



HAL
open science

Segmentation des tissus et structures sur les IRM cérébrales : agents markoviens locaux coopératifs et formulation bayésienne.

Benoît Scherrer

► **To cite this version:**

Benoît Scherrer. Segmentation des tissus et structures sur les IRM cérébrales : agents markoviens locaux coopératifs et formulation bayésienne.. Modélisation et simulation. Institut National Polytechnique de Grenoble - INPG, 2008. Français. NNT : . tel-00361317

HAL Id: tel-00361317

<https://theses.hal.science/tel-00361317>

Submitted on 13 Feb 2009

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.

Titre : Segmentation des tissus et structures sur les IRM cérébrales : agents markoviens locaux coopératifs et formulation bayésienne.

Résumé : La segmentation des IRM cérébrales est une étape cruciale pour de nombreuses applications, tant dans le domaine clinique que pour les neurosciences. Elle est rendu difficile par les artéfacts inhérents à ce type d'image, leur faible contraste et les importantes variations individuelles qui limitent l'introduction de connaissances a priori. Dans cette thèse nous proposons une nouvelle approche de segmentation des IRM cérébrales dont l'originalité réside (1) dans le couplage de la segmentation des tissus, de la segmentation des structures et de l'intégration de connaissances anatomiques et (2) la volonté de prendre en compte la localité de l'information.

La localité est modélisée via un cadre multi-agents : des agents sont distribués dans le volume et réalisent une segmentation markovienne locale. Dans une première approche (LOCUS, Local Cooperative Unified Segmentation) nous proposons des mécanismes intuitifs de coopération et de couplage pour assurer la cohérence des modèles locaux. Les structures sont segmentées via l'intégration de contraintes de localisation floue décrites par des relations spatiales entre structures. Dans une seconde approche (LOCUS^B, LOCUS in a Bayesian framework) nous considérons l'introduction d'un atlas statistique des structures. Nous reformulons le problème dans un cadre bayésien nous permettant une formalisation statistique du couplage et de la coopération. Segmentation des tissus, régularisation des modèles locaux, segmentation des structures et recalage local affine de l'atlas sont alors réalisés de manière couplée dans un cadre EM, chacune des étapes s'améliorant mutuellement.

L'évaluation sur des images simulées et réelles montrent les performances de l'approche et en particulier sa robustesse aux artéfacts pour de faibles temps de calculs. Les modèles markoviens locaux distribués et coopératifs apparaissent alors comme une approche prometteuse pour la segmentation d'images médicales.

Mots-clés : Segmentation, Champ de Markov, Multi-agents, Estimation EM distribuée, IRM cérébrale

Title : MR brain scan tissues and structures segmentation: local cooperative Markovian agents and Bayesian formulation.

Abstract : Accurate magnetic resonance brain scan segmentation is critical in a number of clinical and neuroscience applications. This task is challenging due to artifacts, low contrast between tissues and inter-individual variability that inhibit the introduction of a priori knowledge. In this thesis, we propose a new MR brain scan segmentation approach. Unique features of this approach include (1) the coupling of tissue segmentation, structure segmentation and prior knowledge construction, and (2) the consideration of local image properties.

Locality is modeled through a multi-agent framework : agents are distributed into the volume and perform a local Markovian segmentation. As an initial approach (LOCUS, Local Cooperative Unified Segmentation), intuitive cooperation and coupling mechanisms are proposed to ensure the consistency of local models. Structures are segmented via the introduction of spatial localization constraints based on fuzzy spatial relations between structures. In a second approach, (LOCUS^B, LOCUS in a Bayesian framework) we consider the introduction of a statistical atlas to describe structures. The problem is reformulated in a Bayesian framework, allowing a statistical formalization of coupling and cooperation. Tissue segmentation, local model regularization, structure segmentation and local affine atlas registration are then coupled in an EM framework and mutually improve.

The evaluation on simulated and real images shows good results, and in particular, a robustness to non-uniformity and noise with low computational cost. Local distributed and cooperative MRF models then appear as a powerful and promising approach for medical image segmentation.

Keywords : Segmentation, Markov Random Field, Multi-agents system, Distributed EM estimation, MR Brain scan

Remerciements

Cette thèse est le fruit d'un travail de trois ans réalisé en collaboration avec des laboratoires de recherche de différents domaines. Je suis bien incapable d'énumérer ici toutes les personnes que je souhaiterais remercier et j'espère que celles que j'aurais oublié ne m'en tiendront pas rigueur.

Je tiens à remercier les membres de mon jury pour l'accueil qu'ils ont su réserver à mon travail et pour les efforts consacrés à la lecture de ce manuscrit. Merci à mes deux rapporteurs, Christian Barillot et Jean-Philippe Thiran, pour l'attention portée à mon rapport de présoutenance malgré un emploi du temps chargé. Merci également à Grégoire Malandain pour avoir corrigé un bon nombre de coquilles, et à Christian Jutten de m'avoir fait l'honneur de présider ce jury.

Je remercie tout particulièrement et sans réserve mes co-directeurs de thèse Catherine Garbay et Michel Dojat, pour leur soutien sans relâche, leur disponibilité, leur écoute et leur rigueur. Merci de m'avoir encouragé à prendre du recul sur mon travail, et de m'avoir initié au fonctionnement de la recherche scientifique. De même, un immense merci à Florence Forbes de l'équipe MISTIS à l'INRIA pour son influence considérable sur ma compréhension des champs de Markov. Merci pour sa présence à toutes nos réunions hebdomadaires, pour tous les échanges que nous avons pu avoir, pour son dynamisme et son enthousiasme. Travailler dans cet environnement pluridisciplinaire encadré par deux puis trois chercheurs au sens humain incroyable a été un vrai plaisir. Merci à eux pour tous ces moments partagés. Je garderai particulièrement en mémoire les longues marches dans Alger, Amsterdam ou New York avec eux.

Je tiens aussi à remercier Christoph Segebarth de m'avoir accueilli dans l'équipe Neuro-imagerie Fonctionnelle et Métabolique du Grenoble Institut des Neurosciences, ainsi que Yves Demazeau pour l'accueil dans l'équipe MAGMA du Laboratoire d'Informatique de Grenoble. Merci à toutes les personnes que j'ai eu l'occasion de côtoyer dans ces laboratoires, en particulier Flor Vasseur, Senan Doyle et Emilie Chipon avec qui j'ai eu de très bons moments. J'exprime aussi ma gratitude aux gestionnaires des équipes dans lesquelles j'ai travaillé, Zilora Zouaoui, Marie-Claude Zaroni, Barta Angles et Céline Fontant, pour leur gentillesse alors que j'ai rarement été dans les temps pour les formalités administratives.

Un grand merci aussi à tous mes amis de Grenoble, qui m'ont permis de passer des années inoubliables dans cette ville avec beaucoup de souvenirs : ski, waterslide, kayak, VTT, randonnées, refuges, sauna, golf, ... Merci à mes différents colocataires, aussi bien de l'avenue Foch, que de l'île Verte. Merci aussi à Quentin et Audrey pour l'appartement dans la maison à Eybens, ainsi qu'au Chalet Crew et aux mémorables repas du lundi. En particulier, merci à Antoine Vermeille, mon plus vieil ami que j'ai retrouvé en venant habiter à nouveau à Grenoble.

Enfin, je remercie bien sûr ceux qui ont fait de moi ce que je suis, mes frères et sœurs Matthieu, Vincent et Estelle, et mes parents Claire et Paul, qui ont toujours su me soutenir et me donner beaucoup d'amour, et à qui je dédie cette thèse.

THÈSE PRÉPARÉE AU SEIN DES LABORATOIRES

- GIN - GRENOBLE INSTITUT DES NEUROSCIENCES, INSERM
Chemin Fortuné Ferrini,
Université Joseph Fourier - Site Santé
38706 La Tronche Cedex

- LIG - LABORATOIRE D'INFORMATIQUE DE GRENOBLE
Maison Jean Kuntzmann
110 avenue de la Chimie
Domaine Universitaire de Saint-Martin-d'Hères
BP 53 - 38041 Grenoble cedex 9

- TIMC - TECHNIQUE DE L'INGÉNIERIE MÉDICALE ET DE LA COMPLEXITÉ
Faculté de Médecine
38706 La Tronche cedex

COLLABORATION

- INRIA - EQUIPE MISTIS
Inovallée, 655 avenue de l'Europe
Montbonnot
38 334 Saint Ismier Cedex

Table des matières

| | |
|---|-----------|
| Couverture | i |
| Résumé | i |
| Remerciements | iii |
| Table des matières | vii |
| Table des figures | xi |
| Notations | xiii |
| Préface | 1 |
| 1 Introduction | 3 |
| 1.1 Motivations | 3 |
| 1.2 Approches proposées | 6 |
| 1.3 Principales contributions | 7 |
| 1.4 Organisation du manuscrit | 8 |
| 2 Imagerie Cérébrale | 11 |
| 2.1 Éléments d’anatomie cérébrale | 11 |
| 2.1.1 L’encéphale, centre du système nerveux central | 11 |
| 2.1.2 Les principales substances présentes dans l’encéphale | 12 |
| 2.1.3 Quelques structures cérébrales d’intérêt | 13 |
| 2.2 Observer le cerveau avec l’imagerie médicale | 14 |
| 2.3 Imagerie par Résonance Magnétique | 15 |
| 2.3.1 Principe physique de la résonance magnétique nucléaire (RMN) | 15 |
| 2.3.2 Application à l’imagerie médicale | 16 |
| 2.3.3 Imperfections de l’acquisition | 18 |
| 2.4 Interprétation automatique des IRM cérébrales | 21 |
| 2.4.1 Problématique | 21 |
| 2.4.2 La segmentation : un maillon crucial dans de nombreuses applications | 22 |
| 2.4.3 Évaluation de la segmentation | 24 |
| 3 Segmentation des IRM cérébrales | 25 |
| 3.1 Différentes familles d’approches de la segmentation | 26 |
| 3.1.1 Segmentation orientée contours | 26 |
| 3.1.2 Segmentation orientée régions | 28 |
| 3.1.3 Approches « hybrides » combinant segmentation orientée régions et contours | 31 |
| 3.1.4 Extraction de l’encéphale | 31 |
| 3.2 La classification probabiliste des tissus, généralement considérée de manière globale | 32 |
| 3.2.1 Modélisation statistique de la segmentation d’image | 33 |
| 3.2.2 Estimation des paramètres du modèle | 34 |
| 3.2.3 Robustesse au bruit | 35 |
| 3.2.4 Volume partiel | 37 |
| 3.2.5 Correction d’inhomogénéité d’intensité | 39 |
| 3.3 Approche locale de la segmentation | 41 |

| | | |
|----------|--|-----------|
| 3.3.1 | Principe, forces et difficultés | 41 |
| 3.3.2 | Une approche encore peu explorée | 42 |
| 3.3.3 | Conclusion | 43 |
| 3.4 | Le paradigme multi-agents pour l'interprétation d'images | 43 |
| 3.4.1 | Présentation | 43 |
| 3.4.2 | Formalisme du cadre multi-agents | 44 |
| 3.4.3 | Un cadre adapté pour la segmentation locale | 46 |
| 3.5 | La segmentation des structures, considérée comme un traitement séparé | 46 |
| 3.5.1 | Introduction d'un atlas à recalcer | 47 |
| 3.5.2 | Introduction d'une description floue de l'anatomie cérébrale. | 51 |
| 3.5.3 | Conclusion | 52 |
| 4 | Segmentation coopérative des tissus et structures dans un cadre multi-agents | 53 |
| 4.1 | Modélisation markovienne de la segmentation | 54 |
| 4.1.1 | Voisinage et clique | 54 |
| 4.1.2 | Champ de Markov | 55 |
| 4.1.3 | Segmentation markovienne | 55 |
| 4.1.4 | Estimation des paramètres du modèle markovien | 59 |
| 4.2 | Agent markovien local | 60 |
| 4.3 | Segmentation locale et coopérative des tissus | 61 |
| 4.3.1 | Définition hiérarchique des agents | 61 |
| 4.3.2 | Coopération entre modèles locaux | 62 |
| 4.3.3 | Coordination entre les agents | 63 |
| 4.3.4 | Algorithme DILEM | 65 |
| 4.4 | Segmentation locale et coopérative des tissus et structures | 65 |
| 4.4.1 | Agents markoviens locaux spécialisés structure (AML-S) | 65 |
| 4.4.2 | Intégration d' <i>a priori</i> anatomique | 67 |
| 4.4.3 | Coopération entre modèles locaux | 67 |
| 4.4.4 | Coordination entre les agents | 69 |
| 4.5 | Synthèse | 70 |
| 5 | Segmentation des tissus, structures et recalage : formulation bayésienne jointe | 71 |
| 5.1 | Motivations | 71 |
| 5.2 | Analyse bayésienne d'un problème à données manquantes | 72 |
| 5.2.1 | Interprétation fonctionnelle de EM | 73 |
| 5.2.2 | Estimation d'un modèle à données manquantes couplées | 75 |
| 5.3 | Modélisation de LOCUS ^B | 76 |
| 5.3.1 | Modélisation markovienne et décomposition en distributions conditionnelles | 77 |
| 5.3.2 | Formulation des interactions | 78 |
| 5.4 | Estimation du modèle | 81 |
| 5.4.1 | Etape E : mise à jour de q_S et q_T | 81 |
| 5.4.2 | Etape M : mise à jour des paramètres | 82 |
| 5.5 | Recalage hiérarchique affine local | 85 |
| 5.6 | Modélisation dans le cadre multi-agent | 87 |
| 6 | Implémentation | 89 |
| 6.1 | Plate-forme multi-agents générique | 89 |
| 6.1.1 | Gestionnaire du système | 90 |
| 6.1.2 | Modèle générique d'agent à base de comportements | 90 |

| | | |
|----------|--|------------|
| 6.1.3 | Modèle générique de groupe | 91 |
| 6.1.4 | Descripteur générique d'évènements et interface utilisateur | 91 |
| 6.1.5 | Implémentation | 92 |
| 6.2 | Segmentation markovienne générique | 92 |
| 6.3 | Implémentation de LOCUS | 93 |
| 6.4 | Implémentation de LOCUS ^B | 97 |
| 7 | Evaluation | 99 |
| 7.1 | Données utilisées | 99 |
| 7.1.1 | Evaluation quantitative | 100 |
| 7.1.2 | Evaluation qualitative sur images réelles | 102 |
| 7.2 | Algorithmes de segmentation considérés | 102 |
| 7.3 | Algorithmes d'estimation des champs de Markov | 103 |
| 7.4 | Evaluation de LOCUS | 103 |
| 7.4.1 | Evaluation de LOCUS-T | 103 |
| 7.4.2 | Comportements intéressants de l'approche locale | 107 |
| 7.4.3 | Evaluation de LOCUS-TS | 110 |
| 7.4.4 | Simulation d'image | 113 |
| 7.5 | Evaluation de LOCUS ^B | 114 |
| 7.5.1 | Evaluation de LOCUS ^B -T | 114 |
| 7.5.2 | Evaluation quantitative de LOCUS ^B -TS et LOCUS ^B -TSR | 114 |
| 7.5.3 | Evaluation qualitative de LOCUS ^B -TS et LOCUS ^B -TSR sur images réelles | 118 |
| 7.5.4 | Evaluation sur une image pathologique | 121 |
| 7.6 | Conclusion | 123 |
| 8 | Synthèse, Conclusion et Perspectives | 125 |
| 8.1 | Approche LOCUS | 127 |
| 8.2 | Approche LOCUS ^B | 130 |
| 8.3 | Perspectives | 131 |
| 8.3.1 | Synthèse | 133 |
| A | Annexes | 135 |
| A.1 | Publications scientifiques | 135 |
| A.1.1 | Approche LOCUS | 135 |
| A.1.2 | Approche LOCUS ^B | 136 |
| A.2 | Estimation des paramètres d'un champ de Markov | 137 |
| A.2.1 | Algorithme ICM non supervisé | 137 |
| A.2.2 | Algorithme EM | 138 |
| A.3 | Description floue de l'anatomie via des relations spatiales | 142 |
| A.3.1 | Traduction des relations spatiales en paysages flous | 142 |
| A.3.2 | Application à l'anatomie cérébrale : description de huit structures sous-corticales | 144 |
| A.4 | Interpolation par krigeage | 146 |
| A.4.1 | Interpolation mono-dimensionnelle | 146 |
| A.4.2 | Extension au cas multi-dimensionnel | 147 |
| A.4.3 | Conclusion | 147 |
| A.5 | Conversion 8 bits | 148 |
| A.6 | Comparaison des modalités d'imagerie cérébrale | 150 |
| A.6.1 | Imagerie anatomique | 150 |

| | |
|--|------------|
| A.6.2 Imagerie fonctionnelle | 151 |
| Bibliographie | 153 |

Table des figures

| | | |
|------|--|----|
| 1 | Atlas de Vesale, neurones colorés et phrénologie de F.J. Gall | 1 |
| 1.1 | Acquisition IRM d'un cerveau et segmentation | 4 |
| 2.1 | Description de l'encéphale et illustration des trois matières principales qui la compose | 12 |
| 2.2 | Quelques structure anatomiques d'intérêt | 13 |
| 2.3 | Différentes modalités d'imagerie appliquées au cerveau | 14 |
| 2.4 | Le principe de résonance magnétique nucléaire. | 16 |
| 2.5 | Différentes images acquises par IRM | 17 |
| 2.6 | Artéfact de volume partiel dû à la discrétisation de l'espace. | 19 |
| 2.7 | Artéfact d'inhomogénéité d'intensité | 20 |
| 2.8 | Intérêt porté à segmentation d'images médicales depuis les années 1980 | 22 |
| 2.9 | Illustration de la segmentation | 22 |
| 2.10 | Différents niveaux d'interprétation d'une IRM cérébrale. | 23 |
| 3.1 | Approches duales de la segmentation : modèles orientés régions ou contours | 26 |
| 3.2 | Représentation 3D d'une image 2D | 27 |
| 3.3 | Segmentation de structures sous-corticales par modèle déformable explicite | 28 |
| 3.4 | Principe de l'extraction de l'encéphale | 31 |
| 3.5 | Extraction de l'encéphale par BET | 32 |
| 3.6 | Modélisation d'une image comme un ensemble de sites organisés sur une grille | 32 |
| 3.7 | La segmentation vue comme un problème à données manquantes. | 34 |
| 3.8 | Atlas statistique des tissus | 36 |
| 3.9 | Modélisation du volume partiel par Van Leemput et al. (2003) | 38 |
| 3.10 | La majorité des approches estiment leurs paramètres de manière globale. | 39 |
| 3.11 | Avantage d'une modélisation locale | 42 |
| 3.12 | Les différentes stratégies de coopération | 45 |
| 3.13 | Les distributions d'intensités des structures se recouvrent partiellement | 47 |
| 3.14 | Atlas d'étiquettes | 48 |
| 3.15 | Atlas statistique orienté régions de structures sous-corticales | 48 |
| 3.16 | Les relations spatiales exprimées par des paysages flous 3D | 51 |
| 4.1 | Représentation sur une grille régulière de différents voisinages | 54 |
| 4.2 | Représentation de différentes cliques 2-D | 55 |
| 4.3 | Schéma classique de l'estimation globale par EM | 59 |
| 4.4 | Schémas d'un agent markovien local | 60 |
| 4.5 | Partitionnement du volume en sous-volumes cubiques réguliers et système de voisinage | 62 |
| 4.6 | Interactions entre l'agent global et les AML-T à l'initialisation de la segmentation. | 64 |
| 4.7 | Diagramme d'état d'un AML-T et algorithme DILEM | 64 |
| 4.8 | Illustration des groupes d'accointances entre agents tissus et agents structures | 66 |
| 4.9 | Entropie d'une distribution d'intensité | 68 |
| 4.10 | Schéma synthétique de LOCUS | 70 |
| 6.1 | Gestionnaire du système | 90 |
| 6.2 | Descripteur d'évènements et interface utilisateur | 91 |
| 6.3 | Schéma synthétique de l'implémentation de la plate-forme multi-agent générique. | 92 |
| 6.4 | Conception modulaire pour l'estimation des champs de Markov | 93 |
| 6.5 | Implémentation du module générique de segmentation markovienne | 94 |

| | | |
|------|--|-----|
| 6.6 | Conception modulaire de l'agent global | 95 |
| 6.7 | Conception modulaire d'un AML-T, et 26-voisinage | 95 |
| 6.8 | Interface graphique de la première approche | 96 |
| 7.1 | Simulateur d'image BrainWeb et évaluation | 100 |
| 7.2 | Base de données IBSR | 101 |
| 7.3 | Evaluation des algorithmes d'estimation des champs de Markov - image 2-D | 104 |
| 7.4 | Evaluation des algorithmes d'estimation des champs de Markov sur BrainWeb | 104 |
| 7.5 | Evaluation de LOCUS-T et comparaison à SPM5 et FAST sur huit fantômes BrainWeb | 105 |
| 7.6 | Evaluation de LOCUS-T sur les deux bases de données IBSR | 105 |
| 7.7 | Evaluation qualitative de la robustesse aux inhomogénéités sur une image 3T réelle | 106 |
| 7.8 | Evaluation sur une acquisition réalisée avec une antenne de surface | 106 |
| 7.9 | Evaluation de la robustesse au paramètre de taille des sous-volumes | 107 |
| 7.10 | Illustration de l'activité des agents dans le système | 108 |
| 7.11 | Comportements des agents selon leur position dans le volume | 109 |
| 7.12 | Evaluation de LOCUS-TS sur BrainWeb | 110 |
| 7.13 | La matière grise de certaines structures est sous-segmentée sur la référence de Brain-Web | 111 |
| 7.14 | Apport qualitatif du lien entre segmentation des tissus et des structures | 111 |
| 7.15 | Evaluation qualitative de LOCUS-TS sur des images réelles | 112 |
| 7.16 | Simulation d'images à partir des paramètres du modèle de segmentation | 113 |
| 7.17 | Evaluation de LOCUS ^B -TS et LOCUS ^B -TSR sur BrainWeb | 115 |
| 7.18 | Illustration du couplage de la segmentation des structures avec le recalage | 116 |
| 7.19 | Segmentation d'une image BrainWeb avec LOCUS ^B -TS | 116 |
| 7.20 | Evaluation de LOCUS ^B -TS et LOCUS ^B -TSR sur IBSR v2 | 117 |
| 7.21 | Evaluation et comparaison de LOCUS ^B -T, LOCUS ^B -TS et LOCUS ^B -TSR sur une image réelle 3 Tesla | 118 |
| 7.22 | Reconstruction 3-D des structures segmentées avec LOCUS ^B -TSR | 119 |
| 7.23 | Evaluation de LOCUS ^B -TSR sur une image réelle 3 Tesla | 119 |
| 7.24 | Evolution de la segmentation et du recalage sur une image réelle. | 120 |
| 7.25 | Evolution de la segmentation sans recalage couplé | 120 |
| 7.26 | Evolution du recalage et de la segmentation pour un recalage artificiellement perturbé. | 121 |
| 7.27 | Evaluation sur une image pathologique | 122 |
| 7.28 | Segmentation des structures sur une image pathologique | 122 |
| A.1 | Illustration de la relation spatiale « à gauche de » | 142 |
| A.2 | Construction du paysage flou d'une relation spatiale de distance. | 143 |
| A.3 | Construction du paysage flou d'une relation spatiale d'orientation | 144 |
| A.4 | Construction du paysage flou d'une relation spatiale de symétrie en trois étapes. | 144 |
| A.5 | Conversion 8 bits : destruction d'information | 148 |
| A.6 | Conversion 8 bits : apparition de pics | 149 |

Notations mathématiques

| | |
|--|---|
| \mathbb{R} | Ensemble des réels. |
| \mathbb{R}^K | Ensemble des vecteurs réels à K dimensions. |
| $a(k)$ | K -ième composante d'un vecteur \mathbf{a} . |
| ${}^t\mathbf{a}$ | Transposée d'un vecteur \mathbf{a} . |
| $\langle \mathbf{a}, \mathbf{b} \rangle$ | Produit scalaire de deux vecteurs \mathbf{a} et \mathbf{b} , égal à ${}^t\mathbf{a} \mathbf{b} = \sum_k a(k)b(k)$. |
| \mathbb{E} | Espérance d'une variable aléatoire. |
| U_c | Fonction potentielle associée à la clique c . |
| U_i | Potentiel sur les singletons. |
| U_{ij} | Potentiel sur les paires de sites voisins. |

Notations en lien avec la modélisation multi-agents

| | |
|-----------------|--|
| AML | Agent Markovien Local. |
| AML-T | Agent Markovien spécialisé Tissu. |
| \mathcal{A}_c | Référence d'un AML-T. |
| V_c^T | Sous-volume définissant le territoire de l'agent markovien spécialisé tissu. |
| AML-S | Agent Markovien spécialisé Structure. |
| \mathcal{A}_i | Référence d'un AML-S. |
| V_i^S | Sous-volume définissant le territoire de l'agent markovien spécialisé structure. |

Notations en lien avec l'approche bayésienne couplée

| | |
|------------------------|---|
| e_k | Vecteur unitaire de \mathbb{R}^K représentant la classe de tissu (parmi K tissus). |
| e'_l | Vecteur unitaire de \mathbb{R}^{L+1} représentant la classe de structure (parmi L structures et le fond). |
| ψ | Paramètres des modèles d'intensités des tissus. |
| \mathcal{R} | Paramètres de recalage. |
| ζ_S | Atlas statistique des structures. |
| $\rho(\mathcal{R}, i)$ | Fonction associant la position d'un voxel i de l'espace de l'image à l'espace de l'atlas. |
| f_S | Champ décrivant la connaissance <i>a priori</i> sur les structures issue de l'atlas. |
| f_T | Champ décrivant la connaissance <i>a priori</i> sur les tissus issue de l'atlas. |

Préface

LE cerveau fascine. Il a pourtant été longtemps considéré comme un organe d'importance mineure dans le corps humain. Les égyptiens ne se préoccupaient par exemple pas de le conserver lors des momifications. Alcméon (500 av. JC), disciple de Pythagore, fut le premier auteur occidental à affirmer que "ce qui gouverne siège dans le cerveau", ouvrant une période où différentes hypothèses s'affrontèrent. Ses conceptions furent reprises par Hippocrate (460-370 av. JC) et partagées en partie par Platon (427-348/347 av. JC). Elles furent contestées par Aristote (384-332 av. JC), qui situait plutôt le siège des pensées et des émotions dans le cœur. Le cerveau n'était alors qu'une machine thermique, destinée à refroidir le sang surchauffé par les émotions ressenties par le cœur. Ce n'est que quelques siècles plus tard que Galien (131-201) mit en évidence le parcours de l'influx nerveux depuis le cerveau et étudia l'influence des nerfs sur le mouvement des muscles. Pendant plus de mille ans les connaissances sur le cerveau n'évoluèrent guère, par manque d'outils d'exploration efficace d'une part, et par doctrine religieuse qui interdisait toute étude anatomique humaine d'autre part, sous peine d'excommunication.

C'est durant la Renaissance (seizième siècle) que débuta la révolution anatomique, avec en particulier Vesale (1514-1564), ouvrant la voie à la dissection humaine et à l'anatomie descriptive. Il fut à l'origine de la première description rigoureuse illustrée du corps humain, et du cerveau en particulier (voir Figure 1). Franz Joseph Gall (1758-1828), avec la phrénologie, fut le premier à attribuer une localisation aux différentes fonctions du cerveau, en supposant que le crâne était le reflet de la surface cérébrale. Cette idée fut très controversée jusqu'aux expériences de Paul Broca (1824-1880), qui la confirma partiellement. Il décrivit le cas d'un de ses patients comprenant le langage mais ne pouvant pas parler. A la mort de son patient, il pu mettre en relation cet handicap avec une petite lésion dans une région spécifique du cerveau (mais non du crâne). Les découvertes de la cellule par Théodor Schwann (1840), puis des cellules du système nerveux, les neurones, par Golgi (1843-1926) et Cajal (1852-1934) grâce à une nouvelle technique de coloration, furent fondamentales pour les études sur la forme, les propriétés, les fonctions et les connexions des neurones. Korbinian Brodmann (1868-1918) proposa de partitionner le cortex en 52 aires en se basant sur des caractéristiques cytoarchitectoniques des neurones. Certaines de ces aires furent plus tard associées à des fonctions cognitives bien définies (aires 41 et 42 : cortex auditif primaire; aire 17 : cortex visuel primaire; etc...) .

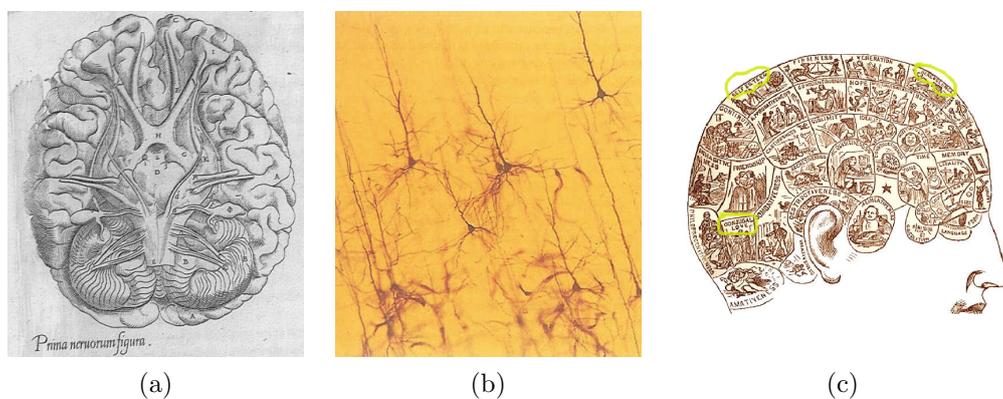


FIG. 1 – Atlas de Vesale (image a) (source : *De numani corporis fabrica*), neurones colorés par la méthode de Golgi (image b) (source : Hubel) et phrénologie de F.J. Gall.

