HAL
open science

# Segmentation d'images multispectrales basée surla fusion d'informations : application aux images IRM

Weibei Dou

## To cite this version:

Weibei Dou. Segmentation d'images multispectrales basée surla fusion d'informations : application aux images IRM. Informatique. Université de Caen, 2006. Français. NNT : . tel-00111904

**HAL Id: tel-00111904**

**https://theses.hal.science/tel-00111904v1**

Submitted on 6 Nov 2006

**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.

# UNIVERSITE de CAEN/BASSE-NORMANDIE

**U.F.R. SCIENCES**

**ECOLE DOCTORALE SIMEM**

**THESE**

présentée par


## Mme Weibei DOU


et soutenue

**le 29 Septembre 2006**

en vue de l'obtention du

**DOCTORAT de l'UNIVERSITE de CAEN**

**Spécialité : Traitement du Signal et des Images**

(*Arrêté du 25 avril 2002*)

# <u>Titre</u> : Segmentation d'images multispectrales basée sur la fusion d'informations : application aux images IRM

## <u>MEMBRES du JURY</u>

| | | |
|---|---|---|
| **Mme. Su RUAN** | **Professeur** | **Université de REIMS (*Directeur de thèse*)** |
| **Mme. Mireille GARREAU** | **Professeur** | **Université de RENNES (*Rapporteur*)** |
| **Mr. Yuemin ZHU** | **DR-CNRS** | **INSA de LYON (*Rapporteur*)** |
| **Mme. Marinette REVENU** | **Professeur** | **ENSICAEN** |
| **Mr. Jean-Marc CONSTANS** | **MCU-PH** | **UFR de Médecine et CHU de CAEN** |

RESUME en français

L'objectif de cette thèse consiste à développer une architecture de fusion d'informations basée sur la théorie floue pour la segmentation d'une cible à partir de plusieurs sources d'images. Notre application principale porte sur la segmentation des images IRM multispectrales. Nous proposons une approche de segmentation automatique basée sur la fusion des caractéristiques extraites de chaque source d'image. Ces caractéristiques sont modélisées par des fonctions d'appartenance, obtenues à partir de fonctions analytiques, qui prennent en compte des connaissances a priori sur la possibilité d'appartenance à une cible (tumeur ou tissus cérébraux) donnée par l'expert, et aussi la gradation d'intensité du signal de la cible. La segmentation d'une cible consiste finalement à combiner les différents degrés d'appartenance de la cible. Une étape supplémentaire basée sur une croissance 3D des régions floues est proposée pour améliorer le résultat de la combinaison. Pour évaluer les résultats de segmentation représentés par un ensemble flou, une extension du coefficient Kappa de Cohen, nommée « Kappa flou » est proposée, qui est une méthode d'évaluation globale sur la proportion d'agrément d'un classement flou.

Cette architecture développée est mise en œuvre pour la segmentation des tumeurs cérébrales à partir des images IRM qui comprennent pour l'instant les séquences de base : T1, T2 et densité de protons (DP). Les résultats sur sept patients atteints de tumeur montrent l'efficacité de notre système.

TITRE en anglais

Segmentation of multispectral images based on information fusion : application for MRI images

RESUME en anglais

The objective of this work consists of developing architecture of information fusion based on the fuzzy theory in order to segment a target from multiple sources of image. Our principal application carries on the image segmentation of multispectral cerebral MRI. We propose an approach of automatic segmentation based on the fusion of characteristics extracted from each source of image. These characteristics are modellized by some membership functions obtained from analytic functions, that not only takes into account some *a priori* knowledge from an expert about the possibility of target (tumor or cerebral tissues) membership, but also deals with graduality of target relative to signal intensity. Finally, the target segmentation consists on the combination of different membership degrees of the target. An additional step based on 3D fuzzy region growing is proposed to improve the result of combination. To evaluate these results of segmentation represented by a fuzzy set, an extension of Cohen's Kappa coefficient is proposed and named "fuzzy Kappa" which is a method of global evaluation concerning the agreement proportion of a fuzzy classification.

This developed architecture is performed for the segmentation of cerebral tumors from MRI images that presently include these routine sequences: T1, T2 and proton density. The results obtained from seven patients with tumor show the efficacy of our system.

MOTS-CLES

Imagerie par résonance magnétique, Fusion multicapteurs, Cerveau**Tumeurs, Traitement d'image–technique numérique, Coefficient kappa, Classification

DISCIPLINE

Traitement du Signal et des Images

INTITULE ET ADRESSE DE L'U.F.R. OU LABORATOIRE :

Laboratoire du GREYC CNRS UMR 6072, 6, Boulevard Maréchal Juin, F-14050 CAEN

# Remerciements

*Ce mémoire est l'aboutissement d'un travail de recherche effectué durant ces quatre dernières années au sein de l'Equipe Image du GREYC-ENSICAEN CNRS UMR 6072 en France, et de l'Equipe "Circuits and Systems" du Département "Electronic Engineering" de l'Université Tsinghua en Chine. Il a pu être financé par le cadre du Programme de Recherches Avancées Franco-Chinois : PRA-SI02-06 et grâce au projet du "National Natural Science Foundation of China" : NSFC 60372023 et à la bourse de "State scholarship fund award (No.22171001)" de "China Scholarship Council".*

*Je tiens tout d'abord à exprimer toute ma gratitude aux Professeurs Daniel BLOYET et Régis CARIN, les directeurs succéssifs du GREYC, pour m'avoir accueilli dans leur laboratoire, ainsi qu'au Professeur Marinette Revenu, responsable de l'équipe Image, pour m'avoir acceuilli et de m'avoir fait l'honneur de présider mon jury de thèse.*

*J'adresse mes plus vifs remerciements à ma directrice de thèse, la Professeur Su RUAN pour m'avoir permis de réaliser une thèse en France tout en continuant à travailler en Chine comme chercheuse-enseignante à l'Université Tsinghua. Nos conversations fructueuses ont contribué à faire avancer et aboutir ce travail de thèse et ont entretenu mon goût pour la recherche.*

*Je tiens à exprimer ma profonde reconnaissance et mes sincères remerciements au Professeur Daniel BLOYET non seulement pour ses conseils mais aussi pour ses efforts constants visant à m'inciter à toujours plus de rigueur, en un mot plus d'exigence envers moi-même.*

*Je remercie vivement le Docteur Jean-Marc CONSTANS, Neuroraodiologue, MCU-PH au CHU de Caen pour avoir participé à l'encadrement de mon travail et pour son aide dans la phase de coopération.*

*Je remercie également Dr. Yanping CHEN, Raodiologue, Professeur associée au Nanfang Hospital en Chine pour son aide dans la phase de coopération.*

*J'adresse également mes sincères remerciements à Madame Mireille GARREAU, Professeur à l'Université de Rennes I et à Monsieur Yuemin ZHU, Directeur de Recherche CNRS à*

*l'INSA-Lyon, qui ont accepté d'être les rapporteurs de mon mémoire.*

*Je tiens tout particulièrement à remercier les membres du GREYC pour toutes les conversations et les moments de vie commune que nous avons partagés au cours de ces quatre dernières années: Christine PORQUET, Franck LE POULIQUEN, Phillippe MAY, Stéphanie JEHAN, Laurette CHARDON, Luc BRUN, Jalal FADILI, Nicole DELAMOTTE, Catherine BOURDON, Régis CLOUARD, Nathalie LAVENIER.*

*J'adresse une pensée émue à tous mes amis en Chine et en France qui m'ont beaucoup encouragée dans ma vie tout au long de ces années, et ont été déterminants pour l'aboutissement de ces travaux.*

*Mes derniers mots s'adressent à mes parents, à ma fille et à mes soeurs, je les remercie du fond du coeur pour l'aide et l'amour qu'ils m'ont apportés.*

*C'est certainement grâce à cet environnement humain et scientifique qu'aujourd'hui ce manuscrit rassemblant l'ensemble de mes travaux de recherche peut être présenté.*

# Table des matières

**Introduction générale** **1**

**1 Etat de l'art : Segmentation d'images IRM** **7**

1.1 Introduction . . . . . 9

1.2 Images IRM . . . . . 9

1.2.1 Introduction . . . . . 9

1.2.2 Système d'acquisition . . . . . 10

1.2.3 Principe de la résonance magnétique nucléaire (RMN) . . . . . 10

1.2.3.1 Spin et résonance magnétique nucléaire . . . . . 11

1.2.3.2 Relaxation de l'énergie des protons nucléaires . . . . . 12

1.2.3.3 Temps de relaxation des différents tissus du corps humain . . . . 14

1.2.4 Images pondérées en $T_1$, $T_2$ et en densité de protons (DP) . . . . . 14

1.2.4.1 Quelques paramètres techniques de l'IRM [Mag] . . . . . 15

1.2.4.2 Images pondérées . . . . . 16

1.2.4.3 Interprétation de l'intensité du signal . . . . . 17

1.2.4.4 Augmentation du contraste . . . . . 17

1.2.4.5 Quelques séquences anatomiques d'IRM . . . . . 18

1.2.4.6 Imagerie spectroscopique . . . . . 19

1.2.4.7 Effet de volume partiel . . . . . 20

1.2.5 Conclusion . . . . . 21

1.3 Segmentation d'images IRM . . . . . 21

1.3.1 Introduction . . . . . 21

1.3.2 Spécificités de la segmentation d'images cérébrales . . . . . 22

1.3.3 Recalage élastique fondé sur un modèle déformable . . . . . 22

1.3.4 Modèle statistique . . . . . 24

1.3.4.1 Modèle de mesure - mélange fini de Gaussiennes . . . . . 24

1.3.4.2 Modèle *a priori* - Champs aléatoires de Markov . . . . . 26
1.3.4.3 Segmentation fondée sur les modèles statistiques . . . . . 28
1.3.5 Segmentation fondée sur la classification . . . . . 29
1.3.5.1 C-moyenne floue (FCM) . . . . . 29
1.3.5.2 Séparateurs à Vaste Marge (SVM) . . . . . 30
1.3.6 Analyse de texture . . . . . 32
1.3.7 Techniques à base de connaissances *a priori* . . . . . 34
1.3.8 Connectivité floue . . . . . 35
1.3.9 Conclusion . . . . . 37
1.4 Fusion d'informations . . . . . 38
1.4.1 Introduction . . . . . 38
1.4.2 Concept de fusion . . . . . 39
1.4.3 Architecture de fusion d'informations en traitement d'images . . . . . 40
1.4.4 Fusion d'informations utilisée en IRM . . . . . 41
1.4.4.1 Fusion d'informations basée sur la méthode des ensembles flous . 42
1.4.4.2 Fusion de haut niveau basée sur la théorie des croyances de Dempster-Shafer . . . . . 44
1.4.4.3 Théorie de l'évidence dans un processus de fusion de bas-niveau (pixel) . . . . . 46
1.4.4.4 Estimation de la fonction d'appartenance pour modéliser les caractéristiques des images IRM . . . . . 48
1.4.5 Conclusion . . . . . 51
1.5 Conclusion . . . . . 52

**2 Modélisation floue et fusion d'informations : approches proposées 53**
2.1 Introduction . . . . . 55
2.2 Modélisation floue . . . . . 56
2.2.1 Introduction . . . . . 56
2.2.2 Ensembles flous . . . . . 56
2.2.3 Définition des fonctions d'appartenance . . . . . 57
2.2.4 Conclusion . . . . . 58
2.3 Estimation de la fonction d'appartenance . . . . . 59
2.3.1 Introduction . . . . . 59
2.3.2 Principe d'estimation . . . . . 59
2.3.3 Connaissances *a priori* . . . . . 60

2.3.3.1 Intensités relatives des tissus cérébraux . . . . . 60
2.3.3.2 Possibilité de détermination des tissus tumoraux . . . . . 61
2.3.4 Estimation utilisant la combinaison des connaissances *a priori* . . . . . 62
2.3.4.1 Définition du modèle . . . . . 62
2.3.4.2 Allure brute de la Fonction d'appartenance $f_i(v,g)$ . . . . . 63
2.3.4.3 Ajustement de la fonction d'appartenance . . . . . 63
2.3.4.4 Estimation des limites de $f(v,g)$ . . . . . 64
2.3.5 Estimation à partir de l'histogramme . . . . . 65
2.3.5.1 Analyse des caractéristiques d'un histogramme . . . . . 65
2.3.5.2 Relations entre niveaux de gris et fonction d'appartenance . . . 66
2.3.5.3 Génération de la fonction d'appartenance . . . . . 67
2.3.6 Création à partir de la distribution floue . . . . . 68
2.3.6.1 Forme de référence de la fonction d'appartenance d'une tumeur 70
2.3.6.2 Distributions floues appropriées . . . . . 71
2.3.6.3 Estimation des paramètres . . . . . 73
2.3.7 Conclusion . . . . . 74
2.4 Schéma de fusion des informations floues . . . . . 75
2.4.1 Introduction . . . . . 75
2.4.2 Architecture générale . . . . . 75
2.4.3 Description du principe de fusion . . . . . 76
2.4.4 Extensions de l'architecture proposée . . . . . 78
2.4.5 Opérateurs de combinaison . . . . . 79
2.4.5.1 Propriétés de l'opération de combinaison . . . . . 80
2.4.5.2 Comparaison des opérateurs . . . . . 81
2.4.6 Conclusion . . . . . 88
2.5 Procédure de décision fondée sur le résultat de la fusion . . . . . 88
2.5.1 Introduction . . . . . 88
2.5.2 Croissance 3D des régions floues . . . . . 89
2.5.3 Défuzzification . . . . . 90
2.5.4 Conclusion . . . . . 90
2.6 Conclusion . . . . . 91

**3 Segmentation des tissus cérébraux : validation et résultats 93**
3.1 Introduction . . . . . 95
3.2 Données utilisées . . . . . 95

3.2.1 Fantôme du cerveau . . . . . 96
3.2.2 Images simulées . . . . . 96
3.2.3 Images acquises en clinique . . . . . 97
3.2.4 Images de référence . . . . . 97
3.3 Critères d'évaluation . . . . . 99
3.3.1 Méthodologie d'évaluation . . . . . 101
3.3.2 Critères . . . . . 102
3.3.3 Evaluation de la concordance des degrés d'appartenance créés par différentes méthodes . . . . . 104
3.3.3.1 Signification de la notion de qualité . . . . . 104
3.3.3.2 Coefficient Kappa de Cohen en classification . . . . . 105
3.3.3.3 Kappa flou, extension du Kappa de Cohen . . . . . 105
3.4 Segmentation des tissus cérébraux sur images simulées . . . . . 107
3.4.1 Introduction . . . . . 107
3.4.2 Modélisation des caractéristiques des tissus . . . . . 107
3.4.3 Résultats de segmentation . . . . . 108
3.4.4 Conclusion . . . . . 109
3.5 Segmentation des tissus tumoraux sur des images réelles . . . . . 115
3.5.1 Introduction . . . . . 115
3.5.2 Modélisation des caractéristiques floues des tissus tumoraux . . . . . 115
3.5.3 Fusion des caractéristiques floues . . . . . 117
3.5.4 Décision d'appartenance à la région tumorale . . . . . 118
3.5.5 Evaluation des résultats . . . . . 122
3.5.5.1 Evaluation visuelle . . . . . 123
3.5.5.2 Evaluation quantitative et comparaison . . . . . 124
3.6 Résultats expérimentaux obtenus sur d'autres patients . . . . . 129
3.6.1 Caractéristiques des tumeurs . . . . . 129
3.6.2 Modélisation des régions tumorales . . . . . 129
3.6.3 Résultats de segmentation . . . . . 131
3.7 Discussion et conclusion . . . . . 131
3.7.1 Contraintes de l'application . . . . . 131
3.7.2 Modélisation floue . . . . . 131
3.7.3 Opérateur de combinaison floue . . . . . 133
3.7.4 Croissance de région 3D . . . . . 134

3.7.5 Conclusion . . . . . 134

**Conclusion générale et perspectives** **137**

**Annexes** **142**

**A Définition des concepts fondamentaux des ensembles flous** **143**

A.1 Opérations ensemblistes : définitions originales de L.Zadeh . . . . . 143

A.2 $\alpha$-cut . . . . . 144

**B Génération de la fonction d'appartenance** **145**

B.1 Measurement of the grade of membership . . . . . 145

B.2 Fuzzy distribution . . . . . 146

**C Triangular norm (T-norm)** **149**

C.1 Opération d'agrégation . . . . . 149

C.2 Opération floue d'intersection . . . . . 149

C.3 Norme triangulaire (t-norme) . . . . . 150

C.4 Opérateurs compensatoires . . . . . 151

C.5 Opération moyenne . . . . . 152

**D Résultats de segmentation des tumeurs de grandes tailles** **153**

D.1 Résultat de Segmentation du Patient P215 . . . . . 154

D.2 Résultat de Segmentation du Patient P216 . . . . . 156

D.3 Résultat de Segmentation du Patient P219 . . . . . 158

D.4 Résultat de Segmentation du Patient P218 . . . . . 160

**E Résultats de segmentation des tumeurs de petites tailles** **163**

E.1 Résultat de Segmentation du Patient P217 . . . . . 164

E.2 Résultat de Segmentation du Patient P198 . . . . . 166

E.3 Résultat de Segmentation du Patient P185 . . . . . 168

**Bibliographie** **170**

**Liste des publications de l'auteur** **185**

# Introduction générale

Face à la diversité des nouveaux capteurs d'acquisition, il est nécessaire de développer des techniques de traitement de données pour fusionner les observations d'origines multiples. La fusion de données de multicapteurs est une technologie développée pour résoudre les problèmes de précision et d'ambiguïté rencontrés souvent dans le contexte d'un unique capteur. Le cerveau humain est considéré comme un bon exemple d'un système de fusion. Le nez, les yeux, la langue, les oreilles, les mains, etc. sont les différents capteurs. Pour identifier un objet ou évaluer une menace dans l'environnement, par exemple, le cerveau intègre en premier les informations transportées par les capteurs de vue, d'audition, d'odeur, de goût, de toucher, etc. pour générer des raisonnements. Il compare ensuite les raisonnements avec les caractéristiques de l'objet à identifier en prenant en compte des connaissances *a priori* ou l'état d'environnement obtenu par les antécédents pour aboutir à une décision.

Ce processus peut être scindé en quatre phases :

- l'intégration des informations qui sont recalées dans un cadre de référence commun par le recalage des données des capteurs;
- l'extraction des caractéristiques des informations recalées d'une cible;
- la comparaison entre les caractéristiques et les connaissances *a priori* ou les antécédents;
- la décision sur l'identité de l'objet ou l'évaluation de la situation.

Ce processus introduit des techniques importantes : le recalage de données, la modélisation de connaissances *a priori*, la représentation des caractéristiques de l'information, la combinaison ou l'association des informations, et la méthode de décision, etc..

Le système de fusion est efficace si les informations des différentes sources sont redondantes et complémentaires. La redondance peut être exploitée pour réduire les incertitudes et les imprécisions des informations. La complémentarité peut être utilisée pour obtenir une information globale et complète, et pour lever les ambiguïtés [Blo03]. Les avantages de la fusion des informations de multicapteurs sont donc évidents. En terme ensembliste, il existe donc un ensemble

commun ou un ensemble d'intersection qui n'est pas vide entre les informations caractéristiques de l'objet observé.

Du point de vue de la théorie, le processus de décision (d'observation ou d'évaluation) à partir des différentes sources est plus complet qu'un seul pour identifier un objet. Ce problème attire beaucoup de chercheurs qui travaillent dans des différents domaines scientifiques et d'ingénierie pour des applications, telles que la reconnaissance automatique d'objectif (automated target recognition) [Bet98][Bha86], l'apprentissage par guidage automatique (automatic landing guidance) [Dic94] [Swe96], la détection à distance (remote sensing) [Haa99][Hav99] [Nun99], le contrôle du processus de fabrication (monitoring of manufacturing processes) [Che00][Yel99], la robotique(robotics) [Abi92][All87] et les systèmes d'aide au diagnostic [Her96][Her99]. Une des premières applications importantes a été développée dans le domaine de la défense par l'équipe de fusion de données du Joint Directors of Laboratories (JDL), du département de la défense des USA [Blo03]. Cette équipe a été créée en 1986. La technique de fusion s'est développée pour les objectifs de poursuite, de reconnaissance et d'identification automatiques des cibles, dans le contexte de la surveillance des champs de bataille. La définition la plus connue de la fusion de données a été donnée par JDL [Wal90][Ant90] : *La fusion de données est un processus qui traite l'association, la corrélation et la combinaison de données et d'information provenant de sources multiples afin d'améliorer l'estimation de position et l'identification d'objets et de permettre l'évaluation de situations et de menaces aussi bien que leur signification.*

La fusion de données en imagerie est appliquée principalement sur des images de radar, des images de satellite, et des images aériennes [Wal90]. Récemment, elle est aussi appliquée en image médicale.

En fait, le traitement d'images par la fusion a commencé presque en même temps que les travaux sur la fusion de données. La segmentation des images est indissociablement attachée à l'histoire du traitement de l'image. Elle consiste à créer une partition de l'image en sous-ensembles, appelés régions [Coc95]. Dans le cas où plusieurs types d'images de la même scène sont prises soit par différents capteurs ou par le même capteur mais à différents moments, la meilleure façon de segmenter la scène sera d'utiliser un système de fusion d'informations.

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) peut fournir des informations diverses sous forme d'intensités d'images liées à l'anatomie par une variété de séquences d'excitations. Les images obtenues à partir des différentes séquences d'excitation sur le même patient, peuvent être également appelées : images multispectrales. Un organe ou un tissu du corps se compose de différents éléments biologiques, un seul type d'IRM ne peut pas fournir des informations complètes sur tous les éléments. C'est la raison pour laquelle les médecins utilisent toujours plusieurs

types d'images IRM pour faire le diagnostic. Due à la résolution du système d'acquisition, un autre problème est l'effet de volume partiel qui a pour conséquence de rendre douces les transitions entre les zones des différents tissus. Compte tenu des caractères ambigus, complémentaires et redondants des informations fournies par différentes séquences d'IRM, la logique floue et les techniques de la fusion d'informations s'adaptent bien à la classification des tissus cérébraux [Bar01] [Udu97].

Beaucoup de méthodes d'analyse d'images IRM utilisant la logique floue ont été publiées dans la littérature afin de segmenter les structures internes du cerveau [Bar01], les tumeurs [Cla98][Kau01], et les tissus cérébraux [Kar04] etc. Les techniques sont diverses. Citons la méthode d'extraction de tumeurs exploitant des bases de connaissances [Cla98] et la méthode de fusion de différentes modalités (imagerie positon ou imagerie X avec IRM par exemple) pour évaluer la précision de la description de la zone tumorale [Sob01]. La connectivité floue est utilisée pour quantifier des lésions de scléroses multiples [Udu97]. Saha [Sah00] et Udupa [Udu97] ont proposé une théorie et un algorithme sur la segmentation d'image IRM à base d'échelle . Lorsqu'il y a plusieurs objets à identifier dans l'image, la connexion floue à partir de multiples germes est utilisée dans des applications médicales spécifiques [Sah01]. Mon travail de thèse est centré sur l'étude de la fusion d'informations floues pour la segmentation d'images IRM. Les applications consistent essentiellement en la segmentation de tissus cérébraux dans les cas normal et pathologique. Une localisation précise des tissus humains anormaux est très importante pour le diagnostic de la présence d'une tumeur, pour le test de l'efficacité d'un traitement thérapeutique, pour l'assistance aux interventions chirurgicales,etc. L'IRM peut fournir une quantité d'informations différentes sur les tissus cérébraux grâce à la variété des séquences d'excitation disponibles, par exemple les images pondérées en T1, T2 et en Densité de Protons (DP). L'objectif de l'application est de développer une méthode automatique de segmentation des tumeurs basée sur la fusion d'informations des différents types d'images IRM. Les informations à utiliser pour la segmentation sont des caractéristiques de différents composants de tissus observés dans l'image. Les caractéristiques peuvent être les intensités relatives aux tissus observés via les différentes séquences d'acquisition de l'IRM, les formes particulières des substances, etc.

La segmentation des tissus cérébraux d'un sujet sain est relativement simple par rapport à un sujet pathologique. Car dans le cas normal, on peut considérer qu'il y a trois principales matières dans un cerveau : la matière blanche, la matière grise, et le liquide céphalo-rachidien. Quant au cas pathologique, la segmentation de tissu tumoral est délicate et difficile en raison de la grande variété de leurs manifestations en termes de taille, de forme, de localisation, de compositions tissulaires et d'inhomogénéité [War00]. De nombreuses caractéristiques relative-

ment variées doivent être prises en compte. Nous proposons donc de travailler de la même façon que les médecins pour établir l'existence et la localisation d'une tumeur. Ces experts s'appuient sur des différents types d'images du même patient pour décider de l'existence d'une tumeur en intégrant leur expérience : donc fortes connaissances *a priori*.

Ce processus de fusion d'informations en utilisant l'intelligence humaine est repris dans nos études afin de proposer une démarche de détection automatique. Elle consiste en quatre étapes : (1) recalage des images ou alignement des données, (2) création des espaces de caractéristiques relatifs à chaque type d'image en prenant en compte les connaissances *a priori*, (3) combinaison de ces espaces de caractéristiques et (4) décision. En profitant des méthodes de recalage existantes, mes travaux sont concentrés sur les trois dernières étapes : des méthodes de modélisation de fonctions d'appartenance pour décrire les informations floues permettant d'obtenir l'espace des caractéristiques de la cible; des méthodes de combinaison des informations floues qui caractérisent chaque type d'image; une méthode de croissance de région floue pour obtenir la décision finale. Ce mémoire est organisé de la façon suivante :

Le premier chapitre reprend tout d'abord le principe de l'IRM et les informations spécifiques qu'elle fournit. Ensuite, nous présentons sous forme résumée les méthodes de segmentation d'images IRM publiées dans la littérature pour guider notre proposition. Finalement, le concept de fusion d'informations est introduit permettant d'expliquer comment les méthodes peuvent traiter efficacement les informations fournies par l'IRM.

Le deuxième chapitre présente nos propositions pour réaliser notre objectif. Après l'exposé de la théorie des ensembles flous et de la méthode générale de modélisation floue, nous décrivons notre schéma de fusion d'informations d'IRM qui consiste en quatre étapes : le recalage, la modélisation floue, la combinaison et la décision. Les différentes étapes sont ensuite détaillées. Trois méthodes de modélisation sont proposées pour estimer et créer la fonction d'appartenance des tissus cérébraux qui permet de transformer les images en espaces flous. Parmi les opérateurs de fusion étudiés dans nos travaux, la moyenne géométrique est finalement choisie pour le schéma de fusion. La méthode de décision pour localiser une tumeur est basée sur la croissance 3D des régions floues qui donne des résultats représentés par un ensemble flou.

Dans le troisième chapitre, nous présentons les applications et les résultats des méthodes proposées à travers la segmentation d'images simulées de tissus normaux et des images acquises en clinique pour des tissus tumoraux. Différents critères d'évaluation proposés dans la littérature sont utilisés pour évaluer quantitativement et qualitativement nos résultats. Nous proposons aussi une méthode de Kappa flou qui est une extension du Kappa de Cohen, pour évaluer les modèles de la fonction d'appartenance. L'évaluation est effectuée en comparant les résultats

obtenus automatiquement et ceux données par les experts en histologie et neuro-pathologie. Nous montrons aussi les résultats de comparaisons avec d'autres méthodes. Les évaluations que nous proposons concernent la validation de nos modèles flous et la pertinence de la technique de croissance de région. Les résultats obtenus sont un ensemble flou dont les valeurs peuvent être considérées comme des possibilités d'appartenance à une tumeur. Une "defuzzification" peut être effectuée par un $\alpha$-cut permettant d'effectuer la comparaison avec les tracés manuels des experts neuroradiologues.

A la fin de ce mémoire, nous donnons une conclusion générale, en termes de discussions sur notre méthode de segmentation par fusion d'informations floues, de comparaison avec d'autres méthodes et des perspectives de ces travaux.

# Chapitre 1

# Etat de l'art : Segmentation d'images IRM

## Contents


**1.1 Introduction** . . . . . **9**

**1.2 Images IRM** . . . . . **9**

1.2.1 Introduction . . . . . 9

1.2.2 Système d'acquisition . . . . . 10

1.2.3 Principe de la résonance magnétique nucléaire (RMN) . . . . . 10

1.2.4 Images pondérées en $T_1$, $T_2$ et en densité de protons (DP) . . . . . 14

1.2.5 Conclusion . . . . . 21

**1.3 Segmentation d'images IRM** . . . . . **21**

1.3.1 Introduction . . . . . 21

1.3.2 Spécificités de la segmentation d'images cérébrales . . . . . 22

1.3.3 Recalage élastique fondé sur un modèle déformable . . . . . 22

1.3.4 Modèle statistique . . . . . 24

1.3.5 Segmentation fondée sur la classification . . . . . 29

1.3.6 Analyse de texture . . . . . 32

1.3.7 Techniques à base de connaissances *a priori* . . . . . 34

1.3.8 Connectivité floue . . . . . 35

1.3.9 Conclusion . . . . . 37

**1.4 Fusion d'informations** . . . . . **38**

1.4.1 Introduction . . . . . 38

1.4.2 Concept de fusion . . . . . 39

1.4.3 Architecture de fusion d'informations en traitement d'images . . . . . 40

1.4.4 Fusion d'informations utilisée en IRM . . . . . 41

1.4.5 Conclusion . . . . . 51
**1.5 Conclusion . . . . . 52**

## 1.1 Introduction

La segmentation des images consiste à créer une partition de l'image en **régions**. Il peut s'agir simplement d'utiliser la complémentarité des sources d'information pour mieux identifier les limites des composantes homogènes de l'image.

Si la segmentation des images IRM chez le sujet sain présente une certaine facilité, il en est tout autrement avec les IRM pathologiques (tumeurs, hyper-signaux de la substance blanche, etc.) Il est ainsi de beaucoup de méthodes d'analyse d'images IRM publiées dans la littérature, telles qu'une méthode d'extraction des tumeurs exploitant des bases de connaissances [Cla98], une connectivité floue [Udu97], une théorie et un algorithme sur la segmentation multi-échelle [Sah00]. Quand beaucoup d'objets doivent être identifiés dans une image, la méthode de connexion floue à partir de multiples germes est utilisée dans des applications médicales spécifiques [Sah01].

Dans ce chapitre, nous analysons tout d'abord les informations spécifiques fournies par l'IRM. Ensuite, nous présentons sous forme résumée les méthodes de segmentation d'images IRM publiées dans la littérature pour guider notre proposition. Finalement, le concept de fusion d'information est introduit pour expliquer les méthodes qui peuvent traiter avec efficacité les informations fournies par l'IRM.

## 1.2 Images IRM

### 1.2.1 Introduction

La technique de l'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) a été mise au point en 1973 par Lauterbur et Damadian. L'IRM utilise les propriétés qu'ont les noyaux d'hydrogène (ou protons) de l'organisme d'émettre un signal lorsque, après avoir été placés dans un champ magnétique et excités (par une onde radio-fréquence (RF)), ils retournent à leur état d'équilibre (relaxation). Le signal émis au cours de ce phénomène de relaxation est à l'origine de l'image [Gue].

L'IRM est une méthode non-invasive et extrêmement précise spatialement, qui peut permettre la détection de maladies ou de dysfonctionnements du corps humain.

Par exemple, lors d'un traumatisme du cerveau, l'IRM détecte très bien les saignements ainsi que l'oedème qui en résulte. D'autres anomalies peuvent aussi être détectées, comme par exemple un anévrisme, un infarctus, une tumeur ou bien un processus inflammatoire ou tumoral de la moelle. Les neurochirurgiens utilisent l'IRM afin d'étudier les rapports au niveau anatomique d'une lésion avec les structures saines avoisinantes mais aussi pour l'évaluation de

l'intégrité de la moelle après un traumatisme. L'IRM est également utilisée pour étudier les problèmes osseux rachidiens ou discaux voire infectieux qui peuvent toucher la moelle. Elle permet aussi la détection de processus pathologiques cardiaques (notamment ischémiques) ou des gros vaisseaux sanguins et elle donne des informations sur les organes de l'abdomen. Enfin l'IRM permet d'avoir des informations sur les articulations et les parties non osseuses. Les techniques chirurgicales bénéficient alors des informations anatomiques et des informations de contraste apportées par l'IRM [Far02].

Dans les paragraphes suivants, nous présentons le principe d'acquisition du signal IRM et les différentes solutions de reconstruction du signal contenant les informations recherchées.

### 1.2.2 Système d'acquisition

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) constitue une des avancées les plus significatives de la médecine du 20ème siècle. Elle est issue des travaux de F. Bloch et E. Purcell [Blo46] sur les propriétés magnétiques des noyaux des atomes.

L'IRM est une technique radiologique qui utilise le magnétisme, les ondes radio-fréquences (RF) et les gradients de champs magnétiques. Elle fournit alors des images contrastées tridimensionnelles des structures du corps humain. Le système d'acquisition d'IRM utilise des bobines de gradients et une bobine de forme tubulaire générant le champ magnétique principal (1.5 T dans notre application) dans laquelle le patient est amené par une table coulissante (Fig. 1.1). La bobine crée un champ magnétique statique intense $B_0$ dans la direction $Z$ (cranio-caudale). Ce champ magnétique $B_0$ oriente préférentiellement les protons les atomes d'hydrogène dans cette direction $Z$. L'antenne (RF coil) dans laquelle est placé l'organe du patient à explorer, crée un champ magnétique $B_1$ qui fait basculer les spins dans le plan de mesure $XY$. Une fois basculés, les spins de l'organe reviennent à leur état d'équilibre par des phénomènes de relaxations transversale et longitudinale. C'est pendant ce retour à l'état d'équilibre que les spins émettent un faible signal qui est détecté par la partie réceptrice de l'antenne. Le signal recueilli par l'antenne est amplifié et traité pour construire les images des coupes qui correspondent aux plans de l'acquisition. La précision de l'information obtenue par IRM (spatiale et de contraste) permet de détecter des petits détails ou des changements des structures des organes du corps humain.

### 1.2.3 Principe de la résonance magnétique nucléaire (RMN)

La formation des images IRM utilise les propriétés de résonance de certains noyaux d'atomes présents dans le corps humain placés dans un champ magnétique. Le signal de résonance

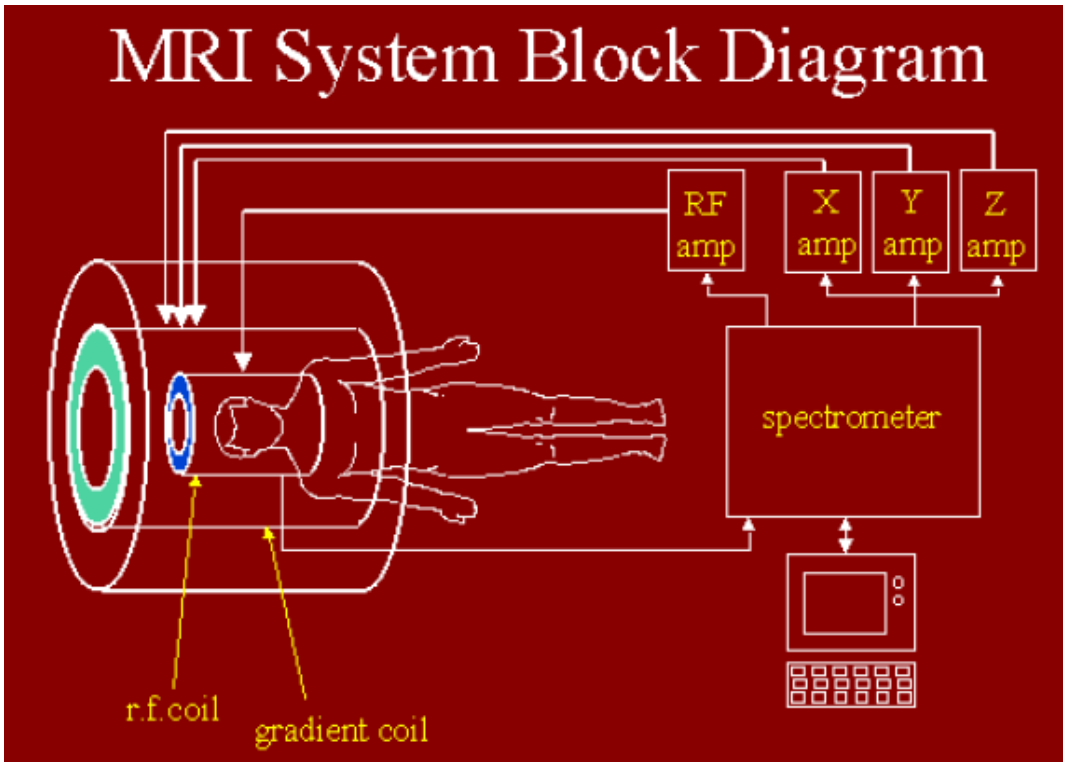



FIG. 1.1 – *Le procédé d'acquisition IRM [Jez01]*

magnétique vient de la réponse de relaxation d'une partie limitée du corps. Cette relaxation dépend d'une composante appelée spin-réseau caractérisée par un temps noté T1 (interaction des spins avec les autres atomes) et d'une composante spin-spin caractérisée par un temps noté T2 (interaction entre les spins) [Bio05].

#### 1.2.3.1 Spin et résonance magnétique nucléaire

Le spin nucléaire se définit comme la résultante des moments cinétiques (= rotation sur eux-mêmes) des protons + neutrons (= nucléons) d'un atome [Bio05]. A ce spin nucléaire est associé un nombre quantique I. On appelle donc spin le moment angulaire ou cinétique intrinsèque des particules quantiques.

Le phénomène de résonance magnétique nucléaire (Nuclear Magnetic Resonance,(NMR)) est déterminé par interaction du petit noyau magnétique des atomes avec le champ magnétique externe et le milieu environnant. La RMN concerne essentiellement les noyaux possédant un nombre de spin égal à 1/2 ou multiple de 1/2 ($^{1}H$,$^{13}C$,$^{19}F$,$^{31}P$,$^{23}Na$,$^{17}O$) [Bio05].

L'équation de Larmor (due au physicien Irlandais, Joseph Larmor) est l'équation qui décrit la relation entre la vitesse angulaire $\omega_0$ de précession des spins, et l'intensité (des lignes de force entourant l'aimant où une particule chargée bouge dans le champ magnétique) du champ

magnétique $B_0$. (voir equation (1.1)).

$$\omega_0 = \gamma B_0 \tag{1.1}$$

où $\gamma$ est le rapport gyromagnétique, une constante dépendant du type de noyau qui relie la fréquence de RMN et la force du champ magnétique externe. Il est défini comme le rapport du moment magnétique (force de champ = $T$) sur le moment angulaire (fréquence $\omega_0$ ) d'une particule. La valeur du rapport gyromagnétique de l'hydrogène (1H) est de 4,258 kHz par Gauss, soit 42,58 MHz/T.

Les populations relatives des états de spin peuvent être modifiées d'une manière bien définie par l'application d'un champ résonant $B_1$ dans le plan $XY$ (le champ $B_0$ est orienté selon l'axe $Z$). N'importe quel champ magnétique de fluctuation qui a une composante dans le plan $XY$ et qui oscille à la fréquence de résonance peut induire des transitions entre les états de spin [Cla01].

Si les spins sont excités par un champ $B_1$ oscillant qui peut être créé par des ondes RF (Radio Frequence), perpendiculaire à $B_0$, oscillant à la fréquence $\omega$, la condition de résonance est la suivante :

$$\omega = \omega_0 = \gamma B_0. \tag{1.2}$$

La spectroscopie RMN est l'étude de la chimie de la matière en utilisant le spectre d'absorption de la RMN. La relaxométrie est l'étude des propriétés RMN de relaxation de la matière. L'IRM avec produit de contraste est basée (la plupart du temps) sur les différences de relaxation induites par le produit de contraste.

#### 1.2.3.2 Relaxation de l'énergie des protons nucléaires

La relaxation est liée à la dissipation d'énergie lors du passage d'un état excité à un état d'énergie inférieure. L'énergie des protons nucléaires est échangée et absorbée par d'autres protons de l'échantillon.

Le temps de relaxation est le temps pour atteindre l'équilibre qui est régi par la relaxation thermique, ou la relaxation spin-réseau appelée la relaxation $T_1$.

Le processus de relaxation $T_2$ commence juste après l'absorption de l'énergie de l'onde, il résulte de la perte de concordance de phase entre protons tournant dans le plan transversal.

La relaxation $T_2$ est toujours moins longue que la relaxation $T_1$. Les valeurs de $T_1$ sont typiquement 5 à 10 fois plus longues que celles de $T_2$ pour les tissus biologiques [Buc99].

L'énergie de l'onde RF à la fréquence de Larmor est absorbée par des protons de l'eau dans le tissu. Après l'excitation de l'impulsion RF, le signal des protons en précession libre décroît, il est appelé signal de précession libre (Free Induction Decay). Le champ magnétique externe $B_0$ a seulement une composante statique (suivant l'axe $Z$). L'évolution du signal de résonance magnétique nucléaire est régie par l'équation de Bloch[1] [Med05] qui se décompose suivant $X$, $Y$, $Z$ selon (1.3)

$$\begin{cases} \frac{dM_z}{dt} = \frac{M_0 - M_z}{T_1} + \gamma(\overrightarrow{M}\overrightarrow{H})_z \\ \frac{dM_x}{dt} = \frac{M_x}{T_2} + \gamma(\overrightarrow{M}\overrightarrow{H})_x \\ \frac{dM_y}{dt} = \frac{M_y}{T_2} + \gamma(\overrightarrow{M}\overrightarrow{H})_y \end{cases} \tag{1.3}$$

où $M$ est le vecteur de magnétisation du système de spins, $M_z$ est la composante longitudinale de $M$. $M_0$ est la valeur à l'équilibre de magnétisation des noyaux atomiques dans le champ statique $B_0$.

– L'évolution du temps de relaxation longitudinale répond à l'équation :

$$\frac{dM_z}{dt} = \frac{M_0 - M_z}{T_1}. \tag{1.4}$$

– L'évolution de la relaxation transversale est donnée par :

$$\frac{dM_{xy}}{dt} = -\frac{M_{xy}}{T_2} \tag{1.5}$$

où $M_{xy}$ est la projection de $M$ dans le plan $XY$.

Les signaux de décroissance libre d'induction sont :

– l'aimantion longitudinale de (1.4):

$$M_z(t) = M_0 + (M_z(0) - M_0)\exp(-t/T_1) \tag{1.6}$$

où $M_z(0)$ est la valeur initiale de $M_z$, et

$$M_z(0) = M_0 \cos\theta \tag{1.7}$$

où $\theta$ est l'angle formé entre $M$ et $B_0$ à la fin de l'impulsion RF d'excitation des spins.

Si $\theta = 90°$, l'évolution de la magnétisation longitudinale s'écrit :

$$M_z(t) = M_0(1 - \exp(-t/T_1)). \tag{1.8}$$

1. Felix Bloch (Swiss-born American physicist (1905-1983)) obtained his famous equation combining magnetic moment dynamics with the simplest variant of interaction with media.

– l'aimantion transversale de (1.5):

$$M_{xy}(t) = M_{xy}(0)\exp(-t/T_2), \tag{1.9}$$

où $M_{xy}(0)$ est la valeur initiale de $M_{xy}$, et

$$M_{xy}(0) = M_0 \sin\theta. \tag{1.10}$$

Si $\theta = 90°$, l'aimantion transversale devient :

$$M_{xy}(t) = M_0 \exp(-t/T_2). \tag{1.11}$$

#### 1.2.3.3 Temps de relaxation des différents tissus du corps humain

Seules certaines "espèces" de protons peuvent absorber l'énergie RF. Les noyaux d'hydrogène de l'eau et de la graisse fournissent les protons impliqués dans l'imagerie. Pour l'eau pure, le mouvement moléculaire étant rapide, le $T_1$ est élevé. Les tissus qui ont un mouvement moléculaire proche de la fréquence de Larmor ont un $T_1$ court. Un mouvement moléculaire rapide conduit à un $T_2$ long tandis qu'un mouvement moléculaire lent conduit à un $T_2$ court (voir Tableau 1.1).

Typiquement le $T_1$ (de l'ordre de la seconde) est supérieur au $T_2$ (de l'ordre de quelque dizaines de $ms$), mais les temps de relaxation dépendent typiquement du type particulier du tissu du corps (influence de différences de densité de protons suite à des différences de structure moléculaire des tissus)[Apr04]. (Fig. 1.2).

TAB. 1.1 – *Temps de relaxation de différents tissus cérébraux ($B_0 = 1.5T$)*

| Temps de relaxation | Tissus cérébraux | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | LCR | MG | MB | Méninges | Muscle | gras |
| $T_1$ (msec) | 800-20 000 | 1090-2150 | 760-1080 | 500-2200 | 950-1820 | 200-750 |
| $T_2$ (msec) | 110-2000 | 61-109 | 61-100 | 50-165 | 20-67 | 53-94 |

(Data provided by Magnetic Resonance Technology Information Portal, available at http://www.mr-tip.com)

### 1.2.4 Images pondérées en $T_1$, $T_2$ et en densité de protons (DP)

Chaque proton d'un groupe atomique d'une molécule a sa propre valeur de $T_1$ et de $T_2$, si bien que chaque tissu du corps a sa propre caractéristique de relaxation qui dépend de la valeur combinée de $T_1$ et de $T_2$. Le terme "pondération en $T_1$ ou en $T_2$" est employé pour qualifier

TAB. 1.2 – *Pourcentage de l'eau dans les tissus*

| Contenance en eau | Tissus du corps | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | LCR | GM | MB | Coeur | Sang | Os |
| (%) | 96-98.8 | 70-74 | 84 | 80 | 93 | 12.2 |

(Datas provided by http://www.fmrib.ox.ac.uk/ stuart/lectures/lecture4/sld004.htm)

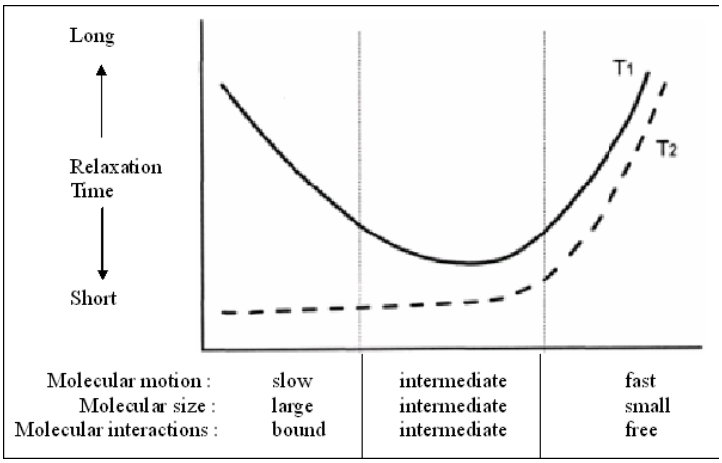



FIG. 1.2 – *Les temps de relaxation $T_1$ et $T_2$ dépendent des tailles et des mouvements des molécules ainsi que des interactions moléculaires. Données fournies par [Apr04]*

une image où la majeure partie du contraste entre les tissus résulte des différences de valeur de $T_1$ et de $T_2$ des tissus imagés. Chaque signal d'IRM peut être pondéré sur un des paramètres biologiques, puisque la nature du processus de relaxation à décroissance libre le rend difficile à séparer de l'influence des paramètres biologiques [Sch01]. Cependant certains tissus ne seraient pas distingués par ces paramètres. Ainsi dans ces cas, les effets potentiellement importants de différences de densité du tissu devraient être employés pour pondérer un signal d'IRM.

#### 1.2.4.1 Quelques paramètres techniques de l'IRM [Mag]

- **Temps de répétition (TR)**, c'est l'intervalle de temps de répétition de l'onde d'excitation RF. L'intervalle entre les trains d'impulsions d'ondes RF s'appelle l'intervalle TR. Les TRs courts maximisent les différences dans la relaxation $T_1$, produisant du contraste entre ces tissus. Si les TRs sont longs, ils réduisent au minimum les différences dans la relaxation $T_1$, réduisant ce contraste entre tissus.
- **Le temps d'écho (TE)** représente le temps entre le milieu de l'application de l'impulsion $\theta = 90°$ et le sommet du signal d'écho dans les séquences Spin Echo (SE). Le mouvement de refocalisation de l'aimantion transversale est le point où les spins sont en phase, le signal

est donc maximum et il peut être mesuré. Le nombre désiré d'échos est sélectionnable. Souvent jusqu'à 8 ou 16 échos pour le 2D ou 3D sont générés en utilisant des séquences SE, le fast spin écho ou l'inversion récupération (IR). Un TR long et au moins deux échos sont nécessaires pour les images pondérées en $T_2$ ou pondérées en densité de protons.

- **Le temps d'inversion (TI)** est la période de temps entre l'impulsion d'inversion avec $\theta = 180°$ et l'impulsion d'excitation $\theta = 90°$. Le temps d'inversion contrôle les différences de signaux entre différents tissus.
- **L'angle (Flip angle, (FA))**, $\theta$ est employé pour définir l'angle d'excitation pour une séquence d'impulsion d'écho de gradient de champ magnétique. C'est l'angle selon lequel l'aimantion nette est basculée ou inclinée relativement à la direction $Z$ du champ magnétique principal $B_0$ par l'intermédiaire de l'application d'une impulsion d'excitation de RF à la fréquence de Larmor. Il est désigné également sous le nom d'angle de nutation (nutation angle). Des angles entre 0° et 90° sont typiquement employés dans les séquences d'écho de gradient, de 90° et une série de 180° dans les séquences d'écho de spin et initial de 180° suivi d'une 90° dans des séquences d'inversion récupération.

#### 1.2.4.2 Images pondérées

- **L'image pondérée en $T_1$**

  L'image d'IRM pondérée en $T_1$ est créée typiquement en employant des temps courts de TR et de TE, dont le contraste est principalement déterminé par des différences de relaxation $T_1$. Par la suite, nous désignerons par T1 cette image pondérée en $T_1$. Si les paramètres de la machine sont choisis avec un TR égal ou inférieur au $T_1$ (typiquement $< 500$ ms) dans le produit des fonctions exponentielles on peut négliger le second terme en $\exp^{-t/T_2}$ et donc

  $M_{xy} = M_{xy}(0)\frac{TR}{T_1}$.

  Ainsi l'expression devient peu dépendante du $T_2$ et dépendante surtout du TR et du $T_1$.
- **L'image pondérée en $T_2$**

  L'image d'IRM où le contraste dépend principalement du $T_2$, est nommée dans cette thèse T2. La graisse a un temps de $T_2$ court et se relaxe plus rapidement que l'eau. Puisque la quantité de magnétisation transversale en graisse est petite, la graisse produit un signal très petit sur une image de contraste T2 et semble foncée. Le T2 prend davantage d'importance avec un plus long TE. L'eau a une valeur très élevée de $T_2$, et donc un signal très élevé en $T_2$ et semble plus en hypersignal sur une image de contraste T2.

  Choisissant des paramètres de la machine tels que **TR** nettement plus grand que $T_1$

(typiquement $\geq$ 2000 ms) et **TE** plus grand ou égal au $T_2$ (typiquement $\geq$ 100 ms), le contraste d'image T2 est pondéré avec un long **TR** comparé au $T_1$ du tissu (pour réduire la contribution $T_1$ au contraste de l'image) et un **TE** compris entre le plus long et le plus court $T_2$ du tissu d'intérêt. Pour un **TR** 3 fois à 5 fois plus grand que le plus long des $T_1$ les différences liées à $T_1$ sont inférieures à 5%. En raison de l'éventail des valeurs de $T_1$, de $T_2$ et de densité de protons et des tissus qui peuvent être trouvés dans le corps, une image qui est pondérée $T_2$ pour certains tissus ne l'est pas forcément pour d'autres. Il y a donc aussi une grande variabilité de $T_2$.

– **L'image de densité de protons ou $\rho$-pondérée**

Une image peut-être produite en commandant le choix des paramètres pour réduire au minimum les effets du $T_1$ et du $T_2$, ayant pour résultat une image principalement pondérée en densité des protons appelée image de densité de protons (DP), ou image pondérée en $\rho$. Le contraste en densité de protons est quantitativement dépendant du nombre de protons par unité de volume. Plus le nombre de protons dans une unité du tissu donnée est élevé, plus la composante transversale de l'aimantion est grande, et plus le signal sur l'image de contraste en densité de protons est en hyposignal. Réciproquement plus le nombre de protons dans une unité donnée du tissu est bas, moins la magnétisation transversale est importante et plus le signal sur l'image de densité de protons est en hypersignal. Pour obtenir une image pondérée en densité de protons, il faut utiliser une valeur de TR (typiquement $\geq$ 2000 ms) beaucoup plus grande que le temps $T_1$ spécifique du tissu, et une valeur de TE (typiquement $\leq$ 30ms) inférieure au temps $T_2$ spécifique du tissu considéré.

#### 1.2.4.3 Interprétation de l'intensité du signal

L'intensité du signal de l'image IRM est un problème important. Souvent, il n'y a aucune approche intuitive pour caractériser le comportement car l'intensité de signal est une fonction compliquée des paramètres du tissu, de la densité de protons, du $T_1$ et du $T_2$, et des paramètres TR et TE de la séquence d'excitation des spins. C'est pour cette raison que les images pondérées en T1, T2 et en densité de protons sont préférentiellement utilisées en clinique. L'air et l'os produisent des signaux de faible intensité tandis que la graisse et la moelle produisent des signaux de forte intensité.

#### 1.2.4.4 Augmentation du contraste

L'intensité relative du signal RMN de différents tissus du corps peut être calculée en fonction de $T_1$ et $T_2$, pour différents choix du temps de répétition (TR) et du temps d'écho

(TE). L'intensité relative d'un signal dû au tissu $i$ du corps [Apr04] est :

$$I_i = \frac{M_i}{M_0} = (1 - e^{-TR/T_{1i}})e^{-TE/T_{2i}} \tag{1.12}$$

.

Le contraste entre deux tissus $i$ et $j$ est déterminé par la différence dans l'intensité relative de signal :

$$C = \frac{M_i - M_j}{M_0} = \frac{(1 - e^{-TR/T_{1i}})e^{-TE/T_{2i}}}{(1 - e^{-TR/T_{1j}})e^{-TE/T_{2j}}} \tag{1.13}$$

Par conséquent, parfois, certains tissus peuvent ne pas être distingués les uns des autres. Plusieurs méthodes ont été proposées pour manipuler les signaux et le contraste lors du processus de relaxation. Communément, une série d'impulsions de 90° et 180° est appliquée avant l'enregistrement du signal de RM dans le plan $XY$.

#### 1.2.4.5 Quelques séquences anatomiques d'IRM

- **L'Inversion Récupération (IR)** La méthode d'Inversion-Récupération (IR) est un processus commandé de relaxation pondéré en $T_1$. La séquence d'excitation est : $180° - T_p - 90°$, où $T_p$ est l'intervalle de temps entre les deux impulsions. L'impulsion 180° inverse le moment magnétique $M$ dans la direction $Z$, lui donnant la valeur $-M_0$. Pendant la période $T_p$ le processus de relaxation a lieu, ayant pour résultat une recroissance de $M$ de $-M_0$ vers $M_0$. Au temps $T_p$ l'impulsion 90° est appliquée plaçant le moment magnétique dans le plan $XY$. La valeur initiale du moment magnétique dans le plan $XY$ après cette seconde impulsion dépend de la valeur du $T_1$, qui dépend du tissu. Dès que le moment magnétique est placé dans le plan $XY$, le signal émis lors du processus de relaxation est enregistré. Le signal obtenu est un signal de RM pondéré en $T_1$.
- **Spin-écho, (SE))**

  La séquence SE exploite le processus de relaxation pondéré en $T_2$. Les séries d'impulsions sont: $90° - T_p - 180°$. Cette série d'impulsion est choisie afin d'éliminer l'influence du champ magnétique externe non homogène $B_0$. Dans la réalité, il est impossible de créer un champ magnétique homogène à 100% sur le volume imagé. En IRM, ceci a comme conséquence un effet supplémentaire de déphasage des spins en raison de l'inhomogénéité du champ magnétique principal. Les protons subissent un déphasage plus rapide en raison du cumul des champs magnétiques produits par leurs voisins ($T_2$) et par la variation spatiale du champ externe ($B_0$). Ce cumul des deux processus de déphasage en parallèle donne un $T_2$ mesurable ($T_2^*$) plus court que le $T_2$ propre du tissu. On élimine l'effet de l'inhomogénéité

de $B_0$, en utilisant la méthode Spin Echo (SE). Quand le moment magnétique est placé dans le plan $XY$ par l'impulsion 90°, les deux processus de déphasage ont lieu dans la période de temps $T_p$. L'application de l'impulsion 180° refocalise les dipôles élémentaires. Cette refocalisation serait parfaite si les seuls effets de déphasage étaient liés au champ magnétique externe. Comme les effets de déphasage liés aux atomes voisins ne peuvent être compensés, le signal de spin-écho remonte jusqu'à une valeur maximum égale à la valeur vraie du $T_2$ faisant écho, et puis diminuant encore en raison des effets des $T_2$. Le signal de spin-écho est un signal RM pondéré en $T_2$.

Le choix approprié de la valeur de TR et de TE peut aider à commander le contraste $T_1$ ou $T_2$ de l'image. En outre, un type de séquence d'impulsions qui utilise habituellement des impulsions 90°, suivies d'une ou plusieurs impulsions 180° pour éliminer l'inhomogénéité du champ magnétique est intéressant.

– **Inversion Récupération pour atténuer le signal des liquides (FLAIR)**

  L'inversion Récupération permet d'atténuer le signal des liquides (Fluid Attenuation Inversion Recovery). FLAIR est une séquence spéciale d'inversion récupération avec un long TI pour enlever les effets du signal des fluides des images résultantes. Le temps TI est placé autour de la période de relaxation du composant qui doit être supprimé. Pour la suppression du signal d'un liquide le temps d'inversion (long TI) est placé au point de passage à zéro du signal du fluide, ayant pour résultat l'effacement du signal de ce fluide. Les lésions qui sont normalement détectées par des hypersignaux en T2 conventionnel ressortent de façon évidente par la technique de suppression du signal de liquide. Par conséquent c'est une technique importante pour la différentiation des lésions cérébrales et de la moëlle épinière.

– **Contraste au Gadolinium (Gado)**

  Le Gadolinium (**Gado**) est un corps paramagnétique dans son état trivalent. Cette substance paramagnétique est employée pour l'imagerie par RM car elle a pour effet de diminuer fortement les temps de relaxation $T_1$ des tissus auxquels il a accès. Quand il est injecté pendant l'imagerie, le gadolinium tendra à augmenter les intensités de signal en raccourcissant le temps $T_1$ dans son environnement.

#### 1.2.4.6 Imagerie spectroscopique

La spectroscopie par résonance magnétique (SRM) cherche à identifier et mesurer la concentration des métabolites. La concentration de la plupart des métabolites est typiquement de deux à trois ordres de grandeur inférieure à celle de l'eau dans les tissus. Par conséquent,

les signaux RMN du proton (1H) de l'eau et de la graisse doivent être supprimés pour pouvoir mesurer en spectroscopie celui des protons des métabolites.

La spectroscopie par résonance magnétique (SRM) "in vivo" est l'étude des fréquences spécifiques de résonance absorbées par un échantillon ou un tissu. Ces fréquences sont liées aux molécules spécifiques présentes et peuvent donc être employées pour évaluer l'état pathologique d'un tissu. Il est relativement facile d'obtenir un spectre RMN de l'ensemble de l'échantillon présent dans l'antenne, mais ce n'est pas très utile médicalement. Pour améliorer l'utilité clinique de l'information spectrale, le spectre doit être localisé. Plusieurs techniques ont été proposées dans la littérature pour obtenir des spectres de différentes petites régions dans un échantillon. Il est plus difficile, mais médicalement plus utile, d'obtenir un spectre RMN de chaque voxel d'un objet. On a donc proposé plusieurs méthodes pour cette forme de spectroscopie.

La SRM est une méthode utilisant la RMN pour identifier l'état chimique de divers éléments sans détruire l'échantillon. Elle fournit donc des informations sur la composition chimique des tissus et les changements de cette composition chimique, qui peuvent se produire lors de différentes maladies. Une analyse biochimique peut alors être conduite en analysant la composition fréquentielle du signal de résonance magnétique. Afin de créer des images, les signaux enregistrés doivent être de volume limité que l'on peut acquérir en 2D et 3D.

#### 1.2.4.7 Effet de volume partiel

Le volume partiel provient du mélange de plusieurs tissus à l'intérieur d'un même voxel. Sa prise en compte permet des segmentations plus précises et des quantifications plus robustes [Blo].

Cet effet est rencontré lorsque les coupes réalisées sont épaisses par rapport à la structure étudiée, on ne peut en IRM diminuer trop l'épaisseur de coupes, la coupe la plus fine est de 3 mm dans un champ de 0,5 Tesla. L'acquisition tridimensionnelle permet la réalisation de coupes plus fines [Osw].

La taille des voxels (de l'ordre de $1mm^3$) est comparable à la taille des plus petites structures du cerveau. Par conséquent, il arrive souvent qu'un voxel appartienne à deux structures différentes. Lorsque la résolution augmente, le pourcentage de voxels partagés diminue. Cet effet est donc particulièrement sensible sur les images de faible résolution, comme celles utilisées en imagerie fonctionnelle [Mem].

La limitation des explorations en IRM peut être liée au patient lui-même, en raison de contre-indications, ou en raison de la présence d'éléments prothétiques métalliques qui vont rendre la zone au contact de ces structures métalliques interprétables.

De plus, comme toute technique, l'RM n'est pas fiable à 100%. La sensibilité (capacité de déceler une lésion) et la spécificité (capacité "d'étiqueter" une lésion) sont variables en fonction de l'organe examiné.

Les insuffisances peuvent être liées à la machine en raison d'une insuffisance de résolution spatiale par exemple, ou en raison d'artéfacts qui peuvent masquer ou simuler une lésion.

Le nombre de noyaux d'hydrogène, responsables de l'aimantation, limite souvent la résolution de l'IRM et donc la taille du volume observé.

### 1.2.5 Conclusion

On distingue les différents types de tissu par le biais de leurs différences en densité de protons et en temps de relaxation T1 et T2.

Pour les images pondérées en $T_1$, il faut choisir correctement les valeurs de TR et de TI. Pour l'imagerie pondérée en $T_2$, il faut choisir correctement la valeur de TE. Les angles des impulsions de radio fréquence (FA) affectent principalement la force du signal mesuré, mais affectent également le choix des paramètres de TR/TI/TE.

Les séquences anatomiques d'IRM comme IR, SE, FLAIR, Gado et SRM peuvent augmenter le contraste d'image et les tissus intéressants peuvent être contrastés.

Les effets de volume partiel ont pour conséquence d'adoucir les transitions entre les zones des différents tissus.

## 1.3 Segmentation d'images IRM

### 1.3.1 Introduction

La segmentation est une des étapes les plus importantes pour l'analyse des données d'images [Son02]. Elle vise à décomposer complètement ou partiellement une image en régions qui possèdent une corrélation forte avec les objets d'intérêt à détecter dans l'image. Elle permet ensuite de visualiser et de quantifier ces objets.

La segmentation du cerveau étudié par IRM comprend la segmentation de structures [Bar01], la classification des tissus [Kar04], la segmentation du volume d'objet (par exemple, tumeur) [Har94]. La classification ou segmentation des tissus, peut, par exemple, concerner la segmentation des tumeurs [Cla98][Kau01] comprenant des meningiomes et des gliomes [Kau99]. Elle inclut aussi la segmentation du cerveau en LCR, matière blanche (MB) et matière grise (MG) [Har94][Lim89][Rua00] et la quantification des lésions, par exemple liées à la sclérose en plaques [Udu97][Zij94].

Dans cette partie, nous nous intéressons aux méthodes de segmentation appliquées à l'IRM.

### 1.3.2 Spécificités de la segmentation d'images cérébrales

La segmentation précise et robuste du tissu cérébral étudié par IRM est une question très importante dans beaucoup d'applications et en particulier dans l'étude de certains désordres du cerveau. Un exemple est l'analyse et l'estimation quantitative des processus de croissance des tumeurs cérébrales, et l'évaluation des effets de certains traitements médicamenteux en clinique [Kau01][Ale96].

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

Une segmentation automatique est nécessaire pour deux raisons :

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

Par conséquent, de nombreuses études de segmentation automatique des tissus du cerveau dans les images d'IRM ont été effectuées et rapportées dans la littérature, telles que des techniques basées sur les réseaux neuronaux [Ama92][Ozk93], la logique floue, des méthodes statistiques [Raj97], la fusion d'information [Blo03]. Par la suite, nous présenterons les principales méthodes.

### 1.3.3 Recalage élastique fondé sur un modèle déformable

La technique de recalage élastique avec un modèle [Pit02] comprend deux composantes : forme libre et paramétrique.

La première est basée sur une contrainte de continuité locale, mais ne prend pas en compte de contrainte globale. Les caractéristiques des gabarits sont décrites par un ensemble de lignes.

La seconde est basée sur la connaissance *a priori* de la forme géométrique. Ces gabarits sont décrits par un ensemble de courbes ou de surfaces.

Les modèles déformables élastiques ont été proposés dès 1981 par Burr [Bur81]. Il a employé un ensemble de courbes comme formes de base évoluant sous la contrainte de forces locales.

En 1988, Kass a employé les fonctions splines dans un ensemble de courbes et a proposé un modèle de contour actif [Kas88], souvent nommé "snake" dans la littérature. C'est une structure dynamique utilisée en traitement d'image et en vision artificielle. Un modèle de contour actif est formé d'une série de points mobiles et répartis sur une courbe en deux dimensions. La courbe (qui peut être fermée) est placée dans la zone d'intérêt de l'image ou autour d'un objet. Elle se déplace et épouse lentement les contours des objets en fonction de divers paramètres comme l'élasticité, la tolérance au bruit, etc.

Le "snake" est un contour déformable visant à atteindre un optimum local dans un champ de potentiel par adaptation de sa forme et de sa position. Le contour évolue sous l'influence d'énergies internes, propres à la structure du contour, et d'énergies externes liées à la structure de l'image sur lequel il évolue.

La même année, Osher et Sethian [Osh88] ont présenté, une méthode d'implémentation basée non plus sur des courbes paramétriques mais sur l'utilisation de la fonction distance au contour. Le contour est alors le nivau 0 de la fonction distance.

Le Laboratoire des Sciences de l'Image, de l'Informatique et de la Télédétection (LSIIT), à Streasbourg, travaille sur recalage rigide d'images médicales multimodales (thèse : C. Nikou, soutenue 1999) et aussi sur recalage non rigide d'images cérébrales 3D avec contrainte de conservation de la topologie (thèse : Vincent Noblet, soutenue en Mars 2006). Nikou *et al.* [Nik98] [Nik99] proposent l'approche par fonctions de similarité robustes et modèles déformables sous contraintes statistiques. Noblet *et al.* [Nob05] [Nob06] presentent un approache de recalage l'image déformable 3D.

Les "level-sets" ont été employés pour gérer automatiquement les changements de topologie. Zhu [Zhu04b] a proposé une méthode de "level-set" pour des opérations d'extraction de l'encéphale de la boîte crânienne ("Skull-Stripping") en imagerie IRM. L'information statistique a été apportée dans la formulation de "level sets" par [Lev00]. Ciofolo [Cio04] a combiné la logique floue et les méthodes "level-set" pour la segmentation 3D du cerveau vu par IRM.

Camilleri *et al.* [Cam04] ont proposé une méthode de recalage élastique en multiple résolution pour l'IRM du cerveau. Le recalage est basé sur une pyramide de résolution afin d'obtenir des déformations à grande échelle aux niveaux grossiers et des déformations plus fines au niveau des détails, ayant pour résultat une convergence plus rapide.

### 1.3.4 Modèle statistique

S. Geman et D. Geman [Gem84] ont les premiers appliqué les modèles basés sur la mécanique statistique à la segmentation d'image. La mécanique statistique a été employée dans [San93] pour calculer les temps de relaxation $T_1$ et $T_2$ dans le processus afin d'identifier les tissus.

On distingue deux types de modèles statistiques [Raj97] pour la prise en compte des variations statistiques du signal IRM :

- le modèle de mesure,
- le modèle fondé sur des connaissances *a priori* relatives aux effets des inhomogénéités de champ magnétique et aux variations spatiales des tissus biologiques.

Le modèle typique de mesure est un mélange de gaussiennes et le modèle typique de connaissances *a priori*, un champ aléatoire de Markov (Markov random field (MRF)) en trois dimensions (3D).

Un algorithme de segmentation, basé sur un modèle statistique, cherche la configuration de l'image segmentée la plus probable sachant l'observation. Ceci correspond alors à retrouver la solution du maximum *a posteriori* (MAP), et estime les hyper-paramètres du modèle à partir des données image.

Wells *et al.* [Wel96] ont adopté une approche bayésienne pour classer les tissus et estimer le champ des inhomogénéités de l'intensité dans l'image des intensités log-transformées d'une image IRM originale. Cette approche est une version dérivée de l'algorithme EM (Expectation-Maximization) pour la segmentation adaptative des données IRM.

#### 1.3.4.1 Modèle de mesure - mélange fini de Gaussiennes

**Mélange fini de Gaussiennes (Finite Gaussian Mixture; FGM) [Tit85][McL00]**

Les sommes pondérées de gaussiennes peuvent approcher une grande variété de fonctions continues de densité de probabilité (pdf) [McL00], si le modèle a un nombre suffisant de composantes et si les paramètres du modèle sont choisis correctement. Suivant ce modèle la densité de probabilité de mesure est approchée par une combinaison linéaire de $M$ composantes :

$$p(x) = \sum_{m=1}^{M} P(m)p(x/m),\ M << N \tag{1.14}$$

où $N$ est le nombre de données, $p(x/m)$ la probabilité conditionnelle que $x$ appartienne à la catégorie $m$ et $P(m)$ sont les proportions des $m$ catégories dans l'image. Dans la pratique,

des noyaux ("kernels") gaussiens sont souvent employés pour décrire les densités de probabilité des composantes :

$$p(x/m) = \frac{1}{(2\pi\sigma_m^2)^{d/2}} \exp(-(\frac{(\| x - c_m \|)^2}{2\sigma_m^2})) \tag{1.15}$$

où $c_m$ et $\sigma_m$ sont respectivement les valeurs moyennes et les écarts types des gaussiennes de l'espace de données de dimension $d$. Nous notons l'ensemble de paramètres $\Theta = \{c_m,\sigma_m,P_m,...\}$, et l'ensemble de données $\chi = \{x_1,x_2,...,x_N\}$.

L'estimation du maximum de vraisemblance (MLE)) des paramètres du modèle $P(\Theta)$, $c_m$ et $\sigma_m$ est le point clé du calcul en FGM. La fonction de vraisemblance est définie comme :

$$\mathcal{L}(\Theta|\chi) = \prod_{n=1}^{N} p(x_n|\Theta) \tag{1.16}$$

Maximiser la fonction de vraisemblance $\mathcal{L}$ est alors équivalent à trouver un ensemble de $\Theta^*$ pour obtenir la pdf la plus probable par rapport à un ensemble de données, où

$$\Theta^* = \arg max_{\Theta} \mathcal{L}(\Theta|\chi) \tag{1.17}$$

.

**L'algorithme d'Estimation Maximisation**

L'algorithme d'Estimation Maximisation (EM) a été à l'origine décrit sous sa forme générale par Dempster, Laird et Rubin [Dem77]. EM a été appliqué largement pour estimer les hyper-paramètres dans la segmentation statistique d'image IRM. Il est souvent employé dans des problèmes d'évaluation où certaines données "manquent". En segmentation d'image IRM, les données manquantes sont la connaissance des classes du tissu. Les bonnes propriétés de convergence de EM s'appliquent aussi dans l'approche de [Wel96].

Pour la recherche du MLE, la maximisation directe de la fonction de vraisemblance en utilisant la méthode de Newton-Raphson ou des méthodes de descente de gradient est possible.

Le but de l'algorithme d'EM est de fournir un arrangement itératif pour obtenir des évaluations du maximum de vraisemblance, remplaçant un problème difficile par une suite de problèmes plus simples. C'est une technique courante pour approcher l'estimation MLE. L'algorithme EM peut être appliqué dans des situations comme les problèmes des données incomplètes, où l'évaluation de ML est rendue difficile par l'absence d'une certaine partie des données, conduisant à une structure de données plus familière et plus simple.

EM fonctionne dans deux étapes [Arc03] : l'étape-E et l'étape-M pour chaque pas de l'itération $(t)$ :

l'**étape-E** : Estimation d'un groupe de la probabilité d'appartenance pour chaque $x_n$ en utilisant les paramètres estimés courants.

$$P^{(t)}(m/x_n) = \frac{p^{(t)}(x_n/m)P^{(t)}(m)}{p^{(t)}(x_n)} \tag{1.18}$$

où $p^{(t)}(x_n/m)$ et $p^{(t)}(x_n)$ sont calculés selon les équations (1.15) et (1.14) respectivement.

l'**étape-M**: Maximisation de la vraisemblance résultante, en trouvant les paramètres pondérées.

$$c_m^{(t+1)} = \frac{\sum_{n=1}^{N} P^{(t)}(m/x_n)x_n}{\sum_{n=1}^{N} P^{(t)}(m/x_n)}, \tag{1.19}$$

$$\sigma_m^{2(t+1)} = \frac{\sum_{n=1}^{N} P^{(t)}(m/x_n) \cdot (\| x_n - c_m^{(t+1)} \|)^2}{d\sum_{n=1}^{N} P^{(t)}(m/x_n)}, \tag{1.20}$$

$$P^{(t+1)}(m) = \frac{1}{N}\sum_{n=1}^{N} P^{(t)}(m/x_n). \tag{1.21}$$

Notons que dans l'équation 1.18, $P^{(t)}(m/x_n)$ correspond à la probabilité *a posteriori* que $x_n$ soit généré par la composante $m$ à condition que le point de repère $x_n$ soit connu.

Archambeau *et al.* [Arc03] se sont concentrés sur les problèmes de convergence de l'algorithme pour un modèle d'apprentissage basé sur un mélange fini de gaussiennes.

#### 1.3.4.2 Modèle *a priori* - Champs aléatoires de Markov

Les champs aléatoires de Markov définissent un cadre efficace et puissant pour prendre en compte les interactions locales entre les caractéristiques de même ou de différentes natures. Ils aident à combiner et organiser l'information spatiale et temporelle voire même la connaissance générique forte au sujet des caractéristiques à estimer [Jia01]. Des modèles MRF ont été mis en oeuvre avec succès dans beaucoup de traitements fondamentaux des images tels que la segmentation en général [Cho90], [Gem90] et la segmentation des IRM en particulier [Rua02a].

La fonction d'énergie est un mécanisme plus commode et plus naturel pour modéliser l'information contextuelle que les probabilités conditionnelles locales du MRF.

Held *et al.* [Hel97] ont développé un algorithme de segmentation markovienne basé sur un algorithme adaptatif de segmentation décrit par Wells *et al.* dans [Wel96]. L'approche emploie le MRF en tant que moyen commode pour représenter le contexte ou la dépendance entre voxels voisins. Elle incorpore les caractéristiques importantes suivantes :

- La distribution non paramétrique des intensités du tissu est décrite par une distribution hyper-paramétrique de type Parzen [Dud73].

- Les caractéristiques sont estimées par la méthode de corrélations de voisinage qui sont prises en considération pour contrôler les effets du bruit et imposer une contrainte d'homogénéité des régions.
- Les connaissances *a priori* sur l'inhomogénéité sont également modélisées par un MRF.

Le champ de Markov avec la probabilité *a priori* $p(x)$ est utilisé pour modéliser les interactions spatiales sur les pixels de l'image. Un champ d'inhomogénéité faible $y$ est caractérisé par une distribution $p(y)$, avec un *a priori* markovien. Etant données les probabilités *a priori* pour le tissu $x_i$ et l'effet d'inhomogénéité $y_i$ au voxel $i$, la probabilité conditionnelle d'obtenir une intensité $z_i$ au voxel $i$ est calculée par une densité de probabilité $p(zi/x_i,\, y_i)$ estimée par la méthode de Parzen.

Pour l'intensité $z$ donnée par l'IRM, la règle bayesienne est employée pour calculer la probabilité *a posteriori* $p(x,y/z)$ de la segmentation $x$ et de l'inhomogénéité $y$

$$p(x,y/z) \propto p(z/x,y)p(x)p(y). \tag{1.22}$$

Cette probabilité est maximisée par la méthode du recuit simulé (simulated annealing ) ou par les modes conditionnels itérés. Dans un système à 6-voisinage en 3D, le voisinage MRF est basé sur la distribution $p(x)$

$$p(x) \propto \exp^{-E(x)} \tag{1.23}$$

où $E(x)$ est l'énergie de Gibbs

$$E(x) = \sum_{i,j} e_{x_i x_j} \tag{1.24}$$

avec $e_{x_i x_j}$, le potentiel local, le plus général entre deux voxels $i$ et $j$. Il doit être minimal pour des voxels voisins d'un même tissu ($x_i = x_j$) pour privilégier le regroupement de pixels voisins, c.-à-d. pour incorporer les corrélations spatiales de l'image IRM.

Une difficulté principale pour la segmentation d'IRM est la variation de signal provoquée par les inhomogénéités des champs magnétiques, particulièrement celles du champ d'excitation, et le profil de sensibilité de la bobine de réception. Par conséquent, une segmentation peut être correcte dans une partie du volume et échouer dans une autre partie. Le MRF proposé par [Hel97] traduisant les effets d'inhomogénéité est basé sur un potentiel local reliant les 6 plus proches voisins :

$$p(y) \propto \exp^{-U(y)} \tag{1.25}$$

avec une énergie de Gibbs s'écrivant :

$$U(y) = a \sum_{i,j} (y_i - y_j)^2 + b \sum_i y_i^2 \tag{1.26}$$

où $y$ est le champ continu des inhomogénéités, appelé également le champ de polarisation dans [Wel96].

Comme le champ magnétique varie spatialement lentement, la probabilité *a priori* $p(y)$ doit fournir un champ d'inhomogénéité lisse et il semble être insuffisant de considérer un voisinage local de 6 voisins pour obtenir un tel champ d'inhomogénéité lisse. Mais il est bien connu en mécanique statistique que de tels potentiels locaux apportent des corrélations spatiales élevées, car deux points éloignés sont reliés par un certain nombre de potentiels locaux.

Pour chaque classe du tissu $\overline{x}$, un ensemble d'apprentissage $N_{\overline{x}}$ avec $\overline{z}_n$ ($n = 1,2,\ldots,N_{\overline{x}}$) est sélectionné de manière interactive par un expert comme dans [Kik92]. La distribution de Parzen est obtenue en centrant une gaussienne de variance $\Delta$ autour de chaque point d'apprentissage :

$$p(z_i/x_i,y_i) = \frac{1}{N_{x_i}} \sum_{n=1}^{N_{x_i}} \frac{1}{(2\pi)^{d/2} \mid \Delta \mid^{1/2}} \exp^{-(y_i z_i - \overline{z}_{n,x_i})^t \Delta^{-1} (y_i z_i - \overline{z}_{n,x_i})/2} . \tag{1.27}$$

Cette distribution se rapporte aux corrélations entre les signaux d'écho.

Les spécifications du modèle de MRF en termes de "odds ratio" conditionnels sont une conséquence du théorème de Hammersley-Clifford. Selon [Bou95], les avantages de MRF sont un comportement isotrope (isotropic behavior) et une dépendance essentiellement locale (only local dependencies). Les inconvénients du modèle résident dans la difficulté à calculer la probabilité et à estimer les paramètres.

#### 1.3.4.3 Segmentation fondée sur les modèles statistiques

Wells *et al* [Wel96] emploient des connaissances sur les propriétés d'intensité des tissus et des inhomogénéités d'intensité pour corriger et segmenter les images IRM.

L'approche de Wells [Wel96] est basée sur deux hypothèses :

- le champ de polarisation et les classes de tissu sont statistiquement indépendants, puisque les inhomogénéités d'intensité proviennent du matériel;
- les intensités de voxel sachant le tissu sont statistiquement indépendantes (en d'autres termes, le bruit du signal d'IRM est blanc).

La première hypothèse peut fournir la probabilité jointe entre l'intensité et la classe du tissu, conditionnée par le champ de polarisation. On peut obtenir la probabilité conditionnelle

non conditionnée de l'intensité en calculant une classe marginale sur l'ensemble des tissus. Le processus de modélisation a conduit à une distribution d'intensité indépendante de la classe qui est un mélange de populations gaussiennes (une population correspondant à une classe du tissu). Puisque ce modèle est un mélange gaussien, plutôt qu'une distribution purement gaussienne, les estimateurs que nous dérivons ci-dessous sont non linéaires.

La deuxième hypothèse permet de définir une densité de probabilité pour l'image toute entière.

La règle bayesienne peut alors être employée pour obtenir la probabilité *a posteriori* du champ d'inhomogénéités sachant l'intensité observée. Le principe de MAP est employé pour formuler une évaluation du champ de polarisation comme valeur ayant la plus grande probabilité *a posteriori*.

### 1.3.5 Segmentation fondée sur la classification

Le principe du regroupement se rapporte à la classification d'objets dans des groupes selon certaines propriétés de ces objets. Du point de vue de la segmentation des images, on cherche à construire des vecteurs de caractéristiques dans certaines zones typiques de l'image qui seront ensuite utilisés pour la classification des points de l'image.

Il existe une grande variété d'algorithmes de regroupement de pixels dans la littérature. La plus populaire et la plus simple est la technique K-means. Pappas dans [Pap92] a présenté un algorithme de regroupement adaptatif basé sur les K-means. Il emploie des dépendances de voisinage mais seulement des distributions gaussiennes d'intensité pour la segmentation de l'image.

Pour la segmentation des volumes IRM, nous avons choisi de détailler deux techniques de classification : le regroupement flou, C-moyenne floue (fuzzy C-means; FCM), et les séparateurs à vaste marge (Support Vector Machines; SVM).

#### 1.3.5.1 C-moyenne floue (FCM)

Clark *et al.* [Cla94] proposent une segmentation d'IRM basée sur des techniques de regroupement floues. FCM [Can86] est l'algorithme clé dans l'approche de [Cla94] pour segmenter et labeliser des volumes d'IRM du cerveau.

Un volume d'IRM est divisé en deux super-classes : la super-classe dite normale et la super-classe dite anormale. La super-classe normale contient les tissus tels que MB, MG, et LCR. La super-classe anormale contient les zones pathologiques telles que tumeur, oedème et nécrose, etc.

Le système proposé dans [Cla94] est organisé comme suit :

- une segmentation initiale non supervisée est effectuée par FCM pour chaque coupe d'IRM;
- un système expert appelé "focalisation d'attention" (focus-of-attention) sur les tissus, localise une marque (landmark) en utilisant les techniques de reconnaissance de modèle proposées par [Chi86];
- des modèles qualitatifs de coupes du tissu cérébral sont définis et mis en correspondance avec des coupes de l'image;
- si une déformation est détectée, la coupe est classifiée comme anormale;

Les concepts de la théorie des ensembles flous sont importants pour ce travail. Non seulement chaque coupe d'un volume d'entrée est traitée en utilisant FCM pour segmenter les données d'IRM en 10 classes ou régions, mais également la distribution des caractéristiques spatiales, dans ces 10 classes, qui servent de base de connaissances pour la segmentation initiale est définie de façon floue. Une partie de la connaissance de base pour le système est autorisée à être approximative ou floue.

Chen *et al.* [Che04] ont également proposé un algorithme basé sur FCM pour la correction d'inhomogénéité d'intensité et la segmentation d'image IRM.

#### 1.3.5.2 Séparateurs à Vaste Marge (SVM)

Les Séparateurs à Vaste Marge (Support vector machines (SVM)) font partie de la théorie d'apprentissage statistique.

La théorie de Vapnik Chervonenkis développée durant la période 1960-1990 par Vladimir N. Vapnik et Alexey Chervonenkis a expliqué le processus d'apprentissage de point de vue statistique. Jusqu'au milieu des années 90, ils avaient établi une théorie, appelée "théorie d'apprentissage statistique" [Vap95]. Pour résoudre certains problèmes tels que la structure de réseaux, les extrêmes locaux d'apprentissage, le sur et le sous apprentissage, SVM a été développé. Vapnik *et al.* ont montré quelques avantages spécifiques sur un ensemble d'échantillon faible, et la reconnaissance des formes de modèle non-linéaire et de haute dimension.

L'idée fondamentale des SVM est de séparer un ensemble de données en deux sous classes à l'aide d'un hyperplan. Les paramètres de cet hyperplan sont déterminés de telle façon que la distance de chacune des deux classes à l'hyperplan soit maximale (d'où le nom de séparateur à vaste marge).

Pour un problème non-linéaire de classification tel que celui des tissus du cerveau, l'ensemble d'échantillonage est souvent transformé vers un espace linéaire de dimension élevée par

une fonction non-linéaire $\phi(\bullet)$. Dans cet espace linéaire, un hyperplan optimal est construit. En effet, il n'est aucun besoin d'obtenir explicitement la fonction $\phi(\bullet)$. A sa place une fonction noyau $K(x_i,x) = \phi(x_i)\phi(x_j)$ est calculée pour résoudre le problème optimal, avec $x \in R^d$, un ensemble linéaire expansible, et $i = 1,2,...,N$. Le noyau doit satisfaire la condition de Mercer [Vap95]. Ainsi, le choix du noyau est une clé importante de la méthode des SVM. Il existe quatre fonctions noyaux classiques:

- Fonction linéaire

$$K(x_i,x) = x_i \bullet x; \tag{1.28}$$

- Fonction polynôme

$$K(x_i,x) = [(x_i \bullet x) + 1]^p; \tag{1.29}$$

- Fonction sigmoïde

$$K(x_i,x) = tanh(v(x_i,x) + c) \tag{1.30}$$

- Fonction isotrope (radiale) de base (Radial basis function, RBF)

$$K(x_i,x) = \exp(- \parallel x_i - x \parallel^2 / \sigma^2) \tag{1.31}$$

En raison des distributions caractéristiques des tissus du cerveau observés par IRM multi-spectrale, Wu *et al.* [Wu05] choisissent un noyau isotrope pour classer les tissus.

Pour réduire l'interaction humaine, la méthode doit utiliser le minimum de coupes pour obtenir des données d'apprentissage tout en assurant l'exactitude de la segmentation. Ainsi dans le système proposé par [Wu05], deux techniques sont adoptées pour obtenir des données d'apprentissage:

- choix aléatoire de plusieurs coupes à partir de toutes les coupes du volume contenant les tissus tumoraux;
- choix d'une coupe unique présentant des caractéristiques pathologiques les plus typiques de la tumeur à partir du volume entier.

Des données sont obtenues dans chaque coupe d'apprentissage en choisissant aléatoirement 50% de tous les échantillons, ce qui peut non seulement diminuer la période d'apprentissage du classificateur de SVM, mais diminue également l'impact provoqué par l'incertitude d'appartenance des voxels à une classe différente du tissu autour de la frontière diffuse.

Wu *et al.* [Wu05] proposent un système à deux niveaux pour segmenter les tissus du cerveau. Le premier, l'algorithme de SVM est exécuté pour identifier la région tumorale dans le volume entier. Puis l'algorithme FCM est appliquée sur la région tumorale détectée pour la sous diviser selon les différents types de tissus anormaux.

Pour construire l'espace des caractéristiques, [Wu05] considère l'intensité et l'information spatiale. Chaque voxel de coordonnées $v = (x,y,z)$ observé selon les trois séquences T1, T2 et DP, respectivement est recalé dans un système commun de coordonnées. La taille de chaque volume qui correspond à chaque séquence est de $M \times N \times V$. Les ensembles d'intensités sont notés $I_{T1}$, $I_{T2}$, $I_\rho$, et $M \times N$ est le nombre total de pixels dans chaque coupe d'image; $V$ correspond à $z$, le nombre de coupes du volume 3D.

Pour supprimer l'influence de l'échelle d'intensité des images obtenues selon différentes séquences, les intensités sont normalisées par l'intensité maximale de chaque volume : $I_{T1}/Max_{T1}$, $I_{T2}/Max_{T2}$, $I_\rho/Max_\rho$. L'ensemble des positions est aussi normalisé par la taille du volume : $x/M$,$y/N$,$z/V$.

Considérant l'information de position, Wu *et al.* emploient deux facteurs de normalisation de l'information, le facteur $\lambda_1$ pour $(x, y)$ et $\lambda_2$ pour $z$. Si l'information d'intensité n'utilise que l'espace de caractéristiques, on fixe $\lambda_1$ et $\lambda_2$ à 0.

Les expériences prouvent que la segmentation résultante de la méthode SVM+FCM dans [Wu05], correspond bien aux résultats obtenus manuellement par le neuro-radiologue. Elle peut réaliser la capture précise de la région tumorale et une segmentation floue efficace de la tumeur entière et de la région d'oedème. La méthode est facile à mettre en oeuvre et nécessite peu d'interventions et de prétraitements des images. De plus, elle peut être facilement adaptée à d'autres séquences d'IRM.

Dans [Kar04], l'objectif était de développer de meilleurs outils de visualisation et des techniques pour la détection et le suivi des pathologies dans des images IRM. Des SVM ont été utilisées, de façon non supervisée, pour segmenter des tissus dans l'image IRM avec différents paramètres d'apprentissage d'image. La segmentation reposait sur un ensemble d'apprentissage de caractéristiques obtenu en utilisant une analyse en composantes principales. Des données simulées et vraies ont été employées. Les SVMs se sont avérés être un outil approprié pour la classification d'images IRM.

### 1.3.6 Analyse de texture

La texture est une des propriétés de base de l'image. Elle représente l'ordonnancement visuel du changement des niveaux de gris dans une surface de l'espace ou une structure d'un objet. Maitre [Mai03] a proposé la définition suivante : "une texture est un champ de l'image qui apparaît comme un domaine cohérent et homogène".

La caractérisation d'une texture repose sur des attributs tels que le contraste, la directionnalité, la structure des lignes, la régularité et la rugosité, etc. Son but principal est l'identification

de texture et l'analyse de forme basée sur celle-ci.

L'analyse de texture peut être employée pour effectuer la classification des tissus et la segmentation d'image IRM, mais aussi pour estimer la gravité d'une tumeur.

Dans le travail de L. Kjaer *et al.* [Kja95], les textures ont été calculées sur des images T1 et T2 en appliquant des statistiques de premier et de second ordre sur les niveaux de gris. La différenciation des tissus dans les images a été estimée par la présence ou l'absence des différences significatives entre les types du tissu. Une discrimination fine a été obtenue entre la matière blanche, la matière grise corticale, et le LCR dans le cerveau normal. La matière blanche a été aisément séparée des lésions de tumeur. La méthode de séparation du tissu de tumeur solide et de l'oedème tumoral a été proposée pour certains types de tumeurs. Cependant, aucune discrimination entre croissances bénigne et maligne de tumeur n'était possible.

Mahmoud-Ghoneim *et al.* [MG03] ont proposé une nouvelle approche 3D en employant l'analyse par matrice de co-occurrence pour augmenter la sensibilité et la spécificité de la caractérisation de la tumeur du cerveau. Cette approche a été effectuée sur des images en T1 de gliomes pour la caractérisation de la tumeur solide, de la nécrose, de l'oedème et de la matière blanche environnante. Elle a montré une meilleure discrimination entre la nécrose et la tumeur solide aussi bien qu'entre l'oedème et la tumeur solide; la matière blanche peritumorale déborde sur l'oedème, mais est complètement séparée de la matière homo-latérale lointaine.

La proposition de S. Herlidou-Meme *et al.* [HM03] est une évaluation multicentre de l'utilité d'une approche quantitative pour la caractérisation des tissus humains sains ou pathologiques de cerveau (matière blanche, matière grise, LCR, tumeurs et oedème). Chaque région d'intérêt sélectionnée dans le cerveau a été caractérisée par ses valeurs moyennes de niveau gris et par plusieurs paramètres de texture. Une analyse statistique multivariable a été alors appliquée afin de distinguer chaque type du tissu représenté par son propre ensemble de paramètres de texture. L'analyse de texture a été auparavant effectuée sur des objets testés pour évaluer la dépendance de la méthode à des paramètres d'acquisition et par conséquent l'intérêt d'une évaluation multicentre. Même obtenues sur différents emplacements avec chacune son propre protocole d'acquisition, les images IRM de cerveau contiennent des caractéristiques de texture qui se révèlent discriminantes pour la classification des tissus et la segmentation d'images. Elles peuvent également offrir une information additionnelle en cas de diagnostic indéterminé ou amener à une évaluation plus précise de la tumeur.

Une méthode de segmentation basée sur la texture doit être à la fois

- Robuste : pour fusionner en une seule région des zones de textures similaires,
- Sensible : pour différencier des zones de textures légèrement différentes.

L'équilibre entre ces deux critères constitue toute la difficulté du choix des paramètres de texture.

L'IRM du cerveau présente des zones de textures très complexes. Il n'est pas facile de trouver des modèles de texture qui peuvent séparer tissus normaux et anormaux tels que les tumeurs. Ainsi l'application de l'analyse de texture n'est pas satisfaisante pour la segmentation de tumeurs de cerveau en imagerie IRM. De plus, le temps de calcul nécessaire pour l'analyse de texture n'est pas acceptable pour l'application.

### 1.3.7 Techniques à base de connaissances *a priori*

Clark *et al.* ont proposé dans [Cla98] une segmentation automatique de tumeur en utilisant des techniques basées sur les connaissances *a priori*.

Dans le domaine de l'IRM, on distingue deux sources de connaissances disponibles :

- L'intensité du signal de chaque voxel qui décrit des caractéristiques du tissu dans le système IRM;
- L'espace anatomique qui inclut des formes et les positions prévues de certains tissus, tel que par exemple le LCR qui se situe dans les ventricules.

Mais la nature des tumeurs limite l'utilisation de la connaissance anatomique, puisqu'elles peuvent avoir n'importe quelle forme et occuper n'importe quel secteur dans le cerveau. Ainsi une connaissance spécifique des tumeurs est indispensable pour segmenter correctement les tissus tumoraux. Par exemple :

- la matière blanche est habituellement déformée quand des tumeurs de taille importante sont présentes [Cla94];
- si la matière blanche n'est pas déformée, la mesure d'asymétrie du LCR détermine s'il y a une tumeur de taille moyenne [Cla94];
- les histogrammes bivariables T1/DP et T2/DP ont montré leur utilité dans [Cla98];
- les rapports typiques d'intensité entre la zone de tumeur et d'autres tissus du cerveau peuvent être exploités [Cla98] :
  a) les pixels de tumeur en Gado occupent les valeurs les plus élevées en T1;
  b) les pixels de tumeur en Gado occupent les valeurs les plus élevées en DP, cependant pas avec le degré de séparation trouvé dans l'espace T1 [Hen93];
  c) les pixels de tumeur en Gado occupent des valeurs proches des valeurs moyennes des images en T2, rendant la segmentation en imagerie pondérée en T2 difficile;

d) la tumeur peut présenter une inhomogénéité significative due à la présence d'oedème, de nécrose, et probablement de quelques cellules parenchymales capturées par l'effet de volume partiel [Cla98];

Pollo *et al.* [Pol05] ont proposé une méthode pour la segmentation des structures du cerveau par déformation d'un atlas segmenté du cerveau en présence d'une lésion de taille importante. Elle est basée sur un modèle de connaissance *a priori* de la croissance de la lésion (model of lesion growth, MLG) qui suppose l'expansion radiale d'un germe et implique trois étapes :

- d'abord, un recalage fin mettant l'atlas et le patient dans un référentiel commun;
- puis, le placement d'un germe d'une tumeur synthétique dans l'atlas de cerveau fournissant un calibre pour la lésion;
- enfin, la déformation de l'atlas suit l'évolution du germe, combinant une méthode dérivée des principes optiques d'écoulement et d'un modèle de croissance de lésion.

La méthode a été appliquée sur deux meningiomes induisant un déplacement des structures fondamentales du cerveau : la précision de segmentation des ventricules et du ganglia basique a été évaluée. Les résultats prouvent que les structures segmentées étaient conformes à l'anatomie du patient et que l'exactitude de déformation des structures environnantes du cerveau dépendait fortement du placement précis du germe de la tumeur.

### 1.3.8 Connectivité floue

Udupa *et al.* [Udu96] ont les premiers proposé une méthode de connectivité floue et ont développé la théorie et les algorithmes associés.

La connectivité floue consiste à connecter des éléments d'image formant un objet (qui est un phénomène global) en employant des critères structuraux flous et en employant des critères d'intensité pour une délinéation précise des informations sur les sites potentiels. Ce concept permet de manipuler d'une manière floue des caractéristiques 3D d'objet globales permettant également de prendre simplement en compte des incertitudes sur les objets.

Les principes de la connectivité floue prennent en compte les éléments suivants :

- Deux caractéristiques importantes sont à considérer pour décrire des objets d'une scène : l'une correspond à son contenu, et l'autre est sa disposition par rapport aux autres objets de la scène.
- Adjacence floue et affinité. La relation floue $\alpha \in [0,1]$ qui donne le degré d'adjacence de tous les éléments spatiaux $(v_i,v_j)$ par une fonction $\mu_\alpha(v_i,v_j)$ :

$$\mu_\alpha(v_i,v_j) = \begin{cases} \frac{1}{1+k_1(\sqrt{(v_i-v_j)^2})}, & si\ \sqrt{(v_i-v_j)^2} \leq 1 \\ 0, & sinon. \end{cases} \tag{1.32}$$

L'affinité $\kappa$ est une relation floue locale. La force $\mu_\kappa(v_i,v_j)$ de la relation floue locale entre tous les éléments spatiaux $(v_i,v_j)$, indique comment les éléments spatiaux s'accrochent localement dans la scène, ils sont déterminés à partir de $\mu_\alpha(v_i,v_j)$ pour déterminer de quelle manière les intensités de $v_i$ et $v_j$ ou les fonctions dérivées des intensités en $v_i$ et $v_j$ $f(v_i)$ et $f(v_j)$ sont semblables. La fonction d'affinité s'écrit :

$$\mu_\kappa(v_i,v_j) = \frac{\mu_\alpha(v_i,v_j)}{1 + k_2 \mid f(v_i) - f(v_j) \mid}. \tag{1.33}$$

– Connectivité floue et objets flous. La connectivité représente un phénomène global d'accrochage potentiel dans une relation floue globale dépendant des éléments spatiaux. En général il y a de nombreux "chemins" possibles pour aller de $v_i$ jusqu'à $v_j$, chaque chemin est une séquence d'éléments spatiaux partant de $v_i$ et finissant en $v_j$. Considérons 2 points : chaque paire d'éléments spatiaux successifs constitue un lien et l'ensemble une chaine de liens. On assigne à chaque chaîne une force de connectivité. La force de connectivité entre $v_i$ et $v_j$ est la force la plus élevée de tous les chemins.

Udupa *et al.* [Udu97] ont présenté une application de la connectivité floue à la quantification d'une lésion de sclérose en plaques vue par IRM. Cette application est basée sur les connaissances suivantes relatives aux images IRM :

– en T1, les lésions sont des régions hypo-intenses à la suite de l'application d'un produit de contraste au Gadolinium.
– les images pondérées en T2 et en DP montrent les lésions avec des valeurs hyper-intenses.

Ainsi [Udu97] utilise un affichage des coupes de T2 et de DP. La connectivité floue est appliquée sur chaque coupe 2D du volume 3D et concerne uniquement les tissus sains, MB, MG et LCR, mais pas les lésions. La détection des lésions nécessite quatre étapes :

– indication des spécifications des points dans les régions de LCR, de MB et de MG;
– les points indiqués sont employés pour détecter MB, MG et LCR en tant qu'objets flous contenant ces points;
– par une souris, un opérateur expert indique quelles lésions potentielles sont acceptées ou rejetées;
– le système fournit finalement le nombre de lésions ainsi que les volumes remarquables et subtils de chaque lésion.

Udupa *et al.* [Udu02] proposent une notion de connectivité floue relative pour pallier le besoin d'un seuil et obtenir des segmentations plus efficaces. Au lieu de définir un objet uniquement basé sur la force de connectivité [Udu96], tous les co-objets d'importance présents dans l'image sont également considérés et les objets mis en concurrence pour accrocher d'autres éléments de l'espace. Ainsi, chaque paire d'éléments spatiaux de l'image possède une force de connectivité par rapport à chaque objet. Dans les trois expériences de [Udu02], des germes multiples ont été utilisés pour indiquer un objet et d'autres différents correspondant au fond. Ces expériences concernent :

- la séparation des artères et des veines dans des images d'angiographie par résonance magnétique;
- la segmentation de sculptures à partir du reste de la scène d'une image photographique en couleurs acquise dans une ambiance de lumière de jour;
- la segmentation de la région de matière blanche du reste des tissus dans une coupe de cadavre de femme acquise par photographie numérique couleur.

C. Tian et X. Gao [Tia05] se sont appuyés sur la théorie de la connectivité floue proposée par Udupa *et al.* [Udu96][Udu02] [Sah00][Udu99][Udu03], pour créer un algorithme de segmentation interactif de connexion floue en utilisant la transformation d'ondelettes. Cette méthode permet d'obtenir rapidement et efficacement, avec peu d'interaction, les régions d'intérêt aussi bien en imagerie médicale que dans des images synthétiques bruitées.

### 1.3.9 Conclusion

Puisque les tissus du cerveau normal possèdent des caractéristiques stables d'intensité et de géométrie, il n'est pas difficile d'obtenir ces caractéristiques de distributions statistiques. C'est pourquoi certains modèles statistiques et certaines méthodes fondées sur l'utilisation de gabarits ou d'atlas sont fréquemment employés pour la segmentation des tissus du cerveau normal.

Normalement il n'existe aucune solution théorique pour résoudre les équations de vraisemblance, et il est nécessaire d'employer des méthodes numériques. L'algorithme EM [Dem77] est une méthode générale pour estimer le maximum de vraisemblance dans des problèmes comportant des données incomplètes, où l'évaluation du maximum de vraisemblance est rendue difficile par l'absence d'une certaine partie des données, en passant par une structure de données plus familière et plus simple. Les paramètres sont estimés après avoir initialisé les données absentes. Ces dernières sont mises à jour par leurs valeurs prévues en utilisant les paramètres. Les paramètres sont estimés alors itérativement jusqu'à convergence. Aussi la convergence de l'algorithme de EM est-elle un problème délicat.

D'autres approches, comme les réseaux de neurones [Ama92] ou n'importe quelle sorte de méthode supervisée basée sur un ensemble d'apprentissage pourrait avoir des difficultés en faisant face aux protocoles légèrement différents de formation d'image d'IRM et aux effets du traitement [Cla98].

La classification basée sur le regroupement flou ou la connectivité floue [Udu97] [Udu02] [Sah00] [Sah01], est puissante pour résoudre le problème de la segmentation et de la classification des tissus anormaux vus par IRM. Mais ces méthodes nécessitent une étape d'apprentissage ou une interaction manuelle.

Quelques méthodes ont été récemment introduites pour la segmentation 3D directe de tumeurs ou lésions de sclérose [Pol05][Udu97]. Ces approches sont généralement supervisées ou semi-supervisées au niveau de la décision.

Les méthodes à base de connaissances ou de la logique floue fournissent certaines techniques spécifiques pour modéliser les tissus ou les objets de cerveau. Aussi, elles sont fréquemment employées dans la segmentation du tissu anormal.

La fusion de données en IRM peut être effectuée à trois niveaux : au niveau pixel, au niveau caractéristique ou au niveau prise de décision. Au niveau pixel il y a les méthodes utilisant le recalage comme la fusion de données d'IRM-PET (tomographie d'émission de positron) [Beh98] ou la fusion multi-modale [Agu02]. Au niveau caractéristique il y a des techniques de segmentation à base de connaissances comme celles proposées par Clark [Cla98] ou par Barra [Bar01] voir section 1.4.4.1). Enfin au niveau de la prise de décision la théorie de la croyance (théorie de Dempster-Shafer) propose un modèle pour la fusion [Blo03][Blo96b][Lef00].

Dans ce qui suit, nous présentons les principes de fusion d'informations et nous dressons un panorama des principales méthodes.

## 1.4 Fusion d'informations

### 1.4.1 Introduction

Puisque l'IRM peut fournir des informations diverses sous forme d'intensités d'images liées à l'anatomie par une variété de séquences d'excitations, (par exemple **T1**, **T2**, et **DP**), c'est un outil puissant pour améliorer le diagnostic clinique. Les images obtenues à partir des différentes séquences d'excitation, sont également appelées : images multispectrales. Puisqu'un objet volumique se compose de différents éléments biologiques, un seul type d'IRM ne peut pas fournir des informations complètes sur les éléments. Par conséquent, les experts en matière de radiologie combinent toujours l'information multispectrale d'IRM d'un même objet pour

prendre une décision. La théorie de fusion d'information est donc particulièrement appropriée pour analyser les signaux multispectraux.

Dans cette section, nous discutons le concept de fusion et les techniques de fusion d'information existant en traitement d'image, en particulier la fusion d'information utilisée en IRM.

### 1.4.2 Concept de fusion

"La fusion d'information consiste à combiner des informations issues de plusieurs sources afin d'améliorer la prise de décision" [Blo03].

Le système de fusion est efficace à condition que les caractéristiques de l'information provenant des différentes sources soient redondantes et complémentaires. La redondance est exploitée pour réduire les incertitudes et l'imprécision de l'information. La complémentarité est employée lors de la fusion pour obtenir une information totale plus complète et pour lever les ambiguités [Blo03]. Pour certaines caractéristiques de l'objet observé il existe une unité commune ou une unité d'intersection non vide parmi l'ensemble des informations.

Un des premiers domaines d'application est celui de la défense qui a été étudié par le groupe de travail sur la fusion de données du Joint Directors of Laboratories (JDL), du département de la défense des Etats Unis [Blo03]. Ce groupe a été créé en 1986. La technique de fusion est l'aboutissement du travail sur la poursuite, la reconnaissance et l'identification automatique de cibles, ainsi que la surveillance des champs de bataille. La définition la plus connue de la fusion de données est donc donnée par le JDL [Wal90][Ant90]:

*La fusion de données est un processus qui traite l'association, la corrélation et la combinaison de données et d'informations provenant de sources multiples afin d'améliorer l'estimation de position et l'identification d'objets et de permettre l'évaluation de situations et de menaces aussi bien que leur signification.*

Etant donnés les avantages apportés par la fusion des informations fournies par des capteurs multiples, elle a été utilisée par des chercheurs dans de multiples domaines, tels que la reconnaissance automatique de cible (automated target recognition) [Bet98], le guidage automatique à l'atterrissage des avions (automatic landing guidance) [Swe96], la détection à distance (remote sensing) [Haa99][Hav99] [Nun99], le contrôle des procédés de fabrication (monitoring of manufacturing processes) [Che00][Yel99], la robotique(robotics) [Abi92], et les applications médicales (medical applications) [Her96][Her99][Kau97].

La fusion présuppose :

1. au niveau des signaux, des redondances et complémentarités entre les caractéristiques des données ou les informations des sources;

2. au niveau de l'espace, l'existence d'une unité commune à observer;
3. au niveau du traitement, des opérations de combinaison ou d'association.

Dans les travaux du JDL, la fusion des données d'images radar et d'images satellites ou d'images aériennes constitue l'application principale [Wal90]. En ce sens là, on peut dire que le traitement d'image par fusion a commencé presque en même temps que le travail théorique sur la fusion des données en général.

### 1.4.3 Architecture de fusion d'informations en traitement d'images

Les images constituent une source d'information majeure pour les systèmes de fusion d'information. La donnée issue de l'image peut être intégrée à un modèle physique par l'intermédiaire d'une estimation de l'objet, au niveau pixel ou voxel dans le cas des images 3D.

Hall (1992) a proposé trois architectures de traitement comme trois solutions alternatives utilisées pour les données multicapteurs [Hal92] :

- fusion directe des données provenant des capteurs,
- représentation des données du capteur par l'intermédiaire de vecteurs de caractéristiques, et
- traitement sur chaque vecteur avant de prendre une décision finale.

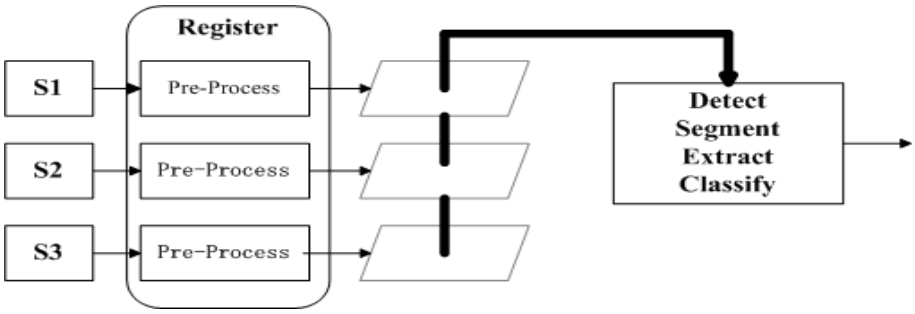
Waltz (1995) s'est intéressé à la reconnaissance automatique des cibles en termes réels (ATR), et proposé trois niveaux de fusion des données d'image [Wal95] :

- le niveau pixel,
- le niveau des caractéristiques,
- et le niveau de la décision.

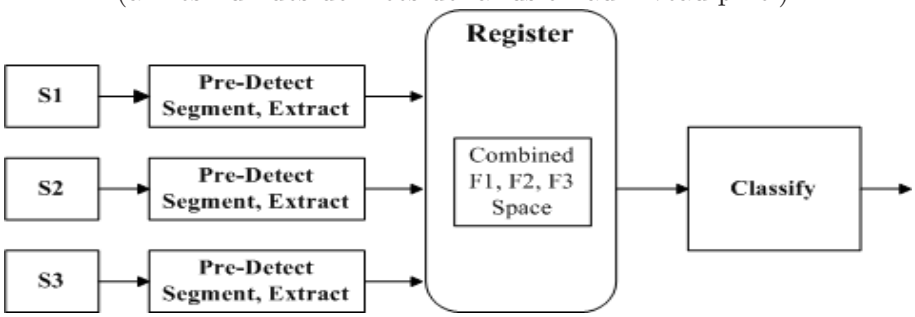
Figure 1.3 montre la triple architecture proposée pour générer les flux de données à chaque niveau.

Waltz [Wal01] discute des avantages et inconvénients d'une telle architechture :

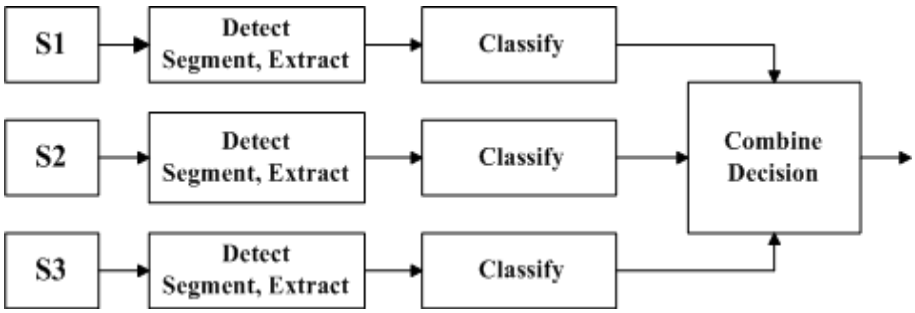
- La fusion au niveau pixel est la plus performante. Mais elle exige un recalage spatial précis, car toute erreur de recalage affecte directement la décision. En outre, elle a un coût de calcul élevé.
- La fusion au niveau des caractéristiques suppose une détection indépendante en chaque point d'émission des données. Elle combine les caractéristiques extraites dans un espace commun de décision et optimise la classification pour les cibles choisies.




(a. Les flux des données de la fusion au niveau pixel)




(b. Les flux des données de la fusion au niveau des caractéristiques)




(c. Les flux des données de la fusion au niveau de la décision)

FIG. 1.3 – *Les trois niveaux de fusion d'un système pour combiner les 3 sources S1, S2 et S3 [Wal01]*

.

– La fusion au niveau décision suppose non seulement une détection mais une classification indépendantes en tout point d'émission des données. Elle combine des décisions en utilisant des opérateurs booléens **ET** et **OU**, ou l'inférence bayésienne. C'est le calcul le plus simple.

### 1.4.4 Fusion d'informations utilisée en IRM

L'objectif du recalage est de superposer exactement les pixels (voxels) correspondant à un même objet observé dans diverses images [Blo03]. La tâche de fusion en traitement des images

est donc étroitement liée à la prise de décision souvent par association au recalage géométrique des images. Aujourd'hui, beaucoup de travaux en fusion d'images se contentent d'effectuer la fusion puis de laisser à un opérateur humain le soin de mettre en oeuvre la prise de décision [Blo03].

Le système le plus connu de fusion en imagerie médicale est PACS (Picture Archiving and Communication Systems, système d'archivage et d'échange d'images [Blo03]).

PACS est un outil interactif qui réalise une fusion multisource et visualise les résultats pour permettre à l'expert d'élaborer son diagnostic. Les sources d'images peut être acquises par différentes modalités comme CT (computed tomography), IRM, SPECT (Single Photon Emission Computed Tomography) et PET (Positron Emission Tomography).

Alyafei *et al.* [Aly99] décrivent une application de PACS à la fusion des images multimodalités. Après le recalage, des séries d'images anatomiques de CT et d'IRM sont fusionnées avec des images métaboliques PET. PACS est un outil de diagnostic très utile.

La fusion d'images a tout d'abord été introduite pour améliorer les performances de la reconnaissance des formes, de la détection et de l'identification, mais aussi pour des applications qui ont besoin de prendre des décisions tout au long du processus de reconnaissance.

Nous nous concentrons ci-après sur trois méthodes typiques : la fusion basée sur la théorie de la possibilité, la fusion de niveau élevé basée sur la théorie de l'évidence, la fusion de bas niveau basée sur cette même théorie de l'évidence.

#### 1.4.4.1 Fusion d'informations basée sur la méthode des ensembles flous

En 2000, Isabelle Bloch propose un cadre unifié de fusion d'informations dans le domaine médical basée sur les ensembles flous [Blo00], et permettant de représenter et traiter aussi bien les informations numériques que symboliques. La théorie des ensembles flous est appliquée à trois niveaux :

- au niveau bas, pour traiter l'information numérique de base contenue dans les images, aussi bien que la possible ambiguïté entre les classes;
- au niveau objet, pour représenter des objets ou des structures dans les images en tant qu'objets flous, sur la frontière des objets (flou dû par exemple à l'effet de volume partiel, ou à la résolution spatiale), ou sur la variabilité inter-individuelle des structures;
- au niveau plus élevé, pour prendre en compte l'information structurale et les rapports spatiaux entre les objets, comme la distance, la contiguïté, et la position relative entre les objets flous.

Vincent Barra et Jean-Yves Boire (2001) [Bar01] ont proposé un schéma en trois étapes de fusion de l'information basé sur la logique floue permettant une segmentation entièrement automatisée des structures cérébrales internes. Les informations sont fournies par des images IRM et par la connaissance experte, et consistent en des données morphologiques, topologiques, et de constitution des tissus.

- Dans la première étape, toutes les informations ambiguës, complémentaires et redondantes sont modélisées en employant la logique floue.
- Dans la deuxième étape, les modèles sont combinés en employant des opérateurs de combinaison afin de donner les correspondances et les conflits.
- Finalement, une décision est prise augmentant le niveau de certitude et la précision sur la position des structures subcorticales de cerveau.

Les modèles numériques des images IRM sont les distributions de possibilité d'appartenance d'un pixel ou d'un voxel aux différents tissus du cerveau. L'algorithme de regroupement potentiel est employé sur des vecteurs originaux de caractéristiques pour représenter des voxels. Les distributions sont dérivées d'une représentation en ondelettes d'images IRM [Bar00].

Les coefficients d'ondelettes peuvent exprimer plusieurs informations concernant un même voxel. Selon l'importance des fréquences basses ou hautes, de leurs orientations spatiales horizontales, verticales et diagonales, elles fournissent simultanément des informations sur les structures cérébrales (premiers coefficients d'ondelette) et sur leur texture (derniers coefficients d'ondelette). Ce qui permet de distinguer, dans la classe LCR, le système ventriculaire (grand objet) des sillons corticaux (fréquences spatiales élevées).

Le calcul des distributions de possibilité est basé sur les distances euclidiennes calculées (dans l'espace vectoriel des coefficients d'ondelette) à partir des vecteurs de caractéristiques des prototypes et il dépend de la minimisation itérative de ces distances.

Des modèles de connaissance experte (appelés modèles symboliques de l'information) basés sur les ensembles flous consistent en des informations topologique et morphologique (inter distance, direction). De tels modèles peuvent être intégrés à un cadre de logique des possibilités.

L'opération de fusion doit agréger les deux modèles (modèle numérique et modèle symbolique de l'information) par un opérateur de combinaison tenant compte de l'accord ou du conflit entre les informations. L'opérateur d'agrégation est la $t-conorme$ probabiliste quand l'information est complémentaire, et la $t-norme$ probabiliste généralisant l'intersection des ensembles quand l'information est redondante *a priori*.

La décision, ou "defuzzification", est finalement prise sur la distribution fusionnée de possibilité en utilisant une technique $\alpha$-cut sur la distribution fondamentale de la possibilité.

Dans la théorie d'ensemble flou, il exist aussi d'autre operations qui peuvent être utilisés pour combiner des informations. Par example, une relation flou représentée comme un produit Cartesian est utilisé par Medina *et al.* [Med97] [Med04] pour combiner des informations de 2D et donner une projection de relation flou de 3D.

#### 1.4.4.2 Fusion de haut niveau basée sur la théorie des croyances de Dempster-Shafer

Shafer et Dempster ont généralisé dans les années 1970 la théorie bayésienne pour tenir compte d'un niveau général d'incertitude. Ils ont développé le concept mathématique de "uncertainty mapping" (bijection incertaine), les mesures des limites "inférieure" (lower) et "supérieure (upper) d'incertitude entre deux espaces [Dem67] [Dem68]. La contribution de leur développement est la règle de combinaison qui opère sur des fonctions de croyance ou **fonctions de masse** $m()$, de façon analogue à la théorie bayésienne qui est basée sur des fonctions de probabilités.

La théorie de l'évidence a été complétée et présentée par [Sha76]. Elle introduit un espace de fonctions de masse, l'espace $2^{\Omega}$ qui peut être construit par différentes opérations booléennes sur l'espace de discernement $\Omega$ (contenant par exemple les classes auxquelles on s'intéresse). Elle introduit aussi la manière de représenter l'imprécision et l'incertitude à l'aide de fonctions de masse $m$, de plausibilité $Pls$ et de croyance $Ble$.

Une fonction de masse est définie comme une fonction de $2^{\Omega}$ dans [0,1] [Blo03], $m() : 2^{\Omega} \longrightarrow [0,1]$ avec les propriétés :

- $m(\phi) = 0$;
- $\sum_{A \subseteq \Omega} m(A) = 1$ ce qui garantit une sorte de commensurabilité entre plusieurs jeux de masses.

Une fonction de croyance $Bel$ est une fonction totalement croissante de $2^{\Omega}$ dans [0,1]. Les axiomes de Shafer pour la fonction de croyance sont les suivants :

**Axiomes de croyance**

1) $Bel(\phi) = 0$, la croyance en un événement impossible est 0;
2) $Bel(\Omega) = 1$, (normalisation), la croyance sur un événement universel est 1;
3) pour chaque nombre entier positif $n$ et chaque collection de sous-ensembles de $\Omega\{A_1, A_2, \ldots, A_n\}$, $\forall A_1 \in 2^{\Omega}, \ldots, \forall A_n \in 2^{\Theta}$,

$$Bel(\cup A_n) \geq \sum_i Bel(A_i) - \sum_{i<j} Bel(A_i \cap A_j) + \ldots + (-1)^{n+1} Bel(A_1 \cap A_2 \cap \ldots \cap A_n) \quad (1.34)$$

où $\Omega$, appelé cadre de discernement (*frame of discernment*), est un ensemble fini des réponses ou hypothèses personnelles possibles pour un problème et $\bigcup A_n$ est l'union de $A_1$ à $A_n$.

Les deux premiers axiomes sont similaires à ceux qui définissent la probabilité. Mais le troisième présente une différence importante car celui de la probabilité fait intervenir une égalité stricte [Wal90].

Etant donnée une fonction de masse $m$, la fonction $Bel$ est définie par:

$$\forall A \in 2^{\Theta},\ Bel(A) = \sum_{B \subseteq A, B \neq \phi} m(B). \tag{1.35}$$

On peut donc définir une fonction de masse par [Blo03]:

$$\forall A \in 2^{\Theta},\ m(A) = \sum_{B \subseteq A} (-1)^{|A-B|} Bel(B). \tag{1.36}$$

D'après (1.34), on a

$$Bel(A) + Bel(\overline{A}) \leq 1 \tag{1.37}$$

On voit ici encore la différence entre la confiance et la probabilité.

Une fonction de plausibilité $Pls$ est également une fonction de $2^{\Omega}$ dans [0,1]

$$\forall A \in 2^{\Omega},\ Pls(A) = \sum_{B \cap A \neq \phi} m(B) = 1 - Bel(\overline{A}). \tag{1.38}$$

**Règle de Dempster**

La règle de Dempster est utilisée pour combiner de manière probabiliste des ensembles indépendants. Supposons que deux fonctions de masse indépendantes, $m_1$ et $m_2$, existent sur une cadre de discernement $\Omega$. Supposons encore que $\Omega$ ait été divisé en deux différents sous-ensembles, $B$ et $C$, pour les deux fonctions de masse, respectivement. Alors, la règle orthogonale de combinaison de Dempster s'écrit

$$m(A) = m_1(B) \oplus m_2(C) = \frac{\sum_{B \cap C = A} m_1(B) m_2(C)}{1 - Q},\ \forall A \neq \phi \tag{1.39}$$

où $Q = \sum_{B \cap C = \phi} m_1(B) m_2(C)$.

En effet, le terme $Q$ rend compte des conflits dans les distributions de croyance provenant des sources $m_1$ et $m_2$ et assure que la masse combinée est normalisée en intervalle d'unité. Cette formulation de la règle de Dempster est aussi valable quand $B$ et $C$ sont identiques.

La règle de Dempster est plutôt utilisée dans la fusion de l'information de haut niveau, c'est-à-dire des informations de nature descriptive ou symbolique. D'abord, chaque image source

doit être traitée afin de fournir une interprétation de la scène vue par les capteurs; puis ces interprétations sont combinées par la règle de Dempster pour obtenir une décision finale. L'algorithme utilisant la règle de Dempster peut être envisagé dans le cadre de la fusion des images satellitaires.

En 1996, Isabelle Bloch [Blo96b] a utilisé la théorie de l'évidence de Dempster-Shafer pour la fusion de données en imagerie médicale.

Quelques exemples sont fournis dans [Blo96a] pour montrer les capacités de cette approche à tenir compte d'une grande variété de situations, qui se produisent réellement souvent et ne sont pas toujours bien contrôlées par des approches classiques, ni par des applications précédant de la théorie de Dempster-Shafer en imagerie médicale. La modélisation de l'incertitude et de l'imprécision, l'introduction de la possibilité partielle ou de l'ignorance globale, le calcul du conflit entre les images, l'introduction possible d'information *a priori* sont tous des aspects puissants de cette théorie, qui méritent d'être exploités davantage dans le traitement d'image médical. Ils peuvent être d'une grande influence sur la décision finale. Ils sont illustrés dans [Blo96b] sur un exemple simple pour classifier des tissus de cerveau observés sur deux échos d'IRM pathologiques. En particulier, l'effet de volume partiel peut être correctement contrôlé par cette approche.

Comment définir une mass fonction? C'est une étape importante si on utilise la théorie de Dempster-Shafer. Zhu *et al.* [Zhu02] ont proposé une méthode automatique pour déterminer une mass fonction en utilisant une fonction d'appartenance obtenu par FCM méthode. Medina *et al.* [Med97] [Med04] utilisent la combinaison de Dempster-Shafer pour produire une méthode de reconstruction 3D. Pour définir une mass fonction, la fonction d'appartenance est considérée comme un probabilité de base par Medina *et al.* [Med04].

#### 1.4.4.3 Théorie de l'évidence dans un processus de fusion de bas-niveau (pixel)

Gautier *et al.* [Gau00] se sont intéressés à la reconstruction des vertèbres du rachis lombaire à partir d'une série de tranches parallèles d'IRM de la colonne vertébrale. Afin de définir pour les médecins les points faisant vraiment partie de chaque vertèbre, et indiquer les points sur lesquels on ne pouvait pas conclure, Gautier a proposé une segmentation basée sur des contours actifs et une fusion de données utilisant la théorie de l'évidence. Ce processus de segmentation d'image d'IRM est montré dans Fig. 1.4.

Le résultat de la segmentation par la méthode des contours actifs [Lai94] est un ensemble des pixels de N, où $COR_i \in cortex$, et $i = 1,2,...N$. Mais en raison de l'effet de volume partiel [Ala94] et du bruit, il n'est pas toujours possible d'affirmer que les points obtenus par la procédé de segmentation comme appartenant au cortex, appartiennent effectivement à l'os cortical.

La fonction de croyance fournit un degré de croyance pour chacun des pixels du $COR_i$ et peut les voir à déterminer s'ils font vraiment partie d'un élément de l'os cortical.

La fonction de masse comme une fonction de probabilité de l'expertise est dérivée d'une information statistique obtenue à partir d'un ensemble d'expériences utilisant plusieurs séquences IRM. Pour chacune de ces situations une valeur minimale de l'intensité ($min$) et de la variance ($\sigma^2$) est donnée pour les voisinages $3 \times 3$ et $5 \times 5$. Nous obtenons deux paramètres $min$ et $\sigma^2$ d'expertise. Ils peuvent être employés pour établir 2 sous-ensembles de l'espace de discernement $\Omega$ qui contient différents ensembles d'entités biologiques : $S_1/\overline{S_1}$ correspondant à (low $min$)/(high $min$) et $S_2/\overline{S_2}$ correspondant à (high $\sigma^2$)/(low $\sigma^2$), respectivement. L'ensemble d'objets cortex correspond seulement à l'ensemble intersection $S_1 \cap S_2$. Ainsi pour chaque $COR_i$ nous prenons les distributions de masse $m^1_{COR_i}$ et $m^2_{COR_i}$.

La règle de Dempster [Sha76] est employée pour combiner ces distributions de masse. Pour la décision, l'intervalle maximal entre crédibilité ($Bel$) et plausibilité (Pls) [ Bel, Pls ] est employé pour extraire l'information nécessaire pour déterminer l'ensemble de points de contour avec

$$Bel(y) = \sum_{y \subseteq x} m(x) \tag{1.40}$$

et

$$Pls(y) = 1 - Bel(\overline{y}) \tag{1.41}$$

La décision experte pour chaque point correspond à celui dont le degré est le plus élevé.

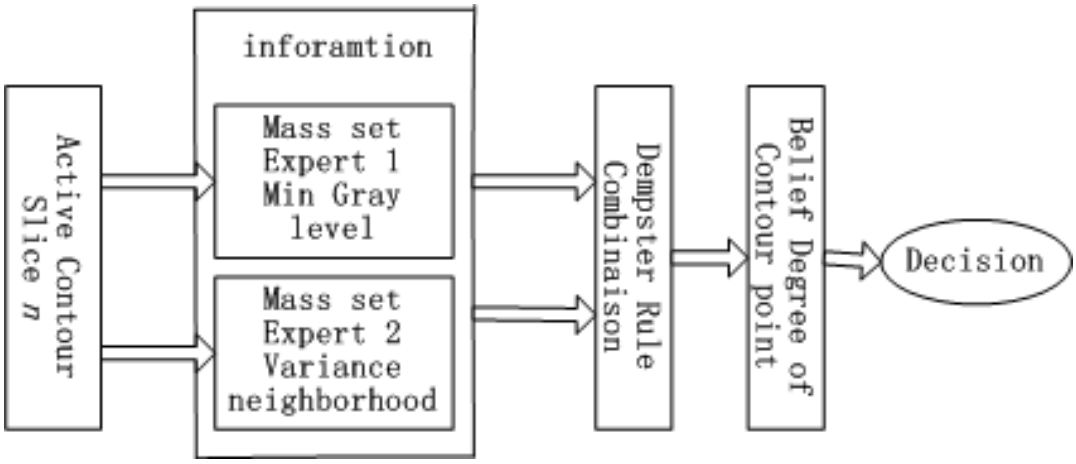



FIG. 1.4 – *Processus de fusion de bas niveau basé sur la théorie de l'évidence dans [Gau00].*

Ce processus permet de séparer les éléments de la même classe comme dans [Gau00], dans l'ensemble (ou la classe) du cortex, air et LCR; les trois éléments peuvent être séparés. Par

une fusion au niveau du contour entre les différentes tranches, la décision finale est prise en combinant les diverses informations.

#### 1.4.4.4 Estimation de la fonction d'appartenance pour modéliser les caractéristiques des images IRM

Comme disscuté dans la section précédente (section 1.4.4.1), la première étape de fusion consiste à modéliser des informations de plusieurs sources qui sont souvent ambiguës, complémentaires et redondantes. La logique floue est un outil très adapté à ces problèmes. Les modèles flous peuvent être les fonctions d'appartenance d'un objet.

La littérature récente fournit au moins 3 types de méthodes pouvant servir à estimer la fonction d'appartenance utilisée lors de la segmentation ou de la fusion d'images IRM: l'estimation basée sur la fonction de base gaussienne (gaussian basis function), celle basée sur l'algorithme de minimisation de la distance, et l'estimation basée sur un histogramme de niveaux de gris.

Nous détaillons ces trois types de méthodes.

1. **Méthode basée sur la fonction de base gaussienne**.

   Une méthode de segmentation d'IRM basée sur un réseau neuronal de base gaussienne floue (fuzzy Gaussian basis neural network, FGBNN) a été décrite par [Sun05]. La fonction de base gaussienne est utilisée comme fonction d'appartenance floue et l'algorithme de retro-propagation (error back propagation, BP) intervient dans l'apprentissage du réseau neuronal. Les paramètres de la fonction d'appartenance peuvent être obtenus à l'aide d'un algorithme d'apprentissage itératif en calculant la fonction d'erreur entre la variable de sortie désirée et la variable de sortie actuelle du réseau. Ce processus itératif utilise l'algorithme du gradient. Afin d'obtenir des échantillons d'apprentissage dans le but d'entraîner le FGBNN, les images sont tout d'abord segmentées par des experts humains, on parle de segmentation manuelle.

2. **Méthode basée sur la distance.**

   Le concept de cette méthode repose sur le fait que la valeur d'appartenance reflète le degré de similarité entre les données observées et le barycentre de la classe. Le problème de minimisation de la fonction objective $J$ en fonction des degrés d'appartenance $\mu_{ki}^m$ et du barycentre de la classe $v_k$ a été étudié par [Zhu]. $J$ est donné par :

   $$J = \sum_{k=1}^{C} \sum_{i=1}^{N} \mu_{ki}^m d_{ki}^2 \tag{1.42}$$

   Et il répond à : $\mu_{ki} \in [0,1]$, $\sum_{k=1}^{c} \mu_{ki} = 1$, $0 < \sum_{k=1}^{N} \mu_{ki} < N$, $1 \leq i \leq N$, $1 \leq k \leq C$, où $C$ est le nombre de classe, et $N$ est le nombre d'éléments dans l'ensemble de données

classées. Ici $m(>= 1)$ est un paramètre qui détermine la quantité de flou des résultats; $d_{ki} = \|y_i - v_k\|$ est la distance Euclidienne entre les données observées $y_i$ et le barycentre de la classe $v_k$, et $\mu_k$ est la valeur d'appartenance qui reflète le degré de similarité entre $y_i$ et $v_k$.

Certaines méthodes de regroupement flou (fuzzy cluster), FCM par exemple, peuvent être utilisées pour le problème de minimisation afin d'estimer la fonction d'appartenance. Ceci est décrit dans de nombreux articles, comme par exemple [Zhu02][Ahm02] [Jia03], et Han [Han] qui présentent un programme matlab basé sur l'algorithme FCM en vue de classifier les images IRM.

La méthode proposée par Xue *et al.* [Xue01] utilise avantageusement la théorie des sous-ensembles flous pour représenter de manière implicite les formes des structures cérébrales. Par analogie avec l'électrostatique, la structure est considérée comme un conducteur isolé dans un champ électriquement stable. La fonction d'appartenance à une structure est modélisée par un potentiel électrostatique qui est l'inverse de la distance à la structure. En plus, la notion de distance et d'interaction entre ces structures est introduite, toujours par le biais des fonctions d'appartenance.

3. **Méthode basée sur l'histogramme des niveaux de gris**.

   Bloch *et al.* [Blo97] ont proposé une méthode non supervisée pour estimer le degré d'appartenance à partir des données statistiques. Cette étude résout deux problèmes : comment définir le critère que la fonction d'appartenance doit vérifier et comment optimiser ces fonctions d'appartenance.

   Bloch *et al.* ont énoncé deux types de critères:

   – le premier est basé sur une ressemblance entre les niveaux de gris de l'histogramme et la fonction d'appartenance sous la forme d'une distance entre les deux distributions.
   – le deuxième prend en compte l'information *a priori* concernant la forme espérée de la fonction d'appartenance, ceci afin de faire face aux problèmes mentionnés ci-dessus relatifs aux fréquences faiblement représentées. Une des informations *a priori* est le fait que les pixels appartenant à la classe $i$ sans aucune ambiguïté doivent avoir leur fonction d'appartenance à cette classe égale à 1, quelle que soit la fréquence d'apparition de ses caractéristiques associées.

   Cette approche se fait en deux étapes :

   – Estimation de la fonction $\widehat{\mu}_i$ qui minimise le critère de distance pour l'histogramme.
   – Normalisation de $\mu$ en fonction de $\widehat{\mu}_i$ afin d'inclure l'information *a priori*.

   Les fonctions $\widehat{\mu}_i$ sont définies ici comme des fonctions trapézoïdales qui ont une valeur

maximum $h_i$ et 4 paramètres $a_i$, $b_i$, $c_i$ et $d_i$.

L'opération de minimisation de la fonction objective $J$ est définies par :

$$J = \sum_{i=1}^{n} \sum_{x \in D_i} [f(x) - \widehat{\mu}_i]^2 \tag{1.43}$$

où $x$ représente les niveaux de gris, $f(x)$ est la fréquence de $x$ dans l'image, et $D_i$ indique l'intervalle de niveaux de gris dans la classe $i$. L'estimation de $D_i$ est effectuée selon les propriétés cherchées sur les fonctions d'appartenance.

On note $\mu_i$ la fonction d'appartenance de la classe $i$, une fois que la fonction $\widehat{\mu}_i$ a été estimée par la minimisation de la fonction objective $J$, $\mu_i$ est normalisée par :

$$\mu_i(x) = \frac{\widehat{\mu}_i(x)}{h_i}, \forall x. \tag{1.44}$$

La méthode d'optimisation pour obtenir $\widehat{\mu}_i$ peut être le recuit (annealing) comme la méthode suggérée dans [Che95] qui ressemble au principe d'entropie maximale.

Les avantages de cette méthode pour estimer la fonction d'appartenance sont :

a) L'optimisation est exécutée globalement sur toutes les classes.

b) C'est une méthode non supervisée. Il est seulement nécessaire de savoir le nombre de classes intéressées.

c) Elle prend en compte seulement l'histogramme calculé dans les régions où sont les informations sur la fonction d'appartenance.

d) Les fonctions d'appartenance sont définies par des formes paramétriques

Bloch [Blo97] applique cette méthode d'estimation de la fonction d'appartenance pour modéliser les caractéristiques des tissus cérébraux en 3 classes : cerveau, ventricule et LCR, et pathologique en vue de classifier par la fusion les images IRM en double écho. Cette application contient 3 types de fusion : fusion markovienne [Aur95], fusion floue et fusion de Dempster-Shafer.

