

Segmentation des images IRM multi-échos tridimensionnelles pour la détection des tumeurs cérébrales par la théorie de l'évidence

Anne-Sophie Capelle-Laizé

► To cite this version:

Anne-Sophie Capelle-Laizé. Segmentation des images IRM multi-échos tridimensionnelles pour la détection des tumeurs cérébrales par la théorie de l'évidence. Interface homme-machine [cs.HC]. Université de Poitiers, 2003. Français. NNT: . tel-00006305

HAL Id: tel-00006305 https://theses.hal.science/tel-00006305

Submitted on 22 Jun2004

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers. L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés. Numéro d'identification :

THÈSE

pour l'obtention du Grade de DOCTEUR DE L'UNIVERSITÉ DE POITIERS (Faculté des Sciences Fondamentales et Appliquées) (Diplôme National - Arrêté du 25 avril 2002)

École Doctorale : Sciences Pour l'Ingénieur Secteur de Recherche : Traitement du signal et des images

> présentée par : Anne-Sophie CAPELLE

Segmentation d'images IRM multi-échos tridimensionnelles pour la détection des tumeurs cérébrales par la théorie de l'évidence

Directeur de Thèse : Christine FERNANDEZ-MALOIGNE Codirecteur de Thèse : Olivier COLOT

Soutenue le 3 décembre 2003 devant la Commision d'Examen composée de :

M. Thierry DENŒUX, Professeur, Université de Technologie de Compiègne Rapporteur
Mme Nicole VINCENT, Professeur, Université de Paris V Rapporteur
M. Gérard GIMENEZ, Professeur, INSA de Lyon Examinateur
M. Patrick VANNOORENBERGHE, Maître de Conférences, Université de Rouen Examinateur
M. Olivier COLOT, Professeur, Université de Lille 1 Codirecteur de Thèse
Mme Christine FERNANDEZ-MALOIGNE, Professeur, Université de Poitiers Directeur de Thèse
M. Jean-Claude FERRIÉ, Unité IRM-SCANNER, CHRU de Poitiers, Invité

Remerciements

Le travail présenté dans ce mémoire a été réalisé au Laboratoire IRCOM-SIC de l'Université de Poitiers. Ce travail n'aurait pu aboutir sans l'aide et le soutien de nombreuses personnes.

Mes premiers remerciements s'adressent à Monsieur Olivier Colot, Professeur au Laboratoire I³D de l'Université des Sciences et Technologies de Lille. Nous nous sommes lancés un défi; cette thèse en est le résultat. Je le remercie pour sa disponibilité, son écoute, ses nombreux conseils prodigués autour d'un café... et pour tous les cafés à venir.

Merci également à Madame Christine Fernandez-Maloigne, ma Directrice de thèse, qui m'a chaleureusement accueillie au sein de l'équipe Image du Laboratoire IRCOM-SIC. Merci pour son écoute, ses encouragements, ses précieux aiguillages aux moments clefs de mon travail. Merci également pour les retrouvailles autour d'une table...ou d'une piscine.

Je remercie Monsieur Michel Léard, Directeur du Laboratoire IRCOM-SIC, de m'avoir accueilli au sein du laboratoire et pour tous les moyens mis à ma disposition pour mener à bien ce travail de thèse.

Je remercie Monsieur Thierry Denœux, Professeur à l'Université de Technologie de Compiègne, pour ses remarques et ses critiques au cours des brefs mais précieux échanges téléphoniques que nous avons pu avoir.

Mes remerciements vont également aux membres du jury. Je remercie Monsieur Gérard Gimenez, Professeur à l'INSA de Lyon d'avoir accepté la présidence du jury. Je tiens à remercier également Madame Nicole Vincent, professeur à l'Université de Paris V et, à nouveau, Monsieur Thierry Denœux d'avoir expertiser mon travail. Merci à Monsieur Patrick Vannorenberghe pour sa lecture pointilleuse et ses remarques pertinentes.

Je remercie vivement le Docteur Jean-Claude Ferrié, radiologue au CHRU de Poitiers, pour son écoute et sa disponibilité vis-à-vis des besoins liés à cette étude. Je le remercie également pour les nombreuses et fastidieuses heures passées à expertiser les images. Je n'oublie pas tous ceux qui ont permis que ce travail se passe dans des conditions de travail bien agréables, au Laboratoire comme en dehors du Laboratoire. Merci Julien, Éric, Benoît & Aline, Philippe C. & Sylvie H., Chaker, Alice, Cédric, Laurent & Isabelle, Sylvie D., Françoise, Philippe D....

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

Enfin, merci à Emmanuel, mon compagnon, pour m'avoir toujours portée... et (parfois) supportée durant cette longue phase finale. Merci pour ton écoute, ta patience lors de mes moments de doute et de silence. Merci à ton stylo rouge, même si je l'ai parfois exécré... Enfin, tout simplement merci à toi et à Axel d'être là...

Ce travail a été financé par la Région Poitou-Charentes et par le Centre National de Recherche Scientifique.

À mes deux amours, Emmanuel et Axel...

Table des matières

Introduction générale

1	L'in	nagerie	e cérébrale pour l'aide au diagnostic des tumeurs	5
	1.1	Les tu	meurs cérébrales et leur diagnostic	6
		1.1.1	Quelques précisions de vocabulaire	6
		1.1.2	Le diagnostic de la tumeur	6
		1.1.3	La diversité des tumeurs cérébrales	7
		1.1.4	Imageries cérébrales pour le diagnostic des tumeurs	8
		1.1.5	Aide au diagnostic des tumeurs par traitement d'images	9
	1.2	L'imag	gerie par résonance magnétique	11
		1.2.1	Les principes physiques	11
		1.2.2	La formation des images	13
		1.2.3	Les différentes pondérations	14
		1.2.4	Incertitudes et imprécisions des images	17
		1.2.5	Conclusion	21
	1.3	Quelq	ues exemples de tumeurs	21
		1.3.1	Cas 1: astrocytome de bas grade	21
		1.3.2	Cas 2: glioblastome	23
		1.3.3	Conclusion	24
	1.4	Conclu	$asion \ldots \ldots$	24
2	Seg	mentat	tion des IRM cérébraux dans la littérature	27
	2.1	Métho	des de segmentation	28
		2.1.1	Quelques précisions de vocabulaire	28

Ι

1

		2.1.2	Segmentation d'IRM	28
	2.2	État d	e l'art du point de vue « Traitement d'images »	29
		2.2.1	Approches régions	29
		2.2.2	Approches contours	33
	2.3	État d	e l'art du point de vue « Reconnaissance des formes »	36
		2.3.1	Approches probabilistes	36
		2.3.2	Approches floues	40
		2.3.3	Approches évidentielles	43
	2.4	Conclu	sion	44
3	Pré	segmer	ntation de la zone d'intérêt « cerveau »	47
	3.1	Descri	ption des données traitées	48
	3.2	Métho	de de présegmentation proposée	51
		3.2.1	Description de la méthode	52
		3.2.2	Quelques remarques	56
	3.3	Résult	ats de présegmentation	56
	3.4	Conclu	sion	58
4	Seg	mentat	ion des IRM cérébrales par la théorie de l'évidence	59
	Part	tie 1 : É	tude préliminaire d'un algorithme de classification crédibiliste	61
	4.1	Modèle	e de croyances transférables	61
		4.1.1	Cadre de discernement	62
		4.1.2	Modélisation de la croyance	62
		4.1.3	Révision de la croyance	63
		4.1.4	Décision	64
	4.2	Modéli	isation de la croyance	65
		4.2.1	Quelques notations préalables	65
		4.2.2	Modélisation fondée sur des distances	66
		4.2.3	Modélisations fondées sur la vraisemblance	68
	4.3	Estima	ations des paramètres	72
		4.3.1	Modèle de mélange gaussien	73

		4.3.2	Estimation du modèle de mélange	74
		4.3.3	Estimation des prototypes de classes	74
		4.3.4	Les contraintes liées à la pratique	75
	4.4	Classif	ication de données de synthèse et réelles	75
		4.4.1	Schéma de principe de classification	76
		4.4.2	Description des volumes traités	79
		4.4.3	Résultats de classification sur des données de synthèse	80
		4.4.4	Résultats de classification sur des données réelles	87
		4.4.5	Conclusion	90
	Part	ie 2: S	egmentation crédibiliste par la prise en compte des informations contextuelles	92
	4.5	Introd	uction d'informations contextuelles	92
		4.5.1	Intérêts	92
		4.5.2	Processus de combinaison des informations spatiales	93
		4.5.3	Fonction d'affaiblissement ϕ	95
		4.5.4	Conclusion	98
	4.6	Segme	ntation de données de synthèse et réelles	98
		4.6.1	Résultats de segmentation sur des données de synthèse	98
		4.6.2	Résultats de segmentation sur des données réelles	105
		4.6.3	Étude des effets induits par l'utilisation des informations contextuelles $\ .$.	125
	4.7	Conflit	spatial: une nouvelle source d'information	131
		4.7.1	Origines et interprétations du conflit	131
		4.7.2	Le conflit : un indicateur sur la localisation des frontières?	136
		4.7.3	Conclusion	141
	4.8	Conclu	usion	141
Co	onclu	sion et	Perspectives	145
A	nnex	es	1	151
\mathbf{A}	Ana	tomie	de l'encéphale	153
	A.1	Anator	mie générale du système nerveux central	153

	A.2	Le sys	tème ventriculaire	156
	A.3	Le cor	tex	157
	A.4	Les no	yaux de gris centraux	157
	A.5	La ma	tière blanche	158
в	Moo	dèle de	e croyances transférables	159
	B.1	Struct	ures de croyances	160
		B.1.1	Structure de croyance élémentaire	160
		B.1.2	Crédibilité	162
		B.1.3	Plausibilité	163
		B.1.4	Quelques relations	164
	B.2	Révisi	on des croyances	164
		B.2.1	Conditionnement	165
		B.2.2	Combinaison des croyances	166
		B.2.3	Affaiblissement des croyances	169
	B.3	Décisio	pn	170
		B.3.1	Transformation pignistique : principe de la raison insuffisante	170
		B.3.2	Décision bayésienne	171
		B.3.3	Autres règles de décision	171
С	Que	lques	notions de théorie markovienne	175
	C.1	Cham	ps de Markov et distribution de Gibbs	176
		C.1.1	Cadre probabiliste	176
		C.1.2	Cadre bayésien	176
		C.1.3	Cadre markovien	177
	C.2	Expres	ssion du maximum <i>a posteriori</i>	178
		C.2.1	Probabilité conditionnelle du champ d'observation	178
		C.2.2	Probabilité a priori du champ d'étiquettes	179
	C.3	Estima	ation du champ des étiquettes	179

Planches anatomiques	
D Volumes de données	183
E Résultats de présegmentation des volumes multi-échos	197
Bibliographie	205
Bibliographie de l'auteur	215

Table des figures

1.1	Coupes cérébrales obtenues par un tomographe à rayons X	8
1.2	Coupe scintigraphique (fausses couleurs)	9
1.3	Le mouvement de spin	11
1.4	Mouvement de précession d'un ensemble de moments magnétiques	12
1.5	Décomposition du moment magnétique M en un moment transversal M_T et lon- gitudinal M_L lors de la résonance	13
1.6	Signal FID recueilli par les bobines réceptrices	13
1.7	Plans axial, coronal et sagittal (de gauche à droite) sur une acquisition en T_1	14
1.8	Une même coupe obtenue sous différents paramètres d'acquisition	15
1.9	Intérêt d'une acquisition avec injection de gadolinium	16
1.10	Observation du bruit	18
1.11	Phénomène de repliement du spectre	19
1.12	Effet de volume partiel	20
1.13	Un cas d'astrocytome de bas grade	22
1.14	Un cas de glioblastome	23
3.1	Une coupe en T_1 Gado et T_2 du volume V_1	49
3.2	Une coupe en T_1 et T_1 Gado du volume V_2	49
3.3	Une coupe en T_1 Gado et T_2 du volume V_3	49
3.4	Une coupe en T_1 Gado et T_2 du volume V_4	50
3.5	Une coupe en T_1 Gado et T_2 du volume V_5	50
3.6	Une coupe en T_1 Gado et T_2 du volume V_6	50
3.7	Histogramme du volume V_7	53
3.8	Détails des étapes de présegmentation sur une coupe du volume V_7	55

3.9	Mise en évidence de la nécessité d'adaptation des seuils sur deux coupes du volume $V_1 \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots $	57
3.10	Traitement du volume V_8	58
3.11	Reconstruction du cerveau correspondant au volume V_7	58
4.1	Schéma de principe de la classification par la théorie de l'évidence	76
4.2	Fractions tissulaires d'un volume du Brainweb	79
4.3	Vérité terrain (zoom sur la coupe 78)	80
4.4	Résultats de classification du volume ($n = 3\%$, $rf = 20\%$) (zoom sur la coupe 78)	81
4.5	Résultats de classification du volume ($n = 7\%$, $rf = 20\%$) (zoom sur la coupe 78)	82
4.6	Histogramme bidimensionel du volume de synthèse ($n = 7\%, rf = 20\%$)	84
4.7	Taux d'erreur de classification en fonction du taux de rejet pour le volume $(n = 7\%, rf = 20\%)$	85
4.8	Régions de décision	86
4.9	Maxima de la probabilité a posteriori associée à l'algorithme EM	87
4.10	Coupe 53 en T_1 Gado et en T_2 du volume V_1	87
4.11	Résultats de classification du volume V_1 (coupe 53)	89
4.12	Taux de reject vs coût du rejet pour le volume V_1	89
4.13	Régions de décision du volume V_1	90
4.14	Schéma de principe de la méthode de segmentation par la théorie de l'évidence .	93
4.15	Variations des coefficients d'affaiblissement pour les trois distances associées aux 26 voisins connexes	95
4.16	taux d'erreur en fonction du coefficient β	96
4.17	Influence du coefficient β sur les résultats de segmentation du volume ($n = 7\%$, $rf = 20\%$)	97
4.18	Résultats de segmentation pour $(n = 7\%, rf = 20\%)$	101
4.19	Résultats de segmentation pour $(n = 9\%, rf = 40\%)$	101
4.20	Reconstruction de la matière blanche (MB) et de la matière grise (MG) après la segmentation du volume ($n = 7\%$, $rf = 20\%$) par la modélisation de Denœux	104
4.21	Résultats de segmentation	107
4.22	Une coupe du volume V_3 située dans la partie inférieur du cerveau $\ldots \ldots \ldots$	109
4.23	Histogramme bidimensionnel du volume V_6	111

4.24	Résultats de segmentation du volume V_1 par la modélisation de Denœux, avec une règle de décision pignistique $\ldots \ldots \ldots$	113
4.25	Résultats de segmentation du volume V_1 par la modélisation de Denœux avec une règle de décision pignistique. Les contours blancs correspondent à la zone bien détectée, les zones rouges à des zones de non détection et les zones bleues à des zones de fausse alarme	114
4.26	Résultats de segmentation du volume V_2 par la modélisation de Denœux, avec une règle de décision pignistique $\ldots \ldots \ldots$	115
4.27	Résultats de segmentation du volume V_2 par la modélisation de Denœux avec une règle de décision pignistique. Les contours blancs correspondent à la zone bien détectée, les zones rouges à des zones de non détection et les zones bleues à des zones de fausse alarme	116
4.28	Résultats de segmentation du volume V_3 par la modélisation de Denœux, avec une règle de décision pignistique $\ldots \ldots \ldots$	117
4.29	Résultats de segmentation du volume V_3 par la modélisation de Denœux avec une règle de décision pignistique. Les contours blancs correspondent à la zone bien détectée, les zones rouges à des zones de non détection et les zones bleues à des zones de fausse alarme	118
4.30	Résultats de segmentation du volume V_4 par la modélisation d'Appriou, avec une règle de décision pignistique $\ldots \ldots \ldots$	119
4.31	Résultats de segmentation du volume V_4 par la modélisation d'Appriou avec une règle de décision pignistique. Les contours blancs correspondent à la zone bien détectée, les zones rouges à des zones de non détection et les zones bleues à des zones de fausse alarme	120
4.32	Résultats de segmentation du volume V_5 par la modélisation de Denœux, avec une règle de décision pignistique $\ldots \ldots \ldots$	121
4.33	Résultats de segmentation du volume V_5 par la modélisation de Denœux avec une règle de décision pignistique. Les contours blancs correspondent à la zone bien détectée, les zones rouges à des zones de non détection et les zones bleues à des zones de fausse alarme	122
4.34	Résultats de segmentation du volume V_6 par la modélisation de Denœux, avec une règle de décision pignistique $\ldots \ldots \ldots$	123
4.35	Segmentation experte du volume V_6 . Les contours des zones identifiées comme étant de la tumeur sont représentés en blanc	124
4.36	Résultats de classification (a-c) et de segmentation (d-f) sur le volume V_1	126
4.37	Résultats de classification (a-c) et de segmentation (d-f) sur le volume V_2	127
4.38	Importance de l'affaiblissement des masses de croyance lors de la combinaison des masses voisines (modélisation de Shafer)	127

4.39	Résultats de classification et de segmentation obtenus avec l'utilisation d'un coût de rejet égal à 0,7 pour la modélisation de Shafer. Les vecteurs rejetés corres- pondent aux points blancs.	128
4.40	Courbes de décision associées à la classification et à la segmentation du volume V_2	130
4.41	Conflit lors de l'étape de modélisation des masses de croyances	133
4.42	Volume $(n = 3\%, rf = 20\%)$	134
4.43	Conflit associé aux volumes V_1 , V_2 et V_3 , pour les modélisations de Denœux, de Shafer et d'Appriou (de gauche à droite)	135
4.44	Conflit associé à une image de synthèse « simple »	137
4.45	Effet de volume partiel et conflit	138
4.46	Images de frontières pour $\lambda_c = \mu_c + 0.2 \times \sigma_c$, pour les modélisations de Denœux, de Shafer et d'Appriou (de gauche à droite)	139
4.47	Images de frontières superposées sur les images originales pondérées en T_1 Gado, pour les modélisations de Denœux, de Shafer et d'Appriou (de gauche à droite) .	140
A.1	La moelle épinière	154
A.2	Le tronc cérébral	155
A.3	Vue antérieure du cervelet	155
A.4	Le système ventriculaire	156
A.5	Les différents lobes cérébraux	157
A.6	Noyaux de gris centraux	158
A.7	Quelques éléments de matière blanche	158
B.1	Représentation ensembliste de la notion de crédibilité	163
B.2	Représentation ensembliste de la notion de plausibilité	164
D.1	Volume V_1 en T_1 Gado	184
D.2	Volume V_1 en T_2	185
D.3	Volume V_2 en T_1	186
D.4	Volume V_2 en T_1 Gado	187
D.5	Volume V_3 en T_1 Gado	188
D.6	Volume V_3 en T_2	189
D.7	Volume V_4 en T_1 Gado	190

D.8	Volume V_4 en T_2	191
D.9	Volume V_5 en T_1 Gado \ldots	192
D.10	Volume V_5 en T_2	193
D.11	Volume V_6 en T_1 Gado \ldots	194
D.12	Volume V_6 en T_2	195
E.1	Présegmentation du volume V_1 (les contours estimés du cerveau sont surimposés en blanc)	198
E.2	Présegmentation du volume V_2 (les contours estimés du cerveau sont surimposés en blanc)	199
E.3	Présegmentation du volume V_3 (les contours estimés du cerveau sont surimposés en blanc)	200
E.4	Présegmentation du volume V_4 (les contours estimés du cerveau sont surimposés en blanc)	201
E.5	Présegmentation du volume V_5 (les contours estimés du cerveau sont surimposés en blanc)	202
E.6	Présegmentation du volume V_6 (les contours estimés du cerveau sont surimposés en blanc)	203

Liste des tableaux

1.1	Classification des tumeurs par grade	10
1.2	Ordre de grandeur des temps de relaxation à 1.5 Tesla	12
3.1	Descriptif des volumes multi-échos	51
3.2	Descriptif des volumes simple-écho	51
4.1	Taux d'erreur de classification obtenus sur les données du Brainweb	83
4.2	Taux d'erreur de segmentation obtenus sur les volumes du Brainweb	99
4.3	Taux de similarité obtenus sur les volumes du Brainweb	103

Introduction générale

Les tumeurs cérébrales solides sont des pathologies qui se caractérisent par une prolifération anormale de cellules. Leur incidence chez les personnes adultes est d'environ 10 pour 100 000 habitants par an. Plus fréquentes chez les enfants, les tumeurs cérébrales solides représentent 20% de l'ensemble des cancers. À ces chiffres s'ajoutent ceux des métastases cérébrales. Ces tumeurs secondaires, consécutives à la présence d'un cancer localisé hors de la région cérébrale, ont une incidence d'environ 3 à 8 pour 100 000 habitants par an.

L'établissement d'un diagnostic de tumeur cérébrale s'avère être un processus complexe qui se compose de différentes étapes successives :

- observation des signes extérieurs générant la suspicion quant à la présence d'une lésion cérébrale;
- réalisation d'examens cliniques permettant de confirmer ou d'infirmer cette présence;
- en cas de présence avérée d'une masse anormale de cellules et lorsque la localisation de cette dernière le permet, prélèvement et analyse des tissus (biopsie).

Dans le cadre de ce diagnostic, l'observation *in vivo* du cerveau fournit des indicateurs cruciaux quant à la nature et la gravité de la tumeur. La localisation de la tumeur, l'évaluation de sa forme, de son volume, de son homogénéité, de sa nature infiltrante ou circonscrite, de sa position et de ses interactions avec les structures cérébrales proches, la présence d'un œdème, *etc.* sont autant de signes et d'indicateurs recherchés. Les outils cliniques permettant l'observation *in vivo* de la zone cérébrale sont aujourd'hui nombreux. On peut citer de façon non exhaustive le scanner à rayons X, l'imagerie par résonance magnétique (IRM), la tomographie, la scintigraphie... Parmi l'ensemble de ces techniques, l'IRM est de plus en plus utilisée en routine clinique. Cette technique non invasive, qui exploite les propriétés magnétiques des tissus, permet en effet une observation de qualité de l'anatomie cérébrale. L'image obtenue, de haute résolution, permet une localisation précise des différentes structures. De plus, la sensibilité de l'imagerie par résonance magnétique aux faibles modifications des tissus en fait un allié précieux et très performant dans le cadre du diagnostic des tumeurs cérébrales.

Cependant, l'observation et l'analyse de clichés présentant des tumeurs s'avèrent être un exercice délicat nécessitant le plus souvent l'utilisation de plusieurs acquisitions sous différents protocoles. Chaque protocole, défini par des paramètres d'acquisition particuliers, permet de mettre en évidence sur les images des éléments anatomiques distincts, dépendants de leur composition tissulaire. Une tumeur cérébrale, composée fréquemment de différents types de tissus, ne pourra donc pas toujours être entièrement observée au moyen d'une unique acquisition. Pour localiser et visualiser complètement la tumeur et poser leur diagnostic, les médecins doivent ainsi

multiplier le nombre d'acquisitions sous différents protocoles puis synthétiser mentalement les différentes informations apportées par chacune d'elles.

La technologie IRM permet, à l'heure actuelle, de disposer d'images numériques offrant au traiteur d'images la « matière » nécessaire à la mise en œuvre d'algorithmes de traitement et d'analyse qui visent à aider au diagnostic des tumeurs cérébrales. Ce véritable challenge consiste alors à détecter précisément la zone tumorale, composée de la ou des tumeurs mais aussi d'éventuels œdèmes. Il s'agit donc d'isoler cette zone des principales structures anatomiques cérébrales, à savoir la matière blanche, la matière grise et le liquide céphalo-rachidien.

Dans le cadre de notre travail, nous proposons donc de mettre en place un système d'aide au diagnostic des tumeurs cérébrales. La détection et la localisation précises des zones tumorales correspondent, dans notre univers de traiteur d'images, à la segmentation de la tumeur, et éventuellement de l'œdème, et des principales structures cérébrales. Diverses collaborations entre médecins et traiteurs d'images ont d'ores et déjà abouti à l'élaboration de systèmes de segmentation des tumeurs sur des images IRM. Cependant, ces méthodes se limitent le plus souvent à la segmentation de tumeurs relativement bien contrastées vis-à-vis des structures saines environnantes, et dont la frontière avec ces structures est nette. Dans notre travail de recherche, nous proposons de nous placer dans un cadre plus général et de développer un système capable de segmenter des tumeurs « plus délicates », c'est-à-dire des tumeurs inhomogènes, non circonscrites, pouvant se propager de façon infiltrante vers les différentes structures anatomiques... Ces tumeurs se caractérisent particulièrement par des frontières mal définies et imprécises.

L'observation de la démarche clinique des médecins met en évidence l'intérêt d'utiliser conjointement différentes pondérations d'acquisition. Chacune de ces pondérations, considérée comme une vue particulière du cerveau, apporte des informations utiles à la connaissance générale de celui-ci. Nous proposons ainsi de reproduire cette démarche clinique et d'exploiter conjointement ces différentes pondérations, i.e. au travers d'une démarche de segmentation *multi-échos*. La méthode de segmentation doit alors s'appuyer sur une théorie capable, d'une part, de fusionner des informations issues de différentes sources et, d'autre part, de gérer les incertitudes et les imprécisions des informations manipulées.

Ce mémoire se compose de quatre chapitres.

Le premier chapitre est consacré à la présentation des différentes notions liées au contexte de notre étude. Tout d'abord, nous présentons la démarche médicale du diagnostic des tumeurs cérébrales et montrons la diversité de ces tumeurs et des signes recherchés par les pathologistes. Nous exposons alors différentes techniques utilisées pour la détection *in vivo* des tumeurs cérébrales. Puis, nous nous intéressons plus particulièrement à l'imagerie par résonance magnétique. Cette technique, aujourd'hui bien maîtrisée, constitue une imagerie de référence dans le cadre du diagnostic des tumeurs cérébrales, grâce, entre autres, à sa capacité à fournir des images de différentes pondérations. Nous montrons toutefois que ces images présentent des imperfections et, en particulier, des incertitudes et des imprécisions. Enfin, nous détaillons l'étude de divers cas réels afin de permettre au lecteur d'appréhender le diagnostic des tumeurs cérébrales et de se familiariser à ces images. Le second chapitre est une revue des principales méthodes de segmentation des IRM cérébraux présentes dans la littérature. L'objectif commun de l'ensemble des méthodes présentées est de découper les images IRM en un ensemble de régions homogènes où, dans l'idéal, chaque région est représentative d'une structure anatomique particulière. Nous décrivons des méthodes dédiées à la segmentation de volumes cérébraux sains et/ou de volumes cérébraux présentant des pathologies, ces deux problématiques étant, à notre sens, complémentaires. Pour une meilleure lisibilité, nous présentons l'état de l'art selon deux points de vue. Le premier est celui du « traitement d'images » où l'objectif est d'identifier la nature particulière d'un signal. Ce signal est bidimensionnel si on traite des coupes individuellement et tridimensionnel si on traite le volume constitué par l'empilement des coupes. Le second point de vue est celui de la « reconnaissance des formes », qui s'attache à définir des critères de classification des pixels ou des voxels dans un espace d'attributs multidimensionnel.

Le troisième chapitre est consacré à un prétraitement appelé « présegmentation » qui permet de cibler la région d'intérêt - le cerveau - et de réduire la complexité calculatoire préalablement à la segmentation, à proprement parler, de la région cérébrale. Une telle présegmentation consiste alors à isoler le cerveau, constitué essentiellement de la matière blanche, de la matière grise et du liquide céphalo-rachidien, du reste de l'image. Après avoir précisé les caractéristiques des données traitées au cours de notre travail de recherche, nous proposons une méthode de présegmentation adaptée aux traitement des images IRM cérébrales présentant une tumeur.

Le quatrième chapitre est dédié à l'étude et à la proposition d'une méthode de segmentation des images IRM cérébrales. Cette méthode doit permettre la détection précise et fiable des tumeurs cérébrales et, en particulier, des tumeurs présentant des frontières mal définies et imprécises.

La contrainte multi-échos, imposée *de facto* par notre problématique, nécessite l'utilisation d'une théorie adaptée à la manipulation d'informations issues de différentes sources. Cette théorie doit, de plus, permettre la modélisation des informations imparfaites que sont les images IRM. Nous proposons ainsi une méthode de segmentation multi-échos fondée sur la théorie de l'évidence, encore appelée théorie de Dempster-Shafer, apte à répondre à l'ensemble de ces contraintes.

Nous adoptons dans ce chapitre une démarche séquentielle, découpée en deux parties.

Dans une première partie, nous réalisons une étude préliminaire d'un algorithme de classification des données fournies par les images IRM fondé sur la théorie de l'évidence. Au cours de cette étude, nous proposons l'utilisation de différentes modélisations crédibilistes et comparons leurs performances à celles d'algorithmes de classification classiques. Si nous montrons l'efficacité de la théorie de l'évidence à classifier les données fournies par les images IRM, nous soulignons également la nécessité d'intégrer des informations contextuelles.

Dans la seconde partie, nous proposons un processus de prise en compte des informations de voisinage fondé sur la théorie de l'évidence. L'idée maîtresse est de considérer que la modélisation de tout point peut être enrichie par la connaissance de son voisinage, chaque voisin étant alors considéré comme une source d'information. Nous proposons ainsi de fusionner ces sources dans un contexte spatial. Considérant chaque point relativement à son voisinage, nous définissons ainsi une réelle méthode de segmentation. Nous étudions alors les caractéristiques et les performances de la méthode proposée sur des volumes IRM de synthèse et réels. Nous examinons, en particulier, sa capacité à répondre à notre problématique de détection des tumeurs cérébrales. Enfin, nous nous intéressons au conflit généré par la fusion des informations de voisinage. Nous montrons que ce conflit est une information à part entière améliorant la connaissance générale sur le système et proposons son utilisation au travers d'un « indicateur de frontières ».

En conclusion, nous dressons le bilan de ce travail et nous avançons un nouvel axe de recherche autour de la mise en coopération des informations de type *régions* obtenues par la segmentation et des informations de type *frontières* provenant du processus de fusion spatiale. L'utilisation conjointe de ces informations devrait alors permettre l'obtention d'un processus de segmentation plus complet.

Chapitre 1

L'imagerie cérébrale pour l'aide au diagnostic des tumeurs

Sommaire

1.1 Les	tumeurs cérébrales et leur diagnostic	6		
1.1.1	Quelques précisions de vocabulaire	6		
1.1.2	Le diagnostic de la tumeur	6		
1.1.3	La diversité des tumeurs cérébrales	7		
1.1.4	Imageries cérébrales pour le diagnostic des tumeurs	8		
1.1.5	Aide au diagnostic des tumeurs par traitement d'images	9		
1.2 L'in	nagerie par résonance magnétique	11		
1.2.1	Les principes physiques	11		
1.2.2	La formation des images	13		
1.2.3	Les différentes pondérations	14		
1.2.4	Incertitudes et imprécisions des images	17		
1.2.5	Conclusion	21		
1.3 Quelques exemples de tumeurs 21				
1.3.1	Cas 1: astrocytome de bas grade	21		
1.3.2	Cas 2: glioblastome	23		
1.3.3	Conclusion	24		
1.4 Conclusion				

Dans ce chapitre, nous introduisons les notions liées au contexte de notre étude : la segmentation d'images obtenues par résonance magnétique dans le cadre de la détection de tumeurs cérébrales. Dans un premier temps, après avoir précisé quelques termes de vocabulaire liés aux tumeurs cérébrales, nous présentons la démarche médicale du diagnostic. En particulier, nous exposons les différents signes observés et recherchés au cours du diagnostic ainsi que les différentes techniques d'imagerie utilisées pour le diagnostic (section 1.1). Puis, nous présentons l'imagerie par résonance magnétique, technique la plus utilisée en routine clinique, qui permet l'observation fine de l'anatomie cérébrale et de ses pathologies (section 1.2). Enfin, nous décrivons quelques cas cliniques de tumeurs cérébrales (section 1.3). Le lecteur pourra se référer à l'annexe A pour une rapide description de l'anatomie de l'encéphale humain.

1.1 Les tumeurs cérébrales et leur diagnostic

Cette partie constitue une courte présentation de la problématique médicale liée au diagnostic des tumeurs cérébrales. Après avoir précisé la terminologie employée, nous présentons la démarche médicale effectuée lors du diagnostic de tumeurs cérébrales. Nous observons en particulier la diversité des signes recherchés par les pathologistes. Enfin, nous nous intéressons à la classification de ces tumeurs.

1.1.1 Quelques précisions de vocabulaire

Une *tumeur* est une masse anormale qui résulte d'une multiplication accrue et non contrôlée de cellules. Une tumeur peut également être appelée lésion, néoplasme ou excroissance.

On distingue en particulier deux types de tumeurs : la tumeur *bénigne* et la tumeur *maligne*. La tumeur bénigne n'est pas un cancer. Elle se caractérise en particulier par son absence de croissance, d'invasion et de métastases. Cependant, elle peut s'aggraver et se transformer en tumeur maligne. Cette dernière se caractérise alors par son caractère envahissant, avec des proliférations de cellules vers les tissus environnants. Notons que les techniques d'imagerie de type IRM ne permettent pas d'observer la dissémination d'une tumeur (extension cellulaire de faible densité non perceptible par les capteurs utilisés).

Notre travail est axé autour de la segmentation des tumeurs *solides* cérébrales sur des images issues de l'imagerie par résonance magnétique. L'expression solide désigne une tumeur formée principalement d'une masse individualisée. Elle s'oppose ainsi aux tumeurs touchant les cellules sanguines, qui se propagent dans l'organisme, principalement dans la moelle osseuse, les ganglions ou le sang. On parle alors de tumeurs des tissus *mous*.

La qualification bénigne ou maligne d'une tumeur est, le plus souvent, réalisée au cours d'une biopsie des tissus cérébraux pathologiques. Par la suite, nous employons indifféremment les termes « tumeur » ou « lésion », sans considération sur leur caractéristique bénigne ou maligne.

1.1.2 Le diagnostic de la tumeur

Le diagnostic d'une tumeur s'inscrit dans une démarche clinique précise et complexe conduisant, par la suite, à une décision thérapeutique adaptée. Il se découpe en plusieurs étapes : suspicion, détection, observation, détermination de sa nature histologique...

Les signes cliniques accompagnant une tumeur cérébrale sont aussi nombreux que divers. Les symptômes varient considérablement d'un patient à l'autre en fonction du siège de la tumeur. Les plus fréquents sont les maux de tête avec nausées, un ralentissement physique et psychique, une faiblesse musculaire, une difficulté à parler ou une gêne visuelle. Des crises d'épilepsie peuvent être aussi la première manifestation d'une tumeur. Ces crises peuvent être limitées à des sensations ou à des mouvements involontaires (on parle alors de crises partielles); elles peuvent parfois entraîner une perte de connaissance (on parle alors de crises généralisées).

L'observation de ces signes conduit le médecin à effectuer un certain nombre d'examens parmi lesquels des examens radiologiques. On recherche alors des masses opaques, claires ou de densité anormale, signes d'un processus tumoral. Ce processus détecté, on détermine le nombre de lésions et leur topographie, puis, pour chacune d'elles, on recherche différentes caractéristiques telles que :

- la taille,
- la forme,
- la caractère infiltrant ou circonscrit,
- la localisation dans le cerveau et par rapport aux structures cérébrales environnantes,
- la composition; on cherche en particulier si celle-ci est homogène ou au contraire si les lésions présentent des kystes, du liquide ou encore des phénomènes nécrotiques.

Ces éléments ne sont pas les seuls recherchés sur les clichés. Différents signes indirects peuvent en effet être observés : présence d'œdème(s) à proximité de la tumeur, modifications topologiques et volumiques des structures anatomiques adjacentes... Ce dernier point concerne en particulier les noyaux de gris centraux, la matière blanche et les ventricules.

Cette énumération succincte nous fait percevoir que le diagnostic d'une lésion cérébrale est loin d'être trivial. Les signes cliniques liés à la pathologie cérébrale ainsi que son expression sont complexes et variés mais reflètent également la diversité histologique des tumeurs cérébrales.

1.1.3 La diversité des tumeurs cérébrales

L'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) a mis en place une nomenclature des tumeurs du système nerveux central dans le but d'aboutir, à terme, à une norme internationale [72].

Dans cette classification (tableau 1.1), le nom de chaque tumeur indique la cellule présumée d'origine : les *astrocytomes* dérivent des cellules ancillaires qui environnent les neurones ; les *oligodendrogliomes* dérivent des cellules qui produisent les gaines des fibres nerveuses ; les *épendymomes* dérivent des cellules du revêtement des ventricules qui contiennent le liquide céphalorachidien...

Chaque type de tumeur est ensuite associé à un grade, qui s'échelonne de I à IV, reflétant le pronostic général sur le comportement futur de la tumeur. Les tumeurs dites de bas grade (I et II) présentent les meilleurs pronostics. Les tumeurs de grade I sont des tumeurs circonscrites et ont un meilleur pronostic que les tumeurs de grade II qui sont non circonscrites (souvent appelées infiltrantes) et dont l'exérèse chirurgicale complète est souvent impossible du fait même des infiltrations. Les tumeurs dites de haut grade (III et IV) sont associées à une malignité importante.

1.1.4 Imageries cérébrales pour le diagnostic des tumeurs

Il existe trois grands types d'imageries fréquemment utilisées pour le diagnostic des lésions cérébrales. Chacun exploitant des propriétés physiques différentes, ils mettent en évidence des informations de natures différentes et sont donc utilisés en liaison avec le type de pathologie recherchée.

La tomographie à rayons X - L'image tomographique (*Computed Tomography*, CT), comme l'image standard à rayons X, est obtenue par la mesure de l'atténuation des rayons X à travers différents tissus. Cette atténuation dépend de l'épaisseur et de la composition des tissus traversés. De façon simple, les différents corps traversés sont l'air, la graisse, l'eau et l'os. Ces corps n'ayant pas la même composition atomique, ils répondent différemment aux faisceaux de rayons X: l'air atténue moins que l'os et l'eau plus que la graisse. À la composition atomique des corps, il faut ajouter l'influence de l'épaisseur des organes traversés, créant des zones plus ou moins grises sur les acquisitions.

Les images scanner sont définies suivant l'échelle d'absorption de Hounsfield, allant de -1000 à +1000. Le niveau -1000 correspond à la densité de l'air, le niveau 0 à celle de l'eau et le niveau +1000 à celle des os. Même si les densités s'échelonnent sur 2000 niveaux, ces derniers sont ré-échantillonnés au moment de l'affichage par la création de fenêtres de visualisation adaptées à la perception humaine.

L'image scanographique constitue souvent le premier examen dans le cadre du diagnostic des lésions cérébrales. Associée à des produits de contraste, elle donne une première idée de la localisation de la lésion. Dans certains cas, elle permet la détection de tuméfactions ou de saignements.



FIG. 1.1: Coupes cérébrales obtenues par un tomographe à rayons X

L'imagerie par résonance magnétique - L'imagerie par résonance magnétique, qui exploite les propriétés magnétiques des tissus, est certainement l'imagerie qui permet la meilleure distinction entre tissus sains et tissus pathologiques. Les performances des imageurs actuels offrent des images de hautes résolutions, apportant ainsi une précision spatiale bien supérieure à celle des images scanographiques. De plus, la possibilité de reconstruire des volumes à partir des images offre aux médecins un point de vue de la tumeur particulièrement utile pour le diagnostic. L'ensemble de ces qualités fait de l'imagerie par résonance magnétique, la technique d'imagerie la plus utilisée en routine clinique. Celle-ci sera détaillée dans la section 1.2. L'imagerie scintigraphique - L'imagerie scintigraphique fait partie des méthodes dites *fonctionnelles*, car elle permet d'étudier le transport, la distribution, le métabolisme et la durée de vie d'une substance dans l'organisme et de ce fait, le fonctionnement de l'organisme lui-même. C'est une technique d'exploration qui exploite les propriétés radioactives de la matière. Cette technique invasive consiste à injecter au patient une certaine dose de produit radioactif qui se fixe de manière non définitive sur les organes et tissus cibles. Les produits injectés seront différents selon la pathologie et l'organe concerné. L'image scintigraphique est alors une représentation des rayonnements émis par les éléments radioactifs injectés.

Il existe différentes techniques de médecine nucléaire. Elles se différencient par leur mode d'acquisition et l'élément radioactif mesuré. Citons, à titre d'exemple, la *Tomoscintigraphie* ou SPECT (*Single Photon Emission Counter Tomography*) qui mesure l'émission des rayonnements γ et la *Tomographie par Émission de Positons* (TEP) qui mesure les rayonnements β +.

Également utilisée pour la détection des lésions cérébrales, l'image scintigraphique peut s'avérer plus efficace que l'imagerie scanographique ou par résonance magnétique notamment dans le cas de tumeurs récurrentes. De plus, elle permet, dans certains cas, de déterminer la bénignité ou la malignité d'une tumeur.



FIG. 1.2: Coupe scintigraphique (fausses couleurs)

1.1.5 Aide au diagnostic des tumeurs par traitement d'images

La numérisation des acquisitions issues des différentes techniques présentées ci-dessus offre la matière au développement de systèmes automatiques d'aide au diagnostic. Dans le cas particulier du diagnostic des tumeurs cérébrales, cette aide consiste à détecter et à localiser précisément les tumeurs sur les clichés radiologiques. Il s'agit donc de développer des méthodes de segmentation capables de séparer les zones tumorales (composées de la ou des tumeurs et d'éventuels œdèmes) des structures anatomiques saines (principalement la matière blanche, la matière grise et le liquide céphalo-rachidien).

	grade I	grade II	grade III	grade IV
Tumeurs des astrocytes				
astrocytome giganto-cellulaire subépendymaire	×			
astrocytome pilocytique	×			
astrocytome		×		
xanthoastrocytome polymorphe		×	×	
astrocytome anaplasique			×	
glioblastome				×
Tumeurs des oligodendrocytes				
oligodendrogliome		×		
oligodendrogliome anaplasique			×	
Tumeurs des oligoastrocytes				
oligoastrocytome		×		
oligoastrocytome anaplasique			×	
Tumeurs épendimales				
subépendymome	×			
myxopapillary	×			
épendymome		×		
épendymome anaplasique			×	
Tumeurs des plexus choroïd				
papillome	×			
carcinome			×	×
Tumeurs neuronales & gliales				
gangliocytome	×			
gangliogliome	×	×		
desmoplastic infantile ganglioglioma	×			
tumeur neuro-épithéliale dysembryoplasique	×			
neurocytome central	×			
Tumeurs pinéales				
pinéocytome		×		
pinéocytome/pinéoblastome			×	×
pinéoblastome				×
Tumeurs embruonnaires				
médulloblastome				×
autres PNETs				×
médulloepithelioma				×
neuroblastome				×
épendymoblastome				×
Tumeurs des nerfs craniens & spinaur				
schwannome	×			
tumeur maligne des gaines périneurales			×	×
Tumeurs des méninaes				
méningiome	×			
méningiome atypique		×		
papillary meningioma		×	×	
hémangiopéricytome		×	×	
méningiome anaplasique			×	

TAB. 1.1 – Classification des tumeurs par grade

1.2 L'imagerie par résonance magnétique

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) constitue une des avancées les plus significatives en médecine; elle est issue des travaux sur les propriétés magnétiques des noyaux des atomes menés par F. Bloch et E. Purcell [17] en 1946. Aujourd'hui, elle constitue une technique privilégiée pour l'observation *in vivo* des structures anatomiques cérébrales et de leurs pathologies. Soulignons que cette technique a été tout récemment récompensée au travers du prix Nobel de Médecine 2003 attribué à P. Lauterbur et P. Mansfield, à l'origine de l'utilisation du phénomène de résonance magnétique en imagerie médicale et au travers du prix Nobel de Physique 2003 attribué à A. Abrikosov et V. Ginzburg pour leurs travaux sur les supraconducteurs¹.

1.2.1 Les principes physiques

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

Moment magnétique des noyaux

L'existence du moment magnétique des noyaux a été montrée simultanément par Bloch et Purcell. Le corps humain étant constitué en moyenne de 70% d'eau, on s'intéresse en pratique à la molécule d'eau et en particulier au noyau d'hydrogène (proton).

Le noyau d'hydrogène se comporte comme une charge en rotation autour de son axe: c'est le mouvement de *spin* (figure 1.3). Les protons peuvent alors être assimilés à des dipôles magnétiques. En l'absence de tout champ magnétique, ceux-ci vont s'orienter dans l'espace de façon aléatoire. Ce mouvement confère au noyau un moment cinétique qui dépend de sa masse et un moment magnétique qui dépend de sa charge.



FIG. 1.3: Le mouvement de spin

Dans un champ magnétique B_0 , les protons s'orientent alors par rapport à B_0 et décrivent autour de ce champ un mouvement de précession, de vitesse angulaire constante. L'ensemble des protons s'orientant dans le sens de B_0 forme alors une sous-population de spins +1/2; l'ensemble

^{1.} Les supraconducteurs constituent le matériau de base de l'aimant générant le champ magnétique B_0 .

s'orientant dans le sens inverse forme la sous-population de spins -1/2. La sous-population de spins +1/2 étant la plus importante, il existe une aimantation résultante M_0 proportionnelle au nombre de protons présents. M_0 ne possède qu'une composante longitudinale, dans le sens de B_0 (figure 1.4).



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

Phénomènes de résonance et de relaxation

Les phénomènes de résonance et de relaxation sont liés au principe énergétique de la matière. Lorsque des protons, placés dans un champ magnétique, reçoivent un apport d'énergie sous la forme d'ondes radiofréquences de pulsation égale à leur fréquence de résonance et émises par un champ magnétique B_1 , ils passent d'un niveau bas d'énergie à un niveau haut d'énergie; cette transition correspond au phénomène de résonance magnétique. L'orientation du champ magnétique résultant change et passe à un nouvel état d'équilibre M tant que B_1 dure. On décompose alors M en un moment magnétique longitudinal M_L et en un moment magnétique transversal M_T . Le retour à l'équilibre des protons, la relaxation, lors de la disparition du champ magnétique B_1 , s'accompagne d'un mouvement en spirale des protons autour du champ magnétique B_0 . Bloch a montré que l'évolution de ce mouvement est liée au temps de relaxation longitudinal T_1 et au temps de relaxation transversal T_2 (figure 1.5). Les valeurs de ces derniers dépendent des tissus biologiques rencontrés (tableau 1.2)..

	T_1	T_2
liquide céphalo-rachidien	2500 ms	$2000 \mathrm{ms}$
matière grise	900 ms	$90 \mathrm{ms}$
matière blanche	$750 \mathrm{ms}$	$80 \mathrm{ms}$
graisse	300 ms	$40 \mathrm{ms}$

TAB. 1.2 – Ordre de grandeur des temps de relaxation à 1.5 Tesla



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

1.2.2 La formation des images

Pour constituer une image IRM, on soumet le patient à un champ magnétique B_0 et à une onde radiofréquence B_1 de fréquence égale à la fréquence de précession des protons. Sous l'effet de cette onde, les protons basculent d'un angle α , généralement de 90° ou de 180° par rapport à M_0 . À l'arrêt de l'impulsion, le retour à l'équilibre s'établit : il y a réduction rapide du moment transversal M_T et repousse du moment longitudinal M_L . Pendant ce retour à l'équilibre, le proton continue à précesser et induit un champ magnétique FID (Free Induction Decay). C'est ce signal qui est recueilli par les bobines de réception puis transformé en signal électrique (figure 1.6).



FIG. 1.6: Signal FID recueilli par les bobines réceptrices

L'image numérique IRM représente ainsi la répartition spatiale d'une grandeur physique : chaque élément d'une coupe correspond à la représentation de l'aimantation nucléaire d'un volume de l'espace exploré. Ces éléments sont habituellement appelés *pixels* quand on considère individuellement une coupe et *voxels* quand on considère le volume constitué de l'empilement des coupes.
La problématique liée au codage de l'image est alors de savoir différencier les signaux issus des différentes zones examinées. Ce codage est réalisé grâce au couplage de trois gradients différents :

- le gradient de coupe sélective sélectionne le plan de coupe, celui-ci pouvant être quelconque dans l'espace,
- le gradient de codage de phase sélectionne les lignes dans le plan de coupe sélectionné,
- le gradient de fréquence sélectionne les colonnes dans le plan de coupe sélectionné.

L'orientation des coupes, qui dépend en particulier du gradient de coupe sélective, varie en fonction de la pathologie recherchée. On retrouve cependant trois orientations principales : axiale, coronale et sagittale (figure 1.7).



FIG. 1.7: Plans axial, coronal et sagittal (de gauche à droite) sur une acquisition en T_1

1.2.3 Les différentes pondérations

Nous pouvons identifier les paramètres qui influencent le contraste de l'image IRM en deux grandes classes :

- La première est constituée de paramètres intrinsèques liés directement aux tissus observés. Il s'agit de la densité en protons ρ , des temps de relaxation T_1 et T_2 , de la présence d'un agent de contraste ou encore de la vitesse des fluides circulant.
- La seconde est constituée de paramètres liés à l'appareil lui-même (en particulier l'intensité et la constance du champ magnétique B_0) et à la séquence d'acquisition. Cette dernière dépend essentiellement du temps de répétition T_R séparant deux impulsions de l'onde radiofréquence B_1 et du temps d'écho T_E séparant l'impulsion de la lecture du signal. Parmi les séquences classiques, on distingue les séquences *spin écho, écho gradient* et *inversionrécupération*. Pour plus de détails, le lecteur pourra se référer à [58, 74].

Parmi ces paramètres, seuls les paramètres d'acquisition sont modulables et conduisent à l'obtention d'images dites « pondérées en T_1 », « pondérées en T_2 » ou encore « pondérées en ρ ». Bien qu'elles ne soient pas uniques, nous nous limitons à la description de ces pondérations, correspondant à celles utilisées dans nos travaux (figure 1.8).



(a) pondération en T_1 (b) pondération en T_2 (c) pondération en ρ

FIG. 1.8: Une même coupe obtenue sous différents paramètres d'acquisition

Image pondérée en T_1

Pour des T_R de l'ordre de 600 ms, le contraste entre les tissus dépend essentiellement de leur vitesse d'aimantation, donc de T_1 . Pour des T_E d'environ 20 ms, les différences de décroissance du signal entre les tissus n'ont pas le temps de s'exprimer, rendant le contraste indépendant de T_2 . Ainsi, on obtient une image pondérée en T_1 , où les tissus sont ordonnés par niveaux de gris croissants en liquide céphalo-rachidien, matière grise puis matière blanche.

Image pondérée en T_2

Pour des T_R de l'ordre de 2 s et des T_E d'environ 90 ms, la décroissance du signal domine la différence de densité protonique entre tissus. Le signal est alors suffisant pour réaliser une image dite pondérée en T_2 , où les tissus sont ordonnés par niveaux de gris croissants en matière blanche, matière grise puis liquide céphalo-rachidien.

Image pondérée en densité de protons ρ

Pour un T_R de l'ordre de 2 s et un T_E court d'environ 20 ms, la différence de densité protonique entre la matière grise et la matière blanche s'exprime. On obtient une séquence qui reflète la localisation et la concentration des noyaux d'hydrogène des différentes structures. Les tissus sont ordonnés par niveaux de gris croissants en matière blanche, matière grise puis liquide céphalorachidien.

Influence du produit de contraste Gadolinium

L'injection de gadolinium présente un intérêt majeur dans le diagnostic des tumeurs cérébrales. En effet, sans ce produit de contraste, une image peut ne pas refléter la présence de la tumeur. La fixation du gadolinium, en modifiant les propriétés magnétiques des éléments, transforme leur réponse au champ radiofréquence en raccourcissant le T_1 et en créant de l'hypersignal² (figure 1.9). En T_2 , l'injection de gadolinium soit ne modifie pas le contraste des lésions, soit, à de fortes concentrations, « éteint » l'hyper-signal spontané.

Même si le gadolinium permet la création d'un hyper-signal au niveau de la tumeur, il faut néanmoins utiliser cette information avec prudence. D'une part, l'hyper-signal ne peut s'exprimer qu'aux endroits où le gadolinium a circulé; or, certaines tumeurs sont partiellement ou totalement imperméables à ce produit (figure 1.9-b). D'autre part, l'injection de gadolinium sous-estime le volume de la lésion. Dans ces deux cas, on mesure donc l'intérêt de réaliser une acquisition en T_2 complémentaire.





FIG. 1.9: Intérêt d'une acquisition avec injection de gadolinium

Ces deux cas représentent une coupe pondérée en T_1 et la même après injection de gadolinium. Dans le premier cas, le gadolinium a parfaitement rehaussé la tumeur. Dans le second, seule une partie de la tumeur est mise en évidence. Ceci illustre à la fois l'intérêt d'une acquisition après injection du produit de contraste mais aussi la prudence qu'il faut observer lors de l'analyse des clichés.

^{2.} Par la suite, une acquisition de pondération T_1 réalisée avec injonction de gadolinium sera appelée T_1 Gado.

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

1.2.4 Incertitudes et imprécisions des images

Les images IRM permettent une observation de qualité de l'anatomie cérébrale. En particulier, la résolution des images obtenues par cette technique est bien supérieure aux résolutions des images tomographiques (scanner, TEP, SPECT...). De plus, l'IRM, particulièrement sensible à de faibles modifications anatomiques, permet un suivi des tumeurs et de leur évolution. Cependant, comme toute image issue d'un système d'acquisition, les images IRM sont impar-

Cependant, comme toute image issue d'un système d'acquisition, les images fRM sont imparfaites. L'incertitude et l'imprécision sont alors leurs deux principaux défauts. Souvent confondues, ces deux notions sont pourtant distinctes. L'*imprécision* concerne le contenu de l'information et porte sur un défaut quantitatif. Les connaissances sur le contenu des informations ne sont pas suffisamment précises. Les causes peuvent être diverses : manque de précision d'un capteur (mesure à x% près) ou manque de précision du langage ou du vocabulaire employé (clair, sombre)...L'*incertitude*, quant à elle, ne caractérise pas la donnée mais la confiance que l'on peut lui attribuer. Par exemple, cela concerne la fiabilité d'un capteur.

Dans les paragraphes suivants, nous traitons des principales causes d'incertitudes et d'imprécisions liées à l'utilisation de l'IRM.

Le système d'acquisition

La première cause d'incertitudes et d'imprécisions est naturellement le système d'acquisition. Dans l'univers du traiteur d'images, on retrouvera alors ces défauts sous la terminologie de bruit d'acquisition. De bande passante très large, il est assimilable à un bruit blanc [74]. Il s'observe en particulier sur des régions uniformes de l'image correspondant à une structure anatomique unique. Sur la figure 1.10, issue d'une coupe coronale pondérée en T_1 , on peut observer le bruit sur des zones telles que le corps calleux ou les ventricules latéraux.

Le bruit des images IRM se mesure grâce au rapport signal sur bruit³ (RSB). On ne peut cependant pas évaluer l'influence du bruit par ce seul paramètre sans faire référence au contraste

^{3.} Signal Noise Ratio (SNR)



FIG. 1.10: Observation du bruit

et à la résolution de l'image. En effet :

- l'intensité du signal est directement liée à l'intensité du champ magnétique B_0 ;
- le RSB diminue avec l'augmentation de la résolution des images (diminution de la taille des voxels);
- le RSB est proportionnel au nombre d'accumulations (rapport de \sqrt{n}). Cependant, l'amélioration du RSB se fait au détriment du temps d'acquisition. À titre d'exemple, l'augmentation du RSB par 2 multiplie le temps d'acquisition par 4. Cet allongement peut alors poser des problèmes en routine clinique, le temps d'acquisition devenant trop long pour les patients.

Différents traitements numériques tels que le filtre moyenneur, le filtre médian ou encore le filtre anisotropique [97] peuvent être appliqués afin de réduire le bruit des images. Il faut cependant veiller à travailler sur des voisinages de petites tailles afin de préserver les contours et les fines structures. Une autre façon d'aborder le problème lié au bruit est de le considérer comme étant une partie intégrante du signal à analyser. Le bruit permet alors une modélisation statistique [52] des lois radiométriques associées à chaque tissu.

Un autre phénomène de bruit peut être noté. Il s'agit du repliement de l'image (*aliasing*) qui apparaît lors de la reconstruction des images en cas de sous-échantillonnage du signal [74]. Ce phénomène se traduit par un phénomène d'écho qui peut s'observer en particulier sur les coupes axiales supérieures (figure 1.11). Ce bruit contribue à augmenter l'incertitude sur les données.

Phénomène de dérive

Le phénomène de dérive est une cause importante d'incertitudes. Ce phénomène se traduit sur les images par des variations importantes du niveau radiométrique moyen au sein d'une même structure. Sa principale origine est une dérive du champ radiofréquence des bobines lors de l'acquisition des images. Un moyen de lutte préventif est alors de régulièrement contrôler la qualité des acquisitions et de réaliser des étalonnages. Or, le temps d'immobilisation de l'imageur, induisant des coûts financiers et un retard dans les routines cliniques, réduit dans la pratique le nombre de ces contrôles.



FIG. 1.11: Phénomène de repliement du spectre

Cette coupe axiale supérieure représente le haut du crâne d'un patient. On voit apparaître en surimposition l'écho d'une coupe basse du volume acquis (les contrastes de l'image sont modifiés de façon à accentuer le phénomène).

Bien que n'ayant pas ou peu d'effet sur la qualité du diagnostic, puisque l'œil du spécialiste corrige de lui-même les défauts des images, la dérive pose de sérieux problèmes lors des post-traitements numériques, en particulier pour les segmentations basées sur la seule intensité des points. Une étude de Meyer et al. [93] montre que les variations dues au phénomène de dérive sont de l'ordre de 30% de l'intensité radiométrique. Différents effets de l'hétérogénéité du champ sont décrits par Kohn et al. [73].

Notre propos n'est pas ici de faire une rétrospective exhaustive des méthodes de correction de l'hétérogénéité du champ mais simplement d'évoquer quelques techniques utilisées.

De façon générale, le biais induit par la dérive est modélisé par un champ multiplicatif [29, 142]. Une première approche consiste à estimer et corriger le biais en utilisant l'acquisition préalable d'un « fantôme » [7, 145]. Celui-ci peut alors être constitué d'un simple ballon de baudruche avec une balle à l'intérieur. L'image du fantôme est ainsi utilisée pour corriger le champ multiplicatif. Ces méthodes améliorent sensiblement la qualité des images. Cependant l'utilisation d'un fantôme suppose que la déformation due au système d'acquisition ne varie pas dans le temps ce qui, en pratique, n'est pas vérifié. De plus, ces méthodes ne tiennent pas compte des déformations imputables au patient lui-même.

Une deuxième catégorie d'algorithmes consiste à corriger les hétérogénéités en travaillant uniquement sur l'image acquise. Dans ce cadre, Vannier et al. [136] proposent une méthode de correction basée sur l'analyse des histogrammes de chaque coupe de l'image. Lim et al. [82] corrigent les hétérogénéités par une technique de lissage. Limitée à la zone « cerveau », l'image est lissée par un processus radial utilisant un large noyau gaussien. Une autre approche consiste à utiliser des filtres homomorphiques pour supprimer l'effet du champ multiplicatif [23]. Cependant, Brinkmann et al. montrent dans [23] que le filtrage homomorphique peut, dans certains cas, détériorer l'image plus que l'améliorer.

D'autres auteurs couplent la phase de correction des hétérogénéités avec une phase de segmentation. Dans [144, 142], Wells et al. proposent l'utilisation de l'algorithme Expectation-Maximization (EM) [32] pour estimer alternativement le biais et la segmentation statistique des images. Dans la phase d'*Expectation*, ils estiment la probabilité *a posteriori* des différents tissus, puis dans la phase de *Maximization* le biais de l'image. Dans [57], Guillemaud et al. modifient l'algorithme EM en introduisant une classe « autre »⁴ qui regroupe l'ensemble des points ne suivant pas une distribution gaussienne. Ils supposent alors que cette classe possède une densité de probabilité uniforme. Les résultats qu'ils obtiennent en termes de correction de biais sont alors plus robustes que ceux de Wells et al. mais restent eux aussi particulièrement sensibles à l'initialisation des paramètres.

Dans la même idée, Pham et Prince [99] estiment en deux temps le champ multiplicatif et la segmentation des images grâce à la minimisation d'une fonctionnelle proche de celle des Fuzzy-C-Means [14].

Effet de volume partiel

Enfin, parmi les causes d'imprécisions, nous pouvons citer l'effet de volume partiel. Cet effet est directement lié à la résolution des images. Lors d'une acquisition, il est fréquent qu'un voxel, image d'un volume élémentaire reconstruit, coupe une ou plusieurs zones anatomiques. Le voxel ne contient alors pas la représentation d'une structure unique mais le mélange de plusieurs structures. C'est l'effet de mélange partiel. Les transitions entre régions sont progressives en termes de niveau radiométrique (figure 1.12) et les frontières entre les différentes régions paraissent floues.



FIG. 1.12: Effet de volume partiel

L'effet de volume partiel se traduit par des transitions douces entre les différentes structures anatomiques.

Il devient alors difficile de fournir la vraie frontière entre régions [152]. Une conséquence de ce phénomène est alors la réduction de l'efficacité et de la fiabilité des mesures quantitatives des images.

De manière simple, l'augmentation de la résolution des images diminue l'effet de mélange partiel. Cependant, la qualité des appareils IRM n'est, à ce jour, toujours pas suffisante pour éliminer

^{4.} Selon la propre terminologie de Guillemaud et al.

totalement ce problème, en particulier pour les images du cerveau, composées de nombreuses structures fines.

1.2.5 Conclusion

Dans cette partie, nous nous sommes attachées à décrire l'imagerie par résonance magnétique. Après avoir énoncé les principes physiques qui la régissent, nous nous sommes successivement intéressées à la formation des images, aux différentes pondérations qu'offre cette technique d'imagerie et leur intérêt dans le cadre du diagnostic des tumeurs cérébrales, et enfin aux imperfections qui détériorent la qualité de ces images.

Dans la section suivante, nous exposons différents cas réels de pathologies cérébrales, mettant ainsi en évidence la complexité du diagnostic mais aussi la complémentarité des différentes pondérations. Les différents cas étudiés correspondent en particulier à des tumeurs difficiles à isoler précisément des autres structures du fait de leur nature infiltrante.

1.3 Quelques exemples de tumeurs

Dans cette section, nous présentons différents cas cliniques de tumeurs cérébrales, provenant d'un cédérom éducatif [146] produit par la société européenne de neuroradiologie (European Society of Neuroradiology). Pour chacun des cas, nous présentons le diagnostic établi par les médecins ainsi que diverses images utilisées pour établir ce diagnostic.

Notre objectif n'est pas de réaliser une expertise des tumeurs mais de présenter la difficulté de cette tâche tout en se familiarisant avec des images radiologiques. En particulier, on pourra observer la précision et la qualité des images IRM vis-à-vis d'images scanner ainsi que l'intérêt d'utiliser des images IRM complémentaires. Enfin, notons que les cas présentés dans cette section ne seront pas traités ultérieurement dans le cadre de notre étude, puisque seules quelques coupes sont disponibles.

1.3.1 Cas 1: astrocytome de bas grade

Le cas présenté sur la figure 1.13 correspond à un astrocytome de bas grade. Ce type de tumeur représente environ 5% des tumeurs intracrâniennes et se caractérise généralement par une masse hémisphérique non encapsulée et infiltrante. Souvent non accompagnés d'œdème, les astrocytomes de bas grade sont hyper-intenses en pondération T_2 et peu ou moyennement contrastés en pondération T_1 .

Le diagnostic complet d'une tumeur est constitué de plusieurs étapes, chacune d'entre elles permettant de l'affiner au fur et à mesure. Dans ce cas particulier, un examen radiologique de clichés scanner et IRM a été accompagné d'un examen chirurgical et d'un examen histologique. resonance magnétique sous une pondération de type T_1 (figure 1.13-b) et enfin par resonance magnétique sous une pondération de type T_2 (figure 1.13-c). Les flèches présentes sur l'ensemble des clichés montrent des points d'intérêts particuliers pour les médecins. Chacun de ces clichés fournit une information particulière utile au médecin pour l'établissement du diagnostic. En particulier, l'image scanner indique la présence d'une masse importante, légèrement rehaussée dans la région pariétale (α). Cependant, la résolution de l'image et le manque de dynamique dans l'image ne permettent pas d'aboutir au diagnostic et de localiser précisément les frontières de la tumeur. L'observation de la présence avérée d'une masse conduit alors à réaliser des clichés par résonance magnétique qui permettent de préciser la nature et la gravité de la tumeur. D'une part, l'image pondérée en T_1 met en évidence l'aspect non encapsulé et fortement inhomogène de cette tumeur (β). D'autre part, l'image pondérée en T_2 présente une masse tumorale hyper-intense et suggère la présence d'une masse de consistance plus dense à l'intérieur de la masse principale (γ). Le diagnostic radiologique met ainsi en évidence une tumeur d'apparence hétérogène, infiltrante, aux contours mal définis, symptomatique des astrocytomes.

Cet examen est ensuite complété par un examen chirurgical. Celui-ci a alors montré des infiltrations importantes de la tumeur vers le corps calleux et le système vasculaire. Les frontières de la tumeur sont contrastées : certaines parties sont parfaitement bien définies, d'autres au contraire sont floues.

Enfin, un examen histologique a confirmé qu'il s'agissait d'un astrocytome de grade II.

Dans cet exemple, nous nous sommes attachés à décrire le déroulement d'un diagnostic clinique. De plus, la comparaison entre une image scanographique et les images IRM nous montre l'intérêt de privilégier ces dernières pour localiser précisément les frontières de la tumeur.



(a) CT

(b) IRM en T_1

(c) IRM en T_2

FIG. 1.13: Un cas d'astrocytome de bas grade

1.3.2 Cas 2: glioblastome

La lésion présentée sur la figure 1.14 correspond à un glioblastome. Ce type de tumeur, de grade IV, est relativement fréquent puisqu'il représente 20% de toutes les tumeurs intracrâniennes. Survenant le plus souvent chez des patients entre 50 et 70 ans, les glioblastomes forment des masses molles et riches en vaisseaux sanguins. Souvent hétérogènes, ils présentent des nécroses et sont accompagnés d'œdèmes.

Comme pour le cas précédent, le diagnostic est composé de l'examen de clichés scanographiques confirmant la présence d'une masse, de l'examen des clichés IRM orientant la nature de la tumeur, d'un examen chirurgical et enfin d'un examen histologique. Dans la suite, nous restreignons la description du diagnostic aux seuls clichés obtenus par résonance magnétique.

Le diagnostic de cette lésion a nécessité des clichés pondérés en T_2 (figure 1.14-a), en T_1 (figure 1.14-b) et en T_1 avec adjonction de gadolinium (figure 1.14-c). Leur observation met en évidence les caractères complémentaires et redondants des différentes pondérations. Ainsi, l'acquisition pondérée en T_2 met en évidence une masse solide avec un signal hyper-intense sur la zone frontale inférieure (α_1) et un signal hypo-intense sur la partie supérieure (α_2). De plus, on remarque que la lésion est entourée sur la partie postérieure d'un œdème (α_3) qui compresse le ventricule latéral gauche. L'acquisition en T_1 indique la présence d'une lésion hypointense (β). Cette faible intensité conduit alors à la réalisation de nouveaux clichés pondérés en T_1 avec adjonction de gadolinium. Celle-ci montre un anneau fortement contrasté qui entoure la tumeur (γ). Ce dernier est fortement irrégulier et présente des saillies nécrotiques. La redondance des pondérations s'observe par le fait que chacun des clichés indique une part commune de la lésion cérébrale, même si celle-ci est représentée par un signal radiométrique d'intensité différente. De plus, la redondance s'observe bien évidemment au niveau des structures saines représentées sur chacune des pondérations.

L'observation de ce cas clinique est donc particulièrement intéressante car elle permet d'intégrer la nécessaire utilisation conjointe de différentes pondérations d'acquisition.



(a) IRM en T_2

(b) IRM en T_1

(c) IRM en T_1 Gado

FIG. 1.14: Un cas de glioblastome

1.3.3 Conclusion

La description de ces deux exemples nous a, d'une part, montré la capacité de l'imagerie IRM à fournir une observation de qualité de l'anatomie cérébrale et des zones pathologiques. D'autre part, l'observation de clichés de différentes pondérations, dans le cadre de l'étude d'un cas réel, nous a montré l'intérêt d'utiliser conjointement ces images dans le cadre du diagnostic. Les différentes pondérations sont en effet complémentaires et redondantes, permettant la création d'une information de synthèse et ainsi une meilleure détermination des frontières entre zone(s) tumorale(s) et structures saines.

1.4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons successivement introduit différents éléments indispensables au contexte de notre étude. Dans un premier temps, nous avons présenté la démarche clinique et mis en avant la diversité des signes recherchés pour le diagnostic tumoral. Puis, nous avons décrit la technique de l'imagerie IRM ainsi que ses principaux avantages et défauts pour la détection des tumeurs cérébrales. Enfin, nous avons présenté différents cas cliniques permettant de faire un lien pratique entre les différentes notions abordées précédemment.

Cette étude nous permet de mettre en évidence un certain nombre de difficultés inhérentes à notre problématique de segmentation des tumeurs cérébrales sur les images issues de l'IRM.

Tout d'abord, la segmentation de telles images, même en l'absence de tumeur cérébrale, est une tâche non triviale. Le cerveau est en effet un organe complexe, composé de différentes structures anatomiques qui s'entremêlent. De plus, la frontière physique entre ces différentes structures est particulièrement délicate à définir, même pour un œil expert.

Ensuite, même si l'imagerie par résonance magnétique représente un outil de visualisation de qualité des structures anatomiques *in vivo*, elle comporte, comme toute imagerie, des défauts qui dégradent la qualité et le rendu des acquisitions. Les défauts les plus nuisibles sont en particulier le bruit et le phénomène de dérive. En effet, ces défauts, corrigés par l'œil humain, vont influencer et perturber les traitements numériques automatiques de ces images.

Enfin, la segmentation et la détection des tumeurs cérébrales sont des tâches ardues du fait de la complexité de l'élément recherché; le nombre de tumeurs est variable, leurs formes et caractéristiques visuelles sont diverses et variées. De plus, une tumeur cérébrale n'est souvent que partiellement visible sur une image de pondération particulière. Son observation complète nécessite, dans la plupart des cas, de multiplier les acquisitions et les pondérations. Chaque image, qui peut être considérée comme une vue particulière de la zone cérébrale, fournit alors une part d'information. Utilisées conjointement, toutes ces images forment une information de synthèse permettant de détecter et localiser les frontières des zones tumorales.

Le traitement numérique des images permet aujourd'hui de mettre en place des systèmes d'aide au diagnostic. Ces systèmes consistent à segmenter précisément la zone tumorale, c'est-àdire à l'isoler des principales structures anatomiques. Cette segmentation doit bien sûr se faire de manière automatique, reproductible, précise et fiable. Ainsi, dans le chapitre suivant, nous présentons un état de l'art des différentes méthodes de segmentation des structures cérébrales et des tumeurs.

Chapitre 2

Segmentation des IRM cérébraux dans la littérature

Sommaire

	2.1.1	Quelques précisions de vocabulaire
	2.1.2	Segmentation d'IRM
2.2	État	de l'art du point de vue « Traitement d'images »
	2.2.1	Approches régions
	2.2.2	Approches contours
2.3	État	de l'art du point de vue « Reconnaissance des formes »
	2.3.1	Approches probabilistes
	2.3.2	Approches floues
	233	Approches évidentielles

Utilisées dans un contexte médical, les images IRM sont pour les médecins une source d'informations précieuse et conséquente, permettant l'analyse et le suivi des pathologies. En effet, ce type d'imagerie fournit, de façon non invasive, des représentations contrastées et de haute résolution de l'anatomie cérébrale, permettant ainsi son observation *in vivo*. Cependant, l'étude systématique et « manuelle » de clichés est longue et fastidieuse, et souffre de la variabilité d'interprétation des spécialistes. Ainsi, de nombreuses recherches ont été menées afin d'automatiser l'analyse des images; la segmentation en forme le point de départ.

Le contexte de notre étude repose plus particulièrement sur l'aide au diagnostic des tumeurs cérébrales. L'objectif visé est de détecter précisément la zone tumorale, c'est-à-dire de l'isoler des principales structures cérébrales. Notre problématique est donc de segmenter les tumeurs cérébrales à partir des images IRM. Cette segmentation doit naturellement être reproductible, précise et fiable.

Dans ce chapitre, nous présentons un état de l'art des différentes méthodes de segmentation des IRM cérébraux. Même si les tumeurs représentent notre principal objectif, il nous paraît difficile d'opposer la segmentation des tumeurs à la segmentation des structures saines. C'est pourquoi, cet état de l'art traite à la fois des méthodes dédiées à la segmentation des structures saines et des méthodes dédiées à la segmentation des tumeurs cérébrales.

2.1 Méthodes de segmentation

2.1.1 Quelques précisions de vocabulaire

Par nature, chaque point d'une image IRM est la représentation d'un volume élémentaire de l'espace. Cependant, nous appelons traitement *bidimensionnel* (ou 2D) un traitement réalisé sur une unique coupe et traitement *tridimensionnel* (ou 3D) un traitement réalisé sur un ensemble de coupes successives empilées; cet ensemble est alors considéré comme un volume. Nous réservons ainsi les termes *pixel* pour les traitements et applications 2D et *voxel* pour le 3D.

Lorsque les informations traitées se composent de plusieurs images ou volumes obtenus sous différents paramètres d'acquisition, le traitement est appelé *multi-échos* par opposition au traitement *simple-écho*.

2.1.2 Segmentation d'IRM

La segmentation d'images est un processus visant à décomposer une image en un ensemble de régions - ou *classes* ou *sous-ensembles* - homogènes au sens d'un ou plusieurs critères [27]. La couleur (ou le niveau de gris), la texture ou encore la forme sont des critères souvent retenus. Leur choix repose le plus souvent sur la nature des images traitées et les objectifs fixés.

Le problème de la segmentation des tumeurs sur les images IRM peut être abordé sous deux angles :

- considérer la tumeur comme le seul objectif de la segmentation et ainsi employer une méthode dédiée complètement à cette tâche;
- considérer la tumeur, et éventuellement les œdèmes, comme des entités particulières du cerveau; la segmentation consiste alors à isoler l'ensemble des structures cérébrales.

Cette dernière approche est prépondérante et abondante dans la littérature. Celle-ci présente des axes de recherche divers, couvrant de nombreux pans du traitement d'images et de la reconnaissance des formes. On remarquera cependant que, de manière générale, les techniques proposées se composent d'un assemblage de méthodes.

Dans le chapitre précédent, nous avons souligné la démarche diagnostique du radiologiste qui consiste à observer les images de différentes pondérations. Synthétisées de façon mentale, elles génèrent une information plus complète, permettant de localiser plus précisément les zones tumorales. Une approche immédiate en traitement de l'information est alors de calquer cette démarche et d'utiliser l'ensemble des informations disponibles. Complémentaires et redondantes, leur utilisation conjointe permet d'obtenir une information riche, améliorant la connaissance générale sur le système étudié et, par conséquent, les décisions prises. Ainsi, dans cet état de l'art, nous nous intéressons plus particulièrement aux méthodes de segmentation multi-échos, tout en étudiant, lorsque cela est possible, l'adaptabilité des méthodes simple-écho. De plus, il nous semble important, afin d'aboutir à la formation de régions cohérentes vis-àvis des structures anatomiques, de prendre en compte les informations contextuelles, intégrant ainsi la nature bidimensionnelle ou tridimensionnelle des données. Les méthodes tenant compte de cet aspect seront soulignées, le cas échéant.

Nous proposons ici de parcourir, de manière non exhaustive, différentes approches présentes dans la littérature. Dans un premier temps, nous abordons différentes méthodes de segmentation des images cérébrales IRM d'un point de vue « Traitement d'images » (section 2.2), puis nous traitons le point de vue « Reconnaissance des formes » (section 2.3). Au sein de ces deux parties, nous avons choisi, pour une meilleure lisibilité, de découper chaque approche en famille d'algorithmes. Le lecteur pourra se référer à l'annexe A pour une rapide description des différentes structures anatomiques cérébrales, cibles des différents algorithmes de segmentation.

Bien que nous présentions séparément les approches « Traitement d'images » et « Reconnaissances des formes », nous insistons sur leur complémentarité et non sur leur opposition. La nuance qui est faite repose sur les objectifs des traitements appliqués aux données. Dans le premier cas, il s'agit d'identifier la nature particulière d'un signal bidimensionnel, si on traite individuellement des coupes, ou tridimensionnel, si on considère le volume constitué de leur empilement. La rupture du signal sera alors représentative d'un contour, et l'homogénéité des niveaux radiométriques sera caractéristique d'une région... Dans le second cas, on s'attache plus particulièrement à définir des critères de classification de pixels ou de voxels, dans un espace d'attributs multidimensionnel. Ces approches ont, toutes deux, un but commun : la segmentation des images, et, en particulier ici, la segmentation des images issues de l'imagerie IRM.

2.2 État de l'art du point de vue « Traitement d'images »

Dans cette partie, nous abordons la problématique de la segmentation des images IRM du cerveau d'un point de vue « Traitement d'images ». Généralement, cette problématique peut être abordée sous deux grands axes duaux. D'un côté, les approches *régions* visent à localiser les zones homogènes des images, marquant la présence des régions. De l'autre, les approches *contours* recherchent les discontinuités des images, caractérisant la présence des frontières entre les régions.

2.2.1 Approches régions

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

Seuillages

Les méthodes de segmentation par seuillages visent à discriminer les individus (pixels ou voxels) en fonction de leurs niveaux radiométriques (niveaux de gris). Elles supposent donc, de manière implicite, que l'intensité des structures est suffisamment discriminante pour permettre leur bonne séparation. Le plus souvent, les seuils sont déterminés à l'aide d'une analyse d'histogrammes, localement ou globalement à l'image ou au volume.

Dans [152], Zijdenbos et al. présentent une revue des méthodes de segmentation des images IRM cérébrales dans laquelle les méthodes à base de seuillages sont largement traitées. Les structures visées sont variées : cerveau, liquide céphalo-rachidien, matière blanche, matière grise... [59, 96]. Si ces méthodes sont simples à mettre en œuvre, on remarque cependant qu'elles nécessitent bien souvent des post-traitements. Ainsi, dans [24], où la problématique est de segmenter le cerveau sur des images pondérées en T_1 , un seuillage automatique fondé sur l'analyse de l'histogramme de l'image est utilisé pour discriminer le cerveau du fond de l'image. Cependant, les contours définitifs de la zone cérébrale sont obtenus par opérations morphologiques et par l'utilisation d'informations a priori sur la localisation du cerveau. De même, dans [117], des séries d'analyses d'histogrammes, de seuillages et d'opérations morphologiques sont couplées pour successivement déconnecter le fond de la tête, le crâne du cerveau puis éliminer les éléments résiduels ne correspondant pas au cerveau¹ sur des images pondérées en T_1 . La méthode, testée sur des données simulées et réelles, est jugée, par les auteurs, simple, rapide et efficace. La segmentation de plusieurs volumes correspondant à un même sujet a montré une bonne reproductibilité des résultats.

Concernant la segmentation des tumeurs, les méthodes par seuillages sont peu nombreuses. Dans [67], des tumeurs de la matière blanche sont détectées par une approche utilisant un seuillage et des informations a priori sur les niveaux radiométriques des tumeurs. Dans un premier temps, les tumeurs sont grossièrement détectées par un seuillage des images pondérées en T_2 . De nombreux voxels correspondant à des fausses alarmes sont ensuite éliminés par un critère fondé sur des informations a priori sur les niveaux radiométriques des voxels proches de la tumeur, sur les images pondérées en ρ . Cette méthode, qui exploite indépendamment les images pondérées en T_2 et en ρ , permet une détection correcte des tumeurs de la matière blanche mais n'est cependant pas adaptée à la diversité des tumeurs cérébrales. De plus, les résultats obtenus sont très dépendants du seuillage initial, qui peut être défaillant en cas de bruit et de dérive. Dans [133], une méthode de segmentation automatique des principaux tissus cérébraux et des tumeurs est présentée. Exploitant indépendamment les pondérations en T_2 et en ρ , l'algorithme se compose de séries d'analyses d'histogrammes et d'opérations morphologiques. La tumeur est détectée en dernier lieu par un seuillage automatique sur les images pondérées en T_2 . Testé sur plus de 200 coupes, cet algorithme fournit des résultats jugés acceptables par des radiologistes experts. On notera cependant que les histogrammes présentés possèdent des modes particulièrement marqués, facilitant ainsi la détermination des seuils. Dans ce contexte, il est alors difficile de généraliser les performances de l'algorithme.

^{1.} Les analyses d'histogrammes consistent en l'estimation de distributions de probabilités gaussiennes par la méthode de Levenberg-Marquardt [100].

Les méthodes de segmentation par seuillages sont des méthodes rapides et simples à mettre en œuvre. Néanmoins, elles échouent lorsque les régions de recherche sont insuffisamment contrastées, lorsque les niveaux radiométriques des structures anatomiques se recouvrent ou encore lors de dérive du champ radiofréquence. Or, le recouvrement des niveaux radiométriques entre les différentes structures et le phénomène de dérive sont des défauts typiques de l'imagerie IRM (section 1.2.4), limitant *de facto* les performances de ces méthodes. Toutefois, des solutions peuvent être mises en place. En particulier, l'effet de la dérive peut être réduit par sa prise en compte lors de prétraitements ou simultanément à la segmentation [82]. De plus, l'absence de prise en compte de contraintes de voisinage rend ces méthodes très sensibles au bruit, les régions obtenues pouvant alors être sémantiquement peu cohérentes. Enfin, même si théoriquement les méthodes à base de seuillages peuvent s'appliquer à des volumes multi-échos, elles n'exploitent, pour la plupart, qu'une seule pondération ou exploitent indépendamment les différentes pondérations, sans réelle exploitation de leur complémentarité [67, 133]. Ceci est alors particulièrement pénalisant dans le cadre de la recherche de tumeurs cérébrales.

En dépit de leurs avantages, les méthodes de segmentation par seuillages ne semblent donc pas adaptées pour, à elles seules, segmenter les principales structures anatomiques et les éventuelles pathologies. Leur utilisation nécessite, en particulier, la prise en compte d'informations locales, liées au voisinage d'un pixel ou d'un voxel.

Croissance de régions

Les algorithmes de croissance de régions sont fondés sur l'agrégation progressive des pixels ou voxels à partir d'un point initial appelé « germe », selon un critère. Les points voisins du germe sont successivement examinés; s'ils vérifient le critère d'agrégation, ils sont inclus à la région et deviennent à leur tour un germe; dans le cas contraire, ils sont rejetés. Le critère est le plus souvent un critère local basé sur les niveaux radiométriques des points.

Les méthodes fondées sur la croissance de régions permettent aussi bien la segmentation de structures saines [112, 132] que la segmentation de structures pathologiques [63, 141].

Dans [132], Thiran et al. proposent une méthode de croissance de régions pour la segmentation du cerveau sur des images IRM tridimensionnelles. L'algorithme combine une croissance de régions fondée sur le principe des lignes de partage des eaux [27] avec une procédure de sélection automatique des germes. La croissance des régions est guidée, non pas par une information de type gradient, mais par les niveaux radiométriques de l'image. La segmentation obtenue permet alors des rendus de surfaces cérébrales ou la labellisation automatique de sulci² et gyri³.

Dans [112], le ventricule latéral et le troisième ventricule sont segmentés par croissance de régions et morphologie mathématique. La croissance de régions est guidée par des connaissances anatomiques *a priori* sur le système ventriculaire. Des tests sur la base de données Brainweb⁴ montrent un taux de recouvrement de 98% entre les segmentations obtenues et la vérité terrain.

Dans [141], Warfield et al. présentent une méthode d'identification des tumeurs de la matière blanche. Cette méthode suppose la segmentation préalable du cortex, de la matière grise et de la matière blanche. En particulier, le cortex est segmenté par croissance de régions, guidée par des

^{2.} Sulcus (n.m.), au pluriel sulci : sillon des lobes cervicaux.

^{3.} Gyrus (n.m.), au pluriel gyri: repli des lobes cervicaux.

^{4.} http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb/

connaissances anatomiques a priori sur la forme de la structure, ainsi que par des contraintes d'intensité et de gradient. Les lésions sont ensuite détectées par un maximum de vraisemblance. Dans [63], la croissance de régions est directement utilisée pour segmenter des lésions cérébrales de faibles intensités radiométriques sur des images pondérées en T_1 . Le critère de croissance est basé sur une mesure de contraste. L'originalité de cette approche est l'ajout d'un critère fondé sur la taille⁵ des régions de façon à éviter l'agrégation de zones anatomiques d'intensités radiométriques proches de celles de la tumeur (*e.g.* liquide céphalo-rachidien, os...). Si le taux de bonne classification d'environ 90% est considéré comme bon par l'auteur, notons que les tests n'ont été réalisés que sur trois volumes cérébraux. De plus, l'algorithme nécessite une forte intervention de l'opérateur pour placer le germe initial et définir les critères sur la taille des régions, critères difficilement appréciables et dont la pertinence est fortement corrélée à l'expérience de l'opérateur.

Tout comme les méthodes à base de seuillages, les segmentations par croissance de régions sont simples à mettre en œuvre, mais parfois coûteuses en temps de calcul. Leur avantage réside dans la prise en compte des informations contextuelles par le mécanisme de croissance et dans la possibilité d'introduire des informations de plus haut-niveau. Néanmoins, leur inconvénient est lié à la disposition des germes initiaux. En effet, celle-ci nécessite quasi-systématiquement l'intervention d'un opérateur, en particulier lorsqu'il s'agit de détecter des tumeurs, qui, par définition, n'ont pas de localisation *a priori* dans le cerveau, et sur lesquelles nous ne disposons d'aucune connaissance anatomique. Enfin, nous notons leur utilisation restreinte au contexte simple-écho.

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 Matheron [90] et Serra [114, 115].

Les outils de base de la morphologie mathématique [111] (érosion, dilatation, fermeture, ouverture...) se retrouvent fréquemment dans des méthodes de segmentation de l'enveloppe cérébrale [24, 52, 88, 133]. Ainsi dans [24], Brummer et al. utilisent des érosions, dilatations et étiquetages en composantes connexes à la suite de seuillages afin de déconnecter les structures non cerveau de la structure cerveau et d'affiner le masque initial. Dans [88], la morphologie mathématique est couplée à un processus de seuillage adaptatif fondé sur l'histogramme de l'image. Cette méthode est reprise dans [52] en ajoutant quelques opérations morphologiques de façon à garantir une meilleure robustesse aux variations anatomiques et des acquisitions.

Toujours dans [52], Géraud propose, à la suite de la segmentation du cerveau, de coupler seuillages et morphologie mathématique pour segmenter successivement le liquide céphalo-rachidien (ventricules et liquide des sillons) et la matière grise (cortex et noyaux de gris centraux) sur des images pondérées en T_1 . Les résultats obtenus sont jugés très corrects par l'auteur. Il modère toutefois ses propos du fait de la dépendance successive des segmentations et de la nécessaire connaissance des niveaux radiométriques pour la détermination des seuils.

^{5.} Exprimée en nombre de voxels.

La morphologie mathématique est rarement utilisée seule pour segmenter les structures cérébrales mais fait généralement partie d'une chaîne de traitements plus complexe. À notre connaissance, il n'existe pas de méthode directe de segmentation ou de détection des tumeurs par morphologie mathématique. Cette technique, qui s'appuie sur des informations *a priori* concernant la forme des objets à segmenter, ne semble donc pas adaptée à la recherche de zones tumorales, celles-ci étant, par nature, caractérisées par une grande variabilité de forme.

2.2.2 Approches contours

Contrairement aux approches régions, qui cherchent à former des zones homogènes, les approches contours travaillent sur les discontinuités des images afin de déterminer les contours des régions. Dans la suite, nous nous intéressons plus particulièrement aux méthodes dérivatives et aux méthodes fondées sur les modèles déformables.

Méthodes dérivatives

Les méthodes dérivatives permettent de détecter de manière simple les ruptures dans une image ou un volume. Les contours (ou surfaces en 3D) sont assimilés à des points de forts gradients ou de dérivées secondes nulles. On retrouvera alors des opérateurs tels que les filtres de Roberts [104], de Sobel [129] ou de Prewitt [101] pour le gradient et le Laplacien pour les dérivées secondes.

Parmi la diversité des opérateurs, celui de Marr-Hildreth [86] qui fournit des contours fermés, est plébiscité par de nombreux auteurs. Dans [20], Boman et al. utilisent une approximation de cet opérateur dans un processus de segmentation 3D. Les régions définies à partir des contours sont ensuite manuellement labellisées. Les structures cérébrales recherchées sont alors la peau, les os, le cerveau et le système ventriculaire. Malgré une bonne détection de la peau et du système ventriculaire, certains contours obtenus se trouvent décalés par rapport à la réalité anatomique. Dans ce cas particulier, une fermeture morphologique est recommandée.

Dans [110], le cerveau est segmenté en combinant un filtrage anisotropique, une détection de contours par l'opérateur de Marr-Hildreth et des opérations de morphologie mathématique. Une procédure identique est utilisée dans [130] comme préalable à la segmentation des différents tissus du cerveau sur les images pondérées en T_1 .

Les méthodes dérivatives, employées pour la segmentation des images IRM cérébrales, sont relativement peu nombreuses dans la littérature. Bien que rapides et ne nécessitant pas d'apport d'information *a priori*, elles ne permettent pas, en général, d'obtenir des contours fermés. Elles sont en effet très sensibles au bruit et à la dérive du champ radiofréquence. Leur efficacité repose sur l'existence de contrastes entre les structures recherchées. Si ceux-ci existent effectivement au niveau de la peau ou du système ventriculaire, ils sont beaucoup moins importants au niveau de la transition matière blanche - matière grise ou encore au niveau du liquide céphalo-rachidien périphérique. Enfin, ces méthodes fournissent fréquemment de la sous- ou de la sur-segmentation [30].

Modèles déformables

Les algorithmes de segmentation fondés sur les modèles déformables dérivent des méthodes de contours dynamiques introduites par Terzopoulos [68, 92]. Ils ont l'avantage, par rapport aux méthodes dérivatives, de fournir des contours ou surfaces fermés. Le principe de base est de faire évoluer un objet d'une position initiale vers une position d'équilibre par la minimisation itérative d'une fonctionnelle. Cette dernière permet de prendre en compte, par l'intermédiaire de forces externes et internes, des informations *a priori* sur la forme de l'objet à détecter. Les différentes méthodes de la littérature sont généralement dédiées, non pas à la segmentation de l'ensemble des principales structures du cerveau, mais à celle d'une structure particulière.

Dans [55], une surface dynamique discrète permet la segmentation de l'hippocampe dans le cadre du diagnostic de troubles tels que l'épilepsie. L'originalité de la méthode est d'introduire une nouvelle force externe fondée sur la recherche de minima locaux dans l'image permettant une déformation correcte du contour même lorsque l'objet recherché présente des discontinuités. Notons que la surface initiale est calculée à partir d'un ensemble de contours tracés par un opérateur. La segmentation a été validée par comparaison avec une segmentation manuelle experte. Dans [89], Marais et al. proposent un schéma de segmentation de l'arachnoïde (surface du cortex) adapté aux images anisotropiques. La méthode se fonde sur un modèle de frontière (*Active Shape Model*) contraint par des informations *a priori* sur la frontière recherchée.

Dans la même problématique, MacDonald et al. [85] traitent de la segmentation de la surface corticale. Des contraintes géométriques telles que la non-intersection des surfaces du modèle déformable et des contraintes anatomiques sur l'épaisseur du cortex sont intégrées dans le problème de minimisation. La surface du cortex et une bonne localisation des sulci sont ainsi obtenues, même en cas de bruit important. La méthode, testée sur plus de 150 sujets sains, a permis la création d'une carte 3D de la moyenne et l'écart-type de la surface corticale.

Dans [8, 9], un modèle déformable est utilisé pour la segmentation du cerveau (matière blanche et matière grise). L'originalité de la méthode est de considérer l'évolution du modèle comme un problème de propagation, résolu sous la forme d'équations aux dérivées partielles. La surface 3D est alors représentée par une fonctionnelle 4D implicite qui évolue au cours du temps en se propageant vers les contours désirés. Les pas de propagation et le poids des forces de contraintes de minimisation sont mis à jour à chaque itération par une adaptation aux données. Cette dernière est obtenue par l'utilisation simultanée des informations globales sur l'image (densités de probabilités) et des informations locales (radiométrie locale des points). L'initialisation est effectuée par un recalage par rapport à un atlas. Sur la base de données Brainweb, la méthode s'avère efficace même lorsque l'initialisation est éloignée de la surface optimale. Sur des données réelles, l'algorithme n'a échoué que lorsque le liquide céphalo-rachidien est trop fin pour correctement séparer la matière grise de la dure-mère et de la graisse.

Les modèles déformables sont, de manière générale, peu utilisés pour la segmentation des tumeurs cérébrales. Récemment, on peut cependant relever les travaux de [84] et [62]. Dans [84], un modèle déformable dérivé du modèle *Gradient Vector Flow*⁶ (GVF) est utilisé pour segmenter les tumeurs cérébrales sur des images pondérées en T_1 . Suite à une initialisation manuelle,

^{6.} Proposé dans [147], l'originalité du GVF repose sur le fait qu'il n'utilise pas directement l'image du gradient en tant que force externe mais l'image de la diffusion du gradient.

la déformation du modèle permet d'isoler la tumeur coupe à coupe, sans prise en compte de l'aspect tridimensionnel des données. Les performances de l'algorithme sont évaluées par le calcul du taux de recouvrement entre la segmentation obtenue et une segmentation experte. Les résultats montrent alors une amélioration des performances du modèle déformable en termes de bonne détection de la tumeur par rapport aux résultats précédemment obtenus dans [147]. Les différents cas de tumeurs présentés sont correctement détectés. Cependant, les cas d'études semblent se limiter aux tumeurs particulièrement homogènes. L'application d'une telle méthode aux tumeurs hétérogènes s'avère alors délicate.

Dans [62], l'originalité de la méthode repose sur l'initialisation automatique du modèle déformable et son mode de propagation. Dans une première étape, l'image de la différence entre une acquisition pondérée en T_1 et une acquisition pondérée en T_1 gado est utilisée pour établir une carte floue. Celle-ci, composée uniquement d'une classe « tumeur » et d'une classe « fond », permet la définition de la position initiale de la tumeur. La position de cette dernière est alors affinée par la propagation du modèle, guidée par la carte floue. Les résultats obtenus sur 5 volumes ont montré une bonne adéquation avec une segmentation manuelle experte. Des tests sur des nouvelles bases de données sont en cours. Bien qu'efficace pour les différents cas présentés, les performances du modèle déformable dépendent de façon importante de la carte floue. Or, sur les différents exemples présentés, la classe identifiée tumeur correspond, non pas à la tumeur tout entière, mais à l'anneau d'hyper-signal qui l'entoure, mis en évidence par le gadolinium. On peut alors se demander si le modèle déformable détecte effectivement toute la tumeur, i.e. l'anneau et l'intérieur de la tumeur, ou simplement l'anneau. Dans ce dernier cas, cette méthode est probablement défaillante lorsque l'anneau n'entoure pas complètement la tumeur.

Les méthodes de segmentation par modèles déformables s'avèrent efficaces pour la segmentation de structures anatomiques particulières. Elles permettent en effet de s'adapter à la forme complexe des structures grâce à l'enrichissement des contraintes de déformation. Cependant, ces méthodes restent relativement sensibles à leur initialisation (chutes dans des minima locaux). Face à ce problème, les auteurs tendent à inclure des procédures d'initialisation automatique de façon à réduire l'influence des opérateurs et augmenter la reproductibilité des résultats. Bien qu'ayant montré leur efficacité à segmenter les tissus sains, les modèles déformables semblent moins adaptés à la segmentation automatique de zones tumorales. D'une part, la variété des localisations des tumeurs rend l'initialisation automatique du modèle délicate ; on ne peut, contrairement aux structures saines, faire appel à des informations de localisation *a priori*. D'autre part, dans le cas de lésions multiples, l'utilisation de contraintes internes ne permet pas de modification de la topologie du contour ou de la surface qui ne peut donc pas s'adapter aux objets recherchés. Enfin, lorsque la lésion est non homogène, le modèle déformable peut tomber dans des minima locaux, et donc ne pas converger vers la zone recherchée. De plus, nous notons leur utilisation restreinte au contexte simple-écho.

2.3 État de l'art du point de vue « Reconnaissance des formes »

Les approches de segmentation présentées jusqu'ici rentrent dans le cadre d'une analyse des données d'un point de vue strictement « image ». Les éléments recherchés sont des régions ou des contours. Un autre point de vue est celui de la *reconnaissance des formes* qui traite du problème de la prise de décision dans des problèmes de classements [2]. De manière plus formelle, il s'agit du problème de la classification d'individus, définis par un ensemble de caractéristiques, parmi un ensemble de classes préalablement connues, définies ou non. Un problème de reconnaissance des formes nécessite alors [113]:

- de définir les paramètres constituant le vecteur forme $^7 x$, représentatif de l'état du système ; la dimension de x est celle de l'espace des caractéristiques ;
- de définir l'ensemble des états ou classes connus pour lesquels on dispose d'informations : modèle probabiliste de comportement, ensemble de vecteurs d'échantillons, *etc.*;
- de construire une règle de décision qui, à un vecteur forme x, associe soit la décision d'affecter une classe, soit la décision de rejeter toutes les classes connues, soit une non décision.

Dans le cadre de la segmentation des images IRM, le vecteur forme x correspond aux niveaux radiométriques du point étudié; la taille de ce vecteur est alors égale au nombre de pondérations utilisées pour la segmentation. D'emblée, on remarque la bonne adaptation de ce formalisme aux traitements multi-échos.

Parmi les approches de reconnaissance des formes, on distingue les méthodes *supervisées* pour lesquelles les caractéristiques des classes sont *a priori* connues et les méthodes *non supervisées* qui tendent à faire - d'elles-mêmes - l'apprentissage de ces caractéristiques. Les termes « apprentissage supervisé » et « apprentissage non supervisé » sont respectivement associés aux termes « classement »⁸ ou « discrimination », et « classification » ⁹.

Parmi ces méthodes, certaines offrent la prise en compte des informations contextuelles, ce qui les positionne donc dans un processus de segmentation et non plus dans le cadre de la discrimination ou de la classification.

Enfin, chaque méthode de reconnaissance des formes peut être décrite relativement à un fondement théorique, parmi lesquels on retrouve la théorie des probabilités, la théorie des sousensembles flous et la théorie de l'évidence ou théorie des fonctions de croyance.

2.3.1 Approches probabilistes

La théorie des probabilités, qui repose sur des bases théoriques solides et dispose d'un recul théorique et pratique important, est très prisée dans le cadre de la reconnaissance des formes. Les informations sont modélisées sous la forme d'une mesure de confiance appelée *probabilité*.

^{7.} Également appelé vecteur de caractéristiques associé aux données.

^{8.} Classification, en anglais.

^{9.} Clustering, en anglais.

Pour la segmentation des images IRM, ces approches probabilistes se fondent sur une modélisation statistique de la radiométrie des images. Chaque région de l'image, i.e. chaque structure anatomique, est associée à une classe dont on recherche les caractéristiques statistiques. Dans ce cadre, chaque observation est considérée comme le résultat d'un processus stochastique et est donc associée à une variable aléatoire. La problématique est alors celle de l'estimation des densités de probabilités à partir des observations et celle de la prise de décision connaissant ces densités.

Nous commençons par décrire les approches paramétriques, pour lesquelles les lois de probabilités possèdent des formes établies, puis les approches non paramétriques qui ne font pas d'a *priori* sur la forme des distributions.

Approches paramétriques

Les approches statistiques paramétriques sont largement présentes dans la littérature. Ce type de méthodes s'appuie sur la définition et l'estimation de densités de probabilités des vecteurs de caractéristiques associés aux données. Un label (ou *classe*, ou *hypothèse*) est alors attribué à chaque pixel/voxel des images, à partir de leur niveau radiométrique.

L'estimation des densités de probabilités, nécessaire à la détermination des labels, est généralement résolue par des critères tels que le maximum *a posteriori* (MAP) ou le maximum de vraisemblance (Maximum Likelihood Estimation - MLE). La difficulté principale est alors l'estimation des probabilités *a posteriori*. De façon pratique, et grâce à la théorie bayésienne, le problème sera résolu par l'estimation de la probabilité *a priori* de chaque classe et des probabilités conditionnelles aux observations.

Dans un cadre supervisé, les densités sont obtenues grâce à l'intervention d'un opérateur (segmentation par des experts, sélection manuelle de zones d'apprentissage...) [26, 135]. L'inconvénient majeur est alors la création d'un biais d'apprentissage lié à l'opérateur et le problème de la reproductibilité des résultats. La base d'apprentissage doit être suffisamment large pour estimer correctement les densités tout en étant suffisamment généraliste pour s'adapter à de nouvelles données. Dans un cadre non supervisé, un apprentissage automatique est nécessaire.

Pour traiter des images, une hypothèse classique est celle du modèle de mélange : on suppose que chaque classe, i.e. chaque région, de l'image suit une distribution particulière. La distribution de probabilité associée à l'image est alors considérée comme étant un mélange de densités de probabilités. De façon plus particulière, on retrouve en IRM cérébrale le modèle de mélange gaussien [15, 52, 54, 94, 143].

Notons que les méthodes de segmentation fondées sur des seuillages d'histogrammes peuvent, dans une certaine mesure, être vues comme des méthodes probabilistes. La problématique peut, par exemple, être celle de l'interpolation d'histogrammes par des gaussiennes. La détermination des seuils permet alors d'obtenir une classification des données.

Les régions recherchées sont généralement le fond, les os, la graisse, la matière blanche, la matière grise et le liquide céphalo-rachidien. Une revue de ces méthodes est faite dans [6, 152]. Dans le cas particulier où les tumeurs sont recherchées, elles sont considérées comme des points aberrants relativements à des densités gaussiennes (*outliers*). Ce point de vue est en particulier adopté dans [66, 76, 154].

Cependant, ces modèles statistiques, supervisés ou non supervisés, restent particulièrement vul-

nérables au bruit et à la dérive du champ radiofréquence, même si ce dernier défaut est parfois pris en compte et corrigé (cf. section 1.2.4). Afin d'améliorer la robustesse au bruit, certains auteurs proposent d'introduire des informations contextuelles dans la modélisation par le biais de la théorie des champs de Markov [49]. L'intégration d'informations de voisinage réduit alors les effets du bruit et régularise les résultats. Appliquées à la segmentation des IRM cérébraux, les structures cibles de ces méthodes sont les principales structures anatomiques [60, 77, 102] mais aussi les tumeurs [64, 76, 149].

Dans [149], les structures recherchées sont le liquide céphalo-rachidien, la matière blanche et la matière grise et éventuellement des tumeurs cérébrales. L'image est considérée comme un ensemble de régions homogènes ou à faibles variations radiométriques, entachée d'un bruit gaussien additif. Les paramètres de classes sont initialement estimés par l'algorithme de classification des k-moyennes [45, 83]. Les variations des niveaux radiométriques sont modélisées par l'intermédiaire de B-splines et le voisinage est pris en compte grâce aux champs de Markov. La segmentation est alors obtenue par une estimation itérative au sens du MAP qui alterne estimation des paramètres des B-splines et régularisation par l'algorithme *Iterated Conditional Modes* (ICM, [13]). Dans [64], la segmentation est dédiée à la mesure des zones pathologiques de patients souffrant d'adrénoleukodystrophie¹⁰. Une méthode originale d'estimation des paramètres à partir de l'analyse multi-échelles des histogrammes des images multi-échos est complétée d'une régularisation par champs de Markov.

Dans [76], la méthode automatique est dédiée à la détection des scléroses multiples sur des images multi-échos $(T_1, T_2 \text{ et } \rho)$. La méthode consiste à estimer les paramètres des classes des régions saines supposées gaussiennes et, simultanément, à détecter les scléroses multiples en les considérant comme des points aberrants. L'estimation du modèle de mélange est effectuée au cours d'une procédure itérative proche de l'algorithme EM. Celle-ci exploite des informations a priori sur la radiométrie des tissus sains par l'intermédiaire d'un atlas. D'autres informations a priori sur l'intensité radiométrique des lésions sur les images pondérées en T_2 et en ρ sont intégrées par l'intermédiaire d'un champ de Markov. Ces dernières informations permettent alors de séparer les points identifiés comme étant abérrants en deux classes : l'une correspond au liquide céphalo-rachidien et l'autre à la classe tumeur recherchée. Les comparaisons avec des segmentations manuelles expertes, réalisées sur 20 cas, ont montré que les taux de recouvrement des zones détectées tumeurs sont proches de 96%, ce qui constitue de bons résultats de segmentation compte tenu de la variabilité des segmentations manuelles. On notera toutefois que les résultats dépendent fortement de la valeur du seuil de sélection des outliers. De plus, cette méthode est uniquement dédiée à la segmentation des scléroses multiples qui présentent des caractéristiques communes et intégrables sous forme d'informations a priori. On ne peut donc pas la généraliser à l'ensemble des tumeurs cérébrales.

Certains auteurs [3, 64, 103, 106] enrichissent encore la modélisation des données en introduisant une distinction entre classes « pures » et classes de « mélanges ». Dans ce cas, seuls les tissus sains sont recherchés¹¹. Dans [106], Ruan et al. proposent une méthode de segmentation automatique

^{10.} Maladie neurologique ne touchant que les petits garçons.

^{11.} Si on considère uniquement les principales structures cérébrales, la connaissance de l'anatomie permet de limiter le nombre de classes de mélanges à: un mélange matière blanche/matière grise et un mélange matière grise/liquide céphalo-rachidien. Dans le cas de cerveau présentant des tumeurs, il est impossible de déterminer a priori les tissus en contact avec la pathologie et donc les classes de mélanges. De plus, si les classes de mélanges étaient considérées de façon exhaustive, le nombre de voxels de mélanges ne serait pas suffisamment important pour estimer correctement les caractéristiques des classes.

des images pondérées en T_1 en matière blanche, matière grise et liquide céphalo-rachidien. Les paramètres de ces trois classes pures et des deux classes de mélanges (matière blanche/matière grise et matière grise/liquide céphalo-rachidien) sont estimés à partir de l'histogramme des données. Différents types de résultats sont obtenus : segmentation floue permettant l'estimation des proportions de chaque classe, segmentation en cinq classes ou segmentation en trois classes. Le passage de la segmentation en cinq classes vers celle en trois classes est obtenu par une utilisation originale de paramètres multi-fractals permettant une meilleure discrimination des tissus cérébraux.

Les méthodes de segmentation fondées sur des approches statistiques paramétriques sont nombreuses. Reposant sur des bases mathématiques solides, elles permettent d'obtenir, à partir d'hypothèses *a priori* sur les distributions des classes, une estimation de leur densité et donc de la classe d'appartenance des points. Afin de pallier la faible robustesse au bruit et pour régulariser les résultats, des informations contextuelles peuvent être introduites via la théorie des champs de Markov. De plus, des paramètres tels que les volumes partiels peuvent être pris en compte dans la modélisation. Cependant, un inconvénient majeur de cette théorie réside dans le fait qu'elle nécessite la connaissance parfaite des probabilités et en particulier des probabilités *a priori*. Or, dans la pratique, ces probabilités ne sont qu'estimées et portent des incertitudes et imprécisions.

Approches non paramétriques

La particularité des approches probabilistes non paramétriques est leur capacité à discriminer les vecteurs formes en faisant peu d'hypothèses sur les densités de probabilités. Elles sont donc particulièrement bien adaptées lorsque les densités recherchées ne correspondent pas à des densités classiques ou paramétrables.

Nous nous intéressons plus particulièrement à deux algorithmes supervisés classiques : les fenêtres de Parzen et les K-Plus Proches Voisins (K-PPV) [28, 44, 46]. Ces deux algorithmes se fondent sur l'estimation de la probabilité, notée f, que la réalisation x d'un vecteur aléatoire X tombe dans une région particulière. Il a été montré que l'estimateur \hat{f} de f vérifie alors $\hat{f}(x) = \frac{r/N}{V}$ où r est le nombre de vecteurs formes présents dans le volume V et N le nombre total de vecteurs formes de l'espace des caractéristiques [46]. Grâce à la densité \hat{f} , il est possible d'estimer les lois a posteriori et donc de définir la classe d'appartenance associée à chaque vecteur forme :

- Ainsi, si le volume V est choisi autour de x, alors l'estimation de $\hat{f}(x)$ nécessite de compter le nombre de vecteurs formes qui appartiennent au volume. C'est la technique des fenêtres de Parzen.
- Si le nombre r est fixé, il faut trouver le volume V autour de x qui contient r vecteurs formes. C'est la méthode des K-PPV.

D'après l'état de l'art présenté par Zijdenbos et Dawant [152], peu d'auteurs utilisent les fenêtres de Parzen pour segmenter les images IRM. Dans [53], des approches automatiques sont confrontées à des approches supervisées. Les résultats de classification obtenus grâce aux fenêtres de Parzen sont comparés à deux méthodes automatiques fondées respectivement sur une maximisation de vraisemblance et sur une décomposition non supervisée d'un histogramme multidimensionnel en distributions de probabilités. Les résultats ont montré l'aptitude de ces méthodes

automatiques à classifier les images IRM du cerveau. Cependant, les classifications générées par ces méthodes sont estimées moins fiables que celles obtenues avec les fenêtres de Parzen. Dans [54], ces résultats sont étendus aux algorithmes de classification ISODATA [44]. Un peu plus récemment, les fenêtres de Parzen sont utilisées dans [143] pour estimer les densités des classes. Dans [60], cette méthode est reprise dans une procédure de classification incluant une approche markovienne.

Les méthodes de classification fondées sur les K-PPV sont, quant à elles, plus présentes dans la littérature. Dans [71], Kikinis et al. utilisent les K-PPV pour la quantification du liquide céphalo-rachidien. Dans [26], Clarke et al. remettent en cause la modélisation des classes par des distributions gaussiennes et préconisent des algorithmes tels que les K-PPV. Dans [15], une revue des méthodes de reconnaissance des formes pour la segmentation des images cérébrales est faite. L'algorithme supervisé K-PPV est alors comparé d'une part à une classification par maximum de vraisemblance et, d'autre part, à un réseau de neurones pour la détection des tumeurs sur des images multi-échos pondérées en T_1, T_2 et ρ . L'algorithme K-PPV s'est révélé être l'algorithme le plus efficace pour la détection de tumeur. De plus, les classifications semblent plus lisses et plus conformes aux réalités anatomiques. Toutefois, les résultats sont très dépendants de l'ensemble d'apprentissage. La formation de ce dernier nécessite notamment différentes passes, l'ensemble d'apprentissage retenu étant alors celui bénéficiant des meilleurs taux de classification. Enfin, dans [139], Velthuizen et al. préconisent l'utilisation d'algorithmes non supervisés pour la détection de tumeurs. Ils comparent les performances du K-PPV à deux algorithmes flous non supervisés. Des comparaisons avec des segmentations manuelles, réalisées par des experts, donnent l'avantage aux méthodes non supervisées. Non seulement, ces dernières détectent mieux les tumeurs et, de plus, elles sont indépendantes de toute manipulation des opérateurs.

Un des principaux avantages des méthodes probabilistes non paramétriques telles que les fenêtres de Parzen ou les K-PPV est leur grande capacité d'adaptation aux données puisqu'elles ne nécessitent pas d'apport d'informations *a priori* sur les formes des distributions. Cependant, elles souffrent de la difficulté à définir un apprentissage correct des données : la base d'apprentissage doit être suffisamment grande pour que la modélisation soit efficace, mais devient alors très fastidieuse. Elle est de plus très dépendante de l'opérateur et ne peut s'adapter aux données si ces dernières s'éloignent des données d'apprentissage ou en cas de bruit.

2.3.2 Approches floues

La théorie des sous-ensembles flous a été proposée par L. Zadeh en 1965 [150] pour représenter les informations imprécises. La notion de sous-ensembles flous a pour but de permettre une gradation dans l'appartenance d'un élément à une classe [21]. En d'autres termes, elle autorise un élément à appartenir plus ou moins fortement à une classe. L'appartenance à une classe s'exprime par l'intermédiaire d'un degré d'appartenance, compris entre 0 et 1 ; plus l'appartenance est forte, plus le degré est proche de 1, et inversement. Une caractéristique importante de la théorie des sous-ensembles flous est sa capacité à manipuler des informations de nature numérique (*e.g.* un niveau radiométrique) comme des informations de nature symbolique (*e.g.* proche, éloigné, au-dessus, en-dessous...). Particulièrement bien adaptée au traitement des images, la théorie floue a d'abord été utilisée à des fins de classification, en particulier avec l'algorithme Fuzzy-C-Means (FCM) [14]. Dans [139], l'algorithme FCM est testé et comparé à des méthodes supervisées - l'algorithme K-PPV et un algorithme de croissance de régions - pour la classification des zones tumorales sur des images multi-échos. Les résultats obtenus sur 10 volumes ont donné l'avantage au FCM, non supervisé. Bien qu'efficace dans de nombreux cas, le FCM possède les défauts caractéristiques des algorithmes de classification : choix généralement non trivial du nombre de classes, labels ne correspondant pas à une vérité sémantique, tendance à égaliser les proportions des classes. Pour pallier ces défauts, Bensaid et al. [11] proposent un algorithme semi-automatique permettant d'introduire la notion d'ensemble d'apprentissage. Cet apprentissage peut être de taille variable et son influence sur la classification plus ou moins importante. Dans [134], cet algorithme, appliqué à la classification des principaux tissus cérébraux et des tumeurs à partir de volumes multi-échos, est comparé à l'algorithme de classification FCM classique, non supervisé, et à l'algorithme K-PPV, supervisé. Les résultats obtenus sont qualifiés de prometteurs et montrent que l'algorithme cumule les avantages des méthodes supervisées et non supervisées : les classes

obtenues possèdent une sémantique vis-à-vis des images traitées, la proportion des classes est mieux respectée et l'algorithme est moins sensible au biais d'apprentissage que les algorithmes supervisés. D'autres variantes de l'algorithme ECM ent été proposées. Ainsi dans [08], la fonctionnelle class

D'autres variantes de l'algorithme FCM ont été proposées. Ainsi dans [98], la fonctionnelle classique est modifiée et prend en compte un champ multiplicatif représentant le biais dû à la dérive du champ radiofréquence. L'algorithme, utilisé pour la segmentation d'images simple-écho, obtient de meilleurs résultats que l'algorithme FCM classique.

Les algorithmes FCM, quelle que soit leur variante, souffrent cependant du manque de prise en compte d'informations contextuelles et fournissent des classifications dégradées en présence de bruit. Pour pallier ce défaut, une segmentation floue Markovienne est proposée dans [109] et appliquée dans [107] à la segmentation des principaux tissus et d'éventuelles tumeurs sur des volumes pondérés en T_1 . La différence fondamentale avec une modélisation Markovienne probabiliste est de considérer qu'un voxel est constitué d'un mélange de différents tissus et non d'un tissu unique. On passe ainsi d'une classification « dure » à une classification floue. Les informations de voisinage sont alors prises en compte de la même façon que dans le cadre de la segmentation Markovienne classique. Cette méthode est testée sur des volumes de synthèse, des volumes réels sains ou présentant des tumeurs. Les résultats obtenus, comparés à l'algorithme FCM, ont alors montré une meilleure robustesse au bruit et à la dérive du champ radiofréquence.

Certains auteurs font coopérer l'algorithme FCM avec des systèmes à base de règles, permettant ainsi l'intégration de connaissances *a priori* sur les entités recherchées. Dans [81], un système à base de règles corrige la classification initialement obtenue par l'algorithme FCM. Le système, entièrement automatique, se compose de différentes étapes séquentielles : isolation du cerveau, segmentation de la matière blanche avec repérage des ventricules, segmentation de la matière grise et du liquide céphalo-rachidien, puis il recherche si la coupe traitée contient ou non des anomalies pouvant provenir de la présence d'une tumeur. Les règles permettent alors d'améliorer la détection de la tumeur. Cependant, cette dernière n'est détectée qu'en dernier lieu, à partir des résultats préalablement établis. Une défaillance initiale peut alors nuire à la qualité de la détection de la tumeur. Notons, de plus, que ce système travaille uniquement coupe à coupe, sur des vues axiales. Il n'y a donc pas de réelle prise en compte de la nature volumique du cerveau en général, et des tumeurs en particulier. Dans [25], l'algorithme FCM et un système à base de règles coopèrent pour la détection de glioblastomes multi-formes, sur des images multi-échos. Comparés à une segmentation manuelle, les résultats ont montré une bonne adéquation avec la vérité terrain. Enfin, dans [61], les règles utilisées sont des règles floues tirant ainsi avantage de la capacité de la théorie des sous-ensembles flous à intégrer des informations symboliques. L'algorithme proposé couple l'approche FCM à des règles floues pour classifier les principaux tissus et deux types de lésions : celles résultant de chocs physiques sur le crâne, et celles liées au virus HIV. La méthode se compose alors de deux étapes. Dans la première, l'ensemble des tissus est classifié par l'algorithme FCM. Dans la seconde, les lésions sont repérées et étiquetées par le système à base de règles.

Enfin, on notera l'existence de système de gestion de connaissances par la théorie des sousensembles flous. Dans [52], une méthode fondée sur la gestion de connaissances a priori par des règles floues permet la reconnaissance progressive de structures telles que les ventricules latéraux, le troisième et le quatrième ventricules, le putamen et les noyaux caudés. Différents types d'informations sont pris en compte tels que les relations spatiales (distance et direction relative à un objet cible), la radiométrie attendue de l'objet recherché ou encore la région d'intérêt probable de cet objet. Dans [10], Barra et Boire proposent une méthode de segmentation automatique des structures cérébrales internes par fusion d'informations sur des images pondérées en T_1 . Les informations utilisées sont de types morphologiques, topologiques et concernent la constitution des différents tissus anatomiques. Elles proviennent des images elles-mêmes ainsi que d'experts et sont modélisées et fusionnées par la logique floue. Cette méthode, testée sur 14 volumes, permet en particulier la segmentation du thalamus, du putamen et des novaux caudés. Des comparaisons avec des segmentations manuelles ont montré une bonne cohérence des résultats. L'avantage de ces méthodes est d'intégrer au système des informations de haut-niveau permettant en particulier de prendre en considération des informations contextuelles et ainsi d'aboutir à une réelle segmentation. La principale difficulté est liée à la sélection des informations à intégrer au système, à leur modélisation et à la définition de règles adaptées, à la manipulation et à la fusion des informations.

Utilisées dans un cadre de classification, les approches floues permettent d'obtenir, de façon simple, une partition de l'espace des caractéristiques. L'avantage de ces méthodes par rapport aux classifications dites *dures* est de graduer l'appartenance des points aux différentes classes. Ceci permet en particulier de prendre en compte les effets de volumes partiels. Cependant, ces méthodes de classification ne tiennent généralement pas compte de contraintes contextuelles les rendant *de facto* très sensibles au bruit. Utilisées dans le cadre de la gestion de connaissances, la théorie des sous-ensembles flous offre un cadre adapté au traitement et à la fusion de données de nature symbolique et numérique.

2.3.3 Approches évidentielles

La théorie de l'évidence, plus connue sous le nom de théorie de Dempster-Shafer, est née des travaux de Dempster [31] sur les bornes inférieures et supérieures. Formalisée par la suite par Shafer [116], elle peut, dans une première approche, être vue comme une extension de la théorie des probabilités. Elle permet en particulier de traiter des informations imprécises et incertaines par le biais de masses de croyance qui modélisent la croyance que l'on possède sur un événement. Cette théorie, largement utilisée en fusion de données, fournit une palette d'outils permettant de combiner les informations provenant de différentes sources en tenant compte de la confiance que l'on peut placer en chaque source ainsi que des conflits éventuels existant entre celles-ci.

La littérature relate peu de méthodes de segmentation d'images IRM du cerveau par la théorie de l'évidence. Dans [75], Lee et Leahy proposent une méthode de segmentation multi-échos par la théorie de l'évidence. Les masses de croyance sont définies par l'intermédiaire d'une modélisation probabiliste des classes intégrant la notion de voisinage par la théorie des champs de Markov. La méthode évidentielle est comparée à une segmentation par MAP. Les résultats présentés concernent un volume cérébral présentant une tumeur. D'après les auteurs, les deux méthodes produisent des résultats satisfaisants avec un avantage pour la méthode évidentielle qui, visuellement, segmente mieux la zone tumorale. Dans [18], Bloch utilise la théorie de l'évidence dans un processus de classification double-échos de cerveaux pathologiques. L'originalité de la méthode repose sur la possibilité de décider pour une hypothèse simple ou pour une composition d'hypothèses. Plus récemment, Rombaut et Zhu proposent dans [105] une méthode de classification d'images IRM multi-échos $(T_2 \text{ et } \rho)$ fondée sur des analyses d'histogrammes. Pour chaque écho, une analyse de l'histogramme permet la définition d'une masse de croyance, pour laquelle le nombre d'hypothèses considérées dépend du nombre de modes dans l'histogramme. L'ensemble des masses de croyance est ensuite fusionné, permettant la prise de décision. Cet algorithme a été testé sur différents couples $(T_2 \text{ et } \rho)$ de coupes IRM présentant une lésion. Ces dernières sont visiblement bien détectées. On peut cependant noter que l'algorithme ne permet pas de séparer la matière blanche, la matière grise et le liquide céphalo-rachidien (seuls les ventricules latéraux sont isolés). Ceci laisse à penser que l'apprentissage automatique des classes à partir de l'histogramme n'est pas suffisamment précis pour distinguer l'ensemble des principales régions anatomiques; ceci est dû, en particulier, à l'existence nécessaire de modes bien distincts dans les histogrammes.

Les méthodes de segmentation des images IRM cérébrales fondées sur la théorie de l'évidence sont à ce jour encore peu nombreuses. Elles permettent cependant de manipuler avec une grande souplesse des données incertaines et imprécises telles que des données médicales. Leur avantage tient également en la possibilité qu'offre cette théorie pour fusionner des informations issues de différentes sources. Cependant, tout comme les méthodes précédentes, les résultats sont dépendants de la bonne modélisation des données et de leur robustesse vis-à-vis du bruit.

2.4 Conclusion

Dans cet état de l'art, nous avons présenté un certain nombre de méthodes dédiées à la discrimination, à la classification et à la segmentation des structures cérébrales saines, ainsi que des méthodes dédiées à la détection de pathologies cérébrales. La revue qui est faite ici n'est pas exhaustive mais nous avons essayé de mettre en évidence la diversité des approches abordées par les différents auteurs et d'en préciser les résultats les plus probants.

Cette diversité est représentative de la complexité du problème de segmentation des images IRM cérébrales, qu'il s'agisse de la segmentation des structures saines ou des structures pathologiques. Ces difficultés sont liées, d'une part, aux objets traités et, d'autre part, au particularisme des images IRM. Le cerveau est une entité complexe, composée de différentes structures enchevêtrées et sujettes à d'importantes variabilités. Les tumeurs, quant à elles, possèdent des caractéristiques de forme, de radiométrie et de localisation très diverses. De plus, dans notre problématique, nous nous intéressons plus particulièrement aux tumeurs infiltrantes, dont une des caractéristiques est de posséder des frontières mal définies avec les tissus sains. Enfin, concernant les images IRM, elles fournissent une représentation de l'anatomie cérébrale *in vivo* de qualité mais elles sont sujettes à des incertitudes et des imprécisions liées, en particulier, au bruit d'acquisition, au phénomène de dérive du champ radiofréquence du scanner, aux effets de volumes partiels...

Sans vouloir les opposer, nous avons présenté les méthodes de segmentation sous le point de vue « Traitement d'images » puis sous le point de vue « Reconnaissance des formes ».

Une caractéristique intéressante du traitement d'images est d'intégrer de manière implicite la nature bidimensionnelle ou tridimensionnelle des données traitées. Principalement utilisées pour la segmentation de structures saines, ces méthodes sont relativement peu employées pour la détection des tumeurs. On notera cependant les possibilités offertes par les méthodes de croissance de régions et de modèles déformables pour aborder cette problématique. Toutefois, l'une comme l'autre, ne sont utilisables que dans des contextes limités et demandent l'intégration d'informations *a priori* sur la zone recherchée et l'intervention d'un opérateur pour placer les germes initiaux ou pour initialiser le contour déformable.

Parmi les méthodes de reconnaissance des formes présentées, nous nous sommes limitées aux approches probabilistes, floues et évidentielles. Ces approches représentent en effet les principaux fondements théoriques utilisés pour manipuler des informations imprécises et incertaines, telles que le sont les images par résonance magnétique. Cependant, d'autres approches existent et en particulier les méthodes fondées sur les réseaux de neurones. Encore peu utilisées, elles font leur apparition dans le contexte du traitement des images IRM mais se limitent à la classification des tissus sains.

Quelles que soient la théorie sous-jacente et les régions d'intérêt recherchées, les différentes expériences et comparaisons présentes dans la littérature invitent à préférer les approches non supervisées par rapport aux approches supervisées trop dépendantes de l'opérateur. C'est le point de vue que nous adoptons également. Qu'il s'agisse de rechercher les tissus sains ou qu'il s'agisse des tissus pathologiques, les méthodes de classification par reconnaissance des formes souffrent de la non prise en compte des informations de voisinage rendant, d'une part, les résultats plus sensibles au bruit et, d'autre part, aboutissant à une classification des données et non à une segmentation des images (ou des volumes). Dans le cadre de la détection des tumeurs cérébrales, nous avons vu dans le chapitre précédent l'importance d'utiliser différentes pondérations d'images. Celles-ci apportent en effet des informations redondantes et complémentaires qui précisent la zone tumorale. Cet aspect nous incite à opter pour une approche de segmentation par reconnaissance des formes, plus apte à

Parmi les approches de reconnaissance des formes, la théorie des probabilités est certainement la plus utilisée. Elle permet en effet d'intégrer des informations *a priori* précisant le système étudié, dans le but de pallier les défauts de l'image IRM (dérive du champ radiofréquence, effet de volumes partiels). L'application de la théorie des probabilités à la détection de tumeurs est néanmoins délicate; si la modélisation de la densité de probabilité des tissus sains par des distributions gaussiennes est utilisée et acceptée par la majorité des auteurs, il n'existe pas de consensus concernant la modélisation des zones tumorales. Il est alors, dans ce cas, délicat d'utiliser des informations *a priori* difficilement vérifiables. L'utilisation d'algorithmes probabilistes non paramétriques permettrait de pallier ce manque d'informations sur la forme des densités associées aux tumeurs. Cependant, l'algorithme des K-PPV comme celui des fenêtres de Parzen nécessite la définition d'un ensemble d'apprentissage. On se retrouve alors dans une situation supervisée.

combiner les informations apportées par chaque pondération.

La théorie des sous-ensembles flous, et plus particulièrement l'algorithme de classification FCM, a été largement utilisée pour la détection des zones tumorales. Prenant en compte les informations provenant des différentes pondérations d'acquisition, cet algorithme permet de réaliser une partition de l'espace des caractéristiques et ainsi une classification.

La théorie de l'évidence a été jusqu'ici peu utilisée à des fins de segmentation des images médicales. Cependant, on remarquera que les différents auteurs qui ont utilisé cette théorie, l'on fait dans l'objectif de détecter les zones tumorales à partir d'images multi-échos. Cette théorie est en effet particulièrement bien adaptée à la manipulation de données incertaines et imprécises, caractéristiques des images par résonance magnétique. De plus, elle offre un fondement théorique adapté à la fusion des informations apportées par chacune des pondérations, tout en tenant compte des conflits pouvant exister.

Ainsi, afin de répondre à notre problématique de segmentation des images IRM pour la détection des tumeurs cérébrales, nous proposons de définir un processus de segmentation utilisant la théorie de l'évidence. La problématique sera abordée d'un point de vue multi-échos permettant ainsi de multiplier les sources d'informations et d'exploiter des données plus riches. Enfin, nous proposons d'inclure, dans la modélisation des données, des informations contextuelles. Celles-ci devront permettre une meilleure robustesse au bruit et une réelle prise en considération de la nature volumique des données.

Avant d'aborder et de décrire ce processus de segmentation dans le chapitre 4, nous proposons, dans le chapitre 3, une méthode de « présegmentation » du cerveau, permettant d'extraire l'objet « cerveau » des images IRM.

Chapitre 3

Présegmentation de la zone d'intérêt « cerveau »

Sommaire

3.1 Description des données traitées	48
3.2 Méthode de présegmentation proposée	51
3.2.1 Description de la méthode	52
3.2.2 Quelques remarques	56
3.3 Résultats de présegmentation	56
3.4 Conclusion	58

La segmentation de la zone d'intérêt « cerveau » constitue un prétraitement usuel des images IRM [52, 87]. L'objectif de cette étape est d'isoler le cerveau, essentiellement composé de matière blanche, de matière grise et de liquide céphalo-rachidien, des autres éléments présents sur les coupes. En d'autres termes, ce processus vise à éliminer le fond, la peau, la graisse, les os et le sang.

L'intérêt d'un tel prétraitement est double. D'une part, il permet de réduire considérablement la zone de travail lors de traitements ultérieurs et donc de réduire le volume des données à traiter. D'autre part, travaillant sur une région d'intérêt, ces traitements sont plus performants car plus ciblés et moins perturbés par des informations pouvant être considérées comme du bruit. Cet avantage est en particulier vérifié dans le cadre de segmentations statistiques [65].

Dans le cas particulier du traitement de cerveaux présentant une tumeur, il est essentiel que ce processus préserve la zone pathologique. Bien que les méthodes d'extraction du cerveau proposées dans la littérature soient nombreuses (chapitre 2), la majorité d'entre elles traite uniquement de cerveaux sains. Les approches utilisées sont diverses, et généralement constituées d'une succession de petits traitements de base. Dans [131], Suzuki et al. extraient le cerveau par seuillages itératifs. Dans [1], Aboutanos et Dawant utilisent une analyse d'histogrammes pour déterminer le seuil de sélection sur des coupes 3D pondérées en T_1 . Dans [87] et [52], la segmentation est obtenue grâce à la morphologie mathématique. Dans [56], elle est couplée avec des seuillages et des croissances de régions. Dans [5], Atkins utilise successivement des seuillages automatiques, la morphologie mathématique, la diffusion anisotropique et les modèles déformables. Bien qu'ayant montré leur efficacité sur des cerveaux sains, aucune de ces méthodes n'est adaptée au traitement de cerveaux pathologiques. Pour pallier cette absence, nous proposons une méthode d'extraction du cerveau adaptée à ces cas particuliers. Ainsi, après avoir précisé les différents volumes de données utilisés tout au long de ce travail (section 3.1), nous présentons le principe du prétraitement proposé (section 3.2). Différents résultats de segmentation sont finalement exposés (section 3.3).

3.1 Description des données traitées

L'ensemble des données réelles traitées provient du scanner IRM 1,5 Tesla du CHRU de Poitiers. Dans la routine clinique du CHRU, deux types de pondérations sont principalement obtenues: des pondérations en T_1 avec ou sans adjonction de gadolinium et des pondérations en T_2 . Les premières correspondent à des acquisitions « volumiques » : les épaisseurs de coupes et les espaces inter-coupes sont proches de la largeur et de la hauteur du voxel. Dans ces conditions, nous pouvons considérer qu'un voxel est quasi isométrique, de volume d'environ 1 mm^3 . L'empilement des différents coupes est considéré comme un réel volume. Les secondes produisent, dans les conditions habituelles d'acquisition, des épaisseurs de coupes et des espaces inter-coupes supérieurs à la largeur et la hauteur d'un voxel. L'empilement des coupes ne peut alors être considéré comme un volume que si une interpolation est réalisée entre les coupes. Ces conditions d'acquisition étant incompatibles avec l'approche multi-échos de segmentation que nous proposons, le protocole d'acquisition en T_2 du scanner IRM du CHRU de Poitiers a été modifié de façon à obtenir un réel volume, de manière similaire à l'acquisition en T_1 . Cependant, cette manipulation n'est réalisable qu'au prix d'un temps d'acquisition non négligeable pour le confort des patients et pour le temps d'immobilisation de l'imageur. Dans ces conditions, nous ne disposons que de six volumes multi-échos. Les figures 3.1 à 3.6 représentent une coupe, sous les différentes pondérations, de l'ensemble des volumes. On retrouvera dans l'annexe D, une vue plus complète de ces volumes. Leurs paramètres d'acquisition sont décrits dans le tableau 3.1. Les volumes simple-écho, uniquement utilisés afin d'illustrer le prétraitement proposé, sont décrits dans le tableau 3.2.

Pour chaque volume et quelle que soit la pondération, une coupe est constituée de 256×256 voxels. De plus, les images sont obtenues sous une orientation axiale. Notons que, par la suite, la référence à un volume de données correspond :

- pour les volumes multi-échos, à l'empilement des coupes pour l'ensemble des pondérations associées à un patient;
- pour les volumes simple-écho, à un unique empilement de coupes.

Enfin, même si, pour des raisons de lisibilité, les différents résultats présentés au cours de ce mémoire sont visualisés sous la forme de coupes bidimensionnelles, l'ensemble des traitements présegmentation et, par la suite, segmentation du cerveau - est appliqué sur les volumes et constitue ainsi des traitements tridimensionnels.



(a) T_1 Gado (b) T_2





FIG. 3.2: Une coupe en T_1 et T_1 Gado du volume V_2



FIG. 3.3: Une coupe en T_1 Gado et T_2 du volume V_3


(a) T_1 Gado (b) T_2 **FIG. 3.4**: Une coupe en T_1 Gado et T_2 du volume V_4



(a) T_1 Gado

FIG. 3.5: Une coupe en T_1 Gado et T_2 du volume V_5



(a) T_1 Gado (b) T_2 **FIG. 3.6**: Une coupe on T_1 Gado et T_2 du volume V_6

Nom	Pondérations	Nb de coupes	Dimensions des voxels (en mm)	$T_E (ms)$	$T_R (ms)$
V_1	T_1 Gado	89	$0,94 \times 0,94 \times 1,2$	53	123
	T_2		0,94 imes 0,94 imes 1,2	1199	4000
V_2	T_1	80	$1,09\times1,09\times1,2$	52	122
	T_1 Gado		$1,\!09\times1,\!09\times1,\!2$	52	122
V_3	T_1 Gado	42	$0,94 \times 0,94 \times 1,2$	53	123
	T_2		0,94 imes 0,94 imes 1,2	1197	3000
V_4	T_1 Gado	52	$0,94\times0,94\times1,2$	53	123
	T_2		0.94 imes 0.94 imes 1.2	1188	4000
V_5	T_1 Gado	80	$0,94 \times 0,94 \times 1,2$	53	123
	T_2		0.94 imes 0.94 imes 1.2	1199	2000
V_6	T_1 Gado	55	$0,94 \times 0,94 \times 1,2$	53	123
	T_2		$0,94\times0,94\times1,2$	1195	4000

TAB. 3.1 – Descriptif des volumes multi-échos

Nom	Pondérations	Nb de coupes	Dimensions des voxels (en mm)	$T_E (ms)$	$T_R (ms)$
V_7	T_1	78	0,94 imes 0,94 imes 1,5	53	122
V_8	T_1	124	$0,94 \times 0,94 \times 1,5$	52	121

Гав. З	3.2 -	Descriptif	des	volumes	simple	le-écho	
--------	-------	------------	-----	---------	--------	---------	--

3.2 Méthode de présegmentation proposée

Comme nous l'avons exposé précédemment, la segmentation du cerveau, appelée ici *présegmentation* en référence au prétraitement qu'elle constitue, consiste à isoler du volume de données initial la composante « cerveau » pour, d'une part, limiter les zones de travail lors des segmentations ultérieures et ainsi améliorer la qualité des résultats obtenus, et, d'autre part, pour diminuer la complexité calculatoire (en temps et en espace).

La problématique de présegmentation se pose en termes relativement simples. Il s'agit d'éliminer du volume de données les éléments qui ne constituent pas, par la suite, une zone d'intérêt relativement à notre problématique. Ces zones sont généralement la matière blanche, la matière grise et le liquide céphalo-rachidien. Dans le cas particulier du traitement de cerveaux présentant une tumeur, la contrainte supplémentaire est, naturellement, de préserver la zone tumorale.

La méthode de présegmentation que nous proposons est inspirée de celles utilisées dans [5, 52, 87]. Dédiées au traitement de volumes simple-écho pondérés en T_1 , celles-ci sont constituées d'une succession de seuillages automatiques et d'opérations morphologiques. Ces méthodes, qui ont montré leur capacité à traiter des cerveaux sains, se trouvent en difficulté en présence de tumeurs. Fondées sur un seuillage, ces méthodes éliminent, totalement ou partiellement, les tumeurs lorsque ces dernières sont localisées au niveau de la périphérie du cerveau. La méthode que nous proposons diffère, d'une part, par le mode d'estimation des seuils et, d'autre part, par la possibilité de moduler la valeur des seuils en fonction de la radiométrie de la tumeur et de sa localisation. Le couplage de ces deux éléments rend alors la méthode plus robuste et permet, dans la majorité des cas, de préserver la zone tumorale.

3.2.1 Description de la méthode

La méthode proposée consiste à définir un masque des régions d'intérêt. Pour ce faire, nous proposons les étapes suivantes. À titre d'exemple, les résultats intermédiaires obtenus sur le volume simple-écho V_7 sont présentés sur la figure 3.8. La reconstruction du cerveau ainsi obtenue est présentée sur la figure 3.3.

Nous rappelons que les traitements sont appliqués sur l'ensemble du volume et non coupe par coupe. De plus, dans cette phase de présegmentation, nous assimilons les voxels à des voxels isométriques. Les éléments structurants utilisés par la suite sont alors des éléments structurants sphériques.

1 - Obtention d'un masque initial de la tête par seuillage

Le masque initial de la tête est généré grâce à la méthode proposée par Brummer et al. [24] et reprise par Atkins et al. dans [5]. Elle est fondée sur le fait que le bruit de fond d'une image IRM peut être modélisé par une distribution de Rayleigh. L'estimation de cette loi par l'étude de l'histogramme du volume [5] fournit alors un seuil de suppression du bruit de fond et permet donc de séparer la tête du fond de l'image.

Le seuillage de l'image provoque la création de trous à l'intérieur même de la structure « tête ». Un étiquetage en composantes connexes 3D permet alors de marquer la plus grande composante du volume, i.e. la tête, et de « remplir » les trous (figure 3.8-1).

2 - Seuillage automatique pour faire apparaître l'objet cerveau

Ce seuillage constitue une opération cruciale dans le processus de présegmentation, puisque les résultats ultérieurs, obtenus par les opérations morphologiques, sont particulièrement dépendants de la qualité de ce traitement. L'objectif de cette étape est de faire apparaître le cerveau parmi l'air et l'os (de radiométrie faible) ainsi que les yeux, le sang et la graisse (de radiométrie forte), tout en préservant la zone tumorale, qui peut être de radiométrie faible ou forte en fonction du type de tumeur et en présence ou non de gadolinium.

Dans [52, 87], les seuils permettant d'isoler le cerveau sont obtenus soit par un apprentissage par un expert, soit par un apprentissage automatique des fonctions d'appartenance floues [19] de différentes matières qui constituent le cerveau. La première solution ne peut être retenue dans le cadre d'une présegmentation automatique. Dans le second cas, l'absence de tumeur permet, grâce à l'utilisation de connaissances *a priori* sur l'ordonnancement des niveaux radiométriques, d'identifier les différentes structures et ainsi de déterminer les seuils. La présence de tumeur(s), qui modifie l'ordonnancement, ne permet alors plus d'identifier automatiquement les structures.

La démarche que nous adoptons afin de déterminer les seuils est différente : nous supposons que l'objet « cerveau » est successivement imbriqué dans deux « boîtes ». La première de radiométrie faible est essentiellement constituée de liquide céphalo-rachidien, protégeant le cerveau de la boîte crânienne. Cette dernière forme alors la seconde boîte, le fond de l'image ayant été éliminé au cours de l'étape précédente. La tumeur est, quant à elle, considérée comme un objet présent à l'intérieur du cerveau. La démarche naturelle est alors de déterminer un seuil bas et un seuil haut, respectivement notés s_b et s_h , permettant d'isoler le cerveau.

L'étude des histogrammes des volumes à notre disposition nous montre que, suite à l'étape 1, ces volumes présentent trois modes, que nous identifions à la « boîte » de faible radiométrie, au cerveau et à la « boîte » de forte radiométrie (figure 3.7).

Nous proposons alors d'identifier ces trois modes par l'intermédiaire de l'algorithme de classification EM. La moyenne et la variance de chaque classe sont alors estimées et nous identifions l'objet « cerveau » à l'ensemble des voxels appartenant à la classe de radiométrie moyenne. Les seuils bas et haut sont alors définis par :

$$s_b = \mu_{cerveau} - \alpha_b \sigma_{cerveau} , \qquad (3.2.1)$$

$$s_h = \mu_{cerveau} + \alpha_h . \sigma_{cerveau} , \qquad (3.2.2)$$

où $\mu_{cerveau}$ et $\sigma_{cerveau}$ représentent respectivement la moyenne et l'écart-type de l'objet « cerveau ». Les coefficients α_b et α_h permettent alors de moduler la valeur des seuils. Lorsque la tumeur se trouve en profondeur dans le cerveau, l'expérience nous a montré que les coefficients $\alpha_b = \alpha_h = 2$ permettaient d'isoler correctement le cerveau. En présence de tumeurs périphériques, nous pouvons alors modifier la valeur, soit du seuil bas, soit du seuil haut, en fonction de la radiométrie de la tumeur, de façon à préserver cette dernière. L'expérience nous a montré que des valeurs de α_b et α_h comprises entre 1 et 3 permettent alors de segmenter la plupart des volumes.

Le seuillage réalisé, nous pouvons alors observer une ébauche de déconnexion de l'objet cerveau. Celle-ci sera complétée par différentes opérations morphologiques. On peut de plus remarquer la présence de trous en lieu et place des ventricules de radiométrie faible et parfois au niveau de la tumeur (figure 3.8-2).



FIG. 3.7: Histogramme du volume V_7

3 - Érosion morphologique pour garantir la séparation peau/cerveau

Cette érosion légère par un élément structurant sphérique de diamètre 3 voxels¹ (soit un diamètre compris entre 2,82 et 3,27 mm suivant les acquisitions) permet d'assurer la déconnexion entre la peau et le cerveau. Elle induit bien évidemment un élargissement des trous déjà existants (figure 3.8-3).

4 - Sélection du cerveau et remplissage des trous

Afin d'éliminer les structures n'appartenant pas au cerveau et déconnectées de ce dernier, nous réalisons un étiquetage en composantes connexes 3D. Les trous de l'objet étiqueté « cerveau » sont ensuite remplis.

L'étiquetage en composantes connexes étant tridimensionnel, il se peut que des structures déconnectées en 2D soient maintenues (figure 3.8-4).

5 - Déconnection du cerveau et de la peau par érosion morphologique

Cette opération est réalisée au moyen d'une érosion morphologique par un élément structurant sphérique de diamètre 5 voxels (diamètre compris entre 4,70 et 5,45 mm). Ce diamètre, respectant la morphologie cérébrale, permet de déconnecter le cerveau et la peau. La peau est alors réduite à une calotte éloignée du cerveau (figure 3.8-5).

6 - Reconstruction du volume initial

Afin de récupérer le volume perdu lors des érosions successives, nous réalisons une dilation morphologique par un élément structurant sphérique de diamètre 7 voxels. Cette dilatation est faite conditionnellement au volume déterminé à l'étape 3, de façon à ne pas réintégrer de volume éliminé lors de cette étape (figure 3.8-6).

7 - Remplissage des trous

La reconstruction du volume étant faite relativement au résultat de l'étape 3, des trous ont fait leur réapparition et doivent donc être « bouchés ». Ceci est réalisé par un étiquetage en composantes connexes 3D qui permet de marquer l'objet cerveau (le plus volumineux). Les objets n'appartenant pas au fond sont ensuite remplis (figure 3.8-7). Ce masque est alors appliqué aux volumes initiaux, laissant apparaître la zone d'intérêt (figure 3.8-8).

^{1.} La quasi constance des dimensions des voxels des volumes à notre disposition, nous permet de travailler avec un élément structurant de taille constante et respectant l'ordre de grandeur des structures anatomiques. Il est évident que si les dimensions des voxels étaient variables dans de plus grandes proportions, la taille de l'élément structurant le serait aussi.





FIG. 3.8: Détails des étapes de présegnentation sur une coupe du volume V_7

(7)

(6)

3.2.2 Quelques remarques

Les étiquetages en composantes connexes utilisés à diverses reprises sont des étiquetages 3D. À certains endroits, si la peau et les os sont restés connectés au cerveau, l'étiquetage inclut ces éléments dans l'objet « cerveau » même si, sur les coupes prises individuellement (i.e. en 2D), les objets sont déconnectés. Dans ce cas particulier, on peut effectuer une opération supplémentaire 2D qui consiste à un marquage coupe à coupe de l'objet le plus volumineux (le cerveau) par un étiquetage en composantes connexes 2D puis à éliminer les objets ne correspondant pas au cerveau.

Comme nous l'avons précisé, la méthode de présegmentation est essentiellement dédiée aux volumes pondérés en T_1 ou en T_1 Gado. Elle peut cependant être appliquée à n'importe quelle pondération dès l'instant où il existe une séparation radiométrique entre la boîte crânienne, le cerveau, et le liquide céphalo-rachidien entourant le cerveau.

Dans le cas particulier des volumes multi-échos, les conditions d'acquisitions étant telles qu'aucun recalage n'est nécessaire entre les différentes pondérations, le masque obtenu avec l'une des pondérations peut directement être utilisé pour définir le masque des autres pondérations.

3.3 Résultats de présegmentation

Cette méthode de segmentation a été testée sur l'ensemble des volumes multi-échos et sur une vingtaine de volumes simple-écho, tous présentant des lésions cérébrales.

De manière générale, comme nous le montrons sur les figures E.1 à E.6 présentées dans l'annexe E, la méthode proposée permet d'extraire correctement l'objet « cerveau ». Sur l'ensemble de ces volumes, le contour obtenu par notre méthode de présegmentation est surimposé, en blanc, sur les coupes originales. Même s'il est difficile de valider, sans connaissance de la vérité terrain, les résultats obtenus sur ces volumes, nous pouvons visuellement constater l'adéquation entre le contour estimé et le contour apparent du cerveau.

L'originalité de notre méthode repose essentiellement, d'une part sur le mode d'estimation des seuils, et d'autre part, sur la possibilité d'adapter ces seuils en présence d'une tumeur périphérique. Cette modulation est une clé essentielle dans le cas du traitement de cerveaux pathologiques. À titre d'exemple, nous avons appliqué notre méthode de présegmentation sur le volume V_1 qui se caractérise par la présence d'une tumeur volumineuse et périphérique dans la partie supérieure du cerveau. Avec les coefficients $\alpha_b = \alpha_h = 2$, qui correspondent aux valeurs appliquées lorsque la tumeur est située en profondeur, nous constatons que la tumeur n'est pas préservée (figures 3.9-a et -b). Celle-ci étant, en moyenne, de radiométrie plus élevée que le cerveau, la présegmentation correcte est obtenue en utilisant un coefficient s_h égal à 2,8 (figures 3.9-c et -d).



FIG. 3.9: Mise en évidence de la nécessité d'adaptation des seuils sur deux coupes du volume V_1

Cependant, notre méthode ne permet pas d'obtenir des résultats optimaux sur tous les volumes. Comme pour de nombreuses méthodes présentées dans la littérature, nous avons constaté des défaillances lorsque l'espace entre le crâne et le cerveau est trop faible. Dans ce cas de figure, une partie du crâne peut alors rester connectée. De plus, dans le cas particulier où la radiométrie moyenne d'une tumeur périphérique est, soit supérieure à la radiométrie des os, soit de radiométrie proche du liquide céphalo-rachidien, il n'est pas possible d'obtenir une présegnentation correcte. Ceci est illustré par le traitement du volume V_8 (figure 3.10). Ce volume présente simultanément les deux défauts précédemment cités : un espace crâne-cerveau très faible, et une tumeur périphérique de radiométrie proche du liquide céphalo-rachidien (figure 3.10-a). Nous avons vu que l'extraction du cerveau nécessite l'application d'un seuil bas et d'un seuil haut. Or, le niveau radiométrique trop faible de la tumeur interdit l'utilisation d'un s_b trop bas, au risque de supprimer la tumeur (figure 3.10-b). Le seuil s_b doit donc être relevé, mais en conséquence une partie du crâne reste connectée au cerveau du fait de la présence de liquide céphalo-rachidien entre ces deux entités (figure 3.10-c). Dans ce cas particulier, le prétraitement consiste soit à ne supprimer que le fond de l'image, soit à réaliser une présegnentation sous optimale telle que celle présentée sur la figure 3.10-c, qui possède toujours à l'issue de la présegmentation des éléments n'appartenant pas à la région d'intérêt.



(a) coupe originale

(b) $\alpha_b = \alpha_h = 2$

(c) $\alpha_b = 2,5, \ \alpha_h = 2$

FIG. 3.10: Traitement du volume V_8

3.4Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons proposé une méthode permettant l'extraction de la zone d'intérêt « cerveau », adaptée au traitement des volumes présentant une tumeur. L'objectif de ce prétraitement est d'éliminer l'ensemble des structures ne constituant pas une région d'intérêt par la suite. Cette opération permet en particulier l'amélioration des résultats ultérieurs de segmentation et une réduction non négligeable de la complexité calculatoire.

Fondée sur un ensemble de seuillages et d'opérations morphologiques, notre méthode repose sur un mode original d'estimation de seuils et sur la possibilité d'adapter la valeur de ces derniers en fonction de la tumeur présente dans le volume. Cette méthode a été appliquée à une trentaine de volumes simple-écho et aux six volumes multi-échos. Les résultats obtenus ont montré, d'une part, la robustesse de l'estimation des seuils et, d'autre part, la pertinence de l'adaptation des seuils. Visuellement très corrects, ces résultats permettent d'aborder la phase de segmentation des différentes structures cérébrales et des tumeurs dans de bonnes conditions.



FIG. 3.11: Reconstruction du cerveau correspondant au volume V_7

Chapitre 4

Segmentation des IRM cérébrales par la théorie de l'évidence

Sommaire

Par	rtie 1:	Étude préliminaire d'un algorithme de classification crédibiliste	61
4.1	Mod	lèle de croyances transférables	61
	4.1.1	Cadre de discernement	62
	4.1.2	Modélisation de la croyance	62
	4.1.3	Révision de la croyance	63
	4.1.4	Décision	64
4.2	Mod	lélisation de la croyance	65
	4.2.1	Quelques notations préalables	65
	4.2.2	Modélisation fondée sur des distances	66
	4.2.3	Modélisations fondées sur la vraisemblance	68
4.3	\mathbf{Esti}	mations des paramètres	72
	4.3.1	Modèle de mélange gaussien	73
	4.3.2	Estimation du modèle de mélange	74
	4.3.3	Estimation des prototypes de classes	74
	4.3.4	Les contraintes liées à la pratique	75
4.4	Clas	sification de données de synthèse et réelles	75
	4.4.1	Schéma de principe de classification	76
	4.4.2	Description des volumes traités	79
	4.4.3	Résultats de classification sur des données de synthèse	80
	4.4.4	Résultats de classification sur des données réelles	87
	4.4.5	Conclusion	90
Par	rtie 2:	Segmentation crédibiliste par la prise en compte des informa-	
	tion	s contextuelles	92
4.5	Intre	oduction d'informations contextuelles	92
	4.5.1	Intérêts	92
	4.5.2	Processus de combinaison des informations spatiales	93
	4.5.3	Fonction d'affaiblissement ϕ	95
	4.5.4	Conclusion	98
4.6	Segr	nentation de données de synthèse et réelles	98
	4.6.1	Résultats de segmentation sur des données de synthèse	98
	4.6.2	Résultats de segmentation sur des données réelles	105
	4.6.3	Étude des effets induits par l'utilisation des informations contextuelles .	125
4.7	Con	flit spatial : une nouvelle source d'information	131

	4.7.1	Origines et interprétations du conflit	131
	4.7.2	Le conflit : un indicateur sur la localisation des frontières ?	136
	4.7.3	Conclusion	141
4.8	Cone	clusion	141

Nous avons constaté dans l'état de l'art que la théorie de l'évidence, qui s'inscrit dans la catégorie plus générale des théories des mesures de confiance, est particulièrement bien adaptée à notre problématique de détection des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM multi-échos. Elle répond en particulier à une triple contrainte imposée par notre problématique :

- Dans le cadre de la détection des tumeurs, l'utilisation conjointe d'images IRM obtenues sous différentes pondérations est un avantage indéniable. En effet, une tumeur pouvant n'apparaître que partiellement sous une pondération, il est nécessaire de compléter l'observation de la pathologie sur des images obtenues à l'aide d'autres paramètres d'acquisition. Chaque volume de données, qui peut être considéré comme une vision particulière d'une même scène, apporte ainsi une information partielle, complétée ou confirmée par les autres volumes.
- Les données fournies par les images IRM sont de nature imparfaite, entachées d'imprécisions et d'incertitudes.
- Dans notre problématique, nous nous attachons particulièrement à la détection des tumeurs infiltrantes, non circonscrites et aux frontières mal définies. Ce type de tumeurs possède des frontières qui sont donc particulièrement délicates à déterminer.

Dans ce contexte, la théorie de l'évidence apporte un cadre théorique parfaitement adapté à la fusion de ces informations imparfaites, complémentaires et redondantes. Elle apporte de plus différentes solutions aux situations de conflit potentiel entre les sources.

L'étude bibliographique que nous avons réalisée nous a aussi montré l'intérêt d'aborder la problématique de détection des tumeurs d'un point de vue non supervisé, évitant ainsi toute interaction avec un opérateur et garantissant une meilleure reproductibilité des résultats. De plus, il semble nécessaire, d'une part, d'introduire dans ce processus des informations contextuelles permettant d'accroître la robustesse des résultats au bruit et, d'autre part, de prendre en compte la nature bidimensionnelle ou tridimensionnelle des données pour obtenir une segmentation, au sens du traiteur d'images, et non une simple classification.

À la vue de ces constatations, nous proposons, dans ce chapitre, une méthode de segmentation permettant la localisation des tumeurs cérébrales. L'approche de segmentation que nous adoptons est une approche multi-échos fondée sur la théorie de l'évidence (ou théorie de Dempster-Shafer), apte à gérer l'incertitude des données à traiter et l'aspect multi-sources des informations manipulées. De plus, afin de répondre à la problématique de segmentation, c'est-à-dire de découpage du volume cérébral en régions, nous proposons de prendre en considération les corrélations spatiales par l'intégration, dans la modélisation des données, des informations provenant du voisinage.

De manière à mettre en exergue la méthode de segmentation que nous proposons, sans la décorréler de nos études et analyses préalables, nous avons choisi de découper ce chapitre en deux parties. Dans la première partie, nous réalisons une étude préliminaire d'un algorithme de classification des volumes IRM multi-échos fondé sur la théorie de l'évidence. Nous montrons en

particulier l'efficacité de la théorie de l'évidence pour classifier les données fournies par les images IRM mais également la nécessité d'intégrer des informations contextuelles et donc de mettre en place une réelle démarche de segmentation. Ainsi, dans la seconde partie, nous proposons une méthode de prise en compte des informations de voisinage et définissons une méthode de segmentation crédibiliste. Appliquée aux IRM cérébraux pour la détection des tumeurs, nous étudions son comportement et ses performances sur des volumes de synthèse et réels.

Partie 1 : Étude préliminaire d'un algorithme de classification crédibiliste

Dans cette partie, nous nous attachons à démontrer l'aptitude de la théorie de l'évidence à classifier les images IRM multi-échos. Dans cette optique, après avoir présenté succinctement les fondements de la théorie de l'évidence sous l'interprétation plus particulière du modèle des croyances transférables (section 4.1), nous décrivons les différentes étapes du processus de classification. En particulier, dans la section 4.2, nous détaillons les différents modèles utilisés pour représenter les données par l'intermédiaire de masses de croyance et présentons, dans la section 4.3, une méthode d'estimation des différents paramètres nécessaires à la construction des fonctions de croyance. Ce processus de classification est alors appliqué aux IRM cérébraux et étudié dans la section 4.4.

4.1 Modèle de croyances transférables

La notion de fonctions de croyance, introduite par Shafer [116], a conduit à la définition d'une théorie particulièrement adaptée à la manipulation d'informations imprécises et incertaines. Connue dans la littérature sous les terminologies de théorie de Dempster-Shafer ou théorie de l'évidence ou théorie des fonctions de croyance, différentes interprétations de ses fondements ont été proposées. Le point de vue que nous adoptons ici est celui proposé par Smets, le modèle de croyances transférables (MCT) qui se distingue par son aspect non probabiliste [127, 128]. Le MCT apporte, d'une part, des justifications axiomatiques sur les principaux concepts de la théorie et, d'autre part, il clarifie les liens entre la croyance et ses structures de représentation [125]. Il repose sur deux niveaux de perception des informations. D'un côté, le niveau crédal permet la mise en forme et la révision des informations. De l'autre, le niveau pignistique est entièrement dédié à la prise de décision et est clairement séparé de la modélisation des données. Nous décrivons ici de manière succincte les différents étapes d'un processus de reconnaissance des formes par le MCT. Le lecteur pourra se référer à l'annexe B pour de plus amples détails sur la théorie.

4.1.1 Cadre de discernement

L'ensemble de discernement Ω est l'ensemble des N hypothèses ou solutions au problème posé :

$$\Omega = \{H_1, \dots, H_N\} . \tag{4.1.1}$$

L'ensemble des propositions associées à Ω se définit alors par :

$$2^{\Omega} = \{\emptyset, \{H_1\}, \dots, \{H_N\}, \{H_1 \cup H_2\}, \dots, \Omega\}.$$
(4.1.2)

Cet ensemble contient l'ensemble des hypothèses singletons H_q ainsi que toutes les combinaisons possibles entre les hypothèses singletons.

Lorsque l'ensemble des hypothèses de Ω est exhaustif, la solution H_q au problème se trouve dans l'ensemble de discernement ; on se place dans le contexte du *monde fermé*. Dans le cas contraire, si la solution peut se trouver hors de Ω , on se place dans le cadre du *monde ouvert*. La masse attribuée à l'ensemble \emptyset est alors éventuellement non nulle.

4.1.2 Modélisation de la croyance

Dans le cadre du MCT, un état de croyance ou une opinion issue d'une source S (un capteur, un agent, un expert...) est caractérisé par un degré de croyance. Cette croyance est alors décrite par une fonction élémentaire de croyance m(.) définie par :

$$m: 2^{\Omega} \to [0,1] , \qquad (4.1.3)$$

et vérifiant:

$$\sum_{A \subseteq \Omega} m(A) = 1 . \tag{4.1.4}$$

La quantité m(A), pour toute proposition A de 2^{Ω} , représente la croyance placée strictement dans A à un instant t donné. On ne pourrait quantifier la croyance des sous-parties de A que par l'apport de nouvelles connaissances.

À partir de cette masse de croyance élémentaire, il est possible de dériver de nouvelles fonctions de croyance. En particulier, on définit des fonctions de crédibilité *Bel (Belief function)* et de plausibilité *Pl (Plausibility function)* par :

$$Bel(A) = \sum_{B \subseteq A, B \neq \emptyset} m(B), \forall A \subseteq \Omega , \qquad (4.1.5)$$

 et

$$Pl(A) = Bel(\Omega) - Bel(\overline{A}).$$
(4.1.6)

La crédibilité Bel(A) représente toute la croyance placée strictement dans la proposition A. Elle prend donc en compte la croyance placée dans les propositions qui impliquent la proposition A. La

plausibilité Pl(A) représente la quantité de croyance potentiellement attribuée à la proposition A, i.e. incluant la croyance de toutes les propositions qui ne la discréditent pas.

La masse de croyance, la crédibilité et la plausibilité sont trois représentations différentes d'une même information. Il est cependant possible de passer de l'une à l'autre par les transformations de Möbius [69, 70].

4.1.3 Révision de la croyance

La révision de la croyance constitue la partie dynamique de la modélisation. Il s'agit de la mise à jour des modèles par l'intégration de nouvelles informations. Les moyens permettant la révision sont divers. Nous nous limitons ici à une rapide description des principes de combinaison et d'affaiblissement.

Loi de combinaison de Dempster

La loi de combinaison de Dempster, également appelée somme orthogonale, constitue la principale loi de fusion. Elle possède en particulier les propriétés d'associativité et de commutativité. Soient m_1 et m_2 deux fonctions élémentaires de croyance, issues de deux sources S_1 et S_2 distinctes. On définit la structure de croyance m_{\oplus} , issue de leur combinaison conjonctive dans le cadre du monde fermé par :

$$m_{\oplus} = m_1 \oplus m_2 , \qquad (4.1.7)$$

avec

$$m_{\oplus}(A) = \frac{1}{1 - \mathcal{K}} \sum_{B \cap C = A} m_1(B) \cdot m_2(C) \quad \forall A \subseteq \Omega, \quad A \neq \emptyset , \qquad (4.1.8)$$

 et

$$\mathcal{K} = \sum_{B \cap C = \emptyset} m_1(B) . m_2(C) . \tag{4.1.9}$$

où le terme \mathcal{K} représente la quantité de conflit généré par la combinaison. Ce conflit varie dans l'intervalle [0,1] selon que les masses sont plus ou moins conflictuelles. Lorsque \mathcal{K} est nul, les structures sont en parfait accord. Au contraire, lorsque \mathcal{K} vaut 1, les sources sont en conflit total. Dans ce dernier cas, il est alors impossible et incohérent de fusionner ces masses.

Cette règle de fusion a été critiquée dans plusieurs travaux dont [148, 151], en particulier en cas de sources en conflit total.

Dans le cadre du monde ouvert (ensemble de discernement non exhaustif), Smets propose d'abandonner la normalisation et de conserver la masse de conflit, celle-ci pouvant par la suite être redistribuée lors d'un conditionnement [122].

Affaiblissement

Lorsque la fiabilité d'une source S, d'où est issue une masse de croyance m, n'est pas totale, il est possible de limiter son influence au moyen d'une opération appelée affaiblissement, qui trans-

fère une part de la croyance placée sur les éléments focaux de m vers l'ensemble de discernement Ω tout entier. Si on note α la confiance attribuée à la source S, avec $0 \le \alpha \le 1$, on définit la masse de croyance m^{α} atténuée du coefficient $(1 - \alpha)$ par :

$$m^{\alpha}(A) = \alpha m(A) \quad \forall A \subset \Omega ,$$
 (4.1.10)

$$m^{\alpha}(\Omega) = 1 - \alpha + \alpha \ m(\Omega) \ . \tag{4.1.11}$$

4.1.4 Décision

Dans le cadre du MCT, la décision en faveur d'une des hypothèses¹ H_q de l'ensemble de discernement Ω s'effectue au niveau pignistique, au moyen d'une probabilité appelée probabilité pignistique définie par [121]:

$$Bet P(H_q) = \sum_{H_q \subseteq A} \frac{m(A|\Omega)}{|A|} \qquad \forall H_q \in \Omega , \qquad (4.1.12)$$

où |A| représente le cardinal du sous-ensemble A de Ω et $m(A|\Omega)$ représente le conditionnement de m sur Ω . Ce conditionnement correspond au passage du monde ouvert au monde fermé, et équivaut à la normalisation de la masse de croyance m.

La fonction BetP étant une probabilité, on peut appliquer les règles classiques de décision bayésienne. Ainsi, on note $\mathcal{A} = \{a_1, \ldots, a_N\}$ l'ensemble des N actions possibles et $\lambda : \mathcal{A} \times \Omega \to \mathbb{R}$ une fonction de coût telle que $\lambda(a_i|H_j)$ représente le coût de prendre la décision a_i sachant que xappartient à l'hypothèse H_j . La règle de décision bayésienne définit alors le coût moyen associé à chaque action $a_i \in \mathcal{A}$ par :

$$R_{BetP}(a_i|x) = \sum_{H_j \in \Omega} \lambda(a_i|H_j) \ BetP(H_j) \ . \tag{4.1.13}$$

Pour chaque vecteur forme x, la règle de décision pignistique est alors définie par :

$$D_{BetP}(x) = a_q$$
 avec $a_q = \arg\min_{a_i \in \mathcal{A}} R_{BetP}(a_i|x)$. (4.1.14)

Dans le cas particulier d'une décision prise avec des coûts $\{0, 1\}$, cette dernière équation se réduit à :

$$D_{BetP}(x) = a_q$$
 avec $a_q = \arg \max_{H_j \in \Omega} BetP(H_j)$. (4.1.15)

Hors du contexte du MCT, d'autres règles de décision sont proposées, en particulier la règle de maximisation de la crédibilité et la règle de maximisation de la plausibilité. Toujours dans le cadre restreint des coûts $\{0, 1\}$, ces règles sont respectivement définies par :

$$D_{\star}(x) = a_q \quad \text{avec} \quad a_q = \arg \max_{H_j \in \Omega} Bel(H_j) , \qquad (4.1.16)$$

$$D^{\star}(x) = a_q \quad \text{avec} \quad a_q = \arg \max_{H_j \in \Omega} Pl(H_j) .$$
 (4.1.17)

^{1.} On se place ici dans le cas classique où une décision est prise en faveur d'une hypothèse simple. Cependant, il est possible de prendre une décision en faveur de toute proposition A de Ω , en fonction du problème ou de l'objectif visé.

 D_{\star} est alors associé à un comportement pessimiste et D^{\star} à un comportement optimiste. Il est possible d'introduire une classe de rejet, correspondant à un comportement plus prudent vis-à-vis de la décision et consistant à rejeter un vecteur plutôt que de mal le classer et ainsi induire une erreur. On note a_r l'action de rejet et $\lambda(a_r|H_j) = C_r$ le coût constant qui lui est associé. Si Ψ représente une fonction parmi la fonction pignistique, la crédibilité et la plausibilité, alors la règle de décision avec rejet D est définie par:

$$D(x) = \begin{cases} a_r, \text{ si } \max_{H_j \in \Omega} \Psi(H_j) < 1 - C_r \\ a_q = \arg \max_{H_j \in \Omega} \Psi(H_j), \text{ avec } \Psi(H_q) \ge 1 - C_r \end{cases}$$

$$(4.1.18)$$

Parmi les différents types de rejet, on distingue le rejet d'ambiguïté et le rejet de distance. Le premier traduit le fait qu'un vecteur forme est proche d'au moins deux classes. On décide de rejeter alors plutôt que d'induire une erreur au niveau des frontières entre les hypothèses. Ce type de rejet est principalement utilisé dans le cas d'apprentissage complet. Le second traduit le fait que le vecteur forme est éloigné de l'ensemble des hypothèses. Aucune des classes apprises ne correspond à ce vecteur forme. Ce type de rejet est alors utilisé, conjointement au rejet en distance, dans le cadre d'apprentissage incomplet. De plus amples détails sur ces différents principes de décision sont présentés et discutés dans [36, 35].

4.2 Modélisation de la croyance

Il n'existe pas de règles strictes pour modéliser les fonctions de croyance. Le plus souvent, leurs formes dépendent de l'application concernée. Nous présentons ici deux types de modélisations utilisées pour la détection des tumeurs et des principales structures cérébrales. Le premier est fondé sur la notion de distance; nous présentons la modélisation proposée par Denœux [34]. Le second type est fondé sur des fonctions de vraisemblance; nous détaillons plus particulièrement le modèle proposé par Shafer [116] puis celui proposé par Appriou [4].

4.2.1 Quelques notations préalables

Dans le contexte d'une approche multi-échos, soit p le nombre de pondérations utilisées. Un volume de données particulier V est constitué de p empilements de coupes, chaque empilement étant associé à une pondération particulière. On note alors \mathcal{V}_i l'empilement des coupes issues de l'acquisition en pondération i.

Les angles d'incidence² utilisés lors des acquisitions sont identiques quel que soit le type de pondération. Ainsi, chaque empilement de coupes peut être considéré comme une vue particulière de la même scène. D'un point de vue pratique, les volumes de données utilisés dans nos travaux sont tels qu'ils ne nécessitent pas de recalage: il y a correspondance entre les différents points des volumes \mathcal{V}_i , avec $i = [1, \ldots, p]$.

^{2.} Orientations des coupes (chapitre 1, section 1.2.2).

Les informations issues d'un scanner IRM sont de nature radiométrique. Ainsi, un point de l'espace, i.e. un point particulier du cerveau, est représenté par un vecteur forme x de dimension p:

$$x = \begin{bmatrix} x_1 \\ \vdots \\ x_p \end{bmatrix} , \qquad (4.2.1)$$

où x_i représente le niveau radiométrique de ce point dans le volume \mathcal{V}_i , avec $i = [1, \ldots, p]$. On note alors \mathcal{X} l'espace des caractéristiques associé au volume V, de dimension p, constitué par l'ensemble des vecteurs formes x.

Enfin, nous insistons sur le fait que, même si les résultats sont par la suite présentés sous la forme de coupes, l'ensemble \mathcal{X} représente un volume tridimensionnel de données et les traitements sont réalisés sur cet ensemble. De plus, on rappelle que les différents volumes multi-échos utilisés dans la suite de ce chapitre sont décrits dans le tableau 3.1, p. 51.

Soit N le nombre de structures anatomiques recherchées. Comme défini par l'équation 4.1.1, l'ensemble de discernement Ω est composé de l'ensemble exhaustif des hypothèses, où une hypothèse H_q correspond à une structure anatomique particulière parmi la matière blanche, la matière grise, le liquide céphalo-rachidien, la tumeur et l'œdème. Le nombre d'hypothèses N s'avère *a priori* fixé. Cependant, il peut évoluer en fonction du volume traité et des structures recherchées (suppression d'une classe si aucun œdème n'accompagne la tumeur, ajout de classes si la tumeur est particulièrement inhomogène...).

Le nombre de classes ainsi fixé, nous abordons la théorie des croyances transférables dans le cadre du monde fermé.

4.2.2 Modélisation fondée sur des distances

Dans cette partie, nous nous intéressons à la modélisation des fonctions de croyance proposée par Denœux [34] et améliorée par la suite par Denœux et Zouhal [155, 156].

La modélisation fondée sur les distances consiste à construire pour chaque vecteur forme $x \in \mathcal{X}$ une masse de croyance m grâce à la connaissance de l'hypothèse d'appartenance de ses plus proches voisins. Cette modélisation nécessite donc la connaissance d'une base d'apprentissage, que nous notons \mathcal{L} , composée d'un ensemble de L exemples. Chaque exemple (x^i, H_q) se compose d'un vecteur exemple x^i associé à une hypothèse $H_q \in \Omega$:

$$\mathcal{L} = \{ (x^i, H_q), x^i \in \mathcal{X}, i = [1, \dots, L], H_q \in \Omega \} .$$
(4.2.2)

Chaque voisin $x^i \in \mathcal{X}$, $i = [1, \ldots, L]$ d'un vecteur forme $x \in \mathcal{X}$ à classer est considéré comme une source d'informations sur l'hypothèse d'appartenance de x. Les informations apportées par chaque voisin sont alors modélisées par une fonction de croyance élémentaire. Ces fonctions de croyance sont ensuite combinées par l'opérateur de Dempster, créant ainsi une information de synthèse permettant de prendre une décision concernant l'hypothèse d'appartenance de x. Dans la pratique, on considère uniquement les k plus proches voisins du vecteur forme $x \in \mathcal{X}$ à classer. Ainsi ce classifieur peut être vu comme la version évidentielle de l'algorithme classique des k plus proches voisins. De façon formelle, on note $\{x^i\}$, avec $i = [1, \ldots, k]$, l'ensemble formé des k plus proches voisins de $x \in \mathcal{X}$, appartenant à l'ensemble d'apprentissage \mathcal{L} . À chaque vecteur x^i est alors associé une hypothèse $H_q \in \Omega$, déterminée lors de la phase d'apprentissage. Chaque exemple (x^i, H_q) , évalué indépendamment des autres exemples, permet alors de construire une fonction de croyance m^i définie par :

$$\begin{cases} m^{i}(H_{q}) = \alpha_{q} \exp\{-\gamma_{q}^{2} d(x, x^{i})^{2}\} \\ m^{i}(\Omega) = 1 - m^{i}(H_{q}) \\ m^{i}(A) = 0 \quad \forall A \in 2^{\Omega} \setminus \{\Omega, H_{q}\} \end{cases}$$
(4.2.3)

Ces équations traduisent le fait qu'un exemple (x^i, H_q) fournit de l'information concernant l'appartenance de x à l'hypothèse H_q et uniquement sur cette hypothèse : le vecteur x^i ne possède de l'information que sur son appartenance à l'hypothèse H_q . La masse de croyance est ainsi distribuée uniquement sur l'hypothèse H_q ou sur l'ensemble de discernement Ω tout entier³ en fonction d'une distance d entre l'exemple et le vecteur forme. Plus ces entités sont proches, plus x^i est considéré comme une source pertinente et apportant de l'information. Au contraire, lorsque ces points sont éloignés, l'information apportée par x^i est moins discriminante. L'essentiel de la masse est alors affecté à l'ensemble Ω . Par construction, la masse de croyance m^i est donc une structure de croyance à support simple.

Dans l'équation (4.2.3), le paramètre $\alpha_q \in [0,1]$ est un coefficient d'affaiblissement traduisant l'incertitude concernant l'exemple (étiquetage et position). Le coefficient γ_q , associé à l'hypothèse H_q , permet de spécifier la vitesse de décroissance de la masse. Initialement, Denœux a défini γ_q heuristiquement par [34] :

$$\gamma_q = \frac{1}{d_q} \,, \tag{4.2.4}$$

où d_q représente la distance moyenne entre les exemples appartenant à l'hypothèse H_q . Par la suite, Denœux et Zouhal [155, 156] proposent une méthode automatique d'estimation des paramètres γ_q fondée sur la minimisation d'un critère d'erreur quadratique moyenne E défini par :

$$E = \sum_{i=1}^{L} \sum_{n=1}^{N} [Bet P^{i}(H_{n}) - \delta_{n}^{i}], \qquad (4.2.5)$$

où $BetP^i$ représente la probabilité du vecteur d'exemple (x^i, H_q) et δ_n^i est la fonction indicatrice associée à la classe d'appartenance de x^i ($\delta_n^i = 1$ si n = q, 0 sinon). Les γ_q sont alors obtenus par l'application d'un algorithme de descente de gradient.

Considérant les k plus proches vecteurs x^i , avec i = [1, ..., k], comme autant de sources d'informations indépendantes, la masse de croyance finale m est ensuite obtenue par la combinaison orthogonale de Dempster des k masses de croyances élémentaires m^i associées aux vecteurs x^i :

$$m(.) = m^1(.) \oplus \ldots \oplus m^k(.) . \tag{4.2.6}$$

Dans la pratique, la contrainte $\alpha_q < 1$ empêche une possible situation de conflit total lors de la combinaison des k masses de croyance élémentaires par l'opérateur de Dempster.

^{3.} Cette dernière masse représente alors le degré d'ignorance quant à l'appartenance de x^i .

De plus, la construction des masses m^i , pour i = [1, ..., k], impose que les éléments focaux associés à la masse de croyance m correspondent aux hypothèses considérées parmi les k voisins et à Ω . Ainsi, la crédibilité et la plausibilité de H_q sont définies par:

$$Bel(H_q) = m(H_q), \qquad (4.2.7)$$

$$Pl(H_q) = m(H_q) + m(\Omega) \quad \forall H_q \in \Omega .$$
 (4.2.8)

Finalement, la décision quant à l'hypothèse d'appartenance est alors prise par l'intermédiaire d'une des fonctions de décision définies dans la section 4.1.4. En particulier, la probabilité pignistique BetP associée à l'hypothèse H_q est définie par :

$$BetP(H_q) = m(H_q) + \frac{m(\Omega)}{N} \quad \forall H_q \in \Omega .$$
(4.2.9)

On remarquera alors que, dans le cas particulier de décision sans rejet, les trois règles de décision D_{BetP} (équation. 4.1.15), D_{\star} (équation. 4.1.16), et D^{\star} (équation. 4.1.17), correspondant respectivement à la maximisation de la probabilité pignistique, de la crédibilité et de la plausibilité, sont équivalentes : si on note H_x la classe attribuée au vecteur forme x alors :

$$H_x = \arg \max_{H_q \in \Omega} m(H_q) . \tag{4.2.10}$$

Lorsque l'ensemble d'apprentissage est grand, la recherche des k plus proches voisins devient très pénalisante en coût calculatoire. Denœux a ainsi proposé de modifier la version des K-PPV évidentiels vers une version utilisant des prototypes de classes [33, 37]. Dans ce cadre, chaque hypothèse H_q est représentée par un prototype ${}^4 \omega_q$. Chaque prototype est alors considéré comme une source indépendante d'informations et on construit N masses de croyance élémentaires (une par hypothèse) qui seront ensuite combinées par la règle de combinaison orthogonale de Dempster. La distance d (équation 4.2.3) correspond alors à une distance entre le vecteur forme xà classer et le prototype considéré. Nous reviendrons, dans la section 4.3.3, sur le choix de la distance. Dans le cadre de notre étude et du fait des volumes importants de données à traiter (plusieurs centaines de milliers de vecteurs formes par volume), nous utilisons cette dernière version.

4.2.3 Modélisations fondées sur la vraisemblance

Le deuxième type de modèle considéré est fondé sur l'estimation d'une vraisemblance. On suppose donc qu'une phase d'apprentissage, préalable à la classification, nous a permis de définir ou d'estimer des densités de probabilité conditionnelles aux hypothèses $f(x|H_q)$, pour tout $H_q \in \Omega$. À tout vecteur forme $x \in \mathcal{X}$, la fonction de vraisemblance associée est une fonction de Ω dans $[0, +\infty[$ définie par $L(H_q|x) = f(x|H_q)$ pour toute hypothèse $H_q \in \Omega$.

Nous nous intéressons plus particulièrement à deux modèles. Le premier, proposé par Shafer [116], définit un jeu de masses m consonant à partir de l'évaluation simultanée de l'ensemble des hypothèses. Le second, proposé par Appriou de façon axiomatique [4], conduit à la définition de deux jeux de masses, dont l'un est identique à la formulation proposée par Smets [124].

^{4.} On pourra alors associer à chaque prototype ω_q le barycentre de l'ensemble des exemples attribués à l'hypothèse H_q .

Modèle de Shafer

Le méthode de Shafer, présentée dans [116], est une méthode globale permettant de modéliser la croyance sous la forme d'une structure de croyance consonante. Cette structure, notée m, possède la particularité de voir ses éléments focaux emboîtés⁵. En particulier, la structure m est équivalente à une distribution de possibilité et les fonctions de crédibilité et de plausibilité sont respectivement une mesure de nécessité et une mesure de possibilité.

Dans la modélisation proposée par Shafer, l'ensemble des hypothèses $H_q \in \Omega$ est pris simultanément en compte pour construire la masse de croyance. Si on appelle m cette structure de croyance associée à un vecteur forme $x \in \mathcal{X}$ à classer et Pl la fonction de plausibilité associée à m, la structure doit répondre aux axiomes suivants :

1. la plausibilité d'une hypothèse singleton H_q doit être proportionnelle à sa vraisemblance $L(H_q|x)$. Ainsi si c est un coefficient de normalisation, la plausibilité vérifie :

$$Pl(H_q) = c L(H_q|x) \quad \forall H_q \in \Omega.$$
 (4.2.11)

2. la structure de masse étant consonante, la plausibilité doit aussi vérifier :

$$Pl(A \cap B) = \max[Pl(A), Pl(B)] \quad \forall A, B \subseteq \Omega.$$
(4.2.12)

De ces axiomes, nous déduisons alors que la plausibilité d'un sous-ensemble $A \subseteq \Omega$ s'écrit :

$$Pl(A) = c \max_{H_q \in A} L(H_q | x) \quad \forall A \subseteq \Omega .$$
(4.2.13)

Dans le cadre du monde fermé, la plausibilité de l'ensemble de discernement Ω étant égale à l'unité, on déduit :

$$c = \frac{1}{\max_{H_q \in \Omega} L(H_q|x)} , \qquad (4.2.14)$$

et finalement, la plausibilité de tout sous-ensemble A de Ω devient :

$$Pl(A) = \frac{\max_{H_q \in A} L(H_q|x)}{\max_{H_q \in \Omega} L(H_q|x)} .$$
(4.2.15)

La fonction de plausibilité Pl peut ensuite être transformée en une masse de croyance m consonante par l'intermédiaire des transformations de Möbius [70, 69]. Cette approche offre une interprétation correcte des connaissances probabilistes par une fonction consonante. Cependant, un tel système favorise toujours l'hypothèse de plus grande probabilité [78] depart sa nature consonante.

Modèle d'Appriou

Le modèle proposé par Appriou a été construit dans l'objectif de répondre aux problématiques liées à la reconnaissance statistique par apprentissage [4]. Dans ce cadre, on note $\{S_1, \ldots, S_J\}$, J sources d'informations et h_j une mesure issue de la source S_j .

^{5.} Le lecteur pourra se référer à l'annexe B pour plus de détails sur ces notions.

La modélisation des masses de croyance, qui nécessite l'apprentissage des fonctions de vraisemblance $f(h_j|H_q) = L(H_q|h_j)$, a été proposée de façon à répondre à une axiomatique précise :

- **Propriété 1**: Cohérence avec l'approche bayésienne dans le cas où les distributions $p(h_j|H_q)$ apprises sont parfaitement représentatives des densités réellement rencontrées, et où les probabilités a priori $P(H_q)$ sont connues.
- **Propriété 2**: Séparabilité de l'évaluation des hypothèses H_q ; chaque densité de probabilité $f(h_j|H_q)$ doit être considérée comme une source d'informations distincte donnant lieu à un jeu de masses m_{qj} , notamment susceptible d'intégrer son facteur de confiance α_{qj} en terme d'affaiblissement. On impose ainsi que chaque jeu de masses m_q doit être la somme orthogonale des N jeux de masses m_{qj} considérés pour $q = [1, \ldots, N]$.
- **Propriété 3**: Cohérence avec l'association probabiliste des sources; pour des sources S_j indépendantes et de densités $f(h_j|H_q)$ parfaitement représentatives de la réalité, les procédures de modélisation retenues doivent conduire au même résultat si on effectue la somme orthogonale des modélisations m_j ou si on modélise directement les probabilités conjointes.

La recherche exhaustive des modèles répondant à ces trois propriétés fondamentales a conduit à la définition de deux modèles. Le premier (*modèle 1*), équivalent à celui de Smets [124], est alors défini par :

$$\begin{cases}
 m_{qj}(H_q) = 0 \\
 m_{qj}(\overline{H}_q) = \alpha_{qj} \times \{1 - R_j \times L(H_q|h_j)\} \\
 m_{qj}(\Omega) = 1 - \alpha_{qj} \times \{1 - R_j \times L(H_q|h_j)\}
\end{cases}$$
(4.2.16)

et le second (modèle 2) par:

$$\begin{cases}
 m_{qj}(H_q) = \alpha_{qj} \times R_j \times L(H_q|h_j)/\{1 + R_j \times L(H_q|h_j)\} \\
 m_{qj}(\overline{H_q}) = \alpha_{qj} \times \{1 + R_j \times L(H_q|h_j)\} \\
 m_{qj}(\Omega) = 1 - \alpha_{qj}
\end{cases}$$
(4.2.17)

La répartition de la masse de croyance (équations 4.2.16 et 4.2.17), pour une hypothèse H_q ne s'effectue que sur les sous-ensembles H_q , $\overline{H_q}$ et Ω , traduisant ainsi la séparabilité de l'évaluation des hypothèses.

Le paramètre R_j est un terme de normalisation contraint par :

$$R_j \in \left[0, \left\{\sup_{h_j} \max_{q=[1,\dots,N]} L(H_q|h_j)\right\}^{-1}\right].$$
(4.2.18)

Il n'existe pas de règle ou de justification concernant la valeur affectée à R_j . Cependant, on lui attribue souvent la valeur maximale autorisée, à savoir :

$$R_j = \frac{1}{\sup_{h_j} \max_{q = [1, \dots, N]} L(H_q | h_j)} .$$
(4.2.19)

Les jeux de masses ainsi obtenus sont les moins spécifiques possibles.

Les vraisemblances $L(H_q|.)$ utilisées dans le modèle de Shafer et dans les modèles d'Appriou sont déterminées soit à partir d'informations *a priori*, soit à partir d'un apprentissage statistique. Les formes des densités estimées sont alors plus ou moins représentatives des densités réellement rencontrées. L'utilisation des coefficients de fiabilité α_{qj} permettent alors de prendre en considération ce biais d'apprentissage. C'est là un avantage certain de la théorie de l'évidence sur la théorie des probabilités. Lorsque la densité apprise $L(H_q|.)$ est considérée comme parfaitement représentative de la réalité des données, $\alpha_{qj} = 1$. Le jeu de masses n'est pas atténué et la démarche de classification correspond alors à une procédure par maximum de vraisemblance [4]. Dans le cas inverse, si $L(H_q|.)$ est mal apprise ou non représentative des données réelles, $\alpha_{qj} = 0$. Le jeu de masses m_{qj} devient alors l'élément neutre de la combinaison orthogonale. Dans la pratique, ces coefficients de fiabilité sont rarement égaux à 1, évitant ainsi une possible situation de conflit total lors de leur combinaison. Différentes approches ont été proposées pour déterminer ces paramètres. Dans [4], Appriou propose de fixer ces coefficients à 1 si la confiance accordée aux sources est élevée et à 0,9 dans le cas contraire. Dans [91], les coefficients d'affaiblissement sont calculés au moyen d'une application linéaire de l'écart-type des données d'apprentissage de chaque hypothèse selon chaque source dans l'intervalle [0,9,1]. Dans [80], les coefficients sont estimés à partir d'une mesure de dissemblance entre des approximations de lois de probabilités a priori inconnues.

Les jeux de masses m_{qj} ainsi déterminés par les équations 4.2.16 et 4.2.17, pour chaque hypothèse $H_q \in \Omega$ avec $q = [1, \ldots, N]$ et chaque source S_j avec $j = [1, \ldots, J]$, la fusion intrasources des jeux de masses définit p nouveaux jeux de masses :

$$m_j(.) = \bigoplus_{q=[1,...,N]} m_{qj}(.)$$
 (4.2.20)

Finalement, le jeu de masses m est défini en fusionnant les p jeux de masses précédents :

$$m(.) = \bigoplus_{j=[1,...,J]} m_j(.) .$$
(4.2.21)

Remarque 1 - Le modèle 1 (équation 4.2.16) proposé par Appriou possède une forme identique au modèle proposé par Smets dans le cadre des modèles de croyances transférables [124]. Le raisonnement tenu par Smets se base uniquement sur des considérations de déconditionnement et de conditionnement portant sur des cadres de discernement différents. Le modèle qu'il propose dérive alors de l'application du *théorème de Bayes généralisé (Generalized Bayesian Theorem,* GBT). C'est ce modèle, préconisé par Appriou [137], que nous utilisons par la suite.

Remarque 2 - Dans le cas général énoncé ci-dessus, on considère une mesure h_j issue de la source S_j . Dans le cas particulier de la segmentation des images IRM, et sous une approche multi-échos, nous pouvons considérer chaque pondération comme une source d'informations. Dans la pratique, les différentes acquisitions étant réalisées à des instants t différentes, nous pouvons considérer les pondérations comme des sources d'information indépendantes que l'on peut fusionner. Dans ce cadre applicatif multi-capteurs, la mesure h_j correspond au niveau radiométrique x_j associé à la $j^{ème}$ pondération.

Remarque 3 - Les modèles de Denœux et de Shafer, tels que décrits précédemment, sont utilisés dans une approche vectorielle. L'ensemble des pondérations est considéré, dans sa globalité, vectoriellement. De la même façon, il est possible d'aborder les modélisations d'Appriou sous cet angle. Dans [78], une version vectorielle de ces modèles est proposée. Le modèle 1 et le modèle 2 sont alors définis respectivement par :

$$\begin{cases} m_q(H_q) = 0\\ m_q(\overline{H}_q) = \alpha_q \times \{1 - R \times L(H_q|x)\}\\ m_q(\Omega) = 1 - \alpha_q \times \{1 - R \times L(H_q|x)\} \end{cases}$$

$$(4.2.22)$$

 et

$$\begin{cases} m_q(H_q) &= \alpha_q \times R \times L(H_q|x)/\{1 + R \times L(H_q|x)\} \\ m_q(\overline{H_q}) &= \alpha_q \times \{1 + R \times L(H_q|x)\} \\ m_q(\Omega) &= 1 - \alpha_q \end{cases}$$

$$(4.2.23)$$

avec

$$R \in \left[0, \{\sup_{x \in \mathcal{X}} \max_{q = [1, \dots, N]} L(H_q | x)\}^{-1}\right].$$
(4.2.24)

Le jeu de masses m est ensuite calculé par la fusion des N jeux de masses m_q pour $q = [1, \ldots, N]$:

$$m(.) = \bigoplus_{q=[1,...,N]} m_q(.) .$$
(4.2.25)

4.3 Estimations des paramètres

Qu'il s'agisse du modèle fondé sur des distances proposé par Denœux ou des deux modèles fondés sur les fonctions de vraisemblance, proposés respectivement par Shafer et Appriou, la construction des masses de croyance nécessite l'existence préalable d'un apprentissage. Pour le modèle de Denœux⁶, il s'agit de déterminer la position des représentants de chaque classe. Pour les algorithmes de Shafer et d'Appriou, il s'agit d'estimer les fonctions de vraisemblance.

Nous proposons de constituer l'apprentissage de ces différents paramètres de façon non supervisée, i.e. sans aucune intervention d'un opérateur. Cet aspect non supervisé se justifie à différents niveaux. D'une part, la constitution d'un ensemble d'apprentissage par un opérateur serait une tâche longue et fastidieuse, car nécessitant la sélection d'un nombre important d'échantillons pour chaque hypothèse de l'ensemble de discernement. Cette sélection effectuée par un opérateur posséderait de plus un biais d'apprentissage nuisible à la reproductibilité des résultats et à leur objectivité. D'autre part, différentes comparaisons entre des algorithmes de classification supervisée et non supervisée [15, 26, 152] ont montré l'avantage de méthodes non supervisées, plus robustes au bruit et fournissant une meilleure discrimination des différentes structures.

Afin de pouvoir comparer les performances des différentes modélisations, il convient d'utiliser pour chacune d'elles le même ensemble apprentissage, noté \mathcal{X}_t . La constitution de cet ensemble sera discutée dans la section 4.3.4. Nous proposons dans un premier temps d'estimer les vraisemblances $L(.|H_q)$ pour q = [1, ..., N], qui seront directement utilisées pour la construction des

^{6.} Nous rappelons que nous utilisons la version « prototype » de l'algorithme de discrimination crédibiliste.

masses de croyance associées aux modèles de Shafer et d'Appriou. Dans un second temps, les représentants de chaque classe sont ensuite estimés pour le modèle de Denœux. Nous reviendrons plus particulièrement sur cet aspect dans la section 4.3.3.

4.3.1 Modèle de mélange gaussien

Parmi les représentations les plus courantes de la radiométrie des tissus cérébraux, le modèle gaussien est certainement celui qui remporte l'adhésion la plus large [52]. Ainsi, à chaque tissu est associée une loi radiométrique gaussienne de dimension p. Elle se caractérise alors par sa moyenne μ et sa matrice de covariance Σ . Ce modèle gaussien est celui que nous adoptons dans cette phase d'apprentissage.

Dans ce contexte d'apprentissage statistique, on considère que le volume V est constitué de *n* vecteurs formes $x \in \mathcal{X}$, supposés être la réalisation de *n* vecteurs aléatoires. Les lois conditionnelles de densités gaussiennes de dimension *p* associées à *x* sont alors définies par :

$$f(x|\mu_q, \Sigma_q) = (2\pi)^{-p/2} |\Sigma_q|^{-1} \exp\left\{-\frac{1}{2}(x-\mu_q)^T \Sigma_q^{-1}(x-\mu_q)\right\}, \forall q = [1, \dots, N], \quad (4.3.1)$$

où μ_q et Σ_q sont respectivement le vecteur moyenne et la matrice de covariance associés à l'hypothèse H_q .

De plus, on suppose que le volume V se compose de N classes homogènes et distinctes les unes des autres. Chaque classe est alors associée à une hypothèse H_q de Ω , de distribution gaussienne. On se retrouve ainsi dans le cadre d'un modèle de mélange. La densité de probabilité non conditionnelle de x est ainsi définie par :

$$f(x) = \sum_{q=1}^{N} \pi_q f(x|\mu_q, \Sigma_q) .$$
(4.3.2)

Le paramètre π_q représente la probabilité *a priori* de l'hypothèse H_q . Il correspond également à la proportion de vecteurs formes d'hypothèse H_q dans V. La variable Θ caractérise le modèle de mélange :

$$\Theta = \{\theta_1, \dots, \theta_N\},\tag{4.3.3}$$

avec $\theta_q = {\pi_q, \mu_q, \Sigma_q}$, pour $q = [1, \dots, N]$. Dans ce contexte, notre problématique d'apprentissage est celle de l'estimation des paramètres Θ du modèle de mélange.

Il convient de remarquer que la modélisation des lois radiométriques de chaque tissu par une loi gaussienne n'est vraisemblablement qu'une approximation de la forme de la loi. En particulier, elle considère que chaque voxel est constitué d'un tissu unique et ne prend ainsi pas en compte les effets de volumes partiels qui se caractérisent par la présence de voxels de mélange. On notera de plus que cette forme est mise en cause par certains auteurs [26], qui préconisent l'utilisation d'approches non paramétriques. Cependant, elle nous permet d'obtenir une première estimation de la partition de l'espace des caractéristiques, fût-elle imprécise et incertaine.

4.3.2 Estimation du modèle de mélange

L'algorithme Expectation-Maximization (EM) proposé par Dempster, Laird et Rubin [32] est classiquement utilisé pour estimer, au sens du maximum de vraisemblance, les paramètres Θ d'un modèle de mélange. Partant de paramètres initiaux Θ_0 , cet algorithme itératif alterne successivement l'estimation de la classification des vecteurs formes, au cours de l'étape *Expectation* et la mise à jour du modèle de mélange, au cours de la phase *Maximization*.

L'estimation des paramètres Θ est réalisée à partir de l'ensemble d'apprentissage \mathcal{X}_t , composé de t vecteurs formes. Chaque étape i du processus d'estimation est alors définie par :

Expectation - Soit $\hat{\Theta}_i = {\hat{\pi}_i, \hat{\mu}_i, \hat{\Sigma}_i}$ l'estimation courante de Θ . L'étape expectation consiste à estimer les probabilités conditionnelles pour tout vecteur forme $x \in \mathcal{X}_t$:

$$P(H_q|x) = \frac{\hat{\pi}_q |\hat{\Sigma}_q|^{-1/2} \exp\left[-\frac{1}{2}(x - \hat{\mu}_q)^T \hat{\Sigma}_q^{-1}(x - \hat{\mu}_q)\right]}{\sum_{j=1}^N \hat{\pi}_j |\hat{\Sigma}_j|^{-1/2} \exp\left[-\frac{1}{2}(x - \hat{\mu}_j)^T \hat{\Sigma}_j^{-1}(x - \hat{\mu}_j)\right]} \quad \forall q = [1, \dots, N] . \quad (4.3.4)$$

Maximization - Cette étape consiste à ré-estimer les nouveaux paramètres Θ_{i+1} à partir des probabilités conditionnelles $P(H_q|.)$ grâce aux formules suivantes :

$$\hat{\pi}_{q+1} = \frac{1}{n} \sum_{x \in \mathcal{X}_t} P(H_q | x) , \qquad (4.3.5)$$

$$\hat{\mu}_{q+1} = \frac{\sum_{x \in \mathcal{X}_t} P(H_q|x).x}{\sum_{x \in \mathcal{X}_t} P(H_q|x)} , \qquad (4.3.6)$$

et enfin

$$\hat{\Sigma}_{q+1} = \frac{\sum_{x \in \mathcal{X}_t} P(H_q | x) (x - \hat{\mu}_q) (x - \hat{\mu}_q)^T}{\sum_{x \in \mathcal{X}_t} P(H_q | x)} .$$
(4.3.7)

La réitération de ces étapes jusqu'à la convergence de l'algorithme permet ainsi d'obtenir rapidement une estimation des paramètres au sens du maximum de vraisemblance. Notons toutefois que la solution finale est dépendante de l'initialisation des paramètres et qu'une mauvaise initialisation peut induire une convergence vers des minima locaux.

Les vraisemblances ainsi estimées, la construction des jeux de masses associés aux modèles de Shafer et d'Appriou est respectivement faite à partir des équations 4.2.15 et 4.2.16.

4.3.3 Estimation des prototypes de classes

Le calcul des jeux de masses par le modèle fondé sur les distances nécessite, d'une part, la définition ou l'estimation de la position des prototypes de classes et, d'autre part, le choix d'une distance adaptée aux données manipulées.

À chaque hypothèse $H_q \in \Omega$, pour q = [1, ..., N], nous associons un prototype noté ω_q dont la position dans l'espace des caractéristiques est égale à l'estimation de la moyenne $\hat{\mu}_q$.

Dans le cadre du modèle dondé sur des distances, nous proposons l'utilisation, pour les données IRM, la distance de Mahanalobis qui utilise la notion de variance. Ceci permet de prendre en compte, d'une part, le bruit présent dans les images et, d'autre part, l'étalement important des classes dans l'espace des caractéristiques. Cet aspect sera illustré dans la section 4.4. Ainsi, la distance entre un vecteur forme $x \in \mathcal{X}_t$ et le prototype ω_a est définie par :

$$d^{2}(\omega_{q},x) = (x - \hat{\mu_{q}})^{T} \hat{\Sigma_{q}}^{-1} (x - \hat{\mu_{q}}), \qquad (4.3.8)$$

où $\hat{\Sigma}_q$ correspond à l'estimation de la matrice de covariance de l'ensemble des vecteurs formes appartenant à l'hypothèse H_q et $\hat{\mu}_q$ à l'estimation de la position du prototype ω_q .

Enfin, les paramètres γ_q sont calculés et optimisés d'après la méthode décrite dans [156], en utilisant la classification initiale obtenue par l'algorithme EM.

4.3.4 Les contraintes liées à la pratique

La méthode d'estimation des paramètres décrite précédemment nécessite l'existence et donc la définition de l'ensemble d'apprentissage $\mathcal{X}_t \subseteq \mathcal{X}$. Une contrainte imposée à cet ensemble d'apprentissage est qu'il doit nécessairement contenir des échantillons correspondant à chacune des hypothèses. Or, si des connaissances *a priori* sur la localisation des structures saines peuvent être introduites dans le processus de classification, aucune connaissance *a priori* sur la localisation et l'organisation (nombre de sous-structures) des tumeurs n'est connue dans un cadre non supervisé. Cette contrainte impose alors de choisir $\mathcal{X}_t = \mathcal{X}$. L'avantage est alors de s'assurer de la présence de tous les types de tissus dans l'ensemble d'apprentissage. L'inconvénient est de manipuler un ensemble d'apprentissage de très grande taille. À titre d'exemple, le volume V_1 , composé de 89 coupes de dimensions 256×256 chacune, possède plus de 800 000 échantillons⁷. De plus, le lien évident entre apprentissage et résultats de segmentation invite à optimiser la qualité de l'apprentissage et rend l'application de méthodes telles que des validations croisées souhaitable. Cependant, la taille de l'ensemble d'apprentissage induit inévitablement des coûts calculatoires prohibitifs. Ainsi, dans la pratique, aucune optimisation de l'apprentissage n'est réalisée, même si, par voie de conséquence, les résultats obtenus par la suite risquent d'être sous-optimaux.

4.4 Classification de données de synthèse et réelles

Nous avons, jusqu'à présent, décrit les différentes modélisations des masses de croyances que nous avons retenues ainsi que le procédé d'estimation des paramètres nécessaires à la construction des masses de croyance. Dans cette section, nous proposons d'appliquer ces modélisations sur des

^{7.} Nombre de vecteurs formes identifiés « cerveau » lors de l'étape de présegmentation.

volumes IRM multi-échos afin d'obtenir, dans un premier temps, une classification des données. La section se divise en trois parties. Tout d'abord, nous décrivons le processus de classification des images IRM proposé. Puis, nous étudions, au travers de deux exemples, le comportement des différents modèles. Enfin, nous comparons les résultats de la classification crédibiliste aux résultats obtenus par différentes méthodes de classification classiques.

Nous rappelons qu'avant toute étape de classification, les volumes de données sont prétraités par la méthode proposée dans le chapitre 3, permettant de réduire le nombre de structures anatomiques et, ainsi, de diminuer le nombre d'hypothèses associées à notre problème de classification. Ce dernier aspect revêt un caractère important dans le cadre de l'utilisation de la théorie de l'évidence, qui peut être rapidement pénalisée de par l'explosion combinatoire qui découle d'un nombre de classes important⁸. De plus, ce nombre de classes étant limité, nous pouvons supposer que l'apprentissage des paramètres de classes n'en sera que plus précis et plus proche de la réalité. Enfin, de façon pratique, la restriction des traitements aux seules zones cérébrales d'intérêt permet de réduire considérablement le volume de données (en moyenne, divisé par deux).

4.4.1 Schéma de principe de classification

La classification des images IRM multi-échos par la théorie de l'évidence répond au schéma de classification présenté sur la figure 4.1. Après la phase d'apprentissage, chaque vecteur forme $x \in \mathcal{X}$ est associé à une masse de croyance, modélisant l'information contenue dans x. Avant de construire ces masses de croyance, il importe de déterminer le « mode d'exploitation » des différentes pondérations.



affectation de x à une hypothèse simple

FIG. 4.1: Schéma de principe de la classification par la théorie de l'évidence

^{8.} La complexité calculatoire est dépendante de la modélisation et du nombre de classes utilisées.

Approche vectorielle vs approche multi-capteurs

Dans une approche multi-échos de la classification, deux options se présentent à nous. La première est de considérer les différentes pondérations globalement et donc d'utiliser une approche vectorielle. La seconde est de considérer les différentes pondérations séparément, puis de combiner les informations associées à chacune d'elles; c'est une approche multi-capteurs. Ces deux points de vue sont applicables quelle que soit la modélisation des masses de croyance.

L'approche vectorielle, qui globalise l'ensemble des informations à notre disposition, nous semble être l'approche la plus immédiate mais également la plus simple de mise en œuvre. La particularité de l'approche multi-capteurs est de considérer indépendamment chaque source, puis de fusionner les informations extraites de chacune d'elles. Dans la pratique, cette fusion se traduit par la combinaison des masses de croyance issues de chaque source et nécessite donc de travailler sur des ensembles de discernement compatibles. Or, si on veut tirer pleinement avantage de chaque pondération, il semble adéquat de réaliser un apprentissage indépendant pour chacune. Il s'avère cependant que ce type d'apprentissage conduit le plus souvent à des ensembles de discernement non compatibles. Différentes situations peuvent alors se produire. Une première est de voir certaines classes apparaître avec une pondération et disparaître avec une autre. Dans ce cas de figure, il est possible, par des mécanismes de raffinement et de grossissement, de rendre les ensembles de discernement compatibles. Une seconde situation est d'obtenir, lors de l'apprentissage, des hypothèses qui sémantiquement correspondent à des mélanges de structures cérébrales. Il est alors plus difficile de rendre compatibles les ensembles de discernement sans augmenter de façon rédhibitoire le nombre de classes considérées. L'ensemble de ces caractéristiques nous fait préférer l'approche vectorielle à l'approche multi-capteurs.

Si on revient aux différentes modélisations que nous avons retenues, nous constatons que les modèles de Denœux et de Shafer sont, par leur définition et leur construction, adaptés à une approche vectorielle. Ceci n'est pas le cas du modèle d'Appriou, qui par construction, est un modèle multi-capteurs. Même si une version vectorielle, n'exploitant qu'un unique capteur, a été proposée [78], cette approche conduit, de notre point de vue, à un modèle dégénéré par rapport au modèle initial. Nous choisissons alors, pour ce modèle, de considérer les données d'un point de vue multi-capteurs.

Afin de solutionner les problèmes de compatibilité des ensembles de discernement, nous proposons de réaliser un apprentissage « vectoriel » par l'algorithme EM. Cet apprentissage sera alors commun à tous les modèles. Pour le modèle d'Appriou, nous proposons de calculer, pour chaque pondération, les moyennes et variances associées aux différentes hypothèses; il est ainsi possible de calculer des fonctions de vraisemblance, dans un cadre de discernement commun.

Notons que l'utilisation d'un même apprentissage pour les trois modèles possède l'avantage de les placer dans un référentiel d'utilisation commun. Leurs performances respectives peuvent alors être comparées plus objectivement.

Détails des paramètres de classification

Pour chaque volume multi-échos, réel ou de synthèse, il est nécessaire de définir les paramètres utilisés au cours de la chaîne de traitements :

 Apprentissage: l'apprentissage des vraisemblances et de la position des prototypes des classes par l'intermédiaire de l'algorithme de classification automatique EM (section 4.3). Le nombre de classes N est fixé arbitrairement à 3 (matière blanche, matière grise et liquide céphalo-rachidien) pour les volumes de synthèse. Pour les volumes réels, N est fixé à 4 ou 5 selon les cas (matière blanche, matière grise, liquide céphalo-rachidien, tumeur et, pour certains volumes, œdème); le nombre effectif de classes sera précisé au cas par cas.

Comme nous venons de le voir, nous avons choisi, dans notre cadre applicatif, de fixer le nombre N de classes. Ce choix correspond à une contrainte d'ordre algorithmique et non méthodologique. Il existe en effet des méthodes de recherche automatique du nombre de classes fondées sur la théorie de l'évidence [138]. Cependant, l'initialisation de ces algorithmes nécessitent d'avoir autant de classes que de vecteurs formes, ce qui, dans notre application, est rédhibitoire.

Afin de s'assurer de la présence d'individus de chaque classe dans l'ensemble d'apprentissage \mathcal{X}_t et, en particulier, d'individus appartenant à la zone tumorale, nous imposons que l'ensemble d'apprentissage \mathcal{X}_t corresponde à l'ensemble tout entier des vecteurs formes, i.e. $\mathcal{X}_t = \mathcal{X}$. L'apprentissage, comme la classification, s'effectue donc sur l'ensemble des données du volume multi-échos traité.

2. *Construction des jeux de masses* : pour chaque volume, les jeux de masses sont construits à partir des modélisations décrites dans la section 4.2.

Pour le modèle fondé sur les distances, les coefficients γ_q , pour $q = [1, \ldots, N]$, sont optimisés par la procédure proposée par Denœux et Zouhal [156] à partir de la classification obtenue par l'algorithme EM. Les coefficients d'affaiblissement α_q , pour $q = [1, \ldots, N]$, sont fixés à 0,95. Cette valeur reflète, d'une part, la confiance partielle, mais satisfaisante, quant à la localisation estimée des centres de classes et, d'autre part, évite toute situation de conflit total. Notons que les coefficients d'affaiblissement sont identiques pour l'ensemble des sources. Ainsi, aucune d'elles n'est favorisée.

Pour la modélisation d'Appriou, les coefficients d'affaiblissement α_{qj} , pour $q = [1, \ldots, N]$ et $j = [1, \ldots, p]$, sont, pour les même raisons, fixés à 0,95. Le paramètre de normalisation R_j , pour $j = [1, \ldots, p]$ est égal à sa valeur maximale autorisée (équation 4.2.19). Les masses de croyance sont alors les moins spécifiques possibles.

3. Prise de décision : définition de la classe d'appartenance de chaque vecteur forme x ∈ X. Les coûts de décision utilisés correspondent aux coûts {0,1}. Les décisions sont prises suivant deux stratégies de décision, correspondant aux modes de décision les plus classiques [95]. Il s'agit du critère de maximum de plausibilité et du maximum de la probabilité pignistique. La décision sur maximisation de la crédibilité n'est pas employée ici, ce qui correspond à une démarche habituelle dans le cadre de la théorie de l'évidence.

4.4.2 Description des volumes traités

Données de synthèse

Les volumes de synthèse utilisés proviennent de l'Institut Neurologique de l'Université McGill de Montréal. Ce dernier met en effet à disposition des volumes cérébraux de synthèse correspondant à différentes pondérations d'acquisition. Cette base de données est plus connue sous le nom de *Brainweb*⁹. Chaque volume cérébral, pour lequel les caractéristiques en termes de niveaux de bruit et de dérive du champ radiofréquence sont connues, est constitué de liquide céphalorachidien, de matière blanche, de matière grise, de neuroglie (tissu localisé autour des parois des ventricules), de muscle, de graisse, de peau et du crâne. La vérité terrain est connue sous forme de fractions tissulaires (figure 4.2). L'étiquette finale attribuée à chaque voxel correspond alors au tissu majoritaire. La connaissance des défauts des images ainsi que de la vérité terrain présente évidemment un intérêt certain pour évaluer l'efficacité de notre approche.

Pour chaque volume de données, constitué de l'empilement de 181 coupes, les paramètres d'acquisition (temps d'écho, de répétition, taille des voxels, épaisseur des coupes, distance intercoupes...) sont connus. Chaque coupe se compose 217×181 voxels. Ces derniers sont isométriques et de dimensions $1 \times 1 \times 1$ mm. On rappelle que, pour chaque volume, le niveau de bruit simulé ainsi que le niveau de dérive du champ radiofréquence sont connus.



FIG. 4.2: Fractions tissulaires d'un volume du Brainweb



Pour nos évaluations, nous avons ainsi constitué différents jeux de données, faisant varier les niveaux de bruit et de dérive. Un jeu particulier est constitué d'un volume multi-échos composé des pondérations en T_1 , en T_2 et en ρ . Pour chaque niveau de bruit (3%, 5%, 7% et 9%), trois niveaux de dérive du champ radiofréquence sont utilisés (0%, 20% et 40%), constituant ainsi une base d'évaluation de 12 volumes. Par la suite, un volume multi-échos caractérisé par un bruit de x% et de dérive de y% sera noté (n = x%, rf = y%).

^{9.} http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb/

Chaque volume est préalablement traité, à partir des connaissances *a priori* apportées par la vérité terrain, de façon à n'être constitué que de la zone cérébrale à proprement dite, c'est-à-dire de matière blanche, de matière grise et de liquide céphalo-rachidien¹⁰. Ce sont alors ces dernières classes qui seront recherchées.

Données réelles

Les volumes réels traités correspondent aux volumes multi-échos présentant des tumeurs cérébrales, provenant du CHRU de Poitiers (tableau 3.1, chapitre 3).

4.4.3 Résultats de classification sur des données de synthèse

Comparaison avec des algorithmes de classifications classiques

Afin de montrer l'intérêt de la théorie de l'évidence pour la classification de données IRM, nous comparons les résultats de classification obtenus par les algorithmes crédibilistes avec ceux obtenus par des algorithmes de classification classiques, à savoir, l'algorithme EM, mais aussi l'algorithme des k-moyennes (C-Means) et l'algorithme Fuzzy-C-Means (FCM).

La connaissance de la vérité terrain permet de définir des critères objectifs d'évaluation des classifications. Le critère choisi est alors le taux d'erreur de classification, noté ξ , et défini par :

$$\xi = \frac{\text{nombre de vecteurs formes mal classés}}{\text{nombre de vecteurs formes traités}} .$$
(4.4.1)

L'ensemble des taux d'erreur de classification, est résumé dans le tableau 4.1. Seuls les résultats obtenus par la règle de maximisation de la probabilité pignistique sont présentés ci-dessous, ceux obtenus par la règle de maximisation de la plausibilité étant strictement du même ordre.

Les résultats de classification obtenus par les différents algorithmes pour les volumes (n = 3%, rf = 20%) et (n = 7%, rf = 20%) sont représentés respectivement sur les figures 4.4 et 4.5. Ils sont alors à mettre en relation avec la vérité terrain représentée sur la figure 4.3.



FIG. 4.3: Vérité terrain (zoom sur la coupe 78)

^{10.} Le neuroglie n'étant présent qu'en faible quantité, on considérera qu'il est équivalent à de la matière grise.



FIG. 4.4: Résultats de classification du volume (n = 3%, rf = 20%) (zoom sur la coupe 78)

La figure 4.4 montre les résultas obtenus sur un volume présentant peu de défauts $(n = 3\%, rf = 20\%)^{11}$. Du plus clair au plus foncé, nous trouvons la matière blanche, la matière grise et le liquide céphalo-rachidien. Sur l'ensemble des imagettes, les résultats obtenus semblent visuellement très semblables. Seuls les résultats obtenus avec le FCM montrent une faiblesse de la classification avec en particulier de la matière blanche étiquetées liquide céphalo-rachidien. Cette constatation est confirmée par son taux d'erreur ($\xi = 7,41\%$). De manière générale, les différences de classification se situent principalement au niveau des noyaux de gris, qui correspondent à des structures difficiles à localiser précisément du fait de la présence de nombreux voxels de mélanges (matière blanche et matière grise).

Sur la figure 4.5 sont représentés les résultats de classification du volume (n = 7%, rf = 20%). Les niveaux de bruit et de dérive du champ radiofréquence correspondent alors à des niveaux que l'on retrouvent généralement sur des volumes réels. Sur les différentes imagettes, quelle que soit la méthode utilisée, nous constatons de nombreuses confusions entre la matière blanche et la matière grise, indiquant que les classifications souffrent de la présence du bruit. Si les algorithmes k-moyennes et FCM présentent de nombreuses erreurs de classification, les résultats obtenus pour l'ensemble des autres méthodes sont, quant à eux, visuellement très semblables. Cependant, les taux d'erreur donnent l'avantage aux algorithmes crédibilistes qui semblent ainsi mieux adaptés à des situations imprécises et incertaines. Les résultats de classification de ce volume illustrent le manque de robustesse des algorithmes vis-à-vis du bruit et indiquent le besoin de prise en

^{11.} Notons que les cas réels sont souvent plus bruités.



FIG. 4.5: Résultats de classification du volume (n = 7%, rf = 20%) (zoom sur la coupe 78)

compte d'informations contextuelles. Ces dernières devraient permettre de réduire les erreurs de classification et régulariser les résultats.

Le tableau 4.1 présente l'ensemble des taux d'erreur de classification obtenus sur les volumes de la base de données du Brainweb. De manière générale, on peut remarquer que, quels que soient les niveaux de bruit et de dérive du champ, les algorithmes k-moyennes et FCM offrent des performances médiocres vis-à-vis des autres algorithmes, confirmant les observations faites sur les figures 4.4 et 4.5. L'algorithme EM et les algorithmes crédibilistes, aux performances très proches les unes des autres, sont plus performants. Leurs taux d'erreurs sont alors entre 30% et 50% inférieurs à ceux obtenus par les algorithmes k-moyennes et FCM.

Lorsque les niveaux de bruit et de dérive sont relativement faibles (n = 3%, rf = 0%), (n = 3%, rf = %20) et (n = 5%, rf = %0), l'algorithme probabiliste EM obtient les meilleurs résultats. Cependant, au dessus de ces niveaux de bruit et de dérive, les algorithmes crédibilistes prennent l'avantage. Les performances de ces derniers sont alors très proches. Ceci semble indiquer que, lorsque l'apprentissage des différents paramètres devient moins fiable du fait des défauts inhérents aux données, l'approche de classification par la théorie de l'évidence est plus adaptée que les approches classiques. L'incertitude et l'imprécision des données sont alors prises en compte, ce qui se traduit ici par des erreurs de classification moins nombreuses.

Enfin, on remarquera une forte augmentation des taux d'erreur quel que soit l'algorithme utilisé, lorsque la dérive du champ radiofréquence est importante (rf = 40%). Ces résultats sont attendus puisque, ni la phase d'estimation des paramètres par l'algorithme EM, ni les modèles crédibilistes n'intègrent ces défauts dans la modélisation des données. Cependant, on notera qu'un niveau de dérive de 40% est un cas extrême, sans doute peu rencontré dans la pratique clinique. Toutefois, même dans cette situation, on remarque que les algorithmes crédibilistes sont les plus performants.

ξ (%)			n = 3%	0		n = 5%	
	rf	0%	20%	40%	0%	20%	40%
k-moyennes		$6,\!22$	$12,\!67$	20,90	$13,\!21$	$15,\!68$	22,89
FCM		$7,\!41$	$9,\!97$	$21,\!59$	12,73	13,79	$23,\!45$
EM		$3,\!26$	$6,\!31$	$15,\!16$	$6,\!70$	$5,\!82$	$15,\!97$
Denœux		$3,\!58$	$6,\!42$	$14,\!08$	7,04	$5,\!69$	$15,\!05$
Shafer		3,70	6,74	$13,\!53$	$7,\!04$	$6,\!28$	$14,\!57$
Appriou		$4,\!37$	$6,\!42$	14,40	7,10	$6,\!53$	$15,\!32$
		n = 7%					
			n = 7%)		n = 9%	, 0
	rf	0%	n = 7% 20%	40%	0%	n = 9% 20%	40%
k-moyennes	rf	0% 15,34	n = 7% 20% 19,41	40% 25,70	0% 20,07	n = 9% 20% 23,40	40% 28,99
k-moyennes FCM	rf	0% 15,34 15,60	n = 7% 20% 19,41 18,14	40% 25,70 25,60	0% 20,07 19,86	n = 9% 20% 23,40 22,17	
k-moyennes FCM EM	rf	0% 15,34 15,60 7,41	n = 7% 20% 19,41 18,14 8,64	40% 25,70 25,60 18,34	0% 20,07 19,86 12,77	n = 9% 20% 23,40 22,17 16,32	40% 28,99 27,99 22,33
k-moyennes FCM EM Denœux	rf	0% 15,34 15,60 7,41 7,08	n = 7% 20% 19,41 18,14 8,64 8,31	40% 25,70 25,60 18,34 17,55	0% 20,07 19,86 12,77 11,68	n = 9% 20% 23,40 22,17 16,32 15,16	$ \begin{array}{r} $
k-moyennes FCM EM Denœux Shafer	rf	0% 15,34 15,60 7,41 7,08 7,81	n = 7% 20% 19,41 18,14 8,64 8,31 8,77	40% 25,70 25,60 18,34 17,55 17,33	0% 20,07 19,86 12,77 11,68 12,99	n = 9% 20% 23,40 22,17 16,32 15,16 16,07	$ \begin{array}{r} $

Pour chaque jeu de données, le meilleur taux est placé en gras.

TAB. 4.1 – Taux d'erreur de classification obtenus sur les données du Brainweb

L'ensemble des résultats obtenus sur des données de synthèse indique que le traitement des données IRM par l'intermédiaire de la théorie de l'évidence est non seulement justifié mais aussi *a posteriori* plus indiqué que les méthodes classiques. Bien que ces résultats soient obtenus sur des données de synthèse, les défauts présentés par les images sont suffisamment proches de la réalité des images IRM pour supposer que ces conclusions peuvent s'étendre aux données réelles.

Comparatif des différentes modélisations des fonctions de croyance

Dans cette partie, notre objectif est d'étudier et de comparer les différentes modélisations des fonctions de croyance. Nous proposons de réaliser cette étude au travers du volume de synthèse (n = 7%, rf = 20%). Le choix de ce volume, qui possède un niveau de bruit parmi les plus élevé des volumes de synthèse, est ici un choix délibéré afin de se rapprocher des conditions que l'on retrouve pour les volumes réels. De plus, afin de faciliter la lisibilité des résultats, nous n'utilisons que des pondérations en T_1 et en T_2 . L'histogramme du volume de synthèse bidimensionnel est donné par la figure 4.6. Sur cet histogramme, un point d'intensité élevée caractérise un couple radiométrique fortement représenté dans le volume. On remarquera, en particulier, le fort étalement des données avec, de gauche à droite et de bas en haut, les radiométries correspondant à la matière blanche (MB), à la matière grise (MG) et enfin au liquide céphalo-rachidien (LCR). Les comportements associés aux différentes modélisations sont observés au travers de deux types d'informations : la variation du taux d'erreur de classification en fonction du taux de rejet et la localisation et la forme des régions de décision.



FIG. 4.6: Histogramme bidimensionel du volume de synthèse (n = 7%, rf = 20%)

Taux d'erreur en fonction du taux de rejet - Lors de la prise de décision, il est possible d'introduire une nouvelle classe, appelée classe de rejet (section B.3). Cette classe contient alors tous les vecteurs formes pour lesquels la décision est jugée peu sure. Ce cas de figure apparaît généralement lorsqu'un vecteur forme se situe à la frontière entre deux ou plusieurs classes ou lorsqu'il est trop éloigné de l'ensemble des classes. Dans le premier cas, on parle alors de rejet d'ambiguïté. Dans le second, on parle de rejet en distance. De façon plus formelle, si on note C_r le coût du rejet et Ψ la fonction de décision utilisée, alors la décision D(x) associée au vecteur forme x est définie par l'équation 4.1.18, p. 65. Cette stratégie de décision plus prudente permet de diminuer le nombre d'erreurs de classification.

Le tableau 4.1 a d'ores et déjà montré la capacité de la théorie de l'évidence à traiter les données IRM. De plus, nous avons vu que ses performances sont meilleures que celles des autres algorithmes de classification lorsque les conditions d'application sont délicates (présence de bruit important et de dérive du champ radiofréquence). Cependant, nous remarquons que, quel que soit le volume multi-échos traité, les performances des algorithmes crédibilistes sont très proches les unes de autres, avec tour à tour, la domination de l'un d'entre eux. Il est ainsi particulièrement difficile et délicat de plébisciter l'un des modèles vis-à-vis des autres avec la seule information du taux d'erreur. Une mesure intéressante est alors la mesure du taux d'erreur de classification en fonction du taux de rejet, donnant, en particulier, des informations sur la stabilité des algorithmes vis-à-vis du rejet.

La figure 4.7 représente ainsi la variation de ces informations pour les différents modèles et pour le volume de synthèse (n = 7%, rf = 20%) composé des trois pondérations T_1 , T_2 et ρ . Cette figure met en évidence deux types de comportements : les modèles fondés sur des vraisemblances s'avèrent moins performants que le modèle de Denœux, fondé sur des distances, lorsque les décisions sont prises sans rejet, mais semblent être plus stables vis-à-vis du rejet. Cependant, ils ont l'inconvénient de rejeter très rapidement l'ensemble des vecteurs formes. Le choix de l'un des modèles pourra donc se faire en fonction de la stratégie de classification. Sans rejet, le modèle de Denœux est le plus avantageux. En présence de faible rejet, il faut favoriser l'un ou l'autre des modèles fondés sur des vraisemblances.



FIG. 4.7: Taux d'erreur de classification en fonction du taux de rejet pour le volume (n = 7%, rf = 20%)

Régions de décision - La figure 4.8 représente les régions des maxima de la probabilité pignistique, pour l'ensemble des hypothèses de l'ensemble de discernement Ω , et pour l'ensemble des modélisations. Sur chaque imagette, les points de haute intensité représentent des points de forte probabilité pignistique.

De façon évidente, nous remarquons que chaque modèle induit des régions de décision particulières, dont l'allure est liée à la définition même du modèle. Les figures 4.8-a et -b représentent les maxima de régions de décision pour le modèle de Denœux, utilisant respectivement une distance de Mahanalobis et une distance euclidienne. Les deux figures se caractérisent par la présence de trois régions distinctes de maxima de décision, chacune associée à une hypothèse particulière. L'utilisation de la distance de Mahanalobis permet une bonne adaptation des régions de décision à la forme allongée de l'espace des caractéristiques (figure 4.6). Au contraire, la distance euclidienne produit de petites régions de maxima de décision, peu adaptées aux données. Ceci permet alors de confirmer l'intérêt de la distance de Mahanalobis par rapport à la distance euclidienne. La figure 4.8-c, qui représente les régions de maxima de décision associées au modèle de Shafer, est caractéristique des modèles consonants. Ceux-ci sont associés à des fonctions de croyance qui favorisent particulièrement une hypothèse, ce qui se traduit, par la suite, par des jeux de masses relativement « durs ». Cette caractéristique se transfère alors sur les fonctions de décision et s'illustre ici par l'existence de grandes surfaces de forte probabilité pignistique et par une transition très rapide entre deux hypothèses. Ce comportement est alors comparable à celui de l'algorithme de classification EM (figure 4.9) pour lequel on retrouve des maxima de la probabilité a posteriori très semblables. Cette ressemblance s'explique par le fait que, le modèle de Shafer, comme l'algorithme EM, favorise l'hypothèse la plus probable de par sa nature consonante.


FIG. 4.8: Régions de décision

Enfin, les régions de décision associées au modèle d'Appriou (figure 4.8-d), possèdent des formes moins régulières. Ceci est lié au mode de construction des fonctions de croyance qui nécessite des étapes de fusion intra- et inter-sources. Globalement, les masses associées aux différentes hypothèses sont alors réparties sur de nombreux sous-ensembles de 2^{Ω} , induisant par la suite plus de conflit.

Le traitement de ce volume de synthèse et la visualisation des différentes régions de décision permettent ainsi de mieux comprendre les caractéristiques des différents modèles crédibilistes. Le modèle de Denœux, associé à des fonctions de masses à support simple et l'utilisation de la distance de Mahanalobis, fournit des régions de décision particulièrement bien adaptées à la répartition des vecteurs formes dans l'espace des caractéristiques. Le modèle de Shafer est associé à une classification plus dure, liée à sa nature consonante. Enfin, le modèle d'Appriou est associé à des régions de décision plus complexes, liées à la nature et à la construction des fonctions de masses.



FIG. 4.9: Maxima de la probabilité a posteriori associée à l'algorithme EM

4.4.4 Résultats de classification sur des données réelles

Il est plus difficile d'évaluer et de comparer les performances des différentes méthodes de classification sur des données réelles pour lesquelles la vérité terrain n'est pas connue. Cependant, comme pour les données de synthèse, l'observation des classifications, des courbes de rejet et des régions de décision nous donne des indications sur le comportement des algorithmes et des différents modèles.

Le volume réel utilisé ici est le volume V_1 , composé des pondérations en T_1 Gado et en T_2 . Ce volume présentant une tumeur entourée d'un œdème, le nombre N de classes est ici de 5 (MB, MG, LCR, tumeur et œdème). La figure 4.10 illustre parfaitement l'intérêt de l'utilisation conjointe de différentes pondérations d'acquisition pour la détection des tumeurs. En particulier, on remarque que sur l'image de pondération en T_1 Gado, la tumeur est peu contrastée et particulièrement mal délimitée. Sur l'image en T_2 , la tumeur et l'œdème sont beaucoup plus contrastés mais restent confondus. La synthèse de ces images permet alors de visualiser et de localiser plus précisément la tumeur et l'œdème.



FIG. 4.10: Coupe 53 en T_1 Gado et en T_2 du volume V_1

Résultats de classification

De même que pour les volumes de synthèse, les différents algorithmes de classifications (k-moyennes, FCM, EM et les classifications crédibilistes), sont appliqués au volume V_1 . Les résultats obtenus, pour la coupe 53, sont regroupés sur la figure 4.11. Globalement, l'ensemble des résultats correspond à la réalité anatomique. Sur les différentes imagettes, nous retrouvons en effet, du plus clair au plus foncé, la matière blanche, la matière grise, la tumeur, l'œdème et le liquide céphalo-rachidien. Cependant, il semble que les classifications obtenues par les algorithmes k-moyennes, FCM et par la modélisation de Denœux soient moins fidèles à la réalité anatomique. En particulier, on remarque que, pour les classifications obtenues par l'algorithme des k-moyennes et l'algorithme FCM, des voxels étiquetés « matière grise » apparaissent en grande quantité dans la région correspondant à la matière blanche. Concernant la classification obtenue pas le modèle de Denœux, la confusion est présente entre la tumeur et la matière blanche. Ces classifications semblent ainsi particulièrement perturbées par le bruit présent dans l'image. Les résultats obtenus par l'EM et les modélisations de Shafer et d'Appriou sont visuellement peu différentes les unes des autres, ce qui est attendu puisque toutes ces classifications sont fondées sur l'estimation des mêmes fonctions de vraisemblance.

Concernant plus particulièrement la région tumorale, l'algorithme FCM est défaillant et ne permet pas la distinction entre l'œdème et la tumeur. On remarque en effet qu'une partie de la tumeur est étiquetée œdème et *vice versa*. De même, ces confusions apparaissent, mais de manière moins flagrante, avec l'algorithme des k-moyennes. Enfin, il semble que les autres méthodes parviennent à mieux distinguer ces deux éléments. On note cependant que l'algorithme de Denœux tend à amplifier la région d'extension de la tumeur.

Par ces quelques observations, nous constatons que le traitement des données IRM par la théorie de l'évidence permet l'obtention de classifications efficaces. Les différentes structures sont bien identifiées et, en particulier, la région tumorale. Cependant, on remarque la présence de voxels mal classés. Ceci est en particulier lié au manque de robustesse des algorithmes vis-à-vis du bruit et met ainsi en évidence le besoin de régularisation de la classification par l'intégration d'informations contextuelles.

Courbes de rejet et régions de décision - Sans connaissance de la vérité terrain pour l'ensemble des hypothèses de l'ensemble de discernement Ω , il n'est pas possible de déterminer les courbes de variations des erreurs en fonctions du taux de rejet. Cependant, nous pouvons calculer les courbes de rejet en fonction du coût du rejet. Ces taux sont représentés pour l'ensemble des algorithmes évidentiels sur la figure 4.12. On constate alors un ordonnancement du comportement au coût du rejet des différentes modélisations : l'algorithme de Shafer a tendance à peu rejeter, l'algorithme de Denœux est celui qui globalement rejette le plus, et l'algorithme d'Appriou possède un comportement intermédiaire. Ces tendances se retrouvent lorsqu'on observe les régions de décision (figure 4.13). On constate en effet que, pour le modèle de Shafer, les régions correspondant à de fortes valeurs de la probabilité pignistique sont très étendues. La probabilité qu'un vecteur forme se situe hors de ces régions est faible, ainsi que la probabilité d'être rejeté. Ces mêmes observations se retrouvent pour le modèle d'Appriou où de nombreuses régions possèdent une probabilité pignistique supérieure à 0,5. Enfin, le modèle de Denœux est celui qui possède le moins de surfaces correspondant à une forte probabilité pignistique, et est donc un modèle associé à une forte probabilité de rejet.

Image: Constraint of the sector of the sec

FIG. 4.11: Résultats de classification du volume V_1 (coupe 53)

Au niveau des régions de décision, nous retrouvons ici des tendances similaires à celles constatées pour les volumes de synthèse. En particulier, le modèle de Shafer induit une classification dure; le modèle de Denœux possède des régions de forts maxima situés autour des prototypes de classes; le modèle d'Appriou possède des régions de décision plus complexes liées aux fusions successives.



FIG. 4.12: Taux de reject vs coût du rejet pour le volume V_1



FIG. 4.13: Régions de décision du volume V_1

4.4.5 Conclusion

Dans cette section, nous nous sommes intéressées à la classification des images IRM par la théorie de l'évidence. Dans un premier temps, afin de montrer et de valider l'intérêt et l'efficacité de cette théorie, nous avons travaillé sur des données de synthèse pour lesquelles, d'une part, les caractéristiques en termes de niveaux de bruit et de dérive du champ radiofréquence sont connues et, d'autre part, pour lesquelles la vérité terrain est connue. Les résultats obtenus par les algorithmes de classification fondés sur la théorie de l'évidence ont ainsi été comparés à ceux obtenus par des algorithmes de classification classiques. Cette comparaison a montré une meilleure efficacité des premières à classifier les images IRM, en particulier lorsque ces dernières sont entachées de bruit et présentent des effets de dérive du champ radiofréquence. Cependant, même si les résultats en terme de taux d'erreur de classification sont meilleurs pour les algorithmes crédibilistes, on constate leur manque de robustesse vis-à-vis du bruit. Ces bons résultats sur des données de synthèse présentant des incertitudes et des imprécisions confortent alors l'intérêt de la théorie de l'évidence pour traiter les images réelles.

De plus, l'étude de ces images de synthèse, parfaitement connues et composées de peu de classes, nous a permis d'analyser et de comparer les comportements des différents algorithmes crédibilistes. Bien qu'aucune des modélisations ne prennent réellement l'avantage sur les autres en terme de taux d'erreur de classification, l'observation des régions de maxima de décision montre le particularisme de chacun des modèles.

Après avoir validé la pertinence de la théorie de l'évidence sur des données de synthèse, nous nous sommes intéressées alors à la classification de volumes réels. Sans pouvoir préjuger de la qualité exacte des classifications par manque de connaissance de la vérité terrain, les résultats ont montré la bonne détection de l'ensemble des structures anatomiques pour l'ensemble des classifications. Cependant, ces tests sur des données réelles mettent à nouveau en évidence le manque de robustesse des différentes approches vis-à-vis du bruit, indiquant alors la nécessité de prendre en considération la contexte spatial de chaque voxel afin de régulariser les résultats.

Partie 2: Segmentation crédibiliste par la prise en compte des informations contextuelles

Suite aux constats tirés des résultats de l'étude préliminaire de l'algorithme de classification crédibiliste que nous avons présenté précédemment, nous proposons ici d'introduire, dans le processus de détection des différentes structures anatomiques et des tumeurs cérébrales, des informations contextuelles afin d'améliorer la robustesse des résultats vis-à-vis du bruit. Cette partie se découpe de la façon suivante. Dans la section 4.5, nous proposons un processus d'intégration des informations contextuelles par fusion de données. Puis, dans la section 4.6, nous présentons les résultats de segmentation obtenus par cette méthode. Enfin, dans la section 4.7, nous discutons de l'information conflictuelle générée lors du processus de fusion de données contextuelles. Nous montrons en particulier que ce conflit constitue, à lui seul, une source d'informations améliorant la connaissance générale sur le système étudié et permet la définition d'un « indicateur de frontières » des structures identifiées par le processus de segmentation précédent.

4.5 Introduction d'informations contextuelles

Notre objectif est ici d'introduire dans le processus de classification des informations contextuelles. Après avoir montré les avantages qu'apporte ce type d'informations (section 4.5.1), nous proposons une méthode d'intégration de ces données (sections 4.5.2 et 4.5.3).

4.5.1 Intérêts

Les différentes classifications réalisées préalablement sur les données de synthèse comme sur les données réelles nous ont montré la capacité de la théorie de l'évidence à traiter les informations imparfaites de type IRM. Cependant, nous constatons que ces classifications se trouvent entachées d'erreurs en présence de bruit. Ce manque de robustesse, qui est typique des algorithmes de classification ne tenant compte que des informations sur le vecteur forme à classer, nuit de façon évidente à la qualité de la reconnaissance des différentes structures anatomiques et tumorales et indique la nécessité d'introduire des informations contextuelles.

De plus, la détermination des hypothèses d'appartenance à partir de la seule connaissance des niveaux radiométriques des vecteurs formes est en soit une sous-exploitation des informations en notre possession. En effet, les volumes traités, constitués de l'empilements de différentes coupes IRM, comportent, par nature, des informations tridimensionnelles. En particulier, chaque volume est composé de différentes régions homogènes, i.e. les structures anatomiques, qui possèdent des propriétés particulières. Ainsi, dans une région homogène du volume, nous pouvons supposer qu'il existe une corrélation spatiale entre les différents vecteurs formes, i.e. que la probabilité qu'un vecteur forme appartienne à la même hypothèse que ses voisins est grande.

Dans ce contexte, il semble alors intéressant d'ajouter à la modélisation de chaque vecteur forme des informations contextuelles, i.e. de tenir compte de son voisinage spatial pour établir son hypothèse d'appartenance. D'une part, ceci a l'avantage de prendre en compte la nature intrinsèquement tridimensionnelle des données. D'autre part et conséquemment, les informations contextuelles devraient réduire le nombre d'erreurs de classification liées au bruit, réalisant ainsi une opération de filtrage. Enfin, l'utilisation des informations contextuelles doit conduire, non plus à l'estimation d'une simple classification des données, mais à l'estimation d'une segmentation du volume, et ainsi améliorer la qualité générale du résultat final.

Le processus de segmentation par la théorie de l'évidence que nous proposons se découpe alors, pour chaque vecteur forme $x \in \mathcal{X}$, en quatre étapes (figure 4.14).



affectation de x à une hypothèse simple

FIG. 4.14: Schéma de principe de la méthode de segmentation par la théorie de l'évidence

Les étapes 1, 2 et 4 correspondent aux étapes précédemment décrites dans les sections 4.2 et 4.3. Nous nous intéressons ici plus particulièrement à l'intégration des informations contextuelles.

4.5.2 Processus de combinaison des informations spatiales

La classification initiale des données étant fondée sur une modélisation par la théorie de l'évidence, nous proposons d'introduire les informations contextuelles par l'intermédiaire de cette même théorie. L'idée est ainsi de considérer chaque voisin spatial d'un vecteur forme $x \in \mathcal{X}$ à traiter comme une source d'informations permettant d'améliorer la connaissance globale sur x.

Ainsi, nous proposons d'agréger les informations portées par chaque voisin, modélisées sous la forme d'une masse élémentaire de croyance, à la masse élémentaire de croyance de x par l'opérateur de combinaison de Dempster. Cependant, dans ce processus de fusion, il est essentiel de prendre en compte la distance entre les voisins et le vecteur forme x. En effet, il paraît évident que plus un point est proche du vecteur x, plus il possède une information utile et pertinente pour la détermination de l'hypothèse d'appartenance de ce dernier. Au contraire, plus le voisin est éloigné, moins son information est utile pour déterminer l'hypothèse d'appartenance de x. Dans ces conditions, nous proposons d'une part de limiter la fusion à un nombre K restreint de voisins et, d'autre part, d'affaiblir la croyance des voisins proportionnellement à leur distance au vecteur à traiter. On pourra alors considérer les 26 voisins connexes en 3D ou les 8 voisins connexes en 2D. On notera cependant que le nombre de voisins considérés est également dépendant de la forme de la fonction d'affaiblissement. Si la décroissance, en fonction de la distance, est trop brutale, l'affaiblissement deviendra rapidement élevé et la masse de croyance élémentaire du voisin considéré tendra vers l'élément neutre de la combinaison de Dempster.

Soient $x \in \mathcal{X}$ le vecteur forme traité et $\{x_k\}$ l'ensemble de ses K voisins spatiaux, avec $k = [1, \ldots, K]$. On note m et m_k les masses de croyance élémentaires respectivement associées à x et x_k . Nous proposons alors de définir la nouvelle masse de croyance m' associée à x par :

$$m' = m \oplus m_1^{\alpha_1} \oplus \ldots \oplus m_K^{\alpha_K}, \qquad (4.5.1)$$

où \oplus est l'opérateur de combinaison de Dempster et $m_k^{\alpha_k}$ est la masse de croyance m_k affaiblie d'un coefficient $(1 - \alpha_k)$. La masse m' résultante est alors dépendante de m mais aussi des masses m_k pondérées. Intuitivement, si on considère que la contribution d'un voisin dépend de sa distance au vecteur forme x, nous proposons de définir α_k par:

$$\alpha_k = \phi(d_k^2) , \qquad (4.5.2)$$

où ϕ est une fonction monotone décroissante et d_k est la distance euclidienne entre le voxel central associé au vecteur forme x et son k^{ime} voisin x_k . Outre l'avantage de prendre en considération la position entre le vecteur et ses voisins, l'utilisation de la distance permet d'intégrer les dimensions réelles des voxels lors de l'acquisition. Ceci est alors particulièrement intéressant lorsque les voxels sont anisotropes, i.e. lorsque les distances inter-coupes et les épaisseurs des coupes sont importantes par rapport à la taille du voxel (longueur et largeur). Dans ce cas, la modélisation spatiale des données tient parfaitement compte des conditions d'acquisition.

Notons que les distances d_k sont des distances normalisées; ainsi si on note:

$$\begin{cases}
D_1 : \text{la distance entre deux voxels partageant une face ;} \\
D_2 : \text{la distance entre deux voxels partageant une arête;} \\
D_3 : \text{la distance entre deux voxels partageant un sommet,}
\end{cases}$$
(4.5.3)

alors les distances normalisées sont telles que :

$$\begin{cases}
 d_1 = 1 \\
 d_2 = D_2/D_1 \\
 d_3 = D_3/D_1
\end{cases}$$
(4.5.4)

4.5.3 Fonction d'affaiblissement ϕ

Le processus de combinaison des informations spatiales étant défini par les équations 4.5.1 et 4.5.2, il convient d'établir la forme de la fonction d'affaiblissement ϕ et par conséquent la valeur des coefficients d'affaiblissement. Nous proposons d'utiliser la fonction exponentielle décroissante, définie par :

$$\phi(d_k^2) = \exp\{-\beta \ d_k^2\}, \qquad (4.5.5)$$

où β est un coefficient de pondération compris entre 0 et $+\infty$. Cette forme exponentielle est semblable à celle proposée et justifiée par Denœux dans le cadre de la discrimination fondée sur des distances [36].

Pour des raisons de lisibilité, nous nous restreignons, par la suite, sur les figures présentées, à l'intervalle [0,1]. Si on se place dans le cas particulier de voxels isométriques de dimensions $1 \times 1 \times 1$, l'affaiblissement suit alors les courbes de la figure 4.15 lorsque β parcourt l'intervalle [0,1].



FIG. 4.15: Variations des coefficients d'affaiblissement pour les trois distances associées aux 26 voisins connexes

Notre problématique est alors de définir au plus juste la valeur du coefficient d'affaiblissement et donc du coefficient β . Si l'affaiblissement est trop important, les informations apportées par les voisins ne seront pas suffisamment prises en compte. Dans le cas contraire, si l'affaiblissement est trop faible, les informations apportées par les voisins influenceront de manière excessive la décision. Dans ce dernier cas, ils peuvent alors être considérés comme des sources de bruit.

Nous proposons d'utiliser les volumes de synthèse de la base de données du Brainweb pour définir de manière heuristique la valeur du coefficient β . Pour ce faire, nous appliquons le processus de segmentation sur différents volumes de la base de données du Brainweb. Pour chacun d'eux, nous calculons le taux d'erreur de segmentation obtenu lorsque β parcourt l'intervalle



[0,1]. Les résultats obtenus pour les volumes (n = 3%, rf = 20%) et (n = 7%, rf = 20%) sont présentés sur la figure 4.16.

FIG. 4.16: taux d'erreur en fonction du coefficient β

Diverses remarques peuvent être déduites de ces résultats.

Tout d'abord, nous constatons l'existence de taux d'erreur importants lorsque l'affaiblissement est faible. Ainsi, pour le volume (n = 3%, rf = 20%), un coefficient $\beta < 0,4$ produit des taux d'erreur supérieurs à ceux obtenus par la méthode de classification. De même, on observe ce phénomène pour le volume (n = 7%, rf = 20%) si le coefficient $\beta < 0,2$. Ce comportement illustre la trop forte influence qu'exercent les voisins. Devenant des sources de bruit, ils nuisent à la segmentation, d'autant plus si le volume initial est peu ou pas bruité. Ceci est en particulier illustré sur la figure 4.17-b qui représente les résultats de segmentation obtenus pour $\beta = 0,1$ sur le volume (n = 7%, rf = 20%) par la modélisation d'Appriou et utilisant la règle de décision pignistique. Comparée à la vérité terrain (figure 4.17-a), la segmentation présente un trop fort lissage des différentes structures. Ceci est particulièrement perceptible sur les petites structures de liquide céphalo-rachidien et au niveau des noyaux de gris.

Nous constatons, ensuite, une décroissance rapide des taux d'erreur quand la valeur de β augmente, pour les deux volumes, et ce quelle que soit la modélisation utilisée. À partir de la valeur $\beta = 0.3$, la variation des taux d'erreur devient très faible. On constate alors l'existence d'un minimum autour de la valeur $\beta = 0.6$. Après cette valeur seuil, les taux remontent très lentement, se rapprochant progressivement des valeurs obtenues avec le processus de classification (tableau 4.1). En théorie, il y a équivalence entre les méthodes de segmentation et de classification lorsque β tend vers $+\infty$. Dans la pratique, on constate que celle-ci est atteinte lorsque β est proche de 3.

La décroissance des taux d'erreur, simultanément à l'augmentation de l'affaiblissement, indique donc que les informations contextuelles jouent progressivement leur rôle de sources d'informations. Elles améliorent la connaissance sur le système et, par conséquent, induisent une diminution des taux d'erreur. Le lissage est alors moins important et les petites structures semblent maintenues (figure 4.17-c). Enfin, lorsque l'affaiblissement est trop important, la légère remontée des taux d'erreur semble indiquer que les informations contextuelles ne sont plus suffisamment prises en compte ; l'affaiblissement n'est plus optimal.



FIG. 4.17: Influence du coefficient β sur les résultats de segmentation du volume (n = 7%, rf = 20%)

Enfin, bien que nous nous soyons limitées à la présentation des résultats de deux volumes, nous avons constaté, pour l'ensemble des volumes de la base de données du Brainweb, la même tendance à la décroissance jusqu'à une valeur seuil puis la remontée des taux d'erreur jusqu'à atteindre les taux obtenus avec le processus de classification. La valeur seuil est alors atteinte pour β compris entre 0,5 et 0,6 pour l'ensemble des volumes possédant une dérive du champ radiofréquence rf égale à 0% et 20%. Pour les autres volumes, le taux d'erreur minimal est obtenu pour β compris entre 0,6 et 1,5. Cette différence sur la valeur du seuil peut s'expliquer par le fait qu'avec une forte dérive, il est plus bénéfique de réaliser un fort lissage plutôt que de tenter de préserver les petites structures.

Dans cette expérience, nous avons étudié l'évolution des taux d'erreur de segmentation en fonction du coefficient d'affaiblissement des masses de croyance des voisins. La variation importante de ces taux nous confirme l'importance du choix de la fonction d'affaiblissement des masses de croyance. D'après les résultats de segmentation obtenus sur l'ensemble des volumes de la base de données du Brainweb, il semble qu'une valeur de β comprise entre 0,5 et 1,5 permet d'obtenir les meilleurs compromis entre lissage et préservation des fines structures. Dans la suite de notre travail, nous choisissons d'utiliser une valeur de β égale à 0,6. Cette valeur est celle associée au taux d'erreur optimal obtenu dans notre série d'expériences, lorsque les volumes présentent des caractéristiques de dérive du champ radiofréquence proches de celles rencontrées dans les cas réels (rf < 40%). Ainsi, nous définissons heuristiquement la fonction d'affaiblissement utilisée par la suite par :

$$\phi(d_k^2) = \exp\{-0.6 \ d_k^2\} \ . \tag{4.5.6}$$

4.5.4 Conclusion

Dans cette section, nous avons décrit l'importance de la prise en compte d'informations contextuelles pour, d'une part, améliorer les résultats de segmentation et augmenter la robustesse du processus au bruit et, d'autre part, prendre en considération la nature intrinsèquement bidimensionnelle ou tridimensionnelle des données.

Le processus d'intégration des informations contextuelles que nous proposons consiste alors à combiner à la masse de croyance de chaque vecteur forme les masses de croyance pondérées de ses voisins au moyen de l'opérateur de combinaison de Dempster. L'affaiblissement des masses de croyance répond de plus à la nécessaire prise en compte des distances entre les voisins. Si un trop faible affaiblissement tend à transformer les masses de croyance des voisins en des sources de bruit, nous montrons que le reste du temps l'apport d'informations contextuelles améliore les taux de segmentation. Ainsi, l'observation des comportements en terme de taux d'erreur des volumes considérés, nous a permis de définir heuristiquement la forme de la fonction d'affaiblissement des masses de croyance offrant le meilleur compromis relativement aux caractéristiques de bruit et de dérive rencontrées dans la pratique, et qui sera, par la suite, appliquée lors de la segmentation des images IRM.

4.6 Segmentation de données de synthèse et réelles

Nous traitons ici de la mise en application de la méthode de segmentation que nous proposons. Les volumes traités sont les volumes multi-échos de synthèse et réels présentés dans la première partie de ce chapitre. Nous rappelons les différentes étapes du processus de segmentation :

- 1. apprentissage et estimation de la forme de l'espace des caractéristiques 12 ;
- 2. modélisation des masses de croyance;
- 3. intégration des informations contextuelles;
- 4. prise de décision quant à l'hypothèse d'appartenance de x.

Cette section se divise en trois parties. Dans la première, où nous traitons les volumes de synthèse, nous évaluons et comparons les performances de la méthode de segmentation proposée. Ensuite, les résultats de segmentation sont évalués pour l'ensemble des volumes réels à notre disposition. Enfin, par l'étude des cas réels, nous nous intéressons plus particulièrement aux effets induits par l'intégration des informations contextuelles.

4.6.1 Résultats de segmentation sur des données de synthèse

Le processus de segmentation crédibiliste est appliqué aux volumes multi-échos de la base de données du Brainweb. L'intérêt apporté par ces données est double. D'une part, connaissant

^{12.} Cet apprentissage est en particulier nécessaire à l'estimation des vraisemblances et des prototypes de classes.

la vérité terrain associée à ces volumes, nous pouvons évaluer objectivement les résultats de segmentation et quantifier le gain obtenu grâce à l'intégration des informations contextuelles dans le processus de segmentation. D'autre part, cette base libre d'accès servant de référence à de nombreux auteurs, il est possible de comparer les performances de nos résultats à d'autres méthodes de la littérature.

Résultats de segmentation

Comme précédemment, trois classes sont recherchées. Les informations contextuelles sont intégrées par la combinaison pondérée des masses de croyance (équations 4.5.1 et 4.5.6). Les résultats obtenus pour l'ensemble des volumes de la base de données et pour les trois modélisations sont regroupés dans le tableau 4.2.

Afin d'évaluer notre méthode, nous comparons nos résultats à ceux obtenus par une segmentation probabiliste, intégrant les informations contextuelles par l'intermédiaire d'une approche markovienne¹³. Le principe de cette segmentation est, d'une part, de modéliser le volume multiéchos par un modèle de mélange multidimensionnel et, d'autre part, d'intégrer des informations contextuelles par l'intermédiaire d'un champ de Markov. La fonction de potentiel utilisée, pour la classification probabiliste est une matrice de Potts. La segmentation finale est obtenue par le critère MAP grâce à l'algorithme itératif ICM. Les paramètres des gaussiennes utilisés dans ce processus sont ceux estimés lors de l'étape d'apprentissage.

Le tableau 4.2 est bien sûr à mettre en relation avec le tableau 4.1 (p. 83) regroupant les résultats de classification. Les meilleurs résultats de segmentation apparaissent en gras dans le tableau.

ξ (%)			n = 3%	0		n = 5%			
	rf	0%	20%	40%	0%	20%	40%		
Denœux		$4,\!04$	$6,\!20$	11,48	6,75	$5,\!55$	$13,\!13$		
Shafer		$5,\!91$	$6,\!54$	$13,\!02$	$6,\!21$	$5,\!63$	$13,\!96$		
Appriou		5,72	$5,\!74$	$8,\!55$	7,01	$5,\!15$	$11,\!82$		
ICM		$6,\!01$	$6,\!63$	14,48	6,48	$5,\!68$	14,59		
			n = 7%	6		n=9%			
	rf	0%	20%	40%	0%	20%	40%		
Denœux		$5,\!53$	$6,\!10$	$14,\!53$	$7,\!10$	9,59	16,71		
Shafer		$5,\!84$	6,71	$15,\!49$	8,30	$9,\!69$	$18,\!43$		
Appriou		$5,\!96$	$6,\!34$	$13,\!07$	8,13	$11,\!31$	16,70		
ICM		5,73	6,53	17,49	7,50	10,28	$18,\!85$		

TAB. 4.2 – Taux d'erreur de segmentation obtenus sur les volumes du Brainweb

L'observation des taux de segmentation nous permet de constater la réelle efficacité du processus d'intégration des informations contextuelles par la théorie de l'évidence. De plus, quels

^{13.} Les fondements théoriques sont rappelés dans l'annexe C.

que soient les modèles de croyance utilisés, nous observons systématiquement un recul des taux d'erreur par rapport à ceux obtenus par le processus de classification, à l'exception du volume (n = 3%, rf = 0%) sur lequel nous reviendrons. Cette amélioration est d'autant plus notable que les défauts présents dans l'image sont importants. À titre d'exemple, pour le volume (n = 9%, rf = 20%), la segmentation obtenue avec la modélisation de Shafer présente un taux d'erreur de 9,69% alors que la classification avec ce même modèle présente un taux d'erreur de 16,07%, soit une amélioration de 6,38 points, i.e. de près de 40%.

On constate également que l'intégration d'informations contextuelles par la théorie markovienne permet de réduire les taux d'erreur, comparativement aux résultats obtenus par l'algorithme de classification EM. Cependant, on remarque que les gains obtenus par l'ICM sont moins importants que ceux obtenus par les modélisations crédibilistes lorsque le niveau de dérive est élevé (rf = 40%). La différence entre ces résultats est délicate à expliquer. On peut toutefois penser que les informations contextuelles, elles-mêmes porteuses d'incertitudes et d'imprécisions, sont mieux prises en compte par la théorie de l'évidence que par la théorie des probabilités. De plus, il faut noter que la fusion des informations de voisinage par l'opérateur de Dempster est réalisée sans avoir au préalable décidé de l'hypothèse d'appartenance des voisins. Dans le cadre des champs de Markov, la compatibilité des voisins doit être préalablement déterminée pour définir le terme d'attache aux données (annexe C), i.e. il est nécessaire de définir ou d'estimer l'étiquette des voisins. Ce passage vers le niveau décisionnel entraîne alors une perte d'informations. L'influence des voisins dépend alors de l'étiquette déjà attribuée et non plus de la croyance attribuée à l'ensemble des hypothèses ou des combinaison d'hypothèses, comme c'est le cas pour la théorie de l'évidence. Enfin, leur différence peut s'expliquer par le mécanisme même de régularisation. Avec la théorie de l'évidence, l'intégration de voisinage est réalisée d'une traite par la fusion des masses de croyance pondérées des voisins. Avec l'algorithme ICM, la régularisation est obtenue après stabilisation d'un algorithme itératif. La convergence progressive de l'algorithme peut alors entraîner des effets de dérive de la segmentation, se traduisant par une extension des erreurs dans les régions incertaines. Ceci est illustré sur les figures 4.18 et 4.19, représentant les segmentations obtenues par le modèle de Denœux et par ICM. Sur chacune de ces figures, les erreurs de segmentation sont symbolisées par des points blancs. Sur la figure 4.18, nous constatons, pour la segmentation probabiliste, une surface importante d'erreurs de segmentation au niveau des noyaux de gris. Des erreurs existent pour la segmentation crédibiliste, cependant on constate moins cet effet de dérive, i.e. les erreurs semblent plus ponctuelles. Sur la figure 4.19, qui correspond à un volume particulièrement dégradé, la dérive des erreurs est bien plus flagrante, avec, pour la segmentation probabiliste, des surfaces complètes d'erreurs de segmentation au niveau de l'interface entre la matière blanche et la matière grise.

Enfin, si nous revenons sur le cas particulier du volume (n = 3%, rf = 0%), nous constatons que les processus de segmentation, par la théorie de l'évidence comme par la théorie probabiliste, induisent plus d'erreurs qu'ils n'en corrigent. Les informations de voisinage ont tendance à lisser la segmentation, créant simultanément des erreurs supplémentaires, en particulier au niveau des frontières entre les différentes structures. Sur ces volumes peu ou pas dégradés, il est alors préférable de se limiter à une simple classification des données. De façon équivalente, cela revient, dans le processus de segmentation, à faire tendre β vers $+\infty$.



FIG. 4.18: Résultats de segmentation pour (n = 7%, rf = 20%)



FIG. 4.19: Résultats de segmentation pour (n = 9%, rf = 40%)

Comparaison avec une approche probabiliste de la littérature

Les résultats présentés dans le tableau 4.2 donnent l'avantage à la méthode de segmentation par la théorie de l'évidence que nous proposons par rapport à une segmentation probabiliste régularisée par l'algorithme ICM. Cependant, l'approche probabiliste présentée ne correspond qu'à une utilisation « simpliste » des champs de Markov. Nous proposons donc de compléter l'évaluation de nos résultats avec ceux présentés par Van Leemput et al. dans [77].

Dans [77], la méthode, dédiée à la segmentation de volumes simple-écho ou multi-échos, se fonde sur une classification par l'algorithme EM. Celui-ci a été modifié afin de prendre en compte, d'une part, les informations de voisinage par l'intermédiaire des champs de Markov et, d'autre part, la dérive du champ radiofréquence. L'algorithme EM se décompose alors en quatre étapes :

- 1. estimation de la classification;
- 2. estimation des distributions gaussiennes modélisant les différentes classes;
- 3. estimation de la dérive;
- 4. estimation des paramètres du champ de Markov.

De plus, des informations *a priori* sur la localisation des différentes structures sont introduites par l'intermédiaire d'un atlas, permettant l'initialisation de la procédure.

Les résultats sont présentés au travers des taux de similarité S^q entre la segmentation obtenue et la vérité terrain. Si on note V^q les régions étiquetées q dans la vérité terrain et R^q celles étiquetées q par l'algorithme de segmentation considéré, alors ce taux est défini par [40, 153]:

$$S^{q} = \frac{2|V^{q} \cap R^{q}|}{|V^{q}| + |R^{q}|} \,. \tag{4.6.1}$$

Une segmentation optimale est alors associée à un taux de similarité $S^q = 100\%$, pour $q = [1, \ldots, N]$. À l'inverse, lorsque les deux segmentations sont en totale discordance, le taux de similarité S^q est nul.

Les résultats obtenus par le processus de segmentation par la théorie de l'évidence, pour l'ensemble des trois modèles, ainsi que les résultats obtenus dans [77], sont ainsi comparés à la vérité terrain. Les taux de similarité, définis pour les régions correspondant à la matière blanche et la matière grise¹⁴, sont regroupés dans le tableau 4.3.

Avant de comparer l'ensemble des résultats décrits dans le tableau 4.3, donnons quelques précisions sur les résultats concernant la méthode probabiliste [77]. Dans le tableau, apparaissent les taux de similarité obtenus par cette méthode, pour des taux de dérive nuls et égaux à 40%, et pour des niveaux de bruit variant de 3 à 9%. Le taux S^q correspond au taux de similarité obtenu pour la classe q sans correction de la dérive. Le taux S^q_c correspond au taux de similarité obtenu en incluant le mécanisme de correction de la dérive. On peut ainsi remarquer, que l'intégration d'un mécanisme de correction de la dérive permet d'améliorer sensiblement les résultats de segmentation, quel que soit le niveau de bruit.

Bien qu'aucun résultat ne soit fourni pour un niveau de dérive égal à 20%, nous supposons que ce dernier est du même ordre que ceux correspondant à un niveau de dérive de 0% et de 40%.

Tout d'abord, nous constatons que pour des niveaux de dérive rf de l'ordre de 0% et 20%, et quels que soient les niveaux de bruit, les taux de similarité associés aux méthodes crédibilistes, toutes modélisations confondues, sont supérieurs aux taux associés à la méthode probabiliste (avec et sans correction). Cependant, lorsque le niveau de dérive est important (rf = 40%), les méthodes de segmentation par la théorie de l'évidence accusent une réelle perte d'efficacité alors que la méthode [77] maintient son niveau de segmentation.

Les différences existant entre l'approche crédibiliste et l'approche probabiliste, outre les fondements théoriques sur lesquels elles se basent, concernent l'apprentissage des paramètres et la prise en compte de l'effet de dérive. Afin de réaliser un début de comparaison entre ces deux approches, nous nous plaçons dans le cas où (rf = 0%) pour s'affranchir de cette caractéristique. Dans ce contexte, un point commun entre ces approches est l'estimation d'un ensemble de paramètres par l'algorithme EM. Pour l'approche crédibiliste, ces paramètres permettent la construction des masses de croyance. Pour l'approche probabiliste, ils permettent la prise de décision. Cependant, le mode d'estimation est sensiblement différent. Dans l'approche crédibiliste, aucune information *a priori* n'est utilisée afin d'améliorer la convergence de l'EM, alors que l'approche probabiliste initialise l'EM par une « carte » de probabilité *a priori* sur la localisation des principales structures recherchées. Dans ce contexte, et sachant que la convergence de l'EM

^{14.} Nous nous restreignons à la présentation des résultats correspondant aux matières décrites dans [77].

$\mathcal{S}(\%)$		1	n = 3%		n = 5%			
	rf	0%	20%	40%	0%	20%	40%	
	\mathcal{S}^{MB}	95,7	92.0	81.2	92.9	93.7	80.9	
Denœux	\mathcal{S}^{MG}	96.9	95.7	84.4	94.1	95.4	84.1	
	\mathcal{S}^{MB}	93.5	92.7	83.2	93.3	93.8	82.8	
Shafer	\mathcal{S}^{MG}	96.7	96.5	85.2	94.5	95.7	84.9	
	\mathcal{S}^{MB}	93.8	94.5	90.2	92.0	94.4	85.8	
Appriou	\mathcal{S}^{MG}	96.2	96.0	90.6	85.1	95.7	87.1	
	\mathcal{S}^{MB}	92.0	nd	91.0	92.0	nd	91.0	
	\mathcal{S}_{c}^{MB}	-	nd	92.0	-	nd	92.0	
[77]	\mathcal{S}^{MG}	91.0	nd	91.0	89.0	nd	92.0	
	\mathcal{S}_{c}^{MG}	-	nd	93.0	-	nd	93.0	
			n = 7%	,)		n = 9%	,)	
	rf	0%	$\frac{n = 7\%}{20\%}$	40%	0%	$\frac{n = 9\%}{20\%}$	40%	
	$rf \ {\cal S}^{MB}$	0% 94.0	n = 7% $20%$ 93.3	40% 79.4	0% 92.2	n = 9% $20%$ 88.9	40% 78.1	
Denœux	$rf \ {\cal S}^{MB} \ {\cal S}^{MG}$	0% 94.0 95.3	n = 7% 20% 93.3 94.7	40% 79.4 82.9	0% 92.2 93.3		40% 78.1 81.3	
Denœux	rf \mathcal{S}^{MB} \mathcal{S}^{MG} \mathcal{S}^{MB}	0% 94.0 95.3 93.6	$ \frac{n = 7\%}{20\%} 93.3 94.7 92.4 $	40% 79.4 82.9 81.0	0% 92.2 93.3 90.7	$ \frac{n = 9\%}{20\%} 88.9 90.2 86.9 $	40% 78.1 81.3 77.5	
Denœux	rf \mathcal{S}^{MB} \mathcal{S}^{MG} \mathcal{S}^{MB} \mathcal{S}^{MG}	0% 94.0 95.3 93.6 94.5	n = 7% 20% 93.3 94.7 92.4 93.4	40% 79.4 82.9 81.0 83.1	0% 92.2 93.3 90.7 91.4	n = 9% 20% 88.9 90.2 86.9 87.8	40% 78.1 81.3 77.5 79.7	
Denœux Shafer	rf \mathcal{S}^{MB} \mathcal{S}^{MG} \mathcal{S}^{MB} \mathcal{S}^{MG} \mathcal{S}^{MB}	0% 94.0 95.3 93.6 94.5 93.5	$ \begin{array}{r} n = 7\% \\ \hline 20\% \\ 93.3 \\ 94.7 \\ 92.4 \\ 93.4 \\ 93.0 \\ \end{array} $	40% 79.4 82.9 81.0 83.1 84.2	0% 92.2 93.3 90.7 91.4 90.9	$ \begin{array}{r} n = 9\% \\ \hline 20\% \\ 88.9 \\ 90.2 \\ 86.9 \\ 87.8 \\ 88.7 \\ \end{array} $	40% 78.1 81.3 77.5 79.7 80.3	
Denœux Shafer Appriou	rf \mathcal{S}^{MB} \mathcal{S}^{MG} \mathcal{S}^{MB} \mathcal{S}^{MB} \mathcal{S}^{MG}	0% 94.0 95.3 93.6 94.5 93.5 94.4	n = 7% 20% 93.3 94.7 92.4 93.4 93.0 93.9	40% 79.4 82.9 81.0 83.1 84.2 85.9	0% 92.2 93.3 90.7 91.4 90.9 91.7	n = 9% 20% 88.9 90.2 86.9 87.8 88.7 89.9	40% 78.1 81.3 77.5 79.7 80.3 82.7	
Denœux Shafer Appriou	rf \mathcal{S}^{MB} \mathcal{S}^{MG} \mathcal{S}^{MB} \mathcal{S}^{MB} \mathcal{S}^{MB}	0% 94.0 95.3 93.6 94.5 93.5 94.4 91.0	n = 7% 20% 93.3 94.7 92.4 93.4 93.0 93.9 nd	40% 79.4 82.9 81.0 83.1 84.2 85.9 89.0	0% 92.2 93.3 90.7 91.4 90.9 91.7 89.0	n = 9% 20% 88.9 90.2 86.9 87.8 88.7 89.9 nd	40% 78.1 81.3 77.5 79.7 80.3 82.7 86.5	
Denœux Shafer Appriou	rf S^{MB} S^{MG} S^{MB} S^{MB} S^{MB} S^{MB} S^{MB}	0% 94.0 95.3 93.6 94.5 93.5 94.4 91.0 -	n = 7% 20% 93.3 94.7 92.4 93.4 93.0 93.9 nd nd	40% 79.4 82.9 81.0 83.1 84.2 85.9 89.0 91.0	0% 92.2 93.3 90.7 91.4 90.9 91.7 89.0	n = 9% 20% 88.9 90.2 86.9 87.8 88.7 89.9 nd nd	40% 78.1 81.3 77.5 79.7 80.3 82.7 86.5 89.0	
Denœux Shafer Appriou [77]	rf S^{MB} S^{MG} S^{MG} S^{MG} S^{MG} S^{MB} S^{MB} S^{MB} S^{MB} S^{MG}	0% 94.0 95.3 93.6 94.5 93.5 94.4 91.0 - 92.0	$ \begin{array}{r} n = 7\% \\ 20\% \\ 93.3 \\ 94.7 \\ 92.4 \\ 93.4 \\ 93.0 \\ 93.9 \\ nd \\ nd \\ $	40% 79.4 82.9 81.0 83.1 84.2 85.9 89.0 91.0 90.0	0% 92.2 93.3 90.7 91.4 90.9 91.7 89.0 - 89.5	n = 9% 20% 88.9 90.2 86.9 87.8 88.7 89.9 nd nd nd	40% 78.1 81.3 77.5 79.7 80.3 82.7 86.5 89.0 86.5	

Lorsque la dérive est nulle (rf = 0%), la méthode de segmentation [77] n'inclut aucun mécanisme de correction du biais. nd : valeur non disponible.

TAB. 4.3 – Taux de similarité obtenus sur les volumes du Brainweb

meilleure. Cependant, nous constatons que suite à la modélisation des données par la théorie de l'évidence et à l'intégration des informations contextuelles, les performances de l'approche crédibiliste sont systématiquement supérieures à celles de l'approche probabiliste. Nous pouvons ainsi conclure que la modélisation par la théorie de l'évidence permet de compenser les défaillances d'apprentissage. Ces résultats s'étendent lorsque la dérive est moyenne (rf = 20%). Cependant au dessus de cette valeur, les performances chutent. La théorie de l'évidence ne parvient plus à compenser un apprentissage moindre.

Lorsque (rf = 40%), on pourra, de plus, constater que la chute des performances de [77] est plus importante sans correction de la dérive, qu'avec correction. Néanmoins, cette méthode est plus robuste à l'effet de dérive que la méthode crédibiliste que nous proposons.

Ces différentes observations montrent une très bonne compétitivité de l'approche crédibiliste en situation de dérive moyenne et quel que soit le niveau de bruit. Notons qu'il s'agit des cas les plus fréquemment rencontrés en routine clinique. Lorsque la dérive est très importante, il est souhaitable d'intégrer, soit une correction préalable de l'effet de la dérive du champ radiofréquence, soit d'intégrer cette notion dans la modélisation des masses de croyances. Le champ de recherche est alors complètement ouvert dans ce domaine.

Comparaison des différentes modélisations crédibilistes

Lorsque nous comparons les résultats de segmentation obtenus par les différentes modélisations évidentielles, nous constatons que les taux d'erreur (tableau 4.2), comme les taux de similarité (tableau 4.3), sont très proches les uns des autres. On peut toutefois apporter quelques nuances. Il semble, d'après le tableau 4.2, que la modélisation de Shafer soit moins efficace que les modélisations d'Appriou et de Denœux, puisque sur les douze volumes traités, la modélisation ne produit les meilleurs résultats que pour (n = 5%, rf = 0%). Pour l'ensemble des autres volumes, les modélisations d'Appriou et de Denœux produisent de meilleurs résultats de segmentation. Cependant, nous pouvons remarquer le faible écart entre des résultats associés à ces deux modélisations. Les deux indicateurs utilisés (taux d'erreur de segmentation et taux de similarité) donnent toutefois l'avantage à la modélisation d'Appriou lorsque les niveaux de dérive du champ radiofréquence sont particulièrement important (rf = 40%). Avec une dérive moyenne (rf = 20%) et un niveau de bruit proche des valeurs rencontrées en routine clinique (n = 7%, 9%), la modélisation de Denœux domine alors. Les résultats obtenus par cette dernière modélisation sont illustrés sur la figure 4.20, qui représente les volumes de matière blanche et de matière grise reconstruits¹⁵ à partir de la segmentation du volume (n = 7%, rf = 20%).



FIG. 4.20: Reconstruction de la matière blanche (MB) et de la matière grise (MG) après la segmentation du volume (n = 7%, rf = 20%) par la modélisation de Denœux

Différentes conclusions peuvent être tirées des expérimentations réalisées sur les volumes de synthèse multi-échos. D'une part, nous avons constaté, au travers des taux d'erreur, le réel gain apporté par le processus d'intégration des informations contextuelles, fondé sur la fusion des masses de croyance pondérées. D'autre part, la comparaison avec deux algorithmes probabilistes intégrant les informations de voisinage, donne l'avantage à notre approche lorsque les caractéristiques des volumes traités (niveaux de bruit et de dérive du champ) sont proches des conditions réelles. Dans des conditions extrêmes de dérive, une diminution des performances est observée.

^{15.} Reconstructions obtenues au moyen du logiciel 3DSlicer, développé par le MIT (http://www.slicer.org).

Dans ce cas précis, il semble nécessaire de traiter ce défaut, soit en aval par des prétraitements, soit dans le processus de segmentation lui même, en intégrant ce défaut dans la modélisation. Ce dernier point constitue alors un axe de recherche ouvert. Enfin, sur l'ensemble de la base de données du Brainweb, on remarque successivement la supériorité de l'une des modélisations crédibilistes, avec un avantage pour les modélisations d'Appriou et de Denœux. Parmi ces deux modélisation, notre préférence est donnée à la modélisation fondée sur les distances et proposée par Denœux; celle-ci prédomine dans les conditions proches des conditions cliniques, c'est-à-dire lorsque les volumes traités présentent un niveau de bruit compris entre 7% et 9% et un niveau de dérive de 20%.

4.6.2 Résultats de segmentation sur des données réelles

Nous avons constaté sur les données de synthèse un gain réel apporté par le processus d'intégration des informations contextuelles, fondé sur la fusion des masses de croyance pondérées. Il reste cependant à évaluer notre approche de segmentation sur des données issues de volumes multi-échos réels.

Ne possédant pas de vérité terrain pour les volumes réels, nous proposons préalablement de définir un critère de validation relativement à une expertise humaine. Puis, nous évaluons ce critère sur les 6 volumes à notre disposition (section 3.1, chapitre 3), tout en formulant une discussion critique des résultats obtenus.

Définition d'un critère de validation

L'évaluation des segmentations sur des volumes réels est une tâche délicate car nous ne possédons pas de vérité terrain permettant de définir de façon objective un critère de validation. La démarche de validation que nous adoptons ici consiste, d'une part, à extraire la zone tumorale des volumes segmentés et, d'autre part, de comparer ce volume extrait à un volume défini manuellement, coupe à coupe, par un expert sur les images IRM originales. Cependant, nous veillons à ne pas confondre cette segmentation experte avec une vérité terrain. En effet, le volume défini par le médecin n'est en aucun cas dénué de subjectivité. Lors de son expertise, le médecin intègre, consciemment ou non, des informations *a priori* sur la tumeur en fonction, en particulier, de son évaluation préalable de la pathologie, de ses connaissances et de son expérience. On notera, de plus, qu'un expert médical aura tendance à exagérer le volume recherché de façon à ne pas sous-estimer la pathologie. Enfin, la qualité de l'expertise dépend également de l'attention ou de l'état de fatigue de l'expert. On aura ainsi une confiance plus grande dans l'expertise des premières coupes que dans celle des dernières.

Afin de mettre en évidence le recul nécessaire à prendre face aux expertises, nous avons soumis deux fois à l'expert un même volume tumoral. Les deux expertises ont été réalisées indépendamment l'une de l'autre, à plus d'un mois d'intervalle. À partir de ces expertises, nous avons déterminé que le taux de similarité S^{16} entre les deux volumes tumoraux était égal à 85,57%. Ce

^{16.} Tel que défini dans la section 4.6.1.

chiffre illustre parfaitement la prudence avec laquelle il faut traiter les expertises. Ces dernières ne sont pas des vérités mais des indications précieuses quant à la localisation des tumeurs.

Le taux de similarité S nous renseigne sur le recouvrement relatif des volumes comparés. Dans le cadre d'expertise médical, ce critère est insuffisant car il ne renseigne pas sur le type d'erreurs réalisées. En particulier, il est intéressant de connaître également les zones tumorales non détectées, c'est-à-dire les *faux négatifs* ou les *non détections*, et les zones identifiées à tort comme étant de la tumeur, c'est-à-dire les *faux positifs* ou les *fausses alarmes*. Nous allons donc évaluer les performances des algorithmes au travers des taux de bonne détection (BD), de fausse alarme (FA) et de non détection (ND) définis par:

$$BD = \frac{n_t}{n_t^x}, \qquad (4.6.2)$$

$$FA = \frac{n_t | \overline{n_t^x}}{n_t^x}, \qquad (4.6.3)$$

$$ND = \frac{\overline{n_t} \mid n_t^x}{n_t^x} , \qquad (4.6.4)$$

avec

- $-n_t$: nombre de points identifiés *tumeur* par la méthode testée;
- $-n_t^x$: nombre de points identifiés *tumeur* par l'expert;
- $-\overline{n_t}$: nombre de points non identifiés *tumeur* par la méthode testée;
- $-\overline{n_t^x}$: nombre de points non identifiés *tumeur* par l'expert.

Parmi ces trois taux, nous étudierons plus particulièrement le taux de bonne détection et le taux de non détection. Ce dernier est particulièrement important pour l'évaluation d'un processus dans le cadre d'un diagnostic ou d'une aide au diagnostic afin de ne pas sous-estimer la pathologie, alors que le taux de fausse alarme correspond à un critère moins sensible.

Évaluation des segmentations

Pour les volumes V_1 à V_5 et pour chaque modélisation, nous avons isolé la tumeur sur les résultats de segmentation. Cette opération est réalisée par une sélection manuelle des composantes connexes tridimensionnelles correspondant à la tumeur. La segmentation du volume V_6 n'a pas permis l'extraction de la tumeur. Ce cas sera discuté par la suite.

Chaque volume tumoral ainsi déterminé est alors comparé à la segmentation experte. Les taux de bonne classification, de non détection et de fausse alarme calculés sont indiqués dans les tableaux de la figure 4.21. Par la suite, nous présentons, pour chaque volume :

- une planche composée de différentes coupes réparties sur le volume, issues de la segmentation par le modèle ayant permis la meilleure détection de la tumeur;
- une planche composée de ces mêmes coupes, issues des images originales et sur lesquelles, relativement à l'expertise, les contours blancs correspondent aux contours de la zone bien détectée, les zones rouges à des zones de non détection et les zones bleues à des zones de fausses alarmes.



(a) taux de bonne détection



(b) taux de non détection



(c) taux de fausse alarme

FIG. 4.21: Résultats de segmentation

Volume V_1 - (figures 4.24 et 4.25) La tumeur présente sur le volume V_1 est une tumeur gliale infiltrante dégénérée. Sur la pondération en T_1 Gado, nous apercevons la tumeur rehaussée par le gadolinium. Celle-ci est entourée d'un œdème de taille importante. Sur la pondération en T_2 , l'œdème est particulièrement rehaussé. Des zones de nécrose apparaissent à certains endroits (en blanc, sur la pondération en T_2). Du fait du caractère infiltrant de la tumeur, la limite entre l'œdème et la tumeur est particulièrement difficile à déterminer. L'expert a ainsi défini la zone tumorale comme étant composée de la tumeur et de l'œdème.

Ce volume est segmenté en 5 classes. On retrouve sur les segmentations, du plus clair au plus foncé, la matière blanche, la matière grise, la tumeur, l'œdème qui l'entoure et le liquide céphalo-rachidien (figure 4.24).

Sur le tableau 4.21, nous constatons que les trois modélisations permettent une extraction correcte de la zone tumorale, le taux de bonne détection étant compris entre 89,04% et 96,54%. Le modèle de Denœux est alors celui qui fournit les meilleurs résultats. Le taux de non détection varie du simple au triple en fonction des modèles. Le modèle de Denœux est ici celui qui sous-estime le moins la tumeur. Le taux de fausse alarme varie dans des proportions moindres, entre 8,15% et 16,63%. Le modèle de Denœux est là encore celui qui fournit les meilleurs résultats. Ces valeurs semblent raisonnables aux vues des variations qui peuvent exister dans l'évaluation des zones tumorales. De plus, on peut constater que les zones de non détection se situent principalement à la périphérie de la tumeur définie par le médecin.

Volume V_2 - (figures 4.26 et 4.27) La tumeur présente sur la volume V_2 est une tumeur médiane dissociée de son environnement. La pondération en T_1 fait apparaître de manière peu contrastée la tumeur. Sur la pondération en T_1 Gado, la tumeur est rehaussée. Le gadolinium fait de plus apparaître la barrière hématoencéphalique¹⁷ (anneau contrasté à la périphérie de la tumeur). Ce volume contient, de plus, une petite tumeur homogène dans la partie postérieure du cerveau.

Ce volume est segmenté en 5 classes. On retrouve sur les segmentations, du plus clair au plus foncé, la matière blanche, la matière grise, la tumeur, la barrière hématoencéphalique qui l'entoure et le liquide céphalo-rachidien (figure 4.26).

Sur le tableau 4.21, les taux de bonne détection sont corrects avec des valeurs comprises entre 88,44 et 91,70%. Les taux de non détection sont plus importants que sur le volume V_1 mais offrent moins de variabilité. Les zones de non détection se situent principalement à la périphérie de la tumeur estimée. Le modèle de Denœux est alors celui qui fournit les meilleurs résultats pour ces deux taux. Les taux de fausse alarme sont importants et varient entre 16,20 et 22,10%. Deux raisons expliquent ces taux. D'une part, les niveaux radiométriques de la scissure hémisphérique étant proches de ceux de la barrière hématoencéphalique, une partie de la scissure est intégrée à la tumeur estimée. D'autre part, la segmentation obtenue estime la présence d'un lien entre la tumeur principale et la tumeur postérieure alors qu'à l'expertise initiale, ces deux structures sont estimées distinctes. Il semble alors que les caractéristiques de la zone tumorale pour les étiqueter tumeur. On peut alors penser qu'il s'agit d'une extension de la tumeur. Dans ce cas de figure, les segmentations crédibilistes, et plus particulièrement le modèle d'Appriou, fournissent une segmentation prudente vis-à-vis de la pathologie.

^{17.} Ensemble physiologique se situant à l'interface entre le sang et le système nerveux.

Volume V_3 - (figures 4.28 et 4.29) La tumeur présente sur le volume V_3 est un glioblastome composé d'une zone nécrotique ou inflammatoire et d'une barrière hématoencéphalique dans la partie haute. Cette barrière est particulièrement mise en évidence sur la pondération en T_2 . Sur la pondération en T_1 Gado, la tumeur est bien rehaussée dans la partie haute, cependant ce rehaussement est quasi inexistant dans la partie basse. La tumeur a alors un niveau radiométrique proche des tissus environnants. Enfin, on note la présence d'un œdème rehaussé en T_2 .

Le niveau radiométrique de la tumeur étant proche du niveau des ventricules, nous avons segmenté ce volume en 4 classes. On retrouve sur les segmentations, du plus clair au plus foncé, la barrière hématoencéphalique, la matière blanche, la matière grise et enfin une classe incluant la tumeur, une partie de l'œdème et le liquide céphalo-rachidien.

Ce volume est moins bien détecté avec un taux de bonne détection variant de 64,09% à 74,04% et un taux de non détection variant entre 25,96% et 35,91%. Le modèle de Denœux est à nouveau le plus efficace, suivi des modèles d'Appriou et de Shafer. La faiblesse du taux de bonne détection s'explique par la valeur des niveaux radiométriques de la tumeur dans la partie basse comme le montre la figure 4.22. En dehors de cette zone non rehaussée, la tumeur est bien détectée par les trois modèles. La fausse alarme est, quant à elle, logiquement, très faible.



FIG. 4.22: Une coupe du volume V_3 située dans la partie inférieur du cerveau

Volume V_4 - (figures 4.30 et 4.31) La tumeur présente sur le volume V_4 est une métastase d'une tumeur cancéreuse du sein. Elle se compose d'une zone nécrotique prépondérante et d'une zone cancéreuse tissulaire située plus en périphérie. La tumeur est entourée de façon parcellaire par une barrière hématoencéphalique, de niveaux radiométriques proches de ceux de la partie tissulaire de la tumeur. Enfin, on constate la présence d'un œdème, plus particulièrement visible sur la pondération en T_2 .

Ce volume est segmenté en 5 classes. On retrouve sur les segmentations, du plus clair au plus foncé, la matière blanche, la matière grise, la tumeur tissulaire, le liquide céphalo-rachidien périphérique et, étiqueté de façon similaire, la tumeur nécrotique et les ventricules (figure 4.30).

Sur le tableau 4.21, nous constatons des taux de bonne détection corrects, compris entre 89,16% et 95,07%. Le modèle d'Appriou est alors celui qui obtient les meilleurs résultats, suivi du modèle de Denœux et du modèle de Shafer. Les non détections sont relativement faibles, comprises entre 4,93% et 10,84%. Celles-ci se localisent en périphérie de la tumeur et correspondent à la barrière hématoencéphalique. Sur la segmentation, on constate que ces zones sont sousestimées et étiquetées en tant que matière blanche ou matière grise. Quant aux taux de fausse alarme, ils sont très faibles pour les modèles de Denœux et de Shafer et plus conséquents pour le modèle d'Appriou (8,47%) qui inclut une partie de l'œdème dans la zone tumorale tissulaire.

Volume V_5 - (figures 4.32 et 4.33) La tumeur présente sur le volume V_5 se compose d'une composante tissulaire périphérique et d'une composante nécrotique plus en profondeur. La composante tissulaire est rehaussée de manière hétérogène sur les deux pondérations. La composante nécrotique est particulièrement bien visible sur les deux pondérations. Cette tumeur est entourée d'un œdème. On note que l'interface entre cet œdème et la zone nécrotique est très fine.

Ce volume est segmenté en 5 classes. On retrouve sur les segmentations, du plus clair au plus foncé, des zones nécrotiques, la barrière hématoencéphalique, la matière blanche, la matière grise, et la tumeur ainsi que les ventricules et une partie de l'œdème (figure 4.32).

Les taux de bonne détection associés à ce volume sont compris entre 90,60% et 94,40%, ce qui représente des taux tout à fait corrects. Le modèle de Denœux fournit les meilleurs résultats, suivi des modèles d'Appriou et de Shafer. Les taux de non détection sont dans les mêmes ordres que pour les précédents volumes, compris entre 5,60% et 9,40%. Les taux de fausse alarme se situent autour de 15% pour les modèles de Shafer et d'Appriou alors qu'il est de 33,20% pour le modèle de Denœux. Ce taux élevé traduit l'intégration d'une partie de l'œdème dans la zone tumorale (figure 4.33). En dehors de cette dérive, la fausse alarme est faible et localisée en périphérie de la tumeur experte.

Volume V_6 - (figure 4.34 et 4.35) La tumeur présente sur le volume V_6 est une tumeur frontotemporale. Cette tumeur, localement rehaussée, apparaît très hétérogène. La prise de contraste en T_1 Gado est un signe de dégénérescence. Elle présente, de plus, des régions nécrotiques. Sur la pondération en T_2 , on voit nettement l'œdème qui accompagne la tumeur, exerçant un effet de masse. Cette tumeur se caractérise par son aspect particulièrement infiltrant avec une limite entre l'œdème et la tumeur difficile à déterminer et un envahissement du corps calleux.

La segmentation de ce volume n'a pas permis la délimitation de la tumeur. Cet échec est essentiellement lié à un mauvais apprentissage. Faisant varier le nombre N de classes de 3 à 10, il nous a été impossible d'obtenir une partition initiale correcte de l'ensemble des caractéristiques. À titre d'exemple, nous avons représenté sur la figure 4.34, la segmentation obtenue avec le modèle de Denœux pour N = 5. On remarque que la zone tumorale apparaît mais il est impossible de correctement distinguer la tumeur, les régions nécrotiques et l'œdème, ces trois éléments correspondant aux étiquettes de plus faibles radiométries.

Les défaillances de l'apprentissage sont imputables à la faible dispersion des niveaux radiométriques du volume (figure 4.23). Ceci se répercute alors sur la segmentation. Les résultats obtenus sur ce volume illustrent la dépendance de nos résultats de segmentation à l'apprentissage des données, ce qui constitue un point faible de notre méthode.



FIG. 4.23: Histogramme bidimensionnel du volume V_6

Différentes méthodes ont été testées sur ce volume (classifications par k-moyennes, FCM, EM, segmentation par approche markovienne). Pour chacune de ces méthodes, différentes initialisations et un nombre variable de classes ont été utilisés, sans obtenir de meilleurs résultats que l'approche crédibiliste.

Discussion

La méthode de segmentation crédibiliste proposée nous fourni dans 5 cas sur 6 une segmentation des volumes IRM multi-échos permettant l'identification des tumeurs. La comparaison des volumes estimés aux volumes définis par l'expert montre l'aptitude de la méthode à détecter correctement ces tumeurs.

Sur les trois modélisations, la modélisation de Denœux est celle qui fournit, dans la majorité des cas, les meilleurs taux de bonne détection associés aux meilleurs taux de non détection. Cette modélisation s'avère être *a posteriori* la plus adaptée à notre problématique de segmentation. Ce résultat rejoint alors celui obtenu sur les volumes de synthèse dégradés par du bruit, et possédant un niveau de dérive de 20%.

Plus généralement et quelle que soit la modélisation, nous constatons que les fausses alarmes se localisent à la périphérie de la zone tumorale estimée par l'expert. Les taux de non détection, compris généralement entre 5 et 10% semblent raisonnables comparativement à la subjectivité inhérente à la segmentation experte. Les non détections se localisent elles aussi à la périphérie de la tumeur estimée. On trouve ici une caractéristique courante dans le cadre de l'aide au diagnostic où, souvent, les volumes d'intérêts sont surestimés par les médecins qui incluent dans leur expertise des informations et de la connaissance *a priori*. À titre d'exemple, après discussion avec l'expert, nous avons constaté que la zone estimée comme étant de la tumeur dans la partie basse du cerveau du volume V_3 n'a pas été étiquetée en tant que tumeur du fait de son niveau radiométrique, mais par extrapolation de la position de l'œdème qui, lui, est apparent. Ces informations accessibles et connues du médecin ne sont pas intégrables simplement à la modélisation des données. Enfin, l'échec de la segmentation du volume V_6 met en évidence la dépendance entre l'estimation des paramètres initiaux et les résultats de segmentation crédibiliste. Un apprentissage trop défectueux se répercute au travers des modélisations des masses de croyance sur la segmentation finale, malgré l'aptitude que possède la théorie de l'évidence à gérer les imperfections. Une attention particulière doit alors être portée à l'initialisation. Différentes solutions peuvent être envisagées telles que la réalisation d'une seconde phase d'apprentissage et de segmentation limitée à la région identifiée tumorale ou l'intégration d'un apprentissage expert. On note cependant que ces deux solutions demandent l'intervention de l'utilisateur ou d'un expert.

Conclusion

Dans cette section, nous avons présenté les résultats de segmentation obtenus par la méthode crédibiliste que nous proposons. Pour chacun des six volumes à notre disposition, les performances des trois modèles sont évaluées grâce à un référentiel fourni par un expert. Nous jugeons ces résultats prometteurs. Dans 4 cas sur 6, la tumeur est bien détectée. Parmi les deux cas restants, l'un correspond à une tumeur partiellement détectée dû à un faible rehaussement de la tumeur et le second correspond à une non détection de la tumeur lié à un apprentissage défaillant. Différentes solutions ont été proposées pour pallier ce dernier aspect. Notons que pour ce volume, aucune des autres méthodes de classification et de segmentation testées n'a permis la détection de la tumeur.

Parmi les trois modèles comparés, le modèle de Denœux est celui qui, régulièrement, obtient les meilleurs taux de bonne détection et de non détection. Ces observations rejoignent celles effectuées antérieurement sur les volumes de synthèse. Fondé sur des distances, le modèle de Denœux est donc *a posteriori* le mieux adapté à notre problématique de segmentation des IRM cérébraux pour la détection des tumeurs cérébrales.



FIG. 4.24: Résultats de segmentation du volume V_1 par la modélisation de Denæux, avec une règle de décision pignistique



FIG. 4.25: Résultats de segmentation du volume V_1 par la modélisation de Denœux avec une règle de décision pignistique. Les contours blancs correspondent à la zone bien détectée, les zones rouges à des zones de non détection et les zones bleues à des zones de fausse alarme



FIG. 4.26: Résultats de segmentation du volume V_2 par la modélisation de Denœux, avec une règle de décision pignistique



FIG. 4.27: Résultats de segmentation du volume V_2 par la modélisation de Denœux avec une règle de décision pignistique. Les contours blancs correspondent à la zone bien détectée, les zones rouges à des zones de non détection et les zones bleues à des zones de fausse alarme



FIG. 4.28: Résultats de segmentation du volume V_3 par la modélisation de Denœux, avec une règle de décision pignistique



FIG. 4.29: Résultats de segmentation du volume V_3 par la modélisation de Denœux avec une règle de décision pignistique. Les contours blancs correspondent à la zone bien détectée, les zones rouges à des zones de non détection et les zones bleues à des zones de fausse alarme



FIG. 4.30: Résultats de segmentation du volume V_4 par la modélisation d'Appriou, avec une règle de décision pignistique



FIG. 4.31: Résultats de segmentation du volume V_4 par la modélisation d'Appriou avec une règle de décision pignistique. Les contours blancs correspondent à la zone bien détectée, les zones rouges à des zones de non détection et les zones bleues à des zones de fausse alarme



FIG. 4.32: Résultats de segmentation du volume V_5 par la modélisation de Denœux, avec une règle de décision pignistique


FIG. 4.33: Résultats de segmentation du volume V_5 par la modélisation de Denœux avec une règle de décision pignistique. Les contours blancs correspondent à la zone bien détectée, les zones rouges à des zones de non détection et les zones bleues à des zones de fausse alarme



FIG. 4.34: Résultats de segmentation du volume V_6 par la modélisation de Denœux, avec une règle de décision pignistique



FIG. 4.35: Segmentation experte du volume V_6 . Les contours des zones identifiées comme étant de la tumeur sont représentés en blanc

4.6.3 Étude des effets induits par l'utilisation des informations contextuelles

Les informations de voisinage ont été introduites dans le processus de segmentation pour répondre à un double besoin. Le premier est d'améliorer la robustesse du processus de segmentation vis-à-vis du bruit. Le second est de prendre en considération la nature intrinsèquement bidimensionnelle ou tridimensionnelle des données traitées.

Dans cette partie, nous proposons d'étudier les effets induits par l'utilisation des informations contextuelles au travers des résultats de segmentation obtenus sur des volumes réels multi-échos. Tout d'abord, nous nous intéressons aux effets directement visibles sur la segmentation. Puis, nous examinons un effet indirect identifié au travers de la forme des courbes de décision.

Effets directs sur la segmentation

Nous rappelons que l'information contextuelle est introduite dans le processus de segmentation par l'intermédiaire d'une combinaison pondérée des masses de croyance (équations 4.5.1, 4.5.2, et 4.5.5). La masse de synthèse ainsi générée porte des informations sur le vecteur forme traité mais également sur son voisinage. Cette information plus riche doit alors permettre d'améliorer les décisions. Nous allons illustrer cet aspect au travers des résultats obtenus sur les volumes V_1 (figure 4.36) et V_2 (figure 4.37), par les processus de classification et de segmentation proposés, et pour l'ensemble des modélisations évidentielles. Nous rappelons que le volume V_1 est segmenté en 5 classes ; du plus clair au plus foncé, nous trouvons la matière blanche, la matière grise, la tumeur, l'œdème et le liquide céphalo-rachidien. Le volume V_2 est lui aussi segmenté en 5 classes ; du plus clair au plus foncé, nous trouvons la matière blanche, la matière grise, la tumeur, l'œdème et le liquide céphalo-rachidien. Le volume V_2 est lui aussi segmenté en 5 classes ; du plus clair au plus foncé, nous trouvons la matière blanche, la matière grise, la tumeur, l'anneau hyper-intense entourant la tumeur et les ventricules¹⁸.

Un défaut important constaté sur les résultats de classification est leur manque de robustesse au bruit, se traduisant par des erreurs de classification. Cet aspect est illustré sur la figure 4.36-a, présentant le résultat de la classification obtenue par la modélisation de Denœux. Nous y constatons en particulier la présence de nombreux points de matière blanche étiquetés tumeur. Sur les résultats de classification du volume V_2 , on observe une zone de classification hétérogène au niveau de la tumeur, en particulier pour les modèles d'Appriou et de Shafer (figures 4.37-b et c). On note également une impression de bruit au niveau des sulci et des gyri.

Ces erreurs sont, pour la plupart, corrigées par le mécanisme d'intégration des informations contextuelles. Les vecteurs initialement mal classés sous l'effet du bruit, sont mieux modélisés, les masses de croyance des voisins compensant l'information erronée portée par le vecteur forme x. Les décisions, fondées sur une fonction de croyance plus représentative, sont alors plus sûres et le nombre d'erreurs est réduit. Ainsi, nous observons sur la figure 4.36-d que la matière blanche est réellement mieux détectée. De la même façon, même si les classifications obtenues par les modélisations d'Appriou et de Shafer sont visuellement meilleures que celle obtenue par la modélisation de Denœux, on constate, en ce qui concerne les segmentations (figures 4.36-b et -c). Les segmentations du volume V_2 sont elles aussi, visuellement, meilleures que les classifications. La

^{18.} Sur ce volume, le liquide céphalo-rachidien périphérique possède le même label que la tumeur.

Image: A priorImage: A priorImage: A prior(a) Denceux(b) Shafer(c) Appriou(c) AppriouImage: A priorImage: A prior(d) Denceux(e) Shafer(f) Appriou

FIG. 4.36: Résultats de classification (a-c) et de segmentation (d-f) sur le volume V_1

tumeur est devenue homogène et les sulci et gyri sont mieux segmentés, tout en préservant leurs détails.

Outre l'effet de débruitage observé précédemment, nous constatons, sur les différents résultats de segmentation, un lissage des frontières entre les régions. Ce lissage, induit par l'effet de filtrage du mécanisme de combinaison spatiale, préserve néanmoins les fines structures. Cet aspect est particulièrement important lorsqu'on travaille sur des images IRM cérébrales, ces dernières étant constituées de nombreuses circonvolutions et fines transitions entre matières. La préservation des contours est obtenue grâce à l'affaiblissement des masses de croyance dans le processus de fusion spatiale, limitant ainsi l'influence des voisins (section 4.5.3). Cet aspect est illustré sur les figures 4.38-b et -c représentant respectivement un zoom sur les segmentations obtenues sans et avec affaiblissent des masses voisines lors du processus d'intégration des informations contextuelles. Les coefficients β sont alors respectivement égaux à 0 et à 0,6. La modélisation utilisée ici est celle de Shafer et les décisions sont prises par la maximisation de la probabilité pignistique. Comparativement à l'image originale pondérée en T_1 Gado (figure 4.38-a), nous constatons sur la figure 4.38-b, d'une part, le lissage important de l'ensemble des contours et, d'autre part, la disparition de petites structures de matière blanche. Cet exemple montre ainsi l'importance et la nécessité de l'affaiblissement des masses de croyance pour préserver l'information contenue dans les images.

Jusqu'ici les résultats présentés correspondent à l'application de règles de décision sans rejet. Il est cependant possible d'inclure, au niveau de la décision, une classe de rejet regroupant les

(a) Denœux (b) Shafer (c) Appriou (d) Denœux (e) Shafer (f) Appriou

FIG. 4.37: Résultats de classification (a-c) et de segmentation (d-f) sur le volume V_2

(b) sans affaiblissement

(a) image originale

(c) avec affaiblissement

FIG. 4.38: Importance de l'affaiblissement des masses de croyance lors de la combinaison des masses voisines (modélisation de Shafer)

vecteurs formes pour lesquels la prise de décision en faveur d'une des hypothèses de l'ensemble de discernement risque d'induire des erreurs (section B.3.3). L'observation de ces points de rejet donne alors une indication sur la qualité de la classification ou de la segmentation et sur la confiance que l'on peut leur accorder. Il est en effet vraisemblable qu'une segmentation possédant un nombre important de vecteurs rejetés pour un coût de rejet faible soit associée à des masses de croyance mal modélisées et donc à des décisions peu fiables.

La figure 4.39 représente les résultats de classification et de segmentation obtenus par la modélisation de Shafer lorsque la coût de rejet C_r vaut 0,7. Sur la figure 4.39-a nous constatons que les points de rejet se localisent aux frontières entre les régions et à l'intérieur des régions. Avec l'utilisation des informations spatiales, nous constatons, sur la figure 4.39-b, d'une part, que la segmentation présente un nombre plus réduit de points de rejet et, d'autre part, que ces points se localisent, à présent, essentiellement sur les frontières entre les régions. Les informations spatiales ont ainsi amélioré la connaissance et réduit le nombre de points mal classés du fait de la présence de bruit. De plus, l'utilisation du voisinage réduit certaines ambiguïtés au niveau des frontières. La segmentation est ainsi globalement plus sûre et de meilleure qualité.



FIG. 4.39: Résultats de classification et de segmentation obtenus avec l'utilisation d'un coût de rejet égal à 0,7 pour la modélisation de Shafer. Les vecteurs rejetés correspondent aux points blancs.

Effets indirects sur les fonctions de décision

Jusqu'à présent, dans les différentes expérimentations réalisées, nous avons occulté l'aspect prise de décision. La majorité des résultats présentés correspond à des résultats obtenus par la maximisation de la probabilité pignistique. Cependant, même si cette règle de décision est celle préconisée dans le cadre du MCT, elle n'est pas la seule possible. En particulier, il existe les règles de décision par maximisation de la crédibilité et de la plausibilité. La première est alors une règle pessimiste, généralement non utilisée, et la seconde est une règle optimiste et préconisée par Appriou [4]. Elle correspond alors au choix de l'hypothèse la plus vraisemblable et est en adéquation avec la modélisation des masses de croyance proposée par ce dernier. Chacune de ces décisions peut être prise avec ou sans rejet.

Dans cette partie, nous nous intéressons aux conséquences induites par le processus de fusion spatiale sur les stratégies de décision. Nous nous plaçons ainsi dans le cadre d'une décision avec rejet. Pour les processus de classification et de segmentation, et pour l'ensemble des trois modélisations évidentielles, nous faisons varier le coût C_r du rejet dans l'intervalle [0,1]. À chaque valeur de C_r , nous relevons le taux de rejet, correspondant au pourcentage de vecteurs formes rejetés par rapport au nombre total de vecteurs dans l'ensemble \mathcal{X} . Sur les courbes associées aux classifications du volume V_2 (figures 4.40-a, -c et -e), nous retrouvons la propriété liant les fonctions de crédibilité et de plausibilité à toute probabilité $P \in C$, où C correspond à l'ensemble des fonctions de probabilité compatibles associées à Bel et Pl:

$$Bel(A) \le P(A) \le Pl(A) \quad \forall A \subseteq \Omega.$$
 (4.6.5)

En particulier, nous retrouvons également :

$$Bel(A) \le BetP(A) \le Pl(A) \quad \forall A \subseteq \Omega.$$
 (4.6.6)

Nous retrouvons également les allures caractéristiques des différentes modélisations, énoncées précédemment dans le cadre de la classification des modèles de synthèse. En particulier, on observe que le modèle de Denœux est celui qui rejette le plus, suivi du modèle d'Appriou et du modèle de Shafer.

Sur les courbes associées aux segmentations du volume V_2 (figures 4.40-b, -d et -f), nous pouvons observer la convergence de l'ensemble des courbes de décision, quelle que soit la modélisation utilisée. Ainsi, l'apport des informations contextuelles par le processus de combinaison spatiale des masses de croyance permet d'obtenir une information plus sûre. Globalement, le taux de rejet diminue. L'incertitude sur les données est réduite et les différentes stratégies de décision [36] (optimiste, neutre ou pessimiste) deviennent équivalentes.



FIG. 4.40: Courbes de décision associées à la classification et à la segmentation du volume V_2

4.7 Conflit spatial: une nouvelle source d'information

Dans la section précédente, nous avons pu vérifier la capacité de la méthode proposée à fournir une segmentation de qualité des images IRM cérébrales. La méthode, fondée sur une modélisation des données par la théorie de l'évidence, se caractérise par l'application d'un processus de combinaison spatiale des informations améliorant la robustesse au bruit et favorisant la création de régions. Cette combinaison qui, par définition, met en regard différentes sources d'information, est génératrice de conflit. Nous proposons donc d'étudier, dans cette section, les exploitations potentielles de cette nouvelle source d'information qu'est le conflit.

Tout d'abord, nous nous intéressons aux origines et interprétations du conflit dans le cadre général de la théorie de l'évidence, puis dans le cadre plus particulier de la combinaison spatiale des masses de croyance (section 4.7.1). Puis, après avoir montré le lien entre l'existence du conflit et la position des frontières, nous proposons la définition d'un « indicateur de frontières » à partir de cette notion de conflit (section 4.7.2).

4.7.1 Origines et interprétations du conflit

Cadre général

L'existence d'une information conflictuelle et sa quantification font parties des particularités et des avantages associés à la théorie de l'évidence.

Dans le cadre de cette théorie, la fusion de données imparfaites (incertaines, imprécises et incomplètes) génère une information de synthèse qui, tenant compte des informations issues de différentes sources, permet une prise de décision plus sûre et plus fiable. Cette fusion, réalisée le plus souvent par l'opérateur de Dempster (équations 4.1.8 et 4.1.9, p. 63), est génératrice d'une information appelée *conflit* qui nous renseigne sur le degré d'opposition des différentes sources considérées. Noté \mathcal{K} , le conflit est un coefficient compris dans l'intervalle [0,1]. Un conflit $\mathcal{K} = 1$ indique l'incompatibilité entre les sources mises en présence, i.e. elles sont en complète opposition. Inversement, un conflit $\mathcal{K} = 0$ reflète l'accord parfait entre les sources. Le traitement et la gestion du conflit dépendent alors de l'interprétation qui lui est donnée.

Contrairement à la mécanique de génération du conflit qui est parfaitement connue, l'interprétation du conflit est plus délicate et complexe à définir. On identifie toutefois les origines du conflit selon trois catégories.

La première catégorie concerne les défaillances des capteurs générant l'information. Une trop grande dérive des mesures par rapport à l'ensemble d'apprentissage peut en effet entraîner des valeurs aberrantes, engendrant des conflits lors de la combinaison. L'origine de ces dérives peut être diverse mais on retient en particulier les dysfonctionnements du capteur ou encore son mauvais étalonnage.

La seconde catégorie est liée à la modélisation des informations. La construction de jeux de masses non adaptés à l'information contenue dans les mesures, conduit à une incohérence entre le fond et la forme de l'information, favorisant l'apparition du conflit. Ce type de conflit apparaît

alors lorsque l'apprentissage est imprécis ou erroné. Si on se réfère aux différentes modélisations que nous avons retenues, les défauts d'apprentissage peuvent alors se traduire par une mauvaise estimation des vraisemblances ou des prototypes de classes ou encore être liés à un mauvais choix de distance.

Enfin, la dernière catégorie concerne le nombre de sources mis en présence. Plus ce nombre est élevé, plus leur combinaison génère du conflit [79].

Les solutions données au conflit dans la littérature reposent sur la définition de nouveaux opérateurs de combinaison. Deux grandes familles se distinguent alors. La première regroupe les règles de combinaison reposant sur la fiabilité des sources à fusionner. On retrouve alors des opérateurs conjonctifs (Dempster [31] et Smets [120]). La seconde part du principe qu'au moins une des sources en compétition est fiable, sans toutefois connaître laquelle. Les opérateurs sont alors conjonctifs et disjonctifs (Yager [148]) et Dubois-Prade [42]).

Enfin, on note que ces principaux opérateurs peuvent être regroupés dans un cadre générique unifiant ces conceptions [79]. Ce formalisme permet alors la définition de nouvelles règles de combinaison, redistribuant de façon arbitraire ou adaptée la masse conflictuelle sur les sousensembles de l'ensemble de discernement.

Cadre particulier de notre processus de combinaison

La partie crédale du processus de segmentation que nous proposons se compose de deux étapes essentielles :

- 1. la modélisation des croyances par l'intermédiaire, soit du modèle proposé par Denœux, fondé sur des distances, soit des modèles proposés par Appriou et Shafer, fondés sur des vraisemblances;
- 2. la révision des croyances par l'intégration des informations contextuelles par le biais de la combinaison pondérée des masses de croyance du voisinage.

Chacune de ces étapes génère une information conflictuelle.

Conflit lié à l'apprentissage et aux modélisations - Dans la première étape crédale, nous pouvons associer l'origine du conflit, d'une part, à des défauts d'apprentissage et, d'autre part, au mécanisme de construction des masses de croyance.

Dans un premier temps, nous considérons la modélisation des masses de croyance indépendamment de l'apprentissage.

L'observation des équations 4.2.3, 4.2.15 et 4.2.16 associées aux différents modèles met en évidence un lien entre le formalisme des modèles et le conflit généré. Utilisé dans une approche vectorielle, le modèle de Shafer étant consonant, aucun conflit n'est généré lors de la construction des jeux de masses ; le modèle de Denœux, à structures simples, génère du conflit mais dans des proportions moindres que le modèle d'Appriou. Ce dernier, fondé sur une approche séparable qui, lors de l'évaluation d'une hypothèse H_q , attribue de la masse à son complémentaire $\overline{H_q}$ et à Ω , est par construction plus générateur de conflit. Afin d'illustrer ce propos, nous avons représenté sur la figure 4.41 le conflit obtenu après l'étape de modélisation des masses de croyance, pour le volume V_3 . Cet exemple, nous permet de visualiser la nature plus conflictuelle du modèle d'Appriou (figure 4.41-b) par rapport au modèle de Denœux (figure 4.41-a). Pour les deux imagettes, un conflit important est associé à un niveau radiométrique élevé et l'absence de conflit à un niveau radiométrique nul. On remarque que le modèle de Denœux génère effectivement peu de conflit et que celui-ci est de faible intensité (< 0,15). Celui-ci se localise au niveau des sulci et des gyri, correspondant à des zones de transitions rapides entre la matière blanche et la matière grise et entre le liquide céphalo-rachidien et la matière grise. Le modèle d'Appriou génère un conflit plus important tant au niveau de son intensité (< 0,6) que de sa répartition sur l'ensemble du volume. On observe cependant une présence de conflit plus importante au niveau de la zone tumorale et de ces frontières. Celleci correspond à une zone visuellement très différente sur les deux pondérations, génératrice de conflit.



(a) Denour (b) Apprior

FIG. 4.41: Conflit lors de l'étape de modélisation des masses de croyances

Si on considère maintenant l'apprentissage, son influence se fait au travers des fonctions de vraisemblance et de la position des prototypes de classes. Plus l'estimation de ces paramètres est approximative, moins les masses de croyance sont représentatives de l'information portée par les données et plus elles sont porteuses de conflit.

Les difficultés d'apprentissage sont multiples et sont liées en particulier :

- à la définition, en amont, de l'ensemble de discernement Ω. Si cette estimation est plus aisée pour des volumes sains, composés a priori de trois classes (matière blanche, matière grise et liquide céphalo-rachidien), elle est plus délicate pour les volumes pathologiques;
- à la présence de bruit;
- à la présence de l'effet de dérive du champ radiofréquence;
- au recouvrement des niveaux radiométriques des différentes structures.

L'ensemble de ces paramètres fait que l'apprentissage sera toujours plus ou moins approximatif et donc générateur de conflit.

Placé dans le cadre du monde fermé, le conflit généré dans cet première étape est redistribué sur l'ensemble des hypothèses de Ω par la normalisation des masses de croyance. **Conflit spatial** - La deuxième étape crédale consiste à intégrer les informations contextuelles par l'intermédiaire de la combinaison pondérée des masses de croyance voisines. Cette opération induit également un conflit. Celui-ci a alors la particularité de se localiser essentiellement au niveau des frontières entre les régions, comme nous le montrent les figures 4.42 et 4.43. La figure 4.42 concerne le volume de synthèse (n = 3%, rf = 20%) modélisé par le modèle d'Appriou.



FIG. 4.42: Volume (n = 3%, rf = 20%)

La figure (a) représente le conflit obtenu suite à la l'intégration des informations spatiales, en utilisant le modèle d'Appriou. La figure (b) est la vérité terrain associée. La figure (c) décrit les frontières de la matière blanche, obtenues grâce à la vérité terrain, superposées en rouge sur le conflit.

L'allure particulière du rejet s'explique au travers de deux types de situations rencontrées lors la combinaison spatiale des masses de croyance. Dans le premier cas, les vecteurs traités sont localisés à l'intérieur d'une zone homogène, c'est-à-dire à l'intérieur d'une région. Dans le second, les vecteurs traités se situent sur une zone frontalière.

 Cas 1: zones internes aux régions - Si la région ne comporte pas de bruit, les masses de croyance de l'ensemble du voisinage portent toutes une information relativement semblable, soutenant une même hypothèse. La combinaison orthogonale de ces masses en accord génère alors peu de conflit.

Si l'un des vecteurs formes du voisinage correspond à une valeur aberrante par rapport au niveau radiométrique de la région du fait de la présence de bruit, les autres voisins, plus nombreux, compensent cette valeur lors de la combinaison des masses de croyance. Un conflit d'intensité relativement faible sera alors généré.

- Cas 2: zones frontalières - Lors de la combinaison spatiale, une zone frontalière se caractérise par le fait qu'une partie des voisins considérés appartient à une région, et que le reste appartient à une ou plusieurs autres régions. Dans ce cas de figure, une part des voisins soutient une hypothèse de l'ensemble de discernement alors que les autres voisins soutiennent au moins une hypothèse différente. Les masses de croyance de l'ensemble du voisinage sont alors en opposition et leur combinaison génère alors du conflit, représentatif de la présence d'une frontière.

0.8 0.6 0.4 0.2 (a) V_1 0.8 0.6 0.4 0.2 Ο (b) V_2 0.8 0.6 0.4 0.2 Ο

(c) V_3

FIG. 4.43: Conflit associé aux volumes V_1 , V_2 et V_3 , pour les modélisations de Denœux, de Shafer et d'Appriou (de gauche à droite)

Ces deux mécanismes couplés impliquent donc un conflit important sur les zones frontalières et peu de conflit à l'intérieur des régions. Afin d'illustrer la corrélation entre frontières et conflit, nous avons superposé en rouge sur l'image du conflit, les frontières de la matière blanche, définies à partir de la vérité terrain (figure 4.42-c). Cette superposition montre la bonne correspondance entre la localisation du conflit et celle des frontières. On notera, qu'en dehors des zones fronta-lières, le conflit possède un très faible niveau, significatif d'une région homogène.

De la même façon, cette allure typique du conflit apparaît lorsque les volumes traités sont des volumes réels. Sur la figure 4.43 est représenté le conflit associé aux volumes réels V_1 , V_2 et

 V_3 , pour l'ensemble des trois modélisations. Même si, dans ce contexte, nous ne possédons pas de vérité terrain, nous constatons, par comparaison avec les images originales (chapitre 3), que le conflit est présent au niveau des frontières. Une différence importante que nous pouvons constater par rapport au conflit associé au volume de synthèse étudié (n = 3%, rf = 20%) est l'existence de conflit sur les zones intérieures aux régions, en particulier pour les modélisation de Denœux et d'Appriou. Ce phénomène souligne un niveau plus important de bruit dans les volumes réels et un moins bon apprentissage. Ce conflit est en quelque sorte un conflit « résiduel » lié à la phase initiale de modélisation. La difficulté engendrée par cette situation réside dans l'impossibilité de séparer les sources du conflit. On ne peut alors pas systématiquement associer un maximum de conflit à la présence d'une frontière, même si, majoritairement cette situation prédomine.

Enfin, nous remarquerons que, comme précédemment, il existe un ordonnancement des modèles en fonction de leur tendance à créer du conflit, avec par ordre croissant le modèle de Shafer, puis le modèle de Denœux et enfin le modèle d'Appriou. Cette tendance s'explique à nouveau par la forme des structures de croyance associées aux modèles.

En dehors de ces considérations visuelles sur la présence et la localisation du conflit, nous devons garder à l'esprit que le conflit influence, parfois de façon non négligeable, la prise de décision. Différents auteurs [140, 151] ont en particulier montré des incohérences liées à une prise de décision en présence de fort conflit. Alors que le conflit frontalier est créé volontairement lors du processus de fusion, il n'en est rien du conflit à l'intérieur des régions. Moins celui-ci est important, meilleure est, *a priori*, la décision. Ceci nous conduit alors à préférer les modèles de Shafer et de Denœux au modèle d'Appriou.

4.7.2 Le conflit : un indicateur sur la localisation des frontières ?

Nous avons pu voir sur les différentes images du conflit présentées précédemment que celui-ci est porteur d'une information, accessible à l'issue du processus de combinaison spatiale. Bien que son interprétation ne soit pas triviale, il est en effet possible, par sa simple observation, de se faire une idée relativement précise de l'organisation des structures cérébrales. Après avoir mis en évidence la corrélation entre la présence de conflit et la présence de frontières sur un exemple simple, nous proposons la définition d'un indicateur sur la localisation des frontières, basé sur la notion de conflit.

Lien entre le conflit et la position des frontières

Hors du cas de figure où l'apprentissage est très défaillant, nous pouvons supposer que la présence des frontières est la principale origine du conflit. À titre d'exemple, nous avons généré une image de synthèse \mathcal{I} (figure 4.44-a) composée de deux uniques régions \mathcal{R}_1 et \mathcal{R}_2 . Chaque point de \mathcal{R}_1 et \mathcal{R}_2 est associé respectivement à la structure de croyance m_1 et m_2 , définies par :

$$m_1(H_1) = 0.85$$
 $m_1(H_2) = 0.1$ $m_1(H_{12}) = 0.05$ $m_1(\emptyset) = 0$, (4.7.1)

 \mathbf{et}

$$m_2(H_1) = 0,1$$
 $m_2(H_2) = 0,85$ $m_2(H_{12}) = 0,05$ $m_2(\emptyset) = 0$. (4.7.2)

Nous nous situons donc dans le cas simple où les masses de croyance sont relativement bien définies et où seules deux hypothèses sont en compétition. Chaque masse de croyance est alors combinée aux masses de croyance de ces huit voisins connexes, générant un conflit représenté sur la figure 4.44-b.



FIG. 4.44: Conflit associé à une image de synthèse « simple »

Sur cette figure, nous observons la localisation de maxima de conflit au niveau de la frontière entre les deux régions. L'intensité du conflit est, de plus, décroissante en fonction de la distance à la frontière. L'idée sous-jacente est alors de se servir de cette propriété afin de définir une zone dans laquelle on estime que la frontière se situe. Il s'agit donc de définir un indicateur sur la localisation des frontières à partir du conflit contextuel.

Notons que la situation présentée ci-dessus est rarement rencontrée dans la réalité du traitement des images IRM : le nombre d'hypothèses en jeu est plus élevé, l'apprentissage est moins précis, les images sont bruitées et présentent des effets de volume partiel. Chacune de ces caractéristiques est génératrice d'une part de conflit. Celui-ci est finalement plus difficile à interpréter et à manipuler. À titre d'exemple, nous avons modifié l'image \mathcal{I} , afin de simuler l'effet de volume partiel (image \mathcal{J}). De façon simpliste, cet effet se caractérise par l'existence d'une bande correspondant à l'intersection des régions \mathcal{R}_1 et \mathcal{R}_2 . Cette bande, notée \mathcal{R}_{12} , est alors de niveau radiométrique intermédiaire (figure 4.45-a). Les masses de croyance associées aux points de cette région sont égales à la masse m_{12} arbitrairement définie par :

$$m_{12}(H_1) = 0.4$$
 $m_{12}(H_2) = 0.4$ $m_{12}(H_{12}) = 0.2$ $m_{12}(\emptyset) = 0.$ (4.7.3)

Nous pouvons alors constater que la fusion spatiale des huit voisins connexes crée une bande de conflit plus étalée au niveau des frontières dont les maxima d'intensité sont plus difficilement observables (figure 4.45-b). Cet aspect se retrouve alors sur les images IRM qui se caractérisent par la présence de nombreux voxels de mélange. La localisation de la frontière est toujours marquée mais de façon plus grossière.



FIG. 4.45: Effet de volume partiel et conflit

Définition d'un « indicateur de frontières »

L'idée sous-jacente de la définition d'un « indicateur de frontières » est de considérer que les bandes de maxima de conflit constituent des zones dans lesquelles nous possédons une forte confiance dans la présence réelle des frontières entre les différentes régions de l'image. Le conflit nous permet ainsi d'accéder à une information qualitative sur la segmentation.

Soit c(x) l'intensité du conflit associé au vecteur forme $x \in \mathcal{X}$ généré lors de la combinaison spatiale des masses de croyance voisines. Nous définissons l'indicateur de frontières $\mathbb{I}(x)$ associé à x par :

$$\mathbb{I}(x) = \begin{cases} 0 & \text{if } c(x) < \lambda_c \\ c(x) & \text{if } c(x) \ge \lambda_c \end{cases},$$
(4.7.4)

où λ_c est un coefficient de seuil défini entre [0,1]. Ainsi, si le conflit c(x) associé au vecteur forme x est inférieur à la valeur seuil λ_c , définie par l'utilisateur, nous considérons qu'il existe peu d'ambiguïté sur le vecteur forme x, i.e. une forte confiance est associée au fait que x soit un point intérieur à une région et non un point de frontière. Inversement, si c(x) est supérieur à λ_c , deux interprétations peuvent s'envisager :

- le vecteur x est localisé sur ou proche d'une frontière;
- le vecteur x est un vecteur mal classé du fait de bruit ou d'un apprentissage imprécis.

On se retrouve alors dans une interprétation proche de celle du rejet en distance et du rejet d'ambiguïté. Cependant, il existe une différence importante entre ces deux notions, liée à leur niveau d'interprétation. Le rejet est associé au niveau pignistique, c'est-à-dire dans la phase ultime du processus de segmentation. Il n'existe et n'a de sens qu'à ce niveau. L'information de frontières (équation 4.7.4) est, quant à elle, définie grâce et à partir de la combinaison spatiale des masses de croyance. Nous nous situons donc, en amont, au niveau crédal.

L'application de l'indicateur de frontières à l'ensemble des vecteurs formes du volume traité permet d'obtenir une représentation probable des frontières entre les régions du volume. Par la suite, nous utilisons la dénomination « image de frontières » et notons $\mathbb{I}(V_i)$ l'image de frontières associée à un volume V_i .

L'utilisation et l'interprétation de $\mathbb{I}(V_i)$ dépend de la pertinence de la valeur attribuée à λ_c . Les différents tests effectués sur les volumes réels ont montré que la valeur $\lambda_c = \mu_c + 0.2 \times \sigma_c$, où μ_c est la moyenne du conflit et σ_c son écart-type, permet d'obtenir une image de frontières cohérente par rapport à l'objectif que nous nous somme fixé : elle permet d'obtenir des bandes de conflit représentatives de la présence réelle des frontières, comme nous le montre la figure 4.46 qui représente les images de frontières associées aux volumes V_1 , V_2 et V_3 .









FIG. 4.46: Images de frontières pour $\lambda_c = \mu_c + 0.2 \times \sigma_c$, pour les modélisations de Denœux, de Shafer et d'Appriou (de gauche à droite)

Nous pouvons constater que, pour les trois volumes, l'image de frontières I permet à elle seule de se faire une représentation relativement précise des volumes considérés puisque l'on retrouve l'ensemble des frontières. Ce dernier aspect est confirmé lorsqu'on superpose l'image des frontières aux coupes originales (figure 4.47). Il y a correspondance entre les frontières ainsi définies et les vraies frontières des images.



FIG. 4.47: Images de frontières superposées sur les images originales pondérées en T_1 Gado, pour les modélisations de Denœux, de Shafer et d'Appriou (de gauche à droite)

On s'aperçoit donc que l'information conflictuelle générée lors de la fusion spatiale des masses de croyance est information représentative de la localisation des frontières des régions. Nous pouvons alors envisager d'utiliser cette information en complément de la segmentation lors de l'interprétation des résultats de segmentation. En particulier, grâce au conflit, nous disposons au niveau des zones frontalières d'un intervalle dans lequel on pense que se situe la vraie frontière. On obtient ainsi une sorte de fuzzification des frontières. Cet aspect peut s'avérer particulièrement utile lorsque la frontière entre les tissus sains et les tissus tumoraux n'est pas nette du fait de la prolifération de cette dernière. Le médecin peut alors ajuster le cas échant la délimitation des zones tumorales.

Actuellement, l'information conflit est utilisée en tant qu'indicateur sur la position des frontières pour l'aide à l'interprétation. Toutefois, on peut envisager la mise en place d'un système de coopération contour-région fondé sur l'utilisation conjointe de l'information *région* issue de la segmentation et de l'information *frontière* portée par le conflit et issue de la combinaison des masses de croyance voisines. Des développements sont actuellement en cours.

4.7.3 Conclusion

Dans cette section, nous nous sommes intéressées à l'information conflictuelle générée par le processus de segmentation lors de la fusion des masses de croyance des voisins. L'allure de ce conflit est tout à fait particulière et se caractérise par l'existence de maxima de conflit localisés au niveau des frontières. Issu du mécanisme de combinaison des masses de croyance, le conflit traduit l'opposition existant entre les différentes sources considérées. L'intégration des informations contextuelles dans le processus de segmentation étant fondée sur la combinaison des masses voisines, le conflit traduit l'opposition entre les différents voisins. On retrouve alors un conflit important au niveau des frontières et plus faible lorsqu'on s'éloigne de celles-ci. L'observation du seul conflit permet alors d'appréhender l'organisation des différentes structures cérébrales : le conflit est ainsi une source d'information en tant que telle, traduisant la présence ou la proximité d'une frontière. Ce constat a conduit à la définition d'un indicateur appelé « indicateur de frontières » qui permet de définir une carte des zones possibles des frontières. Celle-ci peut alors être utilisée, en complément des segmentations, afin de moduler et ajuster la position des frontières. Ainsi, en plus de l'information région produite par la segmentation, nous disposons d'une information *contour* améliorant la connaissance générale.

4.8 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons proposé une méthode de segmentation des images IRM fondée sur la théorie de l'évidence. Le choix de cette théorie repose, d'une part, sur sa capacité à prendre en compte des informations de nature imprécise et incertaine et, d'autre part, sur sa capacité à fusionner des informations provenant de différentes sources tout en tenant compte des conflits potentiels entre ces dernières.

L'approche de segmentation proposée est une approche multi-échos. Elle prend donc en compte des acquisitions sous différentes pondérations. L'information manipulée est alors plus riche et plus complète et permet une meilleure modélisation du cerveau et de ses tumeurs.

Après avoir abordé les fondements de la théorie de l'évidence (section 4.1), nous avons proposé, dans un premier temps, une démarche de classification des volumes IRM multi-échos (sections 4.2 et 4.3). Cette démarche se fonde sur une modélisation des données par l'intermédiaire de fonctions de croyance. Trois fonctions de croyance ont été retenues. La première, proposée par Denœux, est fondée sur des distances. Les deux autres, proposées par Shafer et Appriou, sont fondées sur des fonctions de vraisemblance. La démarche de classification consiste alors à modéliser des informations par l'intermédiaire de l'une de ces modélisations puis de prendre une décision quant à l'hypothèse d'appartenance de chaque voxel du volume.

La démarche de classification proposée a ensuite été testée sur des volumes de synthèse et des volumes réels dans la section 4.4. Dans un premier temps, la classification des volumes de synthèse, pour lesquels nous connaissions la vérité terrain, a permis d'évaluer objectivement les résultats de classification. Comparés aux algorithmes k-moyennes, au FCM et à l'algorithme EM, les résultats ont montré l'aptitude de la théorie évidentielle à traiter notre problématique. L'avantage de la classification évidentielle, quel que soit le modèle utilisé, est d'autant plus probant lorsque les volumes sont fortement bruités et dégradés par l'effet de dérive du champ radiofréquence.

Puis, nous avons étudié, en particulier au travers de régions de décision, les différences comportementales entre les modèles. Nous avons ainsi observé des caractéristiques très différentes. Toutefois, même si leurs comportements sont très différents, les résultats en termes de taux d'erreur de classification sur les volumes de synthèse n'ont pas permis, à ce stade, de sélectionner l'une des modélisations.

Enfin, l'observation des différents résultats de classification met en évidence le manque de robustesse du processus proposé vis-à-vis du bruit. Ce résultat, typique des algorithmes de classification, quelle que soit la théorie sous-jacente, indique la nécessité d'intégrer un processus tenant compte des informations de voisinage afin de palier ce problème. De plus, un tel processus permet de prendre des décisions quant à l'hypothèse d'appartenance de chaque voxel en regard du contexte du voxel. Sous la notion de voisinage, nous trouvons alors la notion de régions. Nous passons alors d'un processus de classification à un processus de segmentation.

Dans la section 4.5, nous nous sommes alors attachées à proposer une méthode d'intégration des informations contextuelles. Le processus de classification initial étant fondé sur la théorie de l'évidence, nous nous sommes appuyées sur cette théorie. L'idée est alors de considérer les voisins de chaque voxel comme des sources d'informations et de les combiner par l'intermédiaire de l'opérateur de combinaison de Dempster. Afin de prendre en considération les distances relatives entre les voxels, les masses de croyance des voisins sont atténuées avant la combinaison. Une étude des résultats de segmentation sur des volumes de synthèse nous a alors permis de définir heuristiquement une fonction d'atténuation offrant un bon compromis entre le lissage des régions et la préservation des fines structures. Le processus de segmentation proposé est alors appliqué aux différents volumes de synthèse et réels dans la section 4.6. L'analyse des résultats des volumes de synthèse a montré le réel bénéfice, en terme de taux d'erreur, apporté par l'intégration des informations contextuelles. Comparée à une méthode probabiliste markovienne, l'approche évidentielle s'est avérée plus efficace dans des conditions d'application proches de celles rencontrées avec les volumes réels. Toutefois, nous avons pu constater une perte d'efficacité de notre approche lorsque les effets de la dérive du champ radiofréquence sont trop importants. Dans cette situation, il paraît nécessaire de considérer ces effets, soit en aval par un prétraitement, soit dans la modélisation des croyances. Enfin, la comparaison des trois modélisations crédibilistes a montré la meilleure efficacité du modèle de Denœux lorsque les caractéristiques des volumes se rapprochent des caractéristiques rencontrées dans la routine clinique.

Dans cette section, nous nous sommes également intéressées aux effets induits par l'utilisation des informations contextuelles au travers de la segmentation de volumes réels. Une première conséquence observée est l'amélioration de la qualité visuelle des résultats de segmentation. Les régions définies sont plus homogènes et plus en concordance avec la réalité anatomique. De nombreuses erreurs induites par le bruit ont disparu sous l'effet de lissage du processus d'intégration des informations contextuelles. Ce lissage observé au niveau des frontières entre les régions, est toutefois maîtrisé grâce à l'affaiblissement des masses de croyance. Cette opération permet, en effet, la préservation des détails et des fines structures. Lors de prises de décision avec rejet, nous avons, de plus, observé une nette diminution du nombre de voxels rejetés comparativement à cette même stratégie de décision dans le cadre de la classification. L'information manipulée est riche et les décisions sont plus sûres et plus fiables. Ces voxels rejetés se situent principalement au niveau des frontières entre les régions, qui restent logiquement des zones d'ambiguïté. Enfin, une conséquence indirecte est la modification des courbes de décision. Les courbes associées aux règles de décision fondées sur la maximisation de la probabilité pignistique, de la crédibilité et de la plausibilité convergent. Les différentes stratégies de décisions (pessimiste, optimiste ou neutre) tendent à devenir équivalentes.

Enfin, dans cette section, nous avons réalisé une validation des résultats de segmentation des volumes réels. Pour chaque volume segmenté, la zone tumorale est identifiée à partir de la segmentation et comparée à un volume défini manuellement par un expert. Les segmentations sont évaluées à partir des taux de bonne détection, de non détection et de fausse alarme. Pour la majorité des volumes, la tumeur est correctement détectée. Parmi les différentes modélisations utilisées et comparées, celle de Denœux obtient les meilleurs résultats, en termes de taux de bonne détection mais également de taux de fausse alarme.

Enfin, dans la section 4.7, nous nous sommes intéressées au conflit issu du processus d'intégration des informations contextuelles. Après avoir discuté de ses origines et de ses interprétations, nous avons mis en évidence le lien entre les maxima de conflit et les localisations de frontières et ainsi montré que le conflit est une source d'information à part entière, utile pour la compréhension des données. Nous avons proposé, de plus, la définition d'un indicateur de frontières. Celui-ci désigne alors les zones possibles de localisation. Utilisé dans un contexte d'aide à la localisation des tumeurs, cet indicateur permet au praticien de moduler la position des frontières définies par le processus de segmentation. Il manipule ainsi simultanément une information région et une information contour pour aboutir à une meilleure interprétation des résultats initiaux de segmentation.

Conclusion et Perspectives

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

Ce travail de recherche vise à proposer une méthode de segmentation des données fournies par les images IRM pour la détection des tumeurs cérébrales dans le cadre de l'aide au diagnostic de ces dernières. Cette méthode doit en particulier être adaptée au traitement de tumeurs inhomogènes, non circonscrites, pouvant se propager de façon infiltrante vers les différentes structures anatomiques environnantes.

Dans le premier chapitre, nous nous sommes attachées à présenter le contexte de notre étude. Nous avons tout d'abord décrit la démarche clinique du diagnostic des tumeurs cérébrales. Puis, nous avons présenté la technique de l'imagerie par résonance magnétique et observé ses avantages et ses défauts pour la détection des tumeurs cérébrales. Enfin, grâce à l'étude de divers cas réels, nous avons pu observer, de façon plus concrète, les difficultés liées au diagnostic des tumeurs cérébrales et nous familiariser avec les images IRM.

Au cours de cette étude, nous avons constaté de nombreuses difficultés inhérentes au traitement des images IRM cérébrales, présentant ou non des tumeurs. En effet, le cerveau est un système complexe, composé de nombreuses structures qui s'entremêlent. Les frontières physiques entre ses structures sont, même pour un œil averti, délicates à définir. Aux caractéristiques anatomiques du cerveau s'ajoutent des contraintes liées à la nature des images traitées. Les images IRM, issues d'un système d'acquisition, fournissent des données imparfaites, entachées d'imprécisions et d'incertitudes; les principaux défauts relevés sont, en particulier, liés au bruit (bruit d'acquisition, aux mouvements du patient...) et à la dérive du champ radiofréquence. Alors que ces défauts caractéristiques sont corrigés par l'œil, ils nuisent de façon indéniable à la qualité des résultats obtenus par les traitements numériques des images.

Concernant les images cérébrales présentant des tumeurs, leur segmentation est d'autant plus difficile que les caractéristiques radiométriques, topologiques ou encore géographiques de ces tumeurs sont très variables. Enfin, même si l'IRM est un outil puissant permettant l'observation *in vivo* de l'anatomie cérébrale, il est fréquent de ne voir apparaître sur les images qu'une représentation partielle d'une tumeur, compromettant alors sa détection. Une solution se trouve alors dans la multiplication des acquisitions sous différentes pondérations. L'utilisation conjointe de ces différentes acquisitions permet alors d'accéder à une information plus riche et plus complète et d'appréhender plus globalement le phénomène tumoral. Une approche multi-échos de la segmentation semble alors particulièrement indiquée. Dans le second chapitre, nous avons produit un état de l'art des principales méthodes de segmentation des images IRM cérébrales. Nous avons discuté simultanément des méthodes dédiées à la segmentation des structures saines et des méthodes dédiées à la segmentation de cerveau présentant une pathologie, ces deux problématiques nous semblant complémentaires.

La diversité des méthodes présentes dans la littérature indique la complexité de la problématique de segmentation du fait, en particulier, des objets traités mais aussi de la nature et des caractéristiques des informations manipulées. Le choix de la méthode est guidé par l'objet d'intérêt de la segmentation. En particulier, lorsqu'il s'agit de localiser une structure saine particulière, les méthodes choisies reposent, le plus souvent, sur l'intégration d'informations *a priori* sur la structure recherchée. On retrouve alors des modèles déformables, des méthodes probabilistes fondées sur des *a priori* forts sur les structures d'intérêt, des méthodes de gestion de connaissances fondées, par exemple, sur la théorie des sous-ensembles flous.

Pour le cas particulier du traitement d'images IRM présentant des pathologies, les méthodes exposées exploitent le plus souvent différentes pondérations d'acquisition afin de palier l'incomplétude des informations portées sur une unique pondération. Les approches adoptées sont alors majoritairement des approches par reconnaissance des formes qui possèdent un formaliste adapté à la manipulation de données multidimensionnelles. Nous avons alors plus particulièrement étudié des méthodes fondées sur la théorie des probabilités, la théorie des sous-ensembles flous ou la théorie de l'évidence, chacune de ces théories étant adaptée à la manipulation d'informations imprécises et incertaines. Parmi ces trois théories, la théorie des probabilités est certainement la plus utilisée. Elle offre, en effet, un recul théorique important ainsi que de nombreuses méthodes et modélisations. Cependant, les contraintes *a priori* nécessaires à son utilisation sont souvent peu vérifiables. À cette théorie, nous préférons la théorie de l'évidence qui permet la manipulation des données imparfaites et offre un cadre intéressant de modélisation de telles données.

À la vue des résultats produits par les différentes méthodes de segmentation exposées, il semble nécessaire d'introduire dans le processus de segmentation des informations contextuelles. Cellesci permettent alors d'avoir une approche spatiale de la problématique, c'est-à-dire que l'on vise à former des régions et non plus simplement à labelliser les points du volume de données. De plus, l'utilisation de contraintes spatiales améliore la robustesse des segmentations vis-à-vis du bruit, favorisant, ainsi, la mise en évidence de régions dans les images traitées.

Ainsi, afin de répondre à notre problématique de segmentation des images IRM pour la détection des tumeurs, nous concluons qu'il serait nécessaire de disposer d'une méthode de segmentation multi-échos, intégrant des informations contextuelles, fondée sur la théorie de l'évidence. D'une part, l'aspect multi-échos, qui est une solution adaptée à l'incomplétude des données, permet de disposer d'une information riche, redondante et complémentaire. D'autre part, la théorie de l'évidence est tout à fait adaptée à la manipulation de ce type de données, de surcroît incertaines et imprécises. Enfin, l'utilisation des informations contextuelles permet d'envisager de se situer dans un réel contexte de segmentation et de rendre les résultats plus robustes vis-à-vis du bruit.

Dans le troisième chapitre, nous proposons un traitement préalable à la segmentation, appelé « présegmentation ». Celui-ci vise à isoler le cerveau de l'ensemble du volume de données constitué de l'empilement de coupes IRM. Fondée sur une série de seuillages et d'opérations morphologiques, l'originalité de notre méthode tient dans sa capacité à traiter aussi bien des volumes cérébraux sains que des volumes présentant des tumeurs. Le traitement des volumes pathologiques est, en particulier, rendu possible grâce à l'utilisation d'une procédure originale d'estimation des seuils, la valeur de ces derniers étant ajustable en fonction de la radiométrie et de la position de la tumeur. Cette méthode simple-écho, testée sur de nombreux volumes réels, s'est avérée efficace. Elle permet, en particulier, d'aborder l'étape de segmentation en ayant, d'une part, ciblé la région d'intérêt et, d'autre part, en ayant réduit considérablement la complexité calculatoire.

Dans le quatrième et dernier chapitre, nous proposons une méthode originale de segmentation des IRM cérébraux multi-échos fondée sur la théorie de l'évidence. L'objectif est de segmenter les volumes cérébraux en un ensemble de régions représentatives de structures anatomiques pour permettre la localisation des tumeurs cérébrales. Le choix de la théorie de l'évidence repose sur sa capacité à manipuler les informations imprécises et incertaines ainsi que sur sa capacité à fusionner des informations provenant de diverses sources.

Dans un premier temps, nous nous sommes attachées à démontrer l'aptitude de la théorie de l'évidence à manipuler les informations issues des images IRM au travers d'un processus de classification crédibiliste. L'utilisation de trois modélisations de la croyance est alors proposée: l'une, proposée par Denœux, est fondée sur des distances et les deux autres, proposées par Shafer et Appriou, sont fondées sur des vraisemblances. Appliquée à des volumes de synthèse pour lesquels une référence est connue, la classification crédibiliste s'est montrée plus performante que les méthodes de classification comme les k-moyennes, les fuzzy-c-means et l'algorithme EM, en particulier lorsque la dégradation des données (niveaux de bruit et de dérive du champ radiofréquence) avoisinent les niveaux rencontrés en pratique clinique. L'avantage des classifications crédibilistes est alors d'autant plus marqué que la qualité des volumes est dégradée. Face à des données incertaines et imprécises, la théorie de l'évidence est particulièrement bien adaptée. Appliquée à des volumes réels, les classifications crédibilistes obtenues sont satisfaisantes : les principaux tissus anatomiques sains sont retrouvés (matière blanche, matière grise et liquide céphalo-rachidien) et les zones pathologiques sont détectées.

Dans un second temps, afin de nous situer dans un réel contexte de segmentation, nous enrichissons la modélisation initiale des données par l'intégration d'informations sur le voisinage spatial de chaque voxel. Tout voxel est alors considéré relativement à son voisinage, dans l'objectif de former des régions. L'intégration du contexte spatial se fonde sur le principe que la connaissance de chaque point peut être complétée par celle portée par l'ensemble de ses voisins. Chaque voisin est ainsi considéré comme une source d'information.

Nous proposons alors de fusionner ces informations spatiales par une combinaison des masses de croyance des voisins par l'opérateur de Dempster. Afin de considérer les distances relatives entre chaque point, nous proposons préalablement d'atténuer les masses de croyance des voisins. Une série d'expérimentations réalisées sur des volumes de synthèse nous permet alors de définir heuristiquement une fonction d'atténuation minimisant les taux d'erreur de segmentation.

L'application de notre méthode à des volumes de synthèse et à des volumes réels, induit de nombreuses modifications par rapport aux résultats initiaux de segmentation. Qualitativement, nous observons une diminution des erreurs liées au bruit. Les segmentations obtenues sont lissées du fait de l'effet de filtrage induit par la combinaison spatiale. Cependant, ce lissage, maîtrisé par l'atténuation des masses voisines permet la préservation des fines structures, particulièrement nombreuses dans le cerveau. Les régions sont plus homogènes et moins perturbées par la présence de points mal classés. Quantitativement, les performances de la méthode sont évaluées au travers de la segmentation de volumes de synthèse, pour lesquels nous disposons d'une vérité terrain objective. Les taux d'erreur se révèlent être améliorés par rapport aux précédents résultats de classification. Ces améliorations sont alors d'autant plus importantes que les volumes sont dégradés. Comparés aux résultats obtenus par des approches markoviennes, les résultats obtenus par la méthode crédibiliste présentent de meilleurs taux d'erreur, à l'exception des cas où les volumes présentent un taux de dérive trop important.

Nous avons alors complété l'évaluation de notre méthode sur des volumes réels. Leur segmentation a montré que la méthode de segmentation proposée permet de répondre à notre problématique de détection des tumeurs cérébrales. Pour chaque volume de données, la région tumorale définie par la segmentation crédibiliste, est comparée à une segmentation manuelle réalisée par un expert. Les évaluations des segmentations sont alors réalisées au travers des taux de bonne détection, de non détection et de fausse alarme. On souligne l'aspect prépondérant des deux premiers critères dans l'évaluation d'une pathologie. Dans la majorité des cas, la tumeur est correctement détectée et les non détections sont en nombre raisonnable vis-à-vis de la variabilité de la segmentation experte. La bonne adéquation entre les volumes estimés et les volumes experts est tout à fait prometteuse. Enfin, parmi les différentes modélisations utilisées et comparées, celle de Denœux s'avère être celle qui obtient les meilleurs résultats en termes de taux de bonne détection mais également en termes de taux de non détection. Nous préconisons alors son utilisation pour la modélisation des données issues des images IRM au sein de la méthode que nous proposons.

Enfin, nous nous sommes intéressées au conflit généré lors de la combinaison des masses de croyance voisines. Nous avons montré que ce conflit est une information à part entière, utile à l'appréhension des données. Nous avons, de plus, mis en évidence la forte corrélation entre la position des frontières définies par le processus de segmentation et la localisation des maxima de conflit, puis nous avons proposé la définition d'un critère appelé « indicateur de frontières », désignant les zones possibles de localisation des frontières. Utilisé dans le contexte du diagnostic, cette nouvelle information permet au praticien de moduler la position des frontières définies par la processus de segmentation. Il a alors à sa disposition une information de type « régions » et une information de type « frontières » lui permettant une meilleure estimation de la zone tumorale recherchée.

Le travail présenté au cours de ce mémoire, concernant la proposition d'une méthode de segmentation des images IRM cérébrales pour la détection des tumeurs, offre des perspectives intéressantes pour la poursuite de nos recherches.

Tout d'abord, nous envisageons d'approfondir le lien mis en évidence entre la localisation des frontières issues de la segmentation et la position des maxima de conflit. Ces deux informations, la première de type « régions » et la seconde de type « frontières » semblent fortement corrélées. Traitées conjointement, ces informations devraient permettre la définition d'une méthode de segmentation plus complète et offrir une meilleure précision et une plus grande fiabilité dans la définition des différentes régions cérébrales. Une piste envisagée est alors d'utiliser la segmentation pour initialiser un modèle déformable. La déformation de celui-ci pourrait alors être guidée par les niveaux radiométriques des images et par l'information conflictuelle.

Ensuite, il nous semble important de prendre en considération l'effet de dérive du champ radiofréquence. Nous avons en effet pu constater sur les volumes de synthèse qu'un niveau trop élevé de dérive est fortement nuisible aux performances de la méthode de segmentation. Les effets réels de ce paramètre sur la segmentation peuvent, dans un premier temps, être évaluées par l'application d'un prétraitement correctif. Par la suite, il paraît intéressant de s'affranchir de ce prétraitement et d'intégrer ce phénomène dans la modélisation des données.

Dans la problématique globale du diagnostic, il nous semble que la détermination des volumes tumoraux serait d'autant plus profitable, dans le cadre d'une utilisation clinique, si elle était couplée à un processus de suivi de l'évolution des volumes tumoraux. Ceci permettrait ainsi d'évaluer les performances des thérapeutiques mises en place. Dans ce contexte, il peut être intéressant d'étudier la mise à jour de la croyance.

Dans un contexte plus général de l'aide au diagnostic médical, nous pouvons songer à étendre la méthode que nous proposons à d'autres problématiques telles que la détection et le suivi des cancers du sein par les images IRM. Nous serons toutefois confrontées à des difficultés lors de la phase d'apprentissage, les zones tumorales recherchées étant souvent peu étendues par rapport au volume total de données.

Enfin, il est possible d'étendre la méthode de segmentation que nous proposons dans d'autres champs applicatifs faisant appel à l'imagerie multispectrale.

Annexes

Annexe A

Anatomie de l'encéphale

Sommaire

A.1	Anatomie générale du système nerveux central	153
A.2	Le système ventriculaire	156
A.3	Le cortex	157
A.4	Les noyaux de gris centraux	157
A.5	La matière blanche	158

Cette brève description de l'anatomie du système cérébral constitue une familiarisation avec l'objet de notre étude. Cette étape, indispensable pour aborder la problématique de segmentation, nous permettra en particulier de remarquer la complexité des différentes structures, leurs formes, leur enchevêtrement, constituant des difficultés inhérentes à la tâche de segmentation.

Après avoir resitué l'encéphale dans son environnement - le système nerveux central - (A.1), nous en présentons successivement les différentes structures : le système ventriculaire (A.2), le cortex (A.3), les noyaux de gris centraux (A.4) et la matière blanche (A.5).

Les sources qui ont permis cette compilation sont diverses. Je citerais en particulier le site d'anatomie humaine¹ du Professeur Outrequin et de Bertrand Boutillier, ou encore le site *The Virtual Hospital*² du collège de médecine de l'Université de l'Iowa (U.S.A.). Je tiens également à citer le site *Neuranat*³ d'où sont extraites les illustrations et à remercier son auteur, Hélène Fournier, qui m'a permis de les utiliser.

A.1 Anatomie générale du système nerveux central

Le système nerveux central, ou névraxe, se divise en quatre régions principales : la moelle épinière, localisée au centre de la colonne vertébrale, le tronc cérébral, le cervelet et le cerveau. L'encéphale, qui se compose essentiellement de matière blanche, de matière grise et de liquide

^{1.} http://www.anatomie-humaine.com/

^{2.} http://www.vh.org/Providers/Textbooks/BrainAnatomy/BrainAnatomy.html

^{3.} http://www.chups.jussieu.fr/ext/neuranat/index.html

céphalo-rachidien, représente l'ensemble des parties du névraxe localisées dans la cavité crânienne, c'est-à-dire le tronc cérébral, le cervelet et le cerveau.

La moelle épinière

La moelle épinière est la partie la plus primitive du système nerveux. Il s'agit d'un cordon blanc de tissu nerveux situé dans le canal vertébral, s'étendant de la première vertèbre cervicale à la deuxième vertèbre lombaire. Elle mesure environ 50 cm et son diamètre est de 1 cm. La moelle présente deux renflements - cervical et lombaire - qui correspondent à la naissance des plexus brachial et lombo-sacré. La partie inférieure de la moelle s'appelle le cône terminal, prolongé par le filum terminal qui s'insère sur le coccyx. La moelle porte sur toute sa longueur des sillons collatéraux ventraux et dorsaux qui correspondent à l'émergence des fibres nerveuses formant les racines d'un nerf spinal. 31 nerfs rachidiens sont ainsi reliés à la moelle épinière. La moelle épinière est protégée par une enveloppe fibreuse : la dure-mère. Elle est formée en son centre par la matière grise en forme d'aile de papillon ou en "H" et par la matière blanche, en situation périphérique. La matière grise est le centre nerveux de la moelle épinière alors que la matière blanche, constituée de fibres, forme une zone de passage (figure A.1).



FIG. A.1: La moelle épinière

La figure (a) représente les vertèbres en forme de queue de cheval. La figure (b) est une coupe axiale de la moelle épinière. On y voit apparaître en particulier la matière grise (1) en forme de papillon entourée de matière blanche (2) et les racines antérieures (3) et postérieures (4) des sillons collatéraux, entourées par la duremère (en vert).

Le tronc cérébral

Le *tronc cérébral* est un segment du névraxe placé au-dessus de la moelle, sous le cerveau et en avant du cervelet. Il se compose de trois parties (figure A.2):

- la moelle allongée (bulbe rachidien),
- le pont de Varole (protubérance annulaire),
- le mésencéphale (pédoncules cérébraux).



FIG. A.2: Le tronc cérébral

Le tronc cérébral, localisé dans la partie inférieure de l'encéphale est composé du bulbe rachidien (1), de la protubérance annulaire (2) et du mésencéphale (3).

C'est dans le tronc cérébral que prennent naissance presque tous les nerfs crâniens. Ils quittent la cavité crânienne pour atteindre leur destination, i.e. les régions de la tête et du cou.

Le cervelet

Le *cervelet*, ou télencéphale, est situé en arrière du tronc cérébral, dans la fosse postérieure. Centré sur le quatrième ventricule, il est lié au tronc cérébral par trois paires de pédoncules cérébelleux. Également appelé « petit cerveau », il est composé d'un lobe médian appelé vermis et de deux lobes latéraux très volumineux les hémisphères cérébelleux ou lobes cérébelleux. Il existe en plus un petit lobe antérieur à disposition transversale appelé lobe flocculo-nodulaire (figure A.3). Le tissu nerveux du cervelet se présente sous 3 aspects :

- une matière grise périphérique, très plissée, appelée écorce cérébelleuse,
- une *matière blanche*, en situation profonde,
- des noyaux de gris centraux de matière grise.



FIG. A.3: Vue antérieure du cervelet

Sur cette vue, sont représentés les hémisphères cérébelleux (1), le vermis supérieur (2), le pédoncule inférieur (3), moyen (4) et supérieur (5) et enfin le lobe flocculo-nodulaire (6).

Le cerveau

Le cerveau est l'étage le plus élevé dans la hiérarchie fonctionnelle du système nerveux central. De la forme générale d'un ovoïde, il est composé du télencéphale et du diencéphale (ou cerveau intermédiaire). Le télencéphale est formé des deux hémisphères, droit et gauche, séparés par la scissure inter-hémisphérique. Le diencéphale et les commissures inter-hémisphériques (des ponts de tissu nerveux) relient ces hémisphères par leur face médiale. Sa surface est constituée d'un manteau de matière grise très plissé qui constitue l'écorce cérébrale ou cortex.

A.2 Le système ventriculaire

Le système nerveux central baigne totalement dans le liquide céphalo-rachidien. Ce dernier est sécrété par le *système ventriculaire* composé de quatre entités (figure A.4):

- les ventricules latéraux, en forme de fer à cheval, sont présents dans les hémisphères. Ils présentent en particulier des cornes frontales, occipitales et temporales, un corps ventriculaire, un carrefour ventriculaire;
- le troisième ventricule communiquant en haut avec les ventricules latéraux par le trou de Monro et en bas avec l'aqueduc de Sylvius qui se prolonge avec le quatrième ventricule. Sa paroi latérale est principalement composée du thalamus;
- le quatrième ventricule, situé dans le tronc cérébral.



FIG. A.4: Le système ventriculaire

La figure (a) présente une vue globale du système ventriculaire composé des ventricules latéraux (1), du troisième ventricule (2) et du quatrième ventricule (3). Sur la figure (b) apparaissent les cornes frontales (4), temporales (5) et occipitales (6), des ventricules latéraux ainsi que l'aqueduc de Sylvius (7), lien entre le troisième et le quatrième ventricule.

A.3 Le cortex

Le *cortex* forme une écorce grise de substance grise qui recouvre toute la surface extérieure des hémisphères et s'enfonce entre les circonvolutions et les sillons. Les sillons les plus profonds, les sulci, délimitent les lobes cérébraux (frontal, pariétal, temporal et occipital). Les moins profonds délimitent les circonvolutions, gyri ou plis dans chaque lobe (figure A.5).

Chez l'Homme, on remarque que les deux tiers de la superficie du cortex cérébral se trouvent dans les profondeurs des sillons. La superficie totale du cortex cérébral humain serait, s'il était étalé, de l'ordre de $0.25 m^2$ dont près des deux tiers enfouis dans les sillons.

Le cortex est formé de cellules nerveuses disposées en six couches. Certaines sont des cellules d'association, d'autres des cellules réceptrices des sensibilités et des activités sensorielles, d'autres enfin, les plus grandes, sont des cellules motrices.



FIG. A.5: Les différents lobes cérébraux

Le schéma ci-dessus représente les différents lobes cérébraux : frontal (1), pariétal (2), temporal (3) et occipital (4).

A.4 Les noyaux de gris centraux

Les *noyaux de gris centraux* sont des masses de matière grise disposées en profondeur sous le cortex. Ils sont en particulier constitués (figure A.6):

- des corps striés qui regroupent le noyau caudé, le noyau lenticulaire, lui-même formé du putamen et du globus pallidus, et le claustrum,
- du thalamus, principal noyau de gris situé dans la paroi du troisième ventricule.


FIG. A.6: Noyaux de gris centraux

Cette figure montre les principaux noyaux de gris: le putamen (1), le globus pallidus (2), le noyau caudé (3), le claustrum (4) et le thalamus (5).

A.5 La matière blanche

La *matière blanche* remplit l'espace compris entre le cortex cérébral, les ventricules et les noyaux de gris. Elle comprend (figure A.7):

- les commissures, faisceaux de fibres qui relient les deux hémisphères entre eux. Parmi ces commissures, on distingue les commissures inter-hémisphériques (corps calleux), les commissures inter- et intra-hémisphériques (trigones) et les commissures intra-hémisphériques (fibres en U, faisceaux d'association);
- les capsules, fibres de protection passant entre les noyaux de gris centraux et formant trois faisceaux. On distingue en particulier la capsule interne, la capsule externe et la capsule extrême;
- le centre semi-ovale qui contient des fibres d'association intra- et inter-hémisphériques.



(a) le corps calleux



(b) les capsules

FIG. A.7: Quelques éléments de matière blanche

Les capsules (interne (1), externe (2) et extrême (3)) sont des fibres nerveuses qui passent entre les différents noyaux de gris centraux.

Annexe B

Modèle de croyances transférables

Sommaire

B.1 Stru	ctures de croyances
B.1.1	Structure de croyance élémentaire
B.1.2	Crédibilité
B.1.3	Plausibilité
B.1.4	Quelques relations
B.2 Révision des croyances	
B.2.1	Conditionnement
B.2.2	Combinaison des croyances
B.2.3	Affaiblissement des croyances
B.3 Décision	
B.3.1	Transformation pignistique : principe de la raison insuffisante 170
B.3.2	Décision bayésienne
B.3.3	Autres règles de décision

Le traitement et la fusion de données imparfaites est une problématique délicate qui requiert l'utilisation de théories adaptées. Parmi celles-ci [108], nous trouvons la théorie de Dempster-Shafer, originellement introduite par Dempster [31], puis mathématisée par Shafer [116]. L'intérêt qu'apporte cette théorie dans le cadre de la fusion de données incertaines est de deux ordres [126]. D'une part, cette théorie fournit des outils souples permettant la représentation d'une information incertaine ou partielle voire même une situation de totale ignorance, ce que ne permet pas la théorie probabiliste. D'autre part, la règle de combinaison, appelée combinaison de Dempster, est un outil particulièrement efficace et adapté à la fusion des informations incertaines.

La théorie initiale de Dempster-Shafer s'est vue attribuée au cours du temps différentes interprétations. Nous nous intéressons particulièrement à l'approche proposée par Smets, appelée *modèle de croyances transférables* [127]. Dans ce cadre, comme dans le cadre initial de Dempster et de Shafer, les informations sont modélisées par le biais de fonctions mathématiques appelées masses de croyance. La distinction majeure entre ces approches est que le modèle de croyances transférables fait abstraction de toute interprétation probabiliste de la connaissance. De plus, ce modèle repose sur deux niveaux de perception des informations. D'un côte, le niveau *crédal* permet la mise en forme et la révision des informations. De l'autre, le niveau *pignistique* est entièrement dédié à la prise de décision et clairement séparé de la modélisation des données. Cette annexe, dédiée à la description du modèle de croyances transférables, sera donc composée de trois parties. Tout d'abord, nous nous intéressons aux différentes fonctions de croyance permettant la représentation des informations (section B.1). Ensuite, nous décrivons différentes méthodes utilisées pour la révision des croyances (section B.2). Enfin, nous précisons différentes règles de décision utilisées au niveau pignistique (section B.3).

B.1 Structures de croyances

Notations

Soit Ω l'ensemble exhaustif des N hypothèses ou solutions qui répondent au problème posé. L'ensemble Ω , appelé *ensemble de discernement*, est défini par :

$$\Omega = \{H_1, \dots, H_N\}. \tag{B.1.1}$$

L'ensemble des propositions A associées à Ω se définit alors par :

$$2^{\Omega} = \{\emptyset, \{H_1\}, \dots, \{H_N\}, \{H_1 \cup H_2\}, \dots, \Omega\},$$
(B.1.2)

$$= \{A | A \subseteq \Omega\} . \tag{B.1.3}$$

Cet ensemble contient l'ensemble des hypothèses singletons H_q , pour $q = [1, \ldots, N]$, ainsi que toutes combinaisons possibles entre les hypothèses singletons.

B.1.1 Structure de croyance élémentaire

Dans le cadre de la théorie de l'évidence, on définit une fonction m appelée masse de croyance élémentaire (ou Basic Belief Assignment, BBA) qui représente la croyance que l'on place sur les différents états du système, à un instant t donné. Cette masse de croyance est définie par :

$$m: 2^{\Omega} \to [0,1] , \qquad (B.1.4)$$

et vérifie:

$$\sum_{A \subseteq \Omega} m(A) = 1 . \tag{B.1.5}$$

La quantité m(A) s'interprète comme la croyance placée strictement dans la proposition A à un instant t donné. On ne pourrait quantifier la croyance des sous-parties de A que par l'apport de nouvelles connaissances.

Remarquons qu'à la différence des modèles probabilistes, la croyance peut être assignée à n'importe quelle proposition A de 2^{Ω} , élément singleton ou union d'hypothèses. L'ensemble des propositions A telles que m(A) est non nul est appelé élément focal. L'ensemble des éléments focaux forme le noyau, noté $\mathcal{F}(m)$.

Dans le cadre du *monde ouvert* défini par Smets [119], il est possible d'affecter de la masse à l'ensemble vide. Cette quantité représente alors la croyance que l'on a dans une hypothèse non clairement définie dans l'ensemble de discernement.

Cette vision s'oppose à celle du *monde fermé* pour laquelle on suppose que l'ensemble des hypothèses est exhaustif et exclusif. Dans ce cas, la masse attribuée à l'ensemble vide est nulle. Cette vision conduit à la définition d'une masse de croyance particulière définie par :

$$m: 2^{\Omega} \to [0,1] \left\{ \begin{array}{l} m(\emptyset) = 0\\ \sum_{A \subseteq \Omega} m(A) = 1, \quad \forall A \neq \emptyset \quad . \end{array} \right.$$
(B.1.6)

C'est cette vision qui est utilisée dans l'interprétation classique de la théorie de Dempster-Shafer. Dans le cadre du Modèle de Croyances Transférables, le monde fermé est vu comme un cas particulier du monde ouvert.

Masses de croyance particulières

Parmi les structures de croyance, nous pouvons distinguer :

- la certitude :

Toute la masse de croyance est placée sur une hypothèse singleton H_q . Toutes les autres masses sont alors nulles :

$$\begin{cases} m(H_q) = 1\\ m(A) = 0, \forall A \neq H_q \end{cases}$$
(B.1.7)

Dans ce cas, la connaissance est parfaitement modélisée. Il ne subsiste aucune incertitude sur le problème posé.

- l'ignorance totale:

L'observateur n'a aucune connaissance sur le problème posé ou n'a pas réussi à séparer la masse de connaissance sur un ensemble réduit d'hypothèses. Ainsi, toute la croyance est placée sur l'ensemble de discernement Ω :

$$\begin{cases} m(\Omega) &= 1\\ m(A) &= 0, \forall A \neq \Omega \end{cases}$$
(B.1.8)

La possibilité de modéliser l'ignorance est un avantage certain de la théorie de l'évidence sur la théorie des probabilités. Dans le cadre de cette dernière théorie, le Principe de la Raison Insuffisante est adopté en présence d'ignorance. La croyance, modélisée par des probabilités, est alors répartie équitablement entre les différentes hypothèses. Il est alors impossible de faire le distinguo entre une situation de croyance équitablement répartie et l'ignorance. - le jeu de masses bayésien :

La croyance est répartie uniquement sur les hypothèses singletons $H_q \in \Omega$, $q \in [1, ..., N]$. La fonction de croyance est alors équivalente à une distribution de probabilité. Elle se confond, de plus, avec les fonctions de crédibilité et de plausibilité (ces notions sont abordées dans les paragraphes suivants).

- le jeu de masses consonant :

Ce jeu de masses, introduit par Dubois et Prade [43], a la particularité d'avoir ses éléments focaux inclus les uns dans les autres :

$$\mathcal{F}(m) = \{A_i\}_{i=1}^F \qquad A_1 \subseteq A_2 \subseteq \ldots \subseteq A_F . \tag{B.1.9}$$

Le jeu de masses est alors équivalent à une distribution de possibilité et les fonctions de crédibilité et de plausibilité sont respectivement égales aux mesures de nécessité \mathcal{N} et de possibilité Π .

- le jeu de masses intermédiaire :

Il s'agit du jeu de masses le plus général. La croyance se répartit sur des propositions A de 2^{Ω} , A pouvant être une hypothèse singleton ou une union d'hypothèses.

À partir de la fonction de masse de croyance, il est possible de définir de nouvelles mesures de croyance : la crédibilité (Bel), la plausibilité (Pl) et la communalité (Q).

B.1.2 Crédibilité

La fonction de crédibilité (*Belief function*) se définit de la manière suivante :

$$Bel(A) = \sum_{B \subseteq A, B \neq \emptyset} m(B), \forall A \subseteq \Omega.$$
(B.1.10)

La crédibilité Bel(A) représente toute la croyance placée strictement dans la proposition A. Elle prend donc en compte la croyance placée dans les événements qui impliquent la proposition A (figure B.1). Ainsi $Bel(\Omega)$ représente la confiance que l'on place dans l'événement Ω . La confiance attribuée à tout autre événement n'appartenant pas à l'ensemble de discernement Ω est donnée par $Bel(\emptyset) = 1 - Bel(\Omega)$.

Shafer [116] a montré que la fonction Bel vérifie :

$$\forall n \ge 1, A_1, A_2, \dots, A_n \subseteq \Omega, \\ Bel(A_1 \cup \dots \cup A_n) \ge \sum_{i > j} Bel(A_i) - \sum_{i > j} Bel(A_i \cap A_j) \dots - (-1)^n Bel(A_1 \cap A_2 \cap \dots A_n) .$$
(B.1.11)

Dans le cadre particulier du monde fermé, la crédibilité vérifie:

i)
$$Bel(\emptyset) = 0$$
,
ii) $Bel(\Omega) = 1$,

La crédibilité est une mesure sous-additive. Elle vérifie donc en particulier :

$$Bel(A) + Bel(\overline{A}) \le Bel(\Omega) \le 1$$
, (B.1.12)

où \overline{A} est le complémentaire de A.



FIG. B.1: Représentation ensembliste de la notion de crédibilité

B.1.3 Plausibilité

La plausibilité (*Plausibility function*) est une notion duale de la crédibilité. Elle se définit par :

$$Pl(A) = \sum_{B \cap A \neq \emptyset} m(B), \forall A \subseteq \Omega , \qquad (B.1.13)$$

ou encore:

$$Pl(A) = Bel(\Omega) - Bel(\overline{A}).$$
(B.1.14)

Dans le cadre particulier du monde fermé, la plausibilité devient :

$$Pl(A) = 1 - Bel(\overline{A}) . \tag{B.1.15}$$

La plausibilité Pl(A) représente la quantité de croyance potentiellement attribuée à la proposition A, i.e. elle inclut la croyance de toutes les propositions qui ne la discréditent pas (figure B.2). Il s'agit donc de la somme des masses de croyance de tous les ensembles qui contiennent A. La plausibilité est une mesure sur-additive. Elle vérifie donc en particulier :

$$Pl(A) + Pl(\overline{A}) \ge Pl(\Omega)$$
. (B.1.16)



FIG. B.2: Représentation ensembliste de la notion de plausibilité

B.1.4 Quelques relations

Si *Bel* et *Pl* sont respectivement la crédibilité et la plausibilité associée à une masse de croyance m définie sur Ω , alors ces mesures sont liées entre elles par les relations suivantes :

$$Bel(A \cup B) \ge Bel(A) + Bel(B) - Bel(A \cap B), \qquad (B.1.17)$$

$$Pl(A \cap B) \le Pl(A) + Pl(B) - Pl(A \cup B), \qquad (B.1.18)$$

$$0 \le Bel(A) \le Pl(A) \le 1 - m(\emptyset) , \qquad (B.1.19)$$

$$Bel(A) + Pl(\overline{A}) = Bel(\Omega) = 1 - m(\emptyset) . \tag{B.1.20}$$

Les équations B.1.17 et B.1.18 correspondent respectivement aux propriétés de sous-additivité et de sur-additivité. La valeur Pl(A) - Bel(A) (équation B.1.19) représente l'ignorance relative à l'événement A. L'équation B.1.20 exprime la dualité entre les mesures de crédibilité et de plausibilité.

La masse de croyance, la crédibilité et la plausibilité sont trois représentations différentes d'une même information. Il est cependant possible de passer de l'une à l'autre par les transformations de Möbius [70, 69].

B.2 Révision des croyances

Dans la partie B.1, nous avons décrit comment la croyance d'un observateur sur l'état d'un système à un instant t est traduite sous la forme de fonctions de croyance. La problématique est alors de définir la forme que prennent ces structures de croyance. La plupart du temps, leur forme dépend de l'application même si différents modèles ont été proposés. Nous pouvons citer en particulier le modèle basé sur la notion de distance, proposé par Denœux [34] et des modèles basés sur la fonction de vraisemblance proposés par Shafer [116] et Appriou [4]. La construction de ces jeux de masses compose la partie *statique* de la modélisation par les fonctions de croyance. Notre propos ici est de préciser la partie *dynamique* de cette modélisation. Comment intégrer l'apport de nouvelles connaissances sur le système étudié? Comment modifier les fonctions de croyance?

B.2.1 Conditionnement

Soit m une masse de croyance. On suppose qu'une nouvelle source d'information permet d'affirmer que la vérité se trouve dans l'événement $B \subseteq \Omega$. La règle de conditionnement est la règle qui permet de définir une nouvelle masse de croyance m(.|B) qui combine (ou conditionne) cette nouvelle information avec celle contenue dans m. C'est cette opération qui est à l'origine de l'appellation « Modèle de croyances transférables ».

Monde ouvert

Soient m(.|B) le conditionnement de m sur B et A un sous-ensemble de Ω . Décomposons A sur B de la façon suivante : $A_1 = A \cap B$ et $A_2 = A \cap \overline{B}$. La règle de conditionnement doit permettre de répondre aux trois cas suivants :

- 1. Si $A_2 = \emptyset$ alors $A \subseteq B$. La connaissance de B ne change en rien la masse m(A).
- 2. Si $A_1 = \emptyset$ alors $A \subseteq \overline{B}$. La vérité sur B et la croyance antérieure en l'événement A deviennent incompatibles. Il est donc nécessaire de transférer m(A) sur \emptyset ce qui traduit l'incompatibilité ou la contradiction.
- 3. Dans le cas général, A_2 devient incompatible avec B et il convient de transférer la masse m(A) vers l'ensemble A_1 qui contient les seules hypothèses compatibles avec B.

Ainsi on définit la règle de conditionnement d'une structure de croyance m dans le monde ouvert Ω vers un sous-ensemble $B \subseteq \Omega$ par :

$$\begin{cases} m(A|B) &= \sum_{C \subseteq \overline{B}} m(A \cup C) \quad \forall A \subseteq B \\ m(A|B) &= 0 \qquad \forall A \nsubseteq B \end{cases}$$
(B.2.1)

De l'équation B.2.1, on peut alors déduire les expressions de la crédibilité et de la plausibilité conditionnelles :

$$Bel(A|B) = Bel(A \cup \overline{B}) - Bel(\overline{B}),$$
 (B.2.2)

$$Pl(A|B) = Pl(A \cap B). \tag{B.2.3}$$

Dans ce cadre du monde ouvert, on suppose qu'il est possible que la masse affectée à l'ensemble vide soit non nulle. Dans [122], Smets interprète cette masse comme la quantité de contradiction présente dans la fonction de croyance élémentaire m.

Monde fermé

Dans le cadre du monde fermé, les raisonnements tenus précédemment restent valables, cependant il est nécessaire d'effectuer une opération de normalisation afin de respecter les contraintes définies dans l'équation B.1.6. La règle de conditionnement d'une structure de croyance m dans la monde fermé Ω vers le sous-ensemble $B \subseteq \Omega$ est alors définie par :

$$\begin{cases} m(A|B) &= \mathcal{K} \sum_{C \subseteq \overline{B}} m(A \cup C) \quad \forall A \subseteq B, \quad A \neq \emptyset \\ m(A|B) &= 0 \qquad \qquad \forall A \nsubseteq B, \quad A \neq \emptyset \end{cases},$$
(B.2.4)

avec

$$\mathcal{K} = \frac{1}{1 - \sum_{C \subseteq \overline{B}} m(C)} . \tag{B.2.5}$$

C'est la règle de conditionement de Dempster.

Le facteur \mathcal{K} correspond au conflit (contradiction) apporté par la vérité B. Lorsque \mathcal{K} vaut 1, la normalisation devient - mathématiquement - impossible mais est de prime abord insensée puisque la nouvelle information est en complète contradiction avec la connaissance déjà acquise.

La crédibilité et la plausibilité dans le monde fermé sont alors définies par :

$$Bel(A|B) = \frac{Bel(A \cup \overline{B}) - Bel(\overline{B})}{1 - Bel(\overline{B})}, \qquad (B.2.6)$$

$$Pl(A|B) = \frac{Pl(A \cap B)}{Pl(B)}.$$
(B.2.7)

L'équation B.2.7 est similaire à la règle de Bayes. Dans le cas de fonctions de croyance bayésiennes, ces deux expressions sont alors équivalentes.

Du monde ouvert vers le monde fermé

Un conditionnement particulier est celui d'une structure de croyance m du monde ouvert Ω sur l'ensemble de discernement Ω . Ce conditionnement implique alors que la solution se trouve dans Ω et revient donc à se placer dans le cadre du monde fermé.

La masse placée sur l'élément \emptyset est alors répartie sur l'ensemble des éléments focaux associés à la masse de croyance :

$$m(A|\Omega) = \mathcal{K}.m(A) , \qquad (B.2.8)$$

$$\mathcal{K} = 1/(1 - m(\emptyset))$$
. (B.2.9)

B.2.2 Combinaison des croyances

La combinaison des croyances répond au problème suivant : comment combiner deux sources de croyances S_1 et S_2 indépendantes, modélisées respectivement par les structures de croyance m_1 et m_2 et synthétiser cette croyance sous la forme d'une nouvelle masse de croyance m_{12} ?

Combinaison conjonctive en monde ouvert

Soient m_1 et m_2 deux structures de croyance respectivement issues de la modélisation de deux sources S_1 et S_2 distinctes¹. On note m_{\cap} le résultat de leur combinaison conjonctive :

$$m_{\cap} = m_1 \cap m_2 . \tag{B.2.10}$$

Cette fonction de combinaison est alors définie par :

$$\begin{cases} m_{\cap} : 2^{\Omega} \times 2^{\Omega} \to [0,1] \\ m_{\cap}(A) = \sum_{B \cap C = A} m_1(B) . m_2(C) \quad \forall A \subseteq \Omega \quad \cdot \end{cases}$$
(B.2.11)

Cette règle de combinaison répond à un certain nombre d'axiomes primordiaux [120] :

A1 composition: $m_{\cap}(A)$ doit être une fonction de A, m_1 et m_2 seulement;

A2 symétrie : $m_1 \cap m_2 = m_2 \cap m_1$;

A3 associativité: m_{\cap} doit être associative, i.e. $(m_1 \cap m_2) \cap m_3 = m_1 \cap (m_2 \cap m_3)$;

A4 conditionnement: si m_2 est telle que $m_2(A) = 1$ alors $m_{\cap}(.) = m_1(.|A)$.

L'axiome A1 traduit l'indépendance des sources. Les axiomes de symétrie A2 et d'associativité A3 assurent que la combinaison est indépendante de l'ordre dans lequel sont traitées les structures de croyance. L'axiome A4 est une condition de compatibilité avec le cas particulier de combinaison avec une structure monofocale.

Grâce à la propriété d'associativité, la règle de combinaison conjonctive se généralise à J sources :

$$m_{\cap} = m_1 \cap m_2 \cap \ldots \cap m_J , \qquad (B.2.12)$$

avec

$$m_{\cap}(A) = \sum_{A_1 \cap \dots \cap A_J = A} \left(\prod_{j=1}^J m_j(A_j) \right) \quad \forall A \subseteq \Omega .$$
 (B.2.13)

Les règles de combinaison définies par (B.2.11) et (B.2.13) ne sont valables que dans le cadre du monde ouvert puisque $m(\emptyset)$ est potentiellement non nulle. Dans le cadre du monde fermé, on définit une règle de combinaison normalisée (i.e. $m(\emptyset) = 0$) connue sous le nom de règle de combinaison orthogonale de Dempster.

Combinaison orthogonale de Dempster (combinaison conjonctive en monde fermé)

Soient m_1 et m_2 deux structures de croyance distinctes et m_{\oplus} la structure de croyance issue de leur combinaison conjonctive dans le cadre du monde fermé :

$$m_{\oplus} = m_1 \oplus m_2 . \tag{B.2.14}$$

^{1.} Le concept de *distinct* est décrit par Smets dans [118]. Intuitivement cette notion correspond à une indépendance ou non relation entre les sources.

On définit la somme orthogonale par:

$$m_{\oplus}(A) = \frac{1}{1 - \mathcal{K}} \sum_{B \cap C = A} m_1(B) \cdot m_2(C) \quad \forall A \subseteq \Omega, \quad A \neq \emptyset , \qquad (B.2.15)$$

avec

$$\mathcal{K} = \sum_{B \cap C = \emptyset} m_1(B) . m_2(C) , \qquad (B.2.16)$$

où le terme \mathcal{K} représente la quantité de conflit présent entre les structures de croyance à combiner. Ce conflit varie dans l'intervalle [0,1] selon que les masses sont plus ou moins conflictuelles. Lorsque \mathcal{K} est nul, les structures sont en parfait accord. Au contraire, lorsque \mathcal{K} vaut 1, les sources sont en conflit total. Il est alors impossible et incohérent de fusionner ces masses.

Tout comme la règle de combinaison conjonctive, la règle de combinaison de Dempster se généralise à J structures de croyance :

$$m_{\oplus} = m_1 \oplus m_2 \dots \oplus m_J , \qquad (B.2.17)$$

avec

$$m_{\oplus}(A) = \frac{1}{1 - \mathcal{K}} \sum_{A_1 \cap \dots \cap A_J = A} \left(\prod_{j=1}^J m_j(A_j) \right) \quad \forall A \subseteq \Omega, \quad A \neq \emptyset ,$$
(B.2.18)

 \mathbf{et}

$$\mathcal{K} = \sum_{A_1 \cap \dots \cap A_J = \emptyset} \left(\prod_{j=1}^J m_j(A_j) \right).$$
(B.2.19)

Nous pouvons remarquer que la règle de combinaison de Dempster peut être vue comme la succession de la combinaison conjonctive dans le cadre du monde ouvert suivie d'un conditionnement sur Ω :

$$m_{\oplus} = m_{\cap}(.|\Omega) . \tag{B.2.20}$$

La formulation de la règle de combinaison orthogonale en monde fermé est équivalente à la formulation proposée par Shafer [116]. Cependant, cette dernière a souvent été critiquée (manque de justification, problème de la normalisation, incohérence probabiliste) [47, 78, 151, 140, 123]. Nombre de ces critiques ont trouvées réponses dans le modèle des croyances transférables qui repose sur une axiomatique bien définie. Bien que, comme cité précédemment, la combinaison de Dempster puisse être considérée comme un cas particulier de la combinaison conjonctive restreinte au monde fermé, les critiques sur la normalisation demeurent. Smets propose en particulier d'abandonner la normalisation et de conserver la masse de conflit, celle-ci pouvant par la suite être redistribuée lors d'un conditionnement. Cette règle proposée par Smets, comme la règle de combinaison de Dempster, a été énoncée sous l'hypothèse que l'ensemble des sources est fiable. L'idée est alors que la conflit provient d'une mauvaise définition de l'ensemble de discernement. D'autres auteurs ont proposé des règles de combinaison dans le cas de sources non fiables.

Combinaison de sources non fiables

Dans le cadre de la combinaison de sources non fiables, on suppose que le conflit est généré par un défaut de fiabilité d'une partie des sources, sans que l'on sache quelle source est défaillante. Cette vision a été introduite par Yager [148] et par Dubois et Prade [42].

Yager suppose que l'ensemble de discernement exhaustif. Il se place donc dans la cadre du monde fermé. Cependant, il suppose qu'au moins une des sources est fiable. Dans ce contexte, la solution au conflit est obligatoirement dans θ . Il propose donc de réaffecter la masse conflictuelle $m(\emptyset) = \mathcal{K}$ à l'ensemble Ω tout entier. Ainsi, l'opérateur de combinaison de Yager m_Y est défini par :

$$\begin{cases} m_Y(A) = m_{\cap}(A) \quad \forall A \subset \Omega\\ m_Y(\Omega) = m_{\cap}(\Omega) + \mathcal{K} \end{cases}$$
(B.2.21)

La règle de combinaison de Dubois et Prade est une règle de combinaison disjonctive qui redistribue les conflits sur les unions d'hypothèses. Ainsi, si on note S_1 et S_2 deux sources d'information telle que S_1 supporte la proposition B avec la masse de croyance $m_1(B)$ et S_2 supporte la proposition C avec la masse $m_2(C)$ et si on suppose que les propositions B et Csont en contradiction, alors Dubois et Prade proposent, en l'absence de toute information sur la fiabilité des sources, de redistribuer la masse conflictuelle $m_1(B).m_2(C)$ sur l'union $B \cup C$. Pour deux sources d'information l'opérateur de combinaison de Dubois et Prade m_2 se définit

Pour deux sources d'information, l'opérateur de combinaison de Dubois et Prade m_D se définit alors par :

$$m_D(A) = m_{\cap}(A) + \sum_{B \cap C = \emptyset, \ B \cup C = A} m_1(B) \cdot m_2(C) \quad \forall A \subseteq \Omega .$$
(B.2.22)

Il se généralise bien évidemment à J sources.

Enfin, on notera que ces principaux opérateurs peuvent être regroupés dans un cadre générique unifiant ces conceptions [79]. Ce formalisme permet alors la définition de nouvelles règles de combinaison, redistribuant de façon arbitraire ou adaptée la masse conflictuelle sur les sousensembles de l'ensemble de discernement.

B.2.3 Affaiblissement des croyances

L'affaiblissement, ou discounting, est une opération qui, pour tout $A \subseteq \Omega$, déplace une part de m(A) vers un sous-ensemble $B \subseteq \Omega$ tel que $A \subseteq B$. Cette opération revient alors à augmenter la plausibilité des sous-ensembles et, par dualité, à diminuer leur crédibilité. Le degré de certitude des élément focaux diminue et l'incertitude globale augmente. Un intérêt de l'affaiblissement est alors de pouvoir pondérer l'influence d'une source, avant combinaison, en fonction de la fiabilité qui lui est attribuée.

Il existe différentes façons d'affaiblir les masses de croyance. La plus simple, proposée par Shafer [116], consiste à reporter une part de la croyance attribuée aux éléments focaux vers l'ensemble de discernement tout entier. Ainsi, si on note;

- -m une masse de croyance fournie par une source S;
- $-\alpha \in [0,1]$ le coefficient de fiabilité de S, i.e. le degré de confiance que l'on place en S;
- $-m^{\alpha}$ la masse de croyance *m* affaiblie du coefficient $(1-\alpha)$

alors m^{α} est définie par :

$$m^{\alpha}(A) = \alpha.m(A) \quad \forall A \subset \Omega ,$$
 (B.2.23)

$$m^{\alpha}(\Omega) = 1 - \alpha + \alpha . m(\Omega) . \tag{B.2.24}$$

Lorsque α vaut 0, la fiabilité de la source S est entièrement remise en cause. Toute la croyance est alors placée sur Ω . Lorsque α vaut 1, on dispose d'une confiance absolue sur la source S.

B.3 Décision

Une caractéristique du modèle de croyances transférables est l'existence de deux niveaux d'interprétation des croyances : le niveau *crédal* et le niveau *pignistique*. Au niveau crédal, la connaissance est modélisée par l'intermédiaire des différentes mesures de croyance. Le niveau pignistique est, quant à lui, dédié à la prise de décision. Les mesures de croyance sont alors transformées en une distribution de probabilité, appelée *probabilité pignistique*, au moyen de l'opération appelée *transformation pignistique*.

B.3.1 Transformation pignistique : principe de la raison insuffisante

La transformation pignistique, proposée et définie par Smets [121, 127], est l'opération qui transforme une masse de croyance m, construite et manipulée au niveau crédal, en une distribution de probabilité permettant la prise de décision. Cette probabilité est appelée probabilité pignistique, notée BetP, en référence au terme pignus, pari en latin. L'utilisation de cette terminologie insiste alors sur le fait que cette probabilité n'est utilisée qu'au moment de la décision et en aucun cas pour modéliser la connaissance.

La définition de la probabilité pignistique se fonde sur le principe de la raison insuffisante : en l'absence de toute raison de privilégier une hypothèse particulière, il convient de les considérer équiprobables. La transformation d'une mesure de croyance m en une distribution de probabilité nécessite :

- de se placer dans le monde fermé : on impose que la solution se trouve dans Ω ;
- d'affecter une probabilité sur les éléments singletons de Ω ;
- de respecter la propriété d'additivité.

Smets [127] aboutit alors à une solution unique, la probabilité pignistique, définie par :

$$Bet P(H_q) = \sum_{H_q \subseteq A} \frac{m(A|\Omega)}{|A|} \qquad \forall H_q \in \Omega , \qquad (B.3.1)$$

où |A| représente de cardinal du sous-ensemble A de Ω . On pourra remarquer qu'une même probabilité pignistique peut correspondre à différentes masses de croyance : les contraintes liées à la transformation pignistique induisent une perte d'information.

B.3.2 Décision bayésienne

La probabilité pignistique ainsi définie, on rentre dans le cadre classique de la décision bayésienne. Ainsi, l'espérance pignistique d'une fonction $f: \Omega \to \mathbb{R}$ est définie comme son espérance mathématique relativement à BetP:

$$E_{BetP}(f) = \sum_{H_j \in \Omega} f(H_j) BetP(H_j) .$$
(B.3.2)

Soient $x \in \mathcal{X}$ un vecteur forme à classer, à l'origine de la définition de la masse de croyance m et $\mathcal{A} = \{a_1, \ldots, a_N\}$ l'ensemble des N actions possibles. Si on définit $\lambda : \mathcal{A} \times \Omega \to \mathbb{R}$ une fonction de coût telle que $\lambda(a_i|H_j)$ représente le coût de prendre la décision a_i alors que x appartient à l'hypothèse H_j alors le risque conditionnel de décider a_i sachant x est défini par :

$$R_{BetP}(a_i|x) = \sum_{H_j \in \Omega} \lambda(a_i|H_j).BetP(H_j) .$$
(B.3.3)

La règle de décision est alors définie par :

$$D_{BetP}(x) = a_q$$
 avec $a_q = \arg\min_{a_i \in \mathcal{A}} R_{BetP}(a_i|x)$. (B.3.4)

Dans le cas particulier de coûts $\{0,1\}$, la minimisation du risque conditionnel revient alors à choisir l'hypothèse de plus haute probabilité pignistique:

$$D_{BetP}(x) = a_q$$
 avec $a_q = \arg \max_{H_j \in \Omega} BetP(H_j)$. (B.3.5)

B.3.3 Autres règles de décision

Dans le cadre du modèle des croyances transférables, la règle de décision pignistique est la seule recommandée. Cependant, d'autres règles de décision coexistent. Parmi les règles fondées sur des mesures de croyance, on retrouve la règle du maximum de crédibilité et la règle du maximum de plausibilité, qui, comme leur nom l'indique, consiste à choisir l'hypothèse de plus haute crédibilité, respectivement de plus haute plausibilité.

Dans le cadre de l'interprétation probabiliste des fonctions de croyance, les fonctions de crédibilité et de plausibilité peuvent être vues comme les bornes inférieures et supérieures d'une

famille C de probabilités compatibles avec la structure de croyance. Toute probabilité $P \in C$ vérifie en particulier :

$$Bel(A) \le P(A) \le Pl(A)$$
. (B.3.6)

On définit alors les espérances inférieure et supérieure de f relativement à la structure de croyance par :

$$E_{\star}(f) = \min_{P \in \mathcal{C}} E(f, P) , \qquad (B.3.7)$$

$$E^{\star}(f) = \max_{P \in \mathcal{C}} E(f, P) . \tag{B.3.8}$$

 $E_{\star}(f)$ et $E^{\star}(f)$ sont alors obtenues par :

$$E_{\star}(f) = \sum_{A \subset \Omega} m(A) \min_{H_j \in \Omega} f(H_j) , \qquad (B.3.9)$$

$$E^{\star}(f) = \sum_{A \subseteq \Omega} m(A) \max_{H_j \in \Omega} f(H_j) .$$
 (B.3.10)

En utilisant la fonction de coût définie précédemment, ces risques deviennent :

$$R_{\star}(a_i|x) = \sum_{A \subseteq \Omega} m(A) \min_{H_j \in \Omega} \lambda(a_i|H_j) , \qquad (B.3.11)$$

$$R^{\star}(a_i|x) = \sum_{A \subseteq \Omega} m(A) \max_{H_j \in \Omega} \lambda(a_i|H_j) .$$
(B.3.12)

Les règles de décision associées sont alors respectivement :

$$D_{\star}(x) = a_q \quad \text{avec} \quad a_q = \arg\min_{a_i \in \mathcal{A}} R_{\star}(a_i|x) , \qquad (B.3.13)$$

$$D^{\star}(x) = a_q \quad \text{avec} \quad a_q = \arg\min_{a_i \in \mathcal{A}} R^{\star}(a_i|x) . \tag{B.3.14}$$

Dans le cas particulier des coûts $\{0,1\}$, la minimisation des risques conditionnels inférieur et supérieur revient alors à choisir l'hypothèse de plus haute crédibilité, respectivement de plus haute plausibilité :

$$D_{\star}(x) = a_q \quad \text{avec} \quad a_q = \arg \max_{H_j \in \Omega} Bel(H_j) , \qquad (B.3.15)$$

$$D^{\star}(x) = a_q \quad \text{avec} \quad a_q = \arg \max_{H_j \in \Omega} Pl(H_j) .$$
 (B.3.16)

Le choix entre les différentes fonctions de décision dépend de l'attitude adoptée. Une décision fondée sur la fonction de crédibilité correspondra à une attitude plutôt pessimiste. Si elle est fondée sur la fonction de plausibilité, l'attitude sera plutôt optimiste. Enfin, si elle est fondée sur la probabilité pignistique, elle sera intermédiaire ou *neutre*.

Qu'il s'agisse de la règle de décision pignistique ou des règles de décision évoquées ci-dessus, il est possible d'ajouter à l'ensemble des actions \mathcal{A} des actions de rejet. Ainsi, si on note a_r cette dernière action, $\lambda(a_r|H_j) = C_r$ le coût constant du rejet, et Ψ l'une des mesures de confiance parmi *BetP*, *Bel* et *Pl*, alors la règle de décision avec rejet *D* se définit par :

$$D(x) = \begin{cases} a_r, \text{ si } \max_{H_j \in \Omega} \Psi(H_j) < 1 - C_r \\ a_q = \arg \max_{H_j \in \Omega} \Psi(H_j), \text{ avec } \Psi(H_q) \ge 1 - C_r \end{cases}$$
(B.3.17)

Parmi les différents types de rejet, on distingue le rejet d'ambiguïté et le rejet de distance. Le premier traduit le fait qu'un vecteur forme est proche d'au moins deux classes. On décide de rejeter alors plutôt que d'induire une erreur au niveau des frontières entre les hypothèses. Ce type de rejet est principalement utilisé dans le cas d'apprentissage complet. Le second traduit le fait que le vecteur forme est éloigné de l'ensemble des hypothèses. Aucune des classes apprises ne correspond à ce vecteur forme. Ce type de rejet est alors utilisé, conjointement au rejet en distance, dans le cadre d'apprentissage incomplet. De plus amples détails sur ces différents principes de décision sont présentés et discutés dans [36, 35].

Annexe C

Quelques notions de théorie markovienne

Sommaire

C.1 Champs de Markov et distribution de Gibbs	
C.1.1	Cadre probabiliste
C.1.2	Cadre bayésien
C.1.3	Cadre markovien
C.2 Expression du maximum a posteriori 178	
C.2.1	Probabilité conditionnelle du champ d'observation
C.2.2	Probabilité a priori du champ d'étiquettes
C.3 Estimation du champ des étiquettes 179	

Les champs de Markov, initialement étudiés en mathématiques statistiques [12], font leur apparition en traitement des images dans les années 80. Ils sont aujourd'hui utilisés dans de nombreuses problématiques parmi lesquelles nous pouvons citer la restauration [49], la segmentation [38], la reconstruction [16, 41], l'analyse et la synthèse de textures [50], en analyse de mouvements [22, 39], en détection de contours [51, 48]...

Le principal atout des méthodes markoviennes est de pouvoir introduire, dans un processus de modélisation probabiliste, des contraintes qui traduisent les propriétés locales et globales des images. On considère alors ces dernières comme des observations.

Utilisés dans de cadre de l'estimation bayésienne, les champs de Markov se définissent à l'aide de fonctions d'énergie qui traduisent les propriétés d'interactions spatiales. Bien que le modèle soit global, il s'exprime à l'aide des caractéristiques locales définies sur le voisinage d'un site. La maximisation d'un critère statistique conduit à la minimisation d'une fonction d'énergie globale à l'aide d'algorithmes de relaxation stochastique ou déterministes.

C.1 Champs de Markov et distribution de Gibbs

Nous considérons une image (ou un volume) comme un ensemble S de n sites. L'ensemble S est défini par :

$$S = \{s_i , 1 \le i \le n\} . \tag{C.1.1}$$

À chaque site s est associé une variable aléatoire X_s . L'image est alors considérée comme la réalisation d'un vecteur aléatoire $X = \{X_s, s \in S\}$, appelé champ des observables. La classification markovienne a alors pour objectif d'estimer le champ des étiquettes $Y = \{Y_s, s \in S\}$. Les champs X et Y sont respectivement associés aux réalisations \mathcal{X} et \mathcal{Y} définies par :

$$\mathcal{X} = \{x_s, s \in S\} , \tag{C.1.2}$$

 et

$$\mathcal{Y} = \{y_s, s \in S\} . \tag{C.1.3}$$

C.1.1 Cadre probabiliste

Le problème de classification consiste à déterminer la réalisation \mathcal{Y} du champ d'étiquettes Yassociée à l'observation \mathcal{X} . Chaque variable aléatoire y_s prend ses valeurs dans l'ensemble Ω des classes :

$$\Omega = \{H_1, ..., H_N\}, \tag{C.1.4}$$

où N est le nombre d'hypothèses (classes, étiquettes ou encore labels) de l'image.

Dans le cadre probabiliste, on suppose que chaque région de l'image se caractérise par son comportement statistique et que la connaissance de ce comportement permet de déterminer, pour un point quelconque de l'image, sa classe d'appartenance. Le problème est alors de déterminer ces statistiques de classes.

C.1.2 Cadre bayésien

Dans le cadre de la segmentation bayésienne, on recherche le meilleur modèle caché sachant une observation. L'approche la plus souvent retenue pour estimer ce modèle est celle du maximum *a posteriori* (MAP). Elle consiste à maximiser la probabilité du champ d'étiquette connaissant l'observation :

$$\hat{\mathcal{Y}}_{MAP} = \arg \max_{\mathcal{Y}} \left\{ p \left(Y = \mathcal{Y} | X = \mathcal{X} \right) \right\}.$$
(C.1.5)

D'après le théorème de Bayes, nous avons:

$$p(Y = \mathcal{Y}|X = \mathcal{X}) = \frac{p(X = \mathcal{X}|Y = \mathcal{Y}) \cdot p(Y = \mathcal{Y})}{p(X = \mathcal{X})}.$$
 (C.1.6)

Comme la probabilité *a priori* du champ d'observation $p(X = \mathcal{X})$ est une constante du problème, l'estimation au sens du MAP est alors définie par :

$$\hat{\mathcal{Y}}_{MAP} = \arg\max_{\mathcal{Y}} \left\{ p \left(X = \mathcal{X} | Y = \mathcal{Y} \right) . p \left(Y = \mathcal{Y} \right) \right\} .$$
(C.1.7)

L'estimation au sens du MAP nécessite donc de définir la probabilité du champ d'observation conditionnellement au champ d'étiquette ainsi que la probabilité du champ d'étiquette.

C.1.3 Cadre markovien

Posons quelques définitions préalables.

Définition 1 Graphe

Un graphe G = (S,L) est formé d'un ensemble S de sommets, encore appelés nœuds, et d'un ensemble $L \subset S^2$ d'arêtes (ou arcs) reliant des sommets entre eux.

Définition 2 Système de voisinage

Soit G = (S,L) un graphe quelconque non orienté. $\vartheta = \{\partial_s \subset S, s \in S\}$ est un système de voisinage pour G si et seulement si:

 $\begin{array}{l} - \ s \notin \partial_s, \\ - \ s \in \partial_t \Longleftrightarrow t \in \partial_s \Longleftrightarrow (s,t) \in S \ , \end{array}$

où ∂_s représente l'ensemble des voisins de s.

À la théorie des graphes est empruntée la notion de cliques qui correspond à une configuration de sites voisins au sens de ∂_s . L'ordre de la clique correspond au nombre de ces éléments.

Définition 3 Cliques

Un sous-ensemble c de S est appelé clique relative au système de voisinage :

- si c est un singleton;
- et si deux pixels quelconques de c sont voisins.

Le cadre markovien permet d'exploiter les notions de voisinage dans l'expression de la probabilité d'un champ aléatoire Y: la probabilité de réalisation d'un site s ne dépend que de la réalisation de ces sites voisins.

Si Y est un processus aléatoire sur un ensemble S, alors on dira que Y est un champ de Markov relativement au système de voisinage ϑ si et seulement si :

$$\begin{split} & P(Y_s = y_s) > 0, \, \forall s \in S \ , \\ & P(Y_s = y_s | \, Y_t = y_t, \, t \neq s) = P(Y_s = y_s | \, Y_t = y_t, \, t \in \partial_s). \end{split}$$

Le théorème Hammersley-Clifford [12] permet alors de formuler la distribution du champ aléatoire Y comme une distribution Gibbsienne :

$$P(Y = \mathcal{Y}) = \frac{1}{Z} \exp -U(\mathcal{Y}) , \qquad (C.1.8)$$

où:

- U se décompose en une somme de potentiels sur les cliques C :

$$U(\mathcal{Y}) = \sum_{c \in C} V_c(\mathcal{Y}) , \qquad (C.1.9)$$

$$= \sum_{c \in C} f_c(y_{s_{c(1)}}, \dots, y_{s_{c(k)}}), \qquad (C.1.10)$$

où k représente l'ordre de la clique;

-Z est la constante de normalisation définie par :

$$Z = \sum_{y \in \Omega} \exp -U(\mathcal{Y}) . \tag{C.1.11}$$

C.2 Expression du maximum a posteriori

D'après l'équation (C.1.7), nous voyons que l'estimation du champ d'étiquettes au sens du MAP nécessite quelques hypothèses sur les lois de probabilités $p(X = \mathcal{X}|Y = \mathcal{Y})$ et $P(Y = \mathcal{Y})$.

Définissons un peu plus précisément ces termes.

C.2.1 Probabilité conditionnelle du champ d'observation

Si on suppose l'indépendance des observations en chaque site s, nous obtenons :

$$p(X = \mathcal{X}|Y = \mathcal{Y}) = \prod_{s \in S} p(X_s = x_s|Y = \mathcal{Y}).$$
(C.2.1)

De plus, dans le cadre des images IRM, si on suppose l'indépendance spatiale du bruit, alors la radiométrie d'un site ne dépend que de la classe en ce site, d'où :

$$p(X = \mathcal{X}|Y = \mathcal{Y}) = \prod_{s \in S} p(X_s = x_s|Y_s = y_s).$$
(C.2.2)

Dans le cas particulier, où on suppose que la distribution des observations conditionnellement aux étiquettes est une distribution gaussienne, la probabilité conditionnelle devient :

$$p(X = \mathcal{X}|Y = \mathcal{Y}) = \prod_{s \in S} \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_{y_s}^2}} \exp\left\{-\frac{1}{2} \frac{(y_s - \mu_{y_s})}{\sigma_{y_s}^2}\right\} .$$
 (C.2.3)

La probabilité conditionnelle ainsi posée, il reste à définir la probabilité du champ de segmentation Y.

C.2.2 Probabilité a priori du champ d'étiquettes

Comme nous le montre les équations (C.1.8) et (C.1.10), la probabilité du champ Y dépend du potentiel énergétique associé aux cliques.

On peut relever dans la littérature de nombreuses fonctions de potentiel. La forme de cellesci a évolué avec le développement des champs de Markov. Les premières fonctions travaillaient essentiellement avec des images binaires ou en niveaux de gris, le voisinage était 4- ou 8-connexe et seules les cliques d'ordre 2 étaient utilisées. Aujourd'hui, les modélisations des potentiels sont très variées et s'adaptent au cadre de travail dans lequel elles sont employées.

Nous ne citerons ici que les potentiels de Potts, utilisés dans la thèse.

Modèle de Potts

Le modèle de Potts considère uniquement les cliques d'ordre 2 et les fonctions de potentiel associées prennent la forme :

$$f_{c^2}(y_s, y_t) = -\beta_s \,\delta(y_s, y_t) ,$$
 (C.2.4)

où δ est le symbole de Kronecker, et β_s un coefficient appelé potentiel de Potts et dépend de l'étiquette y_s . Sa valeur dépend des contraintes que l'on veut appliquer. En particulier, si on veut obtenir une véritable segmentation en régions, la création de régions doit être favorisée et on prend alors des valeurs de β positives pour que le potentiel soit attractif. Cette tendance est d'autant plus forte que la valeur du potentiel est élevée.

Cette forme de potentiel peut s'enrichir et tenir compte de la position relative entre les voisins. En particulier, lorsque les données sont anisotropiques, il est intéressant de prendre en compte la distance d entre les voisins. On peut alors définir le potentiel de la manière suivante :

$$f_{c^2}(y_s, y_t) = -\frac{-\beta_{st}}{d(y_s, y_t)} \,\delta(y_s, y_t) \,. \tag{C.2.5}$$

Dans le cas le plus général, la valeur du potentiel β_{st} peut dépendre des étiquettes y_s et y_t .

C.3 Estimation du champ des étiquettes

L'estimation au sens du MAP du champ des étiquettes, qui peut se voir comme un problème de minimisation d'une fonction d'énergie, est un problème complexe (équation C.1.7). Les difficultés rencontrées sont liées, d'une part, au nombre considérable de configurations possibles et, d'autre part, à la non convexité de la fonction d'énergie.

D'un point de vue théorique, le problème pourrait être formalisé comme un problème de programmation dynamique mais les temps de calcul nécessaires rendent cette voie inexploitable. L'approche la plus souvent employée afin de résoudre ce genre de problème est de recourir à des opérations non plus globales mais locales afin de minimiser la fonctionnelle. Différentes catégories d'algorithmes de minimisation existent alors :

 les algorithmes stochastiques : ils favorisent la minimisation de l'énergie en chaque site mais non systématiquement du fait de la participation d'un facteur aléatoire.

Une méthode de minimisation courante est le recuit simulé [49]. Elle permet théoriquement d'atteindre asymptotiquement un minimum global de la fonction d'énergie indépendamment de la configuration initiale. Cependant, un inconvénient majeur de cette méthode est sa lenteur.

- les algorithmes déterministes : dérivés des algorithmes de relaxation stochastique, ils permettent de palier la lenteur de ces derniers. La particularité des algorithmes déterministes est de n'autoriser la modification des étiquettes que si ces dernières permettent la décroissance de la fonction d'énergie. La convergence est alors plus rapide mais, le plus souvent, elle se fait vers des minima locaux.

L'algorithme ICM (*Iterated Conditional Modes*) [13], fréquemment utilisé pour la relaxation déterministe, consiste à remplacer, pour tout point de l'image, l'étiquette courante par celle qui minimise la fonction d'énergie. Planches anatomiques

Annexe D

Volumes de données

Les planches suivantes représentent un échantillon de coupes pour chaque volume et chaque pondération.



FIG. D.1: Volume V_1 en T_1 Gado



FIG. D.2: Volume V_1 en T_2



FIG. D.3: Volume V_2 en T_1



FIG. D.4: Volume V_2 en T_1 Gado



FIG. D.5: Volume V_3 en T_1 Gado



FIG. D.6: Volume V_3 en T_2



FIG. D.7: Volume V_4 en T_1 Gado



FIG. D.8: Volume V_4 en T_2



FIG. D.9: Volume V_5 en T_1 Gado



FIG. D.10: Volume V_5 en T_2


FIG. D.11: Volume V_6 en T_1 Gado



FIG. D.12: Volume V_6 en T_2

Annexe E

Résultats de présegmentation des volumes multi-échos



FIG. E.1: Présegmentation du volume V_1 (les contours estimés du cerveau sont surimposés en blanc)



FIG. E.2: Présegmentation du volume V_2 (les contours estimés du cerveau sont surimposés en blanc)



FIG. E.3: Présegmentation du volume V_3 (les contours estimés du cerveau sont surimposés en blanc)



FIG. E.4: Présegmentation du volume V_4 (les contours estimés du cerveau sont surimposés en blanc)



FIG. E.5: Présegmentation du volume V_5 (les contours estimés du cerveau sont surimposés en blanc)



FIG. E.6: Présegmentation du volume V_6 (les contours estimés du cerveau sont surimposés en blanc)

Bibliographie

- G.B. Aboutanos and B.M. Dawant. Automatic brain segmentation and validation: Imagebased versus atlas-based deformable models. In *SPIE Medical Imaging 1997*, volume 3034, pages 299–310, 1997.
- [2] C. Ambroise. Introduction à la reconnaissance statistique des formes. Technical report, École des Mines de Paris, 1997.
- [3] A.H. Andersen, Z. Zhang, M.J. Avison, and D.M. Gash. Automated segmentation of multispectral brain MR images. *Journal of Neuroscience Methods*, 122:13–23, 2002.
- [4] A. Appriou. Probabilités et incertitudes en fusion de données multi-senseurs. Revue Scientifique et Technique de la Défense, 11:27–40, 1991.
- [5] M.S. Atkins and B.T. Mackiewich. Fully Automatic Segmentation of Brain in MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17:98–107, February 1998.
- [6] L. Aurdal. Analysis of multi-image magnetic resonance acquisitions for segmentation and quantification of cerebral pathologies. PhD thesis, École Nationale Supérieure des Télécommunications, 1997.
- [7] L. Axel, J. Contatini, and J. Listerud. Intensity Correction in Surface-Coil MR Imaging. American Journal of Roentgenology, 148(4):418–420, 1987.
- [8] C. Baillard, C. Barrillot, and P. Bouthemy. Robust Adaptative Segmentation of 3D Medical images with Level Sets. Technical Report 1369, IRISA, France, November 2000.
- [9] C. Baillard, P. Hellier, and C. Barillot. Segmentation of brain 3D MR images using level sets and dense registration. *Medical Image Analysis*, 5:185–194, 2001.
- [10] V. Barra and J.Y. Boire. Automatic segmentation of subcortical brain structure in MR images using information fusion. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(7):549–558, July 2001.
- [11] A.M. Bensaid, L.O. Hall, J.C. Bezdek, and L.P. Clarke. Partially supervised clustering for image segmentation. *Pattern Recognition*, 29(5):859–871, 1996.
- [12] J. Besag. Spatial interaction and the statistical analysis of lattice systems. Journal of the Royal Statistical Society, 36:192–236, 1974.
- [13] J. Besag. On the Statistical Analysis of Dirty Pictures. Journal of the Royal Statistical Society, 48(3):259–302, 1986.

- [14] J.C. Bezdek. Pattern Recognition with Fuzzy Objective Functions Algorithms. Plenum Press, 1981.
- [15] J.C. Bezdek, L.O. Hall, and L.P. Clarke. Review of MR image segmentation techniques using pattern recognition. *Medical Physics*, 20(4):1033–1048, Jul/Aug 1993.
- [16] A. Blake and A. Zisserman. Visual reconstruction. MIT Press, Cambridge, 1987.
- [17] F. Bloch. Nuclear induction. In Physical Review, pages 460–474, 1946.
- [18] I. Bloch. Some aspects of Dempster-Shafer evidence theory for classification of multimodality medical images taking partial volume into account. *Pattern Recognition Letters*, 17:905–919, 1996.
- [19] I. Bloch. Fuzzy relative position between objects in image processing: a morphological approach. Technical report, ENST, Paris, France, 1997.
- [20] M. Bomans, K.H. Höhne, U. Tiede, and M. Riemer. 3-D segmentation of MR images of the head for 3-D display. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 9:177–183, 1990.
- [21] B. Bouchon-Meunier. La logique floue. Que sais-je, PUF edition, 1999.
- [22] P. Bouthemy, F. Heitz, P. Lalande, and E. François. Analyse du mouvement et modélisation par champs markoviens. In XXIIe Journées de Statistiques, Tours, France, 1990.
- [23] B.H. Brinkmann, A. Manduca, and R.A. Robb. Optimized homomorphic unsharp masking for MR grayscale inhomogeneity correction. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17:161–171, April 1998.
- [24] M.E. Brummer, R.M. Mersereau, R.L. Eisner, and R.J. Lewine. Automatic Detection of Brain Contours in MRI Data Sets. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 12(2):153–166, June 1993.
- [25] M.C. Clark, L.O. Hall, D. Goldgof, R. Velthuizen, F. Murtagh, and M. Silbiger. Automatic tumor segmentation using knowledge-based techniques. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(2):187–201, 1998.
- [26] L.P. Clarke, R.P. Velthuizen, S. Phuphanich, J.D. Schellenberg, J.A. Arrington, and M. Silberger. MRI: stability of three supervised segmentation techniques. *Magnetic Resonance Imaging*, 11:95–106, 1993.
- [27] J.-P. Cocquerez and S. Philipp. Analyse d'images: filtrage et segmentation. Masson, 1995.
- [28] T.M. Cover and P.E. Hart. Nearest neighbor pattern classification. IEEE Transactions on Information Theory, 13(1):21–27, 1967.
- [29] B.M. Dawant, A. Zijdenbos, and R.A. Margolin. Correction of intensity variations in MR images for computer-aided tissue classification. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 12:770–781, December 1993.
- [30] S. Dellepiane. Image segmentation: Errors, sensitivity and uncertainty. In 13th IEEE Engineering in Medecine and Biology Society, volume 13, pages 253–254, 1991.
- [31] A. Dempster. Upper and lower probabilities induced by multivalued mapping. Annals of Mathematical Statistics, 38:325–339, 1967.
- [32] A. Dempster, N. Laird, and D. Rubin. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society*, 39:1–38, 1977.

- [33] T. Denœux. An evidence-theoretic neural network classifier. IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics, 3:712–717, October 1995.
- [34] T. Denœux. A k-Nearest Neighbor Classification Rule Based on Dempster-Shafer Theory. IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, 25(5):804–813, 1995.
- [35] T. Denœux. Analysis of evidence-theoretic decision rules for pattern classification. Pattern Recognition, 30(7):1095–1107, 1997.
- [36] T. Denœux. Application de Modèles des Croyances Transférables en Reconnaissance de Formes. Traitement du Signal, 14(5):443–451, 1998.
- [37] T. Denœux. A neural network classifier based on Dempster-Shafer theory. IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, 30(2):131–150, 2000.
- [38] H. Derin and H. Elliott. Modeling and segmentation of noisy and textured images using Gibbs random fields. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 9(1):39–55, 1997.
- [39] D. Derou. Optimisation neuronale et régularisation multiéchelle auto-organisée pour la trajectographie de particules. PhD thesis, Institut National Polytechnique de Grenoble, 1995.
- [40] L.R. Dice. Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology*, 26(3):297–303, 1945.
- [41] J. Dinten. Tomography reconstruction of axially symetric objects: regularization by a Markovian modelization. In *International Conference on Pattern Recognition*, Atlantic City, USA, 1990.
- [42] D. Dubois and H. Prade. Representation and combination of uncertainty with belief function and possibility measures. *Computer Intelligence*, 1988.
- [43] D. Dubois and H. Prade. Consonant approximation of belief functions. International Journal of Approximate Reasoning, 4:419–449, 1990.
- [44] R.O. Duda and P.E. Hart. Pattern Classification and Scene Analysis. John Wiley and Sons, 1973.
- [45] A. Edwards and L. Cavalli Sforza. A method for cluster analysis. *Biometrics*, 21:362–376, 1965.
- [46] E. Fix and J. Hodges. Discriminatory analysis, non parametric discrimination: consistency properties. Technical report, US Air Force School of Aviation Medecine, Randolf Field, Texas, 1951. Reprinted in Dasarathy (1991).
- [47] J. François. Fusion de connaissances expérimentales et expertes : une approche évolutive du diagnostic. PhD thesis, Université Technologique de Compiègne, 2000.
- [48] D. Geiger and F. Girosi. Parallel and deterministic algorithms for MRFs: surface reconstruction. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13:401–412, 1991.
- [49] S. Geman and D. Geman. Stochastic relaxation, Gibbs distribution, and the Bayesian restauration of images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 6:721–741, November 1984.

- [50] S. Geman, D. Geman, and C. Graffigne. Locating texture and object boundaries. P.A. Devijver and J. Kittler, Springer Verlag, Heidelberg, 1987.
- [51] S. Geman, D. Geman, C. Graffigne, and P. Dong. Boundary detection by constrained optimization. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12:609– 628, 1990.
- [52] T. Géraud. Segmentation des structures internes du cerveau en imagerie par résonance magnétique tridimensionnelle. PhD thesis, École Nationale Supérieure des Télécommunications, 1998.
- [53] G. Gerig, J. Martin, R. Kikinis, O. Kübler, M. Shenton, and F.A. Jolesz. Automated segmentation of dual-echo MR head data. In *Colchester ACF and Hawkes DJ*, *Lecture Notes on Computer Science Series*, pages 175–197, 1991.
- [54] G. Gerig, J. Martin, R. Kikinis, O. Kübler, M. Shenton, and F.A. Jolesz. Unsupervised tissue type segmentation of 3D dual-echo MR head data. *Image and Vision Computing*, 10:349–360, 1992.
- [55] A. Ghanei, H. Soltanian-Zadeh, and J.P. Windham. Segmentation of the hippocampus from brain MRI using deformable contours. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 22:203–216, 1998.
- [56] A.F. Goldszal, C. Davatzikos, D.L. Pham, M.X.H. Yan, R.N. Bryan, and S.M. Resnick. A Image-Processing System for Quantitative and Qualitative Volumetric Analysis of Brain Images. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 22(5):827–837, 1998.
- [57] R. Guillemaud and M. Brady. Estimating the bias field of MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(3):238–251, June 1997.
- [58] C. Guinet and J. Grellet. Introduction à l'IRM: de la théorie à la pratique. Abrégés d'imagerie radiologique, Masson, Paris, 1992.
- [59] G.J. Harris, E.H. Noga, and G.D. Pearlson. User-friendly method for rapid brain and CSF volume calculation using transaxial MRI images. *Psychiatry res.: Neuroimaging*, 40:61–68, 1991.
- [60] K. Held, E. Kops, B. Krause, W. Wells, R. Kikinis, and H. Müller-Garter. Markov Random Field Segmentation of Brain MR Images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(6):878–886, Dec 1997.
- [61] G.R. Hillman, C.-W. Chang, H. Hing, T.A. Kent, and J. Yen. Automatic System for Brain MRI Analysis using a Novel Combination of Fuzzy Rule-based and Automatic Clustering Techniques. In *Medical Imaging 1995: Image Processing, SPIE*, volume 2434, pages 16–25, 1995.
- [62] S. Ho, E. Bullitt, and G. Gerig. Level Set Evolution with Region Competition: Automatic 3-D Segmentation of Brain Tumors. In *Proceedings of the 16th International Conference* on Pattern Recognition, ICPR 2002, pages 532–535, 2002.
- [63] A. Hojjatoleslami and F. Kruggel. Segmentation of large brain lesions. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(7):660–669, July 2001.

- [64] C. Jaggi. Segmentation par méthode markovienne de l'encéphale humain en imagerie par résonance magnétique: théorie, mise en œuvre et évaluation. PhD thesis, Université de Caen, 1998.
- [65] B. Johnston, M.S. Atkins, B. Mackiewich, and M. Anderson. Segmentation of multiple sclerosis lesions in intensity corrected multispectral MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15:154–169, April 1996.
- [66] M. Kamber, R. Shingal, D. Collins, D. Francis, and A. Evans. Model-based, 3-D segmentation of multiple sclerosis lesions in magnetic resonance brain images. *IEEE Transactions* on Medical Imaging, pages 442–453, 1995.
- [67] I. Kapouleas. Automatic detection of white matter lesions in magnetic resonance brain images. Computer Methods and Programs in Biomed., 32:17–35, 1990.
- [68] M. Kass, A Witkin, and D. Terzopoulos. Snakes: Active contour models. International Journal of Computer Vision, pages 321–331, 1988.
- [69] R. Kennes. Computational aspect of the Möbius Transformation of graphs. IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, 22:201–223, 1992.
- [70] R. Kennes and P. Smets. Computational Aspects of the Möbius Transformation. In P.B. Bonissone, M. Henrion, L.N. Kanal, and J.F. Lemmer, editors, Uncertainty in Artificial Intelligence 6, pages 401–416. North-Holland, Amsterdam, 1991.
- [71] R. Kikinis, M. Shenton, G. Gerig, J. Martin, M. Anderson, D. Metcaltf, C. Guttman, R. McCarley, W. Lenrenson, H. Cline, and F. Jolesz. Routine quantitative analysis of brain and cerebrospinal fluid spaces with MR imaging. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 2:619–629, 1992.
- [72] P. Kleihues, P.C. Burger, and B.W. Scheithauer. Histological typing of tumours of the central nervous system. Springer-Verlag, 1993.
- [73] M.I. Kohn, N.K. Tanna, G.T. Herman, S.M. Resnick, P.D. Mozley, R.E. Gur, A. Alavi, R.A. Zimmerman, and R.C. Gur. Analysis of brain and cerebrospinal fluid volumes with MR imaging. Part I. methods, reliability and validation. *Radiology*, 178:115–122, January 1991.
- [74] S. Langlois. Imagerie par résonance magnétique : du signal à l'image. Cahier du GREYC 10, Groupe de Recherche en Informatique, Image, Instrumentation de Caen, 1997.
- [75] R.H. Lee and R. Leahy. Multi-Spectral Classification of MR Images Using Sensor Fusion Approaches. In SPIE Medical Imaging IV: Image Processing 1233, pages 149–157, 1990.
- [76] K. Van Leemput, F. Maes, D. Vandermeulen, A. Colchester, and P. Suetens. Automated Segmentation of Multiple Sclerosis Lesions by Model Outlier Detection. Technical report, Katholieke Universiteit Leuven, 2000.
- [77] K. Van Leemput, F. Maes, D. Vandermeulen, and P. Suetens. Automated model-based tissue classification of MR images of the brain. Technical report, Katholieke Universiteit Leuven, 1999.

- [78] E. Lefevre. Fusion adaptée d'informations conflictuelles dans le cadre de la théorie de l'évidence - Application au diagnostic médical. PhD thesis, Institut National des Sciences Appliquées de Rouen, 2001.
- [79] E. Lefevre, O. Colot, and P. Vannoorenberghe. Belief function combination and conflict management. *Information Fusion*, pages 149–162, 2002.
- [80] E. Lefevre, O. Colot, P. Vannoorenberghe, and D. de Brucq. Contribution des mesures d'information à la modélisation crédibiliste de connaissances. *Traitement du Signal*, 17(2):1–11, 2000.
- [81] C. Li, L. Hall, and D.B. Godlgof. Knowledge-based Classification and Tissues Labeling of Magnetic Resonance Images of Human Brain. In SPIE, Biomedical Image Processing and Biomedical Visualization, volume 1905, pages 554–565, 1993.
- [82] K.O. Lim and A.J. Pfefferbaum. Segmentation of MR brain images into cerebro-spinal fluid spaces, white and gray matter. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 13:588– 593, 1989.
- [83] S. Lloyd. Least squares quantization in pcm's. Technical report, Bell Telephone Laboratories Paper, Murray Hill, 1957.
- [84] S. Luo, R. Li, and S. Ourselin. A New Deformable Model Using Dynamic Gradient Vector Flow and Adaptive Balloon Forces. In APRS Workshop on Digital Image Computing, Medical Applications of Image Analysis, pages 9–14, Brisbane, Australia, 2003.
- [85] D. MacDonald, N. Kabani, D. Avis, and A.C. Evans. Automated 3-D Extraction of Inner and Outer Surfaces of Cerebral Cortex from MRI. *NeuroImage*, 12:340–356, 2000.
- [86] D. Mahr and E. Hildreth. Theory of edge detection. In Proceedings of the Royal Society of London, pages 197–217, 1980.
- [87] J.-F. Mangin. Mise en correspondance d'images médicales 3D multi-modalités multiindividus pour la corrélation anatomo-fonctionnnelle. PhD thesis, École Nationale Supérieure des Télécommunications, 1995.
- [88] J-F. Mangin, O. Coulon, and V. Frouin. Robust brain segmentation using histogram scale-space analysis and mathematical morphology. In MICCAI'98, First International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention, pages 1230– 1241, 1998.
- [89] P. Marais and J.M. Brady. Detecting the brain surface in sparse MRI using boundary models. *Medical Image Analysis*, 4:283–302, 2000.
- [90] G. Matheron. Random Sets and Integral Geometry. Wiley, New York, 1965.
- [91] S. Mathevet, L. Trassoudaine, P. Checchin, and J. Alizon. Application de la théorie de l'évidence à la combinaison de segmentations en région. In *GRETSI*, pages 635–639, Vannes, France, 1999.
- [92] T. McInerney and D. Terzopoulos. Deformable Models in Medical Image Analysis: A Survey. Medical Image Analysis, 1(2):91–108, 1996.

- [93] C.R. Meyer, P.H. Bland, and J. Pipe. Retrospective Correction of MRI Amplitude Inhomogeneities. In *Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medecine*, pages 513–522. N. Ayache, Ed., April 1995.
- [94] J.R. Mitchell, S.J. Kalik, D.H. Lee, and A. Fenster. Computer-assisted identification and quantification of multiple sclerosis lesions in MR imaging volumes in the brain. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 4:197–208, 1994.
- [95] A. Nifle and R. Reynaud. Un argument pour le choix entre décision pignistique et maximum de plausibilité en théorie de l'évidence. In 16eme colloque GRETSI, Grenoble, September 1997.
- [96] F. Pannizzo, M.J.B. Stallmeyer, J. Friedman, R.J. Jennis, J. Zabriskie, C. Plank, R. Zimmzeman, J.P. Whalen, and P.T. Cahill. Quantitative MRI studies for assessment of multiple sclerosis. *Magnetic Resonance in Medicine*, 24:90–99, 1992.
- [97] P. Perona and J. Malik. Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 12:662–667, July 1990.
- [98] D.L. Pham and J. Prince. Adaptative fuzzy algorithm for image segmentation in presence of intensity inhomogeneities. *Pattern Recognition Letters*, 20:57–68, 1999.
- [99] D.L. Pham and J. Prince. Adaptative Fuzzy Segmentation of Magnetic Resonance Images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 19:737–752, September 1999.
- [100] W.H. Press, S.A. Teukolsky, W.T. Vetterling, and B.P. Flannery. Numerical Recipes in C: The Art of Scientific Computing. Cambridge University Press, Cambridge, UK, 1992.
- [101] J.M.S Prewitt. Picture Processing and Psychophysics, chapter Object enhancement and extraction, pages 75–149. Academic Press, New York, 1970.
- [102] J.C. Rajapakse, J.N. Giedd, and J.L Rapoport. Statistical approach to Segmentation of Single-Channel Cerebral MR Images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(2):176– 186, 1997.
- [103] H. Rifai, I. Bloch, S. Hutchinson, J. Wiart, and L. Garnero. Segmentation of the skull in MRI volumes using deformable model and taking the partial volume effect into account. *Medical Image Analysis*, 4:219–233, 2000.
- [104] L.G. Roberts. Machine perception of three-dimensional solids, chapter Optical and Electrooptical Information Processing, pages 159–197. MIT Press, Cambridge, 1965.
- [105] M. Rombaut and Y.M Zhu. Study of Dempster-Shafer theory for image segmentation and applications. *Image and Vision Computing*, 20:15–23, 2002.
- [106] S. Ruan, C. Jaggi, J. Xue, J. Fadili, and D. Bloyet. Brain tissue classification of magnetic resonance images using partial volume modeling. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 19(12):1179–1187, December 2000.
- [107] S. Ruan, B. Moretti, J. Fadili, and D. Bloyet. Fuzzy Markovian Segmentation in Application of Magnetic Resonance Images. *Computer Vision and Image Understanding*, 85:54–69, 2002.
- [108] A. Saffiotti. An AI view of the treatment of uncertainty. The Knowledge Engineering Review, 1988.

- [109] F. Salzenstein and W. Pieczynski. Parameter estimation in hidden fuzzy Markov random fields and image segmentation. *Graph. Models Process.*, 59:205–220, 1997.
- [110] S. Sandor and R. Leahy. Surface-based labelling of cortical anatomy using a deformable database. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16:41–54, 1997.
- [111] M. Schmitt and J. Mattioli. Morphologie Mathématique. Masson, 1993.
- [112] H.G. Schnack, H.E. Hulshoff Pol, W.F.C. Baare, M.A. Viergever, and R.S. Kahn. Automatic Segmentation of the Ventricular System from MR Images of the Human Brain. *NeuroImage*, 14:95–104, 2001.
- [113] J. Schürmann. Pattern classification. A unified view of statistical and neural approaches. John Wiley & Sons, 1996.
- [114] J. Serra. Image Analysis and Mathematical Morphology, volume 1. Academic Press, London, 1982.
- [115] J. Serra. Image Analysis and Mathematical Morphology. Theoretical Advances, volume 2. Academic Press, London, 1988.
- [116] G. Shafer. A Mathematical Theory of Evidence. Princetown University Press, 1976. Princetown New Jersey.
- [117] Z.Y. Shan, G.H. Yue, and J.Z. Liu. Automated Histogram-Based Brain Segmentation in T1-Weighted Three-Dimensional Magnetic Resonance Head Images. *NeuroImage*, pages 1587–1598, 2002.
- [118] P. Smets. Combining non distinct pieces of evidence. In Proceedings of NAFIP86, pages 544–548, New Orleans, 1986.
- [119] P. Smets. Belief functions. In Non Standard Logics for Automated Reasoning, pages 253–28. Academic Press, London, 1988.
- [120] P. Smets. The combination of evidence in the transferable belief model. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(5):447–458, 1990.
- [121] P. Smets. Constructing the pignistic probability function in a context of uncertainty. M. Henrion, R.D. Schachter, L.N. Kanal and J.F. Lemmers, editors, Amsterdam, North-Holland, 1990.
- [122] P. Smets. The nature of the unnormalized beliefs encountered in the transferable belief model. In Uncertainty in AI92, pages 292–297. D. Dubois, M.P. Wellman, B. d'Ambrosio and P. Smets, San Mateo, Ca, USA, 1992.
- [123] P. Smets. Resolving misunderstandings about belief functions. International Journal of Approximate Reasoning, 6:321–344, 1992.
- [124] P. Smets. Belief functions: The disjunctive rule of combination and the Generalized Bayesian Theorem. International Journal of Approximate Reasoning, 9:598–603, 1993.
- [125] P. Smets. Quantifying beliefs by belief function: An axiomatic justification. In Proceedings of the 13th International Joint Conference on Artificial Intelligence, IJCAI'93, 1993.
- [126] P. Smets. Data Fusion in the Transferable Belief Model. In 3rd International Conference on Information Fusion, pages 21–33, 2000.

- [127] P. Smets and R. Kennes. The transferable belief model. Artificial Intelligence, 66(2):191– 234, 1994.
- [128] P. Smets and R. Kruse. The Transferable Belief Model for Belief Representation. In A. Motro and P. Smets (eds.). Uncertainty Management in information systems: from needs to solutions, Kluwer, Boston, 1997.
- [129] I. Sobel. Neighbourhood coding of binary images for fast contour following and general array binary processing. *Computer Graphics and Image Processing*, 8:127–135, 1978.
- [130] D.W. Stattuck, S.R. Sandor-Leahy, K.A. Schaper, D.A. Rottenberg, and R.M. Leahy. Magnetic Resonance Image Tissue Classification Using a Partial Volume Model. *NeuroImage*, pages 856–876, 2001.
- [131] H. Suzuku and J. Toriwaki. Automatic segmentation of head MRI images by knowledge guides thresholding. *Computerized Medical Imaging Graphics*, 15(4):233–240, 1991.
- [132] J.P. Thiran, V. Warscott, and B. Macq. A queue-based region growing algorithm for accurate segmentation of multi-dimensional digital images. *Signal Processing*, 60:1–10, 1997.
- [133] C. Tsai, B. Manjunath, and R. Jagadeesan. Automated segmentation of brain MR images. *Pattern Recognition*, 28(12):1825–1837, 1995.
- [134] M. Vaidyanathan, L.P. Clarke, R.P. Velthuizen, S. PhuPhanich, A.M. Bensaid, L.O. Hall, J.C. Bezdek, A. Trotti, and M. Silbiger. Comparison of supervised MRI segmentation methods for tumor volume determination during therapy. *Magnetic Resonance Imaging*, 13(5):719–725, 1995.
- [135] M. Vannier, T. Pilgram, C. Speidel, L. Neumann D. Rickman, and L. Schertz. Validation of magnetic resonance imaging (MRI) multispectral tissue classification. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 15:217–223, 1991.
- [136] M. Vannier, C. Speidel, and D. Rickman. Magnetic resonance imaging multispectral tissue classification. News of Physiological Science, 3:148–154, August 1988.
- [137] P. Vannoorenberghe and T. Denœux. Likelihood-based vs Distance-based Evidential Classifiers. In *FUZZ-IEEE'2001*, pages 320–323, Melbourne, Australia, December 2001.
- [138] P. Vannoorenbergue, E. Lefevre, and O. Colot. Traitement d'images et théorie des fonctions de croyance. In LFA, Rencontres francophones sur la logique floue, pages 1–4, Tours, France, November 2003.
- [139] R.P. Velthuizen, L.P. Clarke, S. Phuphanich, L.O. Hall, A.M. Bensaid, J.A. Arrington,
 H. Greenberg, and M. Silbiger. Unsupervised Measurement of Brain Tumor Volume on MR images. *JMRI*, 5(5):594–605, 1995.
- [140] F. Voorbraak. On the justification of Dempster's rule of combination. Artificial Intelligence, pages 171–197, 1991.
- [141] S. Warfield, J. Dengler, J. Zaers, C. Guttmann, W. Wells III, G.J. Ettinger, J. Hiller, and R. Kikinis. Automatic Identification of Grey Matter Structures from MRI to Improve the Segmentation of White Matter Lesions. *The Journal of Image Guided Surgery*, 1(6):326– 338, 1995.

- [142] W. Wells, M.S. Atkins, B. Mackiewich, and M. Anderson. Segmentation of multiple sclerosis lesions in intensity corrected multispectral MRI data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15:429–442, August 1996.
- [143] W. Wells, W.E.L. Grimson, R. Kikinis, and F.A. Jolesz. Adaptive segmentation of MRI data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15:429–442, 1996.
- [144] W. Wells, R. Kikinis, and F.A. Jolesz. Statistical intensity correction and segmentation of magnetic resonance image data. In *Proceedings of the 3rd Conference on Visualization in Biomedical Computing VBC'94*, volume 2359, pages 13–24, 1994.
- [145] D.A. Wicks, G.J. Barker, and P.S. Tofts. Correction of Intensity Nonuniformity in MR Images for Sensitivity of the Surface Coil. *Magnetic Resonance Imaging*, 11:183–196, 1993.
- [146] G. Wilms. MRI of Cerebral Tumors, 1997. European Society of Neuroradiology (ESNR) CD-ROM.
- [147] C. Xu and J. Prince. Snakes, shapes, and gradient vector flow. *IEEE Transactions on Images Processing*, pages 359–369, 1998.
- [148] R.R. Yager. On the Dempster-Shafer Framework and New Combination Rules. Information Sciences, 41:93–137, 1987.
- [149] M.X.H. Yan and J.S. Karp. An Adaptative Bayesian Approach to Three-Dimensional MR Brain Segmentation. *Information processing in Medical Imaging*, pages 201–21, 1995.
- [150] L.A. Zadeh. Fuzzy Sets. Information and Control, 8:338–353, 1965.
- [151] L.A. Zadeh. On the validity of Dempster's rule of Combination of Evidence. University of California, Berkeley, 1979. ERL Memo M79/24.
- [152] A. Zijdenbos and B.M. Dawant. Brain Segmentation and White Matter Lesion Detection in MR Images. Critical reviews in Biomedical Engineering, 22(5/6):401–465, 1994.
- [153] A. Zijdenbos, B.M. Dawant, R.A. Margolin, and A.C. Palmer. Morphometric analysis of white matter lesions in MR images: Method and validation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16:716–724, December 1994.
- [154] A. Zijdenbos, R. Forghani, and A. Evans. Automatic quantification of MS lesions in 3D MRI brain data sets: Validation of INSECT. In Springer LNCS, editor, *MICCAI*, volume 1496, pages 439–448, 1998.
- [155] L.M. Zouhal and T. Denœux. An adaptative k-NN rule based on Dempster-Shafer theory. In 6th International Conference on Computer Analysis of Images and Pattern, pages 310– 317, September 1995.
- [156] L.M. Zouhal and T. Denœux. An evidence-theoretic K-NN rule with parameter optimization. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, 28:263–271, 1998.

Bibliographie de l'auteur

Publication dans des revues

- A.-S. Capelle, O. Colot et C. Fernandez-Maloigne, 3D Segmentation of MR Brain Images into White Matter, Gray Matter and Cerebro-spinal Fluid by Means of Evidence Theory, Revue Lecture Notes of Computer Science Series, "Artificial Intelligence in Medicine", pages 112–116, M. Dojat, E. Keravnou, P. Barahona (Eds.), Springer-Verlag, 2003.
- A.-S. Capelle, O. Colot et C. Fernandez-Maloigne, Evidential segmentation scheme of multi-echo MR images for the detection of brain tumors using neighborhood information, Revue Information Fusion, (à paraître), 2003.

Congrès internationaux avec comité de lecture

- A.-S. Capelle, O. Alata, C. Fernandez-Maloigne, S. Lefevre et J.-C. Ferrié, Unsupervised Segmentation for Automatic Detection of Brain Tumors in MRI, IEEE International Conference on Image Processing, ICIP'2000, volume 1, pages 613–616. Vancouver, Canada, 2000.
- A.-S. Capelle, O. Alata, C. Fernandez-Maloigne et J.-C. Ferrié, Unsupervised algorithm for the segmentation of three-dimensional magnetic resonance brain images, IEEE International Conference on Image Processing, ICIP'2001, Thessaloniki, Grèce, 2001.
- 3. A.-S. Capelle, O. Colot et C. Fernandez-Maloigne, Segmentation of multi-modality MR images by means of Evidence Theory for 3D Reconstruction of brain tumors, IEEE International Conference on Image Processing, ICIP'2002, Rochester, New York, USA, 2002.
- 4. A.-S. Capelle, O. Colot et C. Fernandez-Maloigne, *Introduction of spatial information within the context of Evidence theory*, IEEE International Conference on Acoustics, Speech, and Signal Processing, ICASSP'2003, volume 2, pages 785–788, Hong Kong, Chine, 2003.