Depuis le début du vingtième siècle, toutes les grandes révolutions scientifiques et techniques, de l'électronique à la mécanique quantique, de la génétique à l'informatique, ont trouvé application dans l'étude du cerveau.

Particulièrement, la découverte en 1895 des rayons X par Wilhelm Röntgen permit la mise au point au cours des deux décennies suivantes de la radiographie médicale. Il n'était alors plus nécessaire d'avoir recours à la dissection pour explorer l'intérieur du corps. Au début des années 1970 les premiers ordinateurs assez puissants pour réaliser la reconstruction 3D de l'image ont permis la mise au point du scanner (Hounsfield, 1970). L'utilisation d'ultrasons (échographie) s'est développée (Wild, 1952), à l'origine pour le diagnostic de tumeurs du cerveau. Puis l'imagerie par résonance magnétique nucléaire pour l'étude de l'anatomie cérébrale (IRM, 1973, Paul Lauterbur et Peter Mansfield) et l'IRM du tenseur de diffusion (IRMd, années 1990) pour la mise en évidence des faisceaux de fibres connectant les différentes aires cérébrales. En parallèle à ces techniques d'observation de l'anatomie cérébrale se sont développées des techniques pour l'exploration de l'activité cérébrale : l'électro-encéphalographie (H. Berger, 1929), la magnéto-encéphalographie (Cohen, années 1970), la TEP (années 1970) puis l'IRM fonctionnelle (Seiji Ogawa et John Belliveau, 1991). Ces méthodes d'imagerie cérébrale permettent d'observer des aspects complémentaires de l'anatomie ou de l'activité cérébrale. Accompagnées par l'évolution de l'informatique, elles ont entraîné une véritable révolution dans la connaissance du fonctionnement du cerveau ; d'une part à des fins de diagnostics et de traitements médicaux, d'autre part en bouleversant le rapport entre psychologie et neurosciences, entraînant l'émergence d'une nouvelle discipline : les neurosciences cognitives.

Les nombreux développements en physique et en informatique ont permis l'observation de plus en plus fine de différents aspects du cerveau. La puissance de calcul aujourd'hui disponible doit maintenant en aider l'interprétation. Parmi les outils d'interprétation, la segmentation des IRM cérébrales anatomiques vise à localiser les différents tissus et structures anatomiques qui composent l'encéphale. Elle est au cœur de nombreuses applications, tant dans le domaine clinique (planification d'opérations neurochirurgicales, suivi de l'évolution du volume des structures, ...) que des neurosciences (quantification de la variabilité inter-individuelle, support pour la projection des données IRMf, ...) La segmentation met en jeu diverses étapes de traitements généralement considérés de manière globale et séquentielle : correction des artefacts de l'image, recalage d'un atlas connu *a priori*, etc... De même, les buts, c'est-à-dire la segmentation des tissus et des structures, sont généralement considérés comme des problèmes globaux séparés. L'objet de cette thèse est de proposer une nouvelle approche de segmentation des IRM cérébrales avec (1) la volonté de coupler les différents traitements et de coupler les différents buts et (2) la volonté de ne pas modéliser globalement le problème mais de prendre en compte la localité de l'information.

1

Introduction

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) a connu un véritable essor ces dernières années. Si son coût très élevé a au début été un handicap, ses nombreux atouts l'ont progressivement aidée à se démocratiser. Les champs d'exploration offerts sont larges : l'IRM anatomique est aujourd'hui la méthode non invasive la plus adaptée pour observer avec une résolution fine les tissus biologiques, et donc en particulier les tissus cérébraux. Les développements récents permettent aujourd'hui avec le même imageur d'explorer différents aspects du cerveau : l'activité cérébrale avec l'IRM fonctionnelle, ou la connectivité des aires cérébrales avec l'IRM de diffusion. Cette modalité d'imagerie est ainsi devenu un outil de plus en plus central dans la médecine du cerveau ou dans la recherche en neurosciences cognitives.

1.1 Motivations

Aujourd'hui, la masse d'information produite par l'imagerie médicale a considérablement augmentée. Si les acquisitions médicales ont d'abord été 2D elles sont aujourd'hui majoritairement 3D. Ainsi, l'ensemble des examens IRM réalisés pour la préparation d'opérations neurochirurgicales ou pour l'étude de pathologies cérébrales (accident vasculaire cérébral, tumeur, sclérose en plaque...) peut représenter plusieurs centaines de méga-octets (100Mo = plus de 0.8 milliards de bits 0 ou 1). Une étude en neurosciences cognitives réalisée à partir d'une vingtaine de patients en IRM et IRMf peut représenter quant à elle plusieurs dizaines de giga-octets (1Go = 1024Mo). L'interprétation automatique des IRM cérébrales est donc devenu un enjeu majeur. Les médecins et les chercheurs en sciences cognitives ont besoin d'outils fiables pour les assister dans leur prise de décision et dans l'interprétation de la masse d'information créée.

Une acquisition IRM produit un volume 3D de données dont chaque élément est appelé voxel (volume element). Interpréter l'image¹ consiste à en produire une description symbolique, c'est-à-dire à reconnaître et à décrire les différentes entités qui la compose. Parmi les outils d'interprétation, la segmentation (ou étiquetage) est un maillon crucial dans de nombreuses applications et analyses quantitatives. Le but est, à partir d'une ou plusieurs images, d'attribuer à chaque voxel une étiquette pour en donner une description. Dans le cadre de la segmentation d'IRM cérébrales, on considère généralement différents niveaux de description (voir Figure 1.1) :

- la segmentation en tissus, qui vise à décrire la composition de chaque voxel parmi les trois matières principales du cerveau : la matière blanche (MB), la matière grise (MG) et le liquide céphalo-rachidien (LCR). Elle est notamment mise en œuvre pour la reconstruction 3D du cortex

¹dans ce manuscrit le terme « image » fait référence à une acquisition, qui peut être 2D pour une coupe ou 3D pour un volume.

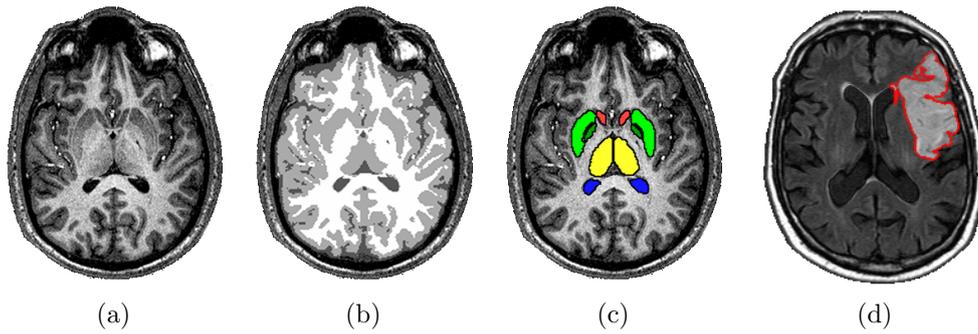


FIG. 1.1 – Acquisition IRM (image a), segmentation en tissus (image b), segmentation en structures (image c) et segmentation d’une lésion (image d).

(études en neurosciences cognitives), pour des études sur la variation de volume de matière grise, ou en planning d’opérations de chirurgie cérébrale.

- la segmentation en structures, qui décrit l’appartenance de chaque voxel à une structure cérébrale connue : thalamus, putamen, système ventriculaire, etc. Elle permet d’en étudier le volume lors de pathologies dégénératives (maladies de Huntington, de Parkinson, de Alzheimer), de dissocier matière grise du cortex et matière grise des structures sous-corticales, etc.
- la segmentation de lésions cérébrales (tumeurs, sclérose en plaque, accidents vasculaires cérébraux) dans le cadre clinique, qui vise à étudier leur localisation, leur volume, etc.

La segmentation est donc un outil central tant dans le domaine clinique que dans celui des neurosciences. Les images IRM souffrent cependant d’un grand nombre d’artéfacts qui rendent leur segmentation automatique difficile : le *bruit dans les données*, dû à la mesure physique qui ne peut être qu’imparfaite ; les *variations d’intensité* au sein d’un même tissu ou d’une même structure, dont la source est à la fois matérielle et biologique ; l’effet de *volume partiel*, dû à la discrétisation de l’espace, etc.

Ainsi, la segmentation manuelle sur chaque coupe, très coûteuse en temps humain (une segmentation manuelle de quelques structures sur un seul volume IRM peut prendre une demi-journée), a longtemps été utilisée. Le contraste étant faible, certaines frontières entre régions sont difficilement délimitables. la segmentation manuelle introduit alors une variation intra- et inter-expert non négligeable : (1) elle est peu reproductible, même par le même expert et (2) différents experts proposent des versions différentes selon leur expérience. Aujourd’hui, des outils semi-automatiques sont largement utilisés (particulièrement pour la segmentation des structures ou des lésions), mais requièrent toujours l’intervention humaine.

Pour parvenir à une segmentation automatique précise et robuste, il est nécessaire de prendre en compte les artéfacts avec des modèles mathématiques adaptés. Par exemple, un intérêt particulier a été porté récemment sur la modélisation statistique avec champ de Markov (Held et al., 1997; Van Leemput et al., 1999b; Zhang et al., 2001). Cette modélisation permet d’introduire une dépendance spatiale entre étiquettes voisines, régularisant l’étiquetage et améliorant la robustesse au bruit. De plus, le cadre statistique permet à tout moment d’avoir une mesure de l’incertitude pour apprécier la confiance dans le résultat. Si l’idée intuitive est simple, certains développements mathématiques formels sont nécessaires pour sa mise en œuvre de manière rigoureuse.

Pour la segmentation des tissus, l’approche paramétrique classique est de modéliser chaque classe de tissu par un modèle d’intensité, généralement gaussien. Il s’agit alors d’estimer les paramètres

de ce modèle, à savoir la moyenne et la variance, pour chaque classe. Pour la segmentation des structures, la seule information d'intensité n'est pas suffisante pour l'étiquetage : par exemple, des structures grises telles les noyaux caudés, l'hippocampe ou le thalamus présentent toutes une intensité grise très proche. Pour leur segmentation, il est nécessaire d'apporter de l'information *a priori*, qui généralement introduit une connaissance sur leur localisation, voire leur forme. Les méthodes classiques utilisent un atlas connu construit au préalable et recalé sur l'image à segmenter. La qualité de la segmentation est alors principalement dépendante de la qualité du recalage effectué en prétraitement. Récemment l'introduction d'une description floue de l'anatomie cérébrale a été proposée (Barra et Boire, 2001; Colliot et al., 2006). Chaque structure est décrite par ses relations spatiales de distance, d'orientation ou de symétrie relativement aux autres structures. Par exemple « le noyau caudé gauche est situé à moins de 5mm de la corne frontale gauche ». Ces relations, fournies par des anatomistes et considérées comme stables dans l'anatomie humaine, permettent de construire une information possibiliste de localisation de chaque structure

Dans la littérature, la majorité des approches considèrent :

- (1) *La segmentation des tissus et la segmentation des structures comme des tâches successives relativement indépendantes.* Pourtant, une structure est composée d'un tissu connu. L'information tissu est donc liée à la structure, et la connaissance de la localisation des structures fournit une connaissance pertinente quant à l'intensité locale des tissus. Elle informe en particulier sur les variations d'intensités dues aux propriétés biologiques des tissus.
- (2) *Une modélisation globale de l'intensité des tissus.* Chaque tissu est décrit par un même modèle gaussien sur tout le volume malgré l'artéfact d'inhomogénéité des intensités. Ces approches globales nécessitent alors la modélisation et l'estimation de modèles spécifiques de non-uniformité (modèles de champ de biais, ou « bias field » en anglais), introduisant des hypothèses et une charge calculatoire supplémentaires.
- (3) *Le recalage de l'atlas sur l'image à segmenter comme un processus global,* dont la transformation estimée satisfait le volume entier, et pas nécessairement des propriétés locales. Le recalage se base alors sur une unique transformation élastique pour assurer une mise en cohérence fine des images, induisant d'importants temps de calcul et le risque d'atteindre un grand nombre d'optima locaux.
- (4) *Le recalage de l'atlas comme un prétraitement à la segmentation et non comme un problème lié.* La connaissance de la segmentation des tissus et des structures peut cependant participer à l'amélioration du recalage.

Les approches classiques ne profitent ainsi pas du couplage entre segmentation des tissus, segmentation des structures et recalage. Ce couplage est pourtant pertinent pour raffiner de manière itérative chaque traitement. Elles ne prennent non plus pas assez en compte la localité et le contexte de l'information, préférant des modélisations globales.

Certaines approches de recalage affine locale ont été proposées (Pohl et al., 2006; Commowick et al., 2008), dans lesquelles un ensemble de transformations affines locales sont estimées et représentent mieux les déformations locales. Quelques approches locales de segmentation des tissus ont aussi été proposées. L'idée est d'estimer des modèles d'intensités locaux à différents endroits du volume. Ces modèles reflètent beaucoup mieux les propriétés locales de l'image. En particulier, ils prennent en compte sans modélisation explicite les variations d'intensités des tissus. La difficulté majeure est toutefois d'assurer la cohérence globale des modèles locaux. Dans les approches actuelles, la localité est mise en œuvre (1) soit en prétraitement afin d'estimer un champ de biais (Shattuck et al., 2001), (2) soit en estimant des modèles d'intensités sur des territoires qui se recouvrent pour

assurer la cohérence des modèles locaux. Si cette redondance peut être mise en œuvre avec une modélisation simple de la segmentation (Zhu et Jiang, 2003), elle introduit une charge calculatoire beaucoup trop importante lorsqu’une modélisation markovienne (Rajapakse et al., 1997) robuste au bruit est considérée.

Ces approches montrent cependant l’intérêt de la localité et motivent la recherche dans cette direction. L’approche récente de Richard et al. (2007) démontre l’intérêt d’une architecture multi-agents pour assurer la régularisation des modèles locaux de façon efficace. L’approche récente de Pohl et al. (2006) couplant segmentation des structures et recalage d’atlas illustre par ailleurs l’intérêt de coupler les différents traitements nécessaires à la segmentation. L’objet de cette thèse s’inscrit dans cet esprit : nous proposons deux approches markoviennes locales de segmentation des IRM cérébrales avec la volonté (1) de coupler les modèles de segmentations des tissus et des structures, (2) de profiter du caractère local de l’information et (3) d’intégrer dans une approche unifiée les étapes suivantes de la segmentation : recalage, prise en compte du bruit, des inhomogénéités, et introduction de connaissances anatomiques.

1.2 Approches proposées

LOCUS : Segmentation locale coopérative des tissus et structures dans un cadre multi-agents

Le caractère distribué du processus de segmentation locale engendre des besoins relatifs à la collaboration entre processus, à la coordination des traitements, à la communication et à la gestion des conflits. Le cadre multi-agents est un formalisme adapté qui propose des solutions en termes de représentation d’entités autonomes (les agents), de mécanismes de coopérations et de coordination.

Dans une première approche nous proposons donc une modélisation multi-agents de la segmentation markovienne locale et coopérative des tissus et structures. Nous définissons la notion générale d’agent coopératif markovien chargé d’estimer les paramètres d’un champ de Markov local. Ces agents sont situés spatialement dans le volume et se voient attribuer (1) un territoire local de segmentation et (2) un ensemble d’acointances représentant les entités avec lesquelles ils coopèrent. Des agents spécialisés tissus sont distribués dans le volume et segmentent leur territoire en tissus (LCR, MG, MB). Les territoires considérés sont disjoints de manière à assurer l’efficacité de l’estimation des champs de Markov ; la cohérence des modèles locaux est assurée par des mécanismes de coopération entre agents voisins. Des mécanismes de coordination permettent d’ordonner l’estimation locale de manière asynchrone afin de considérer d’abord les zones les plus « sûres ».

Des agents spécialisés structure sont aussi distribués et intègrent des contraintes de localisation floue des structures décrites par des relations spatiales. Cette connaissance n’est pas statique mais mise à jour par des mécanismes de coopération entre agents structures. La segmentation des structures n’est pas considérée comme une tâche isolée : l’information structure est intégrée dans le modèle des tissus via des mécanismes de coopération, tandis que la segmentation des structures s’appuie sur l’estimation affinée des modèles d’intensités des tissus. Cette première approche, LOCUS (Local Cooperative Unified Segmentation), fournit des résultats comparables aux principaux outils de segmentation utilisés en neurosciences avec des temps de calcul compétitifs.

LOCUS^B : Segmentation des tissus, structures et recalage : formulation bayésienne jointe

Le cadre multi-agents permet de modéliser de manière élégante la complexité des interactions entre processus locaux. Cependant, certains mécanismes de coopération dans la première approche restent « ad-hoc » et introduisent des paramètres dont la sensibilité est difficile à évaluer. Ils

souffrent par ailleurs de l'absence d'un cadre théorique formel assurant la convergence des modèles mathématiques.

Dans la seconde approche nous proposons d'exprimer la coopération entre la segmentation des tissus et des structures via une modélisation probabiliste jointe traduisant le couplage des deux modèles. Pour la segmentation des structures, nous intégrons la connaissance d'un atlas statistique *a priori* décrivant la distribution spatiale de chaque structure. La mise en correspondance de l'atlas sur l'image à segmenter est considérée de manière locale via l'estimation d'une transformation affine propre à chaque structure. De plus, plutôt que de considérer le recalage de l'atlas comme un prétraitement, celui-ci est incorporé dans le modèle de segmentation et raffiné itérativement.

Nous formulons alors le problème général de la segmentation coopérative via une unique distribution jointe liant étiquettes des tissus et des structures, paramètres locaux d'intensité et paramètres de recalage. Nous définissons un champ de Markov sur cette distribution jointe pour introduire des dépendances dans le modèle. Notre approche est alors fondée sur la décomposition de la distribution jointe en distributions conditionnelles, permettant d'identifier et de spécifier naturellement les différents types d'interactions : des interactions (1) pour traduire la corrélation spatiale entre les étiquettes, (2) pour régulariser les modèles d'intensité locaux, (3) pour traduire le couplage tissus-structures et (4) pour guider le recalage d'atlas. De plus, le cadre statistique dans lequel nous nous plaçons offre des outils permettant de décrire de manière rigoureuse les étapes nécessaires à l'estimation d'un tel modèle. Segmentation des tissus, régularisation des modèles locaux, segmentation des structures et recalage de l'atlas sont alors réalisés de manière couplée dans un cadre *Expectation Maximization* (EM), chacune des étapes s'améliorant mutuellement.

Cette approche, LOCUS^B (LOcal Cooperative Unified Segmentation in a Bayesian framework), est elle aussi implémentée dans un paradigme multi-agents. Elle permet de combiner les avantages d'une modélisation statistique aux fondements solides avec ceux d'une implémentation distribuée efficace.

1.3 Principales contributions

Les principales contributions de cette thèse sont donc de :

- (1) Casser la logique traditionnelle du calcul (estimation globale sur tout le volume) en distribuant des processus d'estimation locale autonomes, qui reflètent beaucoup mieux les caractéristiques locales de l'image.
- (2) Assurer la cohérence des modèles locaux non pas par une redondance d'information mais par une nouvelle modalité de régulation entre modèles voisins. La première approche propose une régulation ad-hoc qui fournit de bons résultats. La seconde fournit une modalité de régulation statistiquement fondée via la définition d'un champ de Markov sur les modèles d'intensités locaux.
- (3) Orienter l'estimation locale d'abord sur les zones les plus riches et les plus sûres en information en mettant en œuvre des mécanismes de désynchronisation et de coordination entre processus.
- (4) Considérer différentes sources d'information *a priori* pour segmenter les structures sous-corticales : le recalage d'un atlas ou la description de l'anatomie cérébrale par un ensemble de relations spatiales floues entre structures.
- (5) Casser le cloisonnement segmentation des tissus / construction de connaissances anatomiques / segmentation des structures. On ne les considère plus comme des tâches successives mais on les considère dans leur globalité, comme des tâches collaboratives. Cette fusion d'informations permet à chaque processus de se renforcer et de s'améliorer mutuellement.

- (6) Proposer une modélisation statistique couplée de la segmentation des tissus, des structures, de la correction des modèles locaux et du recalage local affine dans un cadre EM via la définition de distributions conditionnelles qui permettent d’identifier naturellement les interactions.

1.4 Organisation du manuscrit

Le Chapitre II introduit les termes et concepts essentiels pour appréhender l’analyse des images IRM cérébrales. Nous présentons quelques notions élémentaires d’anatomie cérébrale (Section 2.1, page 11), donnons un rapide aperçu des différentes modalités d’imagerie médicale (Section 2.2, page 14) et nous nous focalisons sur le principe de l’imagerie par résonance magnétique (IRM) (Section 2.3, page 15). Nous détaillons alors la description des imperfections de ce type d’imagerie, à l’origine d’artefacts dans l’image (Section 2.3.3, page 18). Nous présentons ensuite la notion générale d’interprétation des IRM cérébrales et décrivons en particulier la segmentation. Nous mettons en évidence ses nombreuses applications dans le cadre clinique et celui des neurosciences (Section 2.4, page 21), soulignant l’intérêt d’une segmentation aussi robuste et fiable que possible.

Le Chapitre III vise à établir un état de l’art des directions retenues dans la littérature pour la segmentation des IRM cérébrales. Nous décrivons brièvement les principales familles d’approches pour la segmentation, en distinguant notamment celles orientées contours, celles orientées région (Section 3.1, page 26) et certaines méthodes « hybrides ». (Section 3.1.3, page 31). Pour la segmentation des tissus sur les IRM cérébrales nous nous focalisons ensuite sur une présentation détaillée des approches de classification probabiliste et exposons différentes modélisations des artefacts dans ce cadre (Section 3.2, page 32). La Section 3.3 (page 41) présente le concept de segmentation locale de l’image, encore peu exploitée dans la littérature, et pointe les limites des approches locales actuelles. Nous introduisons ensuite le paradigme multi-agents (Section 3.4, page 43), offrant un formalisme adapté pour la modélisation du caractère distribué de la segmentation locale. Enfin, nous décrivons et comparons deux types d’approches pour la segmentation des structures sous-corticales (Section 3.5, page 46) : des approches reposant sur l’introduction d’un atlas *a priori* connu des structures, et des approches reposant sur une description générale de l’anatomie cérébrale via la définition de relations spatiales floues entre structures.

Dans le Chapitre IV nous détaillons notre première approche LOCUS fondée sur une modélisation multi-agents. Nous commençons par introduire le cadre général de la segmentation markovienne (Section 4.1, page 54) et proposons la définition d’un agent markovien local chargé d’estimer de manière coopérative les paramètres d’un champ de Markov local (Section 4.2, page 60). Nous montrons ensuite comment ce type d’agent peut être spécialisé pour segmenter à la fois les tissus et les structures sur les IRM cérébrales (Sections 4.3, page 61 et 4.4, page 61).

Le Chapitre V décrit la seconde approche LOCUS^B fondée sur la formulation jointe du problème. Nous introduisons le problème général d’un problème à données manquantes couplées dans un cadre bayésien et décrivons sa résolution via une vision fonctionnelle de l’algorithme EM (Section 5.2, page 72). Nous montrons ensuite que la définition d’un champ de Markov sur la distribution jointe conditionnelle des paramètres et des données manquantes permet d’identifier les différents types d’interactions au sein du modèle (Section 5.3, page 76). Nous spécifions ces interactions (Section 5.3.2, page 78) et détaillons les différentes étapes nécessaires à l’estimation du modèle (Section 5.4, page 81). Nous présentons alors brièvement comment ce type d’approche peut aussi être modélisé dans un cadre multi-agents (Section 5.6, page 87).

L'implémentation des deux approches est détaillée dans le Chapitre VI, qui souligne le souci modulaire avec lequel l'implémentation a été réalisée. L'évaluation des approches est présentée dans le chapitre VII. Elle ne vise pas seulement à établir les performances pures des approches, mais aussi à illustrer certains comportements intéressants des entités locales plongées dans le système multi-agents. Le Chapitre VIII donne une conclusion générale et esquisse des perspectives intéressantes à considérer pour de futurs travaux.

2

Imagerie Cérébrale

Sommaire

| | | |
|------------|--|-----------|
| 2.1 | Éléments d'anatomie cérébrale | 11 |
| 2.1.1 | L'encéphale, centre du système nerveux central | 11 |
| 2.1.2 | Les principales substances présentes dans l'encéphale | 12 |
| 2.1.3 | Quelques structures cérébrales d'intérêt | 13 |
| 2.2 | Observer le cerveau avec l'imagerie médicale | 14 |
| 2.3 | Imagerie par Résonance Magnétique | 15 |
| 2.3.1 | Principe physique de la résonance magnétique nucléaire (RMN) | 15 |
| 2.3.2 | Application à l'imagerie médicale | 16 |
| 2.3.3 | Imperfections de l'acquisition | 18 |
| 2.4 | Interprétation automatique des IRM cérébrales | 21 |
| 2.4.1 | Problématique | 21 |
| 2.4.2 | La segmentation : un maillon crucial dans de nombreuses applications | 22 |
| 2.4.3 | Evaluation de la segmentation | 24 |

2.1 Éléments d'anatomie cérébrale

Cette première section présente quelques notions élémentaires d'anatomie cérébrale. Elle définit les termes et concepts essentiels qui permettent de mieux comprendre ce que l'on observe avec l'imagerie cérébrale.

2.1.1 L'encéphale, centre du système nerveux central

L'encéphale (du grec *en*, dans, et *képhalê*, tête ; qui est placé dans la tête) est la partie du système nerveux contenue dans la boîte crânienne et reposant sur la base du crâne. Il comprend le cerveau, le cervelet et le tronc cérébral (voir Figure 2.1a) :

- **Le cerveau** (du latin *cerebrum*) occupe la majeure partie de l'encéphale et est divisé en 2 hémisphères cérébraux : l'hémisphère droit et l'hémisphère gauche. La surface du cerveau présente de nombreux replis, avec un grand nombre de circonvolutions limitées par des sillons. Certains sillons plus profonds, les scissures, permettent de diviser chaque hémisphère en 4 lobes : le lobe frontal, le lobe pariétal, le lobe temporal et le lobe occipital. Chaque lobe comprend des zones bien précises impliquées dans des fonctions spécifiques (motricité, sensibilité etc.).
- **Le cervelet** (du latin *cerebellum*, diminutif de *cerebrum*) est situé en parallèle sur deux grandes voies nerveuses : celles qui amènent les messages sensoriels vers les zones du cortex qui en font

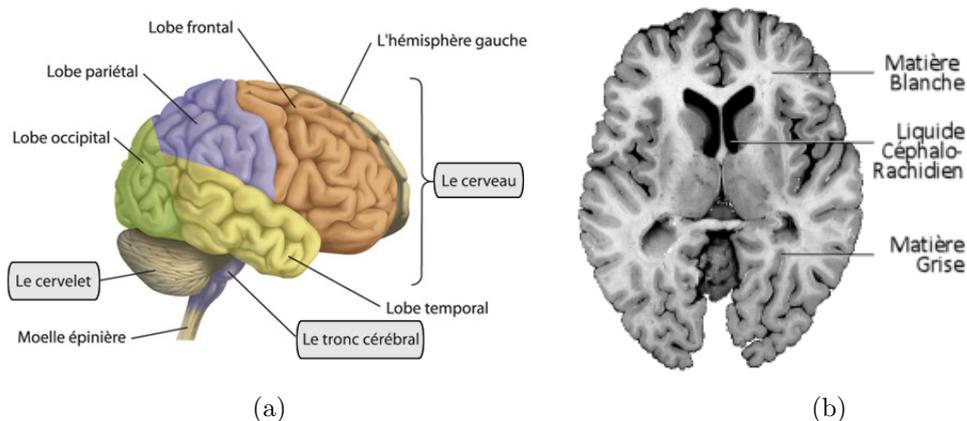


FIG. 2.1 – L'image (a) illustre l'encéphale, composée du cerveau, du cervelet et du tronc cérébral. L'image (b) montre une coupe histologique d'un cerveau mettant en évidence les trois matières principales de l'encéphale.

l'analyse ; et celles qui partent du cortex et descendent vers les muscles pour les faire se contracter. Le cervelet est en partie impliqué dans la coordination des mouvements du corps.

- **Le tronc cérébral** représente un carrefour majeur du système nerveux central entre le cerveau et le cervelet. Il est responsable en particulier de la régulation de la respiration et du rythme cardiaque. C'est également un centre de passage des voies motrices et sensitives, ainsi qu'un centre de contrôle de la douleur.

Le poids moyen de l'encéphale est de 1400 à 1800 grammes. Il est enveloppé et protégé par des membranes appelées méninges : la dure-mère (la plus externe), l'arachnoïde, et la pie-mère (la plus interne).

2.1.2 Les principales substances présentes dans l'encéphale

Outre la présence d'artères et de veines cérébrales, de tissus servant de parois, ou de nombreuses petites structures telles des glandes, l'encéphale contient principalement trois substances (voir Figure 2.1.b) :

Le liquide céphalo-rachidien (LCR) (ou liquide cérébro-spinal, LCS) est le liquide dans lequel baignent le cerveau et le cervelet. D'un volume moyen de 150ml, il est absorbé par le système veineux cérébral et continuellement renouvelé. Ses principaux rôles sont :

- la protection mécanique du système nerveux central contre les chocs par amortissement des mouvements,
- la protection contre les infections, car il contient les médiateurs de l'immunité humorale et cellulaire,
- le transport des hormones entre les différentes régions éloignées du cerveau.

La matière grise (MG) (ou substance grise) correspond aux corps cellulaires des neurones avec leur dense réseau de dendrites. Elle se répartit en :

- une couche superficielle d'une épaisseur de quelques millimètres recouvrant le cerveau et le cervelet : le cortex.
- en noyaux profonds : les noyaux gris centraux.

La matière blanche (MB) (ou substance blanche) correspond à la gaine de myéline qui recouvre les axones des neurones pour en accélérer la conduction. Les axones myélinisés s'assemblent en faisceaux pour établir des connexions entre groupes de neurones.

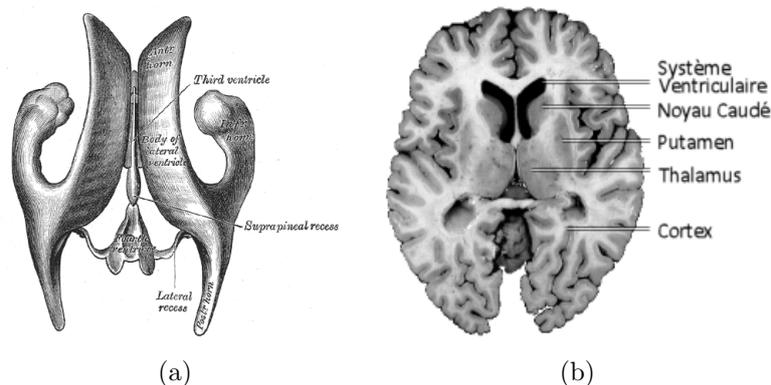


FIG. 2.2 – L'image (a) montre les quatre ventricules (source : 20th U.S. edition of Gray's Anatomy of the Human Body). L'image (b) pointe quelques structures cérébrales sur une coupe histologique.

2.1.3 Quelques structures cérébrales d'intérêt

Les trois substances précédemment introduites se regroupent en régions spatialement stables dans l'anatomie humaine : les structures cérébrales. Si leur rôle fonctionnel exact n'est pas encore parfaitement connu, de multiples expériences ont néanmoins permis de comprendre en partie leur implication dans différents mécanismes neurologiques. Différents niveaux de description des structures cérébrales peuvent être considérés. Par exemple, le cortex peut être décrit comme une structure à part entière. On peut aussi considérer ses différents lobes, ou même les 52 aires décrites par K. Brodmann. Cette section décrit brièvement le cortex ainsi que quelques structures cérébrales qui seront étiquetées dans les approches de segmentation proposées. Leur implication fonctionnelle est aussi abordée, motivant l'intérêt d'algorithmes de segmentation robustes pour en améliorer l'étude et le diagnostic clinique.

Le cortex (du latin *cortex* : écorce) est le mince manteau superficiel de matière grise recouvrant le cerveau (cortex cérébral) et le cervelet (cortex cérébelleux). Il comporte de multiples replis, parmi lesquels on différencie les sillons (la partie profonde) et les circonvolutions (les replis en surface). Sa surface externe représente environ 2200cm^2 dont les deux tiers sont enfouis dans les sillons. Le cortex est constitué de plusieurs couches de neurones. Son épaisseur moyenne est de 3mm, avec des variations allant de 1.5mm à 4.5mm selon les régions corticales. Elles rassemblent environ 75% des 100 milliards de neurones de l'encéphale. Le cortex humain abrite, en plus des aires motrices, visuelles et sensorielles comme le cortex des autres mammifères, des régions propres au langage, à l'imagination, au raisonnement...

Les structures *sous-corticales* sont enfouies dans l'espace protégé par le cortex. Parmi elles, on distingue notamment :

Le système ventriculaire est la structure centrale dans laquelle circule le liquide céphalo-rachidien. On distingue quatre cavités communicantes, appelées « ventricules » : deux ventricules latéraux dans les hémisphères cérébraux, un ventricule dans le diencephale et un quatrième situé entre le cervelet et le bulbe. Le système ventriculaire est en particulier le siège de la synthèse du LCR, au niveau des plexus choroïdes, à raison d'environ 600 ml/jour.

Le thalamus est constitué de 2 gros noyaux gris symétriques. Il relaie les informations visuelles, auditives, gustatives et tactiles vers le cortex et détermine lesquelles vont atteindre la conscience. Il participe aux échanges moteurs entre le cortex, les ganglions de la base et le cervelet. Il est aussi impliqué dans la douleur et l'attention.

Les ganglions de la base sont constitués de multiples structures de matière grise, parmi lesquelles le pallidum, le striatum formé par le noyau caudé et le putamen, etc. Ils sont tra-

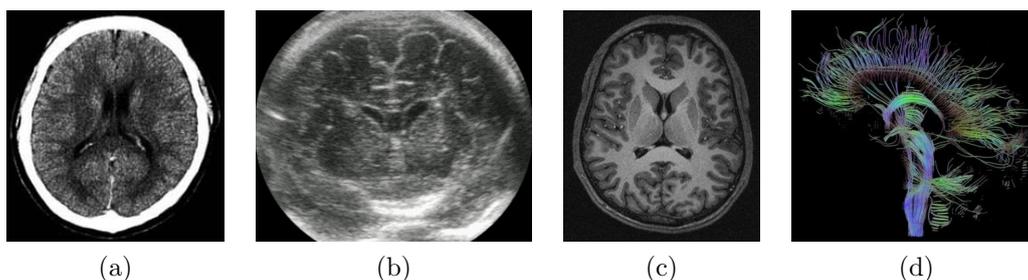


FIG. 2.3 – Différentes modalités d'imagerie appliquées au cerveau : le scanner X (image a), l'ultrasonographie (image b), l'IRM anatomique (image c) et le résultat du traitement d'une IRM de tenseur de diffusion (image d).

versés par des axones myélinisés. Ces faisceaux de matière blanche forment des stries (visibles sur la Figure 2.2a) qui se démarquent de la matière grise des noyaux qu'ils traversent. Ils forment avec le cortex cérébral et le thalamus un circuit striato-thalamo-cortical qui joue un rôle fondamental dans la motricité volontaire mais aussi dans de nombreuses autres fonctions cognitives comme l'apprentissage, la mémoire ou les émotions.

L'hippocampe est une partie ancienne du cortex apparue avec les premiers mammifères. C'est la porte d'entrée des informations à mémoriser. L'hippocampe relaie ces informations au cortex pour leur stockage à long terme et les récupère lors de la remémoration. Ses nombreuses connexions avec l'ensemble des aires sensorielles du cortex permettent d'encoder tout le contexte associé à un évènement.

L'amygdale, en forme d'amande, est située près de l'hippocampe et joue un rôle dans l'apprentissage, la mémoire et surtout dans la régulation des émotions. Elle est particulièrement impliquée dans les réactions de peur et les réactions agressives.

2.2 Observer le cerveau avec l'imagerie médicale

L'imagerie médicale a révolutionné les connaissances sur le cerveau car elle en permet l'observation *in vivo*. Diverses modalités ont été mises au point durant le siècle dernier. Chacune d'entre elles se base sur des propriétés physiques différentes et met en œuvre un dispositif d'acquisition spécifique. Les images obtenues selon chacune des modalités ont des caractéristiques propres (résolution, contraste, artéfacts, acquisition 2D, 3D ou 3D+t, ...) et fournissent des observations complémentaires. Les modalités d'imagerie médicales sont généralement regroupées selon deux familles :

L'imagerie anatomique (ou structurelle) pour observer l'anatomie cérébrale. Les modalités d'imagerie anatomique peuvent se baser sur des propriétés acoustiques (ultrasonographie), des propriétés d'atténuation des rayons X (scanner-X = tomodensitométrie), des propriétés optiques (imagerie optique) ou des propriétés magnétiques (IRM). Le scanner-X est davantage adapté pour l'observation des tissus durs, alors que l'IRM est adapté pour les tissus mous. L'ultrasonographie fournit des images de faible qualité mais est suffisante pour un grand nombre d'applications. Elle est largement utilisée car très bon marché et sans danger connu.

L'imagerie fonctionnelle permet d'étudier l'activité cérébrale, et donc de mettre en évidence des mécanismes du fonctionnement cérébral. Certaines modalités sont invasives et reposent sur le suivi d'un traceur radioactif (TEP, TEMP), nécessitant des installations parfois lourdes. D'autres reposent sur l'observation non invasive des signaux électriques sur la surface du cerveau (électro-encéphalogramme) ou des champs magnétiques induits par l'activité électrique

des neurones (magnéto-encéphalographie). L'IRM fonctionnelle repose quant à elle sur une mesure indirecte de l'activité cérébrale (effet BOLD) : elle met en évidence l'afflux sanguin transporteur d'oxygène nécessaire à l'activité des neurones.

L'IRM anatomique est la modalité non invasive qui permet la meilleure caractérisation des tissus. C'est donc la modalité la plus adaptée pour observer les tissus et les structures du cerveau. Elle offre une résolution fine ($\leq 1\text{mm}$)¹ pour des temps d'acquisition de 1min à 20min. Les travaux présentés dans cette thèse se focalisent sur la segmentation d'IRM cérébrales anatomiques. Certaines idées pourraient cependant être reprises pour d'autres modalités d'imagerie.

La section suivante présente le principe physique de l'IRM anatomique, permettant de mieux comprendre les artéfacts rencontrés sur ces images.

2.3 Imagerie par Résonance Magnétique

L'imagerie par résonance magnétique est une technique d'imagerie médicale basée sur le phénomène de résonance magnétique nucléaire (RMN, terme créé en 1930 par Isidor Isaac Rabi ; prix Nobel de Physique en 1944). Ce phénomène fut observé pour la première fois en 1945 de façon simultanée par deux équipes américaines, l'équipe de Felix Bloch à Stanford et celle de Edward Mills Purcell à Harvard, qui publièrent leurs résultats en 1946 (Bloch et al., 1946; Purcell et al., 1946) (prix Nobel de physique conjoint en 1952). Destinée à l'origine à analyser la structure moléculaire, la résonance magnétique nucléaire permet l'analyse du comportement des protons soumis d'une part à un champ magnétique, et d'autre part à une impulsion de radiofréquence. Damadian (1971) posa les premières pierres de l'imagerie par RMN en observant des différences de paramètres RMN (les temps de relaxation) entre tissus sains et tissus pathologiques. La première image par RMN fut publiée en 1973 par Paul Christian Lauterbur (Lauterbur, 1973). De manière indépendante, Peter Mansfield proposa une technique semblable utilisant des gradients de champ magnétique pour séparer spatialement les signaux RMN (Mansfield et Grannell, 1973). Leurs travaux fondamentaux pour l'émergence de l'imagerie par résonance magnétique leur ont valu le prix Nobel de médecine en 2003.

La section suivante présente le principe physique de résonance magnétique nucléaire pour l'étude du comportement des protons. Ensuite, une description succincte de son application en imagerie médicale est proposée, abordant les concepts d'encodage spatial, de formation de l'image et de séquence d'acquisition. Enfin, une attention particulière est portée sur les artéfacts rencontrés en IRM, dont la connaissance est indispensable pour proposer des traitements automatiques adaptés.

2.3.1 Principe physique de la résonance magnétique nucléaire (RMN)

Le phénomène de résonance magnétique nucléaire repose sur les propriétés magnétiques des noyaux des atomes. Un noyau ayant un nombre impair de protons possède en effet un moment magnétique, appelé spin nucléaire (Otto Stern et Walter Gerlach, 1922). En l'absence de champ magnétique extérieur, ces spins sont orientés de façon aléatoire dans l'espace (Figure 2.4-a). La résultante magnétique des spins des noyaux est nulle.

Champ polarisant B_0 : Placés dans un champ magnétique constant B_0 (qui définit arbitrairement la direction z de l'espace), les spins s'alignent suivant B_0 selon deux orientations : l'une

¹intéressante par exemple pour le calcul du volume des structures ou l'étude du cortex, d'une épaisseur de 1.5mm à 4.5mm.

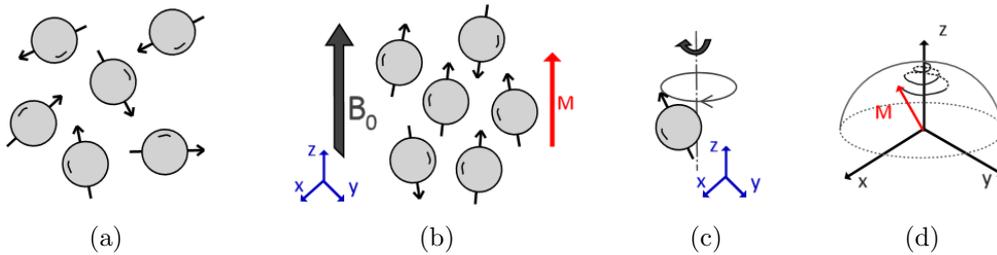


FIG. 2.4 – Le principe de résonance magnétique nucléaire.

dans le sens de B_0 (parallèle) et l'autre dans le sens contraire (anti-parallèle) (Figure 2.4-b). Le nombre de spins parallèles étant plus important que celui d'anti-parallèles (et ce d'autant plus que l'intensité de B_0 est élevée), l'aimantation globale M résultante devient non nulle. Les spins se mettent dans un état d'équilibre énergétique, et adoptent un mouvement de précession autour de B_0 (Figure 2.4-c). La vitesse de précession, proportionnelle à l'intensité du champ magnétique, est caractérisée par la fréquence angulaire de précession $\omega_0 = \gamma B_0$ (précession de Larmor), avec γ le rapport gyromagnétique de l'atome considéré (pour l'hydrogène $\gamma = 42.58\text{MHz/T}$).

Phase d'excitation par un champ B_1 . L'application, dans le plan xy perpendiculaire à B_0 , d'un champ magnétique radio-fréquence (RF) ayant la même fréquence que la fréquence de Larmor perturbe le système : c'est le phénomène de résonance. Au niveau quantique il y a absorption d'énergie. Au niveau macroscopique, l'onde RF provoque une bascule de l'aimantation globale M dans la direction de B_1 . M se décompose en une composante longitudinale (M_z , selon l'axe de B_0) et une composante transversale (M_{xy}). La phase d'excitation se traduit alors par une diminution de l'aimantation longitudinale (qui peut aller jusqu'à s'inverser), et l'apparition d'une aimantation transversale (sauf pour une bascule à 180°).

Phase de relaxation. Lorsque l'émission RF est interrompue, le système restitue l'énergie absorbée pour retourner à l'état d'équilibre de départ. L'aimantation globale M s'aligne à nouveau dans la direction du champ B_0 , en décrivant une spirale (Figure 2.4-d) dont l'évolution peut être décrite par les équations de Bloch (Bloch et al., 1946). La relaxation longitudinale croît exponentiellement selon une constante de relaxation *spin-réseau* T_1 . Elle correspond à un transfert d'énergie d'un spin vers son environnement. La relaxation transversale décroît exponentiellement selon une constante de relaxation *spin-spin* T_2 . Elle correspond à des interactions entre spins.

Lecture du signal. La restitution de l'énergie lors de la phase de relaxation s'accompagne d'une émission d'énergie sous la forme d'ondes RF. Ce signal, collecté par une antenne réceptrice, constitue le signal enregistré en RMN. C'est le signal de précession libre, ou FID (Free Induction Decay). Après transformation de Fourier, l'analyse du signal fait apparaître 3 paramètres fondamentaux : la fréquence, l'amplitude, et la durée du signal, caractéristiques de l'évolution de l'aimantation M .

2.3.2 Application à l'imagerie médicale

Différents noyaux présents dans le corps humain possèdent des propriétés magnétiques, susceptibles d'être utilisées afin de mettre en œuvre le phénomène de résonance nucléaire : ^1H , ^{13}C , ^{19}F , ^{31}P , ^{23}Na ,... L'IRM classique ne s'intéresse exclusivement qu'au proton de l'eau ^1H , très abondant dans le corps humain. Les autres protons, existants qu'en très faible proportion dans les milieux biologiques, sont cependant parfois étudiés dans le domaine de la recherche, nécessitant une chaîne

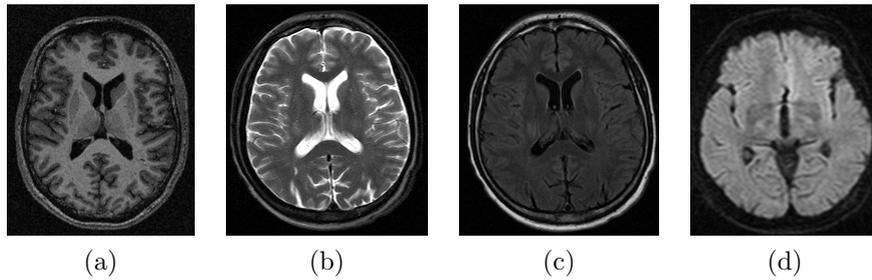


FIG. 2.5 – Différentes images acquises par IRM : image pondérée T1 (image a), T2 (image b), Diffusion (image c) et Flair (image d).

radiofréquence adaptée à leur fréquence de résonance.

2.3.2.a Encodage spatial

Pour obtenir une image 2D ou 3D, il est nécessaire de pouvoir différencier les réponses provenant des différentes parties de la région considérée. Cette localisation spatiale est obtenue en ajoutant un gradient directionnel de champ magnétique grâce à un dispositif supplémentaire, les bobines de gradient. On distingue généralement la sélection de coupe (en z), et l'encodage dans les deux directions restantes (x et y).

La sélection de coupe correspond à une excitation sélective. Elle est réalisée en appliquant un gradient de champ magnétique dans la même direction que B_0 , de telle manière qu'une seule coupe soit excitée avec la fréquence de résonance exacte de l'hydrogène. Seule la coupe considérée subit donc le phénomène de résonance nucléaire.

L'encodage spatial est réalisé pendant le retour à l'équilibre des protons excités. Il sert à discriminer les protons suivant les deux axes restants (x et y). Il est réalisé à partir d'un encodage de phase (localisation par déphasage proportionnel à un axe) et d'un encodage de fréquence (localisation par décalage de la vitesse de précession proportionnel à l'autre axe).

2.3.2.b Formation de l'image

L'encodage de l'image précédemment décrit fournit un échantillonnage discret dans le domaine fréquentiel (*phase, fréquence*), appelé *espace K*. Plusieurs types de balayage de l'espace K (cartésien, spiral, et radial) sont utilisés en IRM. Ils caractérisent en partie l'acquisition et la qualité de l'image reconstruite (rapidité d'acquisition, sollicitation du système de gradient, sensibilité aux artéfacts...). L'image est ensuite obtenue à l'aide d'une transformée de Fourier 2D inverse, permettant de passer du domaine fréquentiel au domaine spatial.

2.3.2.c Contraste et séquences d'image

En modifiant les paramètres d'acquisition, en particulier le temps de répétition entre deux excitations (TR) ou le temps entre le signal d'excitation et la réception de l'écho (temps d'écho, TE), on peut modifier la *pondération* de l'image. En effet, les tissus ont des temps de relaxation longitudinale (temps T_1) et transversale (temps T_2) caractéristiques (voir Table 2.1). Les écarts de temps T_1 et T_2 mesurés permettent de caractériser les tissus en chaque élément de l'échantillonnage discret. On peut aussi dans une séquence modifier la valeur de l'angle de bascule, introduire une impulsion d'inversion (bascule de 180°), etc...

Chaque séquence est alors une combinaison d'ondes de radiofréquence et d'impulsions de gradients. Le choix des paramètres permet de favoriser le signal d'un tissu particulier, d'être sensible à la

| | | T_1 (ms) | T_2 (ms) |
|---------|------------|-------------|------------|
| MB | frontale | 640 | 90 |
| | occipitale | 650 | |
| MG | noyaux | 900 | 100 |
| | cortex | 1100 | |
| LCR | | ≥ 2000 | 1400 |
| Graisse | | 260 | 85 |

TAB. 2.1 – Ordre de grandeur des temps de relaxation à 1.5T pour différents tissus (Warnking et al., 2002).

susceptibilité magnétique (IRMf), de favoriser une acquisition rapide, de favoriser une résolution fine, de limiter certains artéfacts, d'améliorer le rapport signal sur bruit, etc... Il existe plusieurs dizaines de séquences différentes : T1, T2, Flair, T2*, Echo de spin, Echo de spin rapide, Echo de gradient, Echo planar, Diffusion,... offrant un large panel de possibilités d'exploration à l'imageur IRM.

2.3.2.d L'imageur IRM

En résumé, les différents composants d'un imageur IRM pour appliquer le phénomène de résonance nucléaire à l'imagerie médicale sont :

- un aimant intense (0.5 Tesla, 3 Tesla² de façon courante) produisant le champ magnétique principal constant B_0 ,
- des correcteurs de champ magnétique (« shim ») pour compenser les défauts d'homogénéité du champ magnétique principal,
- une antenne émettrice pour transmettre le signal RF d'excitation à la zone du corps imagée,
- une antenne réceptrice pour mesurer le signal RF,
- des bobines de gradient pour réaliser l'encodage spatial du signal,
- un blindage pour confiner les champs magnétiques produits par la machine et isoler celle-ci des champs magnétiques extérieurs susceptibles de perturber l'acquisition,
- un système informatique pour reconstruire l'image 3D à partir du signal RF mesuré.

L'examen IRM est très peu contraignant. Les seules contre-indications majeures sont la présence de métaux dans le corps (valves non compatibles, clips vasculaires cérébraux, ...), de dispositifs biomédicaux (pacemaker, neurostimulateur, pompe à insuline...) ou l'état psychologique du patient.

2.3.3 Imperfections de l'acquisition

Les sources d'artéfacts en IRM sont nombreuses. Ces perturbations sont responsables d'erreur dans l'encodage de l'image, de perte ou de rehaussement artificiel du signal. Les sections suivantes pointent les principales sources que l'on peut corriger en partie en post-traitement. Connaître leur origine permet de mieux les appréhender, de les minimiser, voire de les supprimer.

2.3.3.a Le bruit

Comme tout dispositif de mesure physique, les données sont entachées de bruit. Il provient à la fois du patient (agitation thermique des protons à l'origine d'émissions parasites) et de la chaîne de mesure (convertisseurs analogique-numérique, antenne, ...). La perturbation par le bruit est

²Le champ magnétique terrestre est actuellement $47 \mu T$ en France. 3 Tesla représente donc plus de 60000 fois le champ magnétique terrestre.

généralement quantifiée par le rapport signal sur bruit (RSB), fonction de l'amplitude du signal observé par rapport à l'importance de la variation du bruit. Ce rapport, et donc la qualité de l'image, peut être amélioré en considérant différentes antennes, un champ magnétique B_0 plus intense, une matrice de résolution moins fine, ou encore une multiplication des mesures. Néanmoins, il restera toujours un bruit dans l'image reconstruite finale.

On peut considérer que le bruit dans l'image suit une distribution Ricienne (Kisner et al., 2002) qui, avec un rapport signal sur bruit suffisant (typiquement $RSB > 3$), peut être approximé par un bruit gaussien (Sijbers et al., 1998). Cette approximation est valide dans la matière grise et la matière blanche, et dans une moindre mesure dans le LCR. Elle est cependant peu vérifiée dans les régions sans signal comme l'air.

2.3.3.b Le volume partiel

L'effet de volume partiel est lié à la discrétisation de l'espace : lorsque la surface entre plusieurs objets se trouve dans un même élément de volume discret (le voxel), la mesure dans ce voxel résulte d'un mélange des contributions des différents objets (voir Figure 2.6). Cet effet se manifeste principalement à l'interface entre les matières (MG, MB, LCR, graisse, os) ou lors de la présence de structures trop fines pour être visibles à la résolution de l'image : vaisseaux sanguins (diamètre de $40\mu\text{m}$ à quelques millimètres), structures grises fines, ... L'effet de volume partiel (Partial Volume

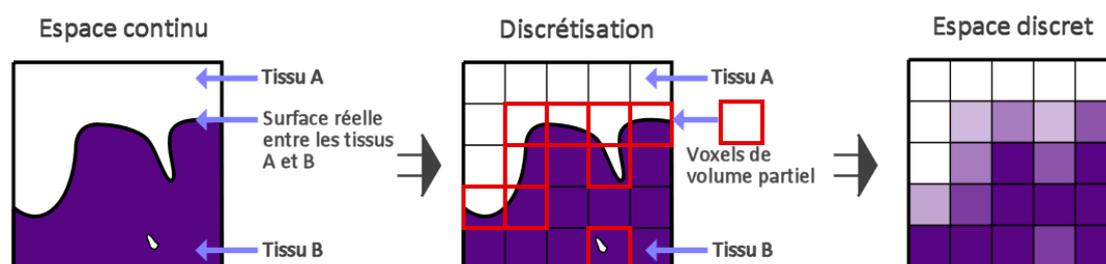


FIG. 2.6 – Artéfact de volume partiel dû à la discrétisation de l'espace.

Effect, ou PVE en anglais) est particulièrement présent à l'interface LCR-MG dans les replis du cortex, car l'épaisseur des sillons corticaux est généralement inférieure à la résolution des images.

2.3.3.c Les inhomogénéités d'intensité

Les inhomogénéités d'intensité sont des variations de l'intensité observées pour un même tissu. Leurs sources sont multiples :

Les inhomogénéités liées aux imperfections de l'imageur, dues :

- à l'hétérogénéité du champ statique B_0 et du champ d'excitation B_1 . Les champs magnétiques produits ne peuvent en effet être exactement uniformes, provoquant des plages d'ombre dans l'image .
- à la qualité de l'antenne de réception, et particulièrement aux variations spatiales de sa sensibilité. Lors d'IRM anatomiques, on privilégie la plupart du temps des antennes avec une sensibilité spatialement stable. Néanmoins, dans les expériences d'IRMf, on utilise parfois des antennes de surface qui permettent d'avoir une meilleure sensibilité dans une région très locale. La lecture du signal BOLD (Blood Oxygenation Level Dependent) est alors plus fine dans la région d'intérêt. On peut vouloir réaliser une acquisition anatomique sans changer d'antenne (pour des raisons pratiques) afin de situer les régions activées sur l'anatomie. Ces images anatomiques présentent alors une très forte inhomogénéité (voir Figure 2.7.b) qui rend leur traitement automatique difficile.

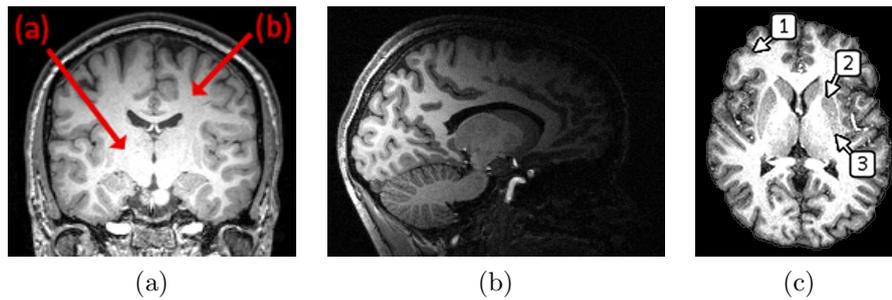


FIG. 2.7 – Artéfact d’inhomogénéité d’intensité : l’image (a) montre des variations d’intensité de la matière blanche dans le volume. L’image (b) est une acquisition réalisée avec une antenne de surface, conduisant à de très fortes inhomogénéités. L’image (c) illustre les inhomogénéités dues aux propriétés biologiques des tissus : les marques (1), (2) et (3) pointent toutes de la matière grise, mais qui présente une intensité variable à cause de compositions histologiques différentes selon les régions.

Ces sources d’inhomogénéités sont responsables de lents déphasages et décalages de fréquences dans le volume étudié. Elles produisent de lentes variations spatiales d’intensité dans l’image reconstruite (voir Figure 2.7.a), nommé « champ de biais » (bias field).

Les inhomogénéités liées à des propriétés biologiques des tissus, dues :

- à des compositions histologiques différentes des tissus. Les temps de relaxation T_1 et T_2 de la matière blanche et de la matière grise dépendent des régions anatomiques (Wansapura et al., 1999) et de l’âge (Cho et al., 1997). Par exemple le cortex et les noyaux gris centraux comme le putamen (voir Section 2.1.3) sont tous composés de matière grise, mais présentent des intensités légèrement différentes sur une acquisition pondérée T1 (voir Figure 2.7.c). Cet « artéfact » est expliqué par des études histologiques, qui révèlent que le putamen est traversé par un grand nombre de faisceaux de fibres myélinisées. Ces fibres sont trop fines pour être visibles à l’IRM : l’intensité observée résulte d’un mélange de MG et de MB du fait de l’effet de volume partiel. De la même manière la MB est plus claire dans le corps calleux que dans les autres régions, car les fibres myélinisées y sont plus concentrées et orientées dans une direction commune.
- à l’artéfact de susceptibilité magnétique. Chaque tissu possède une susceptibilité magnétique qui s’exprime par une aimantation interne propre induite par le champ magnétique statique B_0 . La différence de susceptibilité magnétique à l’interface entre deux tissus provoque une distorsion du champ B_0 . Ces hétérogénéités locales sont responsables de déphasages et de décalages de fréquences localisés, à l’origine d’une perte de signal, et d’hétérogénéité d’intensité. Elles sont principalement localisées aux interfaces air-tissu, et os cortical-tissu, et très marquées en présence de matériel métallique, ferromagnétique ou non. En particulier, cet artéfact est responsable de perturbations dues à la seule présence du patient dans l’imageur.

Ces inhomogénéités sont des artéfacts dont la fréquence spatiale est plus importante que celle du champ de biais.

2.3.3.d Autres artéfacts

D’autres artéfacts perturbent l’acquisition mais sont difficilement corrigibles en post-traitement. Parmi ceux-ci on compte :

l’artéfact lié à un défaut de linéarité des gradients, source de distorsions géométriques.

l'artéfact de décalage chimique, lié à des interactions entre les protons et leur environnement, source d'apparition de faux contours mais qui se manifeste peu en imagerie cérébrale.

l'artéfact de troncature, lié à la transformée de Fourier inverse discrète et source d'une alternance de bande d'hypo et d'hypersignal.

l'artéfact de repliement, lié à la taille du champ de vue lors de l'acquisition, source de repliement des structures.

l'artéfact liés aux mouvements, aléatoires (mouvements du patient, mouvements oculaires, déglutition...) ou périodiques (respiration, rythme cardiaque, ...) et source de flou dans l'image.

2.3.3.e Correction partielle des artéfacts

Certains artéfacts peuvent être corrigés, ou du moins minimisés, lors de l'acquisition. Par exemple, les hétérogénéités de champ B_0 (dus aussi bien à la qualité de l'imageur que de la présence du patient dans l'aimant) peuvent être minimisées grâce à une rapide acquisition de calibrage, en réglant manuellement le courant dans les « bobines de shim » correctrices d'homogénéité de B_0 . L'utilisation de séquences particulières permet aussi de minimiser certains artéfacts. Par exemple, l'introduction dans la séquence d'une impulsion d'inversion 180° permet de corriger les hétérogénéités de champ constantes au sein d'un voxel : le déphasage constant s'annule de lui-même.

Si il est crucial de corriger au maximum les artéfacts lors de l'acquisition, l'image finale sera toujours perturbée par certains d'entre eux. Il est alors fondamental de les prendre en compte dans tout traitement automatique.

2.4 Interprétation automatique des IRM cérébrales

2.4.1 Problématique

La révolution de l'imagerie médicale numérique a entraîné une explosion de la quantité d'information produite. En particulier, les possibilités offertes par l'IRM et ses nombreuses séquences d'acquisition (Section 2.3.2.c) permettent d'explorer différentes caractéristiques complémentaires du cerveau : de multiples séquences anatomiques pour observer différents aspects de l'anatomie, des séquences de diffusion, des séquences d'imagerie fonctionnelle... permettant de mieux étudier les cerveaux sains et pathologiques. Ce sont cependant d'autant plus de données à acquérir, conserver et analyser. En clinique l'IRM cérébrale anatomique fait notamment intervenir des séquences T1, T2, Flair, ou Diffusion, réalisées parfois à différents temps pour en suivre l'évolution. Des protocoles de recherche récents montrent aussi l'intérêt d'acquisitions IRMf pour évaluer la récupération du patient (Jaillard et al., 2005; Connor et al., 2004). L'ensemble des acquisitions peut alors représenter plusieurs centaines de méga-octets.

Pour faire face à cette masse d'information créée, l'interprétation automatique des IRM cérébrales est devenu un enjeu majeur. Différents traitements sont nécessaires selon les applications. On peut citer par exemple :

- le recalage entre deux acquisitions d'un même patient (recalage intra-individuel) pour le suivi d'une pathologie ou entre plusieurs individus (recalage inter-individuel) pour réaliser des études de groupe.

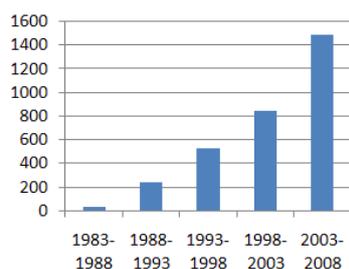


FIG. 2.8 – Evolution du nombre de publications sur la segmentation d’images médicales depuis les années 1980 (analyse réalisée sur PubMed avec la requête : *medical AND image AND (segmentation OR classification OR labeling)*).

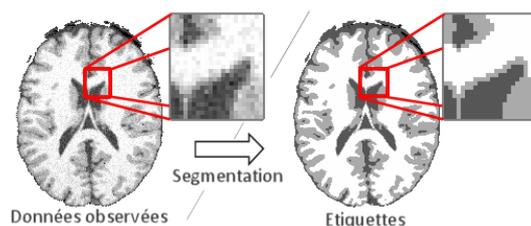


FIG. 2.9 – Illustration de la segmentation.

- la fusion de données de différents types d’acquisition pour combiner des informations complémentaires. Par exemple la fusion d’une image des tissus (issu de l’IRM) et d’une image des os (issu d’un scanner-X).
- le calcul de tenseurs de diffusion et des algorithmes de tractographie des fibres pour faire apparaître la trajectoire des faisceaux de fibres à partir d’une IRM de diffusion.
- la segmentation pour la visualisation, pour étudier l’évolution du volume d’une structure.
- etc.

Si une analyse qualitative des images médicales est parfois suffisante pour un certain nombre de diagnostics, des analyses quantitatives sont indispensables dans un grand nombre d’applications. La segmentation des IRM anatomiques est alors un outil d’interprétation crucial au centre des études quantitatives. L’intérêt croissant porté sur cette discipline depuis les années 1980 (voir Figure 2.8) illustre bien les difficultés et les enjeux d’obtenir une segmentation robuste et fiable.

2.4.2 La segmentation : un maillon crucial dans de nombreuses applications

L’objectif de la segmentation est de fournir une interprétation de chaque voxel de l’image en leur attribuant une étiquette (voir Figure 2.9). Pour les IRM cérébrales anatomiques, on considère généralement deux niveaux de description des données observées, illustrés par la Figure 2.10 :

- une description bas niveau, la segmentation des tissus, qui vise à décrire la matière contenue dans chaque voxel. L’objectif est alors d’étiqueter l’encéphale selon les trois matières principales décrites dans la Section 2.1.2 : le liquide céphalo-rachidien, la matière grise et la matière blanche.
- une description de plus haut niveau, la segmentation en structures qui vise à décrire l’appartenance des voxels à une région anatomique connue, parmi celles décrites dans la Section 2.1.3, par exemple le système ventriculaire, le putamen, le thalamus, ...

Certaines pathologies entraînent l'apparition de lésions visibles sur une IRM cérébrale. On peut alors considérer un troisième niveau de description, la lésion, qui sera abordée en perspectives dans la Section 8.3 (page 131).

La segmentation est au cœur de nombreuses applications, tant dans le domaine clinique que des neurosciences, comme décrit dans les sections suivantes.

2.4.2.a Applications cliniques

La segmentation d'IRM cérébrales en clinique permet :

- de suivre l'évolution de certaines maladies dégénératives. Par exemple, la segmentation du noyau caudé et le calcul de son volume sont impliqués dans des études sur la maladie de Huntington (Aylward et al., 2003), la maladie de Parkinson ou d'Alzheimer (Almeida et al., 2003).
- la planification d'interventions neurochirurgicales et la simulation de l'acte. Lors de l'exécution de l'acte elle permet la visualisation virtuelle du cortex et des structures sous-corticales, ainsi que l'aide au guidage pour le neurochirurgien.
- d'introduire des connaissances supplémentaires dans des modèles biomécaniques. Par exemple Bucki et al. (2007) injectent dans un modèle de « brain shift » des propriétés de déformations spécifiques selon les tissus.

2.4.2.b Applications en neurosciences

La segmentation est aussi une étape centrale dans de nombreuses chaînes de traitements liées à des études neuro-cognitives :

- elle est utilisée pour quantifier la variabilité inter-individuelle, par exemple lors d'études statistiques sur la morphologie des structures cérébrales.
- elle permet de mettre en évidence des différences anatomiques entre différents sujets (Voxel Based Morphometry ou VBM).
- la segmentation des tissus permet la reconstruction 3D du cortex, sur laquelle on peut ensuite projeter les activations de l'IRMf. La segmentation des structures sous-corticales permet dans ce cas de différencier matière grise du cortex et matière grise des structures sous-corticales, améliorant la reconstruction 3D du cortex.

2.4.2.c Un maillon crucial...

Comme pointé dans la Section 2.3.3, les artefacts sont nombreux dans les IRM. Il est nécessaire de proposer des modèles de segmentation adaptés et robustes. Le modèle de segmentation peut alors intégrer des connaissances *a priori* afin de guider la solution sur la base de propriétés connues : modèle de bruit, modèle d'inhomogénéité des intensités, localisation spatiale des objets,... Ces

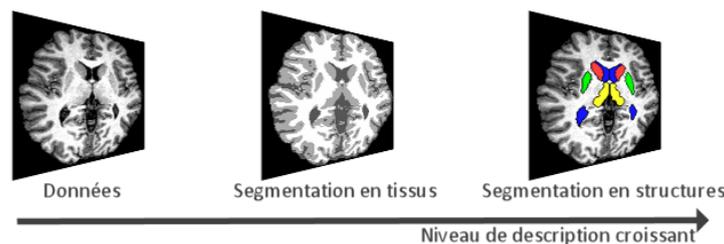


FIG. 2.10 – Différents niveaux d'interprétation d'une IRM cérébrale.

informations, qui restreignent l'espace des solutions, ne doivent cependant pas être trop « fortes » sous peine de conduire à une solution davantage guidée par le modèle que par les données observées. Il est fondamental que la segmentation soit aussi robuste et fiable que possible : trop d'erreurs de segmentation sont susceptibles de brouiller les autres étapes d'interprétation dans la chaîne de traitement, inférant de fausses conclusions. C'est ainsi généralement un maillon crucial dans les applications.

2.4.3 Evaluation de la segmentation

L'évaluation de la segmentation repose généralement sur des critères quantitatifs. Ceux-ci peuvent être regroupés en deux classes, selon que l'on possède ou non une « vérité terrain » qui constitue une segmentation de référence. Sans segmentation de référence, les critères cherchent à quantifier la cohérence de la segmentation. Certains critères évaluent l'uniformité des intensités dans chaque classe (critères d'adéquation au modèle), d'autres la variabilité d'intensité entre régions adjacentes (critères de contraste). Ces méthodes fournissent des indicateurs pour comparer les algorithmes de segmentation mais reflètent peu si la segmentation est effectivement correcte au sens médical.

Dans le domaine de la segmentation d'IRM cérébrales, un grand nombre d'images fournies avec leur segmentation de référence est mise à disposition par plusieurs laboratoires. Les critères reposant sur une segmentation de référence sont alors généralement préférés. Deux types d'images peuvent être utilisées :

Des images simulées (fantômes) qui reposent sur la simulation du phénomène physique d'acquisition d'une image IRM à partir d'un modèle anatomique réaliste. On peut alors comparer le résultat d'un algorithme de segmentation au modèle anatomique sous-jacent. La base de données simulées BrainWeb mise à disposition par le McConnell Brain Imaging Center³ est une base de données très courante pour l'évaluation d'un algorithme de segmentation d'IRM cérébrales (plus de détails sont données dans la Section 7.1.1.a, page 100).

Des images réelles, segmentée (semi-)manuellement par un expert. Ce type d'évaluation a l'avantage de se baser sur des « vraies » acquisitions, représentant la réalité. La segmentation (semi-)manuelle est cependant une tâche fastidieuse et sujette à une variabilité inter- et intra-expert non négligeable. Un biais est donc introduit dans la construction de la vérité terrain. Récemment, Warfield et al. (2004) ont proposés la méthode STAPLE pour calculer l'estimation probabiliste d'une segmentation de référence à partir d'un ensemble de segmentations manuelles, permettant de limiter cette variabilité.

Le résultat de la segmentation de ces images, réelles ou fantômes, est comparé à la segmentation de référence via une mesure de similarité (voir Section 7.1.1, page 100). L'évaluation sur images simulées ne peut cependant pas représenter exactement le comportement de l'algorithme face aux artefacts et propriétés des images réelles. Elle permet de quantifier en partie les performances d'un algorithme, de comparer avec d'autres approches évaluées sur les mêmes données, mais doit être accompagnée d'une évaluation sur images réelles.

³<http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb/>, accès valide en octobre 2008

3

Segmentation des IRM cérébrales

Sommaire

| | | |
|------------|--|-----------|
| 3.1 | Différentes familles d'approches de la segmentation | 26 |
| 3.1.1 | Segmentation orientée contours | 26 |
| 3.1.2 | Segmentation orientée régions | 28 |
| 3.1.3 | Approches « hybrides » combinant segmentation orientée régions et contours | 31 |
| 3.1.4 | Extraction de l'encéphale | 31 |
| 3.2 | La classification probabiliste des tissus, généralement considérée de manière globale | 32 |
| 3.2.1 | Modélisation statistique de la segmentation d'image | 33 |
| 3.2.2 | Estimation des paramètres du modèle | 34 |
| 3.2.3 | Robustesse au bruit | 35 |
| 3.2.4 | Volume partiel | 37 |
| 3.2.5 | Correction d'inhomogénéité d'intensité | 39 |
| 3.3 | Approche locale de la segmentation | 41 |
| 3.3.1 | Principe, forces et difficultés | 41 |
| 3.3.2 | Une approche encore peu explorée | 42 |
| 3.3.3 | Conclusion | 43 |
| 3.4 | Le paradigme multi-agents pour l'interprétation d'images | 43 |
| 3.4.1 | Présentation | 43 |
| 3.4.2 | Formalisme du cadre multi-agents | 44 |
| 3.4.3 | Un cadre adapté pour la segmentation locale | 46 |
| 3.5 | La segmentation des structures, considérée comme un traitement séparé | 46 |
| 3.5.1 | Introduction d'un atlas à recalculer | 47 |
| 3.5.2 | Introduction d'une description floue de l'anatomie cérébrale. | 51 |
| 3.5.3 | Conclusion | 52 |

Ce chapitre vise à identifier les différents types d'approches proposées pour la segmentation des IRM cérébrales. Nous commençons par décrire les principales familles d'approches de la segmentation et détaillons en particulier les approches de classification probabiliste des tissus pour les IRM cérébrales, généralement considérées de manière globale. Nous introduisons alors la notion d'approche locale de la segmentation, peu exploitée dans la littérature, et présentons le paradigme multi-agents en lien avec le caractère distribué des approches locales. Enfin, nous décrivons deux types d'approche pour la segmentation des structures : celles reposant sur le recalage d'un atlas *a priori* et celles reposant sur une description générale floue de l'anatomie cérébrale.

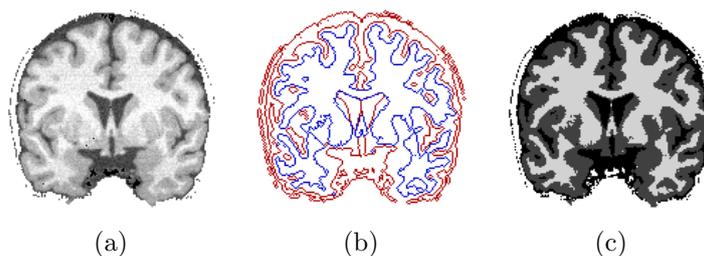


FIG. 3.1 – Approches duales de la segmentation : modèles orientés régions (image c) ou contours (image b)

3.1 Différentes familles d’approches de la segmentation

On peut considérer deux types d’approches duales de la segmentation : *l’approche orientée contours* et *l’approche orientée régions* (voir Figure 3.1) comme décrit dans les sections suivantes.

3.1.1 Segmentation orientée contours

La segmentation orientée contours vise à délimiter les objets selon leurs contours. Ces approches ne se basent généralement pas sur les intensités mais sur les variations d’intensité dans l’image, significatives aux frontières entre régions. Différentes méthodes ont été proposées. Les sections suivantes en présentent succinctement quelques unes et donnent plus de détails sur les approches par modèles déformables car mises en œuvre dans certaines approches de segmentation d’IRM cérébrales.

3.1.1.a Les méthodes « bas niveau »

Certaines méthodes dites de « bas niveau » s’attachent seulement à mettre en évidence les contours. Des opérateurs différentiels peuvent être appliqués dans les images afin de caractériser des points, lignes, ou surfaces singulières. Par exemple les zones où la norme du gradient est maximale localement (zones de plus forte pente) correspondent à des contours. Ce concept est bien illustré par la vision 3D d’une image (voir Figure 3.2), dans laquelle les frontières entre régions sont représentées par les « arêtes » du gradient. Des opérateurs différentiels plus complexes permettent aussi de calculer localement des lignes de crêtes sur des surfaces d’iso-intensité. Ces approches bas niveau n’intègrent aucune connaissance sémantique ni topologique. Elles ne sont pas adaptées en présence de bruit ou de contraste faible. Elles interviennent par contre dans de nombreuses approches.

3.1.1.b Les méthodes par morphologie mathématique

D’autres approches permettent de détecter les contours via des opérations de morphologie mathématique. Ces opérateurs permettent d’étudier les caractéristiques morphologiques des objets inconnus dans l’image (forme, taille...) grâce à un ensemble de formes connues, les *éléments structurants*. Basées sur des concepts simples (dilatation, érosion), elles permettent la construction d’opérateurs plus complexes (ouverture, fermeture) jusqu’à des outils de haut niveau. Par exemple le gradient morphologique, qui est la différence symétrique entre l’image dilatée et l’image érodée, est un opérateur de détection de contours. La ligne de partage des eaux est un algorithme plus avancé mais qui traduit une idée simple d’immersion de l’image vue comme un relief (voir Figure 3.2) dans l’eau. Ces algorithmes sont généralement très sensibles au bruit, menant à une sur-segmentation. Ils nécessitent une étape de réduction du bruit ainsi que d’autres traitements spécifiques. En particulier, l’algorithme de ligne de partage des eaux requiert une étape de fusion des régions pour les

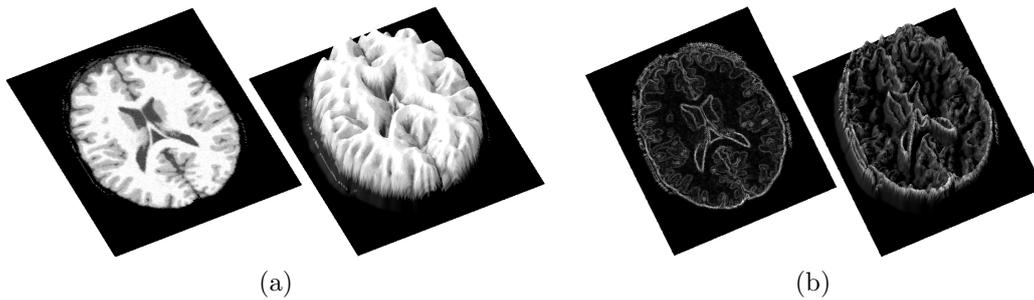


FIG. 3.2 –]

Représentation 3D d'une image 2D : une image 2D en niveaux de gris peut être vue comme un relief en associant le niveau de gris à une altitude. L'image (a) illustre cette notion sur une image d'intensité, et l'image (b) sur le gradient de l'image.

données bruitées (Thiran et al., 1997). Les méthodes par morphologie mathématique, combinées avec d'autres méthodes de segmentation, permettent cependant d'intégrer des connaissances pertinentes sur la morphologie des objets (approches « hybrides », voir Section 3.1.3, page 31).

3.1.1.c Les méthodes par modèles déformables

Ces méthodes s'attachent à faire évoluer un contour initialement défini vers les frontières des objets considérés. On différencie classiquement deux types de modèles déformables : les modèles explicites et les modèles implicites.

Les modèles explicites, ou « snakes », proposés par Kass et al. (1988), consistent à déformer une représentation paramétrique (descripteurs de Fourier, B-spline, ...) ou explicite (approximation polygonale, ...) du contour. La déformation est fondée sur la minimisation d'une énergie. Celle-ci est exprimée comme la somme d'un terme d'attache aux données (lié à l'image) et d'un terme de régularisation (lié à l'élasticité et la rigidité du contour). Les inconvénients majeurs des méthodes explicites sont que (1) l'énergie à minimiser dépend de la paramétrisation du contour et que (2) les changements topologiques simples du contour, comme la fusion ou la séparation, sont difficiles à réaliser.

Les modèles implicites, ou méthodes par ensembles de niveaux (level sets), permettent eux d'intégrer les changements topologiques naturellement. Dans ces méthodes, le contour n'est pas paramétré mais implicitement caractérisé via une fonction de dimension supérieure Ψ définie sur une grille fixe. Le contour $\gamma(t)$ à un instant t est alors défini par la ligne de niveau de valeur zéro à cet instant $\gamma(t) = \Psi^{-1}(0)(t)$. Le principe d'évolution du contour sous cette représentation s'inspire des travaux en théorie de propagation des fronts (Osher et Sethian, 1988) : l'équation d'évolution est formalisée sous forme d'équations aux dérivées partielles. Elle est contrainte par un champ de vitesse, construit de manière à attirer le modèle vers les objets à extraire avec certaines contraintes de régularisation. Différentes constructions du champ de vitesse ont été proposées, à l'origine des *levels set géométriques* (Caselles et al., 1993) et des *level set géodésiques* (Caselles et al., 1997). Ces approches, dont la formulation primaire entraîne une grande complexité algorithmique, nécessitent des algorithmes améliorés comme la *Fast Marching Level Set Method* (Sethian, 1996) pour leur implémentation pratique.

Les résultats de la segmentation par contours sont particulièrement dépendant des prétraitements réalisés sur l'image, nécessaires pour stopper l'évolution du contour sur les frontières des objets. Le bruit dans les images perturbe les informations de variation d'intensité d'une part. Il est alors nécessaire de faire un filtrage sur les données. D'autre part, le rehaussement des contours est une étape cruciale, d'autant plus que le contraste est faible sur les IRM cérébrales. Colliot et al. (2006)

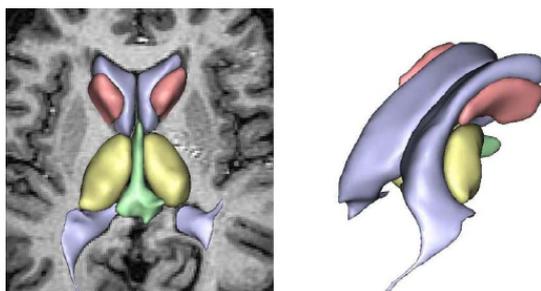


FIG. 3.3 – Segmentation de structures sous-corticales par modèle déformable explicite (Colliot et al., 2006)

remarque ainsi que la correction des inhomogénéités d'intensité dégradent le contraste des noyaux gris centraux, et suggère d'utiliser les données non corrigées dans le terme d'attache aux données. Une autre solution est d'utiliser des filtres plus performants de détection de contours comme ceux basés sur l'opérateur de Canny-Deriche, les transformées de Hough, ou le gradient morphologique. De manière générale, les méthodes orientées contours sont particulièrement sensibles à l'initialisation, le contour initial devant ne pas être trop éloigné des objets considérés. Des approches par *gradient vector flow* (GVF) (Xu et Prince, 1998) ont toutefois été proposées pour étendre la zone de capture du modèle déformable. Elles reposent sur la diffusion de l'information via la résolution itérative d'une équation différentielle de diffusion.

Les approches de segmentation orientées contours mettent donc en jeu un nombre important de paramètres : vitesse d'évolution, méthode pour obtenir le contour initial, paramètres de rigidité et d'élasticité, paramètre de débruitage, paramètres de rehaussement des contours, paramètres dans le terme d'attache aux données, ... Elles sont adaptées pour l'extraction de l'encéphale sur les IRM cérébrales (Smith, 2002) ou la segmentation de structures à fort contraste comme le système ventriculaire. Toutefois, sans introduction d'information *a priori*, leur sensibilité au contraste et au bruit en font un outil plus délicat à mettre en œuvre pour la segmentation entièrement automatique de certaines structures, comme l'interface MG-LCR des sillons du cortex qui est fortement perturbée par l'effet de volume partiel.

Introduction d'une connaissance *a priori* .

Le domaine des modèles déformables est cependant très actif; la majorité des approches actuelles s'orientent vers l'introduction de connaissances *a priori* pour restreindre l'espace de liberté du modèle déformable. En particulier, les approches baptisées *approches basées modèle*, ou *approches descendantes*, reposent sur l'intégration de modèles statistiques de formes (Corouge et Barillot, 2002; Styner et al., 2003; Pitiot et al., 2004; Ciofolo et Barillot, 2006). Il s'agit alors de faire correspondre le modèle statistique précalculé (l'atlas de formes) à l'image. Ces approches, appliquées à la segmentation des structures sous-corticales, sont abordées dans la Section 3.5.1.c.

3.1.2 Segmentation orientée régions

La segmentation orientée régions se focalise sur l'extraction de régions en considérant leur homogénéité vis à vis de caractéristiques pertinentes (intensité, texture, ...) au niveau des voxels. Nous décrivons dans cette section les principales approches considérées dans la littérature.

3.1.2.a Seuillage et morphologie mathématique

Une des méthodes les plus simples est la segmentation par seuillage. Cette approche considère que les objets sont uniquement caractérisés par leur intensité. Le choix de deux niveaux de gris (fenêtre) est alors mis en œuvre pour isoler la structure. Généralement, des opérations de morphologie mathématique permettent ensuite de raffiner la segmentation : érosion, dilation, ouverture, fermeture, extraction de composante connexes... Ce type d'approche est parfois suffisant pour la segmentation d'objets fortement contrastés (comme le système ventriculaire), mais nécessite généralement une interaction avec l'utilisateur. Ces méthodes ne prennent en compte ni l'effet de volume partiel, ni les inhomogénéités d'intensité, ni le bruit et sont peu adaptées pour la segmentation d'IRM cérébrales.

3.1.2.b Les méthodes par croissance de région

Les méthodes par croissance de région consistent à étiqueter un objet en faisant croître une région à partir d'un ou de plusieurs germes constituant un sous-ensemble de la zone recherchée. Le critère de propagation peut être basé sur les intensités mais aussi sur des critères géométriques et topologiques. La pertinence de ce critère ainsi que le choix des germes conditionnent en grande partie la qualité de la segmentation obtenue. Les méthodes par croissance de région sont en général combinées avec d'autres méthodes de segmentation. Par exemple [Schnack et al. \(2001\)](#) les combinent avec des opérateurs de morphologie mathématique pour segmenter le système ventriculaire ; [Richard et al. \(2004\)](#) les combinent avec une approche par mixture de gaussiennes pour segmenter les tissus.

3.1.2.c Algorithme non-paramétrique de type mean-shift

À l'origine l'algorithme mean-shift ([Fukunaga et Hostetler, 1975](#)) est une méthode non-paramétrique pour estimer les modes (maxima locaux) d'une densité de probabilité associée à une distribution de points. Cette méthode est basée sur l'estimation du gradient de la densité de probabilité, celui-ci étant nul pour un mode. Un intérêt récent, initié par [Comaniciu et Meer \(1997, 2002\)](#), est porté sur cet algorithme pour la segmentation. Il est par exemple combiné avec un algorithme de type EM par [Garcia-Lorenzo et al. \(2008a\)](#) pour la segmentation des lésions de sclérose en plaque. Il a l'avantage de ne pas définir *a priori* le nombre de classes et de ne pas contraindre la forme des distributions des classes. Il est cependant lourd en calculs et requiert une étape cruciale de fusion des classes dans le cadre de la segmentation des IRM cérébrales.

3.1.2.d Les méthodes par classification

Les méthodes par classification consistent à partitionner l'image en un nombre fini et connu de classes. Elles sont généralement liées à l'analyse (semi-)automatique de l'histogramme de niveaux de gris. On différencie les approches supervisées et non supervisées.

Approches supervisées

Les approches supervisées nécessitent une étape d'apprentissage sur un échantillon avant de pouvoir être appliquées sur de nouvelles données. On répertorie par exemple dans ce type d'approche les réseaux de neurones, les support vector machine (SVM), les K-plus proche voisins... Elles sont peu adaptées à la segmentation automatique des IRM cérébrales à partir de leur histogramme : les caractéristiques des images peuvent changer d'un imageur à l'autre, d'un patient à l'autre ou d'un jour d'acquisition à l'autre (dérive de l'imageur). Les approches supervisées nécessitent généralement une interaction avec l'utilisateur pour le choix de l'échantillon d'apprentissage, source de variabilité et de non reproductibilité des résultats. Ce type de méthodes est cependant intégré

dans des approches combinées : [Song et al. \(2006\)](#) combinent par exemple un réseau de neurones de type *self organizing map* avec un algorithme EM pour segmenter les tissus. [Magnotta et al. \(1999\)](#) segmentent dans un premier temps les tissus avec une approche bayésienne puis utilisent un réseau de neurones pour identifier certaines structures sous-corticales.

Approches non supervisées

Les méthodes non supervisées cherchent elles à estimer dans l'image les paramètres de leur modèle. Nous décrivons brièvement les approches les plus connues.

L'algorithme des K-moyennes vise à regrouper les voxels ayant une intensité proche dans K partitions en assignant chaque voxel à la partition dont le centroïde (la moyenne des intensités des voxels de la partition) est le plus proche. D'une manière générale, en considérant N données, l'objectif est de minimiser la variance intra-classe définie par :

$$\sum_{i=1..K} \sum_{z_j \in S_i} \|z_j - \mu_i\|^2 \quad (3.1)$$

avec $\{S_1, \dots, S_K\}$ les K partitions et μ_i le centroïde des données appartenant à la partition S_i . L'algorithme démarre d'une position initiale des centroïdes puis alterne entre appariement des données avec le centroïde le plus proche (formation des partitions) et mise à jour du calcul des centroïdes de chaque partition. La convergence est obtenue lorsque plus aucune donnée ne change de partition. L'avantage de l'algorithme est sa simplicité et sa rapidité à converger. Son inconvénient est cependant de considérer l'appartenance binaire à une classe. De plus, si il a été déjà utilisé pour la segmentation d'IRM cérébrales ([Vemuri et al., 1995](#)), il est généralement trop sensible à l'initialisation.

L'algorithme des C-moyennes floues (Fuzzy C-Mean, FCM) reprend l'idée des K-moyennes mais attribue un degré flou d'appartenance aux classes pour en autoriser le recouvrement. Une donnée à la périphérie d'une partition a alors un degré d'appartenance moindre qu'une donnée proche du centroïde. De nombreuses approches ont été proposées pour améliorer l'algorithme. En particulier, [Pham et Prince \(1999\)](#) modifient la fonction à minimiser pour modéliser les inhomogénéités d'intensité. [Ahmed et al. \(2002\)](#) introduisent dans l'algorithme FCM un terme de régularisation spatiale inspiré de la modélisation markovienne : ils introduisent une influence du voisinage dans le degré d'appartenance de chaque voxel.

Les approches probabilistes permettent de modéliser l'incertitude dans l'attribution des classes pour chaque voxel. Elles considèrent qu'un voxel y_i a une probabilité $p_k(y_i)$ d'appartenir à une classe k avec $k \in [1..K]$ et $\sum_{k=1..K} p_k(y_i) = 1$. Ce sont généralement des *méthodes basées modèle*, qui introduisent un *a priori* sur la forme de la distribution d'intensité des classes. Les approches probabilistes considèrent alors généralement la segmentation comme un problème à données manquantes : le but est de retrouver la classe z_i (manquante) du voxel i d'intensité observée y_i en estimant des paramètres Φ du modèle. Ce type de modélisation a l'avantage de pouvoir profiter d'un cadre statistique formel bien posé et est particulièrement adapté pour la segmentation des IRM cérébrales. Il intègre naturellement des modèles de bruit, des modèles d'inhomogénéité, des modèles de volume partiel ou des connaissances *a priori* en général. L'analyse bayésienne, avec majoritairement des algorithmes de type *Expectation-Maximization* (EM), offre alors des outils pour inférer rigoureusement les algorithmes d'estimation des paramètres du modèle. L'approche probabiliste de la segmentation est alors un candidat idéal pour la modélisation de processus couplés et leur estimation. La Section 3.2.1 (page 33) détaille différentes approches proposées pour la modélisation des artefacts.

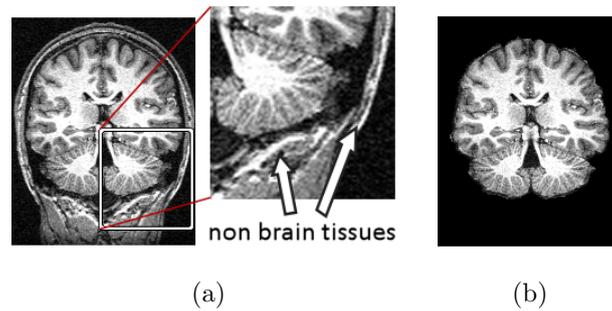


FIG. 3.4 – Extraction de l'encéphale : Les tissus n'appartenant pas à l'encéphale perturbent l'estimation des classes LCR, MG, MB. On extrait alors à partir de l'acquisition (image a) la région correspondant à l'encéphale (image b).

3.1.3 Approches « hybrides » combinant segmentation orientée régions et contours

Les approches « hybrides » combinent des approches orientées régions et orientées contours. Dans cette volonté, Pitiot et al. (2004) contraint l'évolution d'un modèle de forme par une analyse de texture de l'image pour segmenter les structures sous-corticales. Chen et Metaxas (2005) couplent l'estimation de modèles markoviens avec l'évolution de modèles déformables pour segmenter tissus ou structures sur les IRM cérébrales. Chacune des étapes est exécutée de manière itérative, permettant à l'autre de s'améliorer. Yu et al. (2006) fusionnent des méthodes par ensemble de niveau (modèles déformables implicites) avec des techniques bayésiennes pour segmenter le cortex. Yang et Kruggel (2008) combinent des approches bayésiennes avec des algorithmes de type partage des eaux pour segmenter les sillons corticaux.

Comme souligné aussi dans les Sections 3.1.1 (page 26) et 3.1.2 (page 28), on remarque qu'un certain nombre d'approches dans la littérature s'orientent vers l'introduction d'information *a priori* et la combinaisons de différentes méthodes pour résoudre le problème de la segmentation.

3.1.4 Extraction de l'encéphale

Un grand nombre d'algorithmes de segmentation, principalement ceux orientés régions, nécessite l'extraction de l'encéphale en prétraitement. En effet, sans extraction, l'image contient d'autres intensités comme celles de la graisse ou de l'air qui perturbent l'estimation des classes LCR, MG et MB (voir Figure 3.4). Ashburner et Friston (2005) proposent dans SPM5 de coupler le recalage d'un atlas et la segmentation des tissus, utilisant l'atlas recalé pour extraire l'encéphale. Les méthodes par recalage sont cependant connues pour être perturbées lorsqu'elles sont réalisées sur l'image complète. En particulier certaines parties de l'anatomie comme les oreilles ou le nez rendent plus difficile la mise en correspondance de l'atlas avec une image. Le recalage de deux encéphales déjà isolés est connu pour être plus robuste. Plusieurs méthodes de type « prétraitement » ont été proposées pour extraire l'encéphale à partir d'une acquisition IRM. Parmi celles-ci :

BSE (Brain Surface Extractor, Sandor et Leahy (1997); Shattuck et al. (2001)) combine un filtre de détection de contours de Marr-Hildreth avec une méthode de diffusion anisotropique adaptative et des opérations de morphologie mathématique pour isoler l'encéphale.

BET (Brain Extraction Tool, Smith (2002)) met en œuvre une approche contours avec un modèle déformable explicite (surface 3D composée de triangles). Celui-ci se déforme vers les frontières de l'encéphale via l'application de différentes forces et de termes de régularisation.

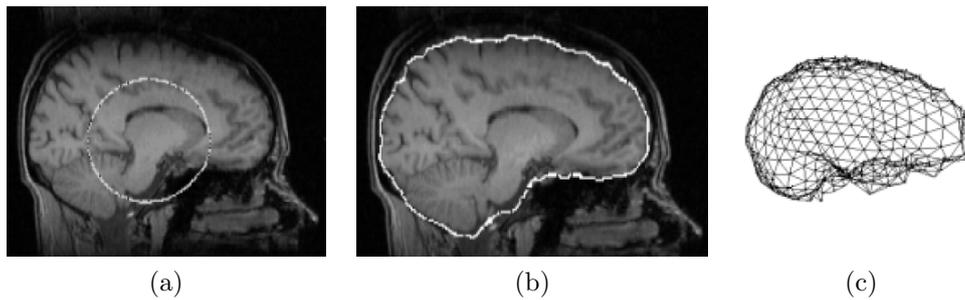


FIG. 3.5 – BET déforme un modèle déformable 3D initial (image a) de manière à le faire correspondre aux frontières de l'encéphale (image b). L'image c représente le maillage 3D déformé à la convergence.

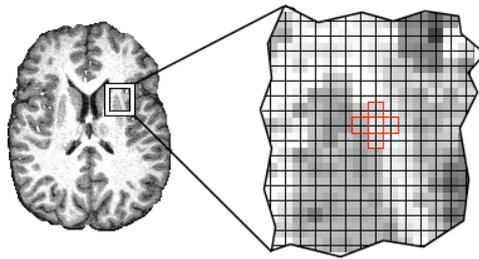


FIG. 3.6 – Une image peut être modélisée comme un ensemble de sites spatialement organisés sur une grille régulière.

HWA (Hybrid Watershed Algorithm, [Ségonne et al. \(2004\)](#)) combine une approche par ligne de partage des eaux (watershed) et une déformation d'un template statistique déformable. La ligne de partage des eaux permet une première estimation de l'encéphale. Une déformation vérifiant certaines statistiques locales est ensuite appliquée au template. Une contrainte de forme issue du template peut aussi être introduite, de manière à affiner l'extraction.

L'outil BET, disponible dans FSL, est largement utilisé. Il fournit de bons résultats, nécessitant parfois une modification manuelle de certains paramètres pour optimiser la qualité de l'extraction. Dans ce mémoire de thèse, nous avons en partie adopté BET pour extraire l'encéphale lors des évaluations. Nous avons aussi parfois utilisé l'extraction issue de SPM5, seule manière méthodologiquement correcte de comparer la segmentation de SPM5 avec d'autres algorithmes sur le même ensemble de voxels (voir Section 7.2, page 102). L'outil HWA, plus récent, est aujourd'hui disponible dans FreeSurfer. [Acosta-Cabronero et al. \(2008\)](#) reportent que l'utilisation de BET avec l'algorithme de correction d'inhomogénéité N3 semble donner les meilleurs résultats pour une étude de *Voxel Based Morphometry (VBM)*. Ils remarquent que la substitution de BET par HWA fournit des résultats similaires. En revanche, [Fennema-Notestine et al. \(2006\)](#) affirment que HWA surpasse BET en comparant l'extraction automatique de l'encéphale avec une vérité terrain.

3.2 La classification probabiliste des tissus, généralement considérée de manière globale

Comme mentionné, de nombreuses approches de segmentation s'orientent vers l'introduction d'information *a priori* et la combinaison de différentes méthodes. Certaines approches récentes s'orientent même vers le couplage des méthodes, les exécutant de manière itérative. L'approche pro-

babiliste est alors un candidat idéal pour modéliser ce couplage. Nous présentons dans ce chapitre les principales approches de classification probabilistes, et remarquons qu’elles considèrent généralement le problème d’une manière globale.

3.2.1 Modélisation statistique de la segmentation d’image

Une image peut être modélisée comme un ensemble fini de N sites indexés par $i \in V = \{1, \dots, N\}$ et spatialement organisés sur une grille régulière (voir Figure 3.6). Ces sites correspondent pour une IRM 3D aux N voxels du volume organisés sur une grille tridimensionnelle.

La segmentation d’image peut être considérée comme un *problème à données manquantes* : en chaque site i s’expriment des données observées y_i et des données manquantes (ou cachées) z_i que l’on cherche à retrouver, les étiquettes. Lorsque les données observées sont issues d’une seule image, y_i est le niveau de gris observé au voxel i : $y_i \in \mathbb{R}$ (segmentation mono-modale). Lorsque les données observées sont issues de M images recalées entre elles, y_i est un vecteur de dimension M , $y_i \in \mathbb{R}^M$, qui représente l’ensemble des données observables pour le voxel i (segmentation multi-modale).

Les données observées et les étiquettes sont modélisées par des champs aléatoires, notés respectivement $\mathbf{Y} = \{Y_1, \dots, Y_N\}$ and $\mathbf{Z} = \{Z_1, \dots, Z_N\}$.

Definition 3.2.1 Champ Aléatoire

- Un champ aléatoire \mathbf{Z} est une collection de variables aléatoires : $\mathbf{Z} = \{Z_1, \dots, Z_N\}$.
- La notation $\mathbf{z} = \{z_1, \dots, z_N\}$ fait référence à une configuration de \mathbf{Z} correspondant à une réalisation du champ aléatoire.

Les Z_i sont à valeur dans $z_i \in \{e_1, \dots, e_K\}$ et correspondent à l’étiquette (cachée) de chaque voxel que l’on cherche à retrouver. Pour la segmentation des tissus on considère généralement $\{e_1, e_2, e_3\} = \{e_{LCR}, e_{MG}, e_{MB}\}$ pour les trois tissus liquide céphalo-rachidien, matière grise et matière blanche. Nous notons e_k le vecteur de taille K représentant la classe k . Seule la k -ième composante de e_k est non nulle et vaut 1 :

$$e_1 = \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \\ \vdots \\ 0 \end{bmatrix} \quad e_2 = \begin{bmatrix} 0 \\ 1 \\ \vdots \\ 0 \end{bmatrix} \quad \dots \quad e_K = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ \vdots \\ 1 \end{bmatrix} \quad (3.2)$$

Remarque : les z_i sont des vecteurs mais nous avons choisi de ne pas les noter en gras afin d’alléger les formules.

Les données observées \mathbf{Y} représentent une version dégradée de l’image « idéale » \mathbf{Z} . On peut considérer que \mathbf{Y} dépend de \mathbf{Z} via une fonction de densité conditionnelle connue $p(\mathbf{y} | \mathbf{z}, \Phi_y)$: c’est le modèle d’intensité de chaque classe, qui intègre le modèle de formation de l’image, dépendant de paramètres Φ_y .

La segmentation consiste à résoudre le problème à données incomplètes (\mathbf{Y}, \mathbf{Z}) en calculant une estimation $\hat{\mathbf{Z}}$ de \mathbf{Z} sachant \mathbf{Y} . Les méthodes de segmentation bayésienne se basent sur le principe suivant : la segmentation que l’on cherche à calculer \mathbf{z} est considérée comme la réalisation du champ aléatoire \mathbf{Z} de distribution $p(\mathbf{z} | \Phi_z)$, qui dépend de certains paramètres Φ_z . La densité *a posteriori* de \mathbf{z} s’écrit alors grâce à la loi de Bayes :

$$p(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \Phi) \propto p(\mathbf{y} | \mathbf{z}, \Phi_y) p(\mathbf{z} | \Phi_z), \quad (3.3)$$

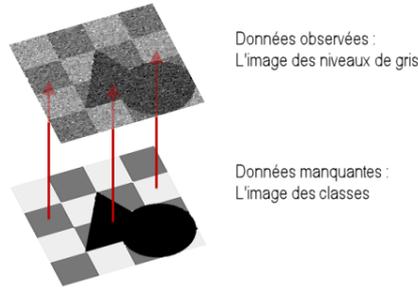


FIG. 3.7 – La segmentation vue comme un problème à données manquantes.

avec $\Phi = (\Phi_y, \Phi_z)$. Cette densité représente la probabilité de la réalisation \mathbf{z} connaissant l'image \mathbf{y} et les paramètres Φ . Un critère standard pour segmenter l'image est d'estimer la « meilleure » réalisation \mathbf{z} via l'estimateur du maximum à posteriori (MAP) :

$$\hat{\mathbf{z}} = \arg \max_{\mathbf{z}} (p(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \Phi)).$$

3.2.2 Estimation des paramètres du modèle

Dans une approche de segmentation non-supervisée, les paramètres Φ ne sont pas connus et doivent être estimés. On considère généralement deux approches :

Algorithme ICM non supervisé

Une approche classique est d'utiliser l'algorithme *Iterative Conditional Mode* (ICM) qui alterne estimation des paramètres et segmentation (Besag, 1986). Une segmentation est calculée à chaque itération via la mise à jour itérative de chaque site à partir de l'information contenue dans leur voisinage. En notant $\mathbf{z}^{(q-1)} = (z_1^{(q-1)}, \dots, z_N^{(q-1)})$ la configuration des étiquettes à l'itération $(q-1)$, la classe du site i est mise à jour à l'itération q par :

$$z_i^{(q)} = \arg \max_{z_i} p(z_i | z_{N(i)} = z_{N(i)}^{(q-1)}, \mathbf{y}, \Phi)$$

Le calcul de ces probabilités locales est facile car il ne fait intervenir que les différents états possibles d'un site. Lorsque le parcours se fait de manière séquentielle, on peut montrer que la probabilité de la segmentation courante ne décroît jamais, prouvant la convergence de l'algorithme. Une estimation des paramètres Φ est ensuite réalisée à partir de cette segmentation, généralement en maximisant la log-vraisemblance conditionnelle (voir Annexe A.2.1.b, page 138) :

$$\Phi^{MV} = \arg \max_{\Phi} \log p(\mathbf{y} | \mathbf{z}^{(q)}, \Phi)$$

Le fait d'utiliser la segmentation dans l'estimation des paramètres ne permet cependant pas de propager les incertitudes entre les itérations. Cet algorithme fournit alors des estimations biaisées.

Algorithme EM

Une alternative est de considérer un algorithme de type *Expectation Maximization* (EM) (Dempster et al., 1977). C'est un algorithme qui vise à calculer une estimation des paramètres par maximum de vraisemblance dans un modèle à données incomplètes (\mathbf{Z}, \mathbf{Y}) . Il cherche à estimer le(s) paramètre(s) pour le(s)quel(s) les données observées sont le plus probables. La log-vraisemblance du modèle est définie par :

$$L(\Phi) = \log p(\mathbf{y} | \Phi) = \log \sum_{\mathbf{z}} p(\mathbf{y}, \mathbf{z} | \Phi).$$

Dans beaucoup de cas la solution du maximum de vraisemblance n'est pas directement accessible. On préfère s'intéresser à l'estimateur du maximum de vraisemblance complète, pour lequel le couple (\mathbf{z}, \mathbf{y}) est le plus probable sous le modèle $p(\mathbf{z}, \mathbf{y} | \Phi)$. EM est alors un algorithme itératif qui maximise la vraisemblance en maximisant à l'itération q l'espérance de la log-vraisemblance complète sachant l'observation $\mathbf{Y} = \mathbf{y}$ et l'estimation courante $\Phi^{(q)}$:

$$Q(\Phi | \Phi^{(q)}) = \mathbb{E}[\log p(\mathbf{y}, \mathbf{Z} | \Phi) | \mathbf{Y} = \mathbf{y}, \Phi^{(q)}].$$

L'idée est en fait de maximiser à chaque itération des approximations locales successives de la vraisemblance. L'algorithme est le suivant :

- (1) Initialisation avec une première estimation $\Phi^{(0)}$ de Φ ,
- (2) Mise à jour de l'estimation courante $\Phi^{(q)}$ par $\Phi^{(q+1)} = \arg \max_{\Phi} Q(\Phi | \Phi^{(q)})$.

La mise à jour (2) peut être divisée en deux étapes. Le calcul de $Q(\Phi | \Phi^{(q)})$ correspond à l'étape E (expectation), et la maximisation selon Φ correspond à l'étape M (maximization). On peut montrer que ce schéma fournit une séquence de paramètres estimés $\{\Phi^{(q)}\}_{q \in \mathbb{N}}$ qui augmente la vraisemblance $L(\Phi, \mathbf{y}) = p(\mathbf{y} | \Phi)$ à chaque itération (Wu, 1983), prouvant la convergence de l'algorithme sous certaines conditions.

Une présentation plus en détails de ces algorithmes est donnée dans l'annexe A.2.

3.2.3 Robustesse au bruit

Le bruit \mathbf{n} dans les IRM est considéré comme un bruit additif. Avec $\tilde{\mathbf{y}}$ l'intensité idéale et \mathbf{y} l'intensité réelle observée ceci correspond au modèle :

$$\mathbf{y} = \tilde{\mathbf{y}} + \mathbf{n}$$

Comme présenté dans la Section 2.3.3.a le bruit peut être considéré ricien, que l'on peut approximer par une modélisation gaussienne pour le LCR, la MG et la MB. Un grand nombre d'approches pour prendre en compte le bruit des IRM cérébrales ont été proposées. Certaines sont des méthodes de type prétraitement, qui « lissent » l'image avant l'étape de segmentation en essayant de conserver certaines propriétés importantes comme les contours. Différents filtres ont été proposés : des filtres ricien (Nowak, 1999), des filtres par diffusion anisotrope (Shattuck et al., 2001), des filtres bilatéraux (Elad, 2002), ... Coupé et al. (2008) proposent des améliorations du filtre *Non Linear means* permettant son utilisation sur des images 3D sans trop alourdir le temps de calcul. Le débruitage en prétraitement est indispensable pour une grande partie d'algorithmes de segmentation non probabiliste (ligne de partage des eaux, modèles déformables, ...).

Les approches de classification probabiliste ont l'avantage de pouvoir injecter naturellement la modélisation du bruit au sein même du modèle de segmentation. On peut ainsi considérer une densité de probabilité gaussienne g_k pour chaque classe k de tissu. Dans le cas monodimensionnel une seule observation $y_i \in \mathbb{R}$ est disponible par voxel. g_k est alors une distribution gaussienne de moyenne μ_k et de variance σ_k^2 dépendant de k . On a $\Phi_y = \{\mu_k, \sigma_k, k = 1 \dots K\}$ et :

$$p(y_i | z_i = e_k, \Phi_y) = g_k(y_i) = \frac{1}{\sigma_k \sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{(y_i - \mu_k)^2}{2\sigma_k^2}\right),$$

Pour la segmentation multimodale, on dispose de M données en chaque voxels : $y_i \in \mathbb{R}^M$. g_k est alors une densité gaussienne multidimensionnelle de moyenne $\mu_k \in \mathbb{R}^M$ et de matrice de covariance $\Omega_k \in \mathbb{R}^M \times \mathbb{R}^M$. On a alors $\Phi_y = \{\mu_k, \Omega_k, k = 1 \dots K\}$ et :

$$p(y_i | z_i = e_k, \Phi_y) = g_k(y_i) = \left((2\pi)^{M/2} |\Omega_k|^{1/2}\right)^{-1} \exp\left(-\frac{1}{2} {}^t(y_i - \mu_k) \Omega_k^{-1} (y_i - \mu_k)\right).$$

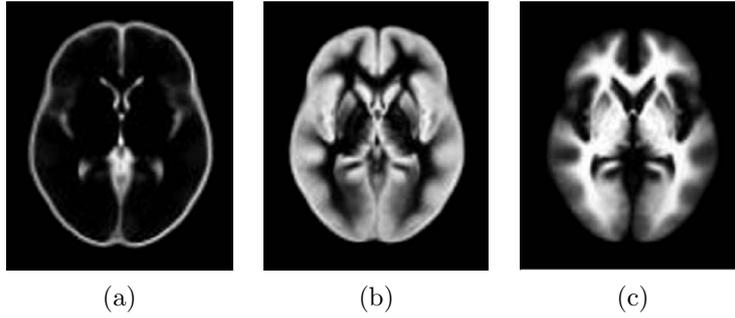


FIG. 3.8 – Atlas statistique des tissus : LCR (a), MG (b) et LCR (c). Ce type d’atlas est construit à partir d’une étude statistique réalisée sur un grand nombre de cerveau avec des outils de segmentation semi-automatiques.

Cette modélisation revient à une modélisation par mélange de gaussiennes de la distribution d’intensité dans l’image. Elle n’est pas toujours suffisante pour une segmentation robuste au bruit. Une approche complémentaire est d’intégrer un *a priori* spatial au sein même du modèle de segmentation. Les sections suivantes décrivent deux modèles qui proposent la définition d’une distribution particulière pour le champ d’étiquettes \mathbf{Z} .

3.2.3.a A priori spatial via un atlas

Ashburner et Friston (2005) introduisent dans leur modèle un *a priori* spatial via un atlas statistique de localisation des tissus (cf Figure 3.8). Ils définissent une distribution non stationnaire pour \mathbf{Z} exprimée à partir de l’atlas recalé :

$$p(z_i = e_k | \Phi_z) = \frac{\gamma_k \mathcal{P}_{ik}^{atlas}}{\sum_{j=1..K} (\gamma_j \mathcal{P}_{ij}^{atlas})},$$

avec $\Phi_z = \{\mathcal{P}_{ik}^{atlas}, \gamma_k, i = 1..N, k = 1..K\}$. \mathcal{P}_{ik}^{atlas} est la probabilité *a priori* pour le voxel i d’être de la classe k issue de l’atlas recalé, γ_k est la proportion globale du tissu k dans le volume.

Ce type d’approche introduit un *a priori* spatial de distribution spatiale des tissus et permet en particulier une bonne robustesse au bruit dans les régions où un tissu est prépondérant, comme par exemple la matière blanche au centre du cerveau. Par contre, dans les régions de transition (sillons corticaux par exemple), les probabilités *a priori* de MG et de MB sont très proches dû à la variabilité inter-individuelle prise en compte dans la construction de l’atlas. La régularisation spatiale dans ces régions est alors faible et l’approche peu robuste au bruit.

De plus, cette méthode repose entièrement sur l’algorithme de recalage. Si ce dernier est localement faux (par exemple au niveau des structures grises) l’*a priori* spatial injecté risque de perturber la segmentation.

3.2.3.b Approches avec champ de Markov cachés discrets

Une approche différente est de considérer des dépendances spatiales locales entre les étiquettes en utilisant des champs de Markov (Geman et Geman, 1984). En associant à V un système de voisinage et en désignant par $\mathcal{N}(i)$ l’ensemble des voisins de i , ces approches reviennent à définir pour \mathbf{Z} une distribution de Gibbs (les détails théoriques sont donnés dans la Section 4.1.2) :

$$p(\mathbf{z} | \Phi_z) = W^{-1} \exp(-H(\mathbf{z} | \Phi_z)),$$

dépendant d'une énergie H définie sur l'ensemble des configurations \mathbf{z} . Le modèle le plus simple pour H est le modèle de Potts :

$$H(\mathbf{z} | \Phi_z) = \sum_{i \in V} \left[-\frac{\beta}{2} \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} U_{ij}(z_i, z_j) \right],$$

avec $U_{ij}(z_i, z_j) = U_{ji}(z_j, z_i)$ et $\beta \in \mathbb{R}, \beta > 0$. Le terme $U_{ij}(z_j, z_i)$ est un terme de corrélation spatiale qui permet de définir une dépendance spatiale entre un site i et un de ses voisins j . Un choix simple est $U_{ij}(z_j, z_i) = \langle z_i, z_j \rangle$, avec $\langle z_i, z_j \rangle$ le produit scalaire défini par $\langle z_i, z_j \rangle = \sum_k z_i(k)z_j(k)$. Avec cette expression l'énergie H est d'autant plus petite (donc la probabilité d'autant plus grande) que les z_i sont dans la même classe que leurs voisins.

La régularisation spatiale par champ de Markov permet une bonne robustesse au bruit. Elle est particulièrement adaptée pour la segmentation d'IRM cérébrales (Held et al., 1997; Van Leemput et al., 1999b; Zhang et al., 2001). Elle est présentée plus en détail dans la Section 4.1.

3.2.4 Volume partiel

Les approches statistiques de classification permettent d'intégrer naturellement la modélisation du volume partiel. On peut identifier deux types d'approches : celles qui ajoutent des classes au modèle pour représenter les voxels de volume partiel, et celles qui estiment les proportions de chaque tissu contenues dans les voxels.

Prise en compte du volume partiel par ajout de classes.

Une approche classique est de considérer une segmentation en $K + K'$ classes, avec K le nombre de classes de tissus purs (TP) et K' le nombre de classes de volume partiel (VP). On considère généralement :

- $K = 3$ classes de tissus purs : LCR, MG, MB.
- $K' = 2$ classes de volumes partiels LCR+MG et MG+MB, négligeant les voxels LCR+MB et ceux contenant trois types de tissus.

Ruan et al. (2000) modélisent à la fois les classes de TP et les classes de VP par des gaussiennes. Les paramètres des gaussiennes sont estimés via un EM classique à 5 classes. Un terme basé sur l'analyse de texture est introduit, de manière à focaliser l'estimation des classes de VP sur les zones de changement d'intensité. La modélisation gaussienne des distributions des classes de VP est cependant peu adaptée (Cuadra et al., 2005).

Un modèle plus réaliste proposé par Santago et Gage (1993) consiste à considérer une densité de probabilité gaussienne seulement pour les classes de tissus purs. Les classes de volume partiel ($e_k \in \{e_{LCR+MG}, e_{MG+MB}\}$) sont pour leur part modélisées à partir des paramètres des classes de tissus purs, en considérant dans un premier temps :

$$p(y_i | z_i = e_k, \alpha) = \frac{1}{\sigma_k(\alpha)\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{(y_i - \mu_k(\alpha))^2}{2\sigma_k^2(\alpha)}\right),$$

avec :

$$\begin{aligned} \mu_k(\alpha) &= \alpha\mu_{l_1} + (1 - \alpha)\mu_{l_2} \\ \sigma_k^2(\alpha) &= \alpha^2\sigma_{l_1}^2 + (1 - \alpha)^2\sigma_{l_2}^2, \end{aligned}$$

où l_1, l_2 sont des indices faisant référence aux classes de TP et $\alpha \in [0, 1]$, représentant la proportion de TP l_1 dans le mélange, est une variable aléatoire de densité uniforme. La

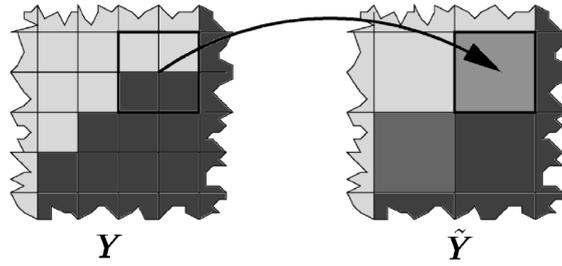


FIG. 3.9 – Modélisation du volume partiel par Van Leemput et al. (2003) : l’image \tilde{Y} est considérée comme l’observation de l’image réelle sous-jacente cachée Y de résolution plus fine sans volume partiel.

densité de probabilité des classes de VP est ensuite calculé via :

$$p(y_i|z_i = e_k) = \int_0^1 p(y_i|z_i = e_k, \alpha) d\alpha ,$$

qui est calculée de manière numérique. Ce modèle permet une modélisation non gaussienne plus fine du volume partiel, et ce sans ajouter de nouveaux paramètres à estimer. Il s’intègre facilement dans EM : les paramètres des gaussiennes des tissus purs sont calculés dans un premier temps, puis les paramètres des classes de volume partiel dépendant des classes de tissu pur. Les approches basées sur cette modélisation permettent une meilleure modélisation des classes de VP comparativement à la modélisation gaussienne (Cuadra et al., 2005). Elles ne sont cependant sans doute pas optimales : le pourcentage de voxels de VP correctement classés reste nettement inférieure à celui des voxels de TP.

Prise en compte du volume partiel par estimation de proportions des tissus.

Van Leemput et al. (2003) considèrent que l’image observée est issue d’un sous-échantillonnage d’une image réelle sous-jacente de résolution plus fine, et qui ne contient que des tissus purs. Ils estiment avec un algorithme EM non pas l’étiquette de chaque voxel mais la proportion relative des tissus contenus dans chaque voxel. Les évaluations, réalisées en 2D sur des coupes, montrent la pertinence du modèle mais avec un important temps de calcul.

Ruan et al. (2002) estiment aussi des proportions en chaque voxel, via l’estimation de champs de Markov flous (fuzzy-MRF).

Pour ces deux types d’approches l’introduction d’un *a priori* spatial local via une modélisation Markovienne fournit de meilleurs résultats (Cuadra et al., 2005). D’une part elle permet une meilleure robustesse au bruit pour les classes de TP et de VP. D’autre part, pour les approches estimant des proportions ((Ruan et al., 2002; Van Leemput et al., 2003)), elle introduit la notion de variation spatiale lente entre ces proportions.

La prise en compte du volume partiel est particulièrement importante lorsque la segmentation a pour application le calcul du volume des structures (volume des structures sous-corticales, épaisseur du cortex, ...) La connaissance des classes de VP, et plus particulièrement la proportion des tissus en chaque voxel, permettent un calcul plus fin du volume. Lorsque l’objectif de la segmentation est l’étiquetage en trois classes LCR, MG, MB, les méthodes d’estimation par cinq classes requièrent le passage en post-traitement à trois classes. Les évaluations sur images réelles ou fantômes minimisent alors l’intérêt à prendre en compte le volume partiel (Cuadra et al., 2005).

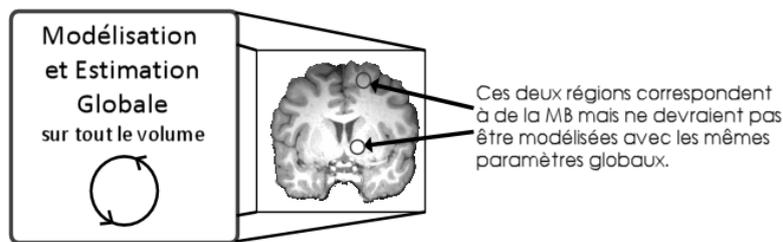


FIG. 3.10 – La majorité des approches estiment leurs paramètres de manière globale.

3.2.5 Correction d’inhomogénéité d’intensité

La plupart des approches estiment les paramètres de leur modèle globalement sur tout le volume. La conséquence est que ces modèles globaux ne reflètent pas des propriétés locales de l’image (voir Figure 3.10). En particulier, un modèle global ne reflète pas les variations spatiales d’intensités (due à différentes sources, voir Section 2.3.3). Il est alors nécessaire de définir et d’estimer des modèles adaptés pour prendre en compte ces inhomogénéités d’intensité.

Peu de modèles prennent en compte les inhomogénéités causées par les propriétés biologiques des tissus, liées principalement à des compositions différentes du même tissu et à l’effet de susceptibilité magnétique. Wells et al. (1996) et Held et al. (1997) utilisent des fenêtres de Parzen pour modéliser la distribution conditionnelle d’intensité pour chaque tissu. Ces distributions nécessitent un ensemble de voxels représentatif de chaque classe de tissu qui doivent être fournis par l’utilisateur. Cette méthode n’est pas entièrement automatique, peu objective et peu reproductible.

La correction des inhomogénéités dues aux imperfections de l’imageur est par contre largement considérée dans la littérature, qualifiée de correction du *champ de biais* (« bias field correction » en anglais). Comme décrit dans la Section 2.3.3, cet artefact est dû principalement aux hétérogénéités lentes du champ statique B_0 , ainsi qu’à la sensibilité de l’antenne de réception. Le champ de biais \mathbf{B} est dans la plupart des approches modélisé comme une perturbation *lente* et *multiplicative* des intensités (à la différence des inhomogénéités dues aux propriétés biologiques des tissus qui n’est pas nécessairement lente, mais dépend de l’anatomie). Sled et al. (1998) remarquent cependant que la modélisation multiplicative est moins adaptée pour les inhomogénéités dues aux courants induits et aux hétérogénéités de champ d’excitation B_1 . Pour des raisons de simplification des calculs, un grand nombre de méthodes utilisent une transformation logarithmique des intensités. Cette transformation permet de modéliser le biais multiplicatif comme un artefact additif. Enfin, certaines approches considèrent un biais unique affectant les tissus de la même manière, d’autres un biais par classe de tissu.

On distingue généralement deux types d’approches pour la correction du champ de biais : les approches séquentielles et les approches couplées, intégrées au modèle de segmentation.

3.2.5.a Approches séquentielles

Dans les approches séquentielles la correction de biais est réalisée en prétraitement, avant l’étape de segmentation, et généralement après l’étape de débruitage (Garcia-Lorenzo et al., 2008b). Historiquement les premières méthodes consistaient à utiliser des filtres passe-bas ou des filtres homomorphiques sur la transformée en logarithme de l’image pour supprimer les basses fréquences. Ces algorithmes ont l’avantage d’être simples et rapides à calculer, mais peuvent corrompre certaines hautes fréquences comme les contours. D’autres approches impliquant l’analyse de l’histogramme

de l'image ont été proposées. L'idée est, en considérant un biais multiplicatif, de minimiser l'entropie de l'histogramme de l'image corrigée. Un histogramme de faible entropie assure en effet que les pics correspondants à chaque classe sont mieux séparés. Sans contrainte, l'entropie est cependant minimisée lorsque le champ de biais est uniforme et égal à 0. L'histogramme de l'image reconstruite contient alors un seul pic contenant tous les voxels. Différentes approches ont été proposées pour contraindre la minimisation de l'entropie. [Mangin \(2000\)](#) impose à la solution de minimiser une distance entre l'intensité moyenne de l'image originale et celle de l'image reconstruite. Dans [Likar et al. \(2001\)](#), l'image restaurée a exactement la même intensité moyenne que l'image originale. Dans une approche similaire, [Sled et al. \(1998\)](#) s'attachent à maximiser le contenu fréquentiel de la distribution des intensités transformées par logarithme (algorithme N3, Normalisation Nonuniforme et Nonparamétrique). Pour contraindre la solution, le champ de biais est modélisé par une distribution gaussienne de moyenne nulle et de faible variance.

3.2.5.b Approches couplées

Les approches couplées reposent quant à elles sur une estimation alternée du biais et des paramètres du modèle de segmentation. Elles intègrent à la fois le modèle de formation du bruit et un modèle du champ de biais. On trouve au moins quatre modèles qui décrivent l'interaction des intensités idéales \tilde{y} , du bruit additif n et du champ de biais b pour former l'image observée \mathbf{y} .

Le premier modèle ([Pham et Prince, 1999](#); [Shattuck et al., 2001](#)) considère que le bruit provient seulement de la chaîne de mesure de l'imageur et est indépendant du champ de biais. L'image observée \mathbf{y} est alors obtenue par :

$$y_i = \tilde{y}_i b_i + n_i.$$

Le second modèle ([Ashburner et Friston, 2005](#)) considère que le bruit est dû seulement à des sources biologiques : le bruit n'_i est ajouté avant la perturbation par le champ de biais :

$$y_i = (\tilde{y}_i + n'_i) b_i. \quad (3.4)$$

Le troisième ([Fischl et al., 2004](#)) considère que le bruit est une combinaison du bruit de la chaîne de mesure et du bruit biologique :

$$y_i = (\tilde{y}_i + n'_i) b_i + n_i$$

Enfin, le quatrième et plus répandu consiste à transformer les intensités dans le domaine logarithmique, et à considérer le modèle de formation de l'image :

$$\log(y_i) = \log(\tilde{y}_i) + \log(b_i) + n_i.$$

Avec cette quatrième approche [Wells et al. \(1996\)](#) modélisent la transformée logarithmique du champ de biais avec une distribution gaussienne de moyenne nulle. Les paramètres du modèle de classification et du champ de biais sont estimés de manière itérative dans un cadre bayésien avec un algorithme de type expectation-maximization (EM) ([Dempster et al., 1977](#)). [Held et al. \(1997\)](#) introduisent dans ce modèle une régularisation spatiale. Ils modélisent avec des champs de Markov à la fois le champ d'étiquettes et le champ de biais. [Van Leemput et al. \(1999b\)](#) modélisent quant à eux le champ de biais comme une combinaison linéaire de polynômes régulier de degré quatre. Dans ces trois approches, l'estimation du champ de biais est perturbée par certaines classes de tissu qui ne suivent pas exactement une distribution gaussienne. C'est par exemple le cas du LCR, des lésions ou des tissus n'appartenant pas à l'encéphale. [Guillemaud et Brady \(1997\)](#) introduisent alors une classe supplémentaire « outlier » de distribution uniforme pour modéliser ces tissus, améliorant significativement les résultats.

Dans ces approches la transformation logarithmique, non linéaire, conduit à une séparation plus difficile des classes et implique de prendre des précautions particulières avec les valeurs proches de zéro. De plus, la modélisation gaussienne du bruit n'est plus valide.

Ashburner et Friston (2005) s'affranchissent de la transformation logarithmique et considèrent le deuxième modèle (Equation 3.4). Les classes de tissus sont alors modélisées par la distribution gaussienne $g_{\mu_k b_i, \sigma_k b_i}(y_i)$ de moyenne $\mu_k b_i$ et de variance $(\sigma_k b_i)^2$. Cette approche, comme la plupart, considère un champ de biais unique qui perturbe les classes de tissus de la même manière, qui n'est pas réaliste. Marroquin et al. (2002) proposent d'estimer un modèle de biais par classe de tissu. De cette manière, ils prennent en partie en compte les inhomogénéités dues à l'artéfact de susceptibilité magnétique des tissus (voir Section 2.3.3), à l'origine d'inhomogénéités accentuées à l'interface entre deux tissus. Remarquant que l'utilisation de polynôme de degré faible (resp. de degré élevé) est trop rigide (resp. trop flexible), ils modélisent les inhomogénéités avec des splines.

Cette approche semble donner de bons résultats mais nécessite l'introduction de connaissances *a priori* fournies par le recalage d'un atlas, parfois délicat (surtout en présence de fortes inhomogénéités) et coûteux en temps de calcul.

3.2.5.c Conclusion

Le handicap majeur de ces approches est qu'elles estiment des paramètres globaux d'intensité sur tout le volume, impliquant la définition d'un modèle d'inhomogénéité. Ce modèle nécessite de faire des hypothèses particulières sur :

- l'interaction du biais et du modèle de bruit dans la formation de l'image,
- la nature multiplicative du biais, qui est peu adaptée pour les inhomogénéités dues aux courants induits et aux hétérogénéités de champ d'excitation B_1 ,
- la nature lente des variations d'intensité, qui n'est valable que pour les inhomogénéités dues à l'imageur (champ de biais),
- la modélisation des inhomogénéités : ensemble de polynômes, de splines, ...
- la définition d'un champ de biais unique pour tous les tissus ou d'un champ par tissu
- l'utilisation de la transformation logarithmique de l'image, qui induit différents effets de bord,
- ...

A l'opposé, l'estimation locale des paramètres permet de mieux refléter les propriétés locales de l'image. En particulier elles ne nécessitent aucune modélisation explicite du champ de biais comme décrit dans la section suivante.

3.3 Approche locale de la segmentation

3.3.1 Principe, forces et difficultés

La segmentation locale des IRM cérébrales n'est que peu considérée dans la littérature. Elle offre pourtant des propriétés intéressantes. Son principe est d'estimer des modèles d'intensités dans des *sous-volumes* du volume complet. Les modèles estimés localement modélisent alors mieux les distributions d'intensités locales. Comme illustré sur la Figure 3.11.a, un même niveau de gris peut être étiqueté dans différentes classes selon l'estimation réalisée localement. Les approches locales permettent alors une segmentation robuste aux variations d'intensité, et ce sans modèle explicite d'inhomogénéité.

La taille des sous-volumes choisie pour l'estimation locale est cependant un paramètre crucial : une taille trop grande implique une plus grande sensibilité aux inhomogénéités, car l'estimation est davantage perturbée par les inhomogénéités d'intensité. Une taille trop petite conduit par contre à une mauvaise estimation car certaines classes de tissus risquent d'être sous-représentées (Figure 3.11.b). Par exemple des sous-volumes localisés dans le centre du cerveau risquent de contenir que

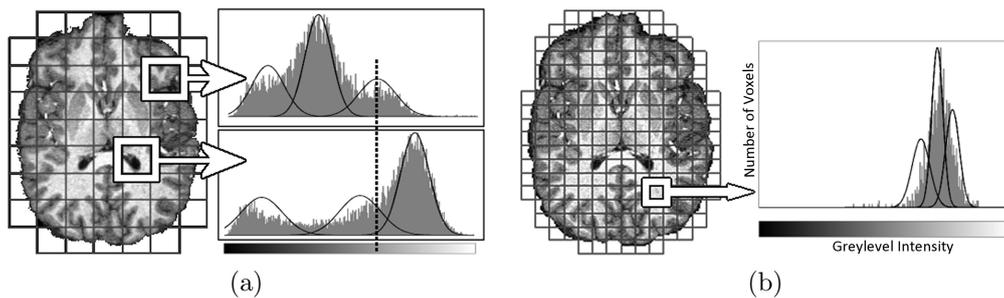


FIG. 3.11 – Avantage d’une modélisation locale : l’image (a) montre deux histogrammes représentant la distribution d’intensité locale dans deux sous-volumes différents, ainsi que les deux mélanges de gaussiennes estimés. La barre verticale pointe une même intensité étiquetée MG ou MB selon le sous-volume. L’image (b) montre cependant que des sous-volumes trop petits peuvent mener à une mauvaise estimation des modèles d’intensité locaux.

de la matière blanche, et certains sous-volumes dans les sillons que de la matière grise et du liquide céphalo-rachidien.

Dès lors que l’on considère une approche locale, les principales difficultés à résoudre sont alors :

- (1) d’attribuer une taille et une forme adéquate aux sous-volumes.
- (2) de s’assurer de la validité du modèle local.

3.3.2 Une approche encore peu explorée

Ces difficultés à résoudre expliquent le faible nombre d’approches locales proposées. Pour pallier à la première difficulté seuls des sous-volumes cubiques réguliers ont été utilisés, bien que cette solution ne semble pas optimale. Un pavage « intelligent » serait sans doute plus approprié pour assurer une représentation maximale des classes dans chaque sous-volume. Pour assurer la validité du modèle local, on peut distinguer deux types d’approches. Certaines se basent sur des sous-volumes qui se superposent en partie et d’autres sur des sous-volumes disjoints comme décrit dans la suite.

Approches avec sous-volumes en recouvrement partiel.

Une première catégorie de méthode considère des sous-volumes qui se superposent en partie pour assurer une représentation suffisante des différentes classes. Se pose alors le problème du choix de la taille des sous-volume pour assurer une estimation fiable : celle-ci doit être suffisamment grande pour que toutes les classes soient représentées, impliquant une forte redondance. Se pose aussi le problème de l’organisation des sous-volumes et en particulier de la taille de la zone du recouvrement.

- Dans l’approche Adaptive-MAP (AMAP), [Rajapakse et al. \(1997\)](#) distribuent un ensemble de champs de Markov partiellement superposés sur une grille 3-D de points, et calculent les valeurs intermédiaires par interpolation bilinéaire. Aucune vérification des modèles locaux n’est intégrée, impliquant la nécessité d’une zone de recouvrement importante entre les sous-volumes pour assurer la représentation suffisante des classes. L’estimation des paramètres des champs de Markov avec une telle redondance est extrêmement lourde d’un point de vue calcul, qui empêche l’approche d’être utilisée en pratique.
- [Zhu et Jiang \(2003\)](#) distribuent des modèles avec recouvrement de classification par FCM (approche Multi-Context FCM, MCFCM) sans vérification des modèles locaux. Le degré final d’appartenance aux classes est déterminé en confrontant les différentes estimations avec des outils

issus de la théorie de fusion de l'information. La FCM est beaucoup moins coûteuse en calculs que les champs de Markov, rendant l'approche attractive malgré la redondance, mais moins robuste au bruit. L'introduction d'une corrélation spatiale dans l'algorithme FCM est envisageable mais rendrait cette approche beaucoup plus lourde.

- [Shattuck et al. \(2001\)](#) estiment des modèles d'intensités locaux avec une faible superposition des sous-volumes et une détection de mauvaise estimation en quatre étapes. Ces modèles locaux n'intègrent pas de modèle de bruit ; ils sont seulement utilisés en prétraitement pour estimer un champ d'inhomogénéité et restaurer l'image avant l'étape de segmentation. La méthode ré-introduit alors l'hypothèse de biais multiplicatif pour calculer la carte de biais. Cette hypothèse ne serait pourtant pas nécessaire si l'estimation locale était aussi utilisée pour la segmentation.

Approches avec sous-volumes disjoints.

La seconde catégorie d'approche locale est de considérer un partitionnement du volume en sous-volumes disjoints, permettant d'éviter la redondance dans le traitement de l'image. La vérification et la correction des modèles locaux est alors assurée uniquement par l'introduction de mécanismes de régularisation.

- [Grabowski et al. \(2000\)](#) estiment des modèles d'intensité locaux dont les paramètres sont contraints par ceux d'un modèle d'intensité global. L'approche n'est alors pas entièrement locale : le modèle global peut tout à fait ne pas être pertinent pour corriger le modèle local dans certains sous-volumes. En particulier, ce type de régularisation est incompatible lors de fortes inhomogénéités.
- [Richard et al. \(2004\)](#) modélisent la segmentation locale par un système multi-agents. Des agents locaux et coopératifs segmentent leur sous-volume en combinant l'information d'une modélisation par mélange de gaussienne et d'algorithmes de croissance de région pour corriger les modèles locaux. Cette approche manque d'un cadre formel bien posé ainsi que d'une robustesse au bruit.
- [Richard et al. \(2007\)](#) modélisent aussi la segmentation locale dans un système multi-agents. Chaque agent estime les paramètres d'un champ de Markov local en intégrant des contraintes issues de ses agents voisins. Cette approche de considérer une régularisation d'un modèle local via une « plus large localité » est intéressante mais manque aussi d'une description formelle et rigoureuse.

3.3.3 Conclusion

Les approches locales mettent en évidence de bonnes propriétés et en particulier une modélisation implicite des variations d'intensité des classes. Les méthodes actuelles utilisent cependant la localité soit seulement en prétraitement, soit avec trop de redondance pour des temps de calculs compétitifs en intégrant la robustesse au bruit. Les approches actuelles souffrent du manque d'un modèle de régulation adapté des modèles locaux et du manque d'un cadre formel bien posé pour leur estimation.

3.4 Le paradigme multi-agents pour l'interprétation d'images

Nous présentons dans cette section le paradigme multi-agents qui offre un cadre adapté pour la modélisation et l'implémentation d'une approche locale de segmentation.

3.4.1 Présentation

Le paradigme multi-agents est un concept issu de la recherche en Intelligence Artificielle Distribuée. Il offre un formalisme permettant de modéliser de manière structurée un système distribué et les interactions entre les entités qui le composent.

Intuitivement, un système multi-agents (SMA) est composé d'un ensemble d'entités, les agents, plongés dans un environnement. Ces agents peuvent être virtuels : ce sont généralement des procédures informatiques autonomes. Ils peuvent aussi être réels, l'utilisateur ou un capteur « intelligent » pouvant être considérés comme des agents. Les agents interagissent entre eux et avec leur environnement. Ils partagent des ressources communes et communiquent de façon intentionnelle (par envoi de message ou partage contrôlé d'information) ou de façon non intentionnelle (par l'intermédiaire de traces laissées dans l'environnement par exemple) afin de résoudre un problème donné. La section suivante présente certains concepts formels essentiels des systèmes multi-agents.

3.4.2 Formalisme du cadre multi-agents

La modélisation multi-agents est fondée sur un cadre formel bien posé. [Ferber \(1995\)](#) en donne la définition suivante :

Definition 3.4.1 *Un système multi-agents (SMA) est défini par :*

- **Un environnement** \mathcal{E} , généralement associé à une métrique
- **Un ensemble d'objets** \mathcal{O} . Ces objets sont situés, c'est-à-dire que, pour tout objet, il est possible, à un moment donné, d'associer une position dans \mathcal{E} . Ces objets sont passifs, c'est-à-dire qu'ils peuvent être perçus, créés, détruits et modifiés par les agents.
- **Un ensemble A d'agents**, qui sont des objets particuliers, lesquels représentent les entités actives du système.
- **Un ensemble de relations** \mathcal{R} qui unissent les objets (et donc les agents) entre eux.
- **Un ensemble d'opérations** \mathcal{O}_p permettant aux agents de A de percevoir, produire, consommer, transformer et manipuler des objets de \mathcal{O} .
- **Des opérateurs** chargés de représenter l'application de ces opérations et la réaction du monde à cette tentative de modification, que l'on appellera les lois de l'univers.

Les recherches fondamentales dans la communauté SMA concernent la représentation de la décision des agents, du contrôle, des interactions et des protocoles de communications.

3.4.2.a Catégories d'agent

On considère généralement deux catégories d'agents :

les agents cognitifs, qui possèdent des capacités de décision et d'exécution de tâches complexes.

Ils sont dotés de représentations et de connaissances explicites de soi, de l'environnement et des autres agents. Ils se fondent alors sur des plans pour définir leur comportement, suivant un cycle perception/décision/action.

les agents réactifs, qui sont fondés uniquement sur une réaction à l'environnement suivant un cycle perception/action ou stimulus/réponse. Ils ne possèdent pas de connaissances ni de buts explicites : le comportement complexe du système émerge de la coexistence et de la coopération des comportements simples. Par exemple, les perceptrons dans les réseaux de neurone MLP (multi-layer perceptron) pourraient être considérés comme des agents réactifs avec ce formalisme.

3.4.2.b Stratégies de coopérations

La coopération entre agents est au cœur des systèmes multi-agents. Elle permet de combiner plusieurs sources d'information ou plusieurs modalités de traitement pour réaliser une tâche donnée. [Garbay \(2000\)](#) distingue trois formes de coopérations dans le cadre de l'interprétation d'images (voir Figure 3.12).

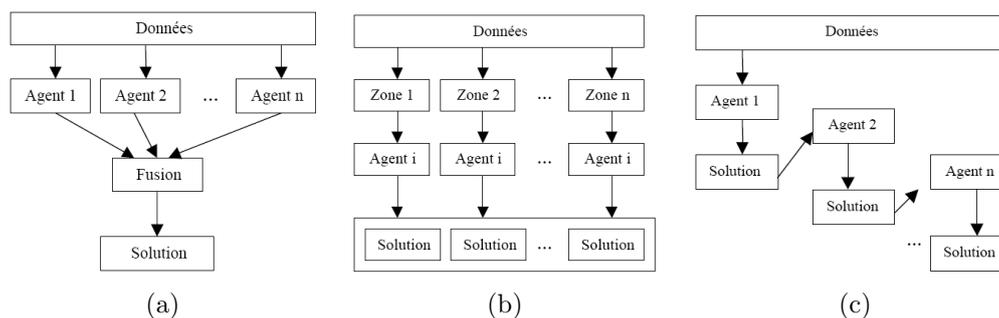


FIG. 3.12 – Les différentes stratégies de coopération (d’après Garbay (2000)) dans le cadre de l’interprétation d’images : la stratégie confrontative (a), augmentative (b) et intégrative (c).

la **coopération confrontative**, selon laquelle « une tâche est exécutée par plusieurs agents œuvrant de manière concurrente sur le même ensemble de données, le résultat étant obtenu par fusion ».

la **coopération augmentative**, selon laquelle « une tâche est répartie sur une collection d’agents de compétences similaires, œuvrant de façon parallèle sur des sous-ensembles disjoints de données, la solution étant obtenue sous la forme d’un ensemble de solutions locales ».

la **coopération intégrative**, selon laquelle « une tâche est décomposée en sous-tâches accomplies par des agents de spécialités différentes et œuvrant de manière coordonnée, la solution étant obtenue au terme de leur exécution ».

Ces formes de coopération peuvent être combinées pour définir des interactions complexes entre agents.

3.4.2.c Stratégie de contrôle

Le contrôle est « l’ensemble des procédures, mécanismes et stratégies qui permettent d’orchestrer les traitements en vue de progresser vers le but recherché, c’est-à-dire de choisir à chaque pas de la résolution l’entité à activer » (Garbay, 2000). C’est un problème central car on ne connaît pas *a priori* la chaîne de traitements qui permet de résoudre le problème posé. Le contrôle centralisé concentre le contrôle au sein d’une « entité supérieure », le coordinateur central (stratégie délibérative). Ce type de contrôle est notamment mis en œuvre dans les approches de planification de tâches. Les systèmes multi-agents se basent généralement sur une *décentralisation du contrôle* (stratégie réactive), dans laquelle les décisions sont prises localement par différentes entités autonomes en interaction. La décentralisation du contrôle permet d’instaurer des stratégies opportunistes. Le choix de l’enchaînement n’est pas fondé sur un but global mais sur un ensemble de buts locaux qui apparaissent dynamiquement. Certaines approches proposent aussi de centraliser certaines décisions fondamentales (décision globale avec concertation), les décisions simples étant décentralisées (décision locale individuelle).

3.4.2.d Architecture des agents

Les agents peuvent être décrits par leurs actions, c’est-à-dire leur « comportement » dans l’environnement. Ils peuvent aussi être décrits par leur architecture, c’est-à-dire par la façon dont ils sont conçus, par leur structure interne et le principe d’organisation de leurs composants.

Pour les agents cognitifs, l’architecture est généralement *modulaire* : elle regroupe sous forme de modules les composants habituels de l’agent (perception, communication, planification, raisonnement). Un module de supervision est éventuellement présent pour contrôler et spécifier l’ordre

d'exécution des niveaux de base. L'extension *Belief-Desire-Intentions* (BDI) de ce modèle définit des modules spéciaux représentant les croyances, les désirs et les intentions de l'agent. D'autres architectures *récurrentes* considèrent les composants de l'agent comme des agents eux-mêmes et l'agent comme une société d'agents. De nombreuses autres architectures ont été proposées mais dont la présentation complète sort du cadre de ce mémoire.

L'organisation des agents (« modèle social ») est également un aspect central dans la conception de systèmes multi-agents. Elle définit comment les agents interagissent entre eux. Gutknecht (2001) propose une architecture décentralisée basée sur un modèle conceptuel Agent-Group-Comportement. Elle est implémentée en pratique dans la plate-forme MadKit¹. Dans ce modèle un agent exécute des *comportements* afin de réaliser sa tâche. Chaque agent peut posséder plusieurs comportements mais seulement un seul peut être actif à un moment donné. L'agent peut être en mode *actif* (il exécute son comportement) ou en mode *sommeil* (il attend le réveil par un autre agent). Un *groupe*, ou *groupe d'accointances*, est défini comme un moyen d'identifier par regroupement un ensemble d'agents. Il représente une communauté d'agents en relation qui interagissent entre eux. Un agent peut appartenir à plusieurs groupes, et les groupes peuvent se recouvrir. Les approches locales proposées dans cette thèse ont été modélisées en s'inspirant de cette architecture. La plateforme MadKit n'a cependant pas été utilisée, préférant une implémentation spécifique simplifiée qui simule le parallélisme (voir Section 6, p.89 - Implémentation).

3.4.3 Un cadre adapté pour la segmentation locale

Le formalisme multi-agents est particulièrement adapté pour formaliser le caractère distribué du processus de segmentation locale. L'estimation des paramètres locaux peut être naturellement modélisée comme la tâche d'*agents situés*, ancrés dans l'image, qui travaillent localement chacun sur un sous-volume et s'adaptant donc à l'intensité locale. Des mécanismes de coopération peuvent être définis. Ils permettent aux agents de collaborer de manière à réguler leur modèle local. Ils permettent aussi aux agents de partager leur connaissance ou d'en intégrer de nouvelles. Des mécanismes de coordination permettent d'orchestrer de manière décentralisée la tâche des agents : un agent peut par exemple relancer la procédure d'estimation de ses voisins afin de diffuser la modification d'une connaissance locale ; un agent dont la tâche est terminée peut se désactiver et laisser les ressources en calcul pour traiter le reste de l'image. Ces mécanismes de coopération permettent donc aux agents de s'adapter à la complexité locale de l'image.

3.5 La segmentation des structures, considérée comme un traitement séparé

Nous avons présenté dans les sections précédentes la segmentation des tissus, qui est généralement considérée de manière globale excepté certaines approches locales qui révèlent certaines bonnes propriétés. Nous décrivons dans cette section des approches de segmentation des structures et mettons en évidence qu'elles considèrent toutes ce problème comme un traitement séparé à la segmentation des tissus.

La segmentation des structures sous-corticales est une tâche fondamentale comme le montrent les applications présentées dans la Section 2.4.2. Yushkevich et al. (2006) ont récemment proposé une méthode semi-automatique par modèle déformable et distribuent publiquement leur outil

¹MadKit : <http://www.madkit.org> (accès valide en octobre 2008)

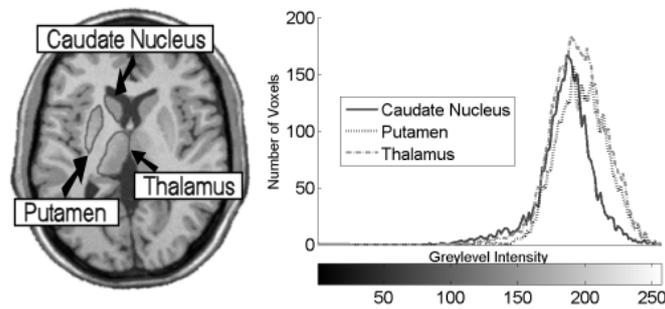


FIG. 3.13 – Les distributions d’intensités des structures se recouvrent partiellement : l’image (a) montre la segmentation manuelle de trois structures grises sous-corticales et l’image (b) l’histogramme des intensité correspondant à ces structures.

*SnapITK*². La variabilité inter-expert et le coût en temps humain de ce type de méthode semi-automatique motivent cependant la mise en œuvre d’outils entièrement automatiques.

Nécessité d’injecter une information *a priori*

La seule donnée de l’intensité d’un voxel ne permet pas de savoir à quelle structure il appartient. En effet les distributions d’intensité de chaque structure se recouvrent en grande partie (Figure 3.13). Il est nécessaire d’injecter une information *a priori* supplémentaire. Les sections suivantes introduisent les deux formes de connaissances généralement considérées : la connaissance d’un atlas à recalcr sur l’image ou la description floue de l’anatomie cérébrale.

3.5.1 Introduction d’un atlas à recalcr

3.5.1.a Deux types d’atlas

Une grande majorité des méthodes de segmentation des structures reposent sur l’introduction d’information *a priori* via un atlas recalcr sur l’image. On différencie deux types d’atlas :

- *les atlas d’étiquettes* (voir Figure 3.14), généralement construits à partir d’une image segmentée manuellement ou semi-manuellement.
- *les atlas statistiques* (voir Figure 3.15), construits à partir d’un ensemble de sujets segmentés manuellement ou semi-manuellement et recalcrés entre eux. Des outils statistiques permettent ensuite d’extraire une description statistique des segmentations des différents sujets.

Les atlas basés sur un seul sujet n’intègrent pas la variabilité anatomique entre les individus : par exemple les variations de position et de volume des structures ne sont pas représentées. De plus, même si le sujet est sain et normal, certaines régions de son cerveau peuvent être des représentations extrêmes comparées à la population. L’outil STAPLE (Warfield et al., 2004) peut cependant être utilisé pour construire un « atlas statistique d’étiquettes », en construisant à partir d’un ensemble de segmentations semi-manuelles une estimation statistique de la « vraie » segmentation.

Les atlas statistiques intègrent eux plus d’information : ils permettent de mieux modéliser la variabilité inter-individuelle. Fischl et al. (2004) remarquent cependant que l’effet de moyenne et d’incertitude peut supprimer des informations potentiellement utiles. Parmi les atlas statistiques, on peut distinguer les atlas orientés contours et les atlas orientés région.

Les atlas statistiques orientés contours définissent des modèles statistiques de forme des structures, intégrant leur forme moyenne et leurs variations dans la population. Ces formes sont

²<http://www.itksnap.org/>, accès valide en octobre 2008

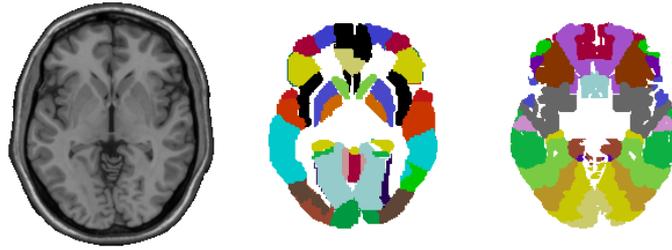


FIG. 3.14 – Atlas d'étiquettes : l'image (a) est l'image anatomique de référence, l'image (b) l'atlas AAL³ (Anatomical Automatic Labeling digital brain atlas) et l'image (c) l'atlas des aires de Brodmann⁴

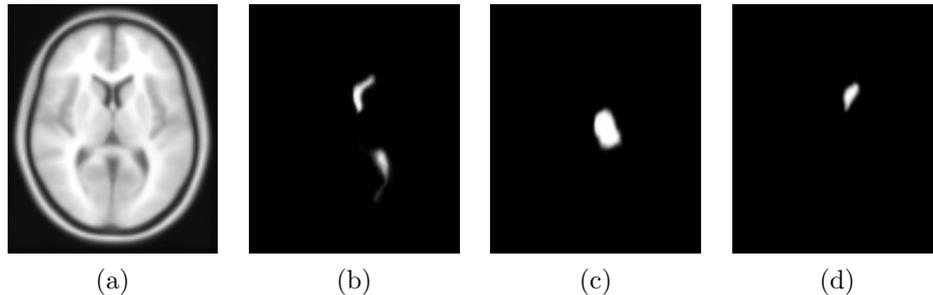


FIG. 3.15 – Atlas statistique orienté régions de structures sous-corticales (Atlas Harvard-Oxford fourni dans FSL) : l'image (a) est un image anatomique moyenne, l'image (b) l'atlas statistique du ventricule latéral gauche, l'image (c) du thalamus gauche et l'image (d) du noyau caudé.

généralement représentées par des distributions de points sur le contour (*active shape models*) ou des modèles déformables (*deformable templates*) (Pitiot et al., 2004). Des outils tels l'analyse en composantes principales sont souvent mis en œuvre pour leur construction. Par exemple Ciofolo et Barillot (2006) l'utilisent pour définir des modèles statistiques des structures sous-corticales ; Corouge et Barillot (2002) pour des modèles statistiques des sillons corticaux. Styner et al. (2003) proposent d'étudier la forme des structures via l'analyse de leur axe médian. Ces approches, par modélisation statistique des formes (*statistical shape modeling*), nécessitent ensuite la définition d'opérateurs de similarité entre formes afin de recalculer le modèle statistique de formes sur l'image à segmenter.

Les atlas statistiques orientés régions sont eux exprimés comme des cartes 3-D de probabilité d'appartenance à chaque structure. Ils peuvent être injectés naturellement dans les modèles de classifications statistiques orientés régions, mais peuvent aussi intervenir dans l'expression de forces externes des modèles déformables.

Toutes ces approches par atlas impliquent sur une étape cruciale : le recalage de l'atlas pour le mettre en correspondance avec l'image à segmenter.

3.5.1.b Recalage de l'atlas

Le recalage d'images ou de formes est un domaine très vaste dont la présentation complète sort du cadre de ce mémoire. Le but du présent paragraphe est d'en exhiber les concepts afin d'en pointer les points forts et les inconvénients.

³Disponible à l'adresse <http://www.cyceron.fr/freeware/> (accès valide en octobre 2008).

⁴Disponible dans l'outil MRICron <http://www.sph.sc.edu/comd/rorden/mricron/> (accès valide en octobre 2008).

Le recalage d'objets est généralement modélisé comme un problème d'optimisation : l'atlas I_a est recalé sur l'image de destination I_d en cherchant une transformation Φ qui maximise la similarité Δ entre I_d et l'atlas transformé $\Phi(I_a)$.

De manière plus précise, on définit sur l'atlas et sur l'image des descripteurs caractéristiques homologues Ω_a et Ω_d dont la similarité est mesurable par $\Delta(\cdot, \cdot)$. Un très grand nombre de descripteurs et de mesures de similarité associées a été proposé. Dans le *recalage orienté contours*, on peut par exemple citer des mesures de similarité basées sur des notions de distance entre formes. Dans le *recalage orienté régions*, les descripteurs caractéristiques peuvent être basés sur les intensités, le gradient de l'image ou sur l'histogramme conjoint. La mesure de similarité associée à ces descripteurs se basent généralement sur une analyse globale de l'image. [Ourselin et al. \(2000\)](#) proposent une approche basée sur l'appariement de blocs optimisant un coefficient de corrélation local. [Hellier et Barillot \(2003\)](#) proposent une méthode de recalage intégrant à la fois des informations régions (les intensités) et des informations contours (modèle des sillons corticaux) de manière à contraindre le recalage à partir de connaissances anatomiques.

Le recalage consiste alors à trouver les paramètres θ de la transformation Φ qui maximisent (avec un algorithme Ψ) la similarité Δ entre les descripteurs caractéristiques Ω_d et celles de l'atlas transformées par Φ :

$$\arg \max_{(\theta|\Psi)} \Delta(\Omega_d, \Phi_\theta(\Omega_a)) \quad (3.5)$$

La transformation Φ peut être choisie linéaire (rigide, affine ou projective) ou non linéaire (transformation élastique, fluide...) L'augmentation du nombre de degrés de liberté de la transformation permet en théorie de mieux faire correspondre les images mais engendre aussi un espace de recherche beaucoup plus vaste. Le calcul est alors plus lourd et le nombre d'optima locaux plus important. Un grand choix est disponible pour l'algorithme d'optimisation Ψ . On peut utiliser des méthodes d'optimisation globales : méthodes stochastiques, recuit simulé, programmation dynamique, ... mais qui généralement engendrent un calcul lourd, et ne peuvent être mises en œuvre dans les problèmes de trop grande dimension. Les méthodes d'optimisation non globales garantissent seulement l'obtention d'un optimum local mais sont plus rapides à calculer : descente de gradient, méthode du simplexe, méthode de Powell, ... On peut en « améliorer la globalité » via des approches multi-résolution.

3.5.1.c Application à la segmentation des structures

Bref aperçu du recalage orienté contours

Les atlas orientés contours ont été largement considérés dans la littérature. Parmi eux les ASM (*active shape models*) ([Cootes et al., 1994](#)) déterminent des modèles de distribution de points des contours pour décrire les structures. [Bernard et al. \(2001\)](#) proposent des ASM hiérarchiques afin d'intégrer des relations entre structures, en encodant leurs positions et orientations relatives. [Pitiot et al. \(2004\)](#) définissent des modèles de formes (*deformable templates*) dont l'évolution est parallèle et multi-contrainte : descripteurs de forme, de textures, de position relative mais aussi par des règles *a priori* d'amplitude de déformations autorisées déterminées par un expert. Les performances de ces approches basées sur la forme sont cependant perturbées par les erreurs de mise en correspondance entre le modèle géométrique de forme et les intensités de l'image ([Collins et al., 1995](#)). [Baillard et al. \(2001\)](#) utilisent un recalage dense de forme pour initialiser de manière automatique une méthode de segmentation par *level sets*. [Ciofalo et Barillot \(2006\)](#) proposent une approche avec des *level sets* en compétitions. Ils intègrent un modèle de forme pour chaque structure et proposent un contrôleur de décision flou pour contrôler l'évolution locale des *level sets*.

Recalage global élastique versus localement affine

Parmi les approches de recalage orientée régions, le recalage non linéaire est généralement préféré lorsqu'il s'agit de segmenter les structures. En effet la variabilité inter-individuelle engendre une déformation globalement non linéaire comparativement à un atlas. Certaines méthodes définissent la transformation par des points de contrôles répartis régulièrement ou irrégulièrement sur l'image de référence. Avec ce type d'approche [Collins et al. \(1995\)](#) (algorithme ANIMAL) segmentent les structures en estimant les paramètres d'une transformation élastique globale pour recaler un atlas d'étiquettes sur l'image. D'autres approches, baptisées par *transformation dense*, consistent à définir un point de contrôle par voxel. [Shen et Davatzikos \(2002\)](#) proposent un algorithme élastique de recalage (HAMMER) qui se base sur des vecteurs d'attributs à différentes échelles en chaque voxel, et non pas sur une mesure de similarité entre intensité. Ils mettent en œuvre une approche hiérarchique dans le calcul de l'optimisation afin de minimiser les optima locaux. Cet outil est largement utilisé dans la communauté mais requiert des temps de calcul importants. Les approches par *démons* ([Thirion, 1998](#)) recherchent une transformation dense basée sur la contrainte du flot optique et sont plus efficaces en temps de calculs.

L'inconvénient majeur de ces méthodes est qu'elles cherchent à calculer les paramètres d'une transformation de très grande dimension et ne profitent pas du caractère local des déformations.

D'autres approches se basent sur un ensemble de transformations locales. Elles consistent généralement à estimer une première transformation globale affine puis à capturer les déformations locales résiduelles via des transformations locales. [Cuadra et al. \(2001\)](#) considèrent des transformations locale denses estimées par des *démons* ([Thirion, 1998](#)) locaux. De nombreuses approches considèrent toutefois des transformations locales affines. Elles sont souvent suffisantes pour capturer les déformations résiduelles et sont très efficaces à calculer. [Little et al. \(1997\)](#) a introduit une méthode pour calculer un champ de déformation global à partir de l'interpolation de déformations affines locales, idée reprise par [Pitiot et al. \(2006\)](#). Dans ces approches, les transformations locales sont calculées indépendamment et peuvent donc mener à des incohérences. [Arsigny et al. \(2005\)](#) proposent un cadre permettant l'estimation d'une transformation globale inversible à partir de transformations affines locales. Les calculs sont cependant très complexes, limitant l'usage de l'approche au recalage 2-D. [Commowick et al. \(2008\)](#) proposent un algorithme plus efficace en pratique : ils estiment de manière jointe les différentes transformations affines et en déduisent une transformation globale inversible en régularisant les transformations locales dans l'espace Log-Euclidien. [Pohl et al. \(2006\)](#) estiment aussi un ensemble de transformations locale affines propres à chaque structure. L'objectif étant la segmentation des structures, ils ne se soucient pas d'en déduire une transformation globale.

L'avantage des approches de recalage local affine et qu'elles permettent de capturer des déformations globalement non linéaire avec une faible complexité calculatoire.

Atlas d'étiquettes versus atlas statistique

Comme décrit dans la section précédente [Collins et al. \(1995\)](#) déforment un atlas d'étiquettes pour segmenter les structures. Pour ce type d'approche la segmentation des structures revient généralement à un problème de recalage d'atlas uniquement. Les atlas statistiques ont l'avantage de pouvoir s'intégrer naturellement dans un modèle statistique de segmentation. Ils permettent d'injecter une information *a priori* statistique, plus générale qu'un atlas d'étiquettes, et ne sont qu'une composante dans l'algorithme de segmentation. [Fischl et al. \(2002\)](#) proposent de combiner les avantages des atlas d'étiquettes et des atlas statistiques en intégrant dans un modèle bayésien markovien à la fois l'atlas statistique et les images segmentées des différents sujets. L'algorithme

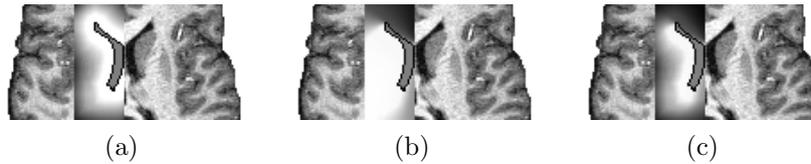


FIG. 3.16 – Les relations spatiales exprimées par des paysages flous 3D : l'image (a) illustre une relation spatiale de distance, l'image (b) d'orientation et l'image (c) la fusion des deux cartes. Le blanc (resp. le noir) représente une forte (resp. une faible) possibilité de vérifier la relation spatiale.

implémenté dans FreeSurfer permet de segmenter un grand nombre de structures (37) mais à un coût très élevé (plus de 20 heures de calculs). Dans une approche récente et originale Pohl et al. (2006) proposent une approche bayésienne de segmentation des structures couplée avec le recalage d'un atlas statistique dans un algorithme *Expectation-Maximization* (EM). Ce couplage contraint mutuellement la segmentation et le recalage dans leur convergence, permettant aux deux procédures de s'améliorer réciproquement.

Nous présentons dans la section suivante une manière différente d'introduire l'information *a priori* nécessaire à la segmentation des structures, fondée sur une description floue de l'anatomie cérébrale.

3.5.2 Introduction d'une description floue de l'anatomie cérébrale.

Une approche alternative récente pour introduire un *a priori* nécessaire à la segmentation des structures est de décrire l'anatomie cérébrale avec des relations spatiales stables entre structures.

3.5.2.a Relations spatiales floues

Les relations spatiales floues sont des relations binaires entre une structure de référence R et la structure cible C . Elles définissent des propriétés imprécises sur la position relative des deux structures. Par exemple « *le putamen (C) est à environ 20mm du ventricule latéral (R)* ». On considère généralement trois types de relations spatiales :

- des relations de distance, de la forme : « C est à une distance d d'environ, supérieure à, inférieure à D mm de R ».
- des relations d'orientation, qui visent à contraindre la position de la structure C dans la direction D par rapport à la structure R .
- des relations de symétrie, afin de prendre en compte la semi-symétrie du cerveau.

Le cadre possibiliste et la logique floue sont particulièrement adaptés pour traduire l'imprécision de l'information et ainsi modéliser la variabilité inter-individuelle. Ils permettent d'exprimer numériquement la possibilité d'appartenance à une structure grâce à la construction de cartes 3D floues (Bloch, 1999) baptisées *paysages flous* (Figure 3.16).

3.5.2.b Application à la segmentation des structures

Chaque structure sous-corticale est décrite par un ensemble de relations spatiales par rapport aux autres structures. Ces relations, considérées comme invariantes dans l'anatomie cérébrale humaine, sont fournies par un anatomiste. Des opérateurs de fusion entre ensembles flous (Bloch, 1999) permettent ensuite de combiner l'information issue des différentes relations spatiales, et fournissent une carte de localisation floue (« *Fuzzy Localization Map* » en anglais, FLM) de la structure dans le volume.

Avec cette approche Barra et Boire (2001) segmentent d'abord les tissus puis dans un second temps les structures, en considérant la carte de localisation floue comme un simple masque flou. Ils extraient les voxels du tissu de la structure dont le degré flou d'appartenance est supérieur à 0.8 dans la FLM. Colliot et al. (2006) introduisent eux cette connaissance dans un modèle déformable orienté contours. Ils proposent l'expression de trois forces externes calculés à partir de la FLM. Chacune de ces forces est introduite dans le schéma d'évolution du modèle déformable et comparée aux autres. Atif et al. (2006) réussissent à segmenter certaines structures en présence d'une tumeur, montrant que certaines relations restent stables même pour des cerveaux pathologiques.

Il faut remarquer que pour calculer la relation spatiale de la structure s_1 par rapport à une structure s_2 , la segmentation de s_2 doit être disponible. La segmentation d'une « structure racine » est donc nécessaire pour démarrer la construction de la connaissance anatomique. Barra et Boire (2001) ainsi que Colliot et al. (2006) considèrent le système ventriculaire. Cette structure présente un bon contraste (gris-noir sur une image pondérée T1) et a la caractéristique d'être la deuxième plus grande composante de LCR dans l'anatomie cérébrale. Cette structure peut alors être segmentée à partir de la segmentation du LCR et d'opérateurs de morphologie mathématique.

3.5.3 Conclusion

L'introduction d'une connaissance *a priori* est indispensable pour la segmentation des structures. La majorité des approches reposent aujourd'hui sur l'utilisation d'un atlas à recalcer sur l'image, dont on peut énumérer les propriétés :

- Les méthodes par atlas permettent généralement de segmenter un grand nombre de structures.
- Le recalage d'un atlas d'étiquettes fournit directement une segmentation en structures, alors que le recalage d'atlas statistiques permet l'introduction naturelle d'une information dans un modèle statistique.
- La qualité de la segmentation dépend en grande partie de la qualité du recalage, de préférence non linéaire. Cette étape régit la robustesse à la variabilité inter-individuelle, mais peut être parfois très longue à calculer. Des approches par recalage localement affine et par régularisation Log-Euclidienne permettent alors d'améliorer l'efficacité.
- Toutes les approches par atlas à l'exception de Pohl et al. (2006) considèrent le recalage et la segmentation comme deux problèmes disjoints, alors qu'ils peuvent être liés dans un cadre bayésien pour s'améliorer mutuellement.

L'approche par description floue de l'anatomie cérébrale avec des relations spatiales permet d'éviter le recalage d'un atlas. Dans certains cas, elle modélise même mieux la variabilité inter-individuelle. Elle est plus robuste à certaines déformations dues à des pathologies, même si des évolutions récentes de modèles de recalage en présence de larges déformations ont été proposées et semblent prometteuses (Stefanescu et al., 2004; Cuadra et al., 2006). La définition de relations spatiales pour définir certaines structures est cependant délicate, conduisant à plus faible nombre de structures pouvant être segmentées.

Enfin, toutes les approches considèrent la segmentation des structures et des tissus comme deux tâches séparées alors qu'elles sont clairement liées : d'une part une structure est composée d'un tissu ; d'autre part la connaissance de la localisation des structures fournit une connaissance pertinente quant à l'intensité locale du tissu.

4

Segmentation coopérative des tissus et structures dans un cadre multi-agents

Sommaire

| | | |
|------------|--|-----------|
| 4.1 | Modélisation markovienne de la segmentation | 54 |
| 4.1.1 | Voisinage et clique | 54 |
| 4.1.2 | Champ de Markov | 55 |
| 4.1.3 | Segmentation markovienne | 55 |
| 4.1.4 | Estimation des paramètres du modèle markovien | 59 |
| 4.2 | Agent markovien local | 60 |
| 4.3 | Segmentation locale et coopérative des tissus | 61 |
| 4.3.1 | Définition hiérarchique des agents | 61 |
| 4.3.2 | Coopération entre modèles locaux | 62 |
| 4.3.3 | Coordination entre les agents | 63 |
| 4.3.4 | Algorithme DILEM | 65 |
| 4.4 | Segmentation locale et coopérative des tissus et structures | 65 |
| 4.4.1 | Agents markoviens locaux spécialisés structure (AML-S) | 65 |
| 4.4.2 | Intégration d' <i>a priori</i> anatomique | 67 |
| 4.4.3 | Coopération entre modèles locaux | 67 |
| 4.4.4 | Coordination entre les agents | 69 |
| 4.5 | Synthèse | 70 |

Dans cette première approche nous proposons :

- (1) de nous placer dans un cadre markovien pour une segmentation robuste au bruit,
- (2) de coupler la segmentation des tissus et des structures,
- (3) de casser la logique traditionnelle du calcul en distribuant des processus d'estimation locaux qui reflètent des propriétés locales de l'image,
- (4) de modéliser ces processus coopératifs dans un cadre multi-agents comme des agents opportunistes qui interagissent et coopèrent.

Nous commençons par introduire le cadre statistique formel de la segmentation markovienne (Section 4.1), puis définissons la notion générale d'agent markovien local (AML) dont le but est d'estimer sur un sous-volume les paramètres d'un champ de Markov local (Section 4.2, page 60). Dans un premier temps ce type d'agent est spécialisé pour segmenter les tissus (AML-T). Le volume est partitionné en sous-volumes disjoints dans lesquels les AML-T estiment les paramètres d'un champ de Markov local en coopération avec leurs voisins (Section 4.3, page 61). Un autre type d'agent

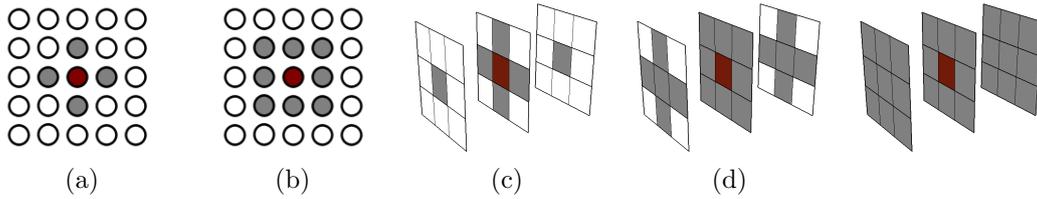


FIG. 4.1 – Représentation sur une grille régulière des voisinages 2-D d'ordre 1 (4-voisinage, image a) et d'ordre 2 (8-voisinage, image b), ainsi que des voisinages 3-D d'ordre 1 (6-voisinage, image c), d'ordre 2 (18-voisinage, image d) et d'ordre 3 (26-voisinage, image e).

markovien local est ensuite spécialisé de manière à segmenter les structures (AML-S). Il intègre une connaissance *a priori* issue de la description floue de l'anatomie cérébrale, et construit cette connaissance par coopération avec les autres AML-S (Section 4.4, page 65). AML-T et AML-S coopèrent afin de modéliser la segmentation des tissus et la segmentation des structures comme des tâches collaboratives, qui s'améliorent mutuellement.

4.1 Modélisation markovienne de la segmentation

Cette section se base sur la modélisation statistique de l'image présentée dans la Section 3.2.1 (page 33). En particulier, une image est modélisée comme un ensemble fini de N sites indexés par $i \in V = \{1, \dots, N\}$. L'idée de la segmentation markovienne est d'introduire des interactions spatiales entre les étiquettes (Geman et Geman, 1984). Plus précisément, la modélisation markovienne considère que la dépendance de l'état d'un site par rapport à l'information contenue dans l'ensemble des sites est réduite à une information locale, contenue dans un voisinage du site.

Nous commençons par introduire les notions de voisinage et de champ de Markov d'une manière générale, puis décrivons le cadre statistique formel de la segmentation markovienne.

4.1.1 Voisinage et clique

4.1.1.a Notion de voisinage

On associe à V un système de voisinage. On désigne par $i \sim j$ la relation de voisinage entre deux sites i et j , et on note $\mathcal{N}(i)$ l'ensemble des voisins de i . Les propriétés de la relation de voisinage sont :

- Un site n'est pas son propre voisin : $i \notin \mathcal{N}(i)$.
- La relation de voisinage est symétrique : $j \in \mathcal{N}(i) \Leftrightarrow i \in \mathcal{N}(j)$

La figure 4.1 illustrent différents voisinages 2-D et 3-D sur une grille régulière.

4.1.1.b Notion de clique

La relation de voisinage \sim permet de définir une clique, qui est un sous-ensemble de V .

Definition 4.1.1 On appelle clique d'ordre r tout sous-ensemble C de r sites de V qui sont tous voisins l'un de l'autre : pour tout site i et j dans C on a $i \sim j$.

On remarque que sur une grille 2-D, le voisinage d'ordre 1 ne fait intervenir que les cliques d'ordre 1 et 2 (voir Figure 4.2). Le voisinage d'ordre 2 fait lui intervenir des cliques d'ordre 1, 2, 3 et 4.

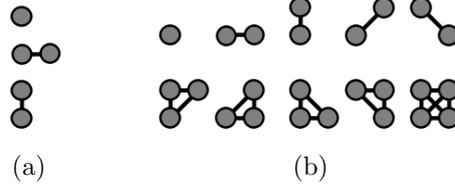


FIG. 4.2 – Représentation des cliques 2-D qui interviennent dans les voisinages 2-D d'ordre 1 (image a) et d'ordre 2 (image b).

4.1.2 Champ de Markov

Definition 4.1.2 *Un champ aléatoire \mathbf{Z} est un champ de Markov sur V si la distribution jointe $p(\mathbf{z})$ vérifie les deux propriétés :*

$$\text{Propriété markovienne :} \quad \forall \mathbf{z}, \quad p(z_i | \mathbf{z}_{V \setminus \{i\}}) = p(z_i | \mathbf{z}_{\mathcal{N}(i)}) \quad (4.1)$$

$$\text{Positivité :} \quad \forall \mathbf{z}, \quad p(\mathbf{z}) > 0, \quad (4.2)$$

où $V \setminus \{i\}$ désigne l'ensemble des sites de V privé du site i , et \mathbf{z}_A désigne à une réalisation du champ \mathbf{Z} restreinte aux éléments de A .

La propriété 4.1 traduit le fait que l'influence des autres voxels de V sur un voxel i est réduite à l'influence du voisinage de i . La propriété de positivité 4.2 permet de garantir l'unicité de la distribution jointe $p(\mathbf{z})$ du champ de Markov. Cette formulation ne permet cependant pas une expression simple de $p(\mathbf{z})$. Pour l'obtenir, on peut utiliser le théorème d'Hammersley-Clifford (Hammersley et Clifford, 1971) qui caractérise différemment un champ de Markov :

Théorème 4.1.1 : théorème d'Hammersley-Clifford

\mathbf{Z} est un champ de Markov $\iff p(\mathbf{z})$ est une distribution de Gibbs.

avec la définition suivante d'une distribution de Gibbs :

Definition 4.1.3 : distribution de Gibbs

Un champ aléatoire \mathbf{Z} est régi par une distribution de Gibbs si la distribution de probabilité jointe est de la forme :

$$p(\mathbf{z}) = W^{-1} \exp(-H(\mathbf{z})), \quad (4.3)$$

où $W = \sum_{\mathbf{z}} \exp(-H(\mathbf{z}))$ est une fonction de normalisation, aussi appelée fonction de partition, et H est une énergie définie à une constante près qui se décompose en une somme de fonctions potentielles U_c associées aux cliques $c \in \mathcal{C}$:

$$H(\mathbf{z}) = \sum_{c \in \mathcal{C}} U_c(\mathbf{z}_c),$$

Il existe plusieurs choix possibles pour la fonction d'énergie H . Certaines, spécifiques aux champs de Markov cachés discrets dans le cadre de la segmentation, sont détaillées dans le paragraphe suivant.

4.1.3 Segmentation markovienne

Résumé de la segmentation statistique en K classes (voir section 3.2.1, page 33) :

L'image observée $\mathbf{Y} = \{Y_1, \dots, Y_N\}$ et l'image des étiquettes $\mathbf{Z} = \{Z_1, \dots, Z_N\}$ sont modélisées par des champs aléatoires. Les Z_i sont à valeur dans $\{e_1, \dots, e_K\}$ et correspondent à l'étiquette

de chaque voxel que l'on cherche à retrouver. L'image observée \mathbf{Y} est considérée comme une observation dégradée de l'image idéale \mathbf{Z} . L'état de \mathbf{Z} n'est pas directement observable et dépend de certains paramètres Φ_z . \mathbf{Y} dépend de \mathbf{Z} via une fonction de densité conditionnelle connue $p(\mathbf{y}|\mathbf{z}, \Phi_y)$ définissant le modèle d'intensité de chaque classe. Celui-ci dépend de paramètres Φ_y et est généralement considéré gaussien. La segmentation consiste alors à résoudre le problème à données incomplètes (\mathbf{Y}, \mathbf{Z}) en calculant une estimation $\hat{\mathbf{Z}}$ de \mathbf{Z} sachant \mathbf{Y} .

Cette estimation peut se calculer en maximisant la densité *a posteriori* de \mathbf{z} , qui s'écrit grâce à la loi de Bayes :

$$p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi) \propto p(\mathbf{y}|\mathbf{z}, \Phi_y) p(\mathbf{z}|\Phi_z),$$

avec $\Phi = (\Phi_y, \Phi_z)$.

Introduction de l'*a priori* markovien.

Pour régulariser la segmentation, on définit sur \mathbf{Z} un champ de Markov, permettant de prendre en compte les dépendances spatiales entre les étiquettes. \mathbf{Z} est alors régi par la distribution de Gibbs (voir Equation 4.3) :

$$p(\mathbf{z}|\Phi_z) = W_{\Phi_z}^{-1} \exp(-H(\mathbf{z}|\Phi_z)),$$

Les Z_i ne prenant qu'un nombre fini d'états parmi K , \mathbf{Z} est en fait plus précisément un champ de Markov caché discret (Hidden Markov Random Field, HMRF) que l'on nommera champ de Markov dans la suite. Une approximation courante est de considérer les observations \mathbf{Y} indépendantes conditionnellement sachant \mathbf{Z} , de sorte que :

$$p(\mathbf{y}|\mathbf{z}, \Phi_y) = \prod_{i \in V} p(y_i | z_i, \Phi_y).$$

La probabilité conditionnelle $p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi)$ correspond alors aussi à un champ de Markov, d'énergie défini à une constante près par :

$$H(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi) = H(\mathbf{z}|\Phi_z) - \sum_{i \in V} \log p(y_i | z_i, \Phi_y). \quad (4.4)$$

Démonstration

La loi de Bayes donne :

$$\begin{aligned} p(\mathbf{y}, \mathbf{z}|\Phi) &= p(\mathbf{z}|\Phi_z) p(\mathbf{y}|\mathbf{z}, \Phi_y) \\ &= W_{\Phi_z}^{-1} \exp(-H(\mathbf{z}|\Phi_z)) \prod_{i \in V} p(y_i | z_i, \Phi_y) \\ &= W_{\Phi_z}^{-1} \exp(-H(\mathbf{z}|\Phi_z)) \exp\left\{ \sum_{i \in V} \log p(y_i | z_i, \Phi_y) \right\} \\ &= W_{\Phi_z}^{-1} \exp\left\{ -H(\mathbf{z}|\Phi_z) + \sum_{i \in V} \log p(y_i | z_i, \Phi_y) \right\}. \end{aligned}$$

Or $p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi) = p(\mathbf{y}, \mathbf{z}|\Phi) p(\mathbf{y})$ avec $p(\mathbf{y})$ constant. On a donc

$$p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi) \propto W_{\Phi_z}^{-1} \exp\left\{ -H(\mathbf{z}|\Phi_z) + \sum_{i \in V} \log p(y_i | z_i, \Phi_y) \right\},$$

qui est une distribution de Gibbs, et donc correspond à un champ de Markov.

La fonction énergie de l'Equation (4.4) est une fonction centrale dans les modèles de segmentation markovienne. Elle est composée de deux termes : un terme de régularisation spatiale et un terme d'attache aux données.

4.1.3.a Terme de régularisation spatiale $H(\mathbf{z}|\Phi_z)$

Ce terme décrit la structure du champ markovien \mathbf{Z} . Lorsque l'on considère des cliques d'ordre au plus 2, on a l'expression générale suivante :

$$H(\mathbf{z}|\Phi_z) = - \sum_{i \in V} \left[U_i(z_i) + \frac{\eta}{2} \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} U_{ij}(z_i, z_j) \right],$$

avec $U_{ij}(z_i, z_j) = U_{ji}(z_j, z_i)$ et $\eta \in \mathbb{R}$. Les potentiels sur les singletons U_i pondèrent l'importance relative des différentes classes au voxel i . Les potentiels sur les paires de voxels voisins U_{ij} sont les termes de corrélation spatiale. Sous cette écriture, le potentiel associé à la clique $\{i, j\}$ est $\eta U_{ij}(z_i, z_j)$, η étant un paramètre ajustant l'influence de la corrélation spatiale dans le modèle. Plusieurs choix ont été proposés pour modéliser ce terme de régularisation spatiale :

Le modèle de Potts simple revient à considérer :

$$\begin{aligned} U_i(z_i) &= 0 \\ U_{ij}(z_i, z_j) &= \langle z_i, z_j \rangle = \begin{cases} 1 & \text{si } z_i = z_j \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}. \end{aligned} \quad (4.5)$$

Dans ce cas les potentiels sur les singletons sont ignorés et $\Phi_z = \{\eta\}$. Lorsque $\eta > 0$, l'énergie $H(z_i|\Phi_z)$ est d'autant plus petite (donc $p(z_i|\Phi_z)$ d'autant plus grande) que le voxel i est dans la même classe que ses voisins.

L'introduction d'une distance $d(i, j)$ entre les voxels i et j peut être introduite dans le potentiel sur les paires. Elle permet de faire davantage confiance aux voxels voisins proches de i :

$$U_{ij}(z_i, z_j) = \frac{\langle z_i, z_j \rangle}{d(i, j)}.$$

Dans un modèle markovien avec volume partiel (voir Section 3.2.4 page 37) Ruan et al. (2000) considèrent le modèle de Potts simple à cinq classes (Equation 4.5). Shattuck et al. (2001) préfèrent définir le potentiel associé à la clique $\{i, j\}$ par :

$$U_{ij}(z_i, z_j) = \begin{cases} 2 & \text{si } z_i = z_j \\ 1 & \text{si } z_i \text{ et } z_j \text{ ont un tissu en commun} \\ -1 & \text{sinon,} \end{cases}$$

si bien que la configuration d'un site dont les voisins ont un tissu en commun (par exemple GM et GM+WM) est davantage favorisée que celle d'un site dont les voisins sont d'un tissu complètement différent (par exemple GM et WM).

Le modèle de Potts avec champ externe, plus général, consiste à définir des potentiels non nuls sur les singletons :

$$\begin{aligned} U_i(z_i) &= \langle z_i, v_i \rangle \\ U_{ij}(z_i, z_j) &= \langle z_i, z_j \rangle. \end{aligned}$$

Les v_i sont des paramètres supplémentaires définis en chaque voxel. Ce sont des vecteurs de dimension K , $v_i \in \mathbb{R}^K$, définissent le champ externe. On a alors $\Phi_z = \{v_1, \dots, v_N, \eta\}$. La section suivante donne une interprétation du champ externe.

4.1.3.b Introduction d'information *a priori*

En considérant $\eta = 0$ dans la distribution *a priori* de \mathbf{Z} , on a pour le site i :

$$p(z_i = e_k | \Phi_z) = \frac{\exp(v_i(k))}{\sum_{l=1}^K \exp(v_i(l))},$$

si bien que les $v_i \in \mathbb{R}^K$ peuvent être considérés comme des paramètres pondérant l'importance relative des K classes en chaque site i . Ils peuvent permettre de favoriser une classe donnée en chaque site. Par exemple, pour $v_i = {}^t[1, 0, \dots, 0]$ on a : $W_{\Phi_z}^{-1} \exp(1) > W_{\Phi_z}^{-1} \exp(0)$ et donc $p(z_i = e_1 | \Phi_z) > p(z_i = e_{k \neq 1} | \Phi_z)$, favorisant la classe 1 pour le site i .

L'introduction de ces paramètres est rarement considérée, alors qu'ils peuvent être estimés si ils ne dépendent pas de i . Ils peuvent aussi permettre l'introduction d'une connaissance *a priori* dans la segmentation. Dans ce cas les paramètres inconnus sont réduits à $\Phi_z = \{\eta\}$.

4.1.3.c Terme d'attache aux données $\sum_{i \in V} \log p(y_i | z_i, \Phi_y)$

Ce terme décrit les données \mathbf{y} dans le problème à données incomplètes (\mathbf{Y}, \mathbf{Z}) . On peut considérer des densités de probabilité gaussiennes pour chaque classe de tissu (Sijbers et al., 1998). Pour la segmentation monomodale ($y_i \in \mathbb{R}$) les paramètres du modèle d'intensité sont $\Phi_y = \{\mu_k, \sigma_k, k = 1 \dots K\}$ et (voir Section 3.2.3 page 35) :

$$p(y_i | z_i = e_k, \Phi_y) = \left(\sigma_k \sqrt{2\pi}\right)^{-1} \exp\left(-\frac{(y_i - \mu_k)^2}{2\sigma_k^2}\right),$$

Pour la segmentation multimodale ($y_i \in \mathbb{R}^M$), les paramètres du modèle d'intensité sont $\Phi_y = \{\mu_k, \Omega_k, k = 1 \dots K\}$ et :

$$p(y_i | z_i = e_k, \Phi_y) = \left((2\pi)^{M/2} |\Omega_k|^{1/2}\right)^{-1} \exp\left(-\frac{1}{2} {}^t(y_i - \mu_k) \Omega_k^{-1} (y_i - \mu_k)\right).$$

4.1.3.d Choix du modèle : synthèse

Nous considérons dans la suite un modèle de Potts :

- avec prise en compte de la distance entre voxels dans le terme de corrélation spatiale, de manière à introduire une information de régularisation plus fine,
- avec champ externe (potentiels non nuls sur les singletons) pour pouvoir injecter des connaissances *a priori* dans le modèle.

Les densités de probabilité sont considérées gaussiennes pour chaque classe de tissu, de sorte que $p(y_i | z_i = e_k, \Phi_y) = g_k(y_i)$. La densité *a posteriori* de \mathbf{z} connaissant les observations \mathbf{y} et les paramètres Φ s'écrit alors :

$$p(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \Phi) = W_{\Phi_z}^{-1} \exp(-H(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \Phi)) \quad (4.6)$$

avec :

$$H(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \Phi) = -\sum_{i \in V} \left[\langle v_i, z_i \rangle + \frac{\eta}{2} \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \frac{\langle z_i, z_j \rangle}{d(i, j)} + \log p(y_i | z_i, \Phi_y) \right].$$

La segmentation peut être réalisée selon le principe de *Maximum A Posteriori* (MAP) en maximisant selon \mathbf{z} cette densité. La maximisation requiert alors l'estimation des paramètres Φ qui peut être obtenue par différents algorithmes.

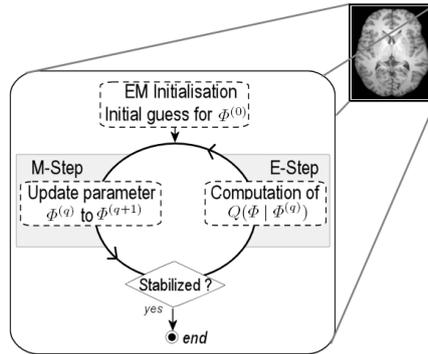


FIG. 4.3 – Schéma classique de l’estimation par EM : une seule procédure estime des paramètres globaux sur tout le volume. Ces modèles globaux ne reflètent cependant pas les propriétés locales de l’image.

4.1.4 Estimation des paramètres du modèle markovien

L’algorithme ICM (Besag, 1986) peut être utilisé mais conduit à des estimations biaisées (voir Section 3.2.1, page 33). Nous considérons dans ce mémoire les algorithmes de type EM, qui estiment les paramètres Φ en maximisant à chaque itération r l’espérance de la log-vraisemblance complète sachant l’observation $\mathbf{Y} = \mathbf{y}$ et une valeur estimée courante $\Phi^{(r)}$ (voir Annexe A.2.2, page 138 pour plus de détails) :

$$Q(\Phi | \Phi^{(r)}) = \mathbb{E}[\log p(\mathbf{y}, \mathbf{Z} | \Phi) | \mathbf{Y} = \mathbf{y}, \Phi^{(r)}]. \quad (4.7)$$

La modélisation markovienne introduit cependant des dépendances complexes qui rendent le calcul de $Q(\Phi | \Phi^{(r)})$ impossible en pratique. La fonction de partition W_{Φ_z} ainsi que les probabilités conditionnelles $p(z_i | \mathbf{y}, \Phi^{(r)})$ et $p(z_i, z_j | \mathbf{y}, \Phi^{(r)})$ pour $j \in \mathcal{N}(i)$ qui apparaissent dans le calcul ne peuvent être calculées exactement.

Une solution est de considérer des approximations de type *champ moyen* (Celeux et al., 2003). Elles consistent à remplacer les distributions de Markov aux dépendances complexes par des distributions factorisées, pour lesquelles EM peut être appliqué. Celeux et al. (2003) ont proposé différentes factorisations possibles. L’idée commune est de se ramener à un système de variables aléatoires indépendantes en fixant la valeur du champ dans le voisinage de chaque pixel à une constante. Cette constante n’est pas arbitraire mais satisfait certaines propriétés de cohérence. En particulier, les algorithmes *champ moyen*, *champ modal* et *champ simulé* proposés par Celeux et al. (2003) sont issus de trois manières différentes de fixer la constante (voir Annexe A.2.2, page 138). Ces approximations conduisent à des algorithmes d’estimation aussi simples à mettre en œuvre que pour les modèles de mélanges indépendants tout en préservant l’information spatiale et en préservant les bonnes propriétés de EM.

Dans la majorité des approches une seule procédure EM globale estime les paramètres d’un champ de Markov sur toute l’image (voir Figure 4.3). Les modèles estimés globalement ne reflètent cependant pas les propriétés locales de l’image. Dans la section suivante nous introduisons la notion d’*agent markovien local*, chargé d’estimer les paramètres localement sur l’image en coopération avec d’autres agents.

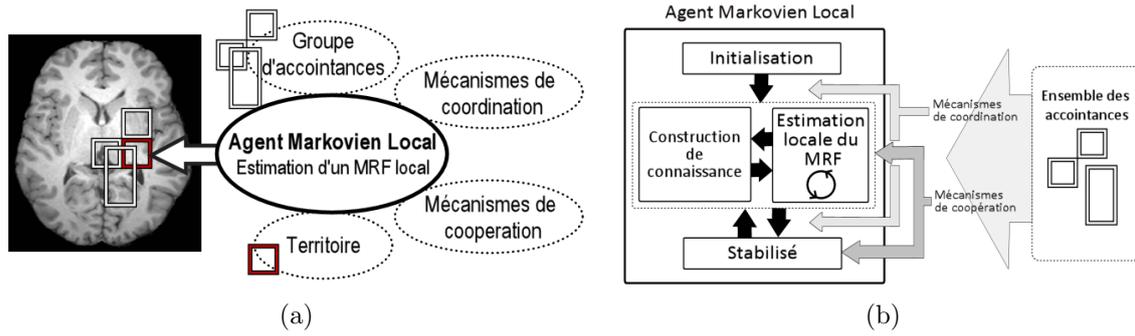


FIG. 4.4 – Image a : schéma synthétique d'un agent markovien local : il est défini par un territoire, un groupe d'acoïtances, des mécanismes de coopération et de coordination. Image b : de manière plus détaillée, il possède quatre comportements dont l'enchaînement est régi par des mécanismes de coordination avec les agents de son groupe d'acoïtance. Des mécanismes de coopération permettent de communiquer et d'échanger des connaissances de manière à modifier son propre modèle local.

4.2 Agent markovien local

Nous considérons un paradigme multi-agents décentralisé basé sur le modèle conceptuel Agent / Groupe / Comportement présenté dans la Section 3.4.2.d (page 45). Un agent est une procédure informatique qui s'exécute de manière autonome et qui peut interagir avec les autres entités de son environnement. Il peut appartenir à des groupes, qui définissent un sous-ensemble d'agents en interactions. L'activité de l'agent est représentée par un ensemble de comportements qui déterminent les sous-programmes qu'il peut exécuter selon son état interne.

Nous définissons un agent markovien local (AML) \mathcal{A}_a comme un agent situé dans l'image. Il est ancré sur son territoire, formé par le sous-volume $V_a \subset V$ du volume global. Son rôle est d'estimer dans V_a les paramètres d'un champ de Markov local défini par la distribution de Gibbs d'énergie :

$$H^a(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \Phi^a) = - \sum_{i \in V_a} \left[\langle z_i, v_i^a \rangle + \frac{\eta^a}{2} \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \frac{\langle z_i, z_j \rangle}{d(i, j)} + \log p(y_i | z_i, \Phi_y^a) \right], \quad (4.8)$$

Un AML \mathcal{A}_a est défini par (voir Figure 4.4a) :

Le territoire V_a sur lequel les paramètres du champ de Markov local sont estimés.

Un groupe d'acoïtances qui représente l'ensemble des agents de l'environnement avec lequel \mathcal{A}_a interagit.

Des mécanismes de coopération définissant les contributions des agents du groupe d'acoïtances au modèle local de \mathcal{A}_a . Ces contributions peuvent permettre (1) de corriger le modèle local ou (2) de le compléter en introduisant une connaissance supplémentaire.

Des mécanismes de coordination entre agents d'un groupe d'acoïtances, pour organiser de manière non centralisée les étapes de l'estimation locale. Un agent peut par exemple réactiver l'estimation d'un autre pour qu'il prenne en compte la mise à jour d'une connaissance. Ces mécanismes de coordination font émerger des comportements locaux opportunistes des agents.

Un AML contient quatre comportements (voir Figure 4.4b) :

- un comportement d’initialisation qui initialise l’agent et le modèle de segmentation,
- un comportement d’estimation des paramètres du modèle local,
- un comportement qui permet si nécessaire la construction d’une connaissance dans le champ externe $\{v_i^a, i \in V_a\}$ à partir de mécanismes de coopération,
- et un comportement atteint lorsque l’estimation locale est stabilisée.

Les *mécanismes de coordination* entre agents agissent sur l’enchaînement des comportements. Ils permettent par exemple le passage du comportement initialisation au comportement estimation, ou le passage du comportement stabilisé au comportement estimation pour relancer une nouvelle estimation locale. Les *mécanismes de coopération* sont réalisés via la modification des paramètres locaux Φ^a du champ de Markov local. Cette modification peut intervenir au niveau du modèle d’intensité local $\Phi_y^a = \{\mu_k^a, \sigma_k^a, k = 1..K\}$ ou au niveau du champ externe v_i^a . Elle peut permettre de corriger le modèle local ou d’intégrer une nouvelle connaissance.

Dans les sections suivantes, nous spécialisons la notion générale d’agent markovien local de manière à définir :

- des AML tissu qui segmentent coopérativement leur territoire selon trois classes LCR/MG/MB,
- des AML structure qui segmentent coopérativement certaines structures sous-corticales du cerveau.

4.3 Segmentation locale et coopérative des tissus

Nous proposons une approche locale et coopérative de segmentation des tissus en considérant deux types d’agents : un agent global qui initialise la procédure de segmentation et un ensemble d’agents markoviens locaux spécialisés tissu (AML-T) décrits les sections suivantes.

4.3.1 Définition hiérarchique des agents

4.3.1.a Agent global

L’agent global \mathcal{A}_G est créé et activé au démarrage du système. Il appartient à un seul groupe $\mathcal{G}_{\text{ALL_AML-T}}$ qui rassemble tous les AML-T de l’environnement. Il possède deux comportements exécutés de manière consécutive :

$\mathcal{B}_{\text{GlbAgent_Partitionning}}$: Ce comportement est activé en premier. Il est responsable du partitionnement de l’image en C sous-volumes *disjoints* $\{V_c^T, c = 1..C\}$ et de la création d’un AML-T \mathcal{A}_c par sous-volume V_c^T . Il se place ensuite en mode sommeil et attend l’initialisation des agents de $\mathcal{G}_{\text{ALL_AML-T}}$ avant d’exécuter le comportement $\mathcal{B}_{\text{GlbAgent_WakeUpAgents}}$.

$\mathcal{B}_{\text{GlbAgent_WakeUpAgents}}$: ce comportement, activé lorsque tous les agents de $\mathcal{G}_{\text{ALL_AML-T}}$ ont terminé leur initialisation, démarre la segmentation en rendant actifs seulement une partie des AML-T selon une certaine heuristique (voir Section 4.3.3.a).

4.3.1.b Agents markoviens locaux spécialisés tissu (AML-T)

L’agent markovien local défini de manière générale dans la Section 4.2 est spécialisé dans le but de segmenter les tissus cérébraux. Chaque agent markovien local spécialisé tissu (AML-T) \mathcal{A}_c segmente alors son territoire V_c^T selon $K = 3$ classes : LCR, MG et MB. Les étiquettes des tissus en chaque voxel sont notées par $\mathbf{t} = \{t_i, i \in V_c^T\}$, les t_i ’s étant à valeur dans $\{e_1, e_2, e_3\}$ respectivement pour les classes $\{e_{\text{LCR}}, e_{\text{MG}}, e_{\text{MB}}\}$. Le champ externe des tissus est noté λ^c . Il n’est pas estimé mais permet d’introduire une connaissance issue de la segmentation des structures (voir Section 4.4).

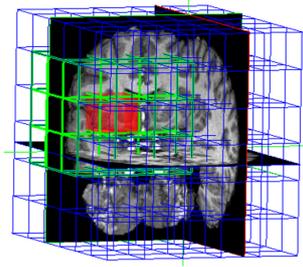


FIG. 4.5 – Partitionnement du volume en sous-volumes cubiques réguliers, et définition d’un voisinage entre agents : les territoires des agents dont les arêtes sont vertes correspondent aux voisins du territoire de l’agent rouge.

Finalement, en notant par $\Phi^c = \{\Phi_t^c, \Phi_y^c\}$ les paramètres du modèle local, chaque AML-T \mathcal{A}_c estime les paramètres d’un champ de Markov M_c défini par la distribution de Gibbs d’énergie :

$$H^c(\mathbf{t} | \mathbf{y}, \Phi^c) = - \sum_{i \in V_c^T} \left[\langle t_i, \lambda_i^c \rangle + \frac{\eta^c}{2} \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \frac{\langle t_i, t_j \rangle}{d(i, j)} + \log p(y_i | t_i, \Phi_y^c) \right] \quad (4.9)$$

Comportements.

Les AML-T possèdent quatre comportements :

$\mathcal{B}_{\text{AML-T_Init}}$ qui initialise l’estimation locale en calculant un premier modèle d’intensité (via un EM non spatial).

$\mathcal{B}_{\text{AML-T_DILEMLoop}}$ qui estime les paramètres du champ de Markov local M_c en coopération avec ses agents voisins.

$\mathcal{B}_{\text{AML-T_BuildKnowledge}}$ qui construit une connaissance issue de la segmentation des structures et est injectée dans le modèle des tissus (voir Section 4.4.3 page 67).

$\mathcal{B}_{\text{AML-T_Stabilized}}$ qui active les agents voisins pour diffuser la mise à jour de son modèle local puis attend d’être activé par ses voisins pour une possible relance de l’estimation.

Groupe d’acoïntance.

On définit un système de voisinage entre les agents : $\mathcal{N}(\mathcal{A}_c)$ représente l’ensemble des agents voisins de \mathcal{A}_c et $d(c, c')$ la distance euclidienne entre le centre de deux territoires V_c^T et $V_{c'}^T$. Chaque AML-T \mathcal{A}_c définit le groupe $\mathcal{G}_{\mathcal{N}(\mathcal{A}_c)}$ qui rassemble l’ensemble des agents voisins de \mathcal{A}_c .

Le champ de Markov estimé par \mathcal{A}_c introduit des dépendances spatiales entre les voxels de V_c^T , conduisant à une *régularisation des étiquettes voisines*. Comme mentionné dans la Section 3.3 (page 41), l’estimation locale des paramètres peut conduire à une mauvaise estimation car une classe de tissu peut être sous-représentée localement. Il est nécessaire de vérifier la validité des modèles locaux et de les corriger si besoin. Nous proposons de réaliser ces étapes via des mécanismes de coopération entre agents voisins. Une dépendance spatiale entre les modèles d’intensités voisins est alors introduite, conduisant à une *régularisation des modèles voisins*.

4.3.2 Coopération entre modèles locaux

L’AML-T \mathcal{A}_c coopère avec ses voisins $\mathcal{G}_{\mathcal{N}(\mathcal{A}_c)}$ de manière à assurer une cohérence de son modèle local comparé à son voisinage. Il introduit des mécanismes de *model checking*, *model correction* et de *model interpolation* comme décrit dans les sections suivantes.

Model checking : pour chaque classe k , l'agent \mathcal{A}_c calcule un modèle d'intensité moyen dans son voisinage $\mathcal{G}_{\mathcal{N}(\mathcal{A}_c)}$, à savoir une moyenne des moyennes $\{\mu_k^{c'}, c' \in \mathcal{G}_{\mathcal{N}(\mathcal{A}_c)}\}$ et des variances $\{\sigma_k^{2c'}, c' \in \mathcal{G}_{\mathcal{N}(\mathcal{A}_c)}\}$. Ce modèle moyen, pondéré par la distance entre les territoires, est noté $\widehat{\Phi}_{y,k}^c = \{\widehat{\mu}_k^c, \widehat{\sigma}_k^c\}$.

L'agent \mathcal{A}_c compare ensuite son modèle d'intensité local $\{\mu_k^c, \sigma_k^c\}$ avec le modèle moyen $\{\widehat{\mu}_k^c, \widehat{\sigma}_k^c\}$ en calculant la distance de Kullback-Leibler donnée par :

$$KL(g_{\mu_1, \sigma_1}, g_{\mu_2, \sigma_2}) = \frac{(\sigma_1^2 - \sigma_2^2)^2 + (\mu_1 - \mu_2)^2 (\sigma_1^2 + \sigma_2^2)}{4\sigma_1^2 \sigma_2^2}$$

$\mathcal{D}_k^c = KL(g_{\mu_k^c, \sigma_k^c}, g_{\widehat{\mu}_k^c, \widehat{\sigma}_k^c})$ fournit alors une mesure de similarité entre deux modèles d'intensité pour chaque classe k .

Model correction : on fait l'hypothèse que pour chaque classe k , le modèle local de \mathcal{A}_c doit être proche du modèle local moyen dans le voisinage. La moyenne corrigée $\widehat{\mu}_k^c$ et la variance corrigée $\widehat{\sigma}_k^c$ pour chaque classe k sont alors calculées par une combinaison linéaire des modèles d'intensité $\{\mu_k^c, \sigma_k^c\}$ et $\{\widehat{\mu}_k^c, \widehat{\sigma}_k^c\}$:

$$\begin{aligned}\widehat{\mu}_k^c &= (1 - \kappa)\mu_k^c + \kappa\widehat{\mu}_k^c \\ \widehat{\sigma}_k^c &= (1 - \kappa)\sigma_k^c + \kappa\widehat{\sigma}_k^c,\end{aligned}$$

avec $\kappa \in [0, 1]$. Deux seuils δ_{keep} et $\delta_{replace}$ sont définis, permettant d'introduire la stratégie suivante pour la correction de modèle :

- lorsque $\mathcal{D}_k^c \leq \delta_{keep}$, le modèle estimé localement pour la classe k est considéré correct et est donc conservé : $\kappa = 0$
- lorsque $\mathcal{D}_k^c > \delta_{replace}$ le modèle estimé localement pour la classe k est entièrement remplacé par le modèle moyen : $\kappa = 1$.
- sinon, lorsque $\delta_{keep} < \mathcal{D}_k^c \leq \delta_{replace}$, le modèle estimé localement est partiellement corrigé via une interpolation linéaire : $\kappa = \frac{\mathcal{D}_k^c - \delta_{keep}}{\delta_{replace} - \delta_{keep}}$.

Model interpolation : l'étape de correction des modèles fournit un modèle d'intensité corrigé par classe, à savoir trois gaussiennes, décrivant la distribution d'intensité de V_c^T . Un modèle d'intensité par voxel est ensuite calculé via une interpolation par splines cubiques des moyennes et variances entre l'agent \mathcal{A}_c et ses voisins $\mathcal{G}_{\mathcal{N}(\mathcal{A}_c)}$. Cette interpolation est réalisée avec la méthode du krigeage (voir Annexe A.4, page 146). Les paramètres du terme d'attache aux données sont donc $\Phi_y^c = \{\mu_{k,i}, \sigma_{k,i}, k = 1 \dots K, i \in V_c^T\}$. Plus généralement, les territoires des AML-T étant disjoints, on obtient un modèle d'intensité pour chaque voxel du volume que l'on notera $\Phi_{iy} = \{\mu_{k,i}, \sigma_{k,i}, k = 1 \dots K\}$ pour $i \in V$.

Le fait de disposer d'un mélange de gaussiennes par voxel (et non d'un unique mélange de gaussiennes pour tout V_c^T) permet :

- (1) d'assurer des variations lentes des modèles aux interfaces des territoires, et
- (2) de prendre en compte les inhomogénéités d'intensité à l'intérieur des territoires.

4.3.3 Coordination entre les agents

4.3.3.a Initialisation

L'agent global \mathcal{A}_G est le seul agent actif à l'initialisation. Il est responsable de la création des AML-T (voir Figure 4.6). Plutôt que d'exécuter simultanément tous les AML-T, on introduit une heuristique pour exécuter prioritairement l'estimation sur certains sous-volumes « de confiance » et assurer une segmentation robuste.

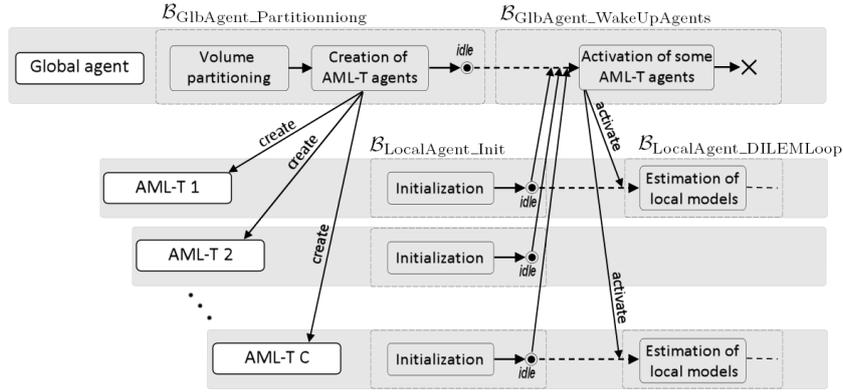


FIG. 4.6 – Interactions entre l’agent global et les AML-T à l’initialisation de la segmentation.

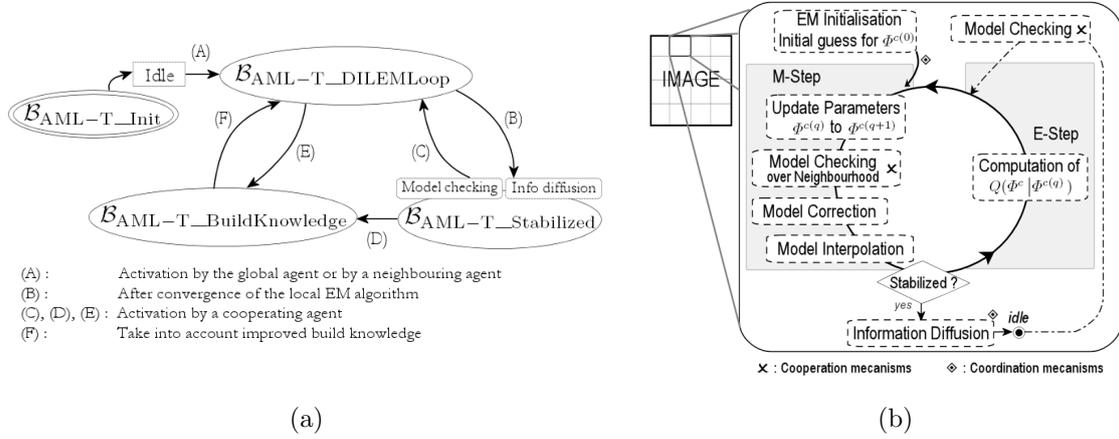


FIG. 4.7 – Image a : diagramme d’état décrivant l’enchaînement des comportements d’un AML-T \mathcal{A}_c . (A) est réalisé par des mécanismes de coordination avec l’agent global \mathcal{A}_G ou un autre AML-T $\mathcal{A}_{c'} \in \mathcal{G}_{\mathcal{N}(c)}$. (B) et (C) sont réalisés via des mécanismes de coordination avec $\mathcal{A}_{c'} \in \mathcal{G}_{\mathcal{N}(c)}$. (D), (E), (F) ne sont réalisés que lors de la segmentation coopