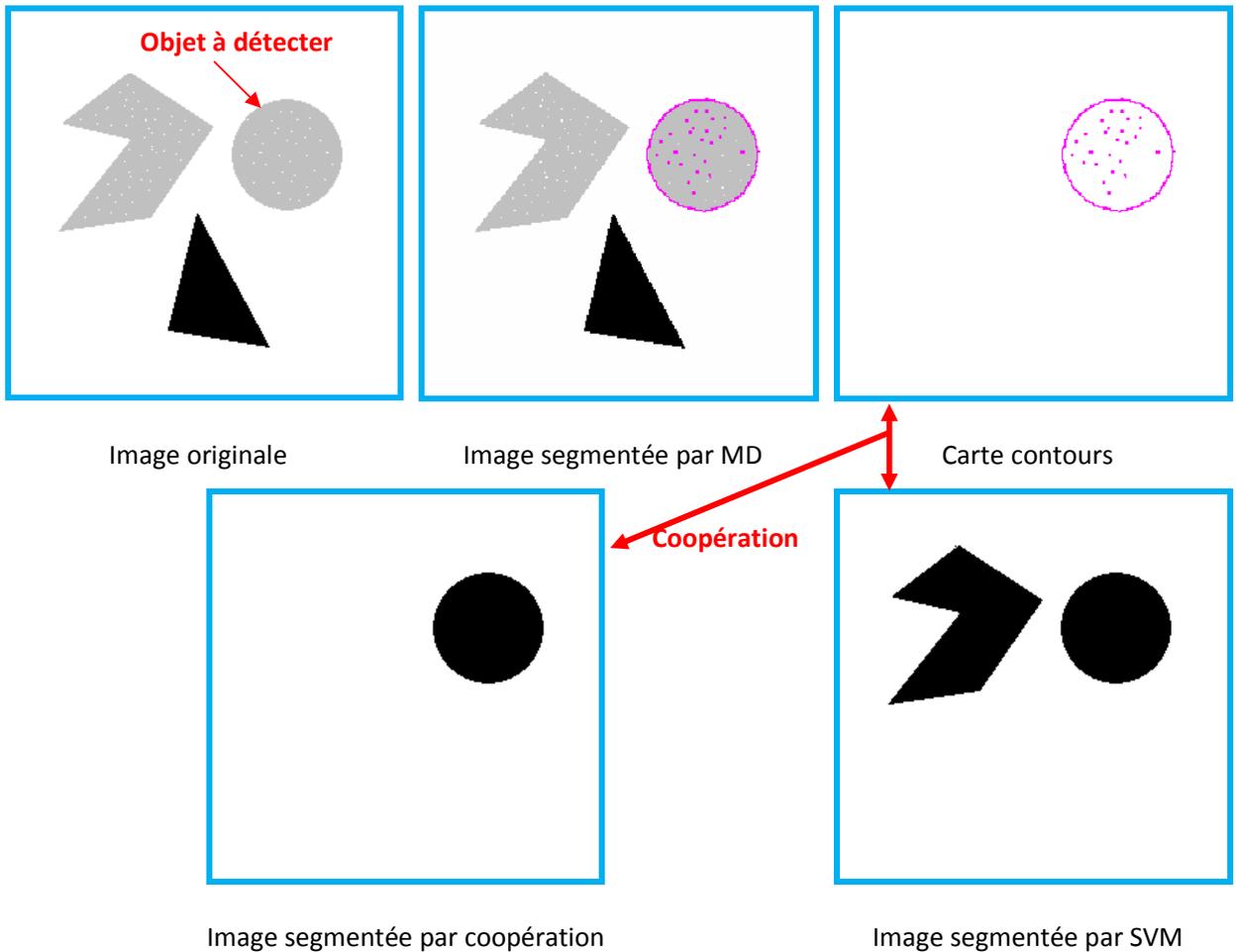


Figure 5.33 comparaison avant-après coopération (Image synthétique)

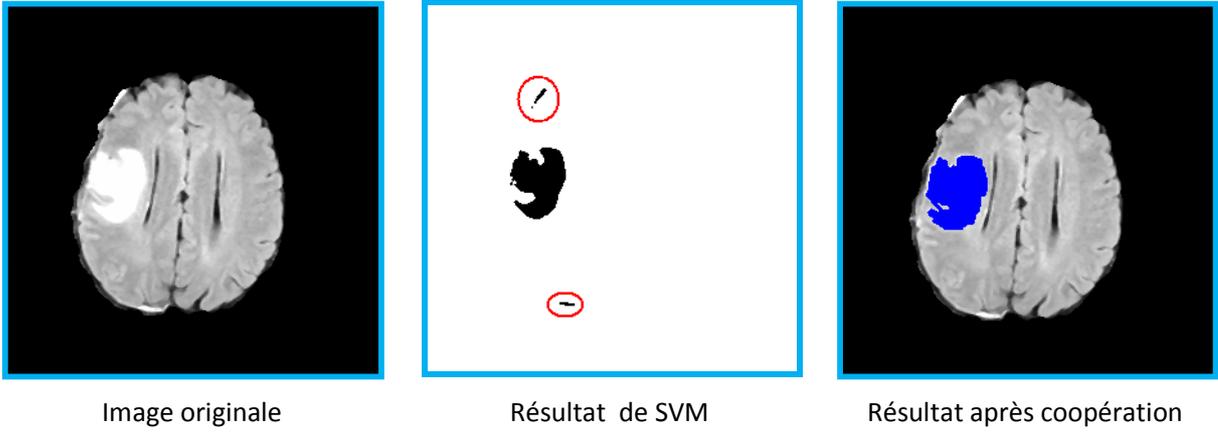
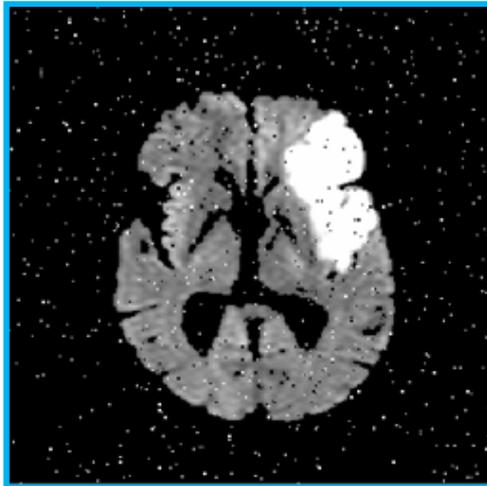
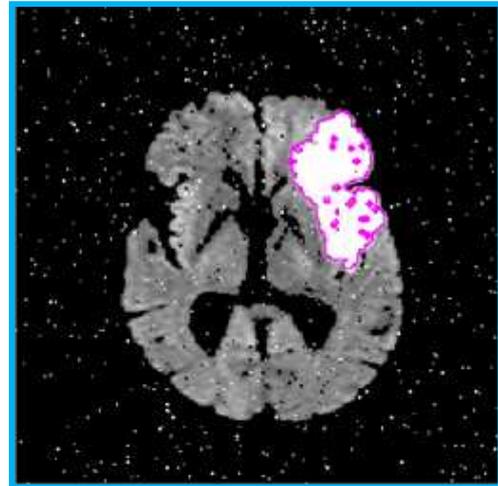


Image originale

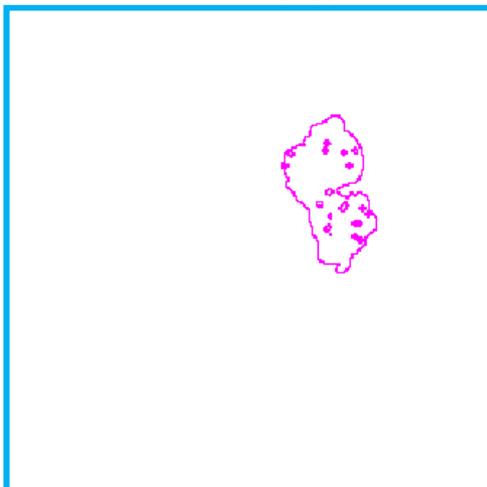
Résultat de SVM

Résultat après coopération

Figure 5.34 Comparaison avant-après coopération (Image IRM)

(a) : Image bruitée à segmenter  
bruit : « salt & pepper »

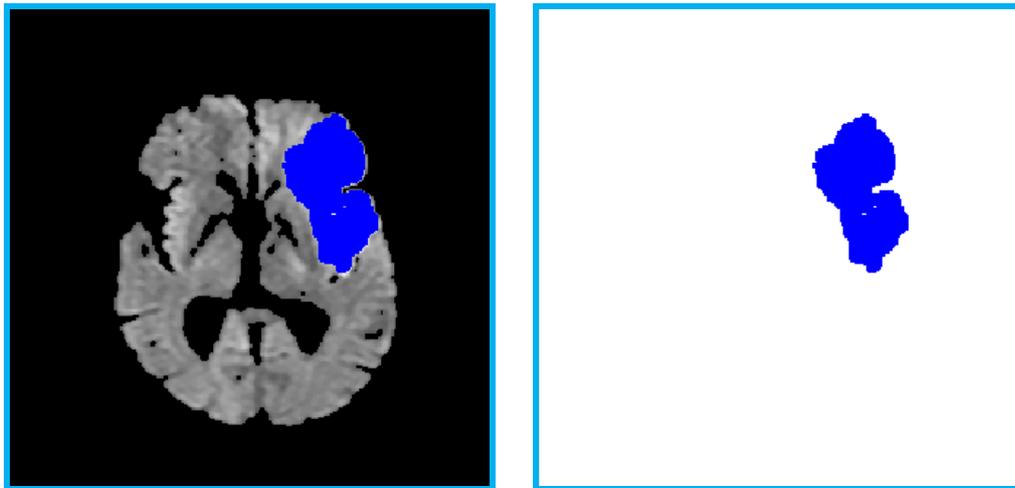
(b) : Image (a) segmentée par MD seul



c : Carte contour de l'image (b)



d : Image (a) segmentée par SVM seule



e : Image (a) segmentée par coopération MD-SVM

f : AVC isolé par coopération MD-SVM

Figure 5.35 Comparaison avant-après coopération (Image IRM)

Le bruit « salt & pepper » utilisé ici consiste à mettre, aléatoirement, plusieurs pixels aux valeurs **255** ou **0** (valeurs extrêmes de l'intervalle des niveaux de gris). Ce type de bruit **impulsionnel** peut apparaître par numérisation d'une image ou au cours d'une transmission.

On remarque, d'après l'image c, que le bruit « salt & pepper » était pris en considération lors de la segmentation, et on distingue encore nettement les grains dans l'image résultat. On remarque aussi que ce bruit impulsionnel est visiblement réduit après coopération de MD-SVM.

A l'issue de tous ces résultats, Nous pouvons dire que l'utilisation combinée de plusieurs algorithmes de segmentation travaillant en coopération permet de pallier aux problèmes rencontrés par l'utilisation d'un seul algorithme. Nous avons remarqué que les problèmes de la méthode SVM ont été en grande partie résolus, grâce au guidage des contours obtenus par le modèle de Ron Kimmel. On remarque que les zones qui sont en dehors de la tumeur détectées par SVM ont disparu après coopération, ainsi que les points de bruit détectés par le modèle de Ron Kimmel.

## 5.12 Conclusion

L'application des méthodes de segmentation d'images médicales présentant des pathologies demeure encore un domaine de recherche très vaste. Nous avons présenté dans cette thèse, une méthode basée sur la coopération de deux méthodes de segmentation.

Dans ce chapitre, on a montré les résultats qui ont été obtenus par la méthode SVM et le modèle de Ron Kimmel dont on a expliqué le principe dans les deux chapitres précédents, on a cité les avantages et les inconvénients de chaque méthode, ensuite on les a coopéré séquentiellement dans le but de pallier certains inconvénients de chaque méthode par les avantages de l'autre.

L'intérêt de la coopération de ces deux méthodes, en particulier, est justifié par les résultats satisfaisants obtenus par leurs applications dans la recherche d'un ensemble variant d'anomalies.

## CONCLUSION

L'imagerie par résonance magnétique est aujourd'hui un outil puissant permettant l'observation de l'anatomie cérébrale. Elle est 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 pathologies cérébrales.

Le travail de recherche proposé dans cette thèse se situe dans le cadre du traitement d'images médicales. Une segmentation fiable et précise des images anatomiques, normales ou pathologiques, reste un objectif premier en analyse d'images médicales. Pour cela Nous avons proposé une méthode de segmentation de données fournies par les images IRM pour la détection de pathologies cérébrales dans le cadre de l'aide au diagnostic de ces dernières.

Ce travail vise à proposer une méthode de segmentation par coopération contour-région de deux méthodes, le modèle déformable de Ron Kimmel comme méthode de détection contours et la méthode SVM « séparateur à vaste marge » comme méthode de segmentation en régions.

- Les modèles déformables sont de plus en plus utilisés en analyse d'images, notamment pour la segmentation d'images médicales. Un objet déformable consiste en un ensemble de points, qui vont se déplacer au fur et à mesure du déroulement de l'algorithme de déformation.

Les fondements mathématiques de ces modèles proviennent de différents domaines tels que la géométrie, la physique, ou encore la théorie de l'approximation. La géométrie est utilisée pour représenter la forme de l'objet; la physique impose des contraintes sur la variation de la forme dans l'espace et le temps; enfin, la théorie de l'approximation optimale fournit les justifications formelles des outils permettant d'adapter les modèles aux données mesurées.

La formulation des contours actifs par la méthode des ensembles de Niveau (Level Sets) permet d'implémenter les contours actifs tout en gérant le problème de changements de topologie.

Nous nous sommes intéressés dans cette technique de segmentation au modèle déformable de Ron Kimmel. Bien que les avantages de ce dernier sont multiples, il souffre de certains points négatifs, notamment la sensibilité au bruit.

- La méthode « SVM », Séparateurs à Vastes Marge ou Support Vector Machines en anglais, est une méthode de classification supervisée binaire, elle repose sur deux idées principales pour permettre de traiter des problèmes de classification linéaire et non-linéaire.

La première idée consiste à maximiser la marge définie comme la distance entre l'hyperplan séparateur et les données les plus proches à celui-ci par formulation d'un problème d'optimisation quadratique.

Afin de pouvoir traiter des cas de données non linéairement séparables, la deuxième idée retenue dans SVM consiste à transformer l'espace d'entrée vers un espace de dimension supérieure, grâce à des **fonctions noyau**.

Les fonctions noyau permettent de transformer un produit scalaire dans un espace de grande dimension, ce qui est coûteux en termes de calculs, en une simple fonction dans l'espace d'entrée. Ces fonctions doivent respecter une certaine condition (condition de Mercer), elles ont l'avantage de ne pas nécessiter la connaissance ni de la fonction de transformation  $\Phi$  à appliquer pour le changement d'espace, ni de la dimension de l'espace de redescription. La méthode SVM a aussi comme avantage le paramètre  $C$  qui nous permet de prendre le bruit en considération ou de l'ignorer lors de la segmentation.

SVM, et comme toutes les méthodes de classification, nécessite avant d'être appliquée, de faire appel à d'autres méthodes pour déterminer les seuils déterminants les deux classes de données à séparer.

Les deux méthodes précédentes sont ensuite coopérées séquentiellement pour pallier quelques inconvénients de l'une par les avantages de l'autre.

L'idée de base de notre coopération consiste à faire en premier lieu une détection de contours, de l'image originale, par le modèle déformable de Ron Kimmel, la carte contours obtenue est utilisée comme une contrainte et une référence, permettant de définir des paramètres pour guider et contrôler le processus d'extraction de régions par la méthode SVM.

L'algorithme de la coopération présentée précédemment a été testé sur deux types d'images : des images synthétiques et des images IRM du cerveau afin de détecter d'éventuelles pathologies.

D'après les résultats obtenus, présentés au cours du cinquième chapitre, nous avons remarqué que les problèmes de la méthode SVM (seuillage, ...) ont été en grande partie résolus, grâce au guidage des contours obtenus par le modèle de Ron Kimmel.

Nous pouvons dire, en fin, que l'utilisation combinée de plusieurs algorithmes de segmentation travaillant en coopération permet de pallier aux problèmes rencontrés par l'utilisation d'un seul algorithme.

Le travail présenté au cours de cette thèse, concernant la proposition d'une méthode de segmentation des images IRM cérébrales pour la détection de pathologies, offre des perspectives pour la poursuite de nos recherches.

Déterminer les paramètres optimaux de la méthode SVM par des méthodes automatiques comme la méthode de **rééchantillonnage**.

Nous pensons aussi que ce travail peut être complété par l'évaluation sur d'autres types de noyaux (Sigmoïde, Laplacien...) ainsi que pour la classification multi-classes.

Dans un contexte plus général de l'aide au diagnostic médical, nous pouvons songer à étendre la méthode que nous proposons à d'autres types de pathologies et autres images médicales.

## REFERENCES

[1]	<b>C. Ricard</b> , « Effets de la photoactivation par irradiation synchrotron sur la microvascularisation et sur les tissus cérébraux chez la souris saine ou porteuse d'un gliome », Thèse de Doctorat, Université Joseph Fourier – Grenoble 1, France, 2008.
[2]	<b>A. Achmirowicz, J.B. Beck, P.Y. Delobel, C. Vivarelli</b> , « Imagerie IRM interventionnelle », Projet Master, Université de Technologie de Compiègne, France, 2005.
[3]	<b>N. Pellieux</b> , « Champs électromagnétique : L'imagerie par résonance magnétique », Cours, inrs, 2006.
[4]	<b>W. Dou</b> , « Segmentation d'images multispectrales basée sur la fusion d'informations : application aux images IRM », Thèse de Doctorat, Université de Caen, France, 2006.
[5]	<b>S. Lefevre</b> , « Elaboration et validation d'un outil automatique de segmentation et de reconstruction volumique sur imagerie IRM de tumeurs cérébrales », Mémoire pour l'obtention du Diplôme d'Etudes Approfondies, Université de Technologie de Compiègne, France, 1999.
[6]	Anatomie cérébrale : <a href="http://www.chups.jussieu.fr/ext/neuranat">http://www.chups.jussieu.fr/ext/neuranat</a>
[7]	<b>Société canadienne du cancer</b> , « Tumeurs cérébrales: Comprendre le diagnostic », cours, 2008.
[8]	<b>S. Miri</b> , « Segmentation des structures cérébrale en IRM : intégration de contraintes topologique », Rapport de stage, Université Louis Pasteur Strasbourg, Paris, 2007.
[9]	<b>G. Laurence</b> , « Trois principes de coopération pour la segmentation en imagerie de résonance magnétique cérébrale », Thèse de Doctorat, Université Joseph Fourir-Grenoble 1, France, 1999.
[10]	<b>V. Barra</b> , « Fusion d'Images 3D du Cerveau : Etude de Modèles et Applications », Thèse de Doctorat, Université d'Auvergne, France, 2000.
[11]	<b>M.C. Jaggi</b> , « Segmentation par méthode markovienne de l'encéphale humain en imagerie par résonance magnétique: théorie, mise en oeuvre et évaluation », Thèse de Doctorat, Université de Caen/Basse-Normandie, France, 1998.

[12]	<b>L. Willmann</b> , « Etude de l'évolution des tumeurs cérébrales en IRM », Thèse Master, Université Louis Pasteur Strasbourg, Paris, 2008.
[13]	<b>N. Akrou, L. Chabi</b> , « BioSeg : Une plateforme évolutive pour le développement d'approches biomimétiques en segmentation d'images », Mémoire pour l'obtention du diplôme d'ingénieur, Ecole nationale Supérieure d'Informatique, Algérie, 2009.
[14]	<b>I. Bloch, Y. Gousseau, H. Maître, D. Matignon, B. Pesquet-Popescu, F. Schmitt, M. Sigelle, F. Tupin</b> , « Le traitement des images » tome 2, Polycopié du cours ANIM, Département TSI – Télécom, Paris, 2005.
[15]	<b>C. Kermad, K. Chehdi</b> , « Segmentation d'images : recherche d'une mise en oeuvre automatique par coopération de méthodes », Traitement du Signal, Vol. 15, No. 4, pp. 321-336, 1998.
[16]	<b>J. Dubois</b> , « Segmentation par approche contours », Cours, Université de Rouen, France.
[17]	<b>X. Philippeau</b> , « Segmentation en régions », Cours de segmentation en région d'une image, France, 2008.
[18]	<b>J.J. Toumazet</b> , « Traitement de l'image par l'exemple », Ed. Sybex, Paris, 1990.
[19]	<b>J. Serra</b> , Cours de morphologie mathématique : <a href="http://cmm.ensmp.fr/~serra/cours/">http://cmm.ensmp.fr/~serra/cours/</a>
[20]	<b>Y.T. Hsiao, C.L. Chuang, J.A. Jiang, C.C. Chien</b> , « A Contour based Image Segmentation Algorithm using Morphological Edge Detection », IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics Waikoloa, Hawaii, 2005.
[21]	<b>T. McInerney, D. Terzopoulos</b> , « Deformable Models in Medical Image Analysis: A Survey », Medical Image Analysis, Vol. 1, No. 2, pp. 91-108, 1996.
[22]	<b>V. Caselles, F. Catté, T. Coll, F. Dibos</b> , « A geometric model for active contours in image processing », Ed. Springer-Verlag, 1993.
[23]	<b>S. Osher, J.A. Sethian</b> , « Fronts Propagating with Curvature Dependent Speed: Algorithms Based on Hamilton-Jacobi Formulations », Journal of Computational Physics, Vol. 79, pp. 12-49, 1988.
[24]	<b>H. Rifai, I. Bloch, S. Hutchinson</b> , « Segmentation par modèle déformable des régions osseuses de la tête dans les volumes IRM », Traitement du Signal, Vol. 16, No. 4, pp. 319-330, 1999.
[25]	<b>J.P. Thiran, V. Warscott, B. Macq</b> , « A queue-based region growing algorithm for accurate segmentation of multi-dimensional digital images », Signal Processing, Vol. 60, pp. 1-10, 1997.
[26]	<b>S. Warfield, J. Dengler, J. Zaers, C. Guttmann, W. Wells, G.J. Ettinger, J. Hiller, R. Kikinis</b> , « Automatic Identification of Grey Matter Structures from MRI to Improve the Segmentation of

	White Matter Lesions », Journal of Image Guided Surgery, pp. 326-338, 1995.
[27]	<b>H. Zouaoui</b> , « Clustering par fusion floue de données appliqué à la segmentation d'images IRM », Thèse de Magister, Université M'hamed Bougara de Boumerdes, Algérie, 2008.
[28]	<b>A. Lefohn, J. Cates, R. Whitaker</b> , « Interactive, GPU-based level sets for 3D brain tumor segmentation », Technical Report, University of Utah, USA, 2003.
[29]	<b>Y. Ma, X. Ding</b> , « Face detection based on hierarchical support vector machines », International Conference on Pattern Recognition, vol. 1, pp. 222-225, 2002.
[30]	<b>P. Shih, C. Liu</b> , « Face detection using discriminating feature analysis and support vector machine », Pattern Recognition, Vol. 39, No. 2, pp. 260-276, 2006.
[31]	<b>R. Diboune</b> , « Utilisation des Machines à Vecteurs de Support pour la reconnaissance des chiffres manuscrits », PFE Electronique, USTHB, Algérie, 2007.
[32]	<b>R. Ayachi, N. Ben Amor</b> , « Brain Tumor Segmentation Using Support Vector Machines », Ed. Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, pp. 736-747, 2009.
[33]	<b>Z. Lao, D. Shen, Z. Xue, B. Karacali, S. Resnick, C. Davatzikos</b> , « Morphological classification of brains via high-dimensional shape transformations and machine learning methods », Neuroimage, Vol. 21, pp. 46-57, 2004.
[34]	<b>Z. Lao, D. Shen, A. Jawad, B. Karacali, D. Liu, E. Melhem, R. Bryan, C. Davatzikos</b> , « Automated Segmentation of White Matter Lesions in 3D Brain MR Images, Using Multivariate Pattern Classification », IEEE International Symposium on Biomedical Imaging : Macro to Nano, pp. 307-310, 2006.
[35]	<b>M. Semchedine, L. Toumi, A. Moussaoui</b> , « Système Coopératif de Classification Floue, Possibiliste avec Rejet d'Ambigüité Application à la segmentation d'images IRM », CIP'2007, Université Ferhat Abbas de Sétif, Algérie, 2007.
[36]	<b>D. Chessel, J. Thioulouse, A.B. Dufour</b> , « Introduction à la classification Hiérarchique », Fiche de Biostatistique – stage7, 2004. <a href="http://pbil.univ-lyon1.fr/R/stage/stage7.pdf">http://pbil.univ-lyon1.fr/R/stage/stage7.pdf</a>
[37]	<b>A. Capri</b> , « Caractérisation des objets dans une image en vue d'une aide à l'interprétation et d'une compression adaptée au contenu : application aux images échographiques », Thèse de Doctorat, Université d'Orléans, France, 2007.
[38]	<b>D.L. Pham, C. Xu, J.L. Prince</b> , « A Survey of Current Methods in Medical Image Segmentation », Review of Biomedical Engineering, 1998.
[39]	<b>R. Zitouni, I. Belhadj</b> , « Segmentation Contextuelle Des Images IRM Cérébrales par Le FCM Semi Supervisé. Première Etape a l'Aide au Diagnostic », Journées Francophones d'Informatique Médicale, Lille, 12-13 mai 2005.

[40]	<b>I. Sebari, D.C. He</b> , « Les approches de segmentation d'image par coopération régions-contours », Revue Télédétection, vol. 7, No. 1-2-3-4, 2007.
[41]	<b>B. Wrobel, O. Monga</b> , « Segmentation d'images naturelles : Coopération entre un détecteur-contour et un détecteur-région », Actes du 11 <sup>ème</sup> colloque GRETSI, Nice, pp. 539-542, 1987.
[42]	<b>T. Pavlidis, Y.T. Liow</b> , « Integrating Region Growing and Edge Detection », IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 12, No. 3, pp. 225-233, 1990.
[43]	<b>J. Kharroubi</b> , « Etude de Techniques de Classement "Machines à Vecteurs Supports" pour la Vérification Automatique du Locuteur », Thèse de Doctorat, École nationale supérieure des télécommunications, Paris, 2002.
[44]	<b>M. Hasan, F. Boris</b> , « SVM : Machines à Vecteurs de Support ou Séparateurs à Vastes Marges », Cours, Université de Versailles St Quentin, France, 2006.
[45]	<b>J. Grenet</b> , « VADE MECUM : Optimisation Statique, Lagrangien et condition de Kuhn et Tucker », TD d'économie, École Normale Supérieure, Paris, 2008.
[46]	<b>A. Cornuéjols, L. Miclet</b> , « Apprentissage artificiel : Méthodes et Algorithmes », Ed. Eyrolles, Paris, 2004.
[47]	<b>J. Callut</b> , « Implémentation efficace des Support Vector Machines pour la classification », Thèse de Doctorat en Informatique, Université Libre de Bruxelles, Belgique, 2003.
[48]	<b>M. Chapron, L. Assemat</b> , « Classification de végétaux par SVM », revue, GRETSI : Groupe d'Etudes du Traitement du Signal et des Images, France, 2005.
[49]	<b>O. Ivanciuc</b> , « Applications of Support Vector Machines in Chemistry. In: Reviews in Computational Chemistry », Reviews in Computational Chemistry, Vol. 23, pp. 291-400, 2007.
[50]	Liste des applications de SVM : <a href="http://www.clopinet.com/isabelle/Projects/SVM/">http://www.clopinet.com/isabelle/Projects/SVM/</a>
[51]	<b>M. Kass, A. Witkin, D. Terzopoulos</b> , « Snakes: Active Contour Models », International Journal of Computer Vision, Vol. 1, No. 4, pp. 321-331, 1987.
[52]	<b>Y. Elomary</b> , « Modèles Déformables et Multirésolution pour la Détection de Contours en Traitement d'Images », Thèse de Doctorat, Université Joseph Fourier - Grenoble 1, 1994.
[53]	<b>V. Caselles, R. Kimmel, G. Sapiro</b> , « Geodesic Active Contours », International Journal of Computer Vision, Vol. 22, No. 1, pp. 61-79, 1997.
[54]	<b>Y. Chenoune</b> , « Estimation des déformations Myocardiaques par Analyse d'Images », Thèse de Doctorat, Université Paris EST, 2008.
[55]	<b>X. Bresson, S. Esedoglu, P. Vandergheynst, J-P. Thiran, S. Osher</b> , « Fast Global Minimization of the Active Contour/Snake Model », Journal of Mathematical Imaging and Vision, 2005.

[56]	<b>V. Caselles, F. Catté, T. Coll, F. Dibos</b> , « A Geometric Model for Active Contours », Numerische Mathematik, Vol. 66, pp. 1-31, 1993.
[57]	<b>R. Malladi, J.A. Sethian, B.C. Vemuri</b> , « Shape Modeling with Front Propagation: A Level Set Approach », IEEE Transactions On Pattern Analysis And Machine Intelligence, Vol. 17, No. 2, pp. 158-175, Février 1995.
[58]	<b>V. Caselles, R. Kimmel, G. Sapiro</b> , « Geodesic Active Contours », IEEE Fifth International Conference on Computer Vision, pp. 694-699, 1995.
[59]	<b>R. Kimmel</b> , « Fast Edge Integration », Technion - Israel Institute of Technology, 2008.
[60]	<b>T.F. Chan, L.A. Vese</b> , « Active Contour Without Edges », IEEE transactions on image processing, Vol. 10, No. 2, 2001.
[61]	<b>Filigrane</b> , « Utiliser un poste de travail avec la distribution logicielle Ubuntu », Support de cours, 2005. <a href="http://www.filigrane.praksys.net">www.filigrane.praksys.net</a>
[62]	<b>Atrid</b> , « Cours Linux – Instalation et Administration », 2000. <a href="http://www.atrid.fr">http://www.atrid.fr</a>
[63]	<a href="http://www.imaios.com/fr/e-Cours/e-MRI/signal-contrast-IRM/TR-ponderation-T1">http://www.imaios.com/fr/e-Cours/e-MRI/signal-contrast-IRM/TR-ponderation-T1</a>
[64]	<b>O. Clatz, P.Y. Bondiau, H. Delingette, N. Ayache</b> , « Modelisation macroscopique de la croissance des tumeurs cerebrales », 17 ème Congrès Français de Mécanique Université de technologie de Troyes, France, 29 août- 2 septembre 2005.
[65]	<b>C.H. Lee, M. Schmidt, A. Murtha, A. Bistriz, J. Sander, R. Greiner</b> , « Segmenting brain tumors with conditional random fields and support vector machines », Computer Vision for Biomedical Imaging Applications, pp. 469-478, 2005.
[66]	<b>F.Z. Berrichi, M. Benyettou</b> , « L'Interprétation des Images Médicales Cérébrales : Segmentation par L'approche Split et Merge », Laboratoire de Modélisation et Optimisation des Systèmes Industriels : LAMOSI, USTO, Algérie.
[67]	<b>L. Toumi, M. Semchedine, A. Moussaoui</b> , « Une Approche Robuste Semi-Supervisée Pour la Détection des Tumeurs Cérébrales », JIG'2007 - 3èmes Journées Internationales sur l'Informatique Graphique, du 29 au 30 Octobre 2007, Algérie.
[68]	<b>H. Chellakh, A. Moussaoui</b> , « La Segmentation des IRM Cérébrales Pathologiques par une combinaison Floue Possibiliste Markovienne », Université Farhet Abbas de Sétif, Algérie.
[69]	<b>M. Beladgham, F. Derraz, M. Khélif</b> , « Segmentation d'images médicales IRM par la méthode d'ensembles de niveaux (Level_Sets) », Université Abou- Bekr Belkaid, Algérie.
[70]	<b>S. Imekraz</b> , « Pathologies du système nerveux », cours d'anatomie, Service de Neurochirurgie du CHU Frantz Fanon de blida, Algérie, 2010.
[71]	<b>B. Kastler, D. Vetter, Z. Patay, A. Pousse, M. Parmentier</b> , « Images T <sub>1</sub> , T <sub>2</sub> et densité

	protonique », Encycl Méd Chir (Elsevier SAS, Paris, tous droits réservés), Radiodiagnostic – Principes et techniques d'imagerie, 35-010-C-10, 2003,
[72]	<b>G. Bueno, O. Musse, F. Heitz, J.P. Armspach</b> , « Three-dimensional segmentation of anatomical structures in MR images on large data bases », Magnetic Resonance Imaging, Vol. 19, pp. 73-88, 2001.
[73]	<b>P. Dokladal, I. Bloch, M. Couprie, D. Ruijters, R. Urtasun, L. Garnero</b> , « Topologically controlled segmentation of 3D magnetic resonance images of the head by using morphological operators », Pattern Recognition, Vol. 36, pp. 2463-2478, 2003.
[74]	<b>O. Colliot, O. Camara, I. Bloch</b> , « Integration of fuzzy spatial relations in deformable models – Application to brain MRI segmentation », Pattern Recognition, Vol. 39, No. 8, pp. 1401-1414, 2006.
[75]	<b>S. Bourouis, K. Hamrouni, N. Betrouni</b> , «Automatic MRI Brain Segmentation with Combined Atlas-Based Classification and Level-Set Approach », ICIAR'2008, Vol. 5112 of Lecture Notes in Computer Science, pp.770-778, Springer-Verlag Heidelberg, 2008.
[76]	<b>H.G. Schnack, H.E. Hulshoff Pol, W.F.C. Baaré, M.A. Viergever, S. Kahn</b> , « Automatic segmentation of the ventricular system from MR images of the human brain », NeuroImage, Vol. 14, No. 1, pp. 95-104, 2001.
[77]	<b>K. Held, E.R. Kops, B.J. Krause, W.M. Wells, R. Kikinis, H.W. Muller-Gartner</b> , « Markov random field segmentation of brain MR images », IEEE Transaction on Medical Imaging, Vol. 16, No. 6, pp. 878-886, 1997.
[78]	<b>C. Jaggi, S. Ruan, J. Fadili, D. Bloyet</b> , « Approche markovienne pour la segmentation 3D des tissus cérébraux en IRM », Seizième Colloque Gretsi, Grenoble, 15-19 Septembre 1997.
[79]	<b>Y. Zhang, M. Brady, S. Smith</b> , « Segmentation of Brain MR images through a hidden Markov random field model and the expectation-maximization algorithm », IEEE Transaction on Medical Imaging, Vol. 20, No. 1, pp. 45-47, 2001.
[80]	<b>S. Bricq, Ch. Collet, J.-P. Armspach</b> , « Unifying framework for Multimodal Brain MRI Segmentation based on Hidden Markov Chains », Medical Image Analysis, Vol. 12, No. 6, pp. 639-652, Décembre 2008.
[81]	<b>S. Bricq</b> , « Segmentation d'images IRM anatomiques par inférence bayésienne multimodale et détection de lésions », Thèse de Doctorat, Université Louis Pasteur - Strasbourg I, 2008.
[82]	<b>B.C. Vemuri, S. Rahman, J. Li</b> , « Multiresolution adaptive K-means algorithm for segmentation of brain MRI », Proceedings of the International Computer Science Conference on Image Analysis Applications and Computer Graphics, Vol. 1024 of Lecture Notes in Computer Science. Springer-Verlag Heidelberg, pp. 347-354, 1995.

[83]	<b>J. Batista, R. Kitney</b> , « Extraction of Tumors from MR Images of the Brain by Texture and Clustering », ICIAP 1995, pp. 235-240, 1995.
[84]	<b>B. Caldairou, F. Rousseau, N. Passat, P.A. Habas, C. Studholme, C. Heinrich</b> , « A Non-Local Fuzzy Segmentation Method: Application to Brain MRI », CAIP 2009, pp. 606-613, 2009.
[85]	<b>F. Admasu, S. Al-Zubi, K.D. Tönnies, N. Bodammer, H. Hinrichs</b> , « Segmentation of multiple sclerosis lesions from MR brain images using the principles of fuzzy-connectedness and artificial neuron networks », ICIP (2) 2003, pp. 1081-1084, 2003.
[86]	<b>A. Pitiot, H. Delingette, P.M. Thompson, N. Ayache</b> , « Expert knowledge-guided segmentation system for brain MRI », NeuroImage, Vol. 23, No. 1, pp. S85–S96, 2004.
[87]	<b>T. Chen, D.N. Metaxas</b> , « A hybrid framework for 3D medical image segmentation », Medical Image Analysis, Vol. 9, No. 6, pp. 547-565, 2005.
[88]	<b>C. Ciofalo, C. Barillot</b> , « Brain Segmentation with Competitive Level Sets and Fuzzy Control », IPMI 2005, Vol. 3565 of Lecture Notes in Computer Science, pp. 333-344, Springer-Verlag Heidelberg, 2005.
[89]	<b>Z.Q. Yu, Y. Zhu, J. Yang, Y.M. Zhu</b> , « A hybrid region-boundary model for cerebral cortical segmentation in MRI», Computerized Medical Imaging and Graphics, Vol. 30, No. 3, pp.197-208, 2006.
[90]	<b>F. Yang, F. Kruggel</b> , « Automatic segmentation of human brain sulci», Medical Image Analysis, Vol. 12, No. 4, pp. 442–451, 2008.
[91]	<b>Q. He, K. Karsch, Y. Duan</b> , « A Novel Algorithm for Automatic Brain Structure Segmentation from MRI », ISVC (1) 2008, Vol. 5358 of Lecture Notes in Computer Science, pp. 552-561, Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 2008.
[92]	<b>S. Geman, D. Geman</b> , « Stochastic relaxation, Gibbs distribution, and the Bayesian restoration of images », IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence 6, pp. 721-741, 1984.
[93]	<b>M.H. Bae, R. Pan, T. Wu, A. Badea</b> , « Automated segmentation of mouse brain images using extended MRF », Neuroimage, Vol. 46, No. 3, pp. 717-725, Juillet 2009.
[94]	<b>C. Baillard, C. Barillot, P. Bouthemy</b> , « Robust adaptative segmentation of 3D medical images with level sets », Rapport de Recherche 4071, INRIA, Novembre 2000.
[95]	<b>C. Baillard, P. Hellier, C. Barillot</b> , « Segmentation of brain 3D MR images using level sets and dense registration », Medical Image Analysis, Vol. 5, No. 3, pp. 185-194, 2001.
[96]	<b>R. Goldenberg, R. Kimmel, E. Rivlin, M. Rudzsky</b> , « Fast geodesic active contours », IEEE Transactions on Image Processing, Vol. 10, No. 10, pp. 1467-1475, Octobre 2001.
[97]	<b>T. Chan, L. Vese</b> , « Active contours without edges », IEEE Transactions on Image Processing,

	Vol. 10, No. 2, pp. 266-277, Février 2001.
[98]	<b>L. Cohen</b> , « On active contour models and balloons », Computer Vision, Graphics, and Image Processing, vol. 53, No. 2, pp.211-218, 1991.
[99]	<b>L. Zagorchev, A. Goshtasby, M. Satter</b> , « R-snakes », Image and Vision Computing, Vol. 25, No. 6, pp. 945-959, 2007.
[100]	<b>F. Lecellier, S. Jehan-Besson, M. Fadili, G. Aubert, M. Revenu</b> , « Statistical region-based active contours with exponential family observations », International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing, Vol. 2, pp. 113-116, Mai 2006.
[101]	<b>F. Lecellier, S. Jehan-Besson, M. Fadili, G. Aubert, M. Revenu, E. Saloux</b> , « Region-based active contours with noise and shape priors », International Conference on Image Processing, pp. 1649-1652, 2006.
[102]	<b>C. Xu, J. Prince</b> , « Gradient vector flow: a new external force for snakes », International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, pp. 66-71, Juin 1997.
[103]	<b>C. Xu, J. Prince</b> , « Snakes, shapes and gradient vector flow », IEEE Transactions on Image Processing 7, vol. 3, pp. 359-369, 1998.
[104]	<b>S. Haykin</b> , « Neural networks: a comprehensive foundation », 2nd Edition, Prentice Hall, 1998.
[105]	<b>R. Hult, I. Agartz</b> , « Segmentation of multimodal MRI of hippocampus using 3D grey-level morphology combined with artificial neural networks », SCIA 2005, Vol. 3540, pp. 272-281, 2005.
[106]	[1] <b>A. Jain, R. Dubes</b> , « Algorithms for Clustering Data », Prentice Hall, 1988.
[107]	<b>D. Comaniciu, P. Meer</b> , « Mean shift: a robust approach toward feature space analysis », IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 24, No. 5, pp. 603-619, 2002.
[108]	<b>D. Garcia-Lorenzo, S. Prima, D.L. Collins, D.L. Arnold, S.P. Morrissey, C. Barillot</b> , « Combining robust expectation maximization and mean shift algorithms for multiple sclerosis brain segmentation », MICCAI 2008 Workshop on Medical Image Analysis on Multiple Sclerosis (MIAMS), 2008.
[109]	<b>A. Mayer, H. Greenspan</b> , « Segmentation of brain MRI by adaptive mean shift », International Symposium on Biomedical Imaging: Macro to Nano, pp. 319-322, Avril 2006.
[110]	<b>K. Xie, J. Yang, Z.G. Zhang, Y.M. Zhu</b> , « Semi-automated brain tumor and edema segmentation using MRI », European Journal of Radiology, Vol. 56, pp. 12-19, 2005.
[111]	<b>S. Ho, E. Bullitt, G. Gerig</b> , « Level set evolution with region competition: automatic 3D segmentation of brain tumors », ICPR, Quebec, pp. 532-535, Aout 2002.

[112]	<b>J. Suri</b> , « Two-dimensional fast Magnetic Resonance brain segmentation », IEEE Engineering in Medicine and Biology, pp. 84-95, 2001.
[113]	<b>Y. Chen, E.R. Dougherty, S.M. Totterman, J.P. Hornak</b> , « Classification of trabecular structure in magnetic resonance images based on morphological granulometries », Magnetic Resonance in Medicine, Vol. 29, No. 3, pp. 358-370, 1993.
[114]	<b>N. Richard, M. Dojat, C. Garbay</b> , « Automated segmentation of human brain MR images using a multi-agent approach », Artificial Intelligence in Medicine, Vol. 30, pp. 153-175, 2004.
[115]	<b>J. Alirezaire, M.E. Jernigan, C. Nahmias</b> , « Automatic segmentation of cerebral MR images using artificial neural networks », IEEE Transactions on Nuclear Science, Vol. 45, pp. 2174-2182, 1998.
[116]	<b>J.S. Lin, K.S. Cheng, C.W. Mao</b> , « Multispectral magnetic resonance images segmentation using fuzzy Hopfield neural network », International Journal on Bio-medical Computing, Vol. 42, pp. 205-214, 1996.
[117]	<b>W.E. Reddick, J.O. Glass, E.N. Cook, T.D. Elkin, R.J. Deaton</b> , « Automated segmentation and classification of multispectral magnetic resonance images of brain using artificial neural networks », IEEE Transactions on Medical Imaging, Vol. 16, No. 6, pp. 911-918, 1997.
[118]	<b>T. Song, C. Gasparovic, N. Andreasen, J. Bockholt, M. Jamshidi, R. Lee, M. Huang</b> , « A hybrid tissue segmentation approach for brain MR images », Medical and Biological Engineering and Computing, Vol. 44, No. 3, pp. 242-249, 2006.
[119]	<b>V.A. Magnotta, D. Heckel, N.C. Andreasen, T. Cizadlo, P.W. Corson, J.C. Ehrhardt, W.T. Yuh</b> , « Measurement of brain structures with artificial neural networks: two- and three-dimensional applications », Radiology, Vol. 211, No. 3, pp. 781-790, 1999.
[120]	<b>B. Fischl, D.H. Salat, E. Busa, M. Albert, M. Dieterich, C. Haselgrove, A. van der Kouwe, R. Killiany, D. Kennedy, S. Klaveness, A. Montillo, N. Makris, B. Rosen, A.M. Dale</b> , « whole brain segmentation: automated labeling of neuroanatomical structures in the human brain », Neuron, Vol. 33, pp. 341-355, 2002.
[121]	<b>J. Suckling, T. Sigmundsson, K. Greenwood, E.T. Bullmore</b> , « A modified fuzzy clustering algorithm for operator independent brain tissue classification of dual echo MR images », Magnetic Resonance Imaging, Vol. 17, No. 7, pp. 1065-1076, 1999.
[122]	<b>M.N. Ahmed, S.M. Yamany, N. Mohamed, A. A. Farag, T. Moriarty</b> , « A modified fuzzy C-means algorithm for bias field estimation and segmentation of MRI data », IEEE Transactions on Medical Imaging, Vol. 21, No. 3, pp. 193-199, 2002.
[123]	<b>N. Kovacevic, N.J. Lobaugh, M.J. Bronskill, B. Levine, A. Feinstein, S.E. Black</b> , « A robust method for extraction and automatic segmentation of brain images », NeuroImage, Vol. 17,

	pp. 1087-1100, 2002.
[124]	<b>N. Moon, E. Bullitt, K.V. Leemput, G. Gerig</b> , « Model-based brain and tumor segmentation », International Conference on Pattern Recognition, pp. 528-531, Août 2002.
[125]	<b>Y. Zhu, H. Yang</b> , « Computerized tumor boundary detection using a Hopfield neural network », IEEE Transactions on Medical Imaging, Vol. 16, No. 1, pp. 55-67, 1997.
[126]	<b>H. Khotanloua, O. Colliotb, J. Atifc, I. Blocha</b> , « 3D brain tumor segmentation in MRI using fuzzy classification, symmetry analysis and spatially constrained deformable models », Fuzzy Sets and Systems, Vol. 160, pp. 1457-1473, 2009.
[127]	<b>S. Taheri, S.H. Ong, V. Chong</b> , « Threshold-based 3D Tumor Segmentation using Level Set (TSL) », Workshop on Applications of Computer Vision: 45, 2007.
[128]	<b>B. Sankur, M. Sezgin</b> , « Survey over image thresholding techniques and quantitative performance evaluation », Journal of Electronic Imaging, Vol. 13, No. 1, pp. 146-165, Janvier 2004.
[129]	<b>Z. Hadjadj, N. Lekhal</b> , « Classification d'IRM cérébrales par SVM », Mémoire pour l'obtention du diplôme d'ingénieur, Université Saad Dahlab de Blida, 2008.