- Dans le cas de fusion markovienne, le processus de fusion consiste en la combinaison de façon conjonctive des informations fournies par les deux types d'images et d'un terme de régularisation (détaillé dans [Aur95]). La fonction potentielle (potential function) d'énergie à minimiser ajoute la fonction d'appartenance estimée comme terme d'énergie.
- Dans le cas de la fusion floue, une somme symétrique comme $\frac{ab}{1-a-b+2ab}$ est utilisée pour combiner les deux fonctions d'appartenance $\mu_c^{(1)}$ et $\mu_{path}^{(2)}$ (où $a = \mu_c^{(1)}$, $b =$

$\mu_{path}^{(2)}$) estimées sur le premier et le deuxième écho, respectivement. Cet opérateur peut garantir qu'aucune pathologie n'est détectée dans les régions présentant $\mu_{path}^{(2)} = 0$, et aussi peut renforcer l'appartenance pour les classes incluant l'effet de volume partiel d'IRM. Une étape de décision est nécessaire dans ce cas là et se fait selon le maximum de valeur d'appartenance [Blo97].

– Dans le cas de la fusion basée sur la méthode de Dempster-Shafer, les fonctions d'appartenance estimées sont utilisées comme fonctions de masse et combinées par la règle orthogonale de combinaison de Dempster (détaillée en section 1.4.4.2). Dans ce cas là, $\mu_c^{(1)}$ est l'union de la classe cerveau et de la classe pathologique. Une décision de classification est prise selon la croyance maximale.

Le résultat de fusion basée la Dempster-Shafer est assez similaire au résultat de la fusion floue [Blo96a].

### 1.4.5 Conclusion

Les techniques de fusion de l'information ou de données sont maintenant largement utilisées pour le traitement des signaux ou le traitement de l'information multi-sources, telle que multicanal, multi-modalité, multispectrale, multi-mesure, etc. Elles sont performantes pour donner une décision finale ou une référence pour la décision en associant ou combinant les informations de différentes sources ou l'information multi-dimensionelle.

En fusion d'information pour des applications médicales, la recherche est particulièrement active comme souligné par le Dr. Jean-Louis Coatrieux lors de la 27ème conférence annuelle de la société de médecine et de biologie, (l'EMBC'05, conférence internationale IEEE) : le "besoin de convergence entre chimie, physique, biologie, physiologie et l'informatique, la technologie de l'information, les mathématiques et le contrôle automatique" est un challenge de recherche sur les systèmes vivants complexes. Ils se rapportent aux techniques de sensation multimodales permettant d'obtenir simultanément toutes les caractéristiques (électrique, biochimique, mécanique) d'une entité donnée, évitant les observations successives et les enregistrements correspondants avec recalages appropriés. Ceci doit être associé au traitement de l'information approprié.

Ainsi la technique de fusion de l'information sera très utile pour résoudre les difficultés trouvées dans les systèmes vivants complexes.

Dans cette section, nous avons décrit diverses applications de l'imagerie médicale s'appuyant sur la fusion d'informations et plus précisément sur la théorie des ensembles flous.

L'étape la plus importante dans le système de fusion d'information est l'extraction des caractéristiques. On peut la noter modélisation des informations. Ce travail est analogue à l'es-

timation de la fonction d'appartenance dans le domaine de la fusion floue. Certaines méthodes d'estimation sont limitées par la nécessité des informations *a priori*, par exemple, le nombre de classes ou le centre de classe, ou par les méthodes d'optimisation.

## 1.5 Conclusion

L'image IRM est un type d'image multispectrale en raison de la flexibilité apportée par les modifications des paramètres d'acquisition TR/TI/TE et l'apport des techniques d'acquisition spécifiques comme FLAIR, Gado, Spectrocopie etc.. La théorie de la fusion de l'information est particulièrement appropriée pour analyser les signaux multispectraux, elle est couramment utilisée en traitement des informations IRM.

Les effets de volume partiel limitent la résolution du signal IRM. Et certaines maladies cérébrales aussi présentent des informations complexes. Par exemple, il n'y a pas de nombre absolu sur les composantes des tissus tumoraux, en plus, leurs composantes se sont en form détendu de l'un à l'autre type de tissu. C'est pourquoi la théorie des ensembles flous est favorable pour analyser les signaux IRM.

Un des avantages de la fusion floue est qu'il existe un grand ensemble d'opérateurs de combinaison possibles selon les types d'informations devant être combinées. L'estimation de la fonction d'appartenance est donc important pour modéliser les caractéristiques à être combinées.

Dans le deuxième chapitre de cette thèse, nous proposons un système de segmentation d'images multispectrales basée sur la fusion d'informations floues. Les bases théoriques et l'architecture permettant la fusion des informations sur des IRM multispectrales y sont détaillées.

# Chapitre 2

# Modélisation floue et fusion d'informations : approches proposées

## Contents


**2.1 Introduction** . . . . . **55**

**2.2 Modélisation floue** . . . . . **56**

2.2.1 Introduction . . . . . 56

2.2.2 Ensembles flous . . . . . 56

2.2.3 Définition des fonctions d'appartenance . . . . . 57

2.2.4 Conclusion . . . . . 58

**2.3 Estimation de la fonction d'appartenance** . . . . . **59**

2.3.1 Introduction . . . . . 59

2.3.2 Principe d'estimation . . . . . 59

2.3.3 Connaissances *a priori* . . . . . 60

2.3.4 Estimation utilisant la combinaison des connaissances *a priori* . . . . . 62

2.3.5 Estimation à partir de l'histogramme . . . . . 65

2.3.6 Création à partir de la distribution floue . . . . . 68

2.3.7 Conclusion . . . . . 74

**2.4 Schéma de fusion des informations floues** . . . . . **75**

2.4.1 Introduction . . . . . 75

2.4.2 Architecture générale . . . . . 75

2.4.3 Description du principe de fusion . . . . . 76

2.4.4 Extensions de l'architecture proposée . . . . . 78

2.4.5 Opérateurs de combinaison . . . . . 79

2.4.6 Conclusion . . . . . 88

**2.5 Procédure de décision fondée sur le résultat de la fusion** . . . . . **88**

2.5.1 Introduction . . . . . 88
2.5.2 Croissance 3D des régions floues . . . . . 89
2.5.3 Défuzzification . . . . . 90
2.5.4 Conclusion . . . . . 90
**2.6 Conclusion . . . . . 91**

## 2.1 Introduction

L'extraction de caractéristiques est un processus très important dans un système de fusion. Le terme de caractéristiques concerne ici les objets ciblés que sont la matière blanche, la matière grise et les tissus tumoraux du cerveau humain. Les caractéristiques peuvent être les intensités relatives de ces tissus observés via les différentes séquences d'acquisition de l'IRM, les formes particulières des substances,...

En raison de l'incertitude sur la morphologie et l'intensité des signaux témoignant de la présence d'une tumeur, des effets de volume partiel liés aux appareils d'acquisition qui rendent les frontières entre zones moins visibles, de l'impossibilité de tirer une information précise des signaux d'intensité relatifs aux différents tissus,... il est pertinent d'utiliser une information floue issue des différentes images IRM pour caractériser les tissus cérébraux humains.

Les approches existantes de modélisation des caractéristiques des tissus cérébraux humains observés par IRM se basent sur le modèle statistique paramétrique pour représenter les propriétés des tissus cérébraux vus par IRM, tels que les modèles d'intensités gaussiens [Sty00][Sch98], les modèles explicites [Lee03] et les modèles utilisant les champs de Markov [Rua02a].

De tels modèles sont efficaces en segmentation globale des tissus normaux dont la représentation est importante dans le volume cérébral mais s'avèrent inefficaces pour les tissus anormaux car il est difficile d'extraire des caractéristiques statistiques pour les différents tissus anormaux. Pour palier ce type de difficulté, on peut s'appuyer sur des connaissances [Cla98]. Ce type d'approche est très efficace pour le cas des tissus anormaux. Mais les connaissances reposent sur un tracé manuel des limites des tissus [Udu97] et les modèles flous sont établis à partir d'une donnée pathologique limitée puisque seulement quelques images IRM pondérées en T1, ou utilisant un marqueur au Gadolinium, sont utilisées [Cla98][Cla94].

Notre objectif est de trouver des relations entre les connaissances *a priori* sur les tissus cérébraux et les signaux IRM pour aboutir à l'extraction des caractéristiques de ces tissus.

Après l'exposé de la théorie des ensembles flous et de la méthode générale de modélisation floue, nous proposons dans ce chapitre un schéma de fusion d'informations d'IRM en quatre étapes : le recalage, la modélisation floue, la combinaison et l'amélioration. Pour la mise en oeuvre de ce schéma, nous proposons aussi trois méthodes d'estimation et de création pour la fonction d'appartenance des tissus cérébraux, et une méthode appelée croissance 3D des régions floues pour enlever des informations fausses se présentant comme des régions isolées par rapport à l'objet observé dans la région fusionnée, et aussi améliorer le résultat de la fusion. Nous choisissons aussi un opérateur de combinaison, la moyenne géométrique pour ce schéma de fusion, que nous comparons ensuite avec d'autres opérations de combinaison.

## 2.2 Modélisation floue

### 2.2.1 Introduction

Une fonction d'appartenance est définie dans un intervalle [0,1] et permet de déterminer de quelle manière un objet donné est compatible avec les caractéristiques de la collection représentée par cette fonction. Ainsi, une fonction d'appartenance floue peut être vue comme un modèle flou d'une caractéristique d'objet. Cette notion est généralement appliquée à la classification floue et aux systèmes de fusion flous.

Dans ce qui suit, nous passons en revue les définitions principales d'ensembles flous et les méthodes générales de modélisation floue par la création de fonctions d'appartenance.

### 2.2.2 Ensembles flous

Un ensemble flou est défini comme une collection d'objets caractérisés par un degré d'appartenance [Ped98]. Les opérations de Zadeh [Zad65] sur les ensembles flous sont détaillées en Annexe A.

L'ensemble flou est caractérisé par une fonction d'appartenance permettant de projeter les éléments d'un domaine, d'un espace ou d'un univers du discours $\mathbb{X}$ dans un intervalle unitaire [0,1] (Zadeh 1965). Il est noté

$$\mu : \mathbb{X} \rightarrow [0,1]. \tag{2.1}$$

Un ensemble flou $\mathbf{A}$ dans un ensemble $\mathbb{X}$ peut être représenté comme un ensemble d'éléments $x \in \mathbb{X}$, et leur degré d'appartenance $\mu_{\mathbf{A}} \in [0,1]$, sont notés

$$\mathbf{A} = \{(x,\mu_{\mathbf{A}}(x)) | x \in \mathbb{X}, \mu_{\mathbf{A}} \in [0,1]\}. \tag{2.2}$$

Le complémentaire d'un ensemble flou est défini par:

$$\overline{\mathbf{A}} = \{(x,\mu_{\overline{\mathbf{A}}}(x)) | x \in \mathbb{X}, \mu_{\overline{\mathbf{A}}}(x) = 1 - \mu_{\mathbf{A}}(x)\}. \tag{2.3}$$

**Support et Noyau d'un ensemble flou** :

Le support d'un ensemble flou $\mathbf{A}$ est noté $Supp(\mathbf{A})$, et désigne l'ensemble des éléments de $\mathbb{X}$ dont les degrés d'appartenances sur $\mathbf{A}$ sont non nuls :

$$Supp(\mathbf{A}) = \{x \in \mathbb{X} | \mu_{\mathbf{A}}(x) > 0\} \tag{2.4}$$

Le noyau (kernel) d'un ensemble flou $\mathbf{A}$ est noté $Ker(\mathbf{A})$. Il présente l'ensemble des éléments de $\mathbb{X}$ dont les degrés d'appartenance sur $\mathbf{A}$ est égal à 1. On a

$$Ker(\mathbf{A}) = \{x \in \mathbb{X} | \mu_{\mathbf{A}}(x) = 1\} \tag{2.5}$$

L'ensemble vide $\phi$ est un ensemble flou de fonction d'appartenance identiquement nulle, on a $\mathbf{A} = \phi$, si et seulement si $\forall x \in \mathbb{X}$, $\mu_{\mathbf{A}}(x) = 0$.

### 2.2.3 Définition des fonctions d'appartenance

La représentation d'un ensemble flou par une fonction d'appartenance résulte de la réponse à trois questions [Dub00]:

1. Que signifie le degré d'appartenance ?
2. Comment est-il mesuré ?
3. Quelles opérations pertinentes peuvent lui être appliquées ?

Pour une opération de combinaison, la question suivante se doit d'être posée : les normes triangulaires et les conormes sont-elles éligibles dans des opérations de disjonction et de conjonction?

**Mesure du niveau d'appartenance**

W. Pedrycz *et al.* [Ped98] ont introduit cinq catégories de méthodes expérimentales qui aident à déterminer des fonctions d'appartenance. Ce sont les approches horizontales, verticales par paires, les approches basées sur la spécification du problème, les estimations paramétriques et la classification floue (voir Annexe B).

Makrehchi *et al.* [Mak03] a présenté quelques exemples de génération automatique de fonction d'appartenance basée sur une connaissance d'expert. On peut les classer en trois catégories:

- la statistique floue basée sur l'expérience,
- la trichotomie basée sur l'expérience,
- l'estimation paramétrique basée sur la distribution floue.

Cependant les limites et les formes de la fonction d'appartenance doivent être interprétables par l'observateur. Si bien que la modélisation basée sur la mesure est le meilleur choix et la mieux fondée pour déterminer le degré d'appartenance pour représenter un ensemble flou.

**La statistique floue** n'est pas une statistique de probabilité. Chaque expérience floue peut aboutir à une carte $e : \mathbf{U} \rightarrow \mathbf{P}$, où $\mathbf{P} = \{\mathbf{A}, \overline{\mathbf{A}}\}$ et $\forall u \in \mathbf{U}$, $\mu_{\mathbf{A}}(u) + \mu_{\overline{\mathbf{A}}}(u) = 1$. Le degré d'appartenance $\mu_{\mathbf{A}}(u)$ peut donc être déterminé à partir d'expériences répétées $N$ fois comme traduit en (2.6)

$$\mu_{\mathbf{A}}(u) = \frac{n_{u \in \mathbf{A}}}{N} \tag{2.6}$$

où $n_{u \in \mathbf{A}}$ représente le nombre de fois où $u \in \mathbf{A}$ apparaît au cours des $N$ expériences.

**La trichotomie** vient d'un modèle expérimental en utilisant un couple de variables aléatoires ($\xi_b$,$\xi_t$) pour une partition venant de chaque expérience $e$. Ce couple de variables détermine une carte $e(\xi_b,\xi_t)$ : $\mathbf{U} \rightarrow \mathbf{P}\{\mathbf{A_1},\mathbf{A_2},\mathbf{A_3}\}$, et nous obtenons

$$e(\xi_b,\xi_t)(u) = \begin{cases} \mu_{\mathbf{A_1}}(u), & u \leq \xi_b \\ \mu_{\mathbf{A_2}}(u), & \xi_b < u \leq \xi_t \\ \mu_{\mathbf{A_3}}(u), & \xi_t < u \end{cases} \tag{2.7}$$

Si on peut déterminer la probabilité du couple de variables aléatoires ($\xi_b$,$\xi_t$), $P\{u \leq \xi_b\}$ et $P\{\xi_t < u\}$, les fonctions d'appartenance peuvent être estimées en utilisant les expressions (2.8)

$$\begin{aligned} \mu_{\mathbf{A_1}}(u) &= P\{u \leq \xi_b\} \\ \mu_{\mathbf{A_3}}(u) &= P\{\xi_t < u\} \\ \mu_{\mathbf{A_2}}(u) &= 1 - \mu_{\mathbf{A_1}}(u) - \mu_{\mathbf{A_3}}(u) \end{aligned} \tag{2.8}$$

**La distribution floue** .

En principe, toute fonction ou distribution de la forme $\mu$ : $\mathbf{X} \rightarrow [0,1]$ détermine une fonction d'appartenance associée à un ensemble flou $A$ qui ne dépend pas seulement du concept devant être représenté mais aussi du contexte dans lequel il est utilisé [Ped98]. L'allure graphique de la fonction peut avoir des formes diverses et possède des propriétés spécifiques. Mais elles doivent toutes avoir les trois points de repère suivants : une limite basse $\mu_l(x)$, une moyenne $\mu_m(x)$ et une limite haute $\mu_u(x)$. Savoir si une forme particulière convient ne peut être déterminé quà partir du contexte applicatif. Dans certains cas cependant, la sémantique exprimée sous forme d'ensemble flou n'est pas très sensible aux variations de la forme, et des fonctions simples conviennent. Dans beaucoup de cas, les ensembles flous peuvent être représentés par des familles de fonctions paramétrées de formes simples: des formes rectangulaires, ou trapèzoïdales, exponentielles (Annexe B).

### 2.2.4 Conclusion

De ces trois méthodes, les deux premières dépendent de conditions expérimentales nécessaires et la limitation de la troisième est liée à la détermination de la distribution floue et du critère d'estimation. Habituellement, les limites et les formes de la fonction d'appartenance doivent correspondre strictement à une interprétation de l'observation. Aussi une mesure objective est le meilleur choix et la mieux adaptée pour déterminer la fonction d'appartenance de représentation d'un ensemble flou.

## 2.3 Estimation de la fonction d'appartenance

### 2.3.1 Introduction

La théorie des ensembles flous est une science empirique [Dub00]. Elle représente les phénomènes naturels qui nous entourent.

Il existe plusieurs interprétations du degré d'appartenance telles que le point de vue de ressemblance, le point de vue d'ensembles aléatoires, le point de vue de similarité, le point de vue d'utilité, le point de vue de la mesure... C'est pourquoi la signification et la mesure de la fonction d'appartenance sont les difficultés majeures de la détermination d'une bonne fonction d'appartenance.

L'IRM peut fournir toute une série d'informations sur les tissus cérébraux par utilisation de séquences d'excitation variées. Conformément aux descriptions données par les pathologistes et par analyse de leur connaissances, nous introduisons deux gradations dans les connaissances *a priori* : l'intensité relative et la possibilité d'existence d'un gliome.

Il est intéressant de construire un modèle flou à partir du diagnostic des spécialistes. Mais comment quantifier le degré d'appartenance à partir de leur interprétation?

Nous proposons, dans cette partie, trois méthodes pour estimer le degré d'appartenance et construire un modèle expérimental des tissus cérébraux étudiés par IRM. Nous introduisons tout d'abord le principe d'estimation et les connaissances *a priori* utilisées. Ensuite, nous proposons les trois méthodes suivant ce principe et à partir de certaines expériences de la combinaison de l'histogramme d'intensité et des connaissances *a priori* :

- l'estimation d'un degré d'appartenance en utilisant les connaissances *a priori*,
- l'estimation d'un degré d'appartenance à partir de l'histogramme,
- la création de la fonction d'appartenance à partir de la distribution floue.

### 2.3.2 Principe d'estimation

Les ensembles flous traduisent les concepts graduellement, correspondant à un objet, et décrivent leurs limites. Mais ils n'ont rien à voir avec la fréquence d'un événement [Ped98].

Supposons une description principale de la gradation, $\mathcal{F}$ en (2.9) et quelques descriptions additionnelles $\mathcal{H}_t$ en (2.10), où $t = 1, 2, \ldots, M$ est l'index des descriptions additionnelles, avec $\mathcal{F} \bigcap \mathcal{H}_t \neq \phi$.

$$\mathcal{F} = \{(v,g),\ f(v,g) |\ v \in \mathbf{B},\ g \in \mathbf{S}\}. \tag{2.9}$$

$\mathcal{F}$ est caractérisé par la fonction d'appartenance adéquate $f$ transposant les éléments de l'univers

du discours, $\mathbf{U} = \{u\}$, dans l'intervalle unité [0,1], où l'espace d'observation est $\mathbf{B} \subset \mathbf{U}$, et $\mathbf{S} \subset \mathbf{U}$, la transposition est $f : \mathbf{U} \rightarrow [0,1]$.

$$\mathcal{H}_t = \{(v,w_t),\ h_t(v,w_t) |\ v \in \mathbf{B},\ w \in \mathbf{W}\} \tag{2.10}$$

$\mathbf{W} \subset \mathbf{U}$, est un ensemble de conditions additionnelles d'information, $h_t(v,w_t) \in [0,1]$ est la fonction d'appartenance de $\mathcal{H}_t$.

Le point clé pour la définition de $\mathcal{F}$ est de déterminer la fonction d'appartenance par la forme et ses limites.

Nous proposons une approche de l'estimation suivante :

1) initialisation de l'allure brute de $f$ selon la description principale de la gradation;
2) ajustement de l'allure avec une combinaison des gradations additionnelles selon des opérations appropriées entre $f$ et $h_t$;
3) détermination des limites de $f$ au moyen de mesures objectives ou d'estimations de paramètres.

L'approche d'estimation peut être utilisée pour déterminer les modèles flous des tissus tumoraux cérébraux à partir de quelques descriptions du fait que les limites et transitions sont graduées par des médecins, des neuroradiologues, des cliniciens ... Ce point sera détaillé en section 2.3.4.

### 2.3.3 Connaissances *a priori*

Des connaissances *a priori* peuvent être utilisées par définir les transitions graduelles. Nous nous intéressons ici aux intensités relatives des tissus cérébraux et à la possibilité d'existence d'un gliome dans les tissus cérébraux.

#### 2.3.3.1 Intensités relatives des tissus cérébraux

En raison de la résolution spatiale limitée du système d'acquisition, les images IRM sont affectées par des effets de volume partiel. Cela signifie que les pixels peuvent représenter un mélange de différents tissus. Ainsi nous pouvons décrire les caractéristiques des tissus par leur intensité sur le signal IRM.

Selon la description émanant des experts en radiologie, une tumeur gliale est une région présentant un hypersignal par rapport à la matière blanche dans une image pondérée en T2 ou en densité de protons. Elle est par contre plus sombre que la matière grise dans une image pondérée en T1, mais plus claire que le liquide céphalo rachidien. Ces descriptions concises

sont très vagues en termes de signal mais très utiles pour connaître les signaux spécifiques des tumeurs pour les différentes séquences IRM. Nous avons résumé en Tab. 2.1 les descriptions (données par les experts radiologues) relatives aux signaux correspondant aux différents tissus cérébraux étudiés par IRM.

Le symbole "+" correspond à un hyper signal c'est à dire à une intensité forte, tandis que le symbole "-" correspond à un hypo signal signifiant une intensité faible. Le symbole "-+" correspond à une intensité plus élevée que l'hypo signal, et le symbole "+-" correspond à une intensité plus faible que l'hyper signal. Le symbole "- -" signifie que le signal est plus faible qu'un hypo signal, et "++" signifie qu'il est plus élevé qu'un hyper signal. Plus le nombre de symboles "+" est important, plus l'intensité du signal est élevée. Par exemple, dans l'image en T2 présentée en Tab. 2.1, l'intensité du LCR est qualifiée "+++++", tandis que l'oedème est qualifié par "+++", ce qui signifie que l'intensité de LCR est plus élevée que celle de l'oedème. Au contraire, plus le nombre de symboles "-" est important plus l'intensité du signal est faible. Dans Tab. 2.1, le qualificatif "suppressed" est un signal inférieur au signal normal.

Tab. 2.1 – *Intensités relatives des tissus cérébraux sur le signal IRM. "T-solide" est la zone tumorale solide. "(non)Enhan" est l'abréviation de "(non) Enhanced" et "(un)Supp" est l'abréviation de "(non) Suppressed". "+unSupp" correspond à une intensité plus élevée que celle qualifiée par "Suppressed".*

| Séquence | Tissus cérébraux | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | LCR | MG | MB | T-solide | oedème | nécrose |
| T1 | − − − − − | − | ++ | − − − | − − + | − − −− |
| T2 | + + + + + | + | −− | ++ | + + + | + + + + − |
| DP | +− | ++ | −− | ++ | − + + | + + + |
| Gado | nonEnhan | nonEnhan | nonEnhan | Enhan | nonEnhan | nonEnhan |
| FLAIR | Supp | unSupp | unSupp | + unSupp | ++ unSupp | +++ unSupp |

#### 2.3.3.2 Possibilité de détermination des tissus tumoraux

Après analyse des connaissances fournies par les experts radiologues et pathologistes, nous pouvons faire ressortir la possibilité que certains tissus appartiennent à un gliome.

Par exemple, selon Fig. 2.1 une nécrose se situe à 95% dans un gliome, les tissus marqués par le Gadolinium ont 90% de possibilité d'appartenir au gliome, tandis que les tissus marqués en séquence de perfusion ont 80% de possibilité d'appartenir au gliome et l'oedème a 60% de possibilités, etc. Les tissus normaux ont 0% de possibilité d'appartenir à la tumeur.

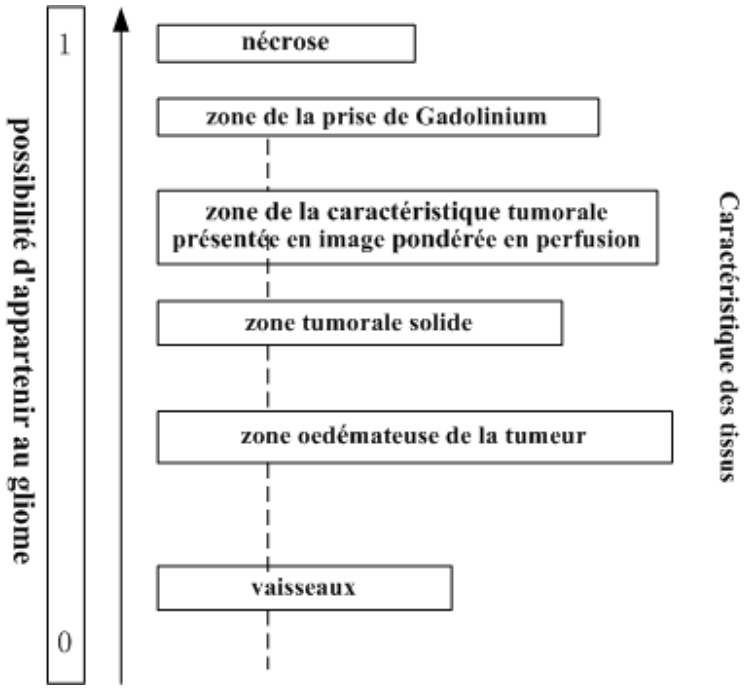



FIG. 2.1 – *Possibilité d'appartenir à une tumeur pour différent tissus.*

### 2.3.4 Estimation utilisant la combinaison des connaissances *a priori*

#### 2.3.4.1 Définition du modèle

Nous avons besoin de construire un modèle pour les tissus tumoraux. Considéré comme modèle flou, c'est une fonction d'appartenance à la tumeur $\mathcal{T}$,

$$\mathcal{T} = \{v,\, \mu(v)\} \tag{2.11}$$

de chaque voxel $v$ d'une image IRM où $\mu(v)$ représente le niveau d'appartenance à la tumeur de $v$. Il est appelé fonction d'appartenance de $\mathcal{T}$. On peut dire que $\mu(v)$ est un modèle flou pour les tissus cérébraux tumoraux.

A la différence de l'équation (2.9), $\mathbf{B}$ est un espace d'observation de la position d'un voxel au sein de l'image IRM, ici $v = (x,y,z)$ représente les coordonnées du voxel. $\mathbf{S}$ est un espace d'observation de l'intensité du signal dans les images IRM, $g$ est le niveau de gris des images.

Pour obtenir un modèle précis, plusieurs séquences IRM ont été utilisées. Chaque séquence peut fournir un modèle élémentaire comme en (2.9),

$$\mathcal{F}_i = \{(v,g),\, f_i(v,g) |\, v \in \mathbf{B},\, g \in \mathbf{S}\}. \tag{2.12}$$

où $i = 1,2,\ldots N$ correspond aux différentes séquences.

$\mathcal{T}$ peut être construit par le biais d'une association entre $\mathcal{F}_i$ et un ensemble de descriptions additionnelles $\mathcal{H}_t$, telle qu'une opération t-norm ou une moyenne.

#### 2.3.4.2 Allure brute de la Fonction d'appartenance $f_i(v,g)$

Nous nous intéressons au gliome en Tab. 2.1, un type de tumeur. Par contraste avec l'équation (2.12), $i = 1$ correspond à une image pondérée en T1, $i = 2$ à une image pondérée en T2 et $i = 3$ à une image de densité de protons (DP).

Pour T1, nous nous donnons une allure brute de $f_1(v,g)$ comme une forme rectangulaire de valeur haute pour les faibles valeurs de $g$ et définie par $A_l(v,g)$,

$$A_l(v,g) = \begin{cases} 1 & g \leq a \\ 0 & a < g \end{cases} \tag{2.13}$$

Nous adoptons le même type de forme pour $f_2(v,g)$ et $f_3(v,g)$. Mais les formes rectangulaires prennent une valeur 1 pour les fortes valeurs de $g$. Et

$$A_u(v,g) = \begin{cases} 0 & g < b \\ 1 & b \leq g \end{cases} \tag{2.14}$$

où $a$ et $b$ sont les valeurs de niveaux de gris des seuils de la fonction d'appartenance $A(v,g)$.

#### 2.3.4.3 Ajustement de la fonction d'appartenance

Toutes les informations relatives au gliome sont constituées d'un ensemble de conditions additionnelles notées $\mathbf{W}$ dans l'équation (2.10). On peut dire que $\mathbf{W}$ est un espace d'observation sous certaines conditions. Par référence à la section 2.3.3, nous pouvons obtenir au moins quatre précisions supplémentaires notées $\mathcal{H}_t$, avec $t = 1,2,\cdots,M$, où $M$ est le nombre de conditions additionnelles. Par exemple, nous considérons 4 conditions additionelles ($M = 4$) :

- $\mathcal{H}_1$ : Le gliome devient plus net pour une séquence avec produit de contraste au Gadolinium (noté $Gd$ dans l'équation). Ainsi pour Gd $\in \mathbf{W}$ et $h_1(v,\ g_{Gd})$ nous pouvons obtenir une forme rectangulaire de valeur unité pour les forts niveaux de gris, avec $v \in \mathbf{B}$, $g_{Gd} \in \mathbf{S} \bigcap \mathbf{W}$
- $\mathcal{H}_2$ : Le gliome présente un signal de forte intensité pour une séquence de type FLAIR. Ainsi pour FLAIR $\in \mathbf{W}$, et $h_2(v,\ g_{FLAIR})$, on peut prendre une forme rectangulaire de valeur unité pour les fortes valeurs de niveau de gris, où $v \in \mathbf{B}$, $g_{FLAIR} \in \mathbf{S} \bigcap \mathbf{W}$
- $\mathcal{H}_3$ : La zone de nécrose, notée $Necr$, est d'intensité voisine de celle du gliome en Tab. 2.1, et elle est totalement incluse dans le gliome (voir Fig. 2.1). Ainsi pour $Necr \in \mathbf{W}$. $h_3(v,g_{Necr}) = 1$, avec $v \in \mathbf{B}$, $g_{Necr} \in \mathbf{S} \bigcap \mathbf{W}$.

– $\mathcal{H}_4$ : L'oedème, noté *Oede*, correspond à r% de possibilité d'appartenir au gliome (normalement $20 < r << 100$) en Fig. 2.1, son intensité est plus faible que celle du gliome en T2 et DP, plus élevée que celle du gliome en T1. C'est une fonction d'atténuation pour $\mathcal{F}_i$ par un facteur $r\%$ de possibilité d'appartenir au gliome. On a donc, $Oede \in \mathbf{W}$, et $h_4(v,g_{Oede}) = r\%$, où $v \in \mathbf{B}$, $g_{oedema} \in \mathbf{S} \bigcap \mathbf{W}$.

Ainsi, la forme de $\mathcal{F}_i$, $A(v,g)$ peut-elle être ajustée par fusion des $\mathcal{H}_t$. Si nous utilisons un opérateur moyenne géométrique, la fusion des $\mathcal{H}_t$ est

$$\mathcal{H} = \{v,\, h(v)|\ v \in \mathbf{B}\},\ avec\ h(v) = (\prod_{t=1}^{M} h_t(v,w_t))^{1/M}. \tag{2.15}$$

où $w_t \in \mathbf{W}$.

Et le procédé d'ajustement s'écrit

$$f_i(v,g) = \begin{cases} A(v,g) & \text{si } h(v) = 0 \\ A(v,g)h(v) & \text{si } h(v) \neq 0. \end{cases} \tag{2.16}$$

C'est un procédé d'ajustement de forme. Il détermine une estimation de la fonction d'appartenance $f_i(v,g)$.

#### 2.3.4.4 Estimation des limites de $f(v,g)$

Dans le profil $A(v,g)$ deux paramètres, $a$ et $b$, doivent être déterminés à partir de la Tab. 2.1,

1. le seuil de $\mu_{Glio}^{T1}$ doit être situé en général entre la moyenne de l'intensité du LCR et celle de la matière grise MG en **T1**.
2. le seuil de $\mu_{Glio}^{T2}$ doit être situé entre le maximum l'intensité de LCR et la moyenne de l'intensité de MG en **T2**.
3. le seuil de $\mu_{Glio}^{DP}$ doit être situé entre le maximum de l'intensité en **DP** et la moyenne de l'intensité de MG **DP**.
4. si les moyennes et les maxima d'intensité de ces trois tissus (LCR, MG, MB) sont connus, nous pourrons obtenir les valeurs seuils.

Nous proposons deux méthodes pour le faire. La première est basée sur l'histogramme d'intensité d'IRM en 3D, et la seconde sur le regroupement.

– Pour la première méthode, les pics et les vallées de l'histogramme fournissent certaines informations particulières sur les limites en intensités des tissus. Nous présentons en Section 2.3.6.1 et [Dou04] [Dou05a], un exemple de génération d'une fonction d'appartenance

basée sur l'analyse de l'histogramme des niveaux de gris. Cette méthode peut aussi être utilisée pour déterminer les seuils du modèle flou des tumeurs.

– Méthode de regroupement. Il existe beaucoup de méthodes pour segmenter des tissus normaux sur des images IRM pondérées en T1, telles que FCM, KNN, etc.. Après acquisition des différentes séquences, les résultats du regroupement en T1 peuvent être reportés sur les images issues des autres séquences. Les moyennes et variances de ces regroupements de petite taille peuvent être utilisées pour déterminer les seuils recherchés. La méthode de segmentation markovienne floue proposée par [Rua02a] a été utilisée avec succès dans [Dou03b] pour estimer les paramètres de la fonction d'appartenance des zones tumorales observées par IRM.

Une application de cette méthode de modélisation floue est présentée ci-dessous.

### 2.3.5 Estimation à partir de l'histogramme

#### 2.3.5.1 Analyse des caractéristiques d'un histogramme

L'histogramme des niveaux de gris d'une image représente une information statistique. En notant $GL_k$ le $k^{me}$ niveau de gris, pour un nombre total de $L$ niveaux (pour une image 8 bits, L=256), $k = 0,1,\ldots,L-1$. L'histogramme $p(GL_k)$ donne une estimation de la probabilité d'apparition de $GL_k$.

$$p(GL_k) = \frac{n_k}{n} \tag{2.17}$$

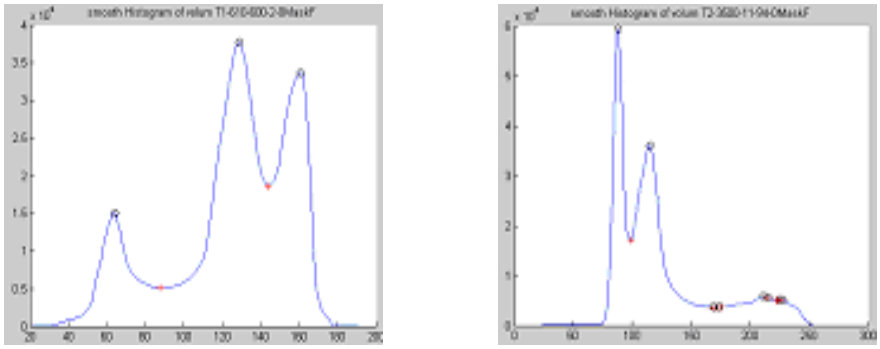
où $n_k$ est le nombre de pixels dont le niveau de gris est $GL_k$, et $n$ le nombre total de pixels de l'image.

L'histogramme en niveau de gris du fantôme étudié (voir Fig. 3.2 I-(a), II-(a)) est montré en Fig. 2.2. En analysant conjointement l'allure de l'histogramme et les connaissances *a priori* (dans la section 2.3.3.1), nous avons pu mettre en évidence certaines caractéristiques de cet histogramme:

1. **Les pics de l'histogramme correspondent aux caractéristiques des tissus purs**. Par exemple, le pic de l'histogramme relie la population locale de pixels avec leur niveau de gris. Il y a 3 pics en Fig. 2.2(a). Selon la Tab. 2.1, il résulte que le pic le plus élevé correspond à la MG, le second pic à la MB et le troisième au LCR.
2. **Les niveaux de gris des vallées correspondent aux mélanges inter tissus**. Deux vallées sont visibles en Fig. 2.2(a). La vallée signifie une transition du niveau de gris d'un tissu à un autre. Considérant la Tab. 2.1, il résulte que la vallée la plus profonde en

Fig. 2.2(a) correspond au mélange de MG et de MB, et que la seconde vallée correspond au mélange de LCR et de MG.

3. **Relation entre histogramme normalisé et possibilité**. L'histogramme des niveaux de gris $p(GL_k)$ fournit la fréquence ou la probabilité d'apparition du niveau $GL_k$. Si l'histogramme a été normalisé avec celui du tissu pur correspondant, cet histogramme normalisé fournit une évaluation de la possibilité que $GL_k$ appartienne à ce tissu pur.



(a) (b)

FIG. 2.2 – *Histogramme d'intensité volumique de l'image IRM présentée en Fig. 3.2. (a)Histogramme pour la séquence T1 (Fig. 3.2 I-(a)). (b)Histogramme pour la séquence T2 (Fig. 3.2 II-(a)).*

#### 2.3.5.2 Relations entre niveaux de gris et fonction d'appartenance

Nous définissons ici des relations entre le degré d'appartenance et les niveaux de gris dans l'espace de signal considéré **SI**, (**SI** = {**T1**,**T2**,**DP**, ...}). Ces relations peuvent être obtenues selon la méthode décrite en section 2.3.3.1. Nous définissons de la manière suivante les propriétés des images pondérées en **T1**,

1. le niveau de gris en T1 ($GL_{T1}$) est directement proportionnel au degré d'appartenance à la matière blanche ($\mu_{MB}^{T1}$), i.e. ($\mu_{MB}^{T1}$) est une fonction monotone de ($GL_{T1}$) .

$$\mu_{MB}^{T1} \propto GL_{T1} \tag{2.18}$$

2. le niveau de gris en T1 ($GL_{T1}$) est inversement proportionnel au degré d'appartenance au LCR ($\mu_{LCR}^{T1}$), i.e. ($\mu_{LCR}^{T1}$) est une fonction monotone décroissante de ($GL_{T1}$).

$$\mu_{LCR}^{T1} \propto \frac{1}{GL_{T1}} \tag{2.19}$$

3. le niveau de gris en T1 ($GL_{T1}$) est directement proportionnel au degré d'appartenance à MG ($\mu_{MG}^{T1}$), si $GL_{T1} \leq GL_{T1}^{pk}$, où $GL_{T1}^{pk}$ est un seuil correspondant soit à un pic soit à une

vallée de l'histogramme puis inversement proportionnel à $GL_{T1}$ au delà de ce seuil.

$$\mu_{MG}^{T1} \propto \begin{cases} GL_{T1}, & si\ GL_{T1} \leq GL_{T1}^{pk} \\ \frac{1}{GL_{T1}}, & si\ GL_{T1}^{pk} < GL_{T1} \end{cases} \tag{2.20}$$

#### 2.3.5.3 Génération de la fonction d'appartenance

**Passage de l'histogramme à la fonction d'appartenance**

Nous avons trouvé certaines relations entre les fonctions d'appartenance et les niveaux de gris de l'image IRM en section 2.3.5.2. Certaines caractéristiques de l'histogramme de l'IRM du cerveau ont été analysées en section 2.3.5.1. Par le biais de ces résultats, et par combinaison avec les connaisssances *a priori* présentées en section 2.3.3, nous proposons une transformation de l'histogramme en fonction d'appartenance. Les points caractéristiques utilisés pour cette transformation sont les pics, $(GL_{SI}^{pk}, p(GL_{SI}^{pk}))$ et les vallées $(GL_{SI}^{vl}, p(GL_{SI}^{vl}))$ de l'histogramme d'intensité.

Notons $\mathcal{F}$ l'opération de transformation qui est une méthode notée "renversement de courbe". Pour bien expliquer ce processus, nous prenons une courbe initiale pouvant être un histogramme et la transformons pas à pas pour obtenir une fonction d'appartenance en forme de base de $A_u(v,g)$ (equation B.4). Cette transformation est illutrée en Fig. 2.3 et consiste dans les 3 étapes suivantes :

- L'étape 1 : Translation de coordonnées

$$\widehat{\mu_1} = p(GL) - D_1,\ avec\ D_1 = p(GL^{vl}); \tag{2.21}$$

- L'étape 2 : Renversement de courbe

$$\widehat{\mu} = \begin{cases} -p(GL), & si\ GL^{pk1} \geq GL > GL^{vl} \\ \widehat{\mu_1}, & sinon. \end{cases} \tag{2.22}$$

- L'étape 3 : Translation et normalisation

  - translation de coordonnée

$$\widehat{\mu_2} = \widehat{\mu} + D_2,\ avec\ D_2 = p(GL^{pk1}) - p(GL^{vl}). \tag{2.23}$$

  - normalisation

$$\mu = \begin{cases} 1, & si\ GL > GL^{pk2} \\ \widehat{\mu_2}/D_3, & si\ GL^{pk1} \geq GL \geq GL^{pk2} \\ 0, & si\ GL < GL^{pk1}. \end{cases} \tag{2.24}$$

où $D_3 = p(GL^{pk2}) + p(GL^{pk1} - 2p(GL^{vl}))$, est un facteur normalisé.

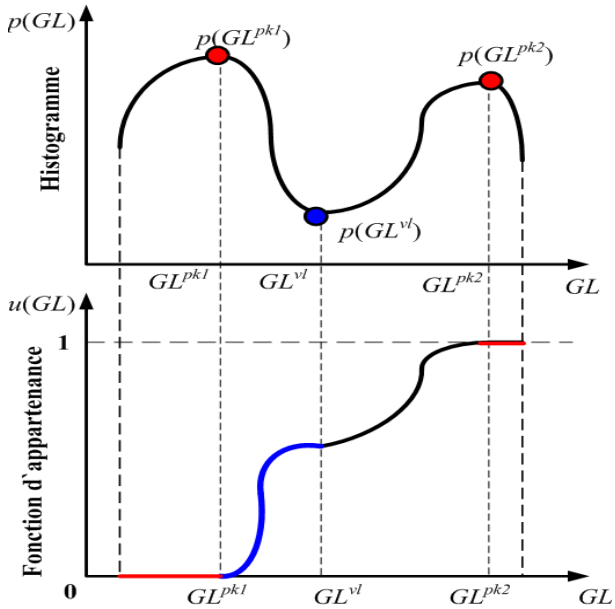



FIG. 2.3 – *Illustration de l'opération de transformation de l'histogramme.*

Nous obtenons ainsi la fonction d'appartenance (2.25),

$$\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{SI}_{hist}} = \mathcal{F}\{(GL_{SI},p(GL_{SI})),p(GL_{SI}^{pk}),p(GL_{SI}^{vl})\} \tag{2.25}$$

où $GL_{SI} = \{GL_{T1},GL_{T2}\}$.

Un exemple de transformation, à partir de Fig. 2.2(a), est montré en première ligne de Fig. 2.4.

**Modèle flou simplifié**

Pour construire un modèle flou des tissus cérébraux de manière simple, des fonctions analytiques simples peuvent être trouvées. étant données les formes de $\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{SI}_{hist}}$, le choix de la fonction simple est basé sur l'idée de minimiser l'écart entre la forme et sa fonction approxime. Une façon plus simple consiste à utiliser une fonction semi-trapézoïdale pour approximer $\mu_{\mathbf{LCR}}^{\mathbf{T1}_{hist}}$, une fonction triangulaire pour approximer $\mu_{\mathbf{MG}}^{\mathbf{T1}_{hist}}$, et une fonction semi-trapézoïdale pour approximer $\mu_{\mathbf{MB}}^{\mathbf{T1}_{hist}}$ (Fig. 2.4). Les paramètres de ces fonctions sont définis à partir des points caractéristiques de $\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{SI}_{hist}}$, i.e. les points caractéristiques tels que les pics et les vallées.

### 2.3.6 Création à partir de la distribution floue

Les deux dernières méthodes de l'estimation (section 2.3.4, section 2.3.5) peuvent nous donner une fonction d'appartenance en forme de figure, vecteur, ou matrice. Mais dans certains cas, par exemple, pour créer un modèle général et pour l'optimiser par des techniques

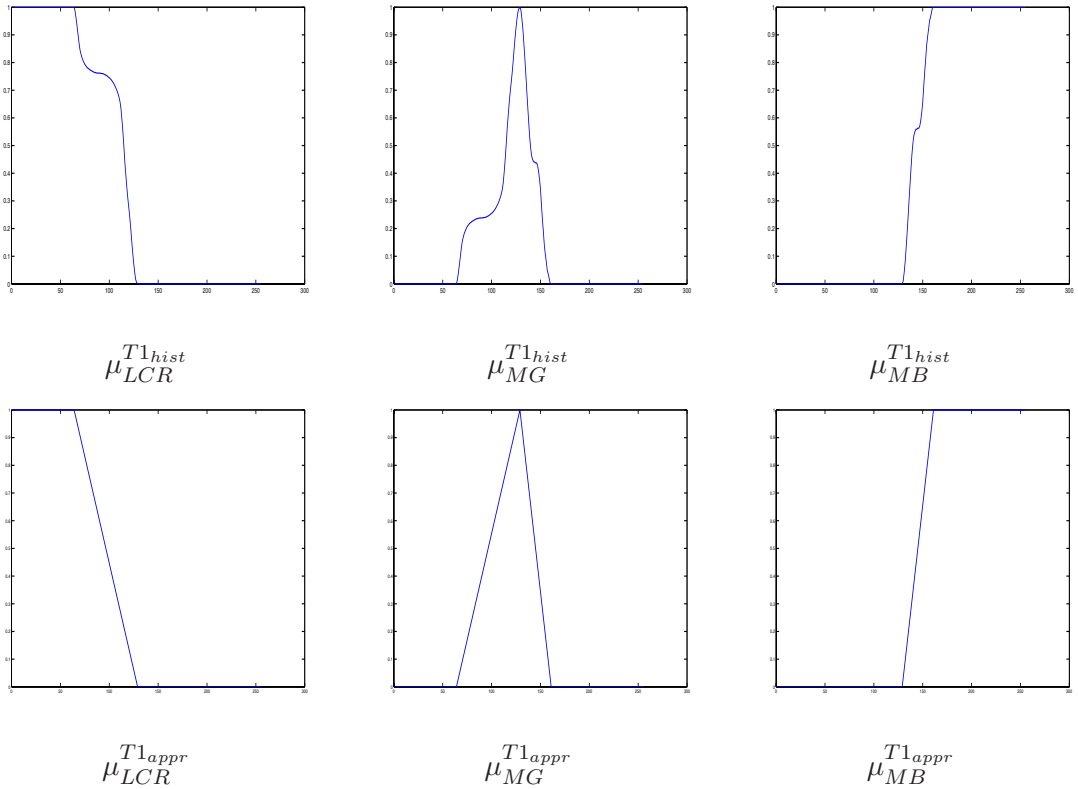



FIG. 2.4 – *Fonctions d'appartenance continues obtenues par transformation de l'histogramme (en haut), ($GL_{T1}$, $\mu_{LCR}^{T1_{hist}}$), ($GL_{T1}$, $\mu_{MG}^{T1_{hist}}$), ($GL_{T1}$, $\mu_{MB}^{T1_{hist}}$) et leurs approximations (en bas) ($GL_{T1}$, $\mu_{LCR}^{T1_{appr}}$), ($GL_{T1}$, $\mu_{MG}^{T1_{appr}}$) and ($GL_{T1}$, $\mu_{MB}^{T1_{appr}}$)*

.

adaptatives, une fonction analytique (fonction mathémathique) est nécessaire pour définir une fonction d'appartenance. En général, un fit des courbes peut être utilisé pour construire une fonction analytique à partir des résultats de ces deux méthodes d'estimation. Mais il introduira un problème de convergence et de coût d'opération.

Comme il y a beaucoup de fonctions de distribution, par exemple, gaussienne, de Rayleigh, exponentielle, .... Nous proposons ici une méthode de création de la fonction d'appartenance des tissus tumoraux à partir de la distribution floue présentée en section 2.2.3. Deux problèmes importants se posent :

- comment choisir une distribution floue présentant une fonction d'appartenance,
- comment définir les paramètres de la distribution floue choisie.

Ils sont résolus ci-dessous.

Il faut trouver une forme référence pour choisir une distribution. Les limites et les formes des fonctions d'appartenance doivent rigoureusement correspondre à l' interprétation d'un ob-

servateur. Puisque notre objectif est de segmenter une tumeur, notre fonction d'appartenance doit refléter les signaux de la tumeur observés par IRM.

#### 2.3.6.1 Forme de référence de la fonction d'appartenance d'une tumeur

La forme de référence est une allure de fonction d'appartenance. En utilisant les deux méthodes présentées en section 2.3.4 et en section 2.3.5, nous pouvons obtenir deux types de forme référence. Les formes références construites par la combinaison des connaissances *a priori*, et celles obtenues par transformation de l'histogramme.

**Forme référence construite à partir des connaissances *a priori*** .

Selon la méthode de l'estimation par la combinaison des connaissances *a priori* expliquée en section 2.3.4, les caractéristiques de gliome présentées en Tab 2.1 peuvent être représentées par les équations (B.3) et (B.4), montrées en Fig. 2.5(a)-(c). L'adjustement de ces allures peut être fait selon l'equation (2.16) en utilisant $h_3(v,g_{Necro})$ et $h_4(v,g_{Oede})$ présentés en section 2.3.4.3. Les résultats $f(GL)$ sont montrés en Fig. 2.5(d)-(f). Les $\mu'(GL)$ en Fig. 2.5(g)-(i) sont les résultats d'après l'estimation des limites de $f(GL)$ selon la présentation en section 2.3.4.4.

En effet, $\mu'_{T1}(GL)$, $\mu'_{T2}(GL)$ et $\mu'_{DP}(GL)$ en Fig. 2.5(g)-(i) sont les formes de référence de la fonction d'appartenance de gliome.

**Forme référence construite par transformation de l'histogramme** .

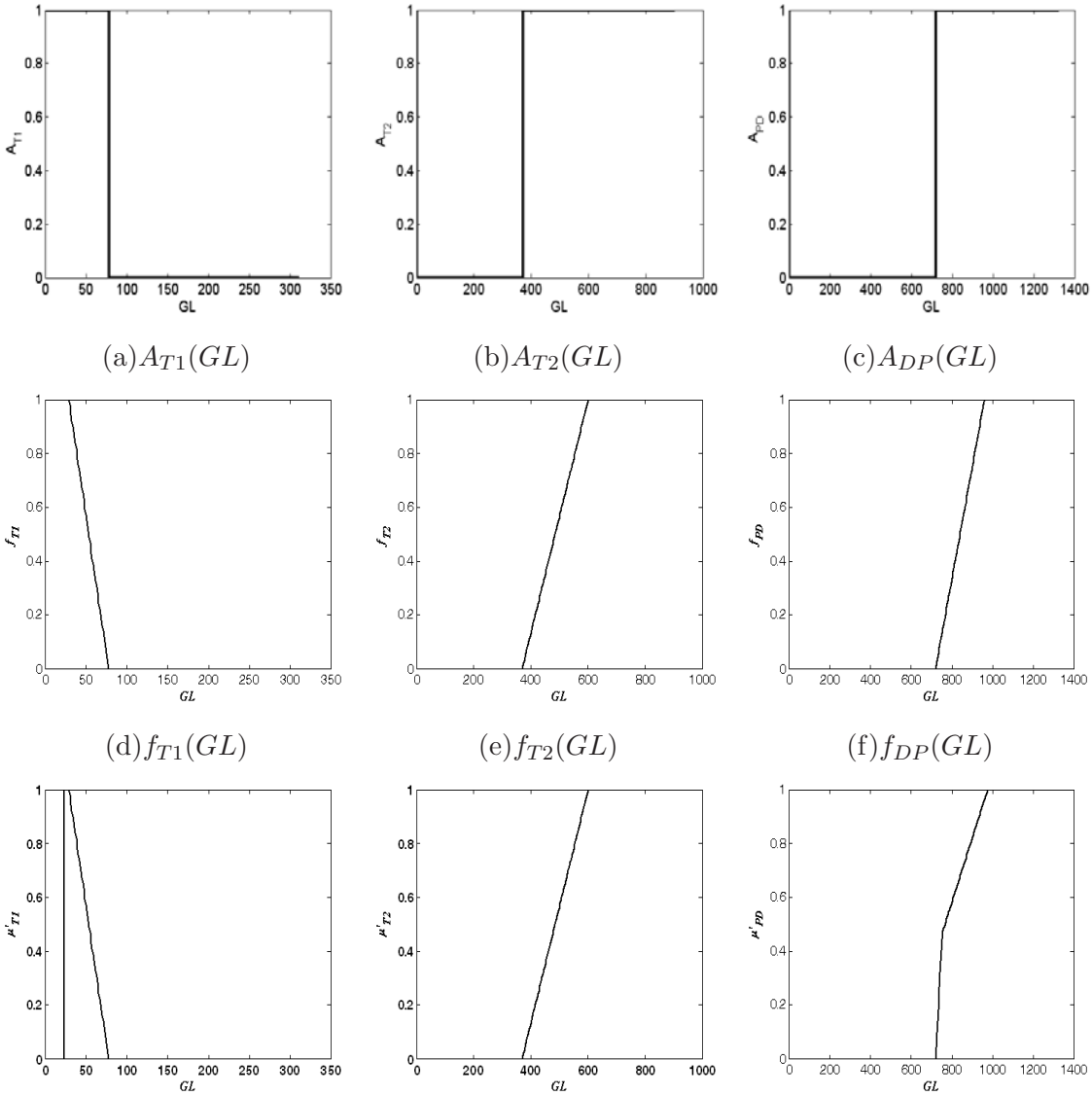
L'analyse de l'histogramme des niveaux de gris est une technique importante pour obtenir quelques caractéristiques du signal, puisque l'histogramme des niveaux de gris d'une image présente certaines caractéristiques statistiques.

Figure 2.6 montre l'allure de l'histogramme d'une région. Une transformation de l'histogramme en fonction d'appartenance peut être effectuée selon

- la possibilité de l'appartenance à la tumeur (Fig. 2.1),
- le concept d'histogramme (section 2.3.5.1),
- l'intensité relative des tissus tumoraux donnée en Tab. 2.1.

Les histogrammes transformés selon la méthode présentée en section 2.3.5 des régions tumorales sont montrés en Fig. 2.7. Les points caractéristiques utilisés pour des transformations sont leurs pics. Ils sont les références de formes et de limites des fonctions d'appartenance à la tumeur pour les 3 séquences T1, T2, DP.

Les deux types de formes références en Fig. 2.5(g)-(i) et Fig. 2.7(a)-(c) sont très ressemblants.




(a)$A_{T1}(GL)$ (b)$A_{T2}(GL)$ (c)$A_{DP}(GL)$

(d)$f_{T1}(GL)$ (e)$f_{T2}(GL)$ (f)$f_{DP}(GL)$

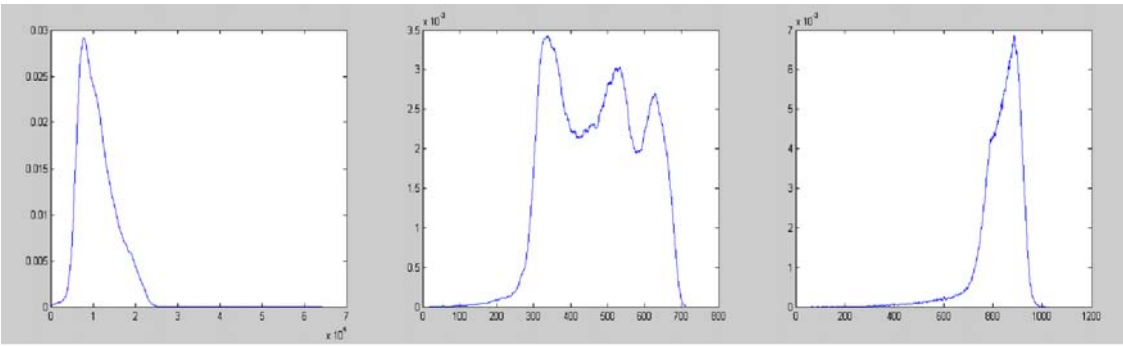
(g)$\mu'_{T1}(GL)$ (h)$\mu'_{T2}(GL)$ (i)$\mu'_{DP}(GL)$

FIG. 2.5 – *Les allures de la fonction d'appartenance de gliome obtenues par les connaissances a priori*

.

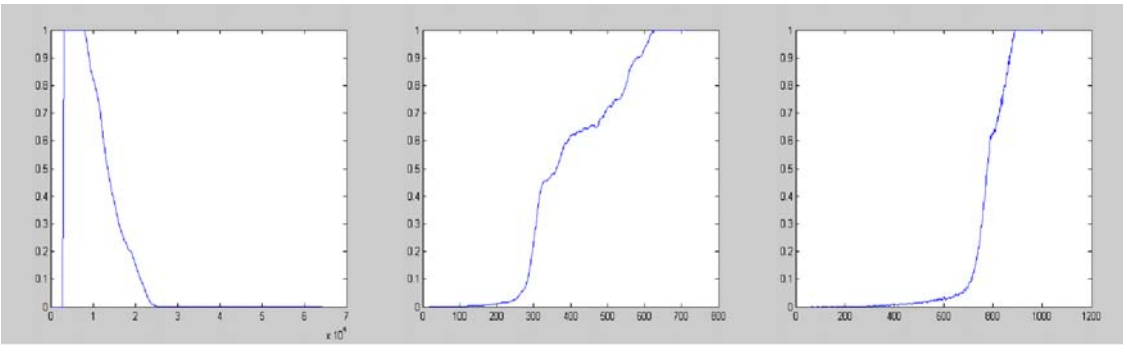
#### 2.3.6.2 Distributions floues appropriées

Dans cette étape, nous devons trouver des distributions pour approcher les formes références présentées en Fig. 2.5(g)-(i) ou Fig. 2.7(a)-(c). Il existe beaucoup de fonctions mathématiques pouvant être utilisées comme fonctions d'appartenance comme les fonctions d'allure rectangulaire, les fonctions d'allure trapézoïdale, les fonctions paraboliques, les fonctions gaussiennes, ... (Annexe B).



(a) (b) (c)

FIG. 2.6 – *Histogramme de la région tumorale issue du contourage manuel du gliome présenté en Fig. 3.3 sur des images pondérées (a)/T1, (b)/T2, (c)/DP.*



(a) (b) (c)

FIG. 2.7 – *Histogrammes transformés de Fig. 2.6. (a)/T1, (b)/T2, (c)/DP.*

Nous proposons plusieurs fonctions mathématiques adaptées à la modélisation de l'information floue des tissus tumoraux présentée en Tab. 2.1. Les fonctions d'appartenance correspondant à T1, T2 et DP sont notées $\mu_{Glio}^{\mathbf{T1}}$, $\mu_{Glio}^{\mathbf{T2}}$ et $\mu_{Glio}^{\mathbf{DP}}$, respectivement. Elles sont définies par les équations suivantes:

$$\mu_{Glio}^{\mathbf{T1}}(s) = \begin{cases} 0, & s \leq a_1 \\ \frac{1}{2} + \frac{1}{2}\sin[(\frac{\pi}{a_2 - a_1})(s + \frac{a_2+a_1}{2})], & a_1 < s \leq a_2 \\ 1, & a_2 < s \leq a_3 \\ \frac{1}{2} - \frac{1}{2}\sin[(\frac{\pi}{a_4 - a_3})(s - \frac{a_4+a_3}{2})], & a_3 < s \leq a_4 \\ 0, & a_4 < s \end{cases} \tag{2.26}$$

où $s$ correspond à l'intensité du signal; si $s$ correspond à l'image pondérée en T1, il est noté $s \in T1$.

$$\mu_{Glio}^{\mathbf{T2}}(s) = \begin{cases} 0, & s \leq b_1 \\ \frac{1}{2} + \frac{1}{2}\sin[(s - \frac{b_1+b_2}{2})(\frac{\pi}{b_2-b_1})], & b_1 < s \leq b_2 \\ 1, & b_2 \leq s \end{cases} \tag{2.27}$$

où $s \in T2$.

$$\mu_{Glio}^{\mathbf{DP}}(s) = \begin{cases} 0, & s \leq c_1 \\ \frac{1}{2}(\frac{s-c_1}{c_1-c_2})^2, & c_1 < s \leq c_2 \\ 1 - \frac{1}{2}(\frac{s-c_3}{c_3-c_2})^2, & c_2 < s \leq c_3 \\ 1, & c_3 < s \end{cases} \tag{2.28}$$

où $s \in DP$.

#### 2.3.6.3 Estimation des paramètres

Les trois ensembles de constantes **a**,**b** et **c** sont des paramètres de limites de $\mu_{Glio}^{\mathbf{T1}}$, $\mu_{Glio}^{\mathbf{T2}}$ et $\mu_{Glio}^{\mathbf{DP}}$, respectivement.

A partir de la Tab. 2.1, on constate que la limite de $\mu_{Glio}^{\mathbf{T1}}$ doit être située entre la valeur moyenne du niveau du LCR et celle de la MG pour une image pondérée en T1, et les limites de $\mu_{Glio}^{\mathbf{T2}}$ et $\mu_{Glio}^{\mathbf{DP}}$ doivent être situées entre le maximum d'intensité et les moyennes de MB dans les images pondérées en T2 et DP. Si les moyennes des intensités des trois tissus sont connues, nous pouvons facilement trouver ces paramètre limites.

La méthode de segmentation markovienne proposée dans [Rua02a] peut segmenter avec succès les trois principaux tissus du cerveau, MB, MG et LCR, et leurs mélanges (partial volume effects) sur des images pondérées en T1. Les moyennes d'intensités des mélanges inter tissus dépendent des proportions du mélange. La somme de ces différents mélanges doit donner une valeur unité.

Par exemple, un mélange LCR-MG peut consister en 80% de LCR et 20% de MG. Il sera observé dans une image pondérée en T1 comme un peu plus clair que le LCR pur, mais plus sombre que la MG. Les paramètres limites peuvent donc être obtenus à partir des intensités moyennes des tissus purs et de leurs mélanges. On lit en Tab. 2.1 que la tumeur est plus claire que le LCR. $a_1$ est donc défini comme la valeur moyenne du mélange de 90% de LCR et de 10% MG. Il est légèrement plus clair que le LCR; $a_2$ et $a_3$ sont définis à partir de deux mélanges de 30% de LCR et de 40% de LCR. Les voxels dont l'intensité est comprise entre $[a_2, a_3]$ appartiennent certainement à la tumeur. Comme la tumeur est plus sombre que la MG, $a_2$ est défini comme un mélange comprenant de 90% de MG.

Si l'on considère d'autres types d'images, il suffit de projeter le résultat obtenu sur les images pondérées en T1 sur les autres modalités pour obtenir la segmentation correspondante,

puisque tous les types d'images ont été préalablement recalés dans le même référentiel. De la même manière nous pouvons aussi trouver les ensembles de paramètres **b** et **c**. Comme inscrit en Tab. 2.1, les intensités de tumeur dans une image pondérée en T2 sont plus claires que la MG, et de même intensité que le LCR. Dans ce type d'image, le LCR est le plus brillant. Ainsi, $b_1$ est défini comme l'intensité moyenne du mélange de 90% de MG (10% de LCR), $b_2$ par la moyenne d'intensité du LCR. L'intensité de la tumeur dans une image pondérée en DP se situe aussi dans l'intervalle entre MG et LCR. Mais il existe quelques différences avec celle des images pondérées en T2. La MG est la plus brillante en DP, suivie par le LCR. L'intensité de la tumeur peut être plus sombre que MG, et plus brillante que le LCR. La valeur de $c_1$ est choisie comme l'intensité moyenne du mélange de 40% de MG, $c_2$ par le mélange de 60% de MG, et $c_3$ par le mélange de 90% de MG.

Il est clair que cette méthode de positionnement des paramètres limites dépend de l'application. Grâce aux connaissances *a priori*, ces paramètres peuvent être trouvés facilement. En réalité le résultat final n'est pas très sensible à leur valeur précise, parce que l'étape d'ajustement peut améliorer les résultats finaux.

### 2.3.7 Conclusion

On peut distinguer deux types de gradations :

- la gradation de l'intensité du signal en fonction du tissu et de la séquence utilisée;
- la gradation de la possibilité des tissus d'appartenir à un gliome.

Tous deux sont pris en compte par le biais de deux types de connaissances *a priori* présentés en Tab. 2.1 et Fig. 2.1. Ils peuvent nous permettre d'estimer une fonction d'appartenance en utilisant le principe d'estimation proposé en section 2.3.2.

Par examen de la Tab. 2.1, nous pouvons conclure que le signal d'une région tumorale n'est ni très brillant ni très sombre en T1 (entre MG et LCR) (sauf en cas de nécrose), mais qu'il est très brillant en T2 et DP. Puisque cette description langagière est très floue, nous suggérons de la transformer en modèle mathématique flou pour pouvoir en bénéficier dans nos traitements ultérieurs.

On est confronté à deux problèmes importants de mesure en théorie des ensembles flous [Dub00] : le premier se rapporte à la mesure du degré d'appartenance de plusieurs objets ou sujets dans un seul ensemble flou, et le second qui est lié au problème de complémentarité, concerne la prise en compte de plusieurs termes flous associés à un seul agent ou élément de l'univers d'observation.

La méthode de construction d'une fonction d'appartenance que nous proposons à partir de l'histogramme d'intensité est une bonne réponse à ces problèmes. Ses avantages sont les suivants :

1) Une bonne association d'une mesure objective et de connaissances *a priori* venant du neuro radiologue;
2) La mesure du degré d'appartenance est objective parce qu'elle est déduite de l'ensemble de l'histogramme de tout le volume imagé;
3) La transformation de l'histogramme résulte de la prise en compte de connaissances *a priori*, de l'expérience, de l'observation objective de l'histogramme par une analyse de priorité;
4) La fonction d'appartenance générée peut être approximée par une fonction continue adéquate;
5) Les résultats d'estimation nous permettent de donner une description naturelle à la relation d'appartenance.

Puisque nous disposons d'images multispectrales, chaque image peut générer un modèle en utilisant les méthodes proposées dans cette partie. Il est possible de combiner les différents modèles (les fonctions d'appartenance) dans un système de fusion d'information floue.

Dans la partie suivante, nous proposons un tel schéma de fusion d'informations floues.

## 2.4 Schéma de fusion des informations floues

### 2.4.1 Introduction

Nous avons présenté le concept de fusion et des applications dans le domaine de la segmentation d'images IRM en section 2.4.5. A cause de l'information spécifique fournie par l'IRM (section 1.2), nous proposons un cadre de fusion de l'information floue qui permet la segmentation des images IRM.

L'information de "haut" niveau comme les critères de décision de la présence d'une tumeur, est obtenue à partir de ces images IRM. Nous calculons alors la mesure de la possibilité pour chaque voxel du cerveau 3D qu'il appartienne à une tumeur. Par ailleurs, ce cadre peut également être étendu à d'autres applications de segmentation ou de classification de tissus.

Nous comparons aussi des opérateurs de combinaison floue pour choisir un opérateur de fusion dans le schéma proposé.

### 2.4.2 Architecture générale

Le terme d'information floue vient de l'incertitude à la fois dans la morphologie et l'intensité de signal des divers types des tissus cérébraux et de tissus tumoraux : les limites non précises des objets qui résultent du principe de formation de l'image IRM et des effets de volume partiel

et la possibilité de comparer uniquement de façon qualitative les intensités relatives des différents tissus selon les différentes séquences utilisées. Dans le cas de l'IRM, la fusion est facilitée du fait que les informations fusionnées sont fournies par le même système d'acquisition. Le terme de caractéristique est attaché à l'objectif d'extraction de l'objet cible tel que les tissus tumoraux du cerveau humain. La caractéristique peut comprendre l'intensité relative de ces tissus, la forme, la position relative des divers tissus qui correspondent à l'objet cible.

Dans le domaine de l'analyse tumorale de tissus, il est impossible d'obtenir des données en grande quantité concernant le même patient ou le même type de patient. Il est aussi impossible d'obtenir un grand nombre de rapports de diagnostic de différents experts pour ces données examinées. Ainsi n'est-il pas facile d'employer la statistique et les méthodes associées au niveau de la décision.

En raison des deux difficultés que sont les divers types de tumeur et les effets de volume partiel, et de l'avantage à pouvoir accéder à différentes images du même patient (spectres multiples), nous proposons un cadre de fusion d'informations floues **Archit1** basé sur le niveau caractéristique. Il est présenté en Fig. 2.8.

En Fig. 2.8, les rectangles représentent les opérations de traitement de signal. Les cercles et les ellipses correspondent respectivement aux entrées et aux sorties des signaux. Les signaux d'origine viennent des séquences d'IRM, par exemple, T1, T2, DP, Gado, FLAIR et de la spectroscopie. Les signaux obtenus après l'opération de recalage sont notés en employant l'"rXXX" où "XXX" sont les noms des signaux d'origine, tels que rT1,rT2...,rFLAIR. Les images de caractéristiques extraites des images "rXXX", sont notées "erXXX" (par exemple, erT1, est l'image de caractéristiques extraites du signal en T1). L'image fusionnée est notée FerI, où "F" est l'opération de fusion, "e" représente le traitement aboutissant à l'extraction de la caractéristique cible, "r" est l'opération de recalage, et "I" est la première lettre du mot d'"Image". Le résultat final de cette architecture est la carte du degré d'appartenance à l'objet, qui est représenté par une image dont le niveau de gris donne la possibilité pour chaque voxel d'appartenir à un objet d'intérêt tel qu'une tumeur.

### 2.4.3 Description du principe de fusion

L'approche de fusion proposée consiste en quatre étapes:

- le **recalage** ou le placement des images multispectrales ou des séquences multiples, dans un même système de coordonnées;
- l'**extraction** et la **modélisation floue** des caractéristiques ou la création des modèles flous basés sur les connaissances *a priori*;

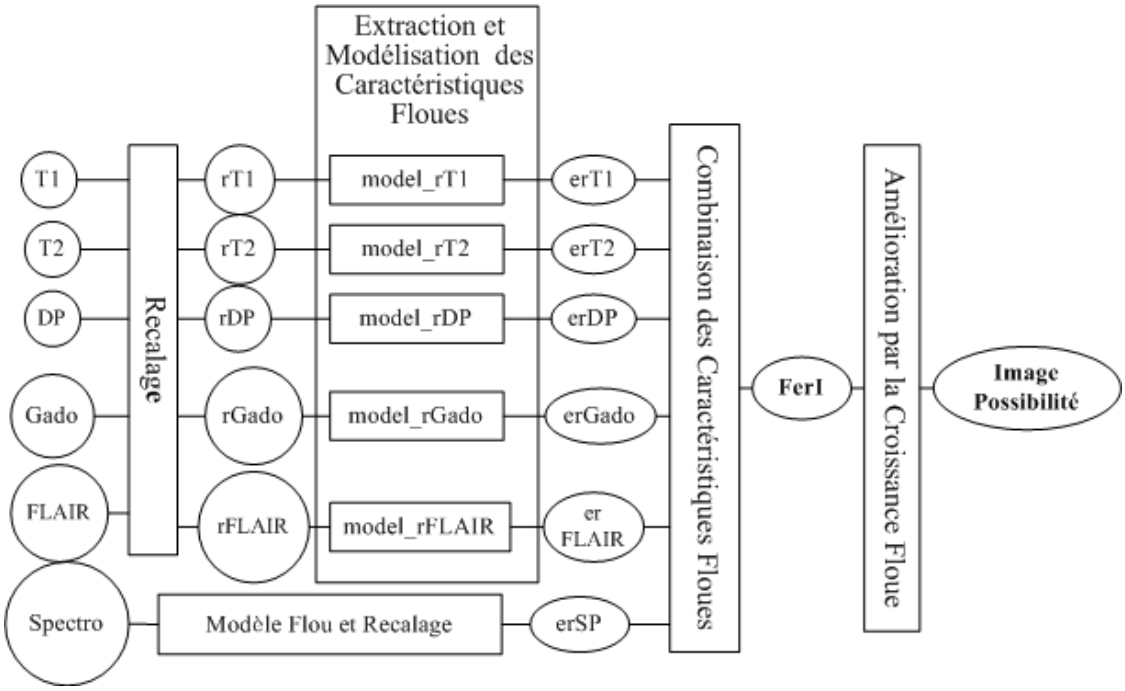



FIG. 2.8 – *Architecture de fusion d'informations floues. Les rectangles correspondent aux opérations de traitement d'images et du signal. Les cercles et les ellipses représentent les entrées et les sorties des images et du signal. Les images d'entrée sont des images d'IRM pondérées en T1, T2, DP, Gado, FLAIR. Le signal d'entrée est le signal Spectro (spectroscopie).*

– la **combinaison** des caractéristiques extraites;
– l'**amélioration** ou le raffinement du résultat de **la fusion**.

Le cadre de fusion proposé n'est absolument pas le même que celui de Fig. 1.3 [Wal95]. Comme nous en avons discuté en section 1.4.3, il ressemble à une opération hybride des deux niveaux de fusion : au niveau pixel en Fig. 1.3(a) et au niveau caractéristique en Fig. 1.3(b).

Pour justifier notre conception de ce cadre de fusion floue, nous pouvons donner les cinq raisons suivantes :

1) Normalement, les caractéristiques doivent être extraites à partir de chaque signal original d'image. Les images IRM fournies, pondérées en T1, T2, DP ou résultant de certaines séquences spécifiques tels que Gado, FLAIR, sont presque dans le même système de coordonnées. Plusieurs outils ont été développés pour leur recalage tel que le SPM (Statistical Parametric Mapping) [SPM], FLIRT (Functional Magnetic Resonance Imaging of the Brain (FMRIB)'s Linear Image Registration Tool) de FSL (Forecast Systems Laboratory)[FSL]. Afin de profiter de la multiplicité des séquences sources d'IRM, la recalage par FLIRT est utilisé dans notre cadre.

2) La séquence de spectroscopie présente le pourcentage de statistique des différents éléments biologiques dans un petit secteur limité. Ce n'est pas un signal d'image et ne peut pas recalé au moyen des outils mentionnés ci-dessus. Elle doit donc subir un recalage spécifique lors de l'étape d'extraction des caractéristiques.
3) Bien que la première étape, le recalage, provoque quelques erreurs, ces erreurs seront annulées par les étapes de transformation suivantes, aussi n'est ce pas un handicap pour le résultat final. En effet, puisque les étapes suivantes sont développées en appliquant la théorie floue, elles ne dépendent pas de l'information absolue en spatial et en intensité d'image.
4) La combination floue doit combiner les caractéristiques communes à différentes sources et supprimer les signaux redondants par une opération ensembliste floue.
5) Le résultat final de notre méthode fournit la possibilité pour chaque voxel qu'il appartienne à la tumeur, mais ne délimite pas la région avec précision. Il peut être précisé par application d'un seuil sur le degré d'appartenance ou le pourcentage.

### 2.4.4 Extensions de l'architecture proposée

Il est possible d'étendre cette architecture générale pour certaines applications, par exemple, pour économiser du temps de traitement ou pour augmenter la précision de diagnostic. En général, pour économiser du temps d'acquisition, on peut n'obtenir que les séquences de routine, soit T1 et T2 (en Chine), soit T1, T2 et DP (en France). Pour certaines maladies, les séquences spécifiques Gadolinium et FLAIR sont nécessaires. Pour analyser des objets spécifiques, par exemple, tumeur et os, la spectroscopie est nécessaire. Nous proposons donc deux architectures de fusion floue, en deux niveaux de fusion, pour pouvoir utiliser de manière sélective certaines séquences spécifiques.

1) **Extention I Archit2** (Fig. 2.9). Pour économiser le temps d'acquisition ou pour économiser les frais de diagnostic, on n'utilise d'abord que les séquences de routine, T1, T2 et DP. Si le résultat de la fusion des informations fournies par ces trois séquences routines n'est pas satisfaisant pour une décision précise, des séquences spécifiques sont nécessaires. Nous pouvons proposer d'acquérir des séquences spécifiques et combiner les informations de ces séquences spécifiques dans un deuxième niveau de combinaison.
2) **Extention II Archit3** (Fig. 2.10). Si pour une raison quelconque le résultat de la décision finale en utilisant les séquences de routine, par exemple T1, T2 et DP, ne satisfait pas l'utilisateur, il peut faire appel à des séquences spécifiques et exécuter un second niveau de combinaison comme illustré en Fig. 2.10.

La méthode de combinaison qui fonctionne au premier niveau de fusion peut être également utilisée au deuxième niveau.

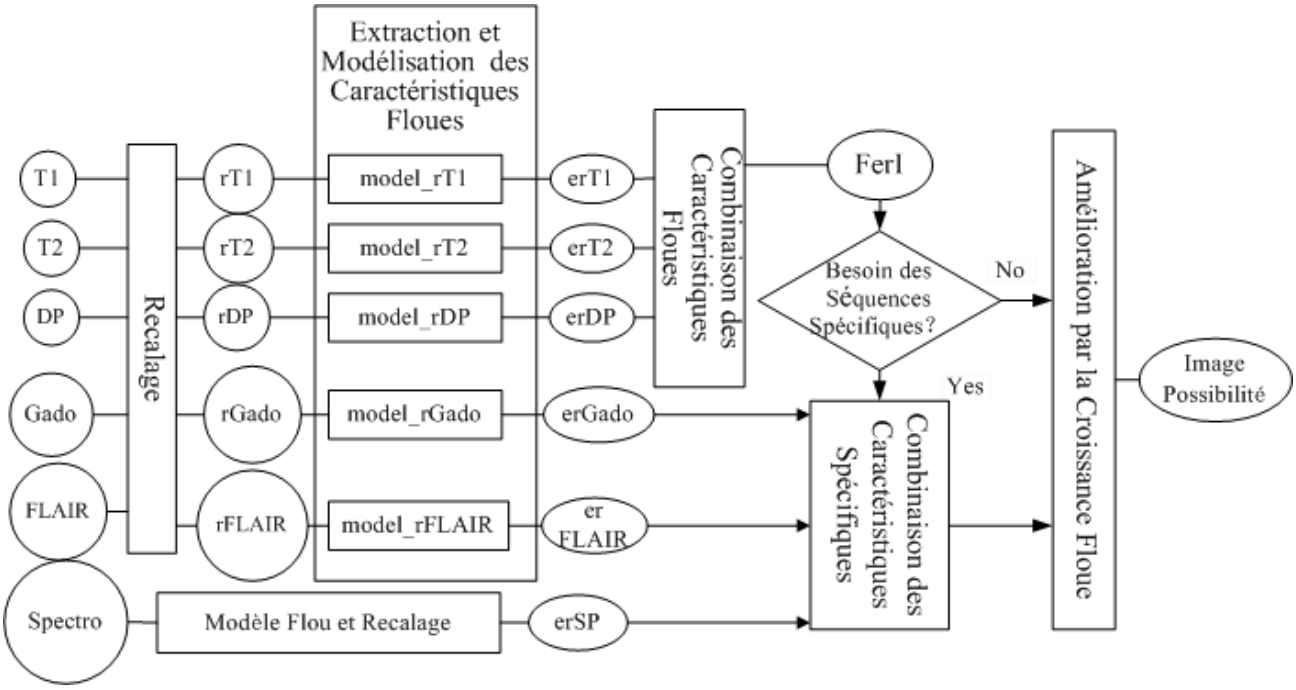



FIG. 2.9 – *Extension I de l'architecture de fusion montrée en Fig. 2.8. Cette extension permet d'accélérer le processus de traitement en utilisant seulement les trois images T1, T2 et DP dans le cas où elles fournissent suffisamment d'informations pour avoir une décision. Dans le cas contraire (décisions non satisfaisantes), on peut rajouter d'autres séquences pour améliorer les résultats.*

### 2.4.5 Opérateurs de combinaison

Une comparaison des opérateurs de combinaison d'informations pour la fusion des données a été présentée dans [Blo96a].

Dans notre cas, une condition de conception de l'opération de combinaison floue ou d'agrégation floue est induite par les propriétés du modèle flou. Elle doit construire l'ensemble flou **T** en combinant les ensembles de caractéristiques floues extraits de **erT1**, **erT2**, et **erDP**. Certaines opérations d'intersection floue ou de t-norme floue, ou des opérateurs de moyennes sont les opérateurs possibles de combinaison floue. Ils sont présentés en Annexe C.

Dans ce qui suit nous utilisons les notations suivantes :

- $\mathbf{FerI} = \{v, \mu_{\mathbf{FerI}}(v) | v \in \mathbf{B}\}$ le résultat de la combinaison,
- $\mathbf{FerI} \subseteq \mathbf{erT1}$, $\mathbf{FerI} \subseteq \mathbf{erT2}$, $\mathbf{FerI} \subseteq \mathbf{erDP}$,

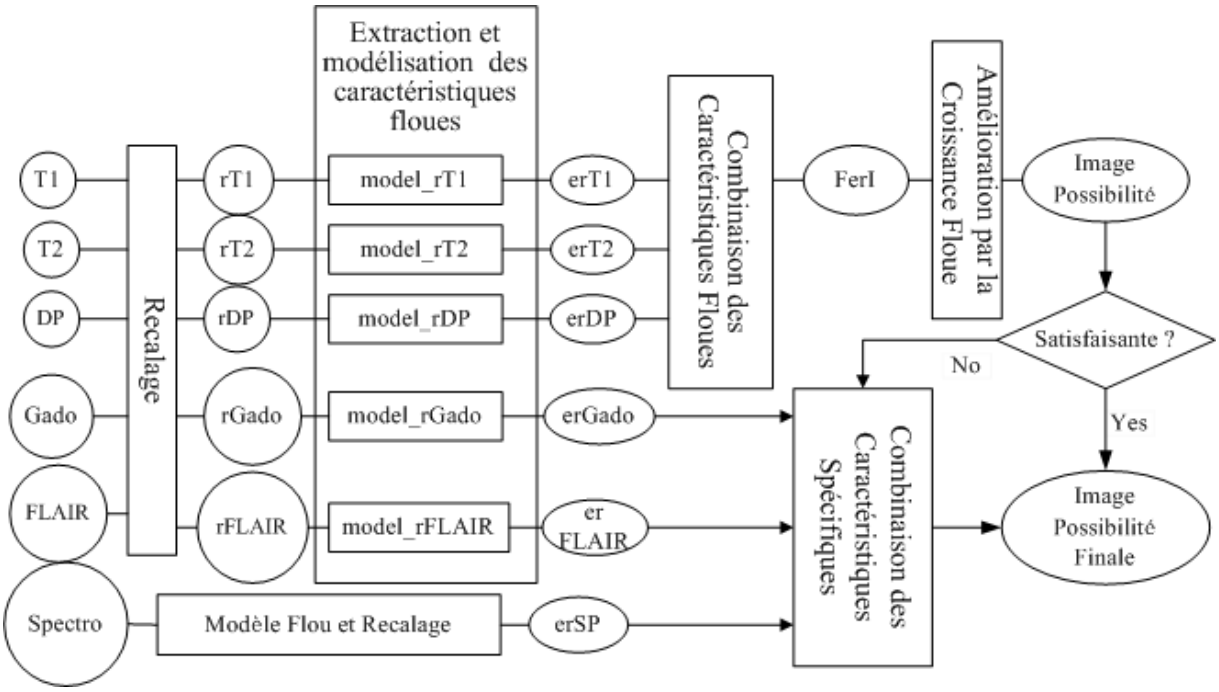



FIG. 2.10 – *Extension II du schéma de fusion présenté en Fig. 2.8. Cette extension permet d'accélérer le processus de traitement en utilisant seulement les trois images T1, T2 et DP dans le cas où elles fournissent suffisamment d'informations pour avoir des résultats finaux satisfaisants. Dans le cas contraire (résultats finaux non satisfaisants), on peut rajouter d'autres séquences pour améliorer les résultats.*

– $\mathbf{T} \subseteq \mathbf{FerI}$.

#### 2.4.5.1 Propriétés de l'opération de combinaison

Le but de l'opération de combinaison des modèles flous est de s'assurer que le degré d'appartenance du centre potentiel de l'objet d'intérêt ou du coeur potentiel de l'ensemble flou $\mathbf{T}$, noté par $Ker(\mathbf{T})$ , vaut 1 et que tous les éléments possédant un attribut semblable de l'objet sont de $\mathbf{T}$, dénoté par $Supp(\mathbf{T})$, où $Ker(\mathbf{T}) = \{v \in \mathbf{B} | \mu(v) = 1\}$, $Supp(\mathbf{T}) = \{v \in \mathbf{B} | \mu(v) > 0\}$.

Dans le cas des séquences **T1**, **T2** et **DP**, nous avons :

– $\mathbf{erT1} = \{v, \mu_{\mathbf{erT1}}(s) | v \in \mathbf{B}, s \in rT1\}$,
– $\mathbf{erT2} = \{v, \mu_{\mathbf{erT2}}(s) | v \in \mathbf{B}, s \in rT2\}$,
– $\mathbf{erDP} = \{v, \mu_{\mathbf{erDP}}(s) | v \in \mathbf{B}, s \in rDP\}$.

Afin de s'assurer qu'aucun voxel de l'objet potentiel, tel que les tissus tumoraux n'est perdu, ces modèles flous de caractéristiques doivent répondre à

$\mathbf{T} \subseteq \mathbf{erT1}$, $\mathbf{T} \subseteq \mathbf{erT2}$, and $\mathbf{T} \subseteq \mathbf{erDP}$.

Donc on a

- $Ker(\mathbf{T}) \subset Ker(\mathbf{erT1})$, où $Ker(\mathbf{erT1}) = \{v \in \mathbf{B} | \mu_{\mathbf{erT1}}(v,s) = 1\}$
- $Ker(\mathbf{T}) \subset Ker(\mathbf{erT2})$, où $Ker(\mathbf{erT2}) = \{v \in \mathbf{B} | \mu_{\mathbf{erT2}}(v,s) = 1\}$
- $Ker(\mathbf{T}) \subset Ker(\mathbf{erDP})$, où $Ker(\mathbf{erDP}) = \{v \in \mathbf{B} | \mu_{\mathbf{erDP}}(v,s) = 1\}$

et

- $Supp(\mathbf{T}) \subset Supp(\mathbf{erT1})$, où $Ker(\mathbf{erT1}) = \{v \in \mathbf{B} | \mu_{\mathbf{erT1}}(v,s) > 0\}$
- $Supp(\mathbf{T}) \subset Supp(\mathbf{erT2})$, où $Ker(\mathbf{erT2}) = \{v \in \mathbf{B} | \mu_{\mathbf{erT2}}(v,s) > 0\}$
- $Supp(\mathbf{T}) \subset Supp(\mathbf{erDP})$, où $Ker(\mathbf{erDP}) = \{v \in \mathbf{B} | \mu_{\mathbf{erDP}}(v,s) > 0\}$.

Ainsi que

- $Supp(\mathbf{T}) \subset \{Supp(\mathbf{erT1}) \cap Supp(\mathbf{erT2}) \cap Supp(\mathbf{erDP})\}$,
- $Ker(\mathbf{T}) \subset \{Ker(\mathbf{erT1}) \cap Ker(\mathbf{erT2}) \cap Ker(\mathbf{erDP})\}$.

La signification de ces modèles flous peut être expliquée comme un espace de caractéristiques de l'intensité de signal projeté sur un espace de possibilité. Ainsi les informations fournies par **erT1**, **erT2**, ou **erDP** permettent d'obtenir l'appartenance à la tumeur de chaque voxel, et la valeur de l'appartenance (degré d'appartenance) représente une possibilité que ce voxel corresponde à la tumeur. C'est parce que l'intensité du signal de chaque voxel correspond à différents éléments biologiques.

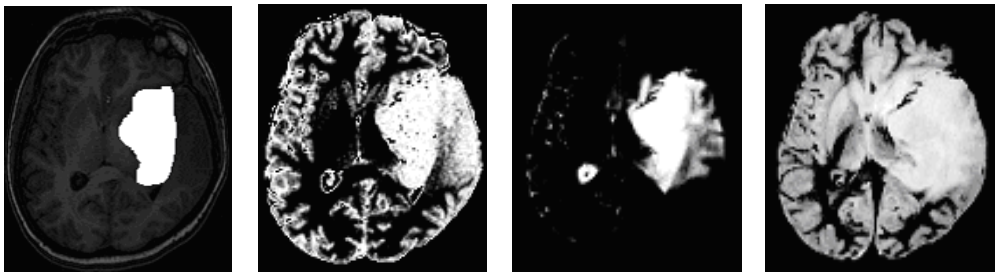
#### 2.4.5.2 Comparaison des opérateurs

Isabelle Bloch a comparé des opérateurs de combinaison d'information. Les opérateurs sont classifiés en trois catégories dans [Blo96a] : "Context independent constant behavior" (CICB), "Context independent variable behavior" (CIVB) et "context dependent" (CD). Cependant il y a trois familles d'opérateurs dans la classe CICB [Dub00] :

- t-normes
- t-conormes
- les opérateurs moyennes.

T-conormes n'est pas satisfaisante pour les propriétés de l'opération de combinaison dans notre cas (section 2.4.5.1). Nous discutons donc ici que des t-normes et des opérateurs moyennes, qui sont présentés en Annexe C .

**Méthode de comparaison** Pour un objet donné de référence noté $R$ dans la région claire présentée sur Fig. 2.11, la comparaison sera faite entre cette région $R$ et un résultat



(a) (b) (c) (d)

FIG. 2.11 – *La région référence R et les ensembles flous de caractéristiques de R. (a) la région référence R, (b) Supp*(**erT1**)*, (c) Supp*(**erT2**)*, et (d) Supp*(**erDP**)*.*

de combinaison $Supp(\mathbf{T})$ qui est obtenu par différents opérateurs de combinaison entre trois ensembles flous de caractéristiques de la région $R$, $Supp(\mathbf{erT1})$, $Supp(\mathbf{erT2})$ et $Supp(\mathbf{erDP})$ (Fig. 2.11).

Comme l'information de référence est une région binaire et $Supp(\mathbf{T})$ est un ensemble flou, nous employons un opération $\alpha$-cut pour discriminer l'ensemble $Supp(\mathbf{T})$. Ici nous faisons varier $\alpha$ dans l'intervalle [0, 0.1, 0.2, ..., 1], ce qui donne 11 sous ensembles nets dans $Supp(\mathbf{T})$. Ainsi nous avons 11 résultats de comparaison qui correspondent à 10 sous ensembles nets pour un opérateur à un paramètre donné.

La comparaison quantitative et qualitative sera faite dans la section suivante. Nous avons défini un taux d'erreur $T_e$ pour une comparaison quantitative, qui est une fonction de $\alpha$. Cette erreur est la somme des ensembles de fausses détections de types négatif (FN) et positif (FP), le taux d'erreur, fonction de $\alpha$ est donné par

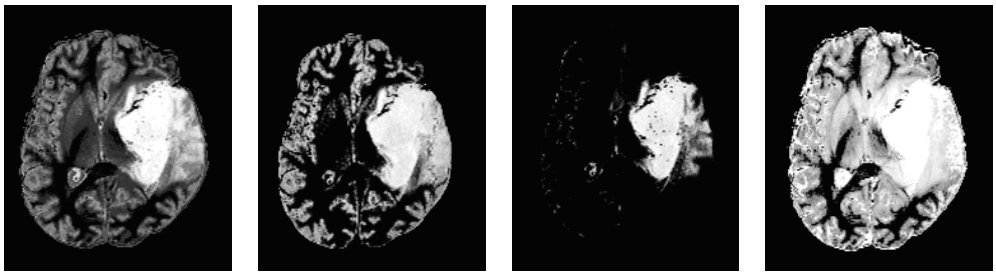
$$T_e(\alpha) = \frac{FP(\alpha) + FN(\alpha)}{R(\alpha)}. \tag{2.29}$$

où $R(\alpha)$ est le nombre de voxels dans la région $\alpha$-cut de la référence $R$.

Davies et Bouldin [Dav79] ont proposé l'indice de Davies-Bouldin, un ratio de distances moyennes entre les intra-classes et les inter-classes pour mesurer le degré de séparation entre deux classes. Zhu *et al.* [Zhu05] utilisent un critère du maximum d'indice de Davies-Bouldin pour choisir les paramètres des opérateurs de combinaison floue. Touts les paramètres utilisés dans notre processus de comparaison quantitative sont obtenus selon les résultats en [Zhu05] et le rapport de recherche de Zhu [Zhu04a].

**Comparaison quantitative**

**Les opérateurs linéaires** :



(a) (b) (c) (d)

FIG. 2.12 – *Résultats d'agrégation en employant les opérateurs linéaires de base. (a) résultat de moyenne arithmétique, (b) résultat d'opération médiane, (c) résultat d'opération minimum, et (d)résultat d'opération maximum.*

L'opérateur intégral est l'opérateur linéaire de base, tel que des opérateurs de moyenne arithmétique, de médiane, de minimum et de maximum. Les résultats de combinaison de ces opérateurs sont **Supp(T)** représentés en Fig. 2.12. Les courbes de taux d'erreur en fonction de $\alpha$ sont données en Fig. 2.13.

Figure 2.13, montre que le plus bas taux d'erreur est obtenu avec l'opérateur minimum (la courbe noire), et le taux d'erreur le plus élevé correspond à l'opérateur maximum (la courbe en bleu ciel).

**Opérateurs pondérés linéaires** :

Les opérateurs pondérés linéaires ont perdu la propriété de symétrie. Ils possèdent les propriétés suivantes :

1. La somme des facteurs de pondération est définie par l'équation (2.30). Les facteurs de pondération sont souvent déterminés par un expert.

$$M = \sum_{i=1}^{3} w_i x_i, \tag{2.30}$$

où $w_i \geq 0$ et $\sum_{i=1}^{3} w_i = 1$.

Dans le diagnostic clinique de la tumeur du cerveau, l'image de T2 fournit les informations les plus importantes sur la tumeur. Ainsi nous pondérons de la façon suivante $w_{T1} = 0.2$, $w_{T2} = 0.6$ et $w_{DP} = 0.2$ selon le maximum d'indice Davies-Bouldin [Zhu05]. Le résultat de la combinaison est montré en Fig. 2.14(a) et le taux d'erreur en Fig. 2.15.

2. Les opérateurs de pondération proposés par Yager [Yag81] sont les suivants :

$$Min = \min_i[\max(1 - w_i, x_i)], \tag{2.31}$$

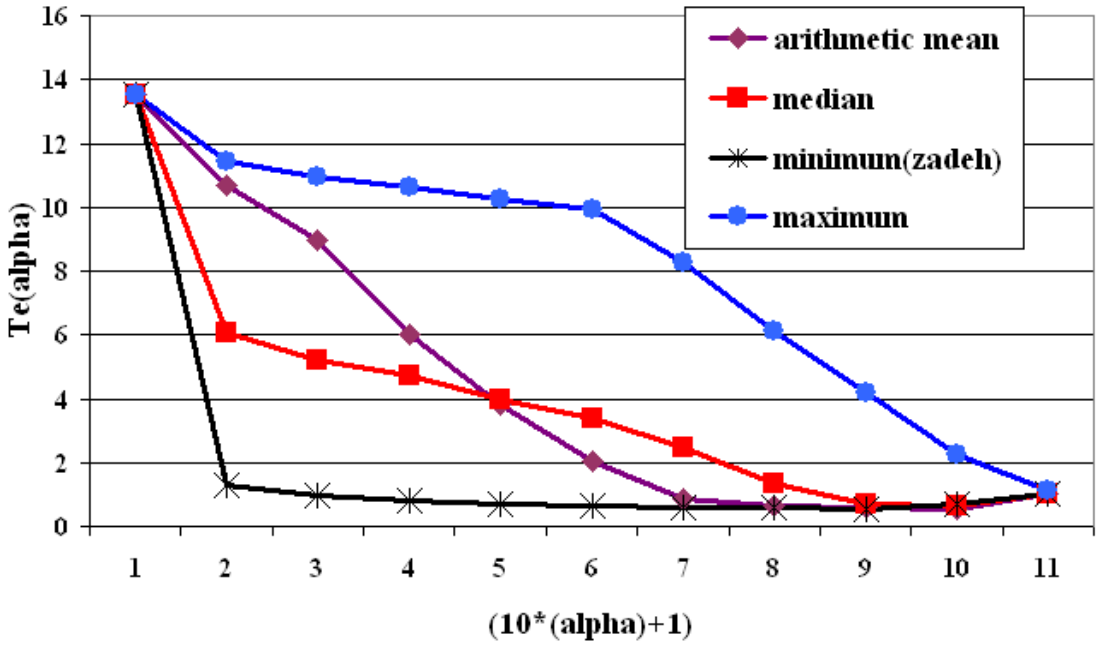



FIG. 2.13 – *Le taux d'erreur résultat de l'application des opérateurs linéaires de base.*

et

$$Max = \max_i[\min(w_i,x_i)] \tag{2.32}$$

avec $w_i \geq 0$ et $\max_i(w_i) = 1$.

Figure 2.14(b) est le résultat du minimum de pondération avec $w_{T1} = 0.1$, $w_{T2} = 1$ et $w_{DP} = 0.8$ (selon le maximum d'indice Davies-Bouldin [Zhu05]). Figure 2.14(c)) est le résultat du maximum de pondération avec $w_{T1} = 0$, $w_{T2} = 1$ et $w_{DP} = 0$ (selon le maximum d'indice de Davies-Bouldin [Zhu05]), i.e. identique à $Supp(\mathbf{erT2})$ présenté en Fig. 2.11(c).

**Moyennes géométrique et quadratique** :

La moyenne géométrique est définie par l'équation (C.20). Son résultat est montré sur Fig. 2.14(d).

La moyenne quadratique est définie par l'équation (2.33). Son résultat est montré sur Fig. 2.14(e).

Les taux d'erreur pour la moyenne géométrique et la moyenne quadratique sont montrés sur Fig. 2.15.

$$M_{quadratic} = (\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} x_i^2)^{1/2}. \tag{2.33}$$

(a) (b) (c) (d) (e)

FIG. 2.14 – *Résultats de divers types de pondération. (a) pondération somme, (b) pondération minimum (Min), (c) pondération maximum (Max), (d) moyenne géométrique, et (e) moyenne quadratique.*

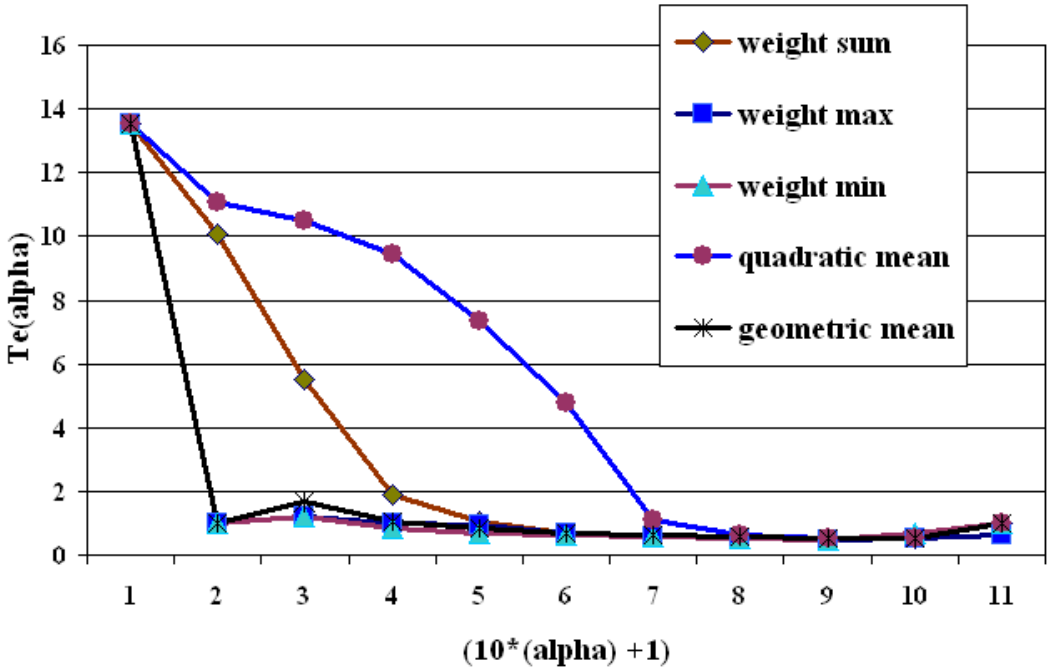



FIG. 2.15 – *Le taux d'erreur pour les différents opérateurs de pondération.*

Figure 2.15 montre que le taux d'erreur le plus bas est donnée par l'opération Min (ligne marron). Mais celui de la moyenne géométrique est proche de ce résultat (ligne noire). Bien que l'opérateur Max soit proche du plus bas taux d'erreur aussi, il utilise seulement l'information fournie par T2. Ce n'est pas vraiment une combinaison.

**t-norme** :

La t-norme décrite dans la section C.3, généralise la logique "ET". Elle possède la propriété connue

$$T(x,y) \leq \min(x,y). \tag{2.34}$$

La t-norme la plus fondamentale est l'opérateur minimum. Dans le domaine de la théorie des ensembles flous, le plus connu est l'intersection de Zadeh, mais il a la plus grande t-norme.

Nous comparons quelques t-normes qui sont fréquemment proposées dans la littérature, de manière à choisir quelques opérateurs de combinaison appropriés pour notre application.

1) Opérateur de Hamacher.

$$T(x,y) = \frac{xy}{\gamma + (1-\gamma)(x+y-xy)}, \gamma \geq 0. \tag{2.35}$$

Le résultat de l'opération de Hamacher est décroissant au fur et à mesure que $\gamma$ augmente. C'est-à-dire,

$$\lim_{\gamma \to \infty} T = xy. \tag{2.36}$$

Le taux d'erreur d'opérateur Hamacher est montré en Fig. 2.16.

2) Opérateur de Yager.

$$T(x,y) = \max(1 - [(1-x)^p + (1-y)^p]^{1/p}, 0), \;\; p > 0. \tag{2.37}$$

On peut montrer que le résultat augmente au fur et à mesure que $p$ augmente.

$$\lim_{p \to \infty} T = \min(x,y), \;\; \lim_{p \to 0} T = 0. \tag{2.38}$$

En effet, comme analysé dans [Dou04], un petit $p$ induit un plus petit ensemble agrégé, conduisant à davantage de taux négatifs. Un plus grand $p$ induit un plus grand ensemble agrégé, ainsi les taux de faux positifs et de faux négatifs sont plus élevés. La valeur $p = 0.7$ est un choix de compromis selon l'indice Davies-Bouldin [Zhu04a]. Le taux d'erreur est montré en Fig. 2.16.

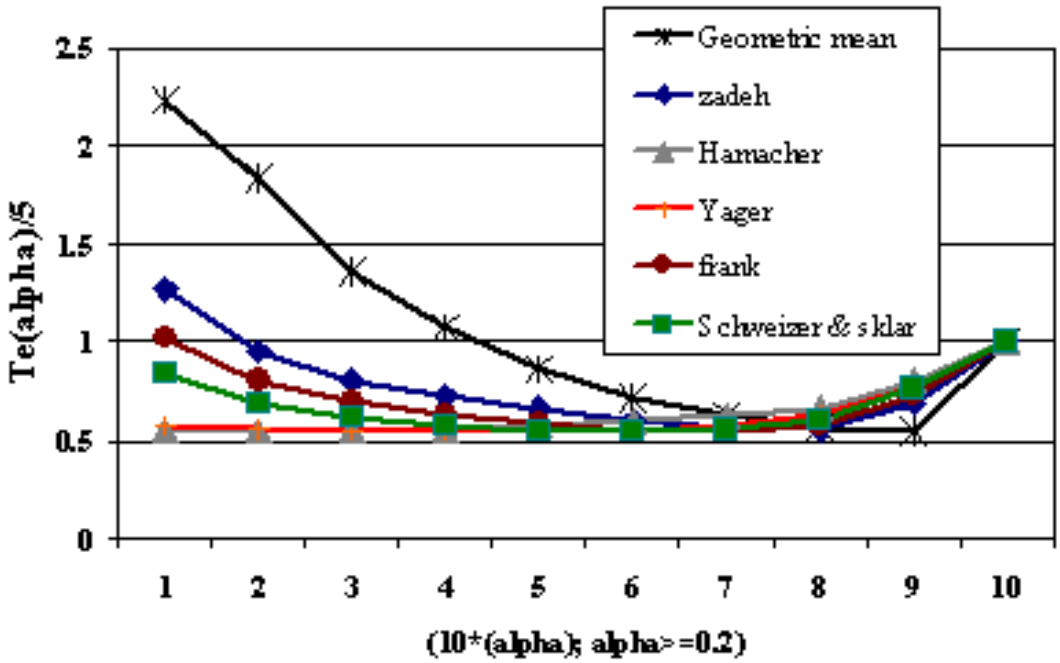



FIG. 2.16 – *Taux d'erreurs obtenus par application de l'opérateur de Zahde, de la moyenne géométrique et de t − normes pour différentes valeurs de paramètres.*

3) Opérateur de Schweizer-Sklar.

$$T(x,y) = 1 - [(1-x)^q + (1-y)^q - (1-x)^q(1-y)^q]^{1/q},\ q > 0. \tag{2.39}$$

Le taux d'erreur de Schweizer-Sklar avec $q = 0.7$ est montré en Fig. 2.16.

4) Opérateur de Frank.

$$T(x,y) = \log_\beta[1 + \frac{(\beta^x - 1)(\beta^y - 1)}{\beta - 1}],\ \beta > 0,\ \beta \neq 1. \tag{2.40}$$

Le taux d'erreur de Frank avec $\beta = 0.2$ selon [Zhu04a] est montré en Fig. 2.16.

Figure 2.16 illustre la comparaison du taux d'erreur de ces t-normes, l'opérateur de Zadeh et la moyenne géométrique. Si $\alpha \geq 0.7$, la moyenne géométrique donne un plus petit taux d'erreur, mais il est plus grand que les autres opérateurs quand $\alpha < 0.7$. C'est à dire, la moyenne géométrique produit un ensemble flou quand son $\alpha$-cut est plus près de son "kernel" ($\mathbf{Ker}(\mathbf{T})$) plus proche de la région référence $\mathbf{R}$ (Fig. 2.11(a)). En plus, elle peut donner des informations proches de $R$ beaucoup plus que les autres.

**Comparaison qualitative**

Nous nous concentrons sur les opérateurs de t-norme, et les opérateurs moyennes. Nous trouvons à partir des (Fig. 2.12), (Fig. 2.14), et (Fig. 2.16) que:

–
$$Ker(\mathbf{FerI}) = Ker(\mathbf{erT1}) \cap Ker(\mathbf{erT2}) \cap Ker(\mathbf{erDP}), \tag{2.41}$$
où $Ker(\mathbf{FerI}) = \{v \in \mathbf{B} | \mu_{\mathbf{FerI}}(v) = 1\}$.

– tous ces opérateurs produisent une taille semblable de secteur de combinaison, appelé ensemble de soutien de **FerI**, noté $Supp(\mathbf{FerI}) = \{v \in \mathbf{B} | \mu_{\mathbf{FerI}} > 0\}$.

– le degré d'appartenance combiné augmente au fur et à mesure que le paramètre $p$ augmente pour l'opérateur de Yager. Au contraire, il augmente à mesure que le paramètre $\gamma$ de l'opérateur de Hamacher diminue .

– les opérateurs de t-norme donnent le minimum de degré d'appartenance combiné. Puisque la plupart d'entre eux choisissent seulement le minimum du degré d'appartenance parmi les ensembles flous à combiner. Par exemple, la plus grande t-norme est l'intersection de Zadeh, mais c'est un opérateur minimum.

Parmi les opérateurs de moyenne, seul l'opérateur de moyenne géométrique répond à l'exigence des propriétés détaillées en (section 2.4.5.1).

$$\mu_{\mathbf{FerI}}(v) = (\mu_{\mathbf{erT1}}(v,s) \cdot \mu_{\mathbf{erT2}}(v,s) \cdot \mu_{\mathbf{erDP}}(v,s))^{1/3}. \tag{2.42}$$

### 2.4.6 Conclusion

Il est clair que l'opérateur de moyenne géométrique est la combinaison la plus simple et la plus appropriée pour notre étude. Puisqu'il est un compromis entre différents degrés d'appartenance de chaque voxel des ensembles flous et n'a pas besoin de paramètre. Il donnera un résultat plus naturel, c'est à dire qu'il représente les caractéristiques de l'objet original.

## 2.5 Procédure de décision fondée sur le résultat de la fusion

### 2.5.1 Introduction

La croissance de régions est une méthode de segmentation à base de régions dans le domaine du traitement d'image. Sonka [Son02] explique les techniques de croissance de régions qui sont généralement plus efficaces dans les images où il est difficile de détecter des frontières. L'homogénéité des régions est employée comme critère de croissance principal, et peut être basée sur le niveau de gris, la couleur, la texture, la forme, ou un modèle utilisant une information sémantique.

Dans le cas des ensembles flous, les techniques de croissance de région sont intéressantes puisque l'homogénéité correspond au degré d'appartenance. Nous proposons une méthode de croissance 3D fonctionnant sur des régions floues pour supprimer les fausses détections en vue d'améliorer le résultat de la fusion.

### 2.5.2 Croissance 3D des régions floues

Nous proposons une méthode de croissance 3D qui fonctionne sur des régions floues. C'est un procédé de raccordement de voxels basé sur la distance du degré d'appartenance et la distance spatiale entre $Ker(\mathbf{FerI})$ et n'importe quel voxel dans $Supp(\mathbf{FerI})$. Le critère principal de la croissance est la similarité du degré d'appartenance et le voisinage spatial dans l'espace 3D.

$Supp(\mathbf{FerI})$ noté ici $\mathbf{F}\mu\mathbf{I}$, est d'abord divisé en $N$ sous-ensembles flous selon leur valeur de degré d'appartenance $\mu_{\mathbf{F}\mu\mathbf{I}}(v)$. Différentes régions floues peuvent alors être obtenues à partir de ces sous-ensembles. Les voxels adjacents dont la valeur d'appartenance appartient au même ensemble sont connectés dans une même région. Le germe initial de croissance est la région où le degré d'appartenance est 1. Dans le cas où plusieurs régions ont un degré d'appartenance de 1, la plus grande est choisie, avec la supposition qu'une seule tumeur est présente dans le cerveau. Le procédé de croissance relie les régions adjacentes en utilisant une 6-connexité dans les $N-1$ étapes. Chaque étape relie les régions ayant le même sous-ensemble flou correspondant. Le procédé de croissance s'exécute en diminuant la valeur du degré d'appartenance à chaque étape. Cet algorithme peut être décrit ainsi :

- $\mathbf{F}\mu\mathbf{I}$ est réparti dans des sous-ensembles $\mathbf{F}\mu\mathbf{I}_n$ de $N$ en choisissant les seuils $\alpha_n \in [0,1]$ du $\mu_{\mathbf{F}\mu\mathbf{I}}(v)$ de degré d'appartenance, où $n = 1,2,...,N$ sont les indices de ces sous-ensembles et $\alpha_1 = 1$, $\alpha_1 > \alpha_2 > ,.., > \alpha_N$, et $\mathbf{F}\mu\mathbf{I}_n \cap \mathbf{F}\mu\mathbf{I}_m = \phi$, $(n \neq m)$. Ainsi $\mathbf{F}\mu\mathbf{I} = \bigcup_n \mathbf{F}\mu\mathbf{I}_n$ et le germe de $\mathbf{F}\mu\mathbf{I}$ est $Ker(\mathbf{F}\mu\mathbf{I}) = \mathbf{F}\mu\mathbf{I}_1$, avec $\mu_{\mathbf{F}\mu\mathbf{I}} = \alpha_1$.
- $\delta(v_i,v_j)$ définit la relation de contiguïté, $i,j = 1,2,...$ sont les indices du voxel $v$ et $i \neq j$,

$$\delta(v_i,v_j) = \begin{cases} 1, & \text{si } \|v_i - v_j\| = 1, i \neq j \\ 0, & \text{sinon} \end{cases} \tag{2.43}$$

- $\mathbf{C}_n$ est la $n^{ime}$ région qui correspond au sous-ensemble flou $\mathbf{F}\mu\mathbf{I_n}$, et produit par l'opération suivante :
  1. $\mathbf{C}_1$ est la plus grande région de $\mathbf{F}\mu\mathbf{I_1}$ avec $\mu_{\mathbf{F}\mu\mathbf{I_1}} = 1$.
  2. L'ensemble des sous-régions reliées possibles de $\mathbf{C}_n$, noté $\mathbf{C}_n^{\mathbf{r}} \subset \mathbf{F}\mu\mathbf{I_n}$, où $\mathbf{r} = \{r\} = \{1,2,...\}$ est l'ensemble d'indices des sous-régions $\mathbf{C}_n^r$.

3. Trouver les sous-régions $\mathbf{C}_n^{\mathbf{k}}$ qui seront employées pour la croissance de région, où $\mathbf{k} = \{k\} = \{1,2,...\}$ est également l'ensemble des indices mais $\mathbf{k} \subseteq \mathbf{r}$, un sous-ensemble $\mathbf{C}_n^k$ trouvent-ils parmi $\mathbf{C}_n^{\mathbf{r}}$ :

$$\mathbf{C}_n^k = \delta(v_i,v_j) \times \mathbf{C}_n^r,\ v_i \in \mathbf{C}_{n-1}, v_j \in \mathbf{C}_n^r, \quad n \geq 2. \tag{2.44}$$

Ainsi nous avons $\mathbf{C}_n^k = \mathbf{C}_n^r$, si et seulement si $\mathbf{C}_n^k \neq \phi$. C'est à dire, pour n'importe $v_i \in \mathbf{C}_{n-1}$, et $v_j \in \mathbf{C}_n^r$, avec $n \geq 2$, si $\exists\ \delta(v_i,v_j) \neq 0$, on a $\mathbf{C}_n^k = \mathbf{C}_n^r$.

4. Obtenir la $n^{ime}$ région de la croissance $\mathbf{C}_n$ par

$$\mathbf{C}_n = \bigcup_k \mathbf{C}_n^k,\ n \geq 2. \tag{2.45}$$

– Le résultat de la croissance des régions floues $\mathbf{T}$ est donné par

$$\mathbf{T} = \bigcup_{n=1}^{N} \mathbf{C}_n,\ n = 1,2,...,N. \tag{2.46}$$

Ainsi nous avons

$$\mathbf{T} \subset \mathbf{F}\mu\mathbf{I},\ \text{et}\ \mu_{\mathbf{T}}(v) \leq \mu_{\mathbf{F}\mu\mathbf{I}}(v). \tag{2.47}$$

### 2.5.3 Défuzzification

Pour obtenir une décision finale, il est nécessaire de faire une opération de défuzzification sur la région $\mathbf{C}_n$. Cette défuzzification est mise en oeuvre pour les différentes valeurs de $n$, qui peuvent produire les différents ensembles nets correspondant à $\alpha_n$.

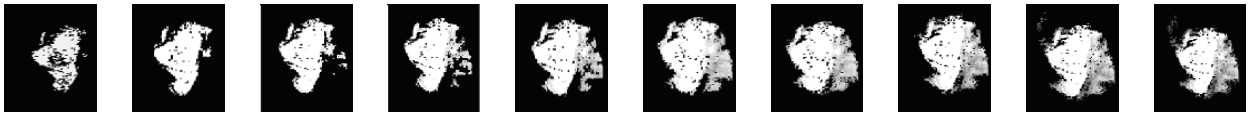
Une région $\mathbf{C}_n$ avec un $n$ inférieur correspond à une possibilité plus élevée d'appartenir à la région $\mathbf{T}$, parce que les degrés d'appartenance des voxels dans $\mathbf{C}_n$, $\alpha_n$, sont plus élevés que cela dans $\mathbf{C}_{n+1}$, $\alpha_{n+1}$.

En fait, la fonction de croissance de région floue doit rejeter les petites régions isolées dans l'espace 3D flou. Par le traitement de la croissance 3D des régions floues dans $\mathbf{F}\mu\mathbf{I}$, la région tumorale gliale possible $\mathbf{T}$ est présentée dans figure (Fig. 2.17). Son intensité est la possibilité de chaque voxel d'appartenir à la tumeur cérébrale gliale.

### 2.5.4 Conclusion

La méthode de croissance 3D des régions floues :

– est fondée sur un ensemble flou et induit un autre ensemble flou final. Cet ensemble flou final est une base de décision floue ou de segmentation floue en cas de segmentation. Par une opération de défuzzification sur cette base, nous pouvons obtenir différents résultats de décision ou de segmentation.



(a) (b) (c) (d) (e) (f) (g) (h) (i) (j)

FIG. 2.17 – *Exemple de croissance 3D de régions floues, de (a) à (j),* $\alpha_2 = 0.95$,$\alpha_3 = 0.9$,$\alpha_4 = 0.8$,$\alpha_5 = 0.7$,$\alpha_6 = 0.6$,$\alpha_7 = 0.5$,$\alpha_8 = 0.4$,$\alpha_9 = 0.3$,$\alpha_{10} = 0.2$,$\alpha_{11} = 0.1$, *respectivement.*

– enlève les régions erronnées ou les informations non intéressantes et garde l'ensemble plus propre qui correspond à l'objet d'intérêt. Donc, elle peut améliorer le résultat de fusion.

## 2.6 Conclusion

Les connaissances *a priori* (section 2.3.3) sont exprimées de manière orale et sont donc floues au regard d'un niveau de gris donné en Tab. 2.1 et en Fig. 2.1. Nous avons donc tenté de transformer ces descriptions pour bénéficier des modèles mathématiques flous.

Dans le cas où les caractéristiques d'objets d'intérêt sont visibles sur l'histogramme d'image, l'approche basée sur l'histogramme (section 2.3.5) est la plus intéressante. Sinon, si on peut obtenir des informations de la limitation conditionnelle d'un objet, les approches utilisant les connaissances *a priori* (section 2.3.4), ou la distribution floue (section 2.3.6) doivent être privilégées.

En utilisant les images multispectrales, comme en IRM, chaque modalité amène son modèle flou. La segmentation peut donc être considérée comme un problème de fusion floue comme exploité en section 2.4. Dans la procéduce de combinaison, la moyenne géométrique est le plus simple opérateur de combinaison compte tenu de son efficacité.

Toutes les méthodes proposées seront évaluées au chapitre suivant.

# Chapitre 3

# Segmentation des tissus cérébraux : validation et résultats

## Contents


**3.1 Introduction** . . . . . **95**

**3.2 Données utilisées** . . . . . **95**

3.2.1 Fantôme du cerveau . . . . . 96

3.2.2 Images simulées . . . . . 96

3.2.3 Images acquises en clinique . . . . . 97

3.2.4 Images de référence . . . . . 97

**3.3 Critères d'évaluation** . . . . . **99**

3.3.1 Méthodologie d'évaluation . . . . . 101

3.3.2 Critères . . . . . 102

3.3.3 Evaluation de la concordance des degrés d'appartenance créés par différentes méthodes . . . . . 104

**3.4 Segmentation des tissus cérébraux sur images simulées** . . . . . **107**

3.4.1 Introduction . . . . . 107

3.4.2 Modélisation des caractéristiques des tissus . . . . . 107

3.4.3 Résultats de segmentation . . . . . 108

3.4.4 Conclusion . . . . . 109

**3.5 Segmentation des tissus tumoraux sur des images réelles** . . . . . **115**

3.5.1 Introduction . . . . . 115

3.5.2 Modélisation des caractéristiques floues des tissus tumoraux . . . . . 115

3.5.3 Fusion des caractéristiques floues . . . . . 117

3.5.4 Décision d'appartenance à la région tumorale . . . . . 118

3.5.5 Evaluation des résultats . . . . . 122

**3.6 Résultats expérimentaux obtenus sur d'autres patients . . . . . 129**
3.6.1 Caractéristiques des tumeurs . . . . . 129
3.6.2 Modélisation des régions tumorales . . . . . 129
3.6.3 Résultats de segmentation . . . . . 131
**3.7 Discussion et conclusion . . . . . 131**
3.7.1 Contraintes de l'application . . . . . 131
3.7.2 Modélisation floue . . . . . 131
3.7.3 Opérateur de combinaison floue . . . . . 133
3.7.4 Croissance de région 3D . . . . . 134
3.7.5 Conclusion . . . . . 134

## 3.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous appliquons les méthodes proposées dans les chapitres précédents et nous les évaluons quantitativement et qualitativement à partir des différents critères d'évaluation proposés. Les méthodes proposées ont été appliquées sur des images de fantômes IRM et des images IRM réelles. Les images de référence représentent des images d'un cerveau. L'évaluation a été tout d'abord effectuée sur la segmentation de tissus sains, c'est à dire la matière blanche, la matière grise, et le LCR. Ensuite, une comparaison des résultats des segmentations effectuées manuellement et automatiquement a été menée sur des images IRM réelles. Rappelons que notre méthode est constituée de 4 étapes : le recalage des différents types d'images, la "fuzzification" des images recalées basée sur des modèles flous qui peuvent être obtenus automatiquement ou par expérience neuroradiologique des limites et composantes des tumeurs, la fusion des ensembles flous par des opérateurs de combinaison, et la croissance de régions pour améliorer la fusion floue (à partir d'un germe déterminé au cours de la phase de fusion en tenant compte à la fois des relations spatiales et des degrés d'appartenance).

Les évaluations que nons proposons concernent la validation de nos modèles flous et la pertinence de la technique de croissance de région. Les résultats obtenus sont un ensemble flou dont les valeurs peuvent être considérées comme des possibilités d'appartenance à une tumeur. Une "défuzzification" effectuée par un $\alpha$-cut permet la comparaison des données de segmentation produites par des experts neuroradiologues avec celles obtenues par nos méthodes.

Nous proposons aussi l'utilisation d'un Kappa flou qui est une extension du Kappa de Cohen, pour évaluer les modèles flous en fonction des degrés d'appartenance.

Les deux jeux de données, images simulées et images cliniques, sont utilisés pour évaluer l'ensemble de notre architecture de segmentation. Comme nous l'avons présenté précédemment, il n'y a que des tissus sains dans les images simulées. Notre objectif est donc de segmenter les trois tissus cérébraux : MB, MG, et LCR. Quant aux images cliniques, la segmentation consiste à extraire la tumeur et certaines de ses composantes. Les résultats sont présentés séparément dans les deux sous sections suivantes.

## 3.2 Données utilisées

Deux types de données sont utilisées dans nos études de validation : des images simulées sur lesquelles la localisation des tissus sains est parfaitement connue, et des images IRM cliniques sur lesquelles le contour de la tumeur est tracé manuellement par un neuroradiologue.

### 3.2.1 Fantôme du cerveau

Nous avons utilisé un fantôme qui est ici une base de données de synthèse qui permet de constuire des données IRM.

Pour valider les méthodes de segmentation du cerveau, les chercheurs ont proposé divers fantômes imitant le cerveau. Cependant ces fantômes sont relativement simples par rapport à la complexité du cerveau. Depuis quelques années, le centre d'Imagerie cérébrale de l'Institut Neurologique de l'Université McGill à Montréal, met à la disposition de la communauté des chercheurs le fantôme dénommé Brainweb [Coc], qui est devenu une référence très utilisée pour valider les algorithmes de segmentation du cerveau. Le modèle anatomique du fantôme consiste en un ensemble de volumes flous représentant des degrés d'appartenance aux différents tissus constituant l'image IRM (matière branche, matière grise, LCR, peau, crâne, graisse, etc.).

La construction du fantôme est fondée sur un ensemble de 27 volumes IRM de taille $181 \times 127 \times 181$ voxels par volume et de haute résolution ($1mm^3$ / voxel). Ces images ont été recalées et un volume IRM a été créé par moyennage de ces 27 volumes recalés. Les voxels du volume moyen, ont été étiquetés par un neuroradiologue en MG, MB, LCR, graisse, etc. Les méthodes de classification floue ont été effectuées sur ce volume. Après corrections manuelles des résultats obtenus, les cartes floues de tissu sont finalement construites. En illustration, Fig. 3.1 présente une coupe des cartes floues de MG, MB et LCR.

(a) (b) (c)

FIG. 3.1 – *Une coupe du fantôme : les cartes floues du LCR (a), de la MG (b) et de la MB (c)) disponible sur Brain Web [Coc].*

### 3.2.2 Images simulées

A partir des cartes floues de tissu du fantôme et à l'aide des équations de Bloch, des images IRM peuvent êtes simulées en différentes pondérations, telles que T1, T2, et aussi être bruitées à

volonté afin d'obtenir des images réalistes. Le bruit dans l'image est un bruit blanc gaussien qui est exprimé comme un pourcentage de son écart type à l'intensité moyenne du signal. Chaque volume de données est constitué de 181 images de taille $181 \times 217$ pixels tout comme le fantôme. L'épaisseur de coupe et l'hétérogénéité de champ (HC) (specifies the intensity non-uniformity level (%) of RF) font partie également des paramètres de simulation. La table 3.1 résume les paramètres de simulation qui ont été utilisés dans nos études.

TAB. 3.1 – *Paramètres utilisés pour simuler les images IRM en pondération T1, T2 et DP.*

| Paramètres d'acquisition | Séquences d'IRM | | |
|---|---|---|---|
| | T1 | T2 | DP |
| TI(ms) | 600 | – | – |
| TR(ms) | 610 | 3500 | 3500 |
| TE(ms) | 2 | 94 | 11 |
| Résolution($m^3$) | $1 \times 1 \times 1$ | $1 \times 1 \times 1$ | $1 \times 1 \times 1$ |
| HC(%) | 20 | 20 | 20 |

Les images simulées en pondération T1, T2 et DP obtenues avec les paramètres d'acquisition proposés (Tab. 3.1) sont montrées en Fig. 3.2. Normalement, l'hétérogénéité de champ (HC) est entre 5% et 20%, nous choisissons le plus mauvais en cas réel : HC à 20%. Dans nos études, nous avons choisi trois niveaux de bruit 3%, 5% et 7%.

### 3.2.3 Images acquises en clinique

L'IRM est une modalité multispectrale fournissant des contrastes différents entre les tissus cérébraux (sains ou anormaux). Les images dont nous disposons ici sont issues d'acquisitions pondérées en T1, T2 et en densité de protons avec un protocole clinique (CHU de Caen).

Elles ont été acquises au moyen d'une machine 1.5T GE (General Electric Co.) en utilisant une acquisition axiale 3D IR (Inversion Récupération) pondérée en $T_1$ et des acquisitions axiales FSE (Fast Spin Echo) pondérées en $T_2$ et en densité de protons. Un jeu de paramètres utilisé pour l'acquisition ces images est résumé en Tab. 3.2. C'est un exemple parmi les images que nous utilisons.

### 3.2.4 Images de référence

Il est clair que la localisation et la taille de la tumeur ne sont pas connues *a priori* sur ces images cliniques. Grâce à l'aide d'un neuroradiologue, nous pouvons évaluer nos résultats en les comparant aux siens. En pratique, c'est très laborieux pour un médecin de tracer les

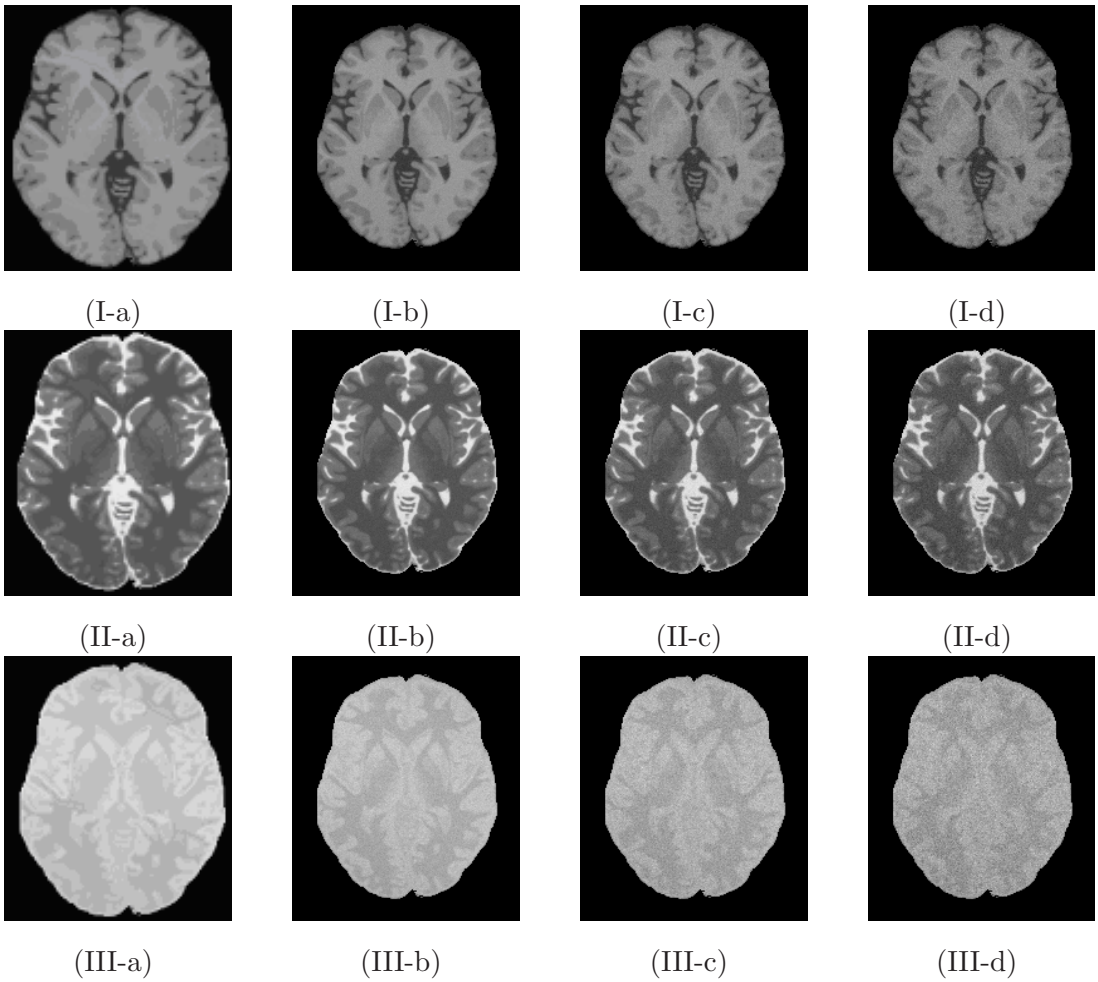



FIG. 3.2 – *Images simulées en pondération T1, T2 et DP avec les paramètres d'acquisition montrés dans le Tab. 3.1. Le type d'images est rangé en ligne : T1 (I), T2 (II), et DP (III). Les niveaux de bruit sont rangés en colonne (a) 0%, (b) 3%, (c) 5%, (d) 7%.*

TAB. 3.2 – *Paramètres de l'acquisition des images cliniques (CHU de Caen).*

| Paramètres d'acquisition | Séquences d'IRM | | |
|---|---|---|---|
| | T1 | T2 | DP |
| TI(ms) | 600 | – | – |
| TR(ms) | 10 | 3500 | 3500 |
| TE(ms) | 2 | 102 | 11 |
| Résolution($mm^3$) | $0.94 \times 0.94 \times 1.5$ | $0.47 \times 0.47 \times 5$ | $0.47 \times 0.47 \times 5$ |
| Taille de volume ($pixels \times pixels \times coupes$) | $256 \times 256 \times 124$ | $512 \times 512 \times 20$ | $512 \times 512 \times 20$ |

contours d'une tumeur et encore plus ses composantes sur les trois types d'images T1, T2 et DP, sachant que des ambiguités sont présentes dans chaque type d'image. Les contours de la tumeur obtenus par le même neuroradiologue sur les trois types d'images ne sont donc pas parfaitement superposés. Comme il s'agit de tracés manuels, les variations intra- et inter- individuelles posent aussi des problèmes pour obtenir une référence unique. Chaque expert a ses propres connaissances *a priori* et expériences. La complexité des tissus tumoraux qui comprennent souvent plusieurs tissus, tels que nécrose, oedème, rend encore plus difficile le tracé manuel.

Dans le cas idéal, nous disposons d'un nombre suffisant de tracés venant de plusieurs experts permettant d'effectuer une quantification de ces variations afin de mieux évaluer nos résultats. Dans notre cas, nous avons deux experts qui ne sont pas tout à fait d'accord sur les contours des tumeurs. Nous avons donc choisi un seul expert qui a tracé plusieurs régions en fonction du contraste des images (Fig. 3.3). On peut noter :

- la région tumorale tracée pour un même patient n'est pas bien superposée sur les différentes séquences;
- les détails d'objet offerts par les différentes séquences ne sont pas les mêmes;
- les tissus tumoraux sont variables en fonction du grade pronostique et du type histologique de la tumeur.

Certains algorithmes de combinaison peuvent être utilisés pour obtenir une référence finale. C'est une question de fusion d'information au niveau de la décision. Pour simplifier l'évaluation de notre méthode, l'union et l'intersection des contours tracés sur des images T1, T2 et DP de l'ensemble de la région tumorale et de la partie sans oedème ont été finalement considérées comme références (Fig. 3.4).

L'union des tracés (Fig. 3.3(I-a), (II-a) et (III-a)) est notée ($\mathbf{GT_{uni}}$) (Fig. 3.4(a) et l'intersection des tracés (Fig. 3.3(I-a), (II-a) et (III-a)) est notée ($\mathbf{GT_{int}}$) (Fig. 3.4(b)); et la région sans oedème est notée ($\mathbf{GT_{tum}}$) (Fig. 3.4(c)).

## 3.3 Critères d'évaluation

L'évaluation objective et quantitative des résultats joue un rôle important dans la segmentation d'image [Zha94]. Les critères d'évaluation permettent d'évaluer la satisfaction du diagnostic nécessaire à la visualisation et à la quantification.

Les références, souvent sont des atlas, qualifiés "gold standard" ou "ground truth" (vérité terrain) fournies par l'anatomie pathologique; certains ont été contourés à la main.

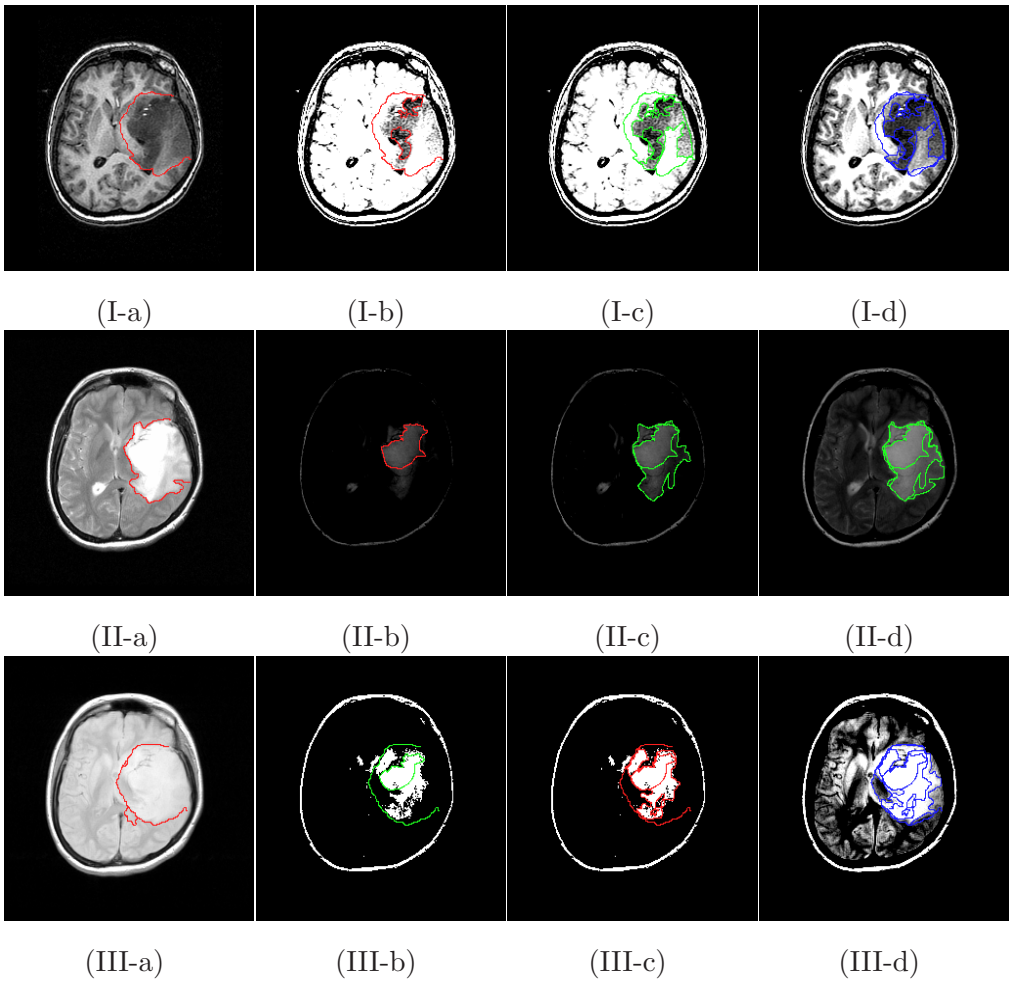
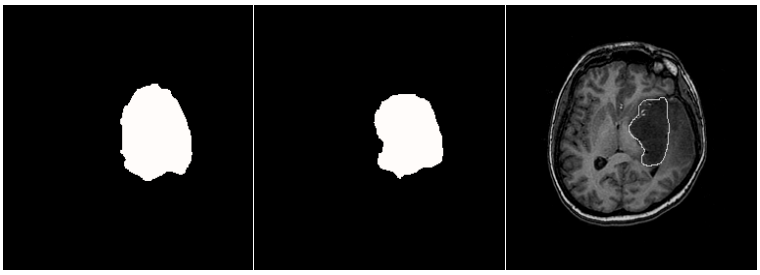



FIG. 3.3 – *Un exemple de tracé manuel à l'intérieur de la région tumorale. (I)T1, (II)T2, (III)DP. (a)maximum de région tumorale (b)les tissus intérieurs avec vue avec contraste élevé, (c)les tissus intérieurs avec vue avec contraste moyen, et (d)les tissus intérieurs avec vue avec contraste faible.*



(a)($\mathbf{GT_{uni}}$) (b)($\mathbf{GT_{int}}$) (c)($\mathbf{GT_{tum}}$)

FIG. 3.4 – *Trois références de la région tumorale tracée sur T1, T2 et DP.*

Dans notre évaluation, 4 "gold standard" sont utilisés :

- le fantôme (Fig. 3.1), dans le cas des images simulées;
- l'union des tracés manuels pour différentes séquences $\mathbf{GT_{uni}}$ (Fig. 3.4 (a)), dans le cas des images cliniques.
- l'intersection des tracés manuels pour différentes séquences $\mathbf{GT_{int}}$ (Fig. 3.4 (b)), dans le cas des images cliniques.
- et la région sans oedème $\mathbf{GT_{tum}}$ (Fig. 3.4(c)), dans le cas des images tumorales.

### 3.3.1 Méthodologie d'évaluation

Une étude sur un grand nombre de bases de données fournit naturellement une sûreté plus élevée pour l'évaluation de l'exécution d'un algorithme, mais elle prend du temps. Il n'existe pas de méthode normalisée pour l'évaluation des méthodes de segmentation [Zha96][Gee00]. Les méthodes d'évaluation sont proposées au coup pour coup et sont directement liées à l'application. On peut toutefois distinguer deux catégories de méthodes : qualitative expérimentale ($Q_{lE}$) et quantitative expérimentale ($Q_{tE}$).

Zhang [Zha96][Zha01] a passé en revue les méthodes d'évaluation pour la segmentation d'image. Dans cette section, nous analysons certaines méthodes d'évaluation quantitatives expérimentales ($Q_{tE}$) qui sont employées en segmentation d'images médicales. Elles incluent l'évaluation d'erreurs relatives, d'erreurs absolues, de distance, de statistique spatiale, de similitude, de sensibilité, de spécificité, etc. A la fin de cette section nous choisirons certaines méthodes qui se sont révélées efficaces pour notre application.

L'exactitude finale des mesures (ultimate measurement accuracy, UMA) [Zha96] est une règle d'évaluation basée sur les caractéristiques de l'objet segmenté. Si $R_f$ représente la caractéristique d'objet dans l'image référence, et $S_f$ la caractéristique segmentée, l'UMA absolue est définie comme (3.1)

$$A_{UMA} = |R_f - S_f|, \tag{3.1}$$

et l'UMA relative comme (3.2)

$$R_{UMA} = \frac{|R_f - S_f|}{R_f} \times 100\%. \tag{3.2}$$

S'il y a de multiples caractéristiques dans un objet, toutes peuvent être employées pour l'évaluation du résultat par l'UMA normalisée dans intervalle [0,1].

### 3.3.2 Critères

Pour mesurer quantitativement la qualité d'une segmentation, nous sommes dans le cas où une référence (segmentation idéale) est disponible. La démarche qui en découle réside dans la comparaison des résultats de segmentation avec cette référence.

Les critères les plus usuels font appel à des notions ensemblistes : faux positifs et faux négatifs. Dans le cas flou, ces critères ne peuvent plus mesurer de manière pertinente les différences entre les résultats et la référence.

Nous proposons alors un critère basé sur le coefficient Kappa dans le cas flou. Le détail de ce critère est présenté dans la section 3.3.3.3. D'autres critères, définis par la différence absolue entre la carte floue du fantôme (Fig. 3.2) et celle du résultat d'intersection (Fig. 3.4), ont aussi été utilisés afin de comparer notre méthode avec les méthodes présentées dans la littérature.

1. **Indices absolus**

   Les indices qui sont employés fréquemment pour mesurer les erreurs absolues du résultat de segmentation sont définis ainsi :

   – Faux positifs, quand la méthode de segmentation a trouvé des pixels qui ne figurent pas dans l'image de référence. Ils sont notés *FalsePos*.
   – Faux négatifs, où l'image référence a indiqué des pixels que la méthode de segmentation n'a pas trouvé, ils sont notés *FalseNeg*.
   – Vrais positifs, où l'image de référence possède des pixels que la méthode de segmentation indique aussi, ils sont notés *TruePos*.
   – Vrais négatifs, où l'image de référence n'a pas indiqué des pixels et la méthode de segmentation non plus, ils sont notés *TrueNeg*.

2. **Erreur relative**

   Dans certaines applications, la mesure bidirectionnelle de l'erreur de segmentation, telle que l'erreur en faux négatif et en faux positif, peut être employée pour trouver la règle optimum permettant d'estimer les paramètres des méthodes de segmentation. Nous définissons ici $\eta_{rme}$ comme l'erreur relative de faux négatif appelé aussi taux d'erreur négatif dans (3.3) et $\eta_{rfe}$ comme l'erreur relative de faux positif appelé aussi taux d'erreur positif dans (3.4).

$$\eta_{rme} = \frac{N_{FalseNeg}}{N_{FalseNeg} + N_{TruePos}} \tag{3.3}$$

$$\eta_{rfe} = \frac{N_{FalsePos}}{N_{FalseNeg} + N_{TruePos}} \tag{3.4}$$

où $N$ représente le nombre de pixels ou de voxels dans la cas 3D.

3. **Erreur moyenne absolue**

   En raison de la résolution limitée du système d'acquisition, les effets de volume partiel font qu'un pixel ou voxel situé le long des frontières issues de la segmentation sont le mélange de deux ou de multiples caractéristiques. Les résultats de segmentation sont alors évalués en mesurant l'erreur moyenne absolue $\xi$ [Rua02a]

$$\xi = \frac{\sum_{s \in S} \mid a_s - a_s^f \mid}{Card(S)} \tag{3.5}$$

   où les $a_s^f$ représentent la proportion d'une caractéristique au voxel $s$ dans la référence et $a_s$ la proportion de la même caractéristique à chaque voxel du volume flou segmenté. $Card(S)$ est le nombre de voxels dans l'image de référence $S$. L'erreur moyenne $\xi$ peut être directement liée aux faux négatifs et aux faux positifs, dans le sens où une différence des proportions pour un tissu donné est similaire à une différence des volumes partiels. Par exemple, un voxel de $1mm^3$ qui contient une proportion $a$ de matière grise signifie que la matière grise contenue dans ce voxel est de $amm^3$. La valeur maximale pour $\mid a_s - a_s^f \mid$ est 1 correspondant à un voxel mal classifié.

4. **Probabilités de détection correcte et fausse**

   Si nous avons deux objets dans l'image référence $\mathbf{R}$, $\mathbf{R} = \mathbf{R1} \bigcup \mathbf{R2}$, la segmentation des deux objets peut être considérée comme une classification. Le résultat peut être mesuré comme les taux de classification correcte $P_c$ et de classification fausse $P_f$ :

$$P_c = \frac{N_{1TruePos}}{N_{R1}}, \tag{3.6}$$

   et

$$P_f = \frac{N_{1FalsePos}}{N_{R2}} \tag{3.7}$$

   où $\mathbf{N_{R1}}$ ($\mathbf{N_{R2}}$) est le nombre de voxels dans la référence **R1** (**R2**). $\mathbf{N_{1TruePos}}$ est le nombre de voxels détectés qui sont corrects relativement à **R1**, $\mathbf{N_{1FalsePos}}$ est le nombre de voxels qui appartiennent à **R2** et faussement classés en **R1**. $\mathbf{P_c}$ est la probabilité de détection correcte relativement à **R1**. $\mathbf{P_f}$ est la probabilité de la détection fausse relativement à **R2**. Ils ont été employés par [Dou03b] pour évaluer l'efficacité de la méthode de segmentation dans le cas de tissus anormaux. Si nous notons **R1** un ensemble de tissu anormal et **R2** le tissu normal, ainsi $\mathbf{P_f}$ représente la probabilité qu'un voxel normal soit marqué comme anormal. $\mathbf{P_c}$ représente la probabilité qu'un voxel anormal soit effectivement marqué comme anormal.

5. **Mesure du rapport de correspondance**

   Pour évaluer à quel point la méthode de segmentation correspond à la référence, le "rapport de correspondance" a été employé par [Cla98] pour expliquer la présence des faux positifs :

$$CorrespRatio = \frac{N_{TruePos} - (0.5 * N_{FalsePos})}{N_{GT}} \tag{3.8}$$

   où $N_{GT}$ est le nombre de pixels de tumeur dans la référence ("ground truth", ou "gold standard").

### 3.3.3 Evaluation de la concordance des degrés d'appartenance créés par différentes méthodes

#### 3.3.3.1 Signification de la notion de qualité

Dans le domaine de la classification, un ensemble $\mathbf{A} = \{x\}$ peut être classé en différents sous-ensembles notés : $\mathbf{A} = \bigcup_{i=1}^{N} A_i$, avec $A_i \bigcap A_j = \phi$, $i,j = 1,2,\ldots,N$, et $i \neq j$.

Soit $u(x)$ une fonction propre qui représente la corrélation de $x$ avec ces sous-ensembles.

$$u_i(x) = \begin{cases} 1, & \text{si } x \in A_i \\ 0, & \text{sinon.} \end{cases} \tag{3.9}$$

La propriété de $u_i(x)$ en (3.9) est

$$\sum_{i=1}^{N} u_i(x) = 1,\ x \in \mathbf{A}. \tag{3.10}$$

Si l'ensemble $\mathbf{A}$ a été classé indépendamment par deux classificateurs $\mathcal{C}_1$ et $\mathcal{C}_2$, la fonction propre de $x$ est notée $u_i^{\mathcal{C}_1}(x)$ et $u_i^{\mathcal{C}_2}(x)$. Nous définissons la notion de qualité de classement de $x$, $f(x; u_i^{\mathcal{C}_1}, u_i^{\mathcal{C}_2})$; elle représente le fait que l'élément quelconque $x \in \mathbf{A}$ ait été classé dans le même sous ensemble $A_i$ par les deux systèmes de classifications. C'est à dire,

$$f(u_i^{\mathcal{C}_1}, u_i^{\mathcal{C}_2}) = \sum_{i=1}^{N} u_i^{\mathcal{C}_1} u_i^{\mathcal{C}_2} = \begin{cases} 1, & \text{si } u_i^{\mathcal{C}_1} \neq 0 \ \&\ u_i^{\mathcal{C}_2} \neq 0 \\ 0, & \text{sinon.} \end{cases} \tag{3.11}$$

Les propriétés de $f(u_i^{\mathcal{C}_1}, u_i^{\mathcal{C}_2})$ sont les suivantes:

1. $f(u_i^{\mathcal{C}_1}, u_i^{\mathcal{C}_2}) = 1$, ou 0;
2. $f(u_i^{\mathcal{C}_1}, u_i^{\mathcal{C}_2}) = 1$; si $\exists i$, $u_i^{\mathcal{C}_1}(x) = u_i^{\mathcal{C}_2}(x) = 1$.

Si bien que, par application de (3.11), la proportion $P_o$ d'agrément entre les deux classements s'écrit:

$$P_o = \frac{1}{M} \sum_{m=1}^{M} f(x_m; u_i^{\mathcal{C}_1}, u_i^{\mathcal{C}_2}) \tag{3.12}$$

où $M$ est le nombre d'éléments de l'ensemble $\mathbf{A}$.

#### 3.3.3.2 Coefficient Kappa de Cohen en classification

Le coefficient Kappa de Cohen est une mesure de comparaison entre les agréments obtenus par un classement donné et l'agrément issu d'un classement au hasard. ll est donné par l'expression (3.13). Il vaut 1 pour un agrément parfait et toute valeur inférieure à l'unité évalue le niveau de qualité du classement par rapport à un classement purement au hasard.

$$K_{Cohen} = \frac{P_o - P_e}{1 - P_e} \tag{3.13}$$

où $P_e$ est la probabilité d'agrément par une classification au hasard. Si $\mathcal{C}_1$ est indépendant de $\mathcal{C}_2$, et qu'il y a $M$ éléments dans $\mathbf{A}$, i.e. $x_m \in \mathbf{A}$, $m = 1,2,\ldots,M$.

La probabilité conjointe s'écrit

$$p_{ij}^{\mathcal{C}_1,\mathcal{C}_2} = p_i^{\mathcal{C}_1} p_j^{\mathcal{C}_2} \tag{3.14}$$

où $p_i^{\mathcal{C}_1}$ et $p_j^{\mathcal{C}_2}$ s'écrivent **boundary probabilities**, avec $\forall x_m \in \mathbf{A}, m = 1,2,\ldots,M$; $i,j = 1,2,\ldots,N$, et

$$p_i^{\mathcal{C}_1} = \frac{1}{M}\sum_{j=1}^{N}\sum_{m=1}^{M} u_i^{\mathcal{C}_1}(x_m) u_j^{\mathcal{C}_2}(x_m) = \frac{1}{M}\sum_{m=1}^{M} u_i^{\mathcal{C}_1}(x_m) \tag{3.15}$$

$$p_i^{\mathcal{C}_2} = \frac{1}{M}\sum_{j=1}^{N}\sum_{m=1}^{M} u_j^{\mathcal{C}_1}(x_m) u_i^{\mathcal{C}_2}(x_m) = \frac{1}{M}\sum_{m=1}^{M} u_i^{\mathcal{C}_2}(x_m). \tag{3.16}$$

La probabilité d'agrément au hasard $P_e$ s'écrit par utilisation des équations (3.14), (3.15) et (3.16)

$$P_e = \sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{N} p_i^{\mathcal{C}_1} p_j^{\mathcal{C}_2} f(u_i^{\mathcal{C}_1}, u_j^{\mathcal{C}_2}) = \sum_{i=1}^{N}\sum_{u_i^{\mathcal{C}_1}=0}^{1}\sum_{u_i^{\mathcal{C}_2}=0}^{1} p_i^{\mathcal{C}_1} p_i^{\mathcal{C}_2} u_i^{\mathcal{C}_1} u_i^{\mathcal{C}_2}. \tag{3.17}$$

On en déduit les propriétés suivantes de $K_{Cohen}$ :

1. $K_{Cohen} \leq 1$;
2. $K_{Cohen} = 1$; si et seulement si, $u_i^{\mathcal{C}_1}(x) = u_i^{\mathcal{C}_2}(x)$, $\forall i$ et $\forall x \in \mathbf{A}$;
3. $K_{Cohen}$ est symétrique : $K_{Cohen}(\mathcal{C}_1,\mathcal{C}_2) = K_{Cohen}(\mathcal{C}_2,\mathcal{C}_1)$.

#### 3.3.3.3 Kappa flou, extension du Kappa de Cohen

**Agrément d'une classification floue**

Pour une classification floue, les espaces d'observation sont des sous ensembles flous $A_i^{\mathcal{F}} \subset \mathbf{A}$, $i = 1,2,\ldots,N$.

Ces sous ensembles flous sont définis par leur fonction d'appartenance $\mu_i(x) \in [0,1]$. C'est une transformation de

$\mu_i(x) : \mathbf{A} \rightarrow [0,1]$.

Si la fonction d'appartenance $\mu_i(x)$ est normalisée comme écrit ci-après en (3.18),

$$\sum_{i=1}^{N} \mu_i(x) = 1,\ x \in \mathbf{A} \tag{3.18}$$

une fonction d'agrément floue de $x \in \mathbf{A}$, s'écrit conformément à (3.11)

$$f^{\mathcal{F}}(x) = \sum_{i=1}^{N} (\mu_i^{\mathcal{C}_1}(x) \wedge \mu_i^{\mathcal{C}_2}(x)) \tag{3.19}$$

Ses propriétés sont les suivantes :

1. $f^{\mathcal{F}}(x) \in [0,1]$;
2. $f^{\mathcal{F}}(x) = 1$, si et seulement si, $\forall i$, $\mu_i^{\mathcal{C}_1}(x) = \mu_i^{\mathcal{C}_2}(x)$.

**Le Kappa flou**

Une évaluation de l'agrément d'une clasification floue est donnée par le Kappa flou, issu du coefficient statistique Kappa dit Kappa de Cohen. La proportion d'agrément d'une classification floue, $P_o^{\mathcal{F}}$ résulte de (3.12) et (3.19)

$$P_o^{\mathcal{F}} = \frac{1}{M} \sum_{m=1}^{M} f^{\mathcal{F}}(x_m) = \frac{1}{M} \sum_{m=1}^{M} \sum_{i=1}^{N} (\mu_i^{\mathcal{C}_1}(x_m) \bigwedge \mu_i^{\mathcal{C}_2}(x_m)). \tag{3.20}$$

Si $\mu_i^{\mathcal{C}_1}(x_m)$ est indépendant de $\mu_i^{\mathcal{C}_2}(x_m)$, la probabilité d'agrément au hasard, $P_e^{\mathcal{F}}$ est la même que $f^{\mathcal{F}}(x)$ en (3.19), c'est à dire

$$P_e^{\mathcal{F}} = \sum_{i=1}^{N} \int_{\mu_i^{\mathcal{C}_1}=0}^{1} \int_{\mu_i^{\mathcal{C}_2}=0}^{1} p(\mu_i^{\mathcal{C}_1}) p(\mu_i^{\mathcal{C}_2}) (\mu_i^{\mathcal{C}_1} \bigwedge \mu_i^{\mathcal{C}_2}) d\mu_i^{\mathcal{C}_1} d\mu_i^{\mathcal{C}_2} \tag{3.21}$$

où $p(\mu_i^{\mathcal{C}_1})$ et $p(\mu_i^{\mathcal{C}_2})$ sont les densités de probabilité $\mu_i^{\mathcal{C}_1}(x)$, et $\mu_i^{\mathcal{C}_2}(x)$, respectivement.

Pour comparer $P_o^{\mathcal{F}}$ et $P_e^{\mathcal{F}}$ à (3.12) et (3.17), nous pouvons définir le Kappa flou suivant (3.22)

$$K_{fuzzy} = \frac{P_o^{\mathcal{F}} - P_e^{\mathcal{F}}}{1 - P_e^{\mathcal{F}}} \tag{3.22}$$

Le Kappa flou (3.22) a la même signification et le même type d'expression que le Kappa de Cohen (3.13). Il en a les mêmes propriétés :

1. $K_{Fuzzy} \leq 1$.
2. $K_{Fuzzy} = 1$, si et seulement si $\mu_i^{\mathcal{C}_1}(x) = \mu_i^{\mathcal{C}_2}(x)$, pour $\forall x \in \mathbf{A}$.
3. $K_{Fuzzy}(\mathcal{C}_1,\mathcal{C}_2) = K_{Fuzzy}(\mathcal{C}_2,\mathcal{C}_1)$.
4. Si $\mu_i$ est binaire, i.e. $\mu_i = 0$, or 1; la probabilité d'agrément au hasard donné par (3.21) devient identique à (3.17).

## 3.4 Segmentation des tissus cérébraux sur images simulées

### 3.4.1 Introduction

Nous voulons quantifier les volumes du LCR, de MB, et de MG en utilisant les modèles flous qui sont établis à partir de leurs caractéristiques observées sur les images originales.

Les images utilisées ont été présentées dans la section 3.2 et ne possèdent que des tissus sains. Leurs distributions de niveaux de gris peuvent être observées sur l'histogramme une fois que le cerveau est segmenté. Pour évaluer la robustesse de la méthode, trois niveaux de bruit ont été utilisés : 0%, 3%, 5% et 7% (Fig. 3.2). Le niveau de bruit des images réelles correspond en général à peu près à 5%.

Les fonctions d'appartenance de ces 3 tissus (MB, MG, et LCR) sont estimées automatiquement à partir de l'histogramme (section 2.3.5). Basée sur ces fonctions, la fusion des ensembles flous par l'opérateur moyenne-géométrique donne 3 ensembles flous relatifs à chaque tissu. La croissance 3D des régions floues décrite en section 2.5, permet ensuite d'obtenir 3 ensembles flous correspondant aux degrés d'appartenance à chacun des trois tissus.

Pour évaluer quantitativement les résultats, nous utilisons les fantômes (Fig. 3.1) présentés en section 3.2.1.

Comme les résultats sont flous, les critères, tels que le Kappa flou proposé en (section 3.3.3.3) et l'erreur moyenne absolue (section 3.3.1) s'avèrent ici les plus judicieux.

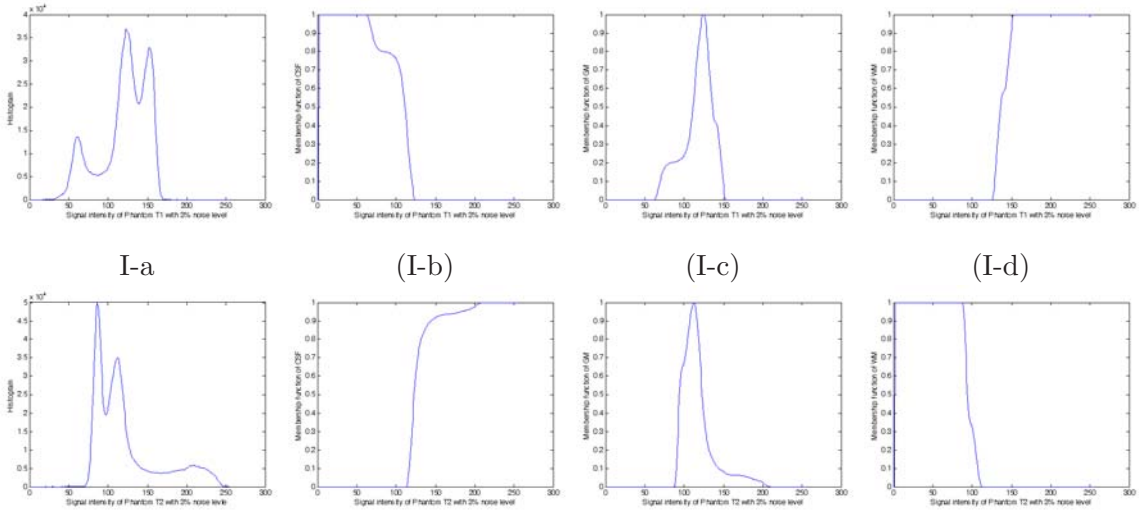
### 3.4.2 Modélisation des caractéristiques des tissus

Dû au faible contraste du signal DP, les contours des tissus sont flous, nous n'utilisons donc que les informations extraites de T1 et T2 dans ce cas.

Les histogrammes originaux de T1 et T2 à différents niveaux de bruit sont montrés en Fig. 3.5(I-a) et (II-a) pour 3%, Fig. 3.6(I-a) et (II-a) pour 5%, Fig. 3.7(I-a) et (II-a) pour 7%.

Les fonctions d'appartenance estimées à partir de l'histogramme (section 2.3.5), correspondant aux trois tissus sont présentées en Fig. 3.5 du (I-b) au (I-d) pour 3%, Fig. 3.6 du (I-b) au (II-d) pour 5%, Fig. 3.7 du (I-b) et (II-d) pour 7%.

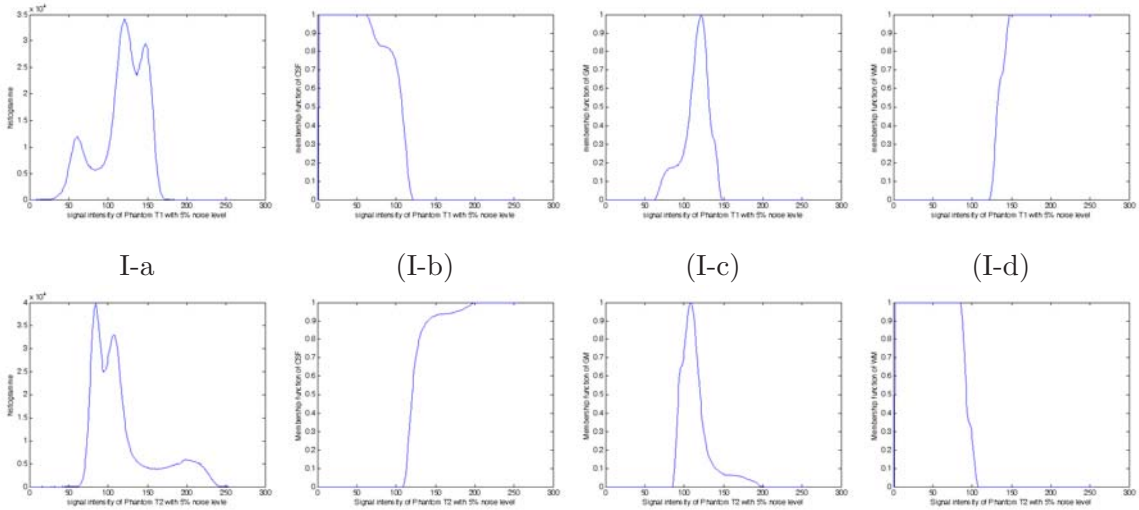
Ces fonctions d'appartenance jouent un rôle d'extracteur des caractéristiques des tissus. Nous montrons ici les résultats des images bruitées. La méthode de création de la fonction d'appartenance est basée sur la transformation d'histogramme présentée en section 2.3.5.



I-a (I-b) (I-c) (I-d)

(II-a) (II-b) (II-c) (II-d)

FIG. 3.5 – *Modèles des tissus en T1(I), T2(II) avec bruit de 3%. (a) Histogramme de volume entier, (b) Modèle flou de LCR, (c) Modèle flou de MG, (d) Modèle flou de MB.*



I-a (I-b) (I-c) (I-d)

(II-a) (II-b) (II-c) (II-d)

FIG. 3.6 – *Modèles des tissus en T1(I), T2(II) avec bruit de 5%. (a) Histogramme de volume entier, (b) Modèle flou de LCR, (c) Modèle flou de MG, (d) Modèle flou de MB.*

### 3.4.3 Résultats de segmentation

Les résultats d'extraction par les trois fonctions d'appartenance (ou modèles du tissu) obtenu sur les images T1 (resp. T2) sont représentés par 3 ensembles flous correspondant à MB, MG, et LCR appelés "ensembles flous **erT1** " (resp. sur T2 "ensembles flous **erT2** " ).

L'utilisation de la moyenne géométrique, un compromis de **erT1** et **erT2** pour obtenir

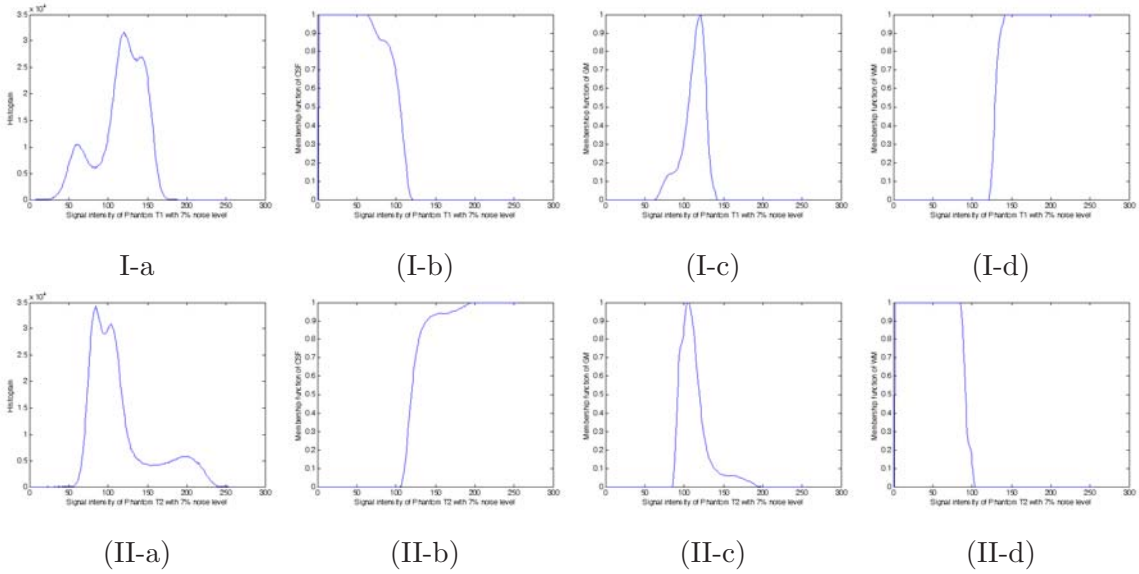



FIG. 3.7 – *Modèles des tissus en T1(I), T2(II) avec bruit de 7%. (a) Histogramme de volume entier, (b) Modèle flou de LCR, (c) Modèle flou de MG, (d) Modèle flou de MB.*

les 3 ensembles flous correspondant aux 3 tissus. Ils sont montrés en Fig. 3.8. Pour faciliter la comparaison, les fantômes sont montrés dans la colonne de gauche (Fig. 3.8).

La croissance 3D des régions floues peut permettre l'élimination des régions isolées dans les images en Fig. 3.8 et donner un résultat final présenté en Fig. 3.9.

### 3.4.4 Conclusion

**Evaluation des modèles**

Les modèles anatomiques flous disponibles sur BrainWeb [Coc], sont les fantômes (Fig. 3.1) utilisés comme ensembles standards $\mu_{Tiss}^{Std}$. Les modèles construits par notre méthode, notés $\mu_{Tiss}^{SI}$ (Fig. 3.10) vont être évalués.

La mesure de l'erreur entre $\mu_{Tiss}^{Std}$ et $\mu_{Tiss}^{SI}$ est effectuée selon 2 méthodes : l'erreur entre deux ensembles binaires et l'accord entre eux par Kappa flou. Comme la valeur floue $\mu = 0.5$ est un point caractéristique très important correspondant à l'incertitude maximale, la mesure a été effectuée pour $\mu_{Tiss} > 0$ et pour $\mu_{Tiss} \geq 0.5$. Le résultat est montré en Tab. 3.3 pour le LCR, en Tab. 3.4 pour la MG et en Tab. 3.5 pour la MB, et les images segmentées en Fig. 3.10. Les niveaux de gris des voxels non nuls (Fig. 3.10) représentent les valeurs des degrés d'appartenance $\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{SI}}$. La première ligne représente les caractéristiques extraites au moyen de $\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{T1}}$ des images originales pondérées en T1. La seconde ligne représente les caractéristiques extraites via $\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{T2}}$ des images pondérées en T2. La troisième ligne représente le résultat de l'opération moyenne

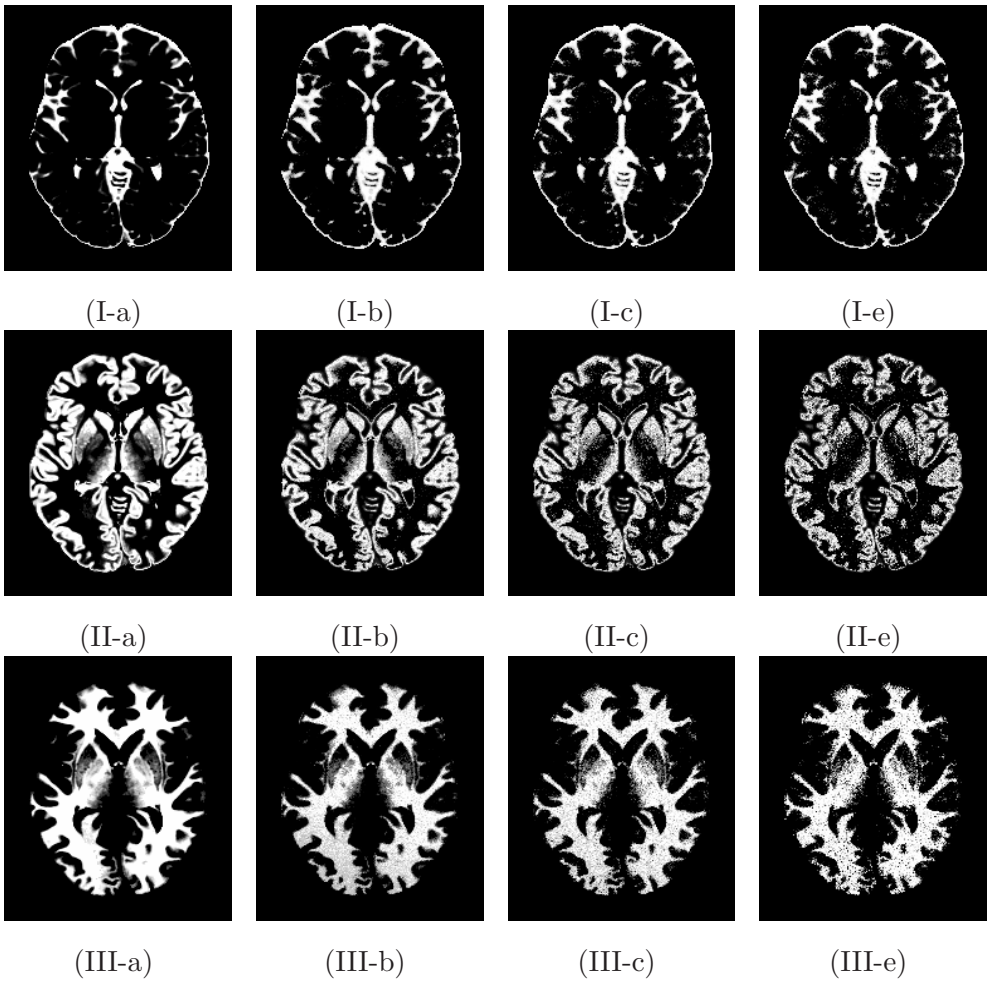



FIG. 3.8 – *Résultats de fusion de* ***erT1*** *et* ***erT2****. (I) LCR, (II) MG, (III) MB. (a) référence, (b) résultat avec 3% de bruit, (c) résultat avec 5% de bruit, et (d) résultat avec 7% de bruit.*

géométrique appliquée aux 2 modalités T1 et T2 (ici, sur les images les 2 premières lignes).

Les fonctions d'appartenance $\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{T1_{hist}}}$ et $\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{T2_{hist}}}$ sont obtenues directement par transformation de l'histogramme au moyen de l'équation (2.25) (section 2.3.5) pour les images simulées avec 0% de bruit.

Par ailleurs, la statistique Kappa [Sie88] a aussi été utilisée comme mesure uniforme de fiabilité, et le Kappa flou proposé en section 3.3.3.3 nous permet ici d'évaluer la concordance des degrés d'appartenance créés par $\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{SI}}$ et $\mu_{\mathbf{Tiss}}^{Std}$, $\kappa(\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{SI}}, \mu_{\mathbf{Tiss}}^{Std})$. Quelques points importants peuvent être déduits des Tab. 3.3, 3.4 et 3.5 :

1. Un meilleur accord est obtenu entre $\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{SI}}$ et $\mu_{Tiss}^{Std}$. C'est parce que le coefficient du Kappa flou est pour chaque tissu voisin de 0.67 sur l'ensemble de $Supp(\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{SI_{hist}}})$ ($\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{SI_{hist}}} > 0$) et vaut 0.96 pour l'ensemble issu du seuillage à 0.5. (voir Tab. 3.4).

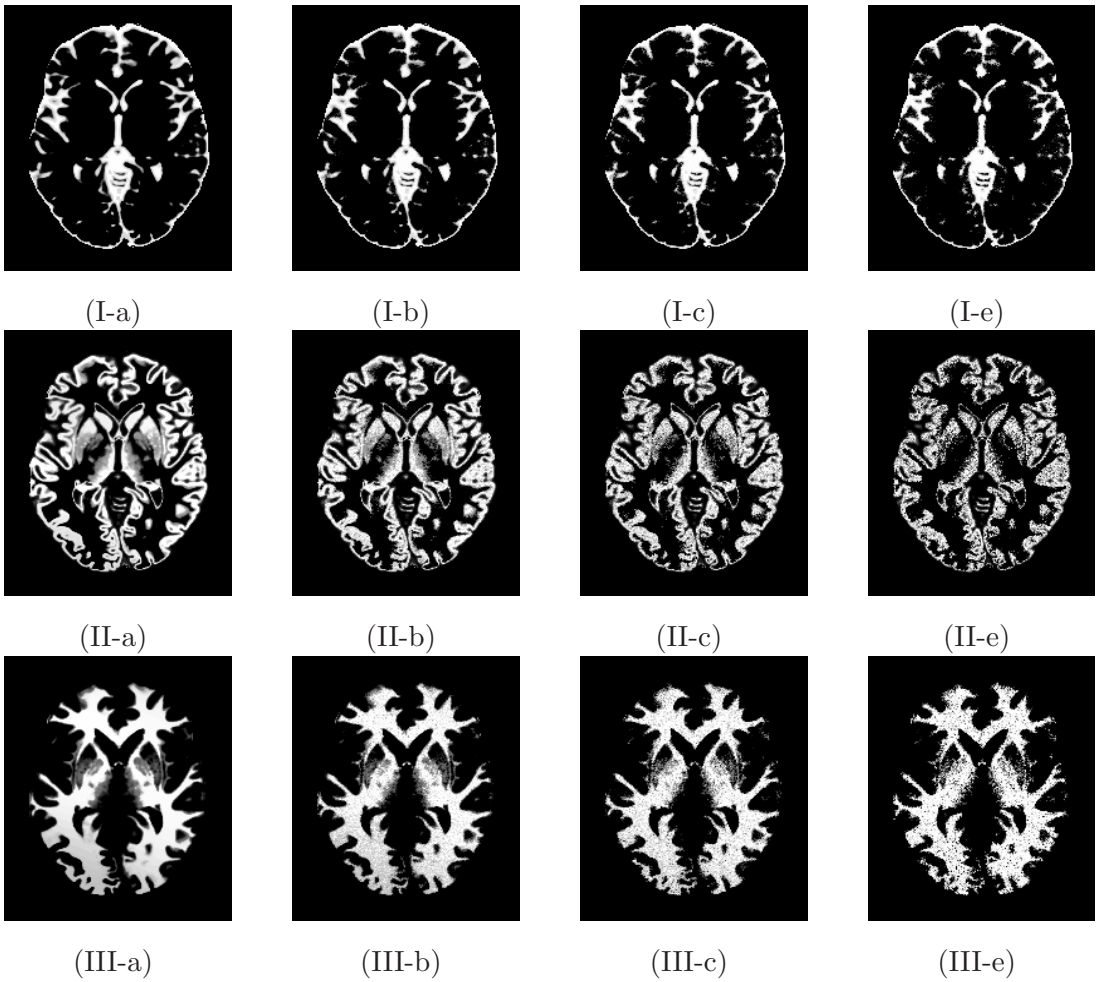



FIG. 3.9 – *Résultats finaux de la segmentation. (I) LCR, (II) MG, (III) MB. (a) résultat avec 0% de bruit, (b)résultat avec 3% de bruit, (c)résultat avec 5% de bruit, et (d)résultat avec 7% de bruit.*

2. Le taux d'erreur positif $\eta_{rfe}$ est faible. La valeur maximale de $\eta_{rfe}$ n'est que de 5.49% pour un seuillage à 0.5. (voir Tab. 3.4) et de 0.09% pour la matière blanche. (voir Tab. 3.5).
3. Le taux d'erreur négatif $\eta_{rme}$ est faible. La valeur maximale de $\eta_{rme}$ est 5.74% pour un seuil à 0.5 et 5.52% pour l'ensemble complet. (voir Tab. 3.5). Pour la matière grise, $\eta_{rme}$ n'est que de 1.41% pour un seuil à 0.5.
4. L'opération de combinaison par moyenne géométrique fournit un meilleur résultat que les seuls $\mu^{SI}_{Tiss}$. Il donne un coefficient du Kappa flou de 0.97 et un minimum de fausses détections $\eta_{rfe}$ 0.09%.

La mesure d'accord montre une meilleure concordance entre nos modèles flous et les fantômes par rapport au coefficient Kappa flou. D'autre part, la méthode de génération de fonction

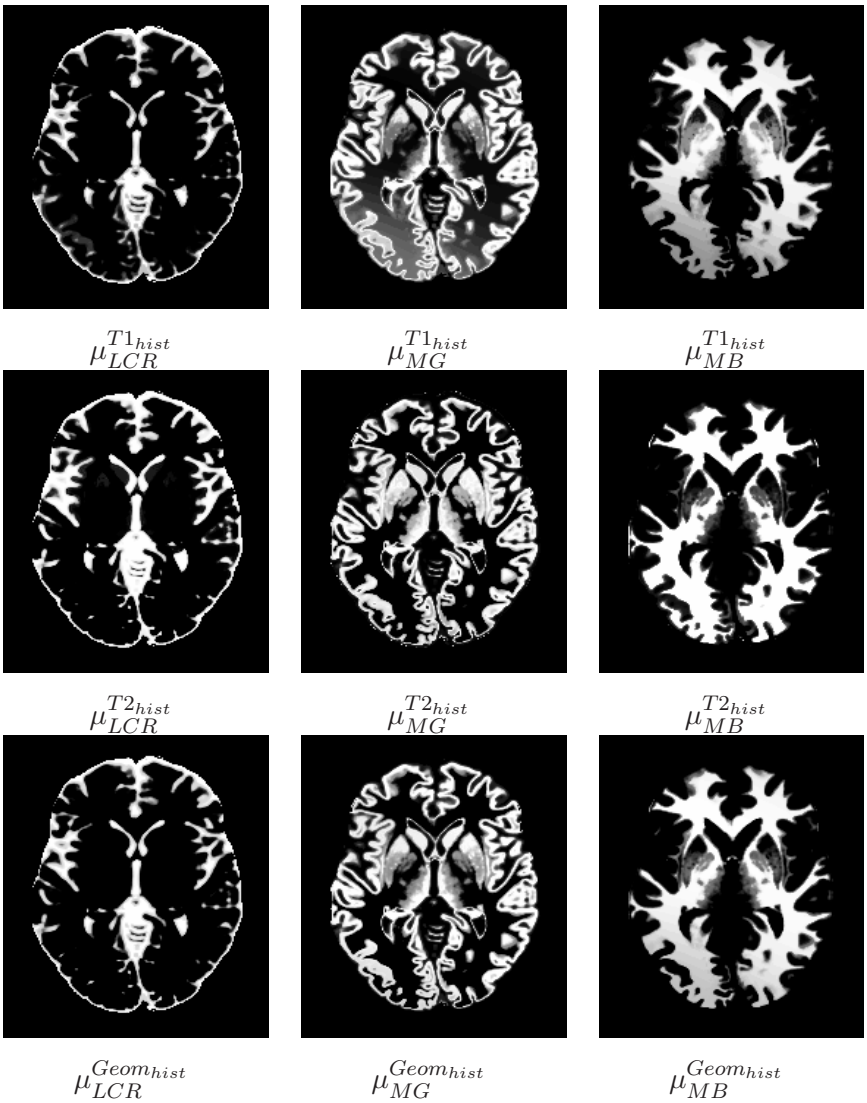



FIG. 3.10 – *Résultat des extractions par utilisation des modèles flous* $\mu_{Tiss}^{SI}$

.

d'appartenance à partir de l'histogramme ne fonctionne que pour un objet ou un ensemble flou qui possède un histogramme suffisament dense.

**Erreur de segmentation en fonction de bruit**

Pour évaluer la performance vis à vis du bruit, nous comparons aussi nos résultats avec les résultats de méthodes FCM et MRF qui ont été présentées dans [Rua02a], en utilisant 3 niveaux de bruit 3%, 5% et 7%.

Le critère d'évaluation utilisé dans [Rua02a] est l'erreur moyenne absolue $\xi$ qui est définie en section 3.3.1.

Les résultats de ces trois méthodes sont présentés par des valeurs d'appartenance, leurs

TAB. 3.3 – *Erreurs de mesure entre* $\mu_{LCR}^{SI_{hist}}$ *(fig.3.10) et* $\mu_{LCR}^{Std}$ *(fig.3.1)*

| $\mu_{LCR}^{SI}$ | $\eta_{rme}$ (%) | | $\eta_{rfe}$ (%) | | $\kappa(\mu_{\mathbf{Tiss}}^{\mathbf{SI}}, \mu_{\mathbf{Tiss}}^{Std})$ | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | $\mu_{LCR}^{SI} > 0$ | $\mu_{LCR}^{SI} \geq 0.5$ | $\mu_{LCR}^{SI} > 0$ | $\mu_{LCR}^{SI} \geq 0.5$ | $\mu_{LCR}^{SI} > 0$ | $\mu_{LCR}^{SI} \geq 0.5$ |
| $\mu_{LCR}^{T1_{hist}}$ | 1.72 | 2.81 | 47.76 | 5.11 | 0.65 | 0.96 |
| $\mu_{LCR}^{T2_{hist}}$ | 2.18 | 4.68 | 52.3 | 7.75 | 0.67 | 0.94 |
| $\mu_{LCR}^{Geom_{hist}}$ | 3.84 | 2.23 | 15.3 | 4.32 | 0.75 | 0.97 |

TAB. 3.4 – *Erreurs de mesure entre* $\mu_{MG}^{SI_{hist}}$ *(fig.3.10) et* $\mu_{MG}^{Std}$ *(fig.3.1)*

| $\mu_{MG}^{SI}$ | $\eta_{rme}$ (%) | | $\eta_{rfe}$ (%) | | $\kappa(\mu_{Tiss}^{SI}, \mu_{Tiss}^{Std})$ | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | $\mu_{MG}^{SI} > 0$ | $\mu_{MG}^{SI} \geq 0.5$ | $\mu_{MG}^{SI} > 0$ | $\mu_{MG}^{SI} \geq 0.5$ | $\mu_{MG}^{SI} > 0$ | $\mu_{MG}^{SI} \geq 0.5$ |
| $\mu_{MG}^{T1_{hist}}$ | 1.44 | 2.97 | 27.05 | 13.44 | 0.57 | 0.91 |
| $\mu_{MG}^{T2_{hist}}$ | 3.73 | 4.87 | 26.21 | 8.74 | 0.60 | 0.92 |
| $\mu_{MG}^{Geom_{hist}}$ | 5.15 | 1.41 | 5.51 | 5.49 | 0.67 | 0.96 |

distributions d'appartenance sont très différentes par rapport à celles du "ground truth", le fantôme présenté en Fig. 3.1. Le critère de l'erreur absolue ne peut donc pas être utilisé dans notre application. Pour éviter l'effet non linéaire entre les différentes fonctions d'appartenance, nous définissons un indice de normalisation de $\xi$, noté par $\xi_{norm}$ :

$$\xi_{norm} = \frac{\xi}{\xi_{Min}} \tag{3.23}$$

où $\xi_{Min}$ est la valeur minimale dans l'ensemble de $\xi$.

Les résultats de comparaison sont montrés en Tab. 3.6 et en Fig. 3.11. Les axes horizontal et vertical représentent les niveaux de bruit et le logarithme naturel de l'erreur moyenne absolue normalisée ($\log \xi_{norm}$), respectivement.

Les $\xi$ du MRF flou et du FCM sont donnés dans [Rua02a] sur les images originales simulées avec 0% d'hétérogénéité de champ (l'inhomogénéité du champ RF). Tandis que les $\xi$ de notre

TAB. 3.5 – *Erreurs de mesure entre* $\mu_{MB}^{SI_{hist}}$ *(fig.3.10) et* $\mu_{MB}^{Std}$ *(fig.3.1)*

| $\mu_{MB}^{SI}$ | $\eta_{rme}$ (%) | | $\eta_{rfe}$ (%) | | $\kappa(\mu_{Tiss}^{SI}, \mu_{Tiss}^{Std})$ | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | $\mu_{MB}^{SI} > 0$ | $\mu_{MB}^{SI} \geq 0.5$ | $\mu_{MB}^{SI} > 0$ | $\mu_{MB}^{SI} \geq 0.5$ | $\mu_{MB}^{SI} > 0$ | $\mu_{MB}^{SI} \geq 0.5$ |
| $\mu_{MB}^{T1_{hist}}$ | 3.10 | 9.11 | 27.73 | 3.87 | 0.63 | 0.93 |
| $\mu_{MB}^{T2_{hist}}$ | 2.47 | 5.04 | 24.23 | 5.19 | 0.67 | 0.94 |
| $\mu_{MB}^{Geom_{hist}}$ | 5.52 | 5.74 | 3.64 | 0.09 | 0.73 | 0.97 |

TAB. 3.6 – *Normalisation de l'erreur moyenne absolue de la fusion d'informations floues , du MRF floue [Rua02a] et du FCM, concernant les tissus LCR, MG MB du fantôme et présentant les niveaux de bruit respectivement de 3%, 5% et 7%*

| Bruit | MRF Flou($\xi_{norm}$) | | | FCM($\xi_{norm}$) | | | Fusion floue($\xi_{norm}$) | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | MB | MG | LCR | MB | MG | LCR | MB | MG | LCR |
| 3% | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1.01 |
| 5% | 1.27 | 1.28 | 1.17 | 1.51 | 1.5 | 1.32 | 1.15 | 1.11 | 1 |
| 7% | 1.99 | 1.71 | 1.78 | 2.1 | 2.0 | 1.65 | 1.43 | 1.33 | 1.01 |

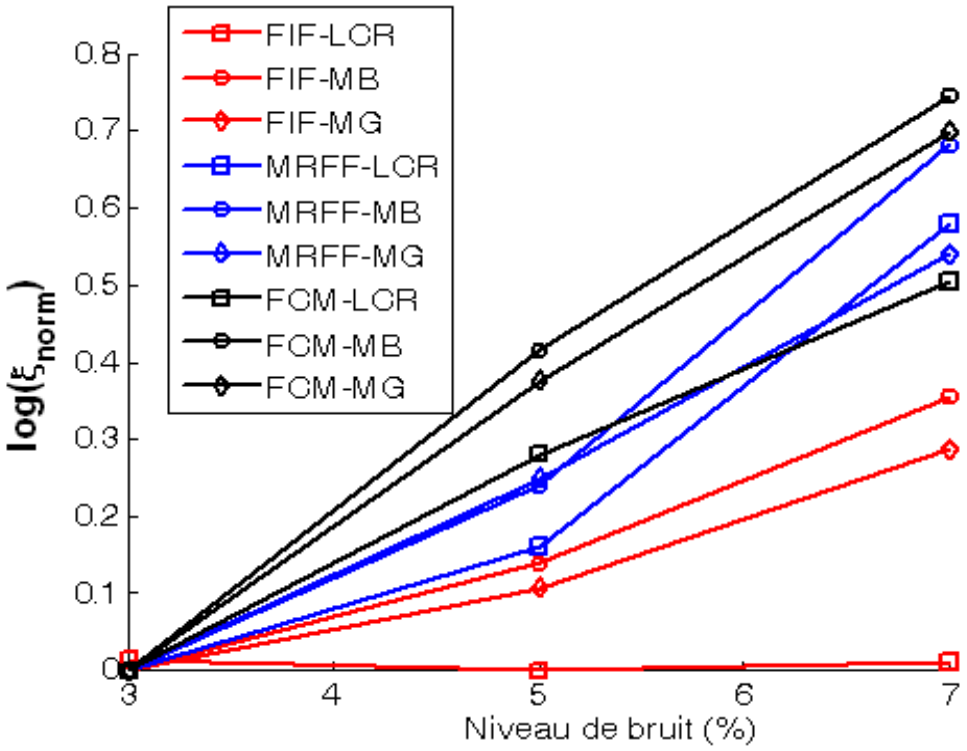



FIG. 3.11 – *Logarithme naturel de l'erreur absolue moyenne normalisée correspondant à la Tab 3.6 obtenue par la méthode MRF flou (MRFF), FCM et Fusion d'Information Floue (FIF)*

méthode (Fig 3.9) sont obtenus sur les images originales simulés avec 20% d'hétérogénéité de champ. Les 3 résultats de l'erreur moyenne absolue sont calculés à partir du même "ground truth", fantôme du cerveau (Fig. 3.1).

Dans Fig. 3.11, les courbes noires, bleues et rouges présentent les logarithmes naturels de l'erreur du FCM, du MRF flou et de notre méthode, respectivement. Les illustrations sont données en Fig. 3.11. Les courbes rouges obtenues par notre méthode sont moins sensibles en fonction du bruit que le MRF flou et FCM grâce à utilisation des informations complémentaires

des différentes séquences.

## 3.5 Segmentation des tissus tumoraux sur des images réelles

### 3.5.1 Introduction

La segmentation consiste à partitionner l'image en régions homogènes. L'hypothèse d'homogénéité n'est pas tout à fait un terme absolu. Comme montré dans Fig. 3.3, les régions tumorales ne sont pas homogènes. Des variations de niveaux de gris sont visibles. Il existe des difficulités pour choisir des variables qui quantifient l'homogénéité de la région en utilisant des approches classiques.

Notre méthode permet de résoudre ce problème grâce aux modèles flous basés sur les connaissances *a priori* données par les médecins. Nous utilisons l'architecture **Archit1** (fusion d'informations floues au niveau des caractéristiques) présentée dans Fig. 2.8 pour segmenter automatiquement les tissus tumoraux à partir des multiples séquences d'IRM T1, T2 et DP. Ce processus fonctionne en 4 étapes comme décrit dans section 2.4.3.

Au chapitre 2, nous avons présenté le principe de modélisation des caractéristiques floues des tissus IRM et deux approches : l'approche s'appuyant sur la distribution floue (section 2.3.6) et l'approche utilisant la transformation d'histogramme (section 2.3.5), pour créer la fonction d'appartenance ou bien pour construire automatiquement des modèles de tissus tumoraux.

La moyenne-géométrique est utilisée comme opérateur de combinaison. La croissance 3D des régions floues (section 2.5) est aussi utilisée pour améliorer le résultat final.

Pour évaluer quantitativement les résultats, nous utilisons les références $\mathbf{GT_{uni}}$, $\mathbf{GT_{int}}$, et $\mathbf{GT_{tum}}$ (Fig. 3.4).

Les critères d'évaluation présentés précédemment sont utilisés pour l'évaluation quantitative.

Notre résultat est également comparé avec la méthode de connectivité floue [Udu96] (section 1.3.8) et la méthode SVM [Wu05] (section 1.3.5.2).

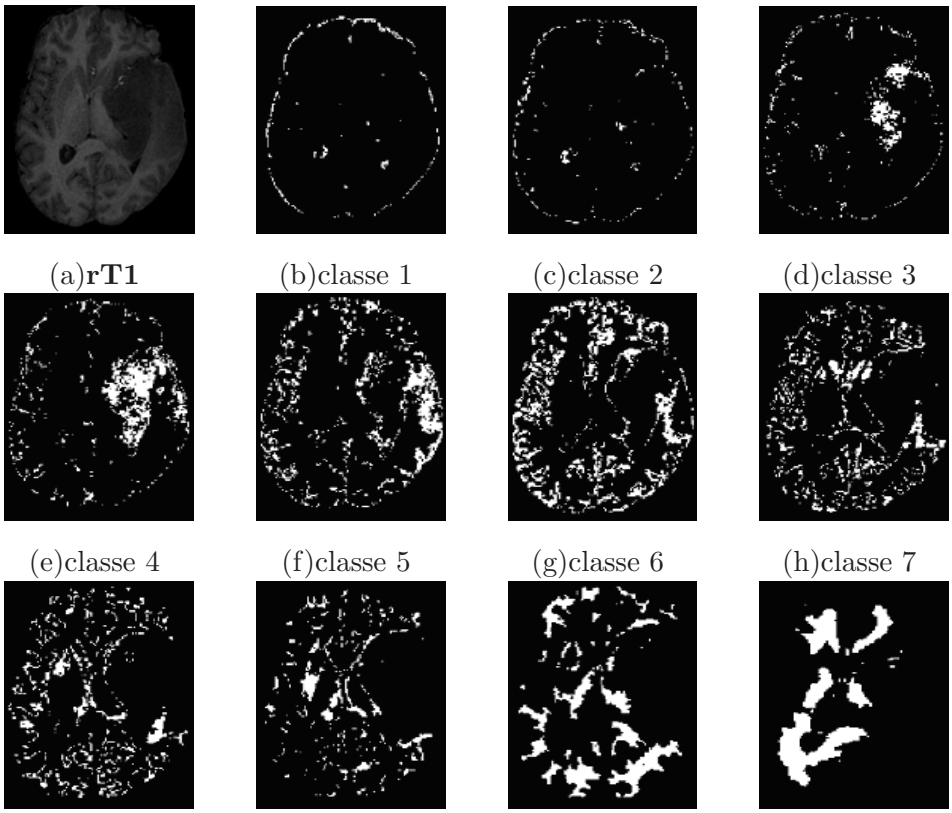
### 3.5.2 Modélisation des caractéristiques floues des tissus tumoraux

A partir des connaissances *a priori* présentées en section 2.3.3, nons pouvons trouver une référence de fonction d'appartenance en utilisant l'approche présentée en section 2.3.4. L'estimation de la fonction d'appartenance à partir de la distribution floue (section 2.3.6) nous permet de trouver une fonction analytique pour quantifier la fonction d'appartenance des tissus tumoraux sur **erT1** (2.26), sur **erT2** (2.27), et sur **erDP** (2.28).

Pour chaque application, nous devons définir les paramètres de ces fonctions. Nous utilisons la méthode d'estimation des paramètres présentée en section 2.3.6.3 pour notre application.

Après le pré-traitement sur T1 en utilisant la méthode de MRF floue proposée par [Rua02a], nous obtenons une partition de l'image T1 en 11 classes. Elles sont présentées en Fig. 3.12. Notons $i = 1,2,...,11$, l'indice de classes, dans l'ordre croissant de la moyenne d'intensité de chaque classe. Les caractéristiques de la région tumorale sont claires :

- la région tumorale n'est pas trouvée dans les classes 1, 10 et 11;
- la région de tumeur solide est trouvée essentiellement dans les classes 3 et 4;
- la région d'oedème est trouvée principalement dans les classes 4, 5 et 6;
- le centre de la région tumorale est défini comme le noyau d'ensemble flou **T**, il est trouvé souvent en classe 5.



(a)**rT1** (b)classe 1 (c)classe 2 (d)classe 3

(e)classe 4 (f)classe 5 (g)classe 6 (h)classe 7

(i)classe 8 (j)classe 9 (k)classe 10 (l)classe 11

FIG. 3.12 – *Résultat de la partition en 11 classes de niveau d'intensité en utilisant un MRF flou [Rua02a] sur la 60ème coupe d'une image pondérée en T1 du patient P181.*

Chaque classe peut être considérée comme un sous-ensemble. La moyenne d'intensité $m_i$, le maximum d'intensité $max_i$, le minimum d'intensité $min_i$ et l'écart type $\sigma_i$ du sous-ensemble $i$

sont les valeurs clés et notées par $X$ : $X = \{m, max, min, \sigma, ...\}$. Définissons $Ascend_X$, l'ordre croissant de $X$.

Nous proposons ici les paramètres frontières tirés de l'expérience selon les valeurs clés $X$.

$\mu_{\mathbf{FrT1}}$ :

$$\begin{cases} a_1 = m_2; \\ a_2 = m_3; \\ a_3 = m_4; \\ a_4 = m_9. \end{cases} \tag{3.24}$$

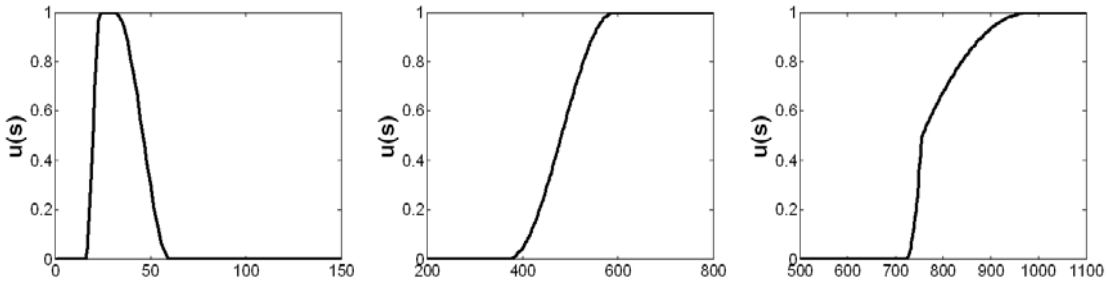
$\mu_{\mathbf{FrT2}}$ :

$$\begin{cases} b_1 = Ascend_m_9; \\ b_2 = Ascend_max_1. \end{cases} \tag{3.25}$$

$\mu_{\mathbf{FrDP}}$ :

$$\begin{cases} c_1 = Ascend_m_4; \\ c_2 = Ascend_m_7; \\ c_3 = Ascend_max_1 - Ascend_\sigma_1. \end{cases} \tag{3.26}$$

Figure 3.13 montre les fonctions d'appartenance $\mu_{\mathbf{FrT1}}(s)$, $\mu_{\mathbf{FrT2}}(s)$, et $\mu_{\mathbf{FrDP}}(s)$ définies par les équations (2.26), (2.27), et (2.28).




(a)$\mu_{\mathbf{FrT1}}(s)$ (b)$\mu_{\mathbf{FrT2}}(s)$ (c)$\mu_{\mathbf{FrDP}}(s)$

FIG. 3.13 – *Fonctions d'appartenance produites par la méthode de la distribution floue (section 2.3.6)*

.

### 3.5.3 Fusion des caractéristiques floues

Selon le comparatif des opérateurs de combinaison dressé en (section 2.4.5), nous estimons que la moyenne géométrique est l'opérateur de combinaison le plus simple et le mieux adapté. Il réalise en effet un compromis entre les différents degrés d'appartenance pour chaque voxel sans paramètre sélectionné et il satisfait aux propriétés définies en (section 2.4.5.1). Il combine

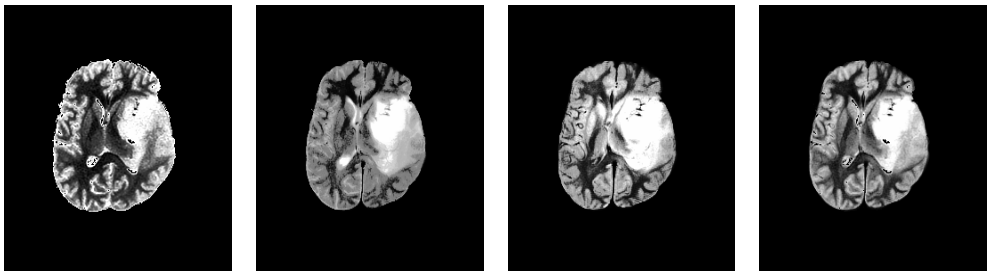
donc les caractéristiques floues **erT1**, **erT2**, et **erDP**, extraites peut-être au moyen des modèles présentés en section 2.3.

Ici, nous utilisons deux modèles :

- Modèles construits par transformation de l'histogramme. Ce sont les fonctions d'appartenance en Fig.2.7, appelés ici $\mathbf{Mod_h}$.
- Modèles construits par la distribution floue. Ce sont les fonctions d'appartenance en Fig. 3.13, appelés ici $\mathbf{Mod_f}$, où $\mathbf{Mod_f} = \{\mu_{\mathbf{FrT1}}, \mu_{\mathbf{FrT2}}(s), \mu_{\mathbf{FrDP}}(s)\}$

Les caractéristiques floues extraites sont présentées en termes de degrés d'appartenance à la tumeur. Sur les images caractéristiques, le niveau de gris ne présente pas l'intensité du signal comme l'image d'origine, il est le degré d'appartenance de la région tumeur.

Fig. 3.14(a),(b) et (c) donne les caractéristiques floues **erT1**, **erT2**, et **erDP** obtenues par $\mathbf{Mod_h}$. Le résultat de la combinaison (la moyenne géométrique) est donné en Fig.3.14(d).



(a) $\mathbf{erT1}|_{Mod_h}$ (b) $\mathbf{erT2}|_{Mod_h}$ (c) $\mathbf{erDP}|_{Mod_h}$ (d) $\mathbf{FerT}|_{Mod_h}$

FIG. 3.14 – *Caractéristiques floues de la région tumorale **erT1**, **erT2**, **erDP**, obtenues par les références de la fonction d'appartenance* $\mathbf{Mod_h}$ *en Fig. 2.7. Le résultat de la combinaison* $\mathbf{FerT}|_{Mod_h}$ *est obtenu par moyenne géométrique.*

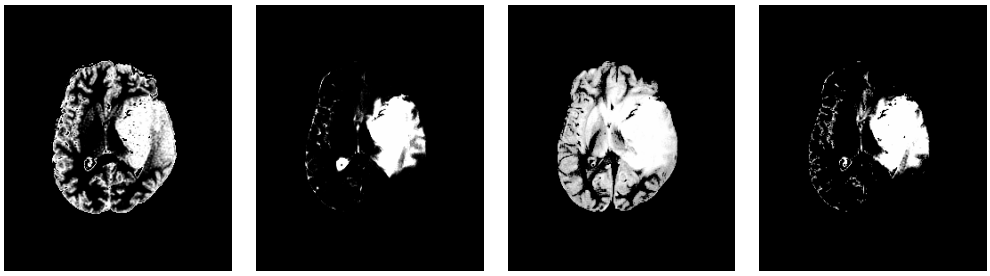
Figure 3.15 (a),(b) et (c) donne les caractéristiques floues **erT1**, **erT2**, et **erDP** obtenues par $\mathbf{Mod_f}$. Le résultat de la combinaison est présenté en Fig.3.15(d).

### 3.5.4 Décision d'appartenance à la région tumorale

L'étape de la segmentation floue que nous avons mise en oeuvre répond à l'architecture de fusion présentée en Fig. 2.8. La **croissance 3D des régions floues** proposée en (section 2.5) fonctionne sur le résultat de la fusion **FerT** pour éliminer les voxels isolés et obtenir la région tumorale connectée **T**, où $\mathbf{T} \subset \mathbf{FerT}$.

La **croissance 3D des régions floues** implique 4 actions successives :

1. On choisit $N$, le nombre de sous-ensembles selon les types de tissus visibles à l'intérieur de la région tumorale.



(a) $\mathbf{erT1}|_{Mod_f}$ (b) $\mathbf{erT2}|_{Mod_f}$ (c) $\mathbf{erDP}|_{Mod_f}$ (d) $\mathbf{FerT}|_{Mod_f}$

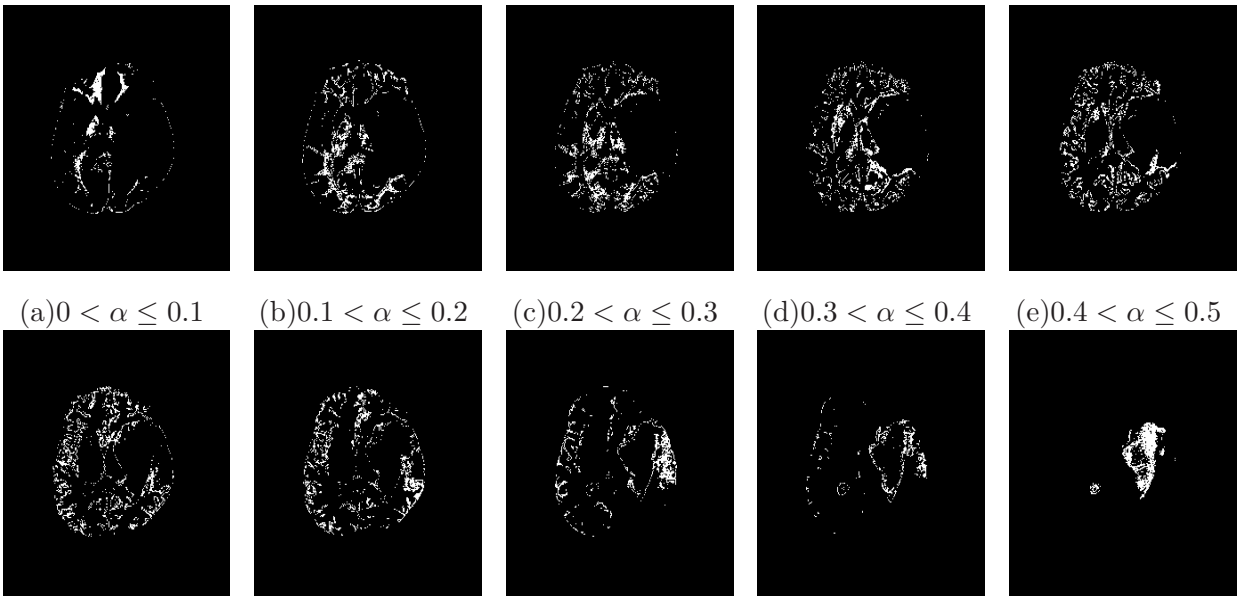
FIG. 3.15 – *Caractéristiques floues de la région tumorale **erT1**, **erT2**, **erDP**, obtenues par* $\mathbf{Mod_f}$*, et résultat de la combinaison* $\mathbf{FerT}|_{Mod_f}$ *obtenue par moyenne géométrique.*

2. On divise le résultat de la combinaison **FerT** en $N$ sous-ensembles.
3. On décide du germe $Ker(\mathbf{FerT})$ de croissance en 3D.
4. On fait croître les sous-ensembles en 3D à partir du germe, pour obtenir **T**.

Dans cette application, nous disposons de deux exemples de **FerT**, l'un a été obtenu par le modèle d'appartenance $\mathbf{Mod_h}$, $\mathbf{FerT}|_{Mod_h}$ présenté en Fig. 3.14(d), et l'autre a été obtenu par la fonction d'appartenance $\mathbf{Mod_f}$, $\mathbf{FerT}|_{Mod_f}$ présentée en Fig. 3.15(d). Pour comparer les résultats de ces deux modèles de caractéristiques, nous présentons la segmentation des deux résultats de façon parallèle :

- Nous avons choisi $\mathbf{N = 10}$, car la région tumorale du patient P181 est inhomogène ce qui peut être observé en Fig. 3.3.
- Les deux **FerT** en Fig. 3.14(d) et Fig. 3.15(d) sont divisés en 10 sous-ensembles exposés en Fig.3.16 et Fig.3.18, respectivement.
- Le $Ker(\mathbf{FerT})$ de Fig. 3.14 est le sous-ensemble avec $\mu_{\mathbf{FerT}} = 1$ présenté en Fig. 3.17(a), celui de Fig. 3.15(d) est le sous-ensemble correspondant à $0.95 < \mu_{\mathbf{FerT}} \leq 1$ présenté en Fig. 3.19(a).
- La 3D connexion des sous-ensembles est obtenue par la croissance 3D de $Ker(\mathbf{FerT})$. Figure 3.17 explique le processus de croissance de Fig. 3.16. Figure 3.19 explique le processus de croissance de Fig. 3.18, et le résultat concernant ensemble tumoral **T** est présenté en Fig. 3.20(a).

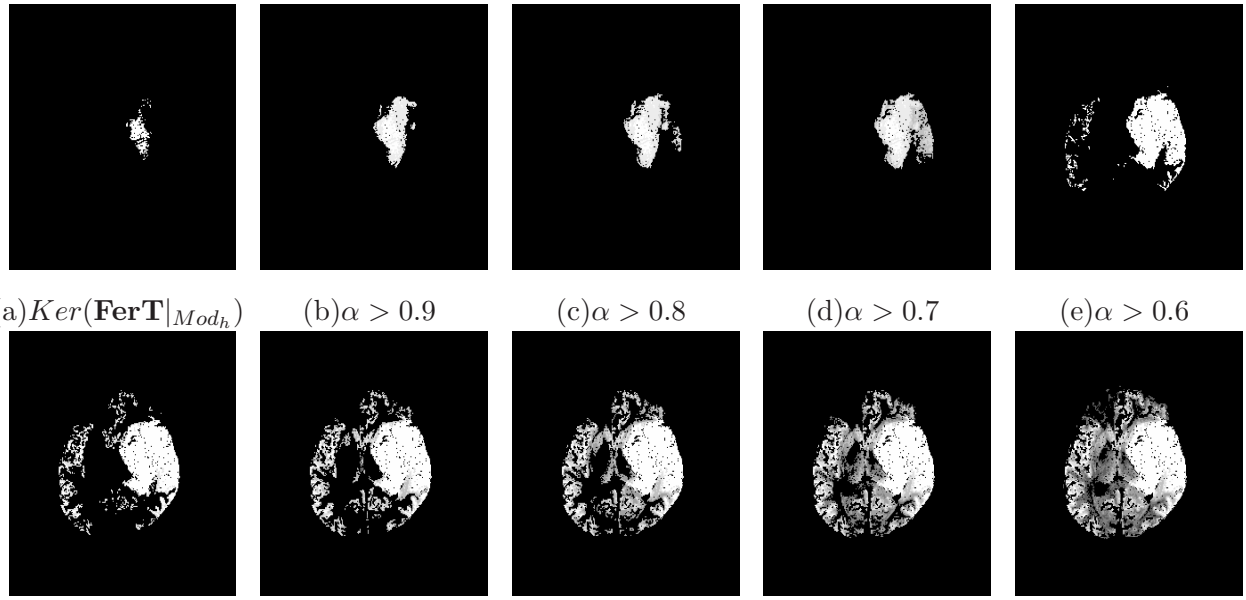
La segmentation finale est représentée en 3D en Fig. 3.20(a). C'est un résultat en multi-niveaux, (dans cette application $N = 10$). Puisque chaque étape de croissance donne un sous ensemble flou en forme d'intermédiaire de **T**, le résultat final **T** est un ensemble de ces résultats intérmédiaires. Si chaque niveau intermédiaire est marqué par une couleur différente ou un



(a)$0 < \alpha \leq 0.1$ (b)$0.1 < \alpha \leq 0.2$ (c)$0.2 < \alpha \leq 0.3$ (d)$0.3 < \alpha \leq 0.4$ (e)$0.4 < \alpha \leq 0.5$

(f)$0.5 < \alpha \leq 0.6$ (g)$0.6 < \alpha \leq 0.7$ (h)$0.7 < \alpha \leq 0.8$ (i)$0.8 < \alpha \leq 0.9$ (j)$0.9 < \alpha < 1$

FIG. 3.16 – *Sous-ensembles de* $\mathbf{FerT}|_{Mod_h}$ *présenté en Fig. 3.14(d).*



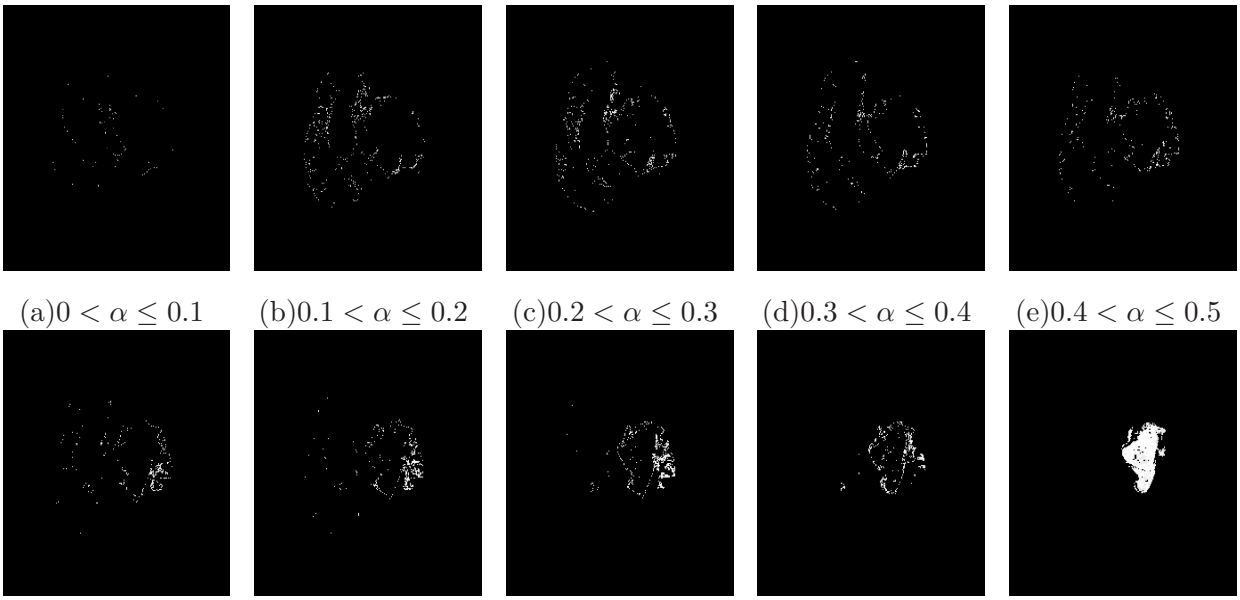
(a)$Ker(\mathbf{FerT}|_{Mod_h})$ (b)$\alpha > 0.9$ (c)$\alpha > 0.8$ (d)$\alpha > 0.7$ (e)$\alpha > 0.6$

(f)$\alpha > 0.5$ (g)$\alpha > 0.4$ (h)$\alpha > 0.3$ (i)$\alpha > 0.2$ (j)$\alpha > 0.1$

FIG. 3.17 – *Processus de croissance 3D des sous-ensembles flous présentés en Fig. 3.16.*

niveau de gris différents, ces multiples classes apparaissent aisément dans la segmentation finale. La sélection de la valeur du paramètre $\alpha$ détermine le résultat de la segmentation. Plus cette valeur est élevée plus les pixels retenus ont des possibilités élevées d'appartenir à la tumeur.

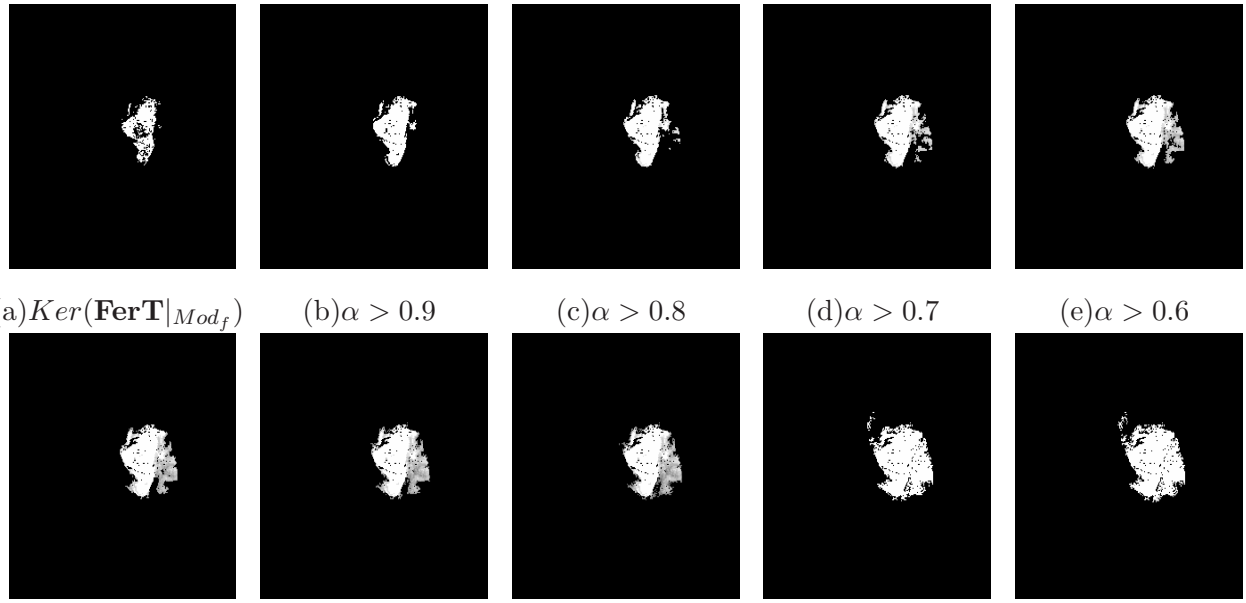
Figure 3.20(c) est donc une décision représentant la possibilité la plus élevée d'appar-



(a)$0 < \alpha \leq 0.1$ (b)$0.1 < \alpha \leq 0.2$ (c)$0.2 < \alpha \leq 0.3$ (d)$0.3 < \alpha \leq 0.4$ (e)$0.4 < \alpha \leq 0.5$

(f)$0.5 < \alpha \leq 0.6$ (g)$0.6 < \alpha \leq 0.7$ (h)$0.7 < \alpha \leq 0.8$ (i)$0.8 < \alpha \leq 0.9$ (j)$0.9 < \alpha < 1$

FIG. 3.18 – *Sous-ensembles de* $\mathbf{FerT}|_{Mod_f}$ *présenté en Fig. 3.15(d) qui ont été obtenus par les fonctions d'appartenance des équations (3.24), (3.25), et (3.26) présentés en Fig. 3.13.*

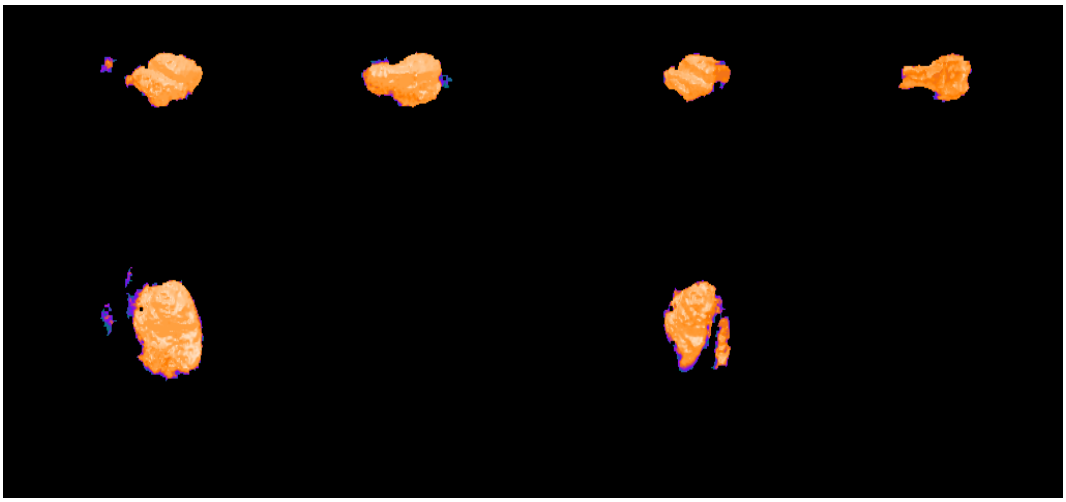


(a)$Ker(\mathbf{FerT}|_{Mod_f})$ (b)$\alpha > 0.9$ (c)$\alpha > 0.8$ (d)$\alpha > 0.7$ (e)$\alpha > 0.6$

(f)$\alpha > 0.5$ (g)$\alpha > 0.4$ (h)$\alpha > 0.3$ (i)$\alpha > 0.2$ (j)$\alpha > 0.1$

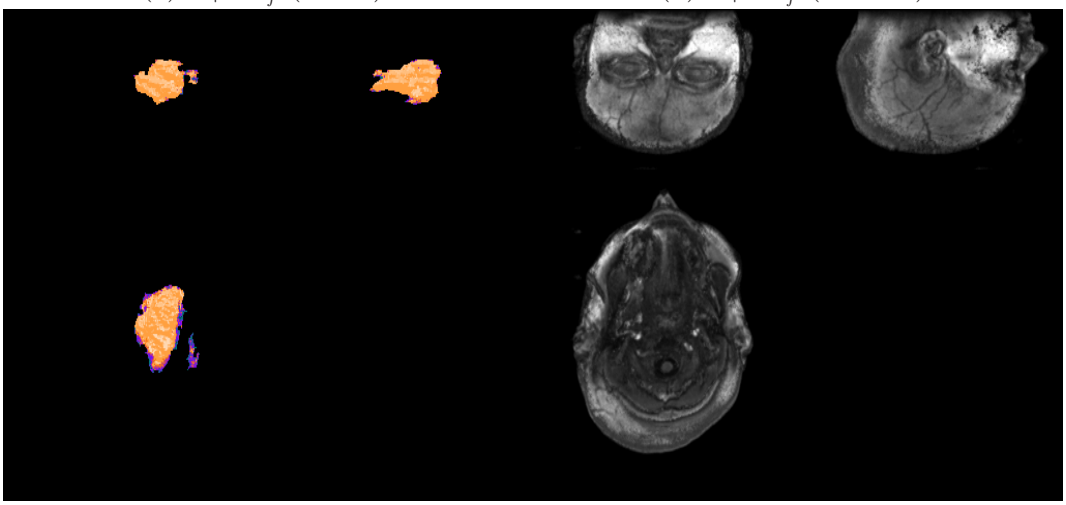
FIG. 3.19 – *Processus de croissance 3D des sous-ensembles flous en Fig. 3.18.*

tenance à la tumeur ($\alpha > 0.90$). Cela signifie que cette classe de tissu est considérée comme tumorale avec une possibilité de 90%. De la même façon, Fig. 3.20(b) représente la classe de tissu concernant la tumeur avec la possibilité de 80%.



(a) $\mathbf{T}|_{Mod_f}$ ($\alpha > 0$)

(b) $\mathbf{T}|_{Mod_f}$ ($\alpha > 0.8$)



(c) $\mathbf{T}|_{Mod_f}$ ($\alpha > 0.90$

(d) Référence du champ 3D

FIG. 3.20 – *Représentation en 3D du contenu de Fig. 3.19, le résultat final de croissance des sous-ensembles flous, ou de la segmentation floue* $\mathbf{T}|_{Mod_f}$. *Par la sélection de* $\alpha$ *en* $\mathbf{T}|_{Mod_f}$, *nous pouvons obtenir différentes décisions. (a)* $\boldsymbol{T}$ *avec* ($\alpha > 0$) *donne la région tumorale la plus étendue. (b) montre la région tumorale avec* $\alpha > 0.8$. *(c) montre la région tumorale* $\alpha > 0.90$. *(d) référence du champ 3D qui est un système de référence des coordonnées 3D.*

### 3.5.5 Evaluation des résultats

Evaluons l'efficacité de nos résultats par deux points de vue : l'un visuel, l'autre quantitatif. Les références, "gold standard" (ou "ground truth") et les méthodes d'évaluation quantitatives ont été discutées en section 3.2.4 et section 3.3.

#### 3.5.5.1 Evaluation visuelle

Sur la première ligne de Fig. 3.21, on trouve les régions références détaillées en section 3.2.4. La deuxième ligne est la segmentation finale obtenue par les fonctions d'appartenance $\mathbf{Mod_f}$ montrées en Fig. 3.13. La dernière ligne est la segmentation finale obtenue par utilisation des modèles d'appartenance $\mathbf{Mod_h}$ présentés en Fig. 2.7. On peut constater que :

- sur l'image en Fig. 3.21(d) on ne voit pas de voxels faux positifs; par contre on en trouve beaucoup sur l'image (Fig. 3.21)(h).
- l'image (Fig. 3.21)(d) est la plus proche de la référence $\mathbf{GT_{int}}$
- les 2 classes (Fig. 3.21)(g) et (Fig. 3.21)(k) présentant plus de 80% de possibilité d'appartenance à la tumeur sont proches de la référence "tumeur sans oedème" $\mathbf{GT_{tum}}$.

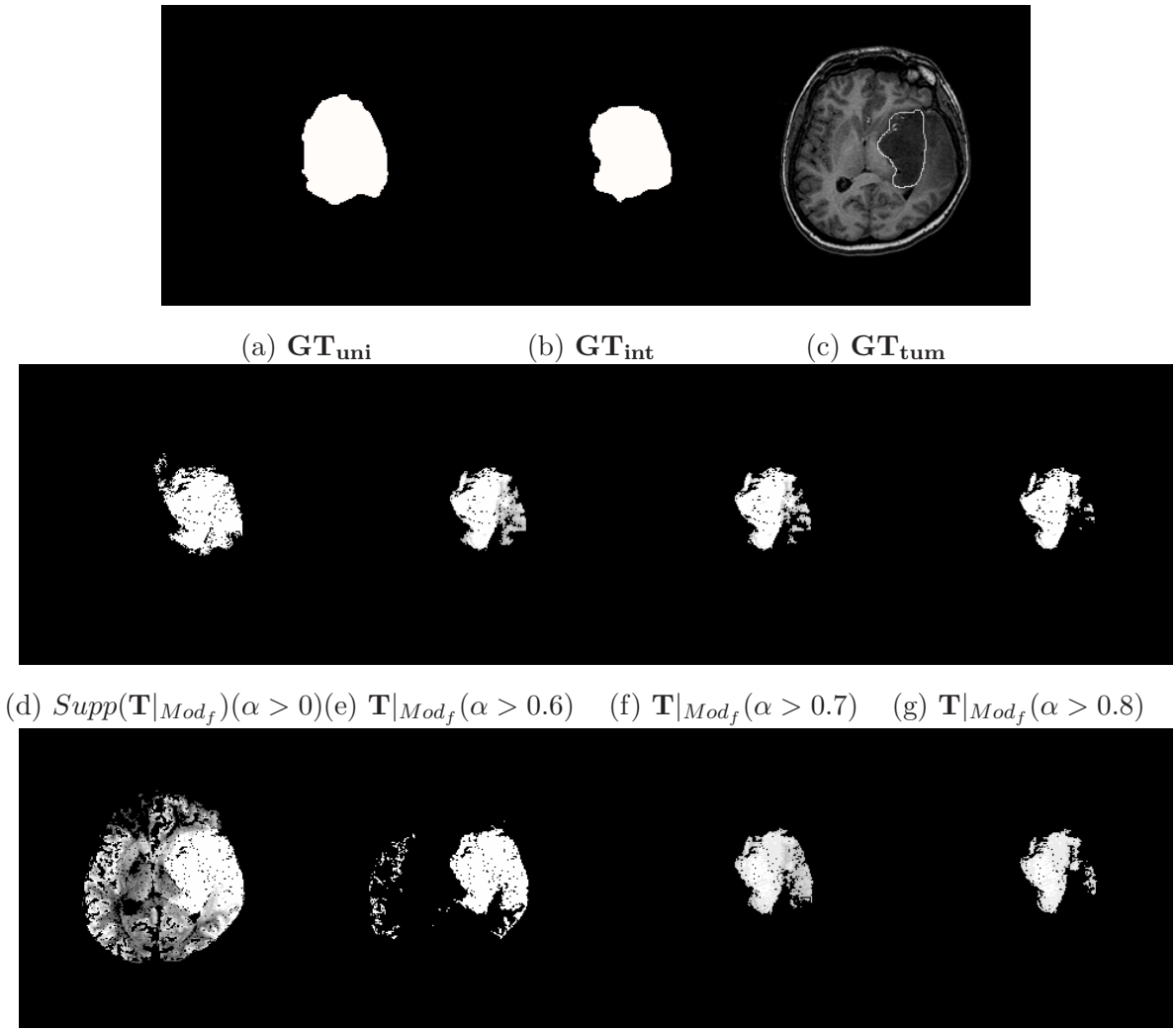
Nous pouvons en conclure que :

- les fonctions d'appartenance $Mod_f$ définies par les équations (2.26),(2.27) et (2.28) permettent d'obtenir une segmentation de meilleure qualité;
- les modèles d'appartenance $Mod_h$ définis par la transformation d'histogramme (Fig. 2.7) ont tendance à inclure la zone d'oedème dans la tumeur;
- les deux façons de modélisation permettent de segmenter la région tumorale avec exclusion de l'oedème au même niveau de possibilité.

**Comparaison avec l'information visuelle fournie par l'image pondérée en T2**

Le résultat de l'étape de combinaison des caractéristiques (**FerT**) est proche de l'image **erT2** (Fig. 3.22(d) et (e)), mais on peut trouver des différences en expliquant la performance de l'opération de combinaison.

1. Selon les connaissances *a priori* du neuroradiologue, la tumeur est plus visible en T2, mais T1 donne une information riche sur l'anatomie. Certains tissus avec les mêmes temps de relaxation $T_1$ et $T_2$, peuvent être différenciés grâce à l'image pondérée en DP (voir Fig. 3.3(III)), même si son contraste est faible. C'est pourquoi il est nécessaire d'utiliser la séquence DP.
2. En Fig. 3.22 et Tab. 2.1, on constate que l'intensité de la tumeur est proche de celle du LCR, il est donc difficile de les séparer sur une image pondérée en T2, et ils restent non séparés en **erT2** (Fig. 3.22(d) et (f)). Mais le LCR n'apparaît plus dans **FerT**, grâce à l'apport d'**erDP** par fusion.



(a) $\mathbf{GT_{uni}}$ (b) $\mathbf{GT_{int}}$ (c) $\mathbf{GT_{tum}}$

(d) $Supp(\mathbf{T}|_{Mod_f})(\alpha > 0)$ (e) $\mathbf{T}|_{Mod_f}(\alpha > 0.6)$ (f) $\mathbf{T}|_{Mod_f}(\alpha > 0.7)$ (g) $\mathbf{T}|_{Mod_f}(\alpha > 0.8)$

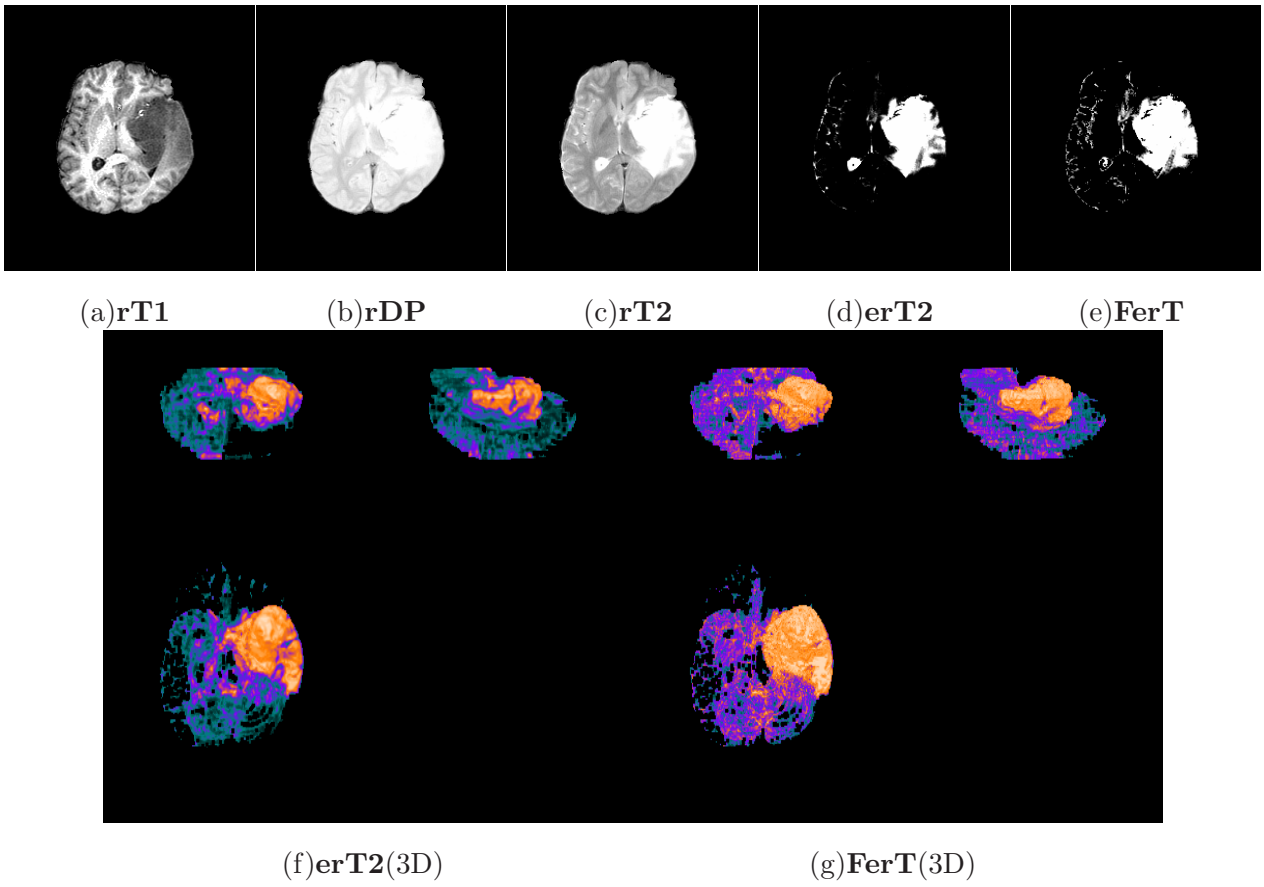
(h) $Supp(\mathbf{T}|_{Mod_h})(\alpha > 0)$ (i) $\mathbf{T}|_{Mod_h}(\alpha > 0.6)$ (j) $\mathbf{T}|_{Mod_h}(\alpha > 0.7)$ (k) $\mathbf{T}|_{Mod_h}(\alpha > 0.8)$

FIG. 3.21 – *Résultats de la segmentation finale. De (a) à (c) sont présentées les références discutées en section 3.3. (d) est la segmentation finale* $Supp(\mathbf{T_{Mod_f}})$*, (e)-(g) les différentes classes de* $\mathbf{T_{Mod_f}}$*. (h) est la segmentation finale* $Supp(\mathbf{T_{Mod_h}})$*, (i)-(k) les différentes classes de* $\mathbf{T_{Mod_h}}$*.*

#### 3.5.5.2 Evaluation quantitative et comparaison

Pour évaluer l'efficacité de notre méthode de façon quantitative, nous utilisons les **Probabilités de détection correcte** ($\mathbf{P_c}$) et **de fausse détection** ($\mathbf{P_f}$) qui ont été définies dans les équations (3.6) et (3.7), ainsi que les taux de faux négatifs ($\eta_{\mathbf{rme}}$) et de faux positifs ($\eta_{\mathbf{rfe}}$), qui ont été définis par les équations (3.3) et (3.4). Pour considérer la différence entre vrais positifs et faux négatifs, le "rapport de correspondance", **CorrespRatio** en équation (3.8), est utilisé.

Ces évaluations contiennent 3 aspects : la région tumorale dans son ensemble incluant



(a)**rT1** (b)**rDP** (c)**rT2** (d)**erT2** (e)**FerT**

(f)**erT2**(3D) (g)**FerT**(3D)

FIG. 3.22 – *Comparaison du résultat de fusion **FerT** avec T2 (**rT2**) et **erT2**.*

l'oedème en 3D, la région tumorale excluant l'oedème, la région tumorale globale détectée par utilisation d'autres méthodes 2D.

**La région tumorale dans son ensemble incluant l'oedème en 3D** .

Figure 3.21(b), $\mathbf{GT_{int}}$ est l'image de référence pour cette évaluation. Les résultats ont été obtenus par les deux dernières étapes de **Archit** dont l'architecture de fusion a été présentée en Fig. 2.8. Ils sont notés **FerT** | $\mathbf{Mod_f}$ (Fig. 3.15(d)) et **T** | $\mathbf{Mod_f}$ (Fig. 3.21(d)). Cette évaluation fonctionne en 3D et produit 5 paramètres indicateurs d'efficacité $\mathbf{P_c}$, $\mathbf{P_f}$, $\eta_{\mathbf{rme}}$, $\eta_{\mathbf{rfe}}$ et **CorrespRatio** montrés en Tab. 3.7.

Les résultats de comparaison (Tab. 3.7) montrent une meilleure segmentation $\mathbf{T}|_{\mathbf{Mod_f}}$ en raison de la valeur minimum $P_f$ (1.29%), de la valeur minimum $\eta_{rfe}$ et du maximum $CorrespRatio$ (0.74). Le modèle $Mod_h$ nous permet d'obtenir un maximum $\mathbf{P_c}$ (99.53%) et une minimum $\eta_{\mathbf{rme}}$ (0.47%), mais il produit aussi la maximum de faux positifs $P_f$ (54.09%) et $\eta_{\mathbf{rfe}}$ (314.56%). On obtient donc la minimum $CorrespRatio$ (-0.58) correspondant $Mod_h$.

**La région tumorale excluant l'oedème** .

TAB. 3.7 – *Evaluation de la segmentation sur l'ensemble de la région tumorale en 3D. Comparaison avec la référence présentée en Fig. 3.21(b). Cette référence correspond à l'ensemble de la tumeur et contient 129,240 voxels par rapport à 880,764 voxels pour l'ensemble de l'image.*

| image testée | Probabilité de détection | | Taux d'erreur | | Rapport de correspondance |
|---|---|---|---|---|---|
| | $\mathbf{P_f}(\%)$ | $\mathbf{P_c}(\%)$ | $\eta_{\mathbf{rme}}(\%)$ | $\eta_{\mathbf{rfe}}(\%)$ | **CorrespRatio** |
| $\mathbf{FerT}\mid_{\mathbf{Mod_f}}$ | 6.87 | 72.78 | 27.22 | 39.95 | 0.53 |
| $\mathbf{FerT}\mid_{\mathbf{Mod_h}}$ | 54.09 | 99.53 | 0.47 | 314.56 | -0.58 |
| $\mathbf{T}\mid_{\mathbf{Mod_f}}(\alpha > 0)$ | 1.29 | 77.57 | 22.43 | 7.50 | 0.74 |
| $\mathbf{T}\mid_{\mathbf{Mod_h}}(\alpha > 0)$ | 36.01 | 93.22 | 6.78 | 209.39 | -0.12 |
| $\mathbf{T}\mid_{\mathbf{Mod_h}}(\alpha > 0.6)$ | 3.79 | 65.71 | 34.29 | 22.05 | 0.55 |

La référence est présentée en Fig. 3.4(c), $\mathbf{GT_{tum}}$. Les images à tester sont les sous-ensembles de $\mathbf{T}|_{\mathbf{Mod_f}}$ avec $\alpha > 0.6$, $\alpha > 0.7$, et $\alpha > 0.8$ qui sont présentés en Fig. 3.21(e),(f) et (g). Cette évaluation fonctionne en 3D et produit 5 paramètres indicateurs d'efficacité $\mathbf{P_c}$, $\mathbf{P_f}$, $\eta_{\mathbf{rme}}$, $\eta_{\mathbf{rfe}}$ et **CorrespRatio** montrés en Tab. 3.8.

TAB. 3.8 – *Evaluation de la segmentation sur la région 3D excluant l'oedème. Comparaison avec la référence présentée en Fig. 3.21(c). Comme seules 8 coupes ( 39,42,48,55,60,63,68,71) ont été tracées manuellement pour ce patient, les résultats chiffrés de comparaison portent sur ces 8 coupes comprenant au total 116,394 voxels, dont 9,604 voxels pour la référence.*

| $\mathbf{T}\mid_{\mathbf{Mod_f}}$ | Probabilité de détection | | Taux d'erreur | | Rapport de correspondance |
|---|---|---|---|---|---|
| | $\mathbf{P_f}(\%)$ | $\mathbf{P_c}(\%)$ | $\eta_{\mathbf{rme}}(\%)$ | $\eta_{\mathbf{rfe}}(\%)$ | **CorrespRatio** |
| $\alpha > 0$ | 12.36 | 97.22 | 2.78 | 137.39 | 0.29 |
| $\alpha > 0.5$ | 7.66 | 92.47 | 7.53 | 85.13 | 0.5 |
| $\alpha > 0.6$ | 6.88 | 90.60 | 9.40 | 76.45 | 0.52 |
| $\alpha > 0.7$ | 6.11 | 87.66 | 12.34 | 67.99 | 0.53 |
| $\alpha > 0.8$ | 5.11 | 83.14 | 16.86 | 56.84 | 0.54 |
| $\alpha > 0.9$ | 2.55 | 76.23 | 23.77 | 28.38 | 0.62 |

Clairement, les indicateurs correspondant au taux de faux positifs $\eta_{\mathbf{rfe}}$ et à la probabilité de fausse détection $P_f$ sont décroissants en fonction de $\alpha$. Le rapport de correspondance **CorrespRatio** augmente en fonction de $\alpha$.

**Comparaison avec d'autres méthodes de segmentation 2D** .

Deux méthodes présentées ci-dessous ont été utilisées sur le même patient P181, pour

comparer les résultats compilés en Tab. 3.9 avec notre méthode. Les deux méthodes fonctionnent en 2D (coupe par coupe), la comparaison est effectuée sur la 60ème, 63ème et 68ème coupes du patient P181.

1. **La connectivité floue**

   Cette méthode due à Udupa *et al.* [Udu96] a été exposée en section 1.3.8. L'adjacence floue (fonction de distance entre deux pixels), et l'affinité floue (définie par une mesure de similarité d'intensité) sont les deux relations floues importantes pour segmenter un objet flou. Les propriétés d'intensité des pixels sont obtenus par $\mathbf{FerT}\,|_{\mathbf{Mod_f}}$ dans cette expérience. Les résultats sont montrés en Fig. 3.23 (connectivité).

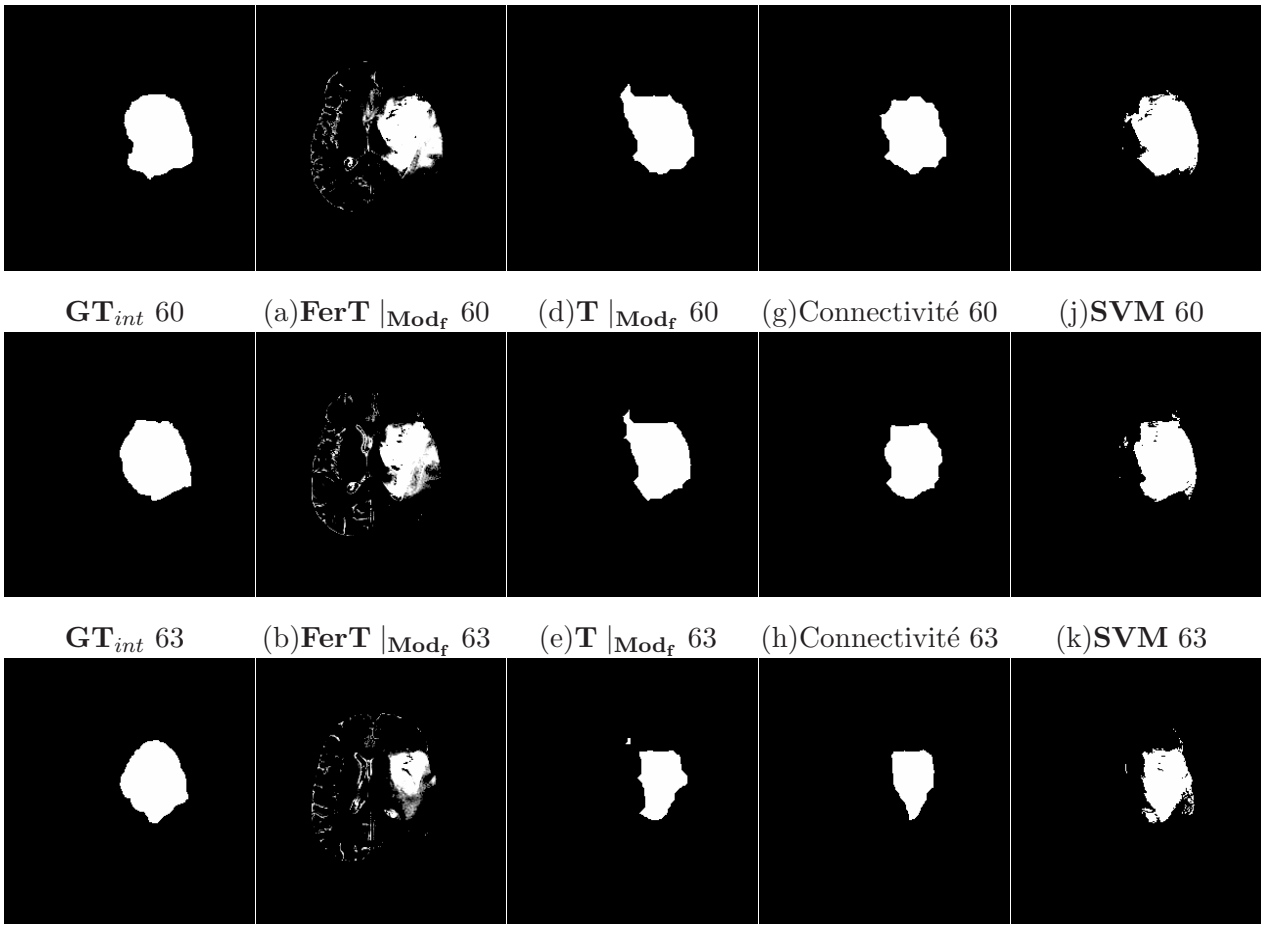
2. **Segmentation du tissu tumoral par SVM**

   Wu *et al.* [Wu05] ont proposé une méthode de segmentation de la région tumorale par SVM, expliquée en section 1.3.5.2. La 60ème coupe est utilisée pour l'apprentissage de **SVM**.

TAB. 3.9 – *Trois méthodes, (**la segmentation de tissu tumoral à base de SVM**[Wu05], la connectivité floue ("**fuzzy connectedness**") [Udu96], et notre méthode de **fusion d'informations floues**), sont comparées vis à vis de la segmentation de l'ensemble de la région tumorale. La comparaison est effectuée par rapport à la référence présentée sur la première ligne en Fig. 3.23 sur 3 coupes du patient P181 (coupes 60, 63, et 68). Le résultat correspond à 48,927 voxels au total sur l'image originale et 12,366 voxels au total sur la référence.*

| Méthodes | Probabilité de détection | | Taux d'erreur | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | $\mathbf{P_f}(\%)$ | $\mathbf{P_c}(\%)$ | $\eta_{\mathbf{rme}}(\%)$ | $\eta_{\mathbf{rfe}}(\%)$ | **CorrespRatio** |
| Fusion d'informations floues $\mathbf{T}\|_{Mod_f}$ | 1.66 | 79.15 | 20.85 | 4.91 | 0.77 |
| SVM $\alpha_1 = 1$, $\alpha_2 = 0.3$ | 1.08 | 81.11 | 18.89 | 3.20 | 0.79 |
| Connectivité floue sur $\mathbf{FerT}\,|_{\mathbf{Mod_f}}$ | 0.04 | 72.59 | 27.41 | 0.11 | 0.72 |

La comparaison entre $\mathbf{T}\,|_{\mathbf{Mod_f}}$ et $\mathbf{FerT}\,|_{\mathbf{Mod_f}}$ est en réalité la comparaison de performances entre notre méthode de croissance 3D de régions floues et la méthode de connectivité floue proposé dans [Udu96]. En Tab. 3.7, le rapport de correspondance de $\mathbf{T}\,|_{\mathbf{Mod_f}}$ (0.77) est plus élevé que celui de $\mathbf{FerT}\,|_{\mathbf{Mod_f}}$ (0.72), son indicateur correspondant au vrai positif $P_c$ (79.15%) est également plus élevé que l'autre (72.59%).



$\mathbf{GT}_{int}$ 60 (a)**FerT** $|_{\mathbf{Mod_f}}$ 60 (d)**T** $|_{\mathbf{Mod_f}}$ 60 (g)Connectivité 60 (j)**SVM** 60

$\mathbf{GT}_{int}$ 63 (b)**FerT** $|_{\mathbf{Mod_f}}$ 63 (e)**T** $|_{\mathbf{Mod_f}}$ 63 (h)Connectivité 63 (k)**SVM** 63

$\mathbf{GT}_{int}$ 68 (c)**FerT** $|_{\mathbf{Mod_f}}$ 68 (f)**T** $|_{\mathbf{Mod_f}}$ 68 (i)Connectivité 68 (l)**SVM** 68

FIG. 3.23 – *Résultats de la segmentation de région tumorale utilisant différentes méthodes. La première colonne correspond aux références (*$\mathbf{GT}_{int}$*) pour les coupes 60, 63, et 68. La deuxième et la troisième colonne sont les résultats de deux dernière étapes de notre méthode sur les 3 coupes. La quatrième colonne ((g), (h) et (i)) sont les résultats de la méthode de connectivité floue [Udu96] appliquée sur le résultat de fusion donné par* **FerT** $|_{\mathbf{Mod_f}}$ *((a), (b), et (c)). Les résultats obtenus par* ***SVM****[Wu05] sont préstentés en (j),(k) et (l).*

La méthode basée sur SVM et proposée dans [Wu05] est une méthode d'apprentissage par des données. Dans cette comparaison le ratio d'échantillon d'apprentissage est de 1/3, c'est à dire qu'elle utilise une des 3 coupes pour l'apprentissage. Ses paramètres $\alpha_1$ et $\alpha_2$ sont choisis par des tests pour obtenir un meilleur résultat. En comparaison avec notre méthode, la Tab. 3.9 montre qu'il y a seulement de 0.02 de différence en rapport de correspondance (**CorrespRatio**), 1.96% en probabilité de détection correcte, ($\mathbf{P}_c$), 0.58% en probabilité de détection fausse ($\mathbf{P}_f$), 1.99% en taux d'erreur positif ($\eta_{\mathbf{rfe}}$), 1.71% en taux d'erreur négatif ($\eta_{\mathbf{rme}}$).

## 3.6 Résultats expérimentaux obtenus sur d'autres patients

### 3.6.1 Caractéristiques des tumeurs

Nons avons évalué notre méthode sur 7 autres patients présentant des tumeurs cérébrales aussi différentes que possible. Elles peuvent être classifiées en deux types suivant leur caractéristiques définies en Tab. 3.10 : **grande région tumorale** et **petite région tumorale**. Nous avons quatre patients (P215, P216, P218, P219) qui ont une tumeur étendue, et leur images recalées, pondérées en T1, T2 et DP sont présentées en annexes D. Trois autres patients (P185, P198, P217) présentent une petite région tumorale, les images recalées correspondantes pondérées en T1, T2 et DP sont présentées en annexes E.

TAB. 3.10 – *Différentes caractéristiques de tissus pour le cas de* ***Grande région tumorale*** *et de* ***Petite région tumorale***

| Caractéritique | **Grande région tumorale** | **Petite région tumorale** |
|---|---|---|
| taille de la région | >1/8 demi cerveau | < 1/10 demi cerveau |
| intensité du signal | non homogène | homogène |
| germe de la région | présent clair | non visible |
| bord de la région | non clair | clair |
| intensité en DP | $\geq$ GM | $\leq$ GM |

### 3.6.2 Modélisation des régions tumorales

Nous proposons deux modèles qui correspondent à ces deux types de régions.

**Modèle pour les régions tumorales étendues** .

Les modèles développés pour le patient P181 et utilisés tout au long de la thèse correspondant à une région tumorale étendue sont applicables ici. Les paramètres des équations sont également définis par les équations (3.24), (3.25), et (3.26).

**Modèle pour une petite région tumorale** .

La différence d'intensité du tissu tumoral entre les deux types de région (petite ou étendue) en DP sont présentés dans la table 3.10. Les modèles de la petite région tumorale sur **rT1**, **rT2** sont identiques à ceux donnés dans les équations (2.26) et (2.27). Mais le modèle de **rDP** est différent, défini par l'équation (3.27).

$$\mu_{\mathbf{FrDP_2}}(s) = \begin{cases} 0, & s \leq c_1 \\ \frac{1}{2} + \frac{1}{2}\sin[(\frac{\pi}{c_2 - c_1})(s + \frac{c_2+c_1}{2})], & c_1 < s \leq c_2 \\ 1, & c_2 < s \leq c_3 \\ \frac{1}{2} - \frac{1}{2}\sin[(\frac{\pi}{c_4 - c_3})(s - \frac{c_4+c_3}{2})], & c_3 < s \leq c_4 \\ 0, & c_4 < s \end{cases} \tag{3.27}$$

où $s$ représente l'intensité du signal $s \in \mathbf{rDP}$.

On peut trouver que la forme de $\mu_{\mathbf{FrDP_2}}$ est la même que $\mu_{\mathbf{FrT1}}$ (équation (2.26)). Mais les paramètres ne sont pas les mêmes dans l'équation (3.24).

Comme l'oedème n'est pas clairement visible dans la **petite région tumorale**, la moyenne d'intensité de la **petite région tumorale** est plus faible que celle de la **grande région tumorale**. Les paramètres de $\mu_{\mathbf{FrT1}}$ proposés par l'équation (3.28) ne sont donc pas les mêmes.

Par contre, la tumeur se présentant en hyper-signal sur T2, la caractéristique d'intensité du tissu de la **petite région tumorale** est la même que pour la **grande région tumorale**. Les paramètres du **rT2** de la **petite région tumorale** (équation (3.29)) sont les mêmes que ceux de la **grande région tumorale** (équation (3.25)).

Les paramètres sont déterminés comme expliqué en section 3.5.2; nous proposons ici les paramètres selon les valeurs clés $X$.

$\mu_{\mathbf{FrT1}}$**:**

$$\begin{cases} a_1 = m_1 - Ascend_\sigma_1; \\ a_2 = m_1 + Ascend_\sigma_6; \\ a_3 = m_1 + Ascend_\sigma_{11}; \\ a_4 = m_3. \end{cases} \tag{3.28}$$

$\mu_{\mathbf{FrT2}}$**:**

$$\begin{cases} b_1 = Ascend_m_9; \\ b_2 = Ascend_max_1. \end{cases} \tag{3.29}$$

$\mu_{\mathbf{FrDP_2}}$**:**

$$\begin{cases} c_1 = Ascend_m_9; \\ c_2 = Ascend_m_{11}; \\ c_3 = Ascend_m_{11} + Ascend_\sigma_1; \\ c_4 = Ascend_m_{11} + Ascend_\sigma_2. \end{cases} \tag{3.30}$$

### 3.6.3 Résultats de segmentation

Les résultats de la segmentation des tissus tumoraux sur la **grande région tumorale** sont exposés en Annexes D. Ceux de la **petite région tumorale** sont exposés en Annexes E).

Les résultats sont montrés en 2D et 3D, ils ont été jugés satisfaisants par les neuroradiologues. Des séquences spéciales, la séquence avec Gado et la séquence FLAIR, sont également présentées avec les "ground truth" de tracé manuel pour aider à comparer visuellement les résultats. Parce que nous ne possédons pas de "ground truth" sur tous les volumes, nous ne pouvons donc pas fournir de comparaison quantitative.

## 3.7 Discussion et conclusion

Dans cette section nous discutons notre méthode, la segmentation par fusion d'informations floues, par comparaison avec d'autres méthodes. La base de cette comparaison provient des contraintes de l'application.

### 3.7.1 Contraintes de l'application

Le but de ce projet était de développer un système automatique de segmentation du tissu tumoral. L'objectif est d'aider le médecin par le biais d'une fusion automatique des différents éléments présents dans les images résultats des séquences d'IRM disponibles pour chaque patient. Les intentions du projet étaient :

1. de fusionner les résultats des différentes séquences, au moins les séquences pondérées en T1, T2 et DP, mais peut être aussi Gado, FLAIR, et spectroscopie;
2. de segmenter automatiquement la région tumorale, c'est à dire sans aucune supervision;
3. de donner des résultats en termes de taux de possibilité des différents tissus d'appartenir à la tumeur sur l'ensemble de la région tumorale segmentée, de façon à pouvoir quantifier les différents tissus tumoraux.

Les architectures de fusion **Archit1**, **Archit2**, **Archit3** présentées en section 2.4.2 satisfont à la première contrainte. Dans ces architectures, les trois dernières étapes visent à satisfaire les deux dernières contraintes.

### 3.7.2 Modélisation floue

Nous avons proposé trois types de méthodes de modélisation des tissus cérébraux, à partir d'histogrammes (section 2.3.5), en utilisant des connaissances *a priori* (section 2.3.4) et à partir

de la distribution floue (section 2.3.6). La troisième nous permet de produire un modèle en forme de fonction analytique comme $\mathbf{Mod_f}$ en section 3.5.

La comparaison de ces méthodes effectuée permet de dresser les conclusions suivantes :

1. **Méthode à base d'histogramme** :
   - Elle utilise directement la statistique d'intensité de l'image, et n'a pas besoin d'estimer la forme du modèle ni ses paramètres comme utilisé en section 3.4 pour modéliser les tissus normaux.
   - Pour les tissus tumoraux, ou pour le cas où les caractéristiques d'histogramme de l'objet d'intérêt sont dominés par l'histogramme de l'image entière, il est besoin d'un apprentissage (ou une référence) manuel, comme $\mathbf{Mod_h}$ en section 3.5 pour modéliser les tissus tumoraux. Il n'existe donc pas de méthode totalement automatique dans ce cas là. Elle peut toutefois aider le médecin en fusionnant et en quantifiant les résultats de ses tracés manuels.
   - Elle permet d'obtenir un maximum de caractéristiques sur le tissu d'intérêt, en raison de la comparaison entre $\mathbf{FerT}|_{Mod_h}$ (Fig. 3.17) et $\mathbf{FerT}|_{Mod_f}$ (Fig. 3.19).
2. **Méthode à base de combinaison de connaissances *a priori*** :
   - Elle est présentée en section 2.3.4 et seulement utilisée pour les tissus tumoraux.
   - Les connaissances viennent du neuroradiologue, ces connaissances sont relatives aux niveaux d'intensités présentés par les tumeurs comparés à ceux des tissus normaux.
   - Elle permet d'estimer une allure de fonction d'appartenance.
3. **Méthode à partir de la distribution floue** :
   - Elle permet de constuire un modèle mathématique (analytique) de fonction d'appartenance (comme $\mathbf{Mod_f}$ en section 3.5) et peut donc être appliquée à un même type de patient sans apprentissage.
   - Elle nécessite une forme ("shape") référence fournie par la transformation d'histogramme ou des connaissances *a priori*
   - Ses paramètres sont estimés par des méthodes de classification.
   - Pour un même type d'objet, cette méthode de modélisation est totalement automatique et ne nécessite pas de phase d'apprentissage.

En outre, on peut travailler sur la statistique des différents types d'objets par la modélisation à base d'histogramme pour obtenir la forme de référence de chaque objet. Cette référence peut alors servir à trouver la fonction d'appartenance analytique par "fit" de fonctions.

### 3.7.3 Opérateur de combinaison floue

Nous avons comparé en section 2.4.5.2 les opérateurs de combinaison d'ensembles flous. Nous avons trouvé que :

1. Les opérateurs **t-norm** donnent le plus petit degré d'appartenance à l'ensemble combiné **FerI**. Par exemple, l'intersection suivant Zadeh donne la plus grande t-norm, mais c'est un opérateur de type minimum;
2. Les opérateurs **t-unorm** ne correspondent pas aux demandes spécifiques de la combinaison indiquées en section 2.4.5.1;
3. La **moyenne géométrique** est le plus simple des opérateurs de combinaison au sens de la propriété présentée en section 2.4.5.1, parce qu'il fait un compromis entre les degrés d'appartenance des différents ensembles flous et n'a besoin d'aucun paramètre.

Ces trois propriétés viennent de la propriété de l'opération de combinaison indiquée en section 2.4.5.1.

Mais selon la discussion relative à la référence présentée en section 3.2.4, il existe une référence $\mathbf{GT_{uni}}$ (Fig. 3.4 (a)) qui inclut tous les tissus anormaux pointés par les experts. Dans ce cas là, les **t-unorm** seront les opérateurs à choisir.

Pour ce qui concerne $Supp(\mathbf{T})$,

1. la **Moyenne géométrique** et **t-norm** produisent le même $Supp(\mathbf{T})$, et les mêmes ensembles combinés, $Supp(\mathbf{erT1})$, $Supp(\mathbf{erT2})$, $Supp(\mathbf{erDP})$....
2. **t-unorm** et la **moyenne arithmétique** produisent le même support d'ensemble de **T** noté $Supp(\mathbf{T})_{max}$, plus grand que les ensembles combinés, $Supp(\mathbf{erT1})$, $Supp(\mathbf{erT2})$, $Supp(\mathbf{erDP})$.

Les conclusions de cette discussion sont les suivantes :

1. la **moyenne géométrique** et **t-norm** doivent être choisis dans le cas où le noyau de l'objet recherché est important.
2. **t-unorm** et la **moyenne arithmétique** doivent être utilisése quand toutes les caractéristiques des objets nous intéressent.
3. la **moyenne pondérée** ("weighted average") et des opérateurs similaires peuvent être sélectionnés dans le cas où les contributions des différentes sources ne sont pas de même importance vis à vis de l'application.

### 3.7.4 Croissance de région 3D

La quatrième étape de notre méthode **Archit1**, est l'amélioration par croissance 3D pour éliminer les voxels (régions) isolés et obtenir une région tumorale connexe **T**, où **T** $\subset$ **FerT**. Nous avons proposé une **croissance 3D des régions floues** présentée en section 2.5 et son efficacité a été démontrée en section 3.5.4.

Mais il existe aussi une autre méthode de croissance 3D. Il s'agit par exemple, de la connectivité floue proposée par Udupa [Udu96] et qui a été expliquée en section 1.3.8.

Discutons l'efficacité de ces deux types de croissance.

1. La connectivité floue[Udu96]. Elle utilise 2 paramètres $k_1$ et $k_2$ à optimiser (voir equation (1.32) (1.33)) pour calculer l'adjacence floue et l'affinité floue. Mais comment choisir ces deux paramètres ? Le sens physique pour choisir ces deux paramètres n'est pas bien expliqué dans [Udu96]. Pour chaque application, ils doivent être ajustés par essais successifs. Elle est donc bien compliquée à utiliser et il est difficile d'expliquer son résultat.
2. La **croissance 3D des régions floues**. Elle est expliquée en section 2.5 et son efficacité est démontrée en section 3.5.4.
   - Elle ne nécessite l'emploi que d'un seul paramètre, $N$, le nombre de sous-ensembles flous qui vont être combinés. Le sens physique qui mène au choix de $N$ est bien clair puisque le nombre de ces sous-ensembles flous correspond simplement au nombre de classes de tissus.
   - Elle fournit comme résultat $N$ degrés d'appartenance qui correspondent chacun à une classe de tissu.
   - Elle élimine correctement les points isolés comme montré en section 3.5.4.

### 3.7.5 Conclusion

Nons avons appliqué notre méthode sur les images simulées pour la segmentation des tissus sains et aussi appliqué sur les images acquises en clinique du 8 patients pour la segmentation de tissu tumoral. Les avantages de notre méthode sont les suivants :

1. Elle est totalement automatique.
2. Elle satisfait aux contraintes de l'application.
3. Elle est robuste en présence de bruit.
4. Sa performance est égale à celle de la méthode d'apprentissage ([Wu05]).
5. Sa performance est meilleure que celle de la méthode supervisée ([Udu96]).

6. Grâce à la croissance 3D des régions floues, c'est un système totalement à base de théorie floue par rapport à certaines méthodes de segmentations floues ou fusion d'informations floues présentées dans la litérature (section 1.3, section 2.4.5) utilisées dans le domaine de l'imagerie médicale.
7. Elle est efficace sur au moins 4 types de tissus tumoraux.

# Conclusion générale et perspectives

## Conclusion générale

Dans cette thèse, nous nous sommes intéressés à la fusion d'informations floues fournies par une modélisation des connaissances *a priori* venant de différentes séquences d'IRM pour réaliser la segmentation du cerveau notamment en présence de tumeurs. Les travaux de cette thèse se concentrent sur une méthode automatique de segmentation du tissu tumoral en vue d'aider le médecin par une fusion automatique des différentes informations et connaissances *a priori* présentes dans les images obtenues par le biais de différentes séquences d'IRM.

Après avoir effectué une revue bibliographique sur la fusion d'informations dans l'introduction générale et dans le premier chapitre de ce mémoire, nous avons démontré l'importance et les difficultés de ces travaux de segmentation d'images IRM. Deux raisons expliquent ces difficultés :

- La première est qu'il existe une très grande variété de tissus anormaux qui différent par leur taille, leur forme, leur position, leur composition (nature et homogénéité). En outre, dans certains cas, les formes des structures sont difficiles à délimiter même par des experts.
- La seconde raison vient de ce que la donnée issue de l'acquisition IRM est sensible au bruit de fond et à l'échantillonnage. Ainsi un voxel peut appartenir à des tissus de différentes natures ce qui cause l'effet dit de volume partiel.

Cependant les signaux IRM présentent un avantage puisque l'ensemble des différentes séquences d'IRM offrent des informations complémentaires pour un même voxel.

Les idées innovantes présentées dans ce mémoire apportent une solution au délicat problème de la segmentation automatique de tissus cérébraux en profitant de l'avantage de pouvoir utiliser différentes séquences IRM pour qualifier un voxel.

Nous avons donc proposé un processus de fusion d'informations floues en utilisant l'intelligence humaine (ou l'intelligence artificielle) dans nos études afin de proposer dans le deuxième

chapitre une démarche de détection automatique. Il a été validé pour certaines applications dans le troisième chapitre. Les points innovants de ce travail sont les suivants :

1. Nous proposons en section 2.4.2 l'architecture du système de fusion d'information floues des signaux multispectraux d'IRM : T1, T2, DP, les séquences spécifiques telles que Gadolinium, FLAIR et le signal de spectroscopie, etc. Elle fonctionne en 4 étapes (section 2.4.3) :

   a) **recalage** ou placement des images multispectrales ou des séquences multiples, dans un même système de coordonnées;

   b) **extraction** et **modélisation floue** des caractéristiques ou création des modèles flous basés sur les connaissances *a priori*;

   c) **combinaison** ou des caractéristiques extraites;

   d) **amélioration** ou raffinement du résultat de **la combinaison**.

   Nous proposons aussi en section 2.4.4 deux extensions de cette architecture à une fusion en deux niveaux de combinaison. Le premier niveau n'utilise que les séquences de routine, T1, T2 et DP. Le second niveau utilise les séquences spécifiques qui permettent d'améliorer encore la décision finale. Ces extensions ne sont que parfois utilisées pour des raisons d'économies d'acquisition d'images. La méthode de combinaison qui fonctionne au premier niveau peut être également utilisée au deuxième niveau. Dû au manque des images spécifiques dans nos données, nous n'avons pas pu expérimenter l'ensemble des architectures.

2. Nous proposons dans le chapitre 2, la méthode de modélisation floue des connaissances *a priori* basée sur la théorie des ensembles flous (en section 2.3.2) pour qualifier un objet (caractéristiques, limites). Nous distinguons deux types de gradations :

   – la gradation de l'intensité du signal en fonction du tissu et de la séquence utilisée;

   – la gradation de la possibilité des tissus d'appartenir à une tumeur.

   Toutes les connaissances utilisées sont les connaissances *a priori* relatives aux intensités relatives des différents tissus (en section 2.3.3.1) et des tumeurs observés selon les différentes séquences d'IRM (en section 2.3.3.2).

   Nous proposons 3 méthodes d'estimation et de création de la fonction d'appartenance en utilisant la combinaison des connaissances *a priori* (en section 2.3.4), la transformation de l'histogramme (en section 2.3.5) et la distribution floue (en section 2.3.6) :

   – La première méthode est la plus simple mais la moins précise des 3 méthodes. Mais son résultat peut être utilisé comme une forme référence de la troisième méthode. (voir section 2.3.6.1).

- La seconde est la plus intéressante, grâce aux avantages d'une bonne association d'une mesure objective et de connaissances *a priori* venant du neuro-radiologue sans avoir de paramètres à régler. Elle peut être aussi utilisée pour construire une allure pour choisir les formes ou les paramètres d'une distribution floue ou pour décider des limites d'un modèle. (voir section 2.3.6.1). Elle est la plus dépendante de la taille d'objet et la plus sensible au bruit des 3 méthodes.
- La troisième méthode est la plus efficace de ces méthodes, car la modélisation est basée sur des fonctions analytiques dont le choix est nombreux. Mais ses formes références (allures) et ses paramètres ont besoin d'être décidés selon des connaissances *a priori*. (voir section 2.3.6.1 et section 2.3.6.3).

La méthode la plus efficace de modélisation floue pour des tissus tumoraux est selon nous la méthode basée sur la distribution floue (la troisième méthode mentionnée ci-dessus) en utilisant une forme référence construite par la combinaison de connaissances *a priori* (la première méthode mentionnée ci-dessus), (voir section 3.5.2). Par contre pour des tissus sains majoritaires, la méthode la plus efficace est la modélisation à partir de l'histogramme (la seconde méthode parlée ci-dessus), (voir section 3.4.2).

3. Après certaines comparaisons qualitative et quantitative des opérateurs de combinaison floue en section 2.4.5.2, nous recommandons l'opérateur de moyenne géométrique qui est la combinaison la plus simple et la plus appropriée pour notre étude. Il est en effet un compromis entre les différents degrés d'appartenance de chaque voxel des ensembles flous et n'a pas besoin de paramètre. Il donnera un résultat plus naturel, c'est à dire qu'il représente bien les caractéristiques de l'objet original, (voir section 3.4.4, section 3.5.5 et section 3.7.3).
4. Nous proposons la méthode de croissance 3D des régions floues en section 2.5.2. Elle est fondée sur la connexion des ensembles flous et induit un autre ensemble flou final pour améliorer le résultat de la combinaison et réaliser une segmentation floue selon le critère de décision utilisé (voir section 3.4.4, section 3.5.5 et section 3.7.4).
5. Nous proposons le Kappa flou, une extension du Kappa de Cohen, en introduisant la fonction d'appartenance présentée en section 3.3.3.3. Il a tous les avantages du Kappa de Cohen comme critère d'évaluation de l'erreur de classification en présentant la proportion d'agrément relatif entre l'agrément obtenu par un classement donné et l'agrément issu d'un classement au hasard. Mais dans le cas flou, le Kappa flou présente l'avantage spécifique de fournir une évaluation globale sur la proportion d'agrément d'un classement flou [Dou05b] [Dou06a].

Nos travaux ont été évalués dans le chapitre 3 : dans le cadre de l'imagerie médicale IRM pour la segmentation de tissus cérébraux tumoraux sur 8 patients différents, et dans le cadre d'images IRM simulées avec différents niveaux de bruits pour la segmentation de tissus sains. Ces évaluations ont été produites par comparaison avec des résultats déterminés manuellement par des experts neuroradiologues et les fantômes du cerveau présentant des cartes floues des différents tissus. Nous avons aussi compraré nos travaux avec d'autres méthodes : FCM, MRF floue [Rua02a], la méthode basée sur SVM [Wu05] et la connectivité floue [Udu96]. La bonne qualité de nos solutions tient au fait que :

1. C'est une méthode totalement automatique grâce aux modélisations des connaissances *a priori* des experts neuroradiologues. Elle ne dépend pas d'échantillons obligatoirement utilisés dans les méthodes d'apprentissage. La théorie floue est importante pour modéliser les connaissances humaines en utilisant les fonctions mathémathiques et pour solutionner l'effet de volume partiel d'IRM.
2. Elle fonctionne pour les images volumiques et multispectrales en utilisant les informations multi-3D obtenues par différentes séquences d'images IRM. Les informations complémentaires fournies par les images multi-3D sont bien exploitées par notre méthode dans le processus de combinaison des informations réalisé par l'opérateur géométrique.
3. Elles est robuste en présence de bruit à cause de la fusion par rapport à d'autres méthodes : FCM et MRF floue [Rua02a] qui utilisent seulement une seule séquence T1. En comparant avec des niveaux de bruit à 0%, 3%, 5% et 7% sur les images simulés, Fig. 3.11 en section 3.4.4 montre que notre méthode est moins sensible en fonction du bruit que les deux autres méthodes. Notons que les images utilisées par notre méthode sont simulées avec un paramètre de HC de 20% d'inhomogénété du champ RF, par contre pour les deux autres méthodes il est 0
4. Elle satisfait aux contraintes de l'application discutées en section 3.7.1, grâce à l'automaticité et aux différents résultats finaux pouvant être fournis par la reconstruction 3D floue. Elle est efficace sur au moins 4 types de tissus tumoraux (voir section 3.5.5, section 3.6, Annexes D et Annexes E). Nos résultats de segmentation utilisent des degrés d'appartenance du pixel à une région ce qui permet à l'expert de visualiser facilement différentes solutions de segmentation par utilisation de la technique dite de multi-seuillage.
5. C'est une méthode entièrement à base de théorie floue, grâce à la croissance 3D des régions floues, par rapport à certaines méthodes de segmentations floues ou fusion d'informations floues présentées dans la litérature et utilisées dans le domaine de l'imagerie médicale. Dans la majorité des cas, les méthodes publiées ne contiennent que l'étape de modélisation

floue ou l'étape de combinaison floue. Pour l'étape de décision, elles utilisent souvent l'utilisation d'un optimum, par exemple le minimum d'énergie [Aur95], le maximum de valeur d'appartenance [Blo97], la croyance maximale [Blo96b] [Gau00].

6. L'architecture de notre méthode est un système ouvert, car tous les signaux correspondants ou (et) toutes les images correspondantes, par exemple les images CT, les signaux spectroscopie, perfusion, ... sur un même patient peuvent être ajoutés dans notre système de traitement. Cela nous permet de continuer la recherche basée sur notre méthode dans le futur.

## Perspectives

Un logiciel basé sur la méthode que nous proposons dans ce manuscrit est en train d'être développé et sera ensuite mise en place dans les deux hôpitaux CHU de Caen et l'hôpital Tiantan de Pékin. Le suivi des résultats de notre travail est important dans l'application, ce qui permet de vérifier si notre méthode est efficace et satisfait aux contraintes de l'application clinique, et aussi de dégager clairement les points forts et les limitations.

Les architectures de fusion proposée dans cette thèse ont été partiellement réalisées. Nous n'avons utilisé que trois séquences d'IRM. Il sera intéressant d'intégrer les autres séquences d'IRM, notamment le signal de spectroscopie qui est très couramment utilisé dans le milieu clinique pour le diagnostic des tumeurs.

Il est souhaitable par des médecins d'obtenir la séparation des différentes classes tumorales, telles que oedème, nécrose, à l'intérieur de la tumeur. Nos résultats qui donnent la localisation des tumeurs pourront servir de prétraitement pour une classification des tissus tumoraux.

Les modèles flous que nous avons proposés ne sont pas encore génériques pour tous les types de tumeurs. Il sera intéressant d'établir différents types de modèles adaptés aux différents types de tumeurs. Le choix d'un tel modèle sera automatique en fonction des informations extraites de l'image et des connaissances *a priori* sur les tumeurs.

# Annexe A

# Définition des concepts fondamentaux des ensembles flous

## A.1 Opérations ensemblistes : définitions originales de L.Zadeh

Dans les définitions originales de Zadeh, les opérations fondamentales possibles sur deux ensembles flous $\mathbf{A}$ et $\mathbf{B}$, sous-ensembles de $\mathbb{X}$, sont l'égalité, l'inclusion, l'intersection, et la réunion, ...

L'**égalité** est définie par l'égalité des fonctions d'appartenance. On a $\mathbf{A} = \mathbf{B}$, si et seulement si $\mu_{\mathbf{A}} = \mu_{\mathbf{B}}$.

L'**inclusion** d'un ensemble flou dans un autre est définie par :

$$\mathbf{A} \subseteq \mathbf{B} \Longleftrightarrow \mu_{\mathbf{A}} \leq \mu_{\mathbf{B}}. \tag{A.1}$$

L'**intersection** $\mathbf{C} = \mathbf{A} \cap \mathbf{B}$ est définie par le minimum point à point entre les deux fonctions d'appartenance :

$$\mu_C(x) = min[\mu_{\mathbf{A}}(x),\mu_{\mathbf{B}}(x)],\ x \in \mathbb{X}, \tag{A.2}$$

ou en forme symbolique

$$\mu_C = \mu_{\mathbf{A}} \wedge \mu_{\mathbf{B}}. \tag{A.3}$$

La **réunion** $\mathbf{C} = \mathbf{A} \cup \mathbf{B}$ est définie par le maximum point à point entre les fonctions d'appartenance par

$$\mu_C(x) = max[\mu_{\mathbf{A}}(x),\mu_{\mathbf{B}}(x)],\ x \in \mathbb{X}, \tag{A.4}$$

ou en abrégé

$$\mu_C = \mu_{\mathbf{A}} \vee \mu_{\mathbf{B}}. \tag{A.5}$$

## A.2 $\alpha$-cut

Tout ensemble flou peut être vu comme une famille d'ensembles flous [Ped98]. L'$\alpha$-cut de $\mathbf{A}$, notée $\mathbf{A}_\alpha$, est l'ensemble formé des éléments de $\mathbb{X}$ pour lesquelles la fonction d'appartenance dépasse le seuil $\alpha$, avec $\alpha \in [0,1]$.

L'$\alpha$-cut d'un ensemble flou $\mathbf{A}$ est l'ensemble normal défini par

$$\mathbf{A}_\alpha = \{x | \mu_{\mathbf{A}}(x) \geq \alpha\}. \tag{A.6}$$

$\mathbf{A}$ peut être décomposé en une série de ses $\alpha$-cuts,

$$\mathbf{A} = \bigcup_{\alpha \in [0,1]} (\alpha \mathbf{A}_\alpha). \tag{A.7}$$

# Annexe B

# Génération de la fonction d'appartenance

## B.1 Measurement of the grade of membership

Pedrycz *et al.* [Ped98] have introduced six classes of experimental methods that help to determine membership functions. They are **horizontal approach**, **vertical approach**, **pairwise comparison**, **inference based on problem specification**, **parametric estimation**, and **fuzzy clustering**.

The **horizontal approach** is to gather information about membership values of the concept at some selected elements of the universe of discourse $x_i$, $i = 1,2,\ldots,n$. The estimated value of the membership function at $x_i$ is taken as a ratio of the number of positive replies $P(x_i)$ to the total number $N$ of responses,

$$\mu(x_i) = \frac{P(x_i)}{N},\ i = 1,2,\ldots,n. \tag{B.1}$$

The **vertical approach** is to reconstruct a fuzzy set by stacking up the successive $\alpha$-cuts.

**Pairwise comparison** proposed by Saaty (1980) for mitigating the deficiencies of the two methods above mentioned through a sequence of pairwise comparisons of the individual objects in a finite universe of discourse.

The **inference based on problem specification** estimates a membership function according to the rule of an **acceptable linearization error**. The approximation error between a function $f(x)$ and the function value of a certain point $x^*$ can be quantified as $F(x) = |f(x) - f(x^*)|$. Assuming that $M = \max_x(F(x))$ is finite, the membership function of $\mu$ at $x$ is defined as,

$$\mu(x) = 1 - \frac{f(x) - f(x^*)}{M - f(x^*)}. \tag{B.2}$$

The **parametric estimation** is a nonlinear optimization problem to fit a standard curve that is a parameterized membership function, denoted by $\mu(x,\mathbf{p})$, from some experimental data consisting of ordered pairs $(x_k,M(x_k))$,$k = 1,2,\ldots,N$. where $\mathbf{p}$ is a parameter vector in the appropriate parameter space $\mathbf{P}$, and $M(x_k)$.

## B.2 Fuzzy distribution

In many practical instances, fuzzy sets can be represented explicitly by families of parameterized functions that correspond to the three basic forms, the most common being the following:

1. Rectangular-like distribution :

$$\mu_l(x) = \begin{cases} 1 & x \leq a \\ 0 & a < x \end{cases} \tag{B.3}$$

$$\mu_u(x) = \begin{cases} 0 & x < a \\ 1 & a \leq x \end{cases} \tag{B.4}$$

$$\mu_m(x) = \begin{cases} 0, & x < a \\ 1, & a \leq x < b \\ 0, & b \leq x \end{cases} \tag{B.5}$$

2. Trapezoidal-like distribution:

$$\mu_l(x) = \begin{cases} 1, & x < a \\ \frac{b-x}{b-a}, & a \leq x \leq b \\ 0, & b < x \end{cases} \tag{B.6}$$

$$\mu_u(x) = \begin{cases} 0, & x < a \\ \frac{x-a}{b-a}, & a \leq x \leq b \\ 1, & b < x \end{cases} \tag{B.7}$$

$$\mu_m(x) = \begin{cases} 0, & x < a \\ \frac{x-a}{m_l-a}, & a \leq x < m_l \\ 1, & m_l \leq x < m_u \\ \frac{b-x}{b-m_u}, & m_u \leq x < b \\ 0, & b \leq x. \end{cases} \tag{B.8}$$

where $a$ and $b$ denote the lower and upper bounds, respectively. The $m_l$ and $m_u$ are the modal values. If $m_l = m_u = m$, the (B.8) is equivalent a **triangular-like** distribution function.

3. Parabola-like distribution:

$$\mu_l(x) = \begin{cases} 1, & x < a \\ (\frac{b-x}{b-a})^k, & a \leq x \leq b \\ 0, & b < x \end{cases} \tag{B.9}$$

$$\mu_u(x) = \begin{cases} 0, & x < a \\ (\frac{x-a}{b-a})^k, & a \leq x \leq b \\ 1, & b < x \end{cases} \tag{B.10}$$

$$\mu_m(x) = \begin{cases} 0, & x < a \\ (\frac{x-a}{m_l-a})^k, & a \leq x < m_l \\ 1, & m_l \leq x < m_u \\ (\frac{b-x}{b-m_u})^k, & m_u \leq x < b \\ 0, & b \leq x \end{cases} \tag{B.11}$$

If $k = 2$, we add a crossover point $m = (a + b)/2$, a **S**-*like* distribution will be found in (B.12)

$$\mu_u(x) = \begin{cases} 0, & x < a \\ 2(\frac{b-x}{b-a})^2, & a \leq x \leq m \\ 1 - 2(\frac{x-a}{b-a})^2, & m \leq x \leq b \\ 1, & b < x \end{cases} \tag{B.12}$$

4. Gaussian-like distribution:

$$\mu_l(x) = \begin{cases} 1, & x \leq a \\ \exp\{-k(x-a)^2\}, & a < x \end{cases} \tag{B.13}$$

$$\mu_u(x) = \begin{cases} 0, & x \leq a \\ 1 - \exp\{-k(x-a)^2\}, & a < x \end{cases} \tag{B.14}$$

the (B.14) is called $\Gamma$-function.

$$\mu_m(x) = \exp\{-k(x-a)^2\}, \ -\infty < x < \infty \tag{B.15}$$

where $k > 0$.

5. Cauchy-like distribution or exponential-like

$$\mu_l(x) = \begin{cases} 1, & x \leq a \\ \frac{1}{1+\alpha(x-a)^{\beta}}, & a < x \end{cases} \tag{B.16}$$

where $\alpha > 0$, $\beta > 0$.

$$\mu_u(x) = \begin{cases} 0, & x \leq a \\ \frac{1}{1+\alpha(x-a)^{-\beta}}, & a < x \end{cases} \tag{B.17}$$

where $\alpha > 0$, $\beta > 0$.

$$\mu_m(x) = \frac{1}{1+\alpha(x-a)^{\beta}}, -\infty < x < \infty \tag{B.18}$$

where $\alpha > 1$, and $\beta$ should be even positive value. When $\alpha > 0$, and $\beta = 2$ the (B.18) will becomes (B.19)

$$\mu_m(x) = \frac{\alpha(x-a)^2}{1+\alpha(x-a)^2}, \ -\infty < x < \infty. \tag{B.19}$$

6. Mountain-like distribution

$$\mu_l(x) = \begin{cases} 1, & x \leq a \\ 0.5 - 0.5\sin\left[\frac{\pi}{b-a}(x - \frac{a+b}{2})\right], & a < x \leq b \\ 0, & b < x. \end{cases} \tag{B.20}$$

$$\mu_u(x) = \begin{cases} 0, & x \leq a \\ 0.5 + 0.5\sin\left[\frac{\pi}{b-a}(x - \frac{a+b}{2})\right], & a < x \leq b \\ 1, & b < x. \end{cases} \tag{B.21}$$

$$\mu_m(x) = \begin{cases} 0, & x \leq a \\ 0.5 + 0.5\sin\left[\frac{\pi}{b-a}(x - \frac{a+b}{2})\right], & a < x \leq m_l \\ 1, & m_l < x \leq m_u \\ 0.5 - 0.5\sin\left[\frac{\pi}{b-a}(x - \frac{a+b}{2})\right], & m_u < x \leq b \\ 0, & b < x. \end{cases} \tag{B.22}$$

# Annexe C

# Triangular norm (T-norm)

## C.1 Opération d'agrégation

**Définition** [Ped98]

Une agrégation est une opération *n-aire* $A : [0,1]^n \longrightarrow [0,1]$ qui vérifie les propriétés suivantes :

– conditions aux limites :

$$A(0,\ldots,0) = 0 \;\text{ et }\; A(1,\ldots,1) = 1 \tag{C.1}$$

– monotonie:

$$A(x_1,\ldots,x_n) \geq A(y_1,\ldots,y_n) \;\text{ si }\; x_i \geq y_i,\, i = 1,\ldots,n \tag{C.2}$$

## C.2 Opération floue d'intersection

Tout opérateur flou d'intersection peut être employé pour fusionner des ensembles flous. Par exemple :

– opérateur d'intersection de Zadeh ($\wedge$)[Zad65][Zad78]:

$$\mu_{\mathbf{FerI}}^{Zadeh}(\nu) = (\mu_{\mathbf{erT1}}(\nu,s) \;\wedge\; \mu_{\mathbf{erT2}}(\nu,s) \;\wedge\; \mu_{\mathbf{erDP}}(\nu,s)) \tag{C.3}$$

– opérateur d'intersection de Yager ($\dot{Y}$)[Yag][Dom82]:

à partir de la définition
$a\dot{Y}b = 1 - min\{1,[(1-a)^\lambda + (1-b)^\lambda]^{\frac{1}{\lambda}}\}$, $\lambda \in (0,\infty)$, on a

$$\mu_{\mathbf{FerI}}^{Yager} = (\mu_{\mathbf{erT1}}\; \dot{Y}\; \mu_{\mathbf{erT2}})\; \dot{Y}\; \mu_{\mathbf{erT1}} \tag{C.4}$$

– Opérateur d'intersection de Hamacher ($\dot{\gamma}$)[Ham78][Dom82] :

à partir de la définition

$a \ \dot{\gamma} \ b = \frac{ab}{\gamma+(1-\gamma)(a+b-ab)} \ \gamma \in (0,\infty)$,

on a

$$\mu_{\mathbf{FerI}}^{Hamacher} = (\mu_{\mathbf{erT1}} \ \dot{\gamma} \ \mu_{\mathbf{erT2}}) \ \dot{\gamma} \ \mu_{\mathbf{erDP}} \tag{C.5}$$

## C.3 Norme triangulaire (t-norme)

Les normes triangulaires sont un concept géométrique issu de l'inégalité triangulaire plongée dans le cadre de la théorie des probabilités [Ped98]. Elles ont été à l'origine proposées par Menger (1942), Schweizer et Sklar (1983), et poursuivies par Weber(1983) et Klement(1993). De la théorie des probabilités jusqu'à la théorie des ensembles flous, elles fournissent en particulier des modèles génériques pour l'intersection des ensembles flous. Elles sont définies comme suit :

**Définition** :

La norme triangulaire (*t-norme*) est une opération binaire $t : [0,1]^2 \longrightarrow [0,1]$ qui vérifie les propriétés suivantes:

– Commutativité:

$$x\mathbf{t}y = y\mathbf{t}x \tag{C.6}$$

– Associativité:

$$x\mathbf{t}(y\mathbf{t}z) = (x\mathbf{t}y)\mathbf{t}z \tag{C.7}$$

– Monotonie:

$$\text{si } x \leq y \text{ et } w \leq z, \text{ alors } x\mathbf{t}w \leq y\mathbf{t}z \tag{C.8}$$

– Conditions aux limites:

$$0\mathbf{t}x = 0, \ \ 1\mathbf{t}x = x \tag{C.9}$$

où les conditions aux limites doivent être satisfaites pour assurer que la *t-norm* se comporte comme une opération ensembliste classique.

Clairement, l'opérateur minimum ($\wedge$) est une *t-norm* et les normes triangulaires correspondent à l'intersection ensembliste quand les degrés d'appartenance prennent uniquement deux éléments, (par exemple, les valeurs 0 ou 1) dans l'intervalle $\{0,1\}$. Elles peuvent être considérées comme un prolongement aux ensembles flous de l'intersection ensembliste [Ped98].

Les normes triangulaires sont clairement des opérateurs d'agrégation.

Exemples de normes triangulaires fréquemment rencontrées dans la littérature :

– $\mathbf{t_1}$

$$x\mathbf{t_1}y = \frac{1}{1 + \sqrt[p]{((1-x)/x)^p + ((1-y)/y)^p}},\ p > 0 \tag{C.10}$$

– $\mathbf{t_2}$

$$x\mathbf{t_2}y = 1 - min(1, \sqrt[p]{(1-x)^p + (1-y)^p}),\ p > 0 \tag{C.11}$$

– $\mathbf{t_3}$

$$x\mathbf{t_3}y = xy \tag{C.12}$$

– $\mathbf{t_4}$

$$x\mathbf{t_4}y = \frac{xy}{p + (1-p)(x + y - xy)},\ p \geq 0 \tag{C.13}$$

– $\mathbf{t_5}$

$$x\mathbf{t_5}y = \frac{1}{\sqrt[p]{1/x^p + 1/y^p - 1}} \tag{C.14}$$

– $\mathbf{t_6}$

$$x\mathbf{t_6}y = \frac{xy}{max(x,y,p)},\ p \in [0,1] \tag{C.15}$$

## C.4 Opérateurs compensatoires

En 1980, Zimmermam et Zysno [Zim80] ont proposé une famille des prétendus opérateurs compensatoires dans lesquels l'opération d'agrégation surgit comme une sorte de combinaison logique "pure" ET et OU des liaisons fournissant le mécanisme exigé de la compensation.

– Opérateur $\Theta$

$$(A\Theta B)(x) = [(A \cap B)(x)]^{1-\gamma}[(A \cup B)(x)]^{\gamma} \tag{C.16}$$

– Opérateur $\otimes$

$$(A \otimes B)(x) = (1-\gamma)[(A \cap B)(x)] + \gamma[(A \cup B)(x)]. \tag{C.17}$$

où $\cap$ et $\cup$ sont les opérations d'intersection et d'union qui peuvent être modélisées en utilisant les opérations standardes minimum et maximum ou, en général, les normes triangulaires; $\gamma$ est le facteur de compensation, $\gamma \in [0,1]$, indiquant où l'opérateur réel est localisé entre ET et OU.

## C.5 Opération moyenne

Un opérateur faisant la moyenne généralisée est défini pour des arguments de $n$ [Ped98]. Comme discuté dans Dyckhoff et Pedrycz [Dyc84], il présente l'allure générale suivante

$$A(x_1, \ldots, x_n) = \sqrt[p]{\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i)^p},\ p \in \mathbb{R}, p \neq 0. \tag{C.18}$$

La famille des moyennes généralisées englobe quelques cas bien connus. En particulier, nous obtenons

1. Moyenne arithmétique ($p = 1$)

$$A(x_1, \ldots, x_n) = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i). \tag{C.19}$$

2. Moyenne géométrique ($p \longrightarrow 0$)

$$A(x_1, \ldots, x_n) = (x_1 x_2 \cdots x_n)^{1/n} \tag{C.20}$$

3. Moyenne harmonique ($p = -1$)

$$A(x_1, \ldots, x_n) = \frac{n}{\sum_{i-1}^{n} 1/x_i}. \tag{C.21}$$

4. Minimum ($p \longrightarrow -\infty$)

$$A(x_1, \ldots, x_n) = min(x_1, \ldots, x_n). \tag{C.22}$$

5. Maximum ($p \longrightarrow \infty$)

$$A(x_1, \ldots, x_n) = max(x_1, \ldots, x_n). \tag{C.23}$$

# Annexe D

# Résultats de segmentation des tumeurs de grandes tailles

Dans cette annexe, nous présentons 4 patients (P215, P216, P218, P219) qui ont une tumeur étendue. Selon l'expression en section 3.6, une coupe de chaque patient est choisie pour montrer les résultats en illustrant chaque étape de notre méthode. Les résultats de la segmentation des tumeurs de grandes tailles sont montrés en deux figures pour chaque patient :

- la première comprend les trois coupes d'images originales T1, T2 et DP, les cartes de degrés d'appartenance de la région tumorale correspondantes, la fusion des degrés d'appartenance, l'amélioration par la croissance de région, et le résultat final.
- la deuxième est une illustration 3D des images originales et leurs appartenances tumorales du patient permettant d'avoir une vision globale du résultat

Les cartes de degrés d'appartenance de la région tumeur sont construites par les équations (2.26),(2.27) et (2.28) à partir de rT1, rT2 et rDP, respectivement. Les paramètres des équations sont également définis par les équations (3.24), (3.25), et (3.26), respectivement. Les degrés d'appartenance sont ensuite fusionnés par l'équation (2.42) ou (C.20).

## D.1 Résultat de Segmentation du Patient P215

Illustré par la 54ième coupe du patient (Fig. D.1), et par les cartes 3D des images originales et leur appartenance tumorale (Fig. D.2).

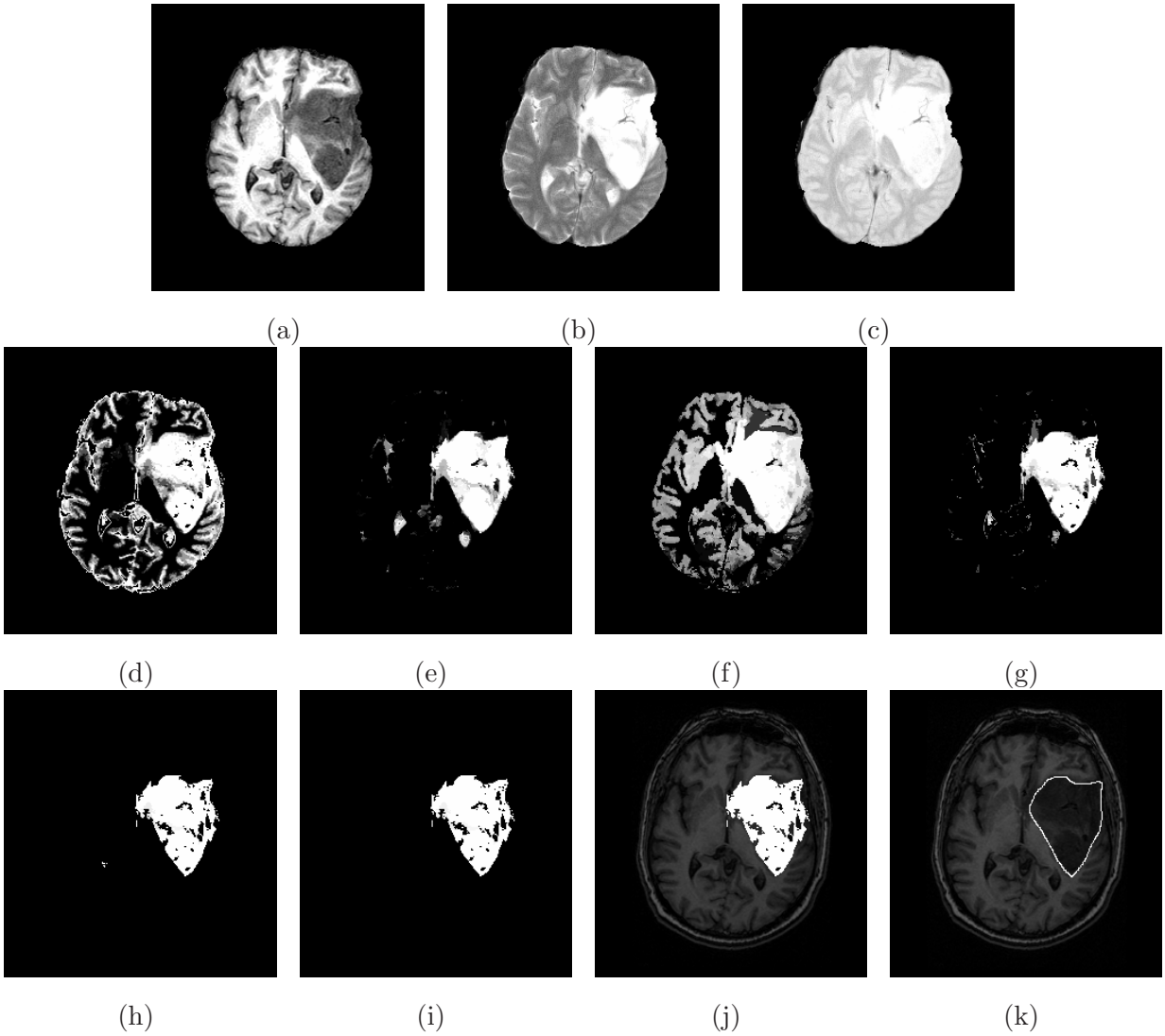
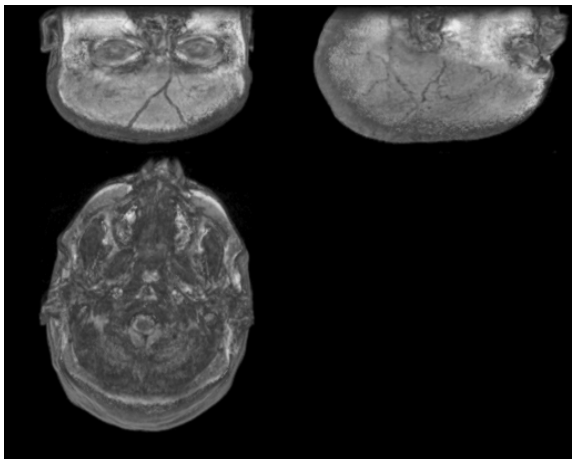
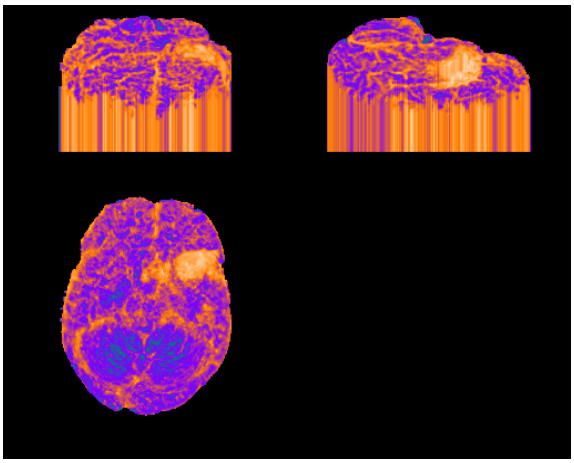


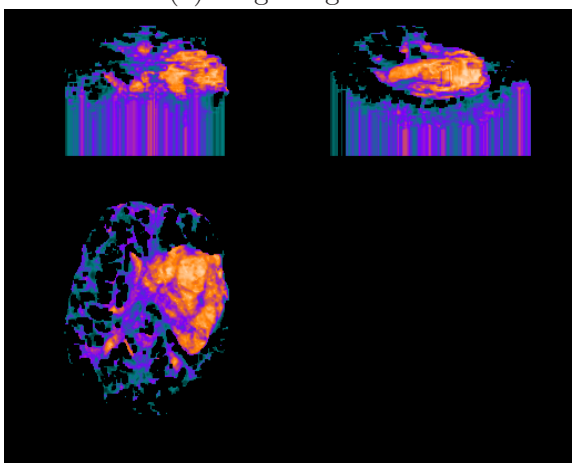

FIG. D.1 – *Processus et résultats de la segmentation illustrés par la 54ième coupe du patient P215. Les cartes de degrés d'appartenance de la région tumeur sont construites par les équations (2.26),(2.27) et (2.28) qui sont définies par les équations (3.24), (3.25), et (3.26), respectivement. Les degrés d'appartenance sont fusionnés par l'équation (2.42). Les images originales : (a)rT1. (b)rT2. (c)rDP. Les degrés d'appartenance (d) pour rT1 (e) pour rT2 (f) pour rDP. Le résultat de la fusion floue : (g). Le sous ensemble de $\alpha$-cut de (g) : (h) avec ($\alpha \geq 0.7$). La tumeur obtenue par la croissance 3D des régions floues à partir de (h) : (i). La tumeur superposée sur l'image T1 originale : (j). La région tumorale tracée par un neuro-radiologue en T1 : (k).*



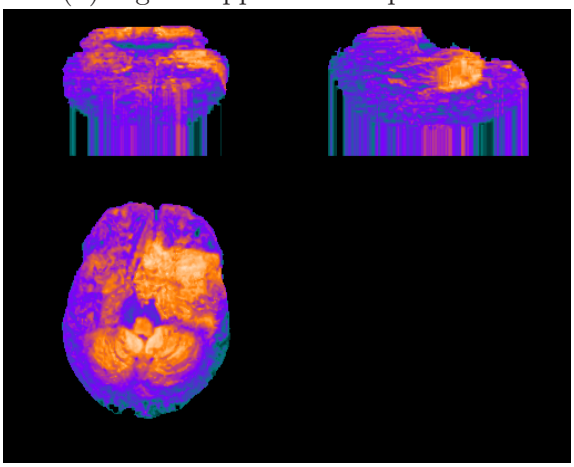
(a)Image originale



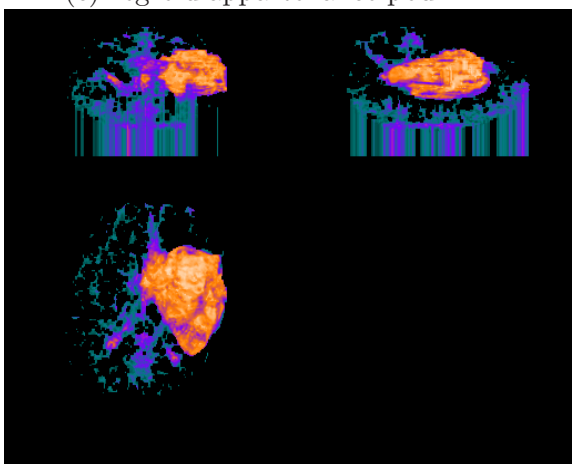
(b)Degré d'appartenance pour rT1



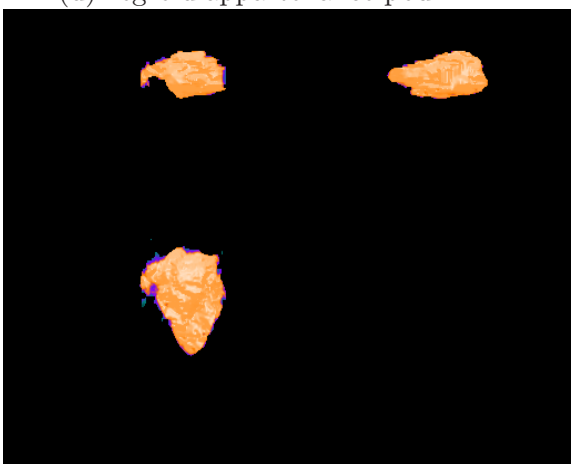
(c)Degré d'appartenance pour rT2



(d)Degré d'appartenance pour rDP



(e)Résultat de la fusion floue



(f)$\alpha \geq 0.7$

FIG. D.2 – *Illustration 3D pour montrer le processus de segmentation : (a) l'image originale du patient P215, (b)-(e) résultats montrés en 3D correspondant aux étapes des Fig. D.1(d)-(g), respectivement; (f) correspondant à l'étape de Fig. D.1(i).*

## D.2 Résultat de Segmentation du Patient P216

Illustré par la 100ième coupe du patient (Fig. D.3), et par les cartes 3D des images originales et leur appartenance tumorale (Fig. D.4).

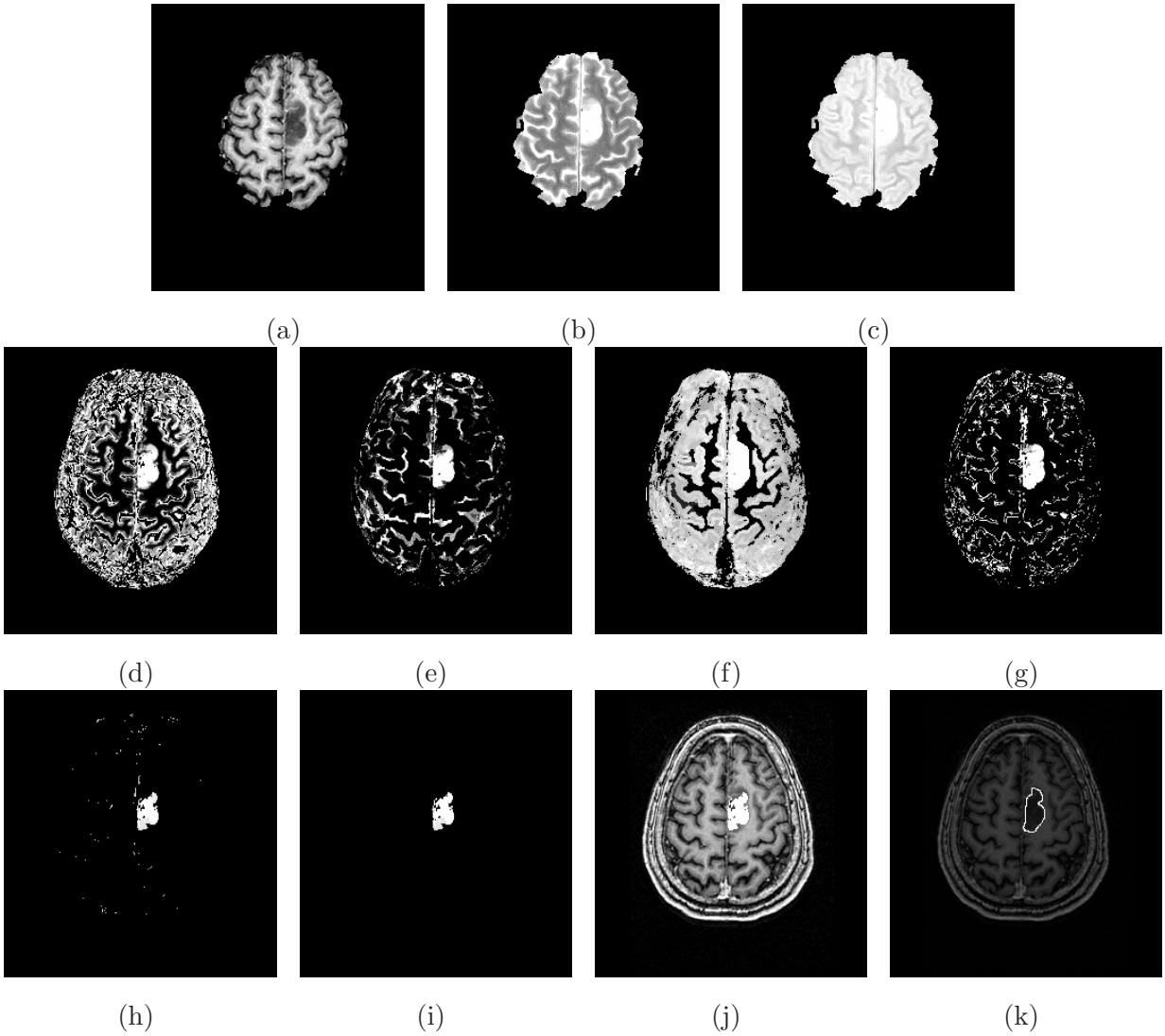
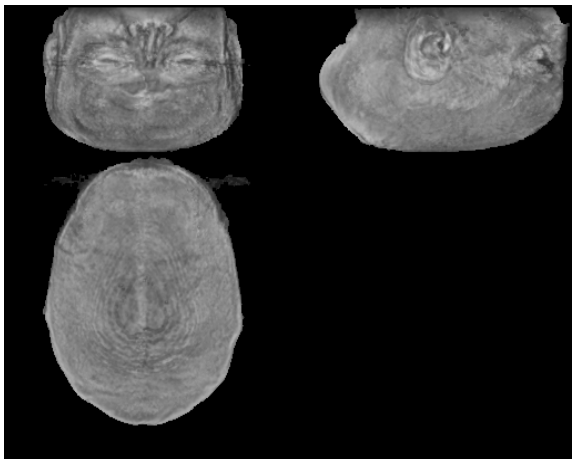
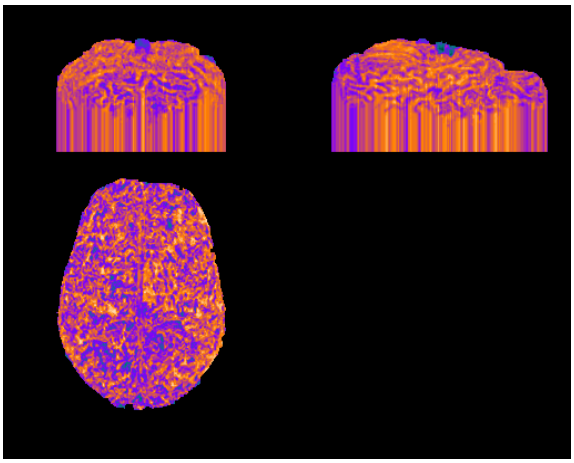


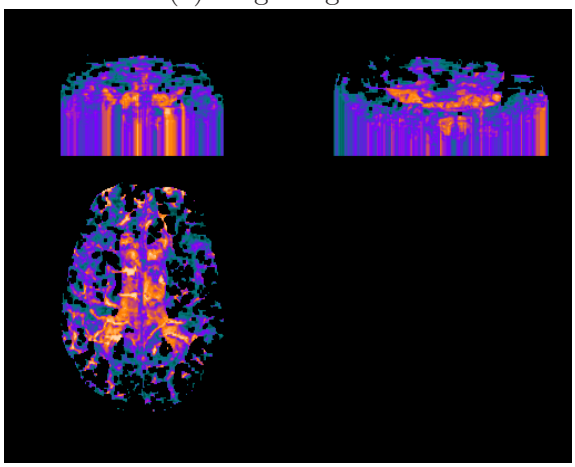

FIG. D.3 – *Processus et résultats de la segmentation illustrés par la 100ième coupe du patient P216. Les cartes de degrés d'appartenance de la région tumeur sont construites par les équations (2.26),(2.27) et (2.28) qui sont définis par les équations (3.24), (3.25), et (3.26), respectivement. Les degrés d'appartenance sont fusionnés par l'équation (2.42). Les images originales : (a)rT1. (b)rT2. (c)rDP. Les degrés d'appartenance (d) pour rT1 (e) pour rT2 (f) pour rDP. Le résultat de la fusion floue : (g). Le sous ensemble de* $\alpha$*-cut de (g) : (h) avec* ($\alpha \geq 0.8$)*. La tumeur obtenue par la croissance 3D des régions floues à partir de (h) : (i). La tumeur superposée sur l'image T1 originale : (j). La région tumorale tracée par un neuro-radiologue en T1 : (k).*



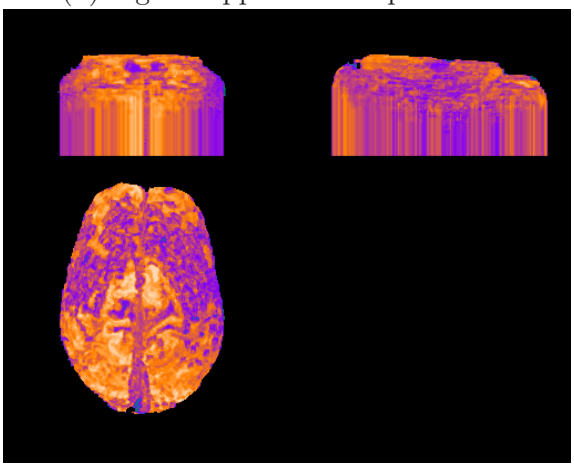
(a)Image originale



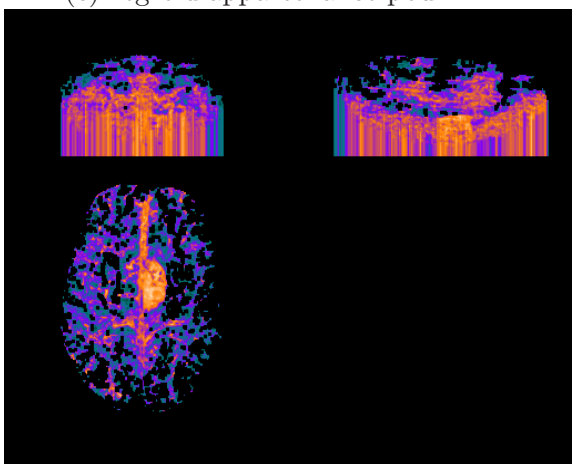
(b)Degré d'appartenance pour rT1



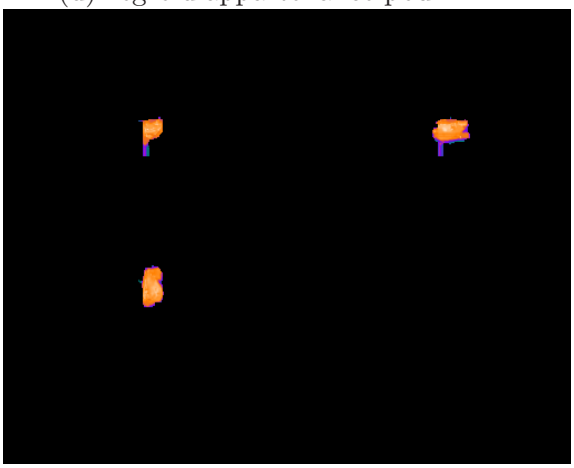
(c)Degré d'appartenance pour rT2



(d)Degré d'appartenance pour rDP



(e)Résultat de la fusion floue



(f)$\alpha \geq 0.8$

FIG. D.4 – *Illustration 3D pour montrer le processus de segmentation : (a) l'image originale du patient P216, (b)-(e) résultats montrés en 3D correspondant aux étapes des Fig. D.3(d)-(g), respectivement; (f) correspondant à l'étape de Fig. D.3(i).*

## D.3 Résultat de Segmentation du Patient P219

Illustré par la 59ième coupe du patient (Fig. D.5), et par les cartes 3D des images originales et leur appartenance tumorale (Fig. D.6).

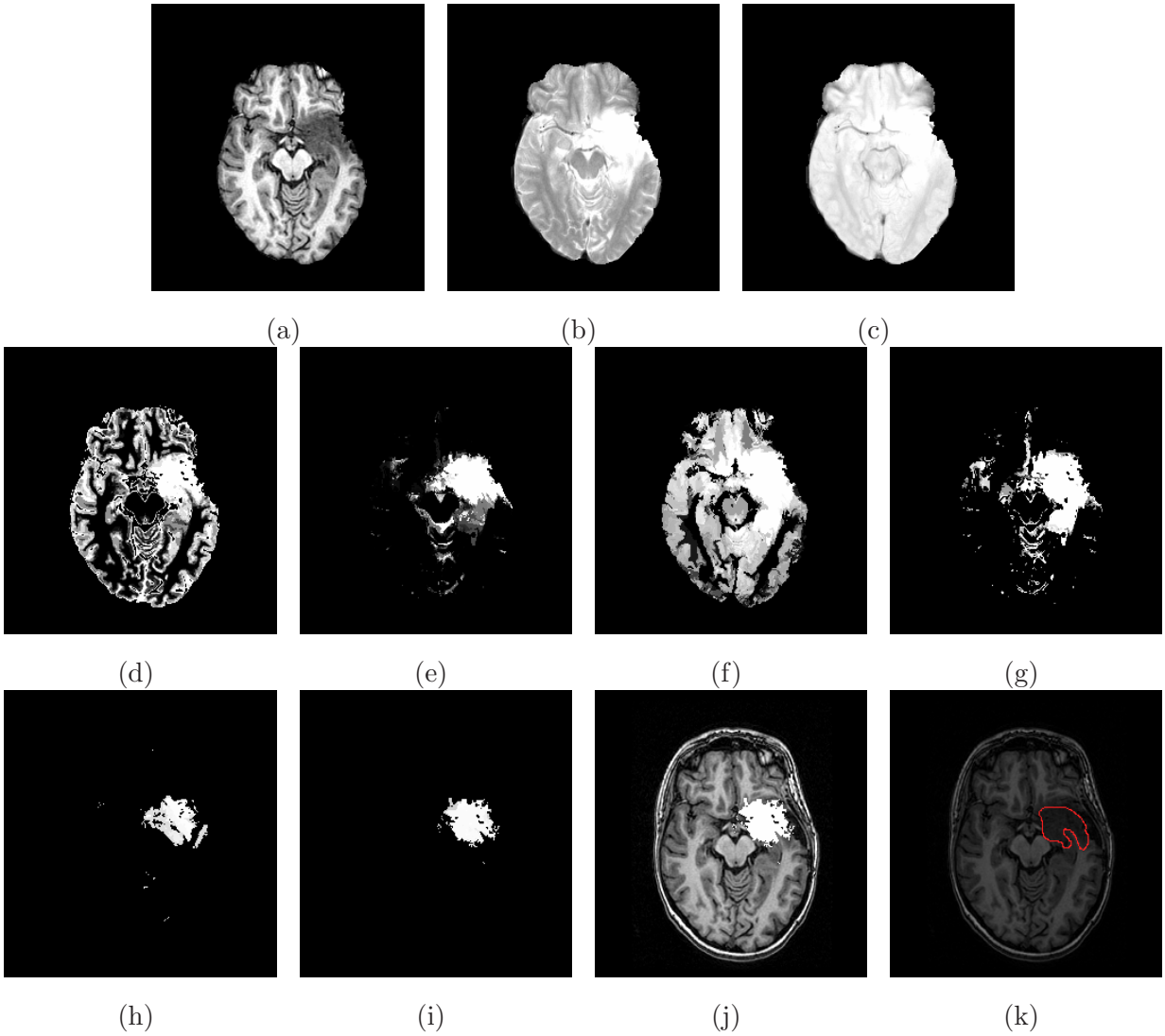
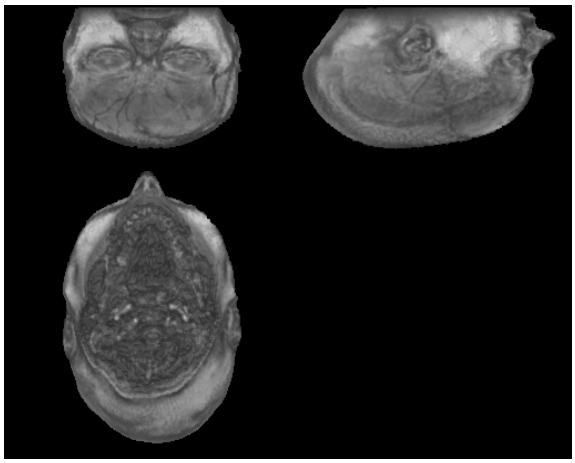
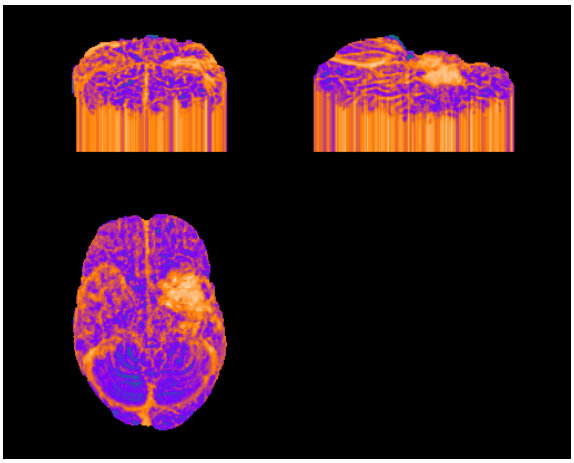


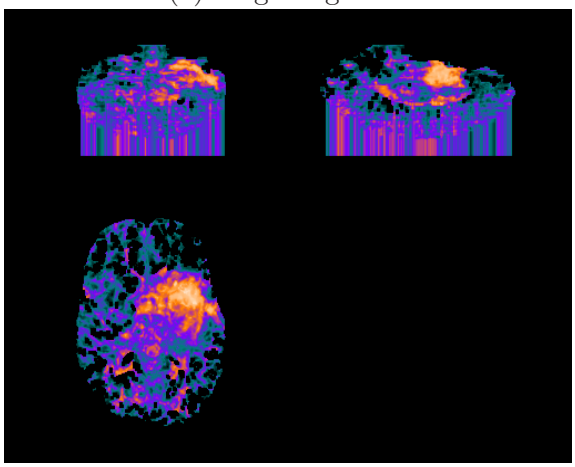

FIG. D.5 – *Processus et résultats de la segmentation illustrés par la 59ième coupe du patient P219. Les cartes de degrés d'appartenance de la région tumeur sont construites par les équations (2.26),(2.27) et (2.28) qui sont définis par les équations (3.24), (3.25), et (3.26), respectivement. Les degrés d'appartenance sont fusionnés par l'équation (2.42). Les images originales : (a)rT1. (b)rT2. (c)rDP. Les degrés d'appartenance (d) pour rT1 (e) pour rT2 (f) pour rDP. Le résultat de la fusion floue : (g). Le sous ensemble de* $\alpha$*-cut de (g) : (h) avec* ($\alpha \geq 0.8$)*. La tumeur obtenue par la croissance 3D des régions floues à partir de (h) : (i). La tumeur superposée sur l'image T1 originale : (j). La région tumorale tracée par un neuro-radiologue en T1 : (k).*



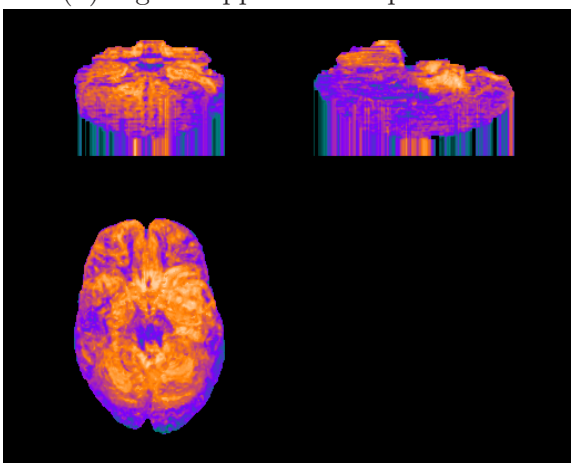
(a)Image originale



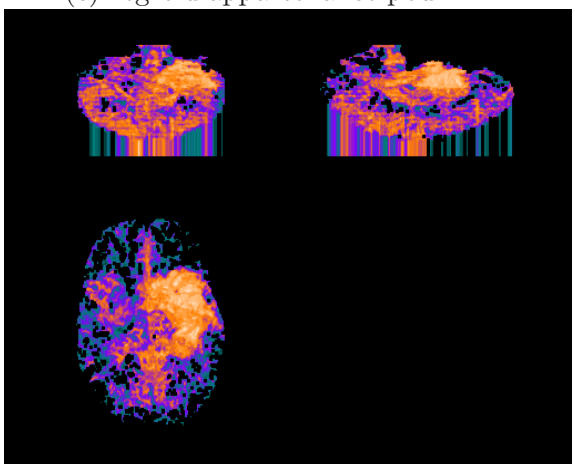
(b)Degré d'appartenance pour rT1



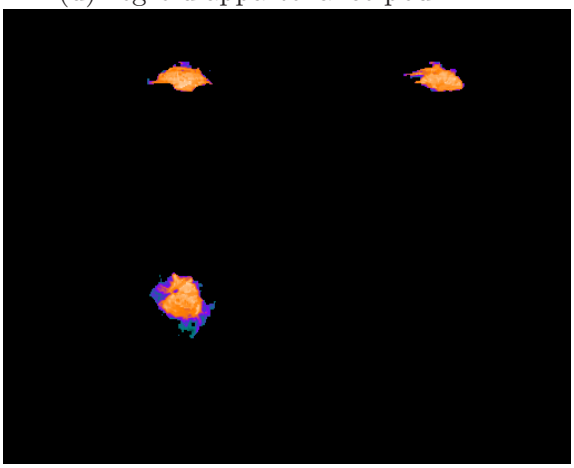
(c)Degré d'appartenance pour rT2



(d)Degré d'appartenance pour rDP



(e)Résultat de la fusion floue



(f)$\alpha \geq 0.8$

FIG. D.6 – *Illustration 3D pour montrer le processus de segmentation : (a) l'image originale du patient P219, (b)-(e) résultats montrés en 3D correspondant aux étapes des Fig. D.5(d)-(g), respectivement; (f) correspondant à l'étape de Fig. D.5(i).*

## D.4 Résultat de Segmentation du Patient P218

Illustré par la 82ième coupe du patient P218 (Fig. D.7), et par les cartes 3D des images originales et leur appartenance tumorale (Fig. D.8).

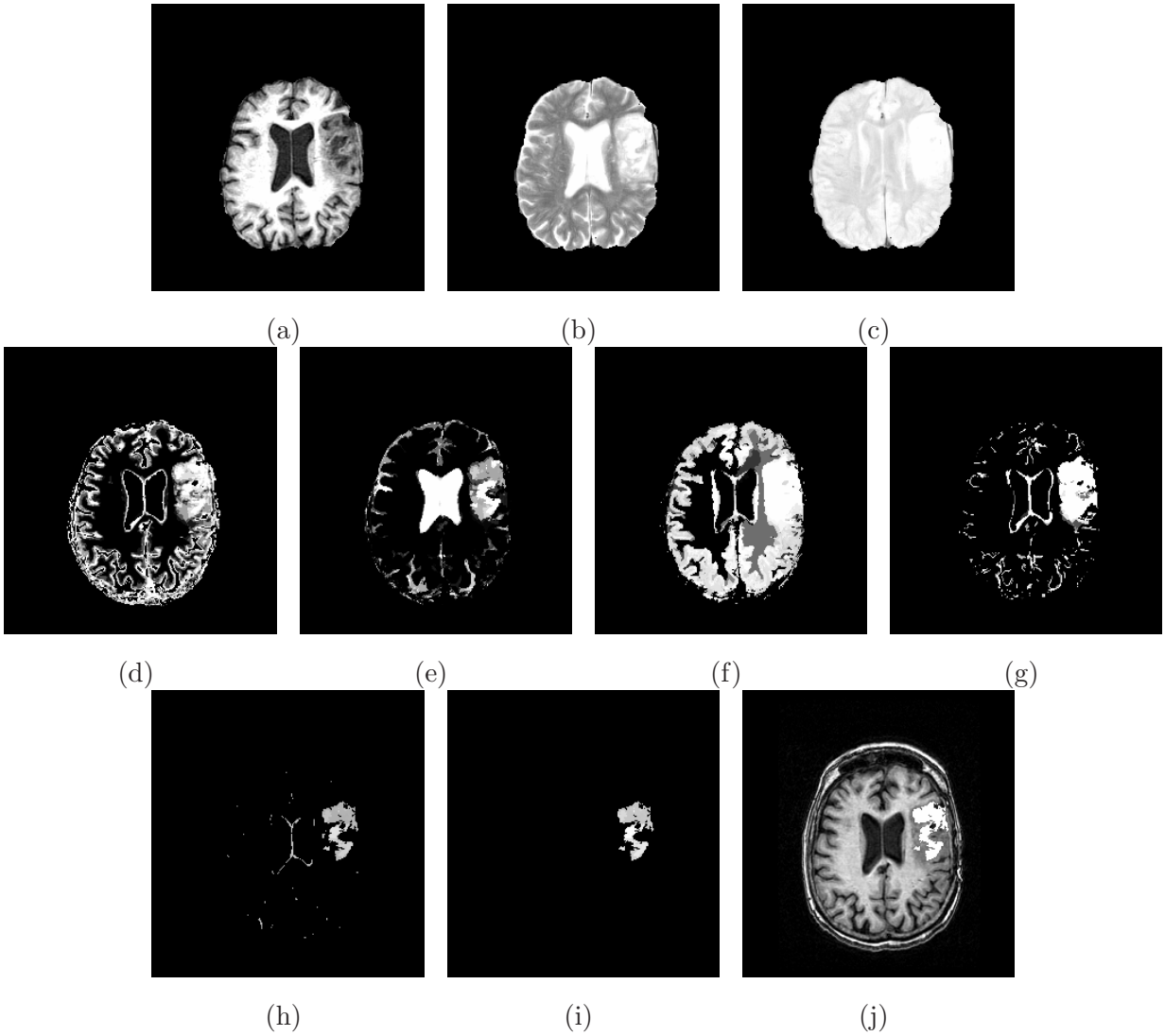
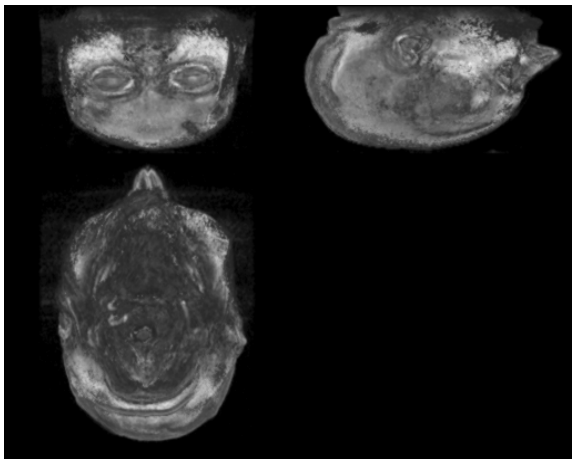
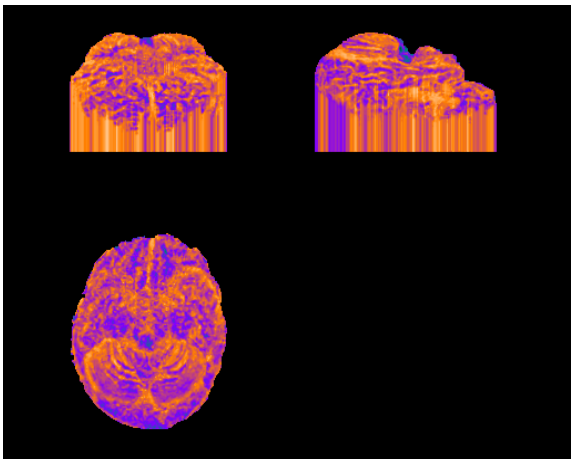


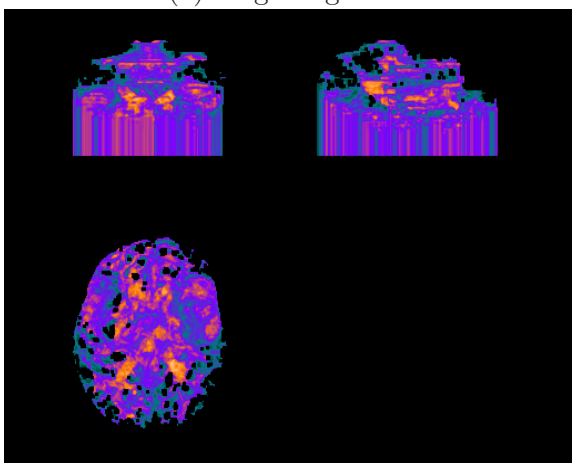

Fig. D.7 – *Processus et résultats de la segmentation illustrés par la 82ième coupe du patient P218. Les cartes de degrés d'appartenance de la région tumeur sont construites par les équations (2.26),(2.27) et (2.28) qui sont définis par les équations (3.24), (3.25), et (3.26), respectivement. Les degrés d'appartenance sont fusionnés par l'équation (2.42). Les images originales : (a)rT1. (b)rT2. (c)rDP. Les degrés d'appartenance (d) pour rT1 (e) pour rT2 (f) pour rDP. Le résultat de la fusion floue : (g). Le sous ensemble de* $\alpha$*-cut de (g) : (h) avec (*$\alpha \geq 0.7$*). La tumeur obtenue par la croissance 3D des régions floues à partir de (h) : (i). La tumeur superposée sur l'image T1 originale : (j).*



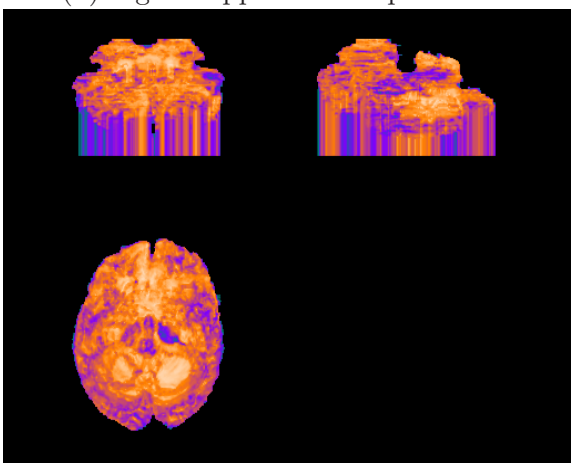
(a)Image originale



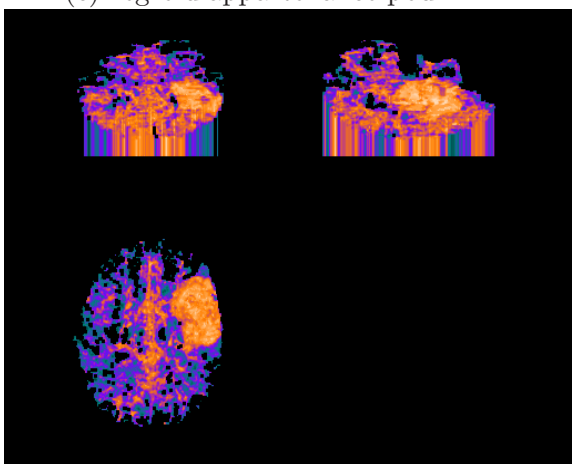
(b)Degré d'appartenance pour rT1



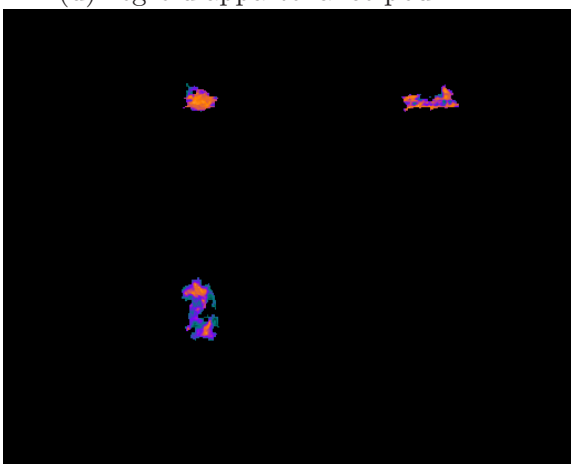
(c)Degré d'appartenance pour rT2



(d)Degré d'appartenance pour rDP



(e)Résultat de la fusion floue



(f)$\alpha \geq 0.7$

FIG. D.8 – *Illustration 3D pour montrer le processus de segmentation : (a) l'images originale du patient P218, (b)-(e) résultats montrés en 3D correspondant aux étapes des Fig. D.7(d)-(g), respectivement; (f) correspondant à l'étape de Fig. D.7(i).*

# Annexe E

# Résultats de segmentation des tumeurs de petites tailles

Dans cette annexe, nous présentons 3 patients (P185, P198, P217) présentant une petite région tumorale. Selon l'expression en section 3.6, une coupe de chaque patient est choisie pour montrer les résultats en illustrant chaque étape de notre méthode. Les résultats de la segmentation des tumeurs de grandes tailles sont montrés en deux figures pour chaque patient :

- la première comprend les trois coupes d'images originales T1, T2 et DP, les cartes de degrés d'appartenance de la région tumorale correspondantes, la fusion des degrés d'appartenance, l'amélioration par la croissance de région, et le résultat final.
- la deuxième est une illustration 3D des images originales et leurs appartenances tumorales du patient permettant d'avoir une vision globale du résultat

Les cartes de degrés d'appartenance de la région tumeur sont construites par les équations (2.26),(2.27) et (3.27) à partir de rT1, rT2 et rDP, respectivement. Les paramètres des équations sont définis par les équations (3.28), (3.29), et (3.30), respectivement. Les degrés d'appartenance sont ensuite fusionnés par l'équation (2.42) ou (C.20).

## E.1 Résultat de Segmentation du Patient P217

Illustré par la 75ième coupe du patient (Fig. E.1), et par les cartes 3D des images originales et leur appartenance tumorale (Fig. E.2).

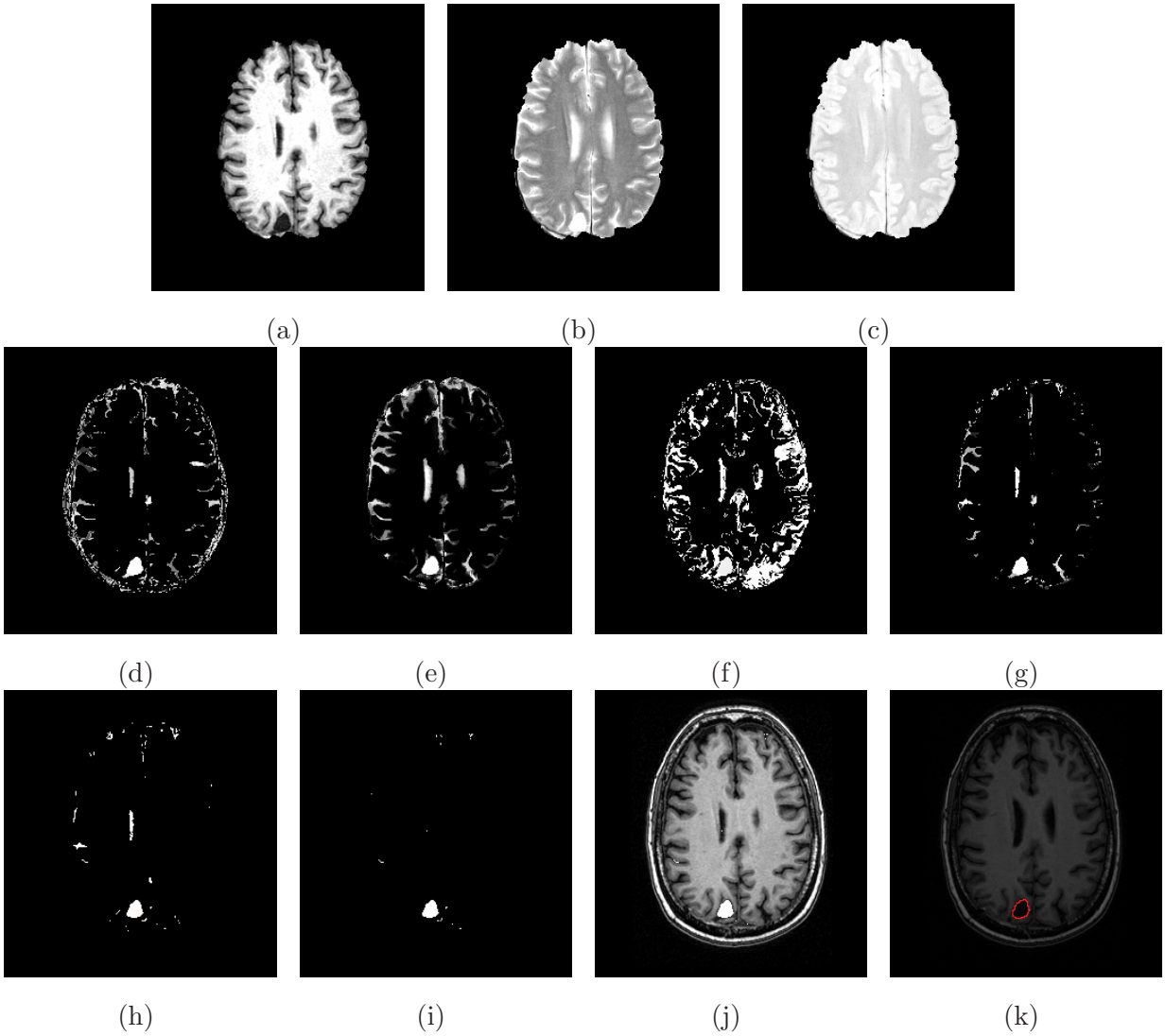
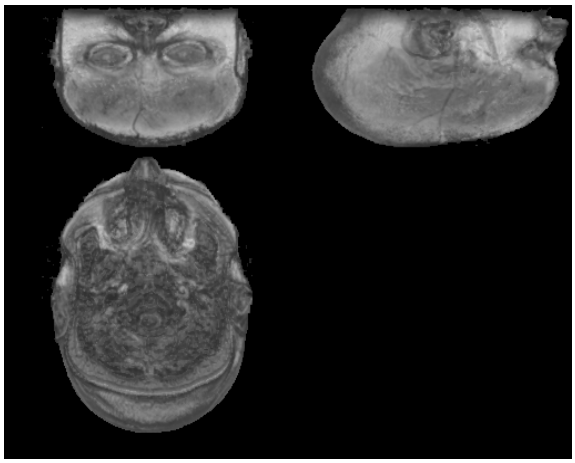
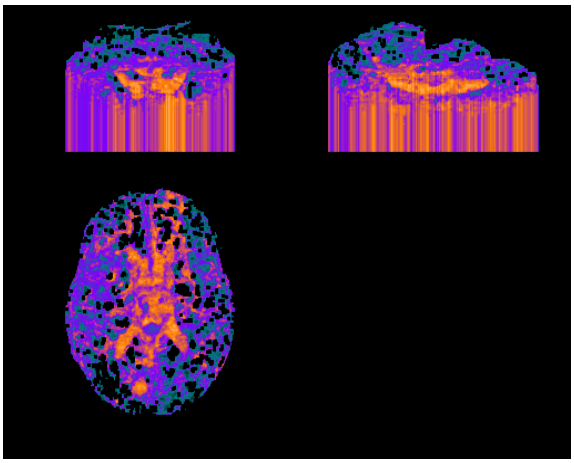


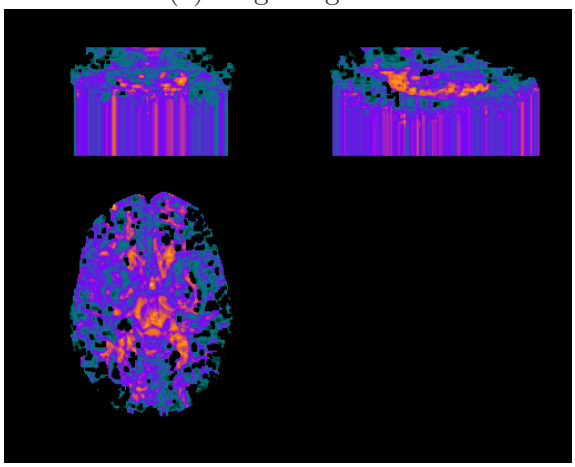

FIG. E.1 – *Processus et résultats de la segmentation illustrés par la 75ième coupe du patient P217. Les cartes de degrés d'appartenance de la région tumeur sont construites par les équations (2.26),(2.27) et (3.27) qui sont définis par les équations (3.28), (3.29), et (3.30), respectivement. Les degrés d'appartenance sont fusionnés par l'équation (2.42). Les images originales : (a)rT1. (b)rT2. (c)rDP. Les degrés d'appartenance (d) pour rT1 (e) pour rT2 (f) pour rDP. Le résultat de la fusion floue : (g). Le sous ensemble de* $\alpha$*-cut de (g) : (h) avec* ($\alpha \geq 0.8$) *et (i) avec* ($\alpha \geq 0.9$)*. La tumeur obtenue par la croissance 3D des régions floues à partir de (i) superposée sur l'image T1 originale : (j). La région tumorale tracée par un neuro-radiologue en T1 : (k).*



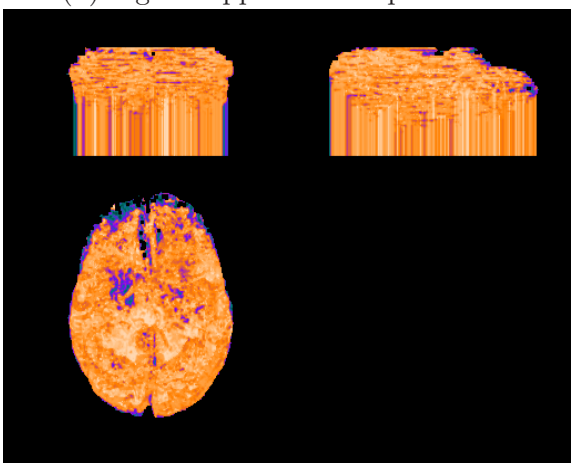
(a)Image originale



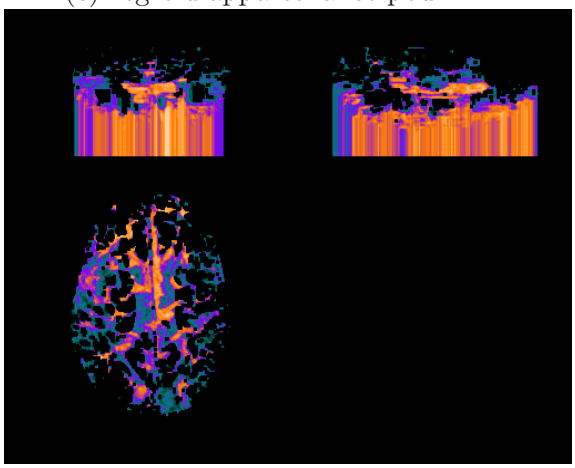
(b)Degré d'appartenance pour rT1



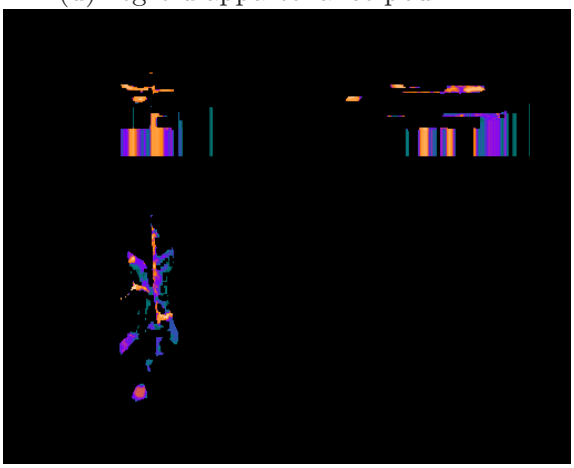
(c)Degré d'appartenance pour rT2



(d)Degré d'appartenance pour rDP



(e)Résultat de la fusion floue



(f)$\alpha \geq 0.9$

FIG. E.2 – *Illustration 3D pour montrer le processus de segmentation : (a) l'image originale du patient P217, (b)-(e) résultats montrés en 3D correspondant aux étapes des Fig. E.1(d)-(g), respectivement; (f) correspondant à l'étape de Fig. E.1(i).*

## E.2 Résultat de Segmentation du Patient P198

Illustré par la 77ième coupe du patient (Fig. E.3), et par les cartes 3D des images originales et leur appartenance tumorale (Fig. E.4).

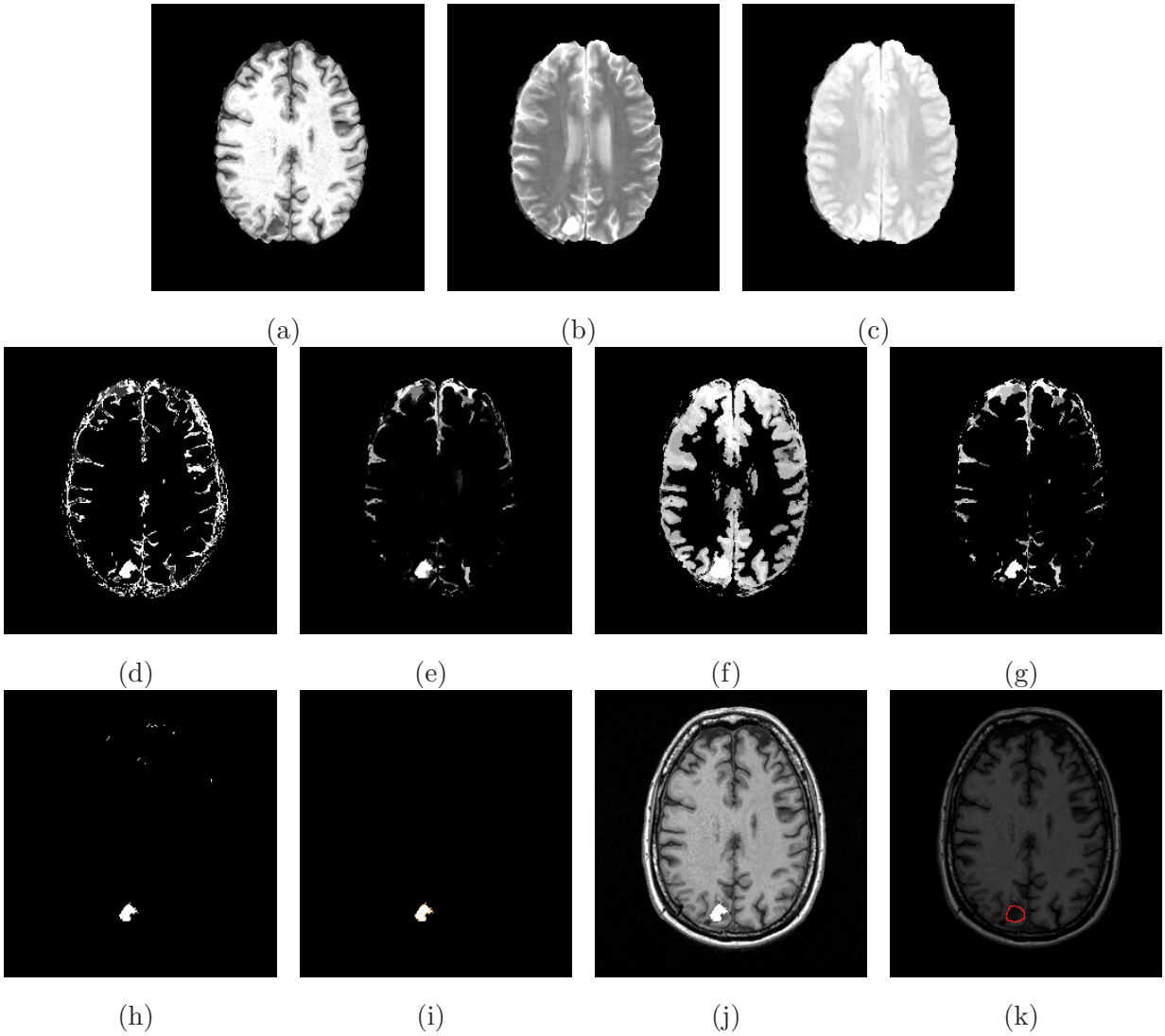
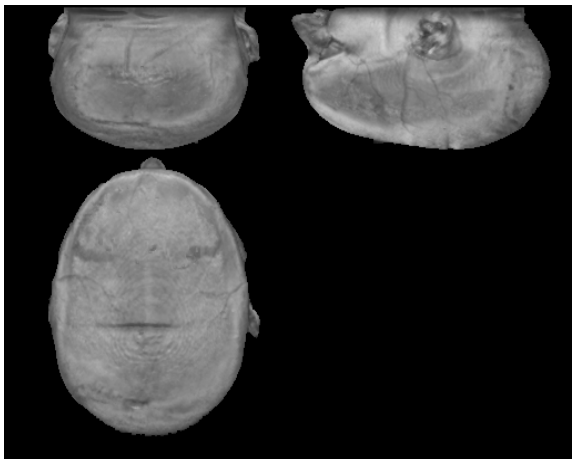
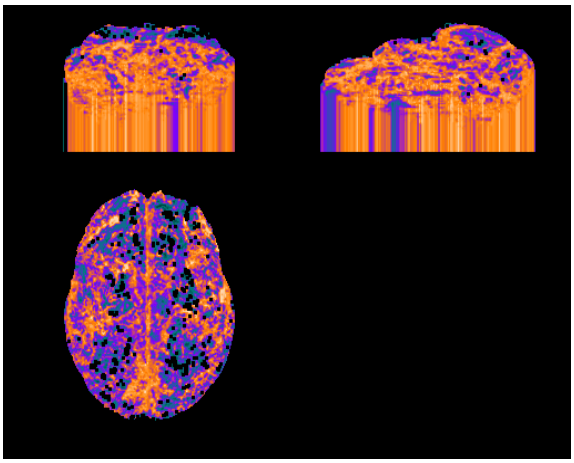


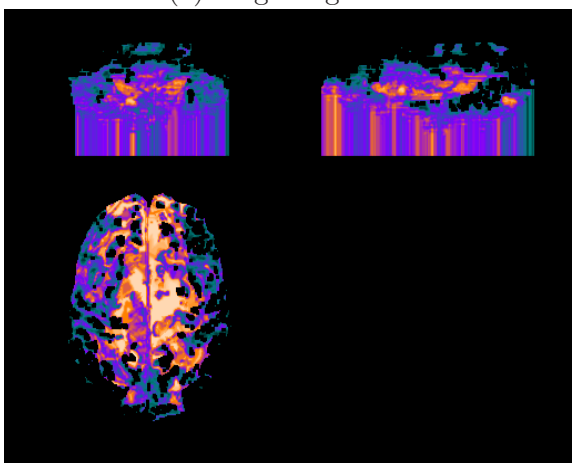

FIG. E.3 – *Processus et résultats de la segmentation illustrés par la 77ième coupe du patient P198. Les cartes de degrés d'appartenance de la région tumeur sont construites par les équations (2.26),(2.27) et (3.27) qui sont définis par les équations (3.28), (3.29), et (3.30), respectivement. Les degrés d'appartenance sont fusionnés par l'équation (2.42). Les images originales : (a)rT1. (b)rT2. (c)rDP. Les degrés d'appartenance (d) pour rT1 (e) pour rT2 (f) pour rDP. Le résultat de la fusion floue : (g). Le sous ensemble de $\alpha$-cut de (g) : (h) avec ($\alpha \geq 0.8$). Le sous ensemble de $\alpha$-cut de (g) : (i) avec ($\alpha \geq 0.9$). La tumeur superposée sur l'image T1 originale : (j). La région tumorale tracée par un neuro-radiologue en T1 : (k).*



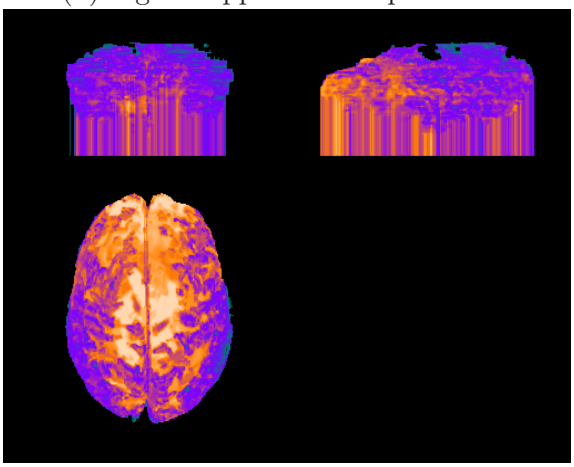
(a)Image originale



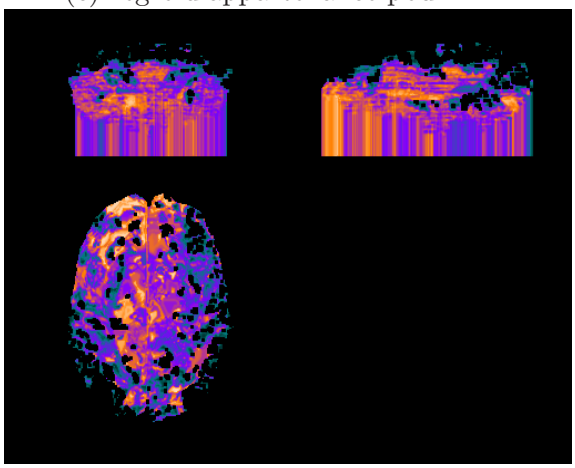
(b)Degré d'appartenance pour rT1



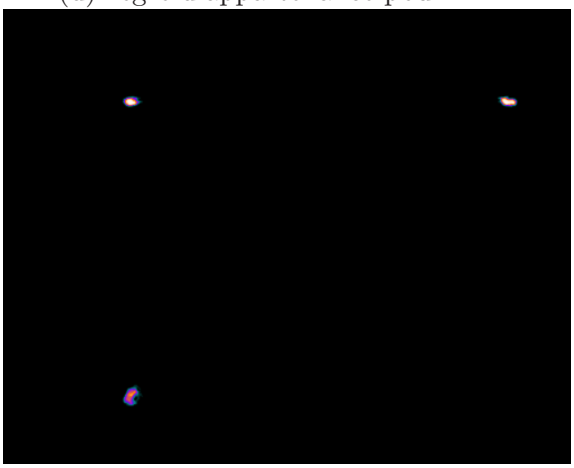
(c)Degré d'appartenance pour rT2



(d)Degré d'appartenance pour rDP



(e) Résultat de la fusion floue



(f)$\alpha \geq 0.9$

FIG. E.4 – *Illustration 3D pour montrer le processus de segmentation : (a) l'image originale du patient P198, (b)-(e) résultats montrés en 3D correspondant aux étapes des Fig. E.3(d)-(g), respectivement; (f) correspondant à l'étape de Fig. E.3(i).*

## E.3 Résultat de Segmentation du Patient P185

Illustré par la 70ième coupe du patient (Fig. E.5), et par les cartes 3D des images originales et leur appartenance tumorale (Fig. E.6).

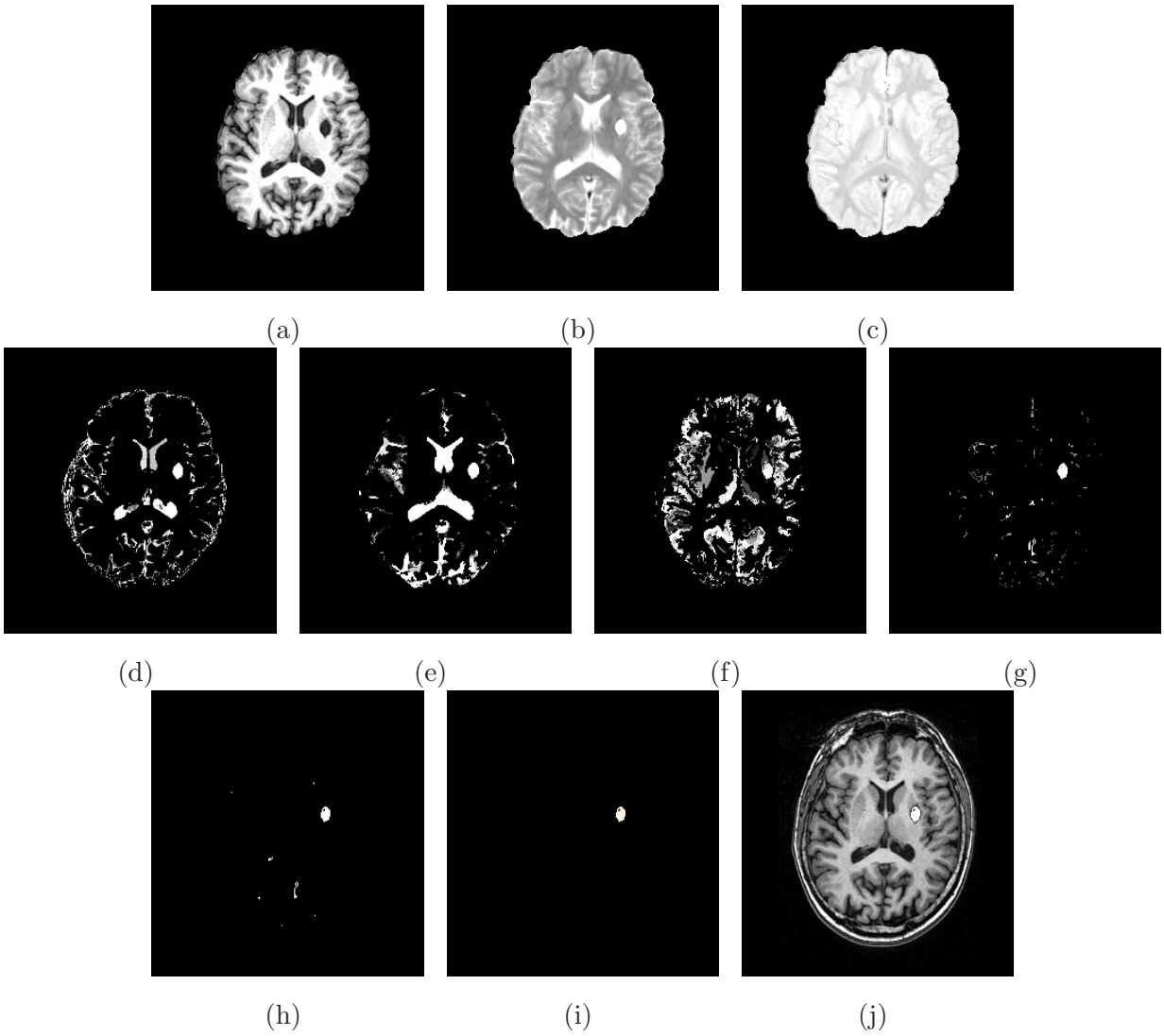
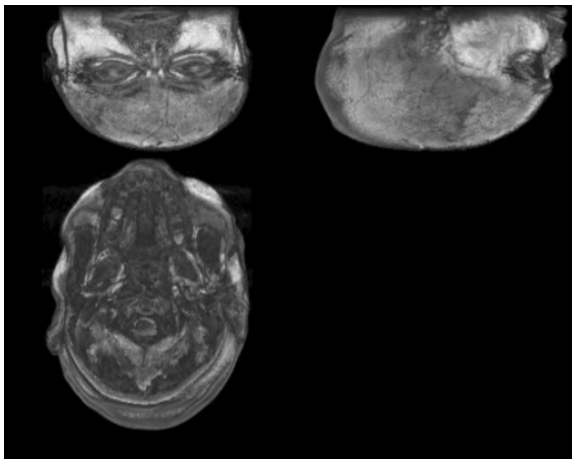
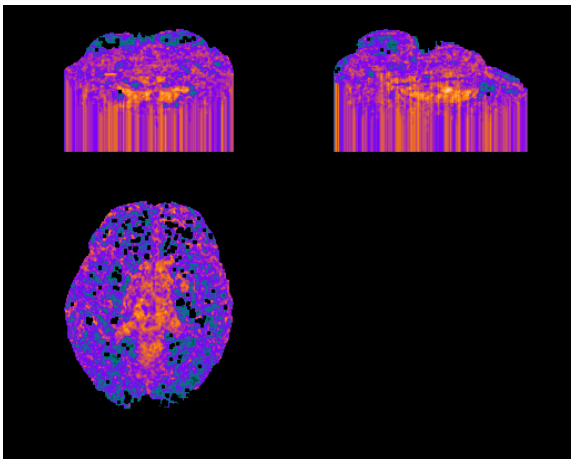


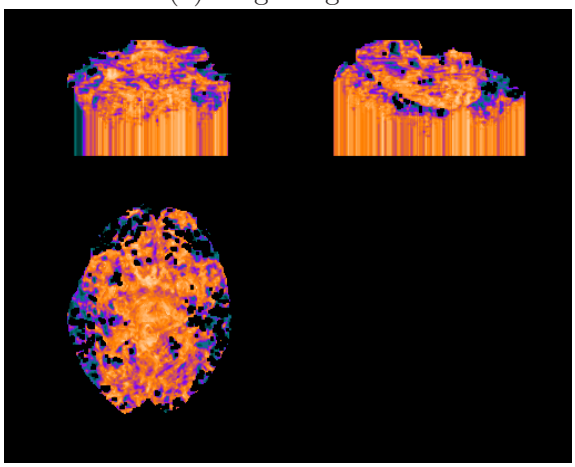

FIG. E.5 – *Processus et résultats de la segmentation illustrés par la 77ième coupe du patient P185. Les cartes de degrés d'appartenance de la région tumeur sont construites par les équations (2.26),(2.27) et (3.27) qui sont définis par les équations (3.28), (3.29), et (3.30), respectivement. Les degrés d'appartenance sont fusionnés par l'équation (2.42). Les images originales : (a)rT1. (b)rT2. (c)rDP. Les degrés d'appartenance (d) pour rT1 (e) pour rT2 (f) pour rDP. Le résultat de la fusion floue : (g). Le sous ensemble de $\alpha$-cut de (g) : (h) avec ($\alpha \geq 0.8$). La tumeur superposée sur l'image T1 originale : (j).*



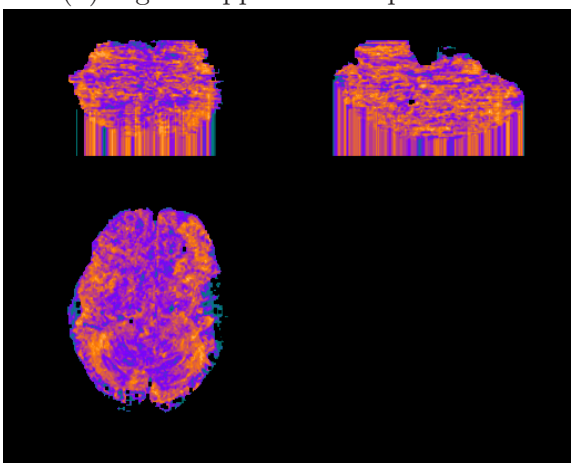
(a)Image originale



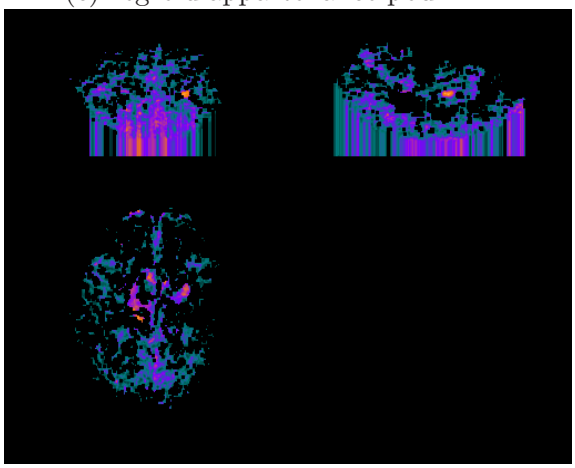
(b)Degré d'appartenance pour rT1



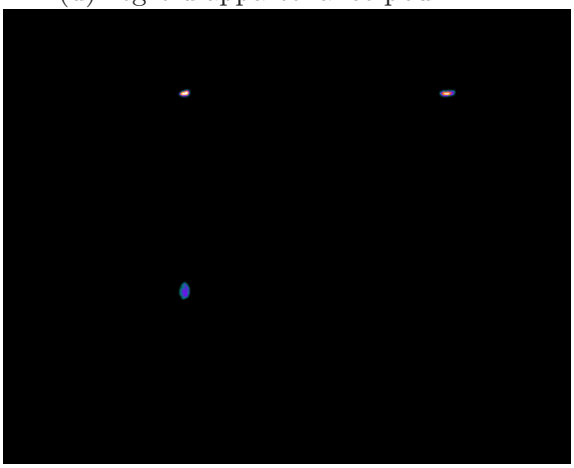
(c)Degré d'appartenance pour rT2



(d)Degré d'appartenance pour rDP



(e)Rérultat de la fusion floue



(f)$\alpha \geq 0.95$

FIG. E.6 – *Illustration 3D pour montrer le processus de segmentation : (a) l'image originale du patient P185, (b)-(e) résultats montrés en 3D correspondant aux étapes des Fig. E.5(d)-(g), respectivement; (f) correspondant à l'étape de Fig. E.5(i).*

# Bibliographie


[Abi92] M.A. Abidi, R.C. Gonzalez. – *Data Fusion in Robotics and Machine Intelligence*, Academic Press, 1992.

[Agu02] Mario Aguilar, Joshua R. New. – Fusion of multi-modality volumetric medical imagery. *In : Proceedings of the 5th. International Conference on Information Fusion*, pp. 1206–1212, Annapolis, MD (Washington DC Area), U.S.A., 2002.

[Ahm02] MN Ahmed, SM Yamany, N Mohamed, AA Farag, T Moriarty. – A modified fuzzy c-means algorithm for bias field estimation and segmentation of MRI data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, 2002, pp. 193–199. – Available online at http://www.cvip.uolf.edu/wwwcvip/research/publictions/Pub_Pdf/2003/3.pdf.

[Ala94] A. Alaux. – *L'image par Résonnance Magnétique*, Sauramps Médical, 1994.

[Ale96] E. Alexander, R. Kikinis, F.A. Jolesz. – Intraoperative magnetic resonance imaging therapy. 1996, pp. 260–266.

[All87] P.K. Allen. – *Robotic object recognition using vision and touch*, Kluwer Academic, 1987.

[Aly99] Saleh Alyafei, Tomio Inoue, Hong Zhang, Khalil Ahmed, Noboru Oriuchi, Noriko Sato, Hideki Suzuki, Keigo Endo. – Image fusion system using PACS for MRI, CT, and PET. *Clinical Positron Imaging*, vol. 2, n3, 1999, pp. 137–143.

[Ama92] S. Amartur, D. Piriano, Y. Takefuji. – Optimization neural networks for the segmentation of magnetic resonance images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 11, June 1992, pp. 215–221.

[Ant90] Hendrik J. Antonisse. – Unsupervised credit assignment in knowledge-based sensor fusion systems. *IEEE transactions on systems, man, cybernetics*, vol. 20, September/October 1990, pp. 1153–1171.

[Apr04] Ani Aprahamian. – NMR imaging-MRI. 2004. – available at http://www.nd.edu/ aapraham/MedicalPhys.

[Arc03] Cédric Archambeau, John A. Lee, Michel Verleysen. – On convergence problems of the em algorithm for finite gaussian mixtures. *In : proceedings of European Symposium on Artificial Neural Networks*, pp. 99–106, Bruges (Belgium), 23-25 April 2003.

[Aur95] L. Aurdal, X. Descombes, H. Maitre, I. Bloch, C. Adamsbaum, G. Kalifa. – Fully automated analysis of adrenoleukodystrophy from dual echo MR images: Automatic segmentation and quantification. *In : Comptrter assisted Radiology CAR'95*, pp. 35–40, Berlin, Germany, June 1995.

[Bar00] V. Barra, J. Y. Boire. – Tissue segmentation on MR images by a possibilistic clustering on a 3D wavelet representation. *Magntic Resonance Imaging*, vol. 11, 2000, pp. 267–278.

[Bar01] V. Barra, J. Boire. – Automatic segmentation of subcortical brain structures in MR images using information fusion. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, n7, 2001, pp. 549–558.

[Beh98] F. Behloul, M. Janier, P. Croisille, C. Poirier, A. Boudraa, R. Unterreiner, J.C. Mason, D. Revel. – Automatic assessment of myocardial viability based on PET-MRI data fusion. *In : Proceedings of the 20th Annual International Conference of the IEEE on Engineering in Medicine and Biology Society*, pp. 492–495.

[Bet98] R.E. Bethel, G.J. Paras. – Pdf multisensor multitarget tracker. *IEEE Transactions on Aerospace and Electronic Systems*, vol. 34, n1, 1998, pp. 153–168.

[Bha86] B. Bhanu. – Automatic target recognition:state of the art survey. *IEEE Transactions on Aerospace and Electronic Systems*, vol. 22, nn4, 1986, pp. 364–376.

[Bio05] Bioch. – *5 SPECTROMETRIE DE RESONANCE MAGNETIQUE NUCLEAIRE*, 2005. Available online at http://www.snv.jussieu.fr/bmedia/lafont/spectro/C5.html.

[Blo] Isabelle Bloch. – Etude du volume partiel en imagerie médicale. – Available online at http://www.tsi.enst.fr/ bloch/refonte/volume_partiel.html.

[Blo46] F. Bloch. – Nuclear induction. *Physical Review*, 1946, pp. 460–474.

[Blo96a] Isabelle Bloch. – Information combination operators for data fusion: A comparative review with classification. *IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics*, vol. 26, n 1, 1996, pp. 52–67.

[Blo96b] Isabelle Bloch. – Some aspects of dempster-shafer evidence theory for classification of multi-modality medical images taking partial volume effect into account. *Pattern Recognition Letters*, vol. 17, n8, 1996, pp. 905–919.

[Blo97] Isabelle Bloch, Lars Aurdal, Domenico Bijno, Müller Jens. – Estimation of class membership functions for grey-level based image fusion. *In : Proceedings of ICIP'97*, pp. 268–271.

[Blo00] Isabelle Bloch. – Fusion of numerical and structural image information in medical imaging in the framework of fuzzy sets. *In :Fuzzy Systems in Medicine*, éd. par P. Szczepaniak *et al.*, pp. 429–447, Springer Verlag, 2000.

[Blo03] Isabelle Bloch. – *Fusion d'informations en traitement du signal et des images*, Lavoisier, 2003.

[Bou95] Charles A. Bouman. – Markov random fields and stochastic image models. *In : IEEE International Conference on Image Processing*, Washington, D.C., 23-26 October 1995. Available online at http://citeseer.ist.psu.edu/bouman95markov.html.

[Buc99] Kenneth A. Buckwalter, Mark Lowe. – Introduction to MRI. 1999. – available online at http://www.indyrad.iupui.edu/public/lectures/buckwalter_ken/mri/iu_lectures/mri_homepage.htm.

[Bur81] D. J. Burr. – Elastic matching of line drawings. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.,*, vol. PAMI-3, Nov. 1981, pp. 708–713.

[Cam04] K.P. Camilleri, P. Borg, S.G. Fabri, Muscat J., C.J. James. – Multiresolution elastic registration of head magnetic resonance images. *In : Proceeding of IASTED International Conference on Biomedical Engineering, BioMED 2004, 2/16/2004 - 2/18/2004, Innsbruck, Austria*, pp. 417–103.

[Can86] R.L. Cannon, J.V. Dave, J.C. Bezdek. – Efficient implementation of the fuzzy c-mean clustering algorithms. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 8, n2, 1986, pp. 248–255.

[Che95] H. D. Cheng, J. R. Chen. – Automatically determine the membership function based on the maximum entropy principle. *In : In 2nd Annual Joint Conf. on Information Sciences*, pp. 127–130, Wrightsville Beach, NC, 1995.

[Che00] S. Chen, Y.W. Jen. – Data fusion neural network for tool condition monitoring in cnc millingmachining. *International Journal of Machine Tools and Manufacture*, vol. 40, n3, 2000, pp. 381–400.

[Che04] Weijie Chen, Maryellen L. Giger. – A fuzzy c-means (FCM) based algorithm for intensity inhomogeneity correction and segmentation of MR images. *In : Proceedings of IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, pp. 1307–1310, Arlington, VA, USA, 2004. Available online at http://dblp.uni-trier.de.

[Chi86] R.T. Chin, C.R. Dyer. – Model-based recognition in robot vision. *ACM Computing Surveys*, vol. 18, n1, 1986, pp. 67–108.

[Cho90] P. B. Chou, C. M. Brown. – The theory and practice of bayesian image modeling. *Int. J. of Comp. Vision*, vol. 4, 1990, pp. 185 – 210.

[Cio04] Cybèle Ciofolo, Christian Barillot, Pierre Hellier. – Combining fuzzy logic and level set methods for 3D MRI brain segmentation. *In : Proceedings of IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, pp. 161–164, Arlington, VA, USA, 2004. Available online at http://dblp.uni-trier.de.

[Cla94] Hall L.O.-Goldgof D.B. Clarke-L.P. Velthuizen R.P. Silbiger M.S. Clark, M.C. – MRI segmentation using fuzzy clustering techniques. *IEEE Engineering in Medicine and biology*, vol. November/December, 1994, pp. 730–742.

[Cla98] Matthew C. Clark, Lawrence O. Hall, Dmitry B. Goldgof, Robert. Velthuizen, F. Reed Murtagh, Martin S. Silbiger. – Automatic tumor segmentation using knowledge-based techniques. *IEEE Transactions on medical imaging*, vol. 17, n2, 1998, pp. 187–201.

[Cla01] Stuart Clare. – NMR relaxation times. 2001. – Available online at http://www.fmrib.ox.ac.uk/ stuart/lectures/lecture2/sld001.htm.

[Coc] Kollokian V.-Kwan R. K-S. Cocosco, A., A. C. Evans. – Brain web: On-line interface to a 3D MRI simulated brain database. – Available online at http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb.

[Coc95] Sylvie Cocquerez, Jean-Pierre et Philipp. – *Analyse dąŕimagee: filtrage et segmentation*, Masson, Paris, 1995.

[Dav79] D. L. Davies, D. W. Bouldin. – A cluster separation measure. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 1, n2, April 1979, pp. 224–227.

[Dem67] A.P. Dempster. – Upper and lower probabilities induced by a multivalued mapping. *Ann. Math. Statistics*, 1967.

[Dem68] A.P. Dempster. – A generalization of bayesian inference. *J. Royal Statistical Soc. Series B*, vol. 30, 1968.

[Dem77] A.P. Dempster, N.M. Laird, D.B. Rubin. – Maximum likelihood from incomplete data via the em algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B (Methodological)*, vol. 39, n1, 1977, pp. 1–38.

[Dic94] E. D. Dickmanns, S. Werner, S. Kraus, R. Schell. – Experimental results in autonomous landing approaches by dynamic machine vision. *In : Proceedings of SPIE - The International Society for Optical Engineering*, pp. 304–313, Orlando,FL,USA, 1994.

[Dom82] J. Dombi. – A general class of fuzzy operators demorgan class of fuzzy operators and fuzziness measures induced by fuzzy operators. 1982. – Available online at http://www.inf.u-szeged.hu/ dombi/general.ps.

[Dou02] Weibei Dou, Su Ruan, Qingmin Liao, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans, Yanping Chen. – Automatic brain tumor extraction using fuzzy information fusion. *SPIE*, vol. 4875, August 2002, pp. 604–609.

[Dou03a] Weibei Dou, Su Ruan, Qingmin Liao, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans. – Knowledge based fuzzy information fusion applied to classification of abnormal brain tissues from MRI. *In : Proceedings of Seventh International Symposium on Signal Processing and its Application (ISSPA'03)*, Paris, 1-4 July 2003.

[Dou03b] Weibei Dou, Su Ruan, Qingmin Liao, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans, Yanping Chen. – Fuzzy information fusion scheme used to segment brain tumor from magnetic resonance images. *In : International Workshop on Fuzzy Logic and Applications (WILF2003)*, Napoli, ITALY, 9-11 October 2003.

[Dou04] Weibei Dou, Su Ruan, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans, Yanping Chen. – Segmentation based on information fusion applied to brain tissue on MRI. *SPIE-IST Electronic Imaging*, vol. 5298, 2004, pp. 492–503.

[Dou05a] Weibei Dou, Yuan Ren, Su Ruan, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans, Yanping Chen. – Histogram-based generation method of membership function for extracting features of brain tissues on MRI images. *Lecture Notes in Computer Science/Lecture Notes in Artificial Intelligence (LNCS/LNAI)*, vol. 3613, 2005, pp. 189–194.

[Dou05b] Weibei Dou, Yuan Ren, Qian Wu, Su Ruan, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans. – Fuzzy kappa used for evaluating the agreement of fuzzy classifications. *In : Proceedings of International Conference on Intelligent Computing (ICIC2005)*, pp. 726–735, Hefei, China, August 23-26 2005.

[Dou05c] Weibei Dou, Qian Wu, Yanping Chen, Su Ruan, Jean-Marc Constans. – Fuzzy modelling of different tumorous cerebral tissues on MRI images based on fusion of feature information. *In : Proceedings of 27th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC 2005)*, Shanghai, China, 1-4 September 2005.

[Dou06a] Weibei Dou, Yuan Ren, Qian Wu, Su Ruan, Yanping Chen, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans. – Fuzzy kappa for the agreement measure of fuzzy classifications. *Neurocomputing*, vol. xx (in press), 2006.

[Dou06b] Weibei Dou, Su Ruan, Yanping Chen, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans. – A framework of fuzzy information fusion for the segmentation of brain tumor tissues on MR images. *Image and Vision Computing*, vol. xx (in press), 2006.

[Dou06c] Weibei Dou, Su Ruan, Qingmin Liao, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans, Yanping Chen. – Fuzzy information fusion scheme used to segment brain tumor from magnetic resonance images. *Lecture Notes in Computer Science/Lecture Notes in Artificial Intelligence (LNCS/LNAI)*, vol. 2955, 2006, pp. 208 – 215.

[Dub00] Didier Dubois, Henri Prade. – *Fundamentals of fuzzy sets*, Kluwer academic publishers, 2000.

[Dud73] R. O. Duda, P. E. Hart. – *Pattern Classification and Scene Analysis*, John Wiley and Sons, 1973.

[Dyc84] H. Dyckhoff, W. Pedryez. – Generalized means as a model of compensative connectives. *Fuzzy Sets and Systems*, vol. 14, 1984, pp. 143–154.

[Far02] Gary Farr. – Radiologic imaging / magnetic resonance imaging (MRI), April 2002. Available online at http://www.becomehealthynow.com/article/diagradiology/637.

[FSL] FMRIB *Software Library.* – Rapport technique. Disponible sur http://www.fmrib.ox.ac.uk/fsl/.

[Gau00] L. Gautier, M.and Postaire J.-G.and Leclet H. Taleb-Ahmed, A.and Rombaut. – Belief function in low level data fusion : application in MRI images of vertebra. *In : Proceedings of the Third International Conference on Information Fusion*, pp. TUC5/3–TUC5/8, Paris, France, 2000.

[Gee00] J.C. Gee. – Performance evaluation of medical image processing algorithms. *SPIE*, vol. 3979, 2000, pp. 19–27.

[Gem84] S. Geman, G. Geman. – Stochastic relaxation, gibbs distribution and the bayesian restoration of images. *IEEE Trans. PAMI*, vol. 6, n6, 1984, pp. 721–741.

[Gem90] D. Geman, S. Geman, P. Dong. – Boundary detection by constrained optimization. *IEEE Trans. PAMI*, vol. 12, n7, 1990, pp. 609 – 628.

[Gue] Guerbet. – L'imagerie médicale. – Availabel online at http://www.guerbet.com/pa_imagerie.html.

[Haa99] B. Haack, M. Bechdol. – Multisensor remote sensing data for land use/cover mapping. *Computers, Environment and Urban Systems*, vol. 23, n1, 1999, pp. 53–69.

[Hal92] David L. Hall. – *Mathematical Techniques in Multisensor Data Fusion*, ARTECH HOUSE, INC., 1992.

[Ham78] H. Hamacher. – *Über Logische Agregationen Nich Binar Explizierter Entscheidungskriterien*, Rita G. Fischer Verlage, Frankfurt am Main, 1978.

[Han] Jingfeng Han. – Fuzzy c-means algorithm for classification of MRI images. *Tutorials to Scientific Computing (Matlab programming), SS2005.* – Available online at http://www9.informatik.uni-erlangen.de/Teaching/SS2005/ScieComTut/Proj_2_FCM_new.pdf.

[Har94] G. J. Harris, P. E. Barta, L. W. Peng, S. Lee, P. D. Brettschneider, A. Shah, J. D. Henderer, T. E. Schlaepfer, G. D. Pearison. – MR volume segmentation of gray matter and white matter using manual thresholding: Dependence on image brightness. *Amer. J. Neuroradiol.*, vol. 15, 1994, pp. 225–230.

[Hav99] D. Haverkamp, C. Tsatsoulis. – Information fusion for estimation of summer mizice concentration from sar imagery. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, vol. 37, n3, 1999, pp. 1278–1291.

[Hel97] Karsten Held, Elena Rota Kop, Bernd J. Kraus, William M. Wells III, Ron Kikinis, Hans Wilhelm Müller-Gärtne. – Markov random field segmentation of brain MR images. *IEEE Trans. Medical Imaging*, vol. 16, n6, Dec. 1997, pp. 878–886.

[Hen93] R. Hendrick, E. Haacke. – Basic physics of MR contrast agents and maximization of image contrast. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, vol. 3, n1, 1993, pp. 137–148.

[Her96] A. Hernandez, O. Basset, I. Magnin, A. Bremond, G. Gimenez. – Fusion of ultrasonic and radiographic images of the breast. *In : Proc. IEEE Ultrasonics Symposium*, pp. 1437–1440, San Antonio,TX,USA, 1996.

[Her99] A. I. Hernandez, G. Carrault, F. Mora, L. Thoraval, G. Passariello, J.M. Schleich. – Multisensor fusion for atrial and ventricular activity detection in coronary care monitoring. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 46, n 10, 1999, pp. 1186–1190.

[HM03] S. Herlidou-Meme, JM. Constans, B. Carsin, D. Olivie, PA. Eliat, L. Nadal-Desbarats, C. Gondry, E. Le Rumeur, I. Idy-Peretti, JD. de Certaines. – MRI texture analysis on texture test objects, normal brain and intracranial tumors. *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 21, n9, 2003, pp. 989–993.

[Jez01] Peter Jezzard. – Introduction to NMR. 2001. – Available online at http://www.fmrib.ox.ac.uk/ stuart/lectures/lecture1/sld001.htm.

[Jia01] Ming Jiang. – Mathematical models in computer vision and image processing. *Lecture notes, Department of Information Science, School*

*of Mathematics, Peking University*, 2001. – Available online at http://www.is.pku.edu.cn/ jiangm/publications/files/vision.pdf.

[Jia03] Lei Jiang, Wenhui Yang. – A modified fuzzy c-means algorithm for segmentation of magnetic resonance images. *In : Proc. VIIth Digital image conputing: techniques and applications*, Sydney, Dec. 2003. Available online at http://www.cmis.csiro.au/Hugues.Talbot/dicta2003/cdrom/pdf/0225.pdf.

[Kar04] E. Karp, R. Vigário. – Unsupervised MRI tissue classification by support vector machines. *In : Proceeding of Biomedical Engineering (BioMED 2004)*, Innsbruck, Austria, 2004.

[Kas88] M. Kass, A. Witkin, D. Terzopoulos. – Snakes: Active contour models. *IJCV*, vol. 1, n4, 1988, pp. 321–331.

[Kau97] J. Kaufhold, M. Schneider, W. C. Karl, A. Willsky. – MR image segmentation and data fusion using a statistical approach. *In : International Conference on Image Processing (ICIP'97)*, Santa Barbara, 1997.

[Kau99] Michael Kaus, Simon K. Warfield, Arya Nabavi, et al. – Segmentation of meningiomas and low grade gliomas in MRI. *LNCS*, vol. 1679, 1999, pp. 1–10.

[Kau01] Michael Kaus, Simon K. Warfield, Arya Nabavi, Peter M. Black, Ferenc A. Jolesz, Ron Kikinis. – Automated segmentation of MRI of brain tumors. *Radiology*, vol. 218, 2001, pp. 586–591.

[Kik92] R. Kikinis, M. Shenton, F. A. Jolesz, G. Gerig, J. Martin, M. Anderson, D. Metcalf, C. Guttmann, R. W. McCarley, W. Lorensen, H. Cline. – Quantitative analysis of brain and cerebrospinal fluid spaces with MR imaging. *J. Magn. Res. Imag.*, 1992, pp. 619–629.

[Kja95] L. Kjaer, P. Ring, C. Thomsen, O. Henriksen. – Texture analysis in quantitative MR imaging. tissue characterisation of normal brain and intracranial tumours at 1.5 t. *Acta Radiol*, vol. 36, n2, 1995, pp. 127–135.

[Lai94] K.F. Lai. – *Deformable contout : Modeling, Extraction, Detection and Classification*, Wisconsin-Madison University, 1994.

[Lee03] Maes F. Vandermeulen D. Suetens-P. Leemput, K.V. – A unifying framework for partial volume segmentation of brain MR images. *IEEE Trans. on Med. Imag.*, vol. 22, 2003, pp. 105–119.

[Lef00] E. Lefevre, P. Vannoorenberghe, O. Colot. – About the use of dempster-shafer theory for color image segmentation. *In : First International Conference on Color in Graphics and Image Processing*, Saint-Etienne, France, October 2000.

[Lev00] M. Leventon, E. Grimson, O. Faugeras. – Statistical shape influence in geodesic active contours. *In : Proc. CVPR'00*, pp. I: 316–323.

[Lia04] Qingmin LiaO, Yingying Deng, Weibei Dou, Su Ruan, Daniel Bloyet. – Possibilistic clustering based MR brain image segmentation with accurate initialization. *SPIE-IST Electronic Imaging*, vol. 5308, 2004, pp. 876–880.

[Lim89] K. O. Lim, A. Pfefferbaum. – Segmentation of MR brain images into cerebrospinal fluid spaces, white and gray matter. *J. Comput. Assist. Tomogr.*, vol. 13, n 4, 1989, pp. 588–593.

[Mag] *Magnetic Resonance - Technology Information Portal.* – Rapport technique. Disponible sur http://www.mr-tip.com.

[Mai03] Henri Maitre. – *Le traitement des images*, Hermes-Science, Lavoisier, Paris, 2003.

[Mak03] Masoud Makrehchi, Otman Basir, Mohamed Kamel. – Generation of fuzzy membership function using information theory measures and genetic algotithm. *In : Fuzzy sets and systems-IFSA 2003, LNAI*, pp. 603–610, Istanbul, Turkey, June/July 2003.

[McL00] G. McLachlan, D. Peel. – *Finite Mixture Models*, Wiley, New York, 2000.

[Med97] R. Medina, M. Garreau, J.L. Coatrieux, H. Lebreton. – An evidence combination approach to reconstruction of the left ventricle from two angiographic views. *Computers in Cardiology*, vol. 24, 1997, pp. 315–318.

[Med04] R. Medina, M. Garreau, J.L. Coatrieux, D. Jugo, J. Toro. – 3D reconstruction of the left ventricle from two angiographic views: An evidence combination approach. *IEEE Transactions Systems, Man and Cybernetics, Part A : Systems and Humans*, vol. 34, n 3, 2004, pp. 359–370.

[Med05] Medcyclopedia. – Physics, techniques and procedures. 1997-2005. – Availabel online at http://www.medcyclopaedia.com/library/topics/volume_i/b/bloch_equation.htm.

[Mem] lycos Membres. – Points positifs et négatifs intérèt de l'IRM. – Available online at http://membres.lycos.fr/gfroua/points_positifs_et_negatifs.htm.

[MG03] D. Mahmoud-Ghoneim, G. Toussaint, JM. Constans, JD. de Certaines. – Three dimensional texture analysis in MRI: a preliminary evaluation in gliomas. *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 21, n 9, November 2003, pp. 983–987.

[Nik98] Christophoros Nikou, Fabrice Heitz, Jean Paul Armspach, Namer Izzie Jacques, Daniel Grucker. – Registration of MR/MR and MR/SPECT brain images by fast stochastic optimization of robust voxel similarity measures. *NeuroImage*, vol. 8, 1998, pp. 30–43.

[Nik99] Christophoros Nikou. – *Recalage d'images médicales multimodales : approches par fonctions de similarité robustes et modèles déformables sous contraintes statistiques*, Thèse de doctorat, Université Louis Pasteur (Strasbourg I), France, Juin 1999.

[Nob05] V. Noblet, Ch. Heinrich, F. Heitz, J.-P. Armspach. – 3D deformable image registration: a topology preservation scheme based on hierarchical deformation models and interval analysis optimization. *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 14, n5, 2005, pp. 553–566.

[Nob06] Vincent Noblet. – *Atlas statistique anatomique du cerveau humain. Application au recalage, à la segmentation et à l'aide au diagnostic*, Thèse de doctorat, Université Louis Pasteur (Strasbourg I), France, Mars 2006.

[Nun99] J. Nunez, X. Otazu, O. Fors, A. Prades, V. Pala, R. Arbiol. – Multiresolutionbased image fusion with additive wavelet decomposition. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, vol. 37, n3, 1999, pp. 1204–1211.

[Osh88] S. Osher, J.A. Sethian. – Fronts propagating with curvature dependent speed: Algorithmes based on hamilton-jacobi formulations. *J. Computational Phys.*, vol. 79, 1988, pp. 12–49.

[Osw] peruta Oswald. – L'effet de volume partiel. – Available online at http://oswald.peruta.free.fr/irm-genou/technique.htm.

[Ozk93] M. Ozkan, B. M. Dawant, R. J. Maciunas. – Neural-networkbased segmentation of multi-modal medical images: A comparative and prospective study. *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 12, n3, 1993, pp. 534–544.

[Pap92] T. N. Pappas. – An adaptive clustering algorithm for image segmentation. *IEEE Trans. Signal Proc.*, vol. 40, 1992, pp. 901–914.

[Ped98] Witold Pedrycz, Fernando Gomide. – *An introduction to fuzzy sets analysis and design*, The MIT Press, 1998.

[Pit02] Alain Pitiot, Arthur W. Toga, Paul M. Thompson. – Adaptive elastic segmentation of brain MRI via shape-model-guided evolutionary programming. vol. 21, n8, 2002, pp. 910–923.

[Pol05] Claudio Pollo, Meritxell Bach Cuadra, Olivier Cuisenaire, Jean-Guy Villemure, Jean-Philippe Thiranb. – Segmentation of brain structures in presence of a space-occupying lesion. *NeuroImage*, vol. 24, 2005, pp. 990–996.

[Raj97] Jagath C. Rajapakse, Jay N. Giedd, Judith L. Rapoport. – Statistical approach to segmentation of single-channel cerebral MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 16, n2, April 1997, pp. 176–186.

[Rua00] Su Ruan, Cyril Jaggi, Jinghao Xue, Jalal Fadili, Daniel Bloyet. – Brain tissue classification of magnetic resonance images using partial volume modeling. *IEEE Transactions on medical imaging*, vol. 19, n12, 2000, pp. 1179–1187.

[Rua02a] S. Ruan, B. Moretti, J. Fadili, D. Bloyet. – Fuzzy markovian segmentation in application of magnetic resonance images. *Computer vision and image understanding*, vol. 85, 2002, pp. 54–69.

[Rua02b] Su Ruan, Daniel Bloyet, Marinette Revenu, Weibei Dou, Qingming Liao. – Cerebral magnetic resonance image segmentation using fuzzy markov random fields. *In : Proceedings of IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI2002)*, pp. 237–240, Washington D.C., USA., 7-10 July 2002.

[Rua06] Su Ruan, Weibei Dou, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans. – Fuzzy fusion system for brain MRI image segmentation. *In : IFAC Symposium on MCBMS06*, Reims, France, 20-22, September 2006.

[Sah00] P.K. Saha, J.K. Udupa. – Scale-based fuzzy connected image segmentation: Theory, algorithms, and validation. *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 77, 2000, pp. 145–174.

[Sah01] P.K. Saha, J.K. Udupa. – Fuzzy connected object delineation: Axiomatic path strength definition and the case of multiple seeds. *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 83, 2001, pp. 275–295.

[San93] P. Santago, H. D. Gage. – Quantification of MR brain images by mixture density and partial volume modeling. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 12, n3, 1993, pp. 566–574.

[Sch98] Vesin J-M. Langenberger T.-Meuli R. Schroeter, P. – Robust parameter estimation of intensity distributions for brain magnetic resonance images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 17, 1998, pp. 172–186.

[Sch01] Malene Schlaikjer. – MRI- the basic theory. 2001. – Available online at http://www.es.oersted.dtu.dk/ masc/indexMR.html.

[Sha76] G. Shafer. – *A mathematical theory of evidence*, Princeton University Press, 1976.

[Sie88] Sidney Siegel, Jr. N. J. Castellan. – *Nonparametric Statistics for the Behavioral Sciences*, Second edition. McGraw-Hill., 1988.

[Sob01] S. Sobottka, S. Steinmeier, B. Beuthien-Baumann, D. Mucha, G. Schackert. – Evaluation of automatic multimodality fusion technique of PET and MRI/CT images for computer assisted brain tumor surgery. *International Congress Series*, vol. 1230, n 6, 2001, pp. 261–267.

[Son02] Milan Sonka, Vaclav Hlavac, Roger Boyle. – *Image Processing, Analysis, and Machine Vision, Second Edition.*, Brooks/Cole, 2002.

[SPM] *Statistical Parametric Mapping.* – Rapport technique. Disponible sur http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/.

[Sty00] Brechbuhler C.-Szekely G. Gerig-G. Styner, M. – Parametric estimate of intensity inhomogeneities applied to MRI. *IEEE Trans. on Med. Imag.*, vol. 19, 2000, pp. 153–165.

[Sun05] Wei Sun, Yaonan Wang. – Segmentation method of MRI using fuzzy gaussian basis neural network. *Neural Information Processing - Letters and Reviews*, vol. 8, n 2, August 2005.

[Swe96] B.T. Sweet, C.L. Tiana. – Image processing and fusion for landing guidance. *In : SPIE, Vol.2736*, pp. 84–95.

[Tia05] Chunna Tian, Xinbo Gao. – Relative fuzzy connected interactive image segmentation algorithm using redundant wavelet transform. *In : Fuzzy logic, soft computing and computational intelligence, IFSA 2005, eleventh international fuzzy systems association world congress*, pp. 1026–1030, Beijing, China, July 28-31 2005.

[Tit85] D. M. Titterington, A. F. M. Smith, U. E. Makov. – *Statistical Analysis of Finite Mixture Distributions*, New York: Wiley, 1985.

[Udu96] Jayarma K. Udupa, Supun Samarasekera. – Fuzzy connectedness and object definition: Theory, algorithms, and applications in image segmentation. *Graphical models and image processing*, vol. 58, n3, 1996, pp. 246–261.

[Udu97] J.K. Udupa, L. Wei, L.S. Samarasekera, Y. Miki, M.A. van Buchem, R.I. Grossman. – Multiple sclerosis lesion quantification using fuzzy-connectedness principles. *IEEE Transactions on medical imaging*, vol. 16, n5, 1997, pp. 598–609.

[Udu99] Jayarma K. Udupa, Punam K. Saha, Roberto A. Lotufo. – Fuzzy connected object definition in images with respect to co-objects. *In : SPIE, proceedings of IEEE Medical imaging*, pp. 236–245, San Diego, CA, USA, 1999.

[Udu02] Jayarma K. Udupa, Punam K. Saha, Roberto A. Lotufo. – Relative fuzzy connectedness and object definition: Theory, algorithms, and applications in image segmentation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 24, n11, 2002, pp. 1485–1500.

[Udu03] Jayarma K. Udupa, Punam K. Saha. – Fuzzy connectedness and image segmentation. *In : Proceedings of IEEE on Parallel and Large-Data Visualization and Graphics*, pp. 1649–1669, Seattle, WA, USA, 2003.

[Vap95] V.N. Vapnik. – *The Nature of Statistical Learning Theory*, Berlin: Springer-Verlag, 1995.

[Wal90] Edward Waltz, James Llinas. – *Multisensor Data Fusion*, ARTECH HOUSE, 1990.

[Wal95] E.D. Waltz. – The principles and practice of image and spatial data fusion. *In : Proceedings of the 8th National Data Fusion Conference*, pp. 257–278, Dallas, Texas, March 1995.

[Wal01] E.D. Waltz. – Chapter 4: The principles and practice of image and spatial data fusion. *In :Handbook of multisensor data fusion*, éd. par James Llinas Davis L. Hall, pp. 4(1)–4(18), CRC press, 2001.

[War00] S.K. Warfield, M. Kaus, F.A. Jolesz, R. Kikinis. – daptive, template moderated, spatially varying statistical classification. *A. Medical Image Analysis*, vol. 4, n1, 2000, pp. 43–55.

[Wel96] W.M. Wells, W.E.L. Grimson, R. Kikinis, F.A. Jolesz. – Adaptive segmentation of MRI data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 15, 1996, pp. 429–442.

[Wu05] Qian Wu, Weibei Dou, Yanping Chen, Jean-Marc Constans. – Fuzzy segmentation of cerebral tumorous tissues in MR images via support vector machine and fuzzy clustering. *In : Proceedings of the 11th World Congress of International Fuzzy Systems Association (IFSA 2005)*. pp. 962–965, Beijing, China, July 2005.

[Xue01] J. Xue, S. Ruan, B. Moretti, M. Revenu, D. Bloyet. – Knowledge-based segmentation and labeling of brain structures from MRI images. *Pattern Recognition Letters*, vol. 22, n3-4, 2001, pp. 395–405.

[Yag] R.R. Yager. – On a general class of fuzzy connectives-iona college technical report. *iona college technical report.*

[Yag81] R.R. Yager. – A new methodology for ordinal multiple aspect decisions based on fuzzy sets. *Decision Science*, vol. 12, 1981, pp. 589–600.

[Yel99] M. Yelverton, B. Cusson, T. Timmons, K. Stoddard. – Using automatic fault detection to improve diffusion furnace performance and reduce wafer scrap. *A. Medical Image Analysis*, vol. 17, n4, 1999, pp. 27–33.

[Zad65] Lotfi A. Zadeh. – Fuzzy sets. *Information and Control*, vol. 8, n3, 1965, pp. 338–353.

[Zad78] Lotfi A. Zadeh. – Fuzzy sets as a basis for a theory of possibility. *Fuzzy stes and systems*, vol. 1, n1, 1978, pp. 3–28.

[Zha94] Y.J. et al Zhang. – Objective and quantitative segmentation evaluation and comparison. *Signal Processing*, vol. 39, n3, 1994, pp. 43–54.

[Zha96] Y.J. Zhang. – A survey on evaluation methods for image segmentation. *Pattern Recognition*, vol. 29, n8, 1996, pp. 1335–1346.

[Zha01] Y.J. Zhang. – A review of recent evaluation methods for image segmentation. *In : Proceedings of the Sixth International Symposium on Signal Processing and Its Applications*, pp. 148–151.

[Zhu] Chaozhe Zhu, Tianzi Jiang. – Knowledge guided information fusion for segmentation of multiple sclerosis lesions in MRI images. – Available online at http://nlpr-web.ia.ac.cn/english/ mic/ChaozheZhu/doc/5032-164.doc.

[Zhu02] Yue Min Zhu, Layachi Bentabet, Olivier Dupuis, Valérie Kaftandjian, Daniel Babot, Michèle Rombaut. – Automatic determination of mass functions in dempster-shafer theory using fuzzy c-means and spatial neighborhood information for image segmentation. *Optical Engineering*, vol. 41, n4, 2002, pp. 760–770.

[Zhu04a] Yan Zhu. – *Fuzzy aggregators and their application in* MRI *tumor segmentation.* – Rapport technique, GREYC-ENSICAEN, 2004.

[Zhu04b] Haihong Zhuang, Daniel J. Valentino. – Level set method for skull-stripping MR brain images. *In : Proceedings of ISBI 2004*, pp. 97–100. Available online at http://dblp.uni-trier.de.

[Zhu05] Yan Zhu, Qingmin Liao, Weibei Dou, Ruan Su. – Brain tumor segmentation in MRI based on fuzzy aggregators. *SPIE*, vol. 5960, 2005, pp. 1704–1711.

[Zij94] A.P. Zijdenbos, B.M. Dawant, R.A. Margolin, A.C. Palmer. – Morphometric analysis of white matter lesions in MR images: method and validation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 13, 1994, pp. 716–724.

[Zim80] H.J. Zimmermann, P. Zysno. – Latent connectives in human decision making. *Fuzzy Sets and Systems*, vol. 4, n1, 1980, pp. 37–51.

# Liste des publications de l'auteur

## Revues internationales

1. [Dou05a] Weibei Dou, Yuan Ren, Yanping Chen, Su Ruan, Daniel Bloyet, and Jean-Marc Constans, - Histogram-based Generation Method of Membership Function for Extracting Features of Brain Tissues on MRI Images, Lecture Notes in Computer Science/Lecture Notes in Artificial Intelligence (LNCS/LNAI) Vol.3613 (2005), pp.189-194.

2. [Dou06a] Weibei Dou, Yuan Ren, Qian Wu, Su Ruan, Yanping Chen, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans, - Fuzzy Kappa for the Agreement Measure of Fuzzy Classifications, Neurocomputing, Vol.xx (2006), (in press).

3. [Dou06b] Weibei Dou, Su Ruan, Yanping Chen, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans, - A framework of fuzzy information fusion for the segmentation of brain tumor tissues on MR images, Image and Vision Computing, Vol.xx (2006), (in press).

4. [Dou06c] Weibei Dou, Su Ruan, Qingmin Liao, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans, and Yanping Chen - Fuzzy Information Fusion Scheme Used to Segment Brain Tumor from Magnetic Resonance Images, Lecture Notes in Computer Science/Lecture Notes in Artificial Intelligence (LNCS/LNAI) Vol.2955 (2006), pp.208 - 215.

## Conférences internationales

1. [Dou02] Weibei Dou, Su Ruan, Qingmin Liao, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans, Yanping Chen, - Automatic brain tumor extraction using fuzzy information fusion, 2nd International Conference on Image and Graphic (ICIG'02), August 2002, Anhui, China.

Published by the SPIE Vol.4875 (2002), pp.604-609.

2. [Dou03a] Weibei Dou, Su Ruan, Qingmin Liao, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans, - Knowledge based fuzzy information fusion applied to classification of abnormal brain tissues from MRI, Seventh International Symposium on Signal Processing and its Application 2003 (ISSPA'03), July 1-4, 2003, Paris. Proc. Vol.1, pp.681-684.

3. [Dou04] Weibei Dou, Su Ruan, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans, Yanping Chen, - Segmentation based on Information Fusion Applied to Brain Tissue on MRI, IST/SPIE's 16th Annual Symposium Electronic Imaging, 18-22 January 2004, in San Jose, California, USA.

   Published by the SPIE-IST Electronic Imaging, Vol.5298 (2004), pp.492-503.

4. [Dou05b] Weibei Dou, Yuan Ren, Qian Wu, Su Ruan, Daniel Bloyet, and Jean-Marc Constans, - Fuzzy kappa used for evaluating the agreement of fuzzy classifications, Proceedings of International Conference on Intelligent Computing 2005 (ICIC2005) August 23-26, 2005, in Hefei, China, pp.726-735.

5. [Dou05c] Weibei Dou, Qian Wu, Yanping Chen, Su Ruan, and Jean-Marc Constans, - Fuzzy modelling of different tumorous cerebral tissues on MRI images based on fusion of feature informatio, Proceedings of 27th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC 2005), 1-4 September 2005 in Shanghai, China.

6. [Wu05] Qian Wu, Weibei Dou, Yanping Chen, and Jean-Marc Constans, - Fuzzy segmentation of cerebral tumorous tissues in MR images via support vector machine and fuzzy clustering, Proceedings of 11th World Congress of International Fuzzy Systems Association (IFSA 2005), July 28-31, 2005, Beijing, China, pp.962-965.

7. [Zhu05] Yan Zhu, Qingmin Liao, Weibei Dou, Su Ruan, - Brain Tumor Segmentation in MRI Based On Fuzzy Aggregator, Internation conference of SPIE - VCIP (Visual Communications and Image Processing), 12-15 July 2005, in Beijing, China.

   Published by the SPIE Vol.5960 (2005), pp.1704-1711.

8. [Lia04] Qingmin Liao, Yingying Deng, Weibei Dou, Su Ruan, Daniel Bloyet, - Possibilistic clustering based MR brain image segmentation with accurate initialization, International conference of SPIE-VCIP (Visual Communications and Image Processing) 18-22 January 2004, San Jose, California, USA.

   Published by the SPIE Vol.5308 (2004), pp.876-880.

9. [Rua02b] Su Ruan, Daniel Bloyet, Marinette Revenu, Weibei Dou, Qingming Liao, - Cerebral Magnetic Resonance Image Segmentation using Fuzzy Markov Random Fields, Proceedings of IEEE International Symposium on Biomedical Imaging, Washington D.C. July 7-10 2002, pp.237-240.

10. [Rua06] Su Ruan, Weibei Dou, Daniel Bloyet, Jean-Marc Constans, - Fuzzy fusion system for brain MRI image segmentation, IFAC Symposium on MCBMS06, Reims, 20-22 Septembre, 2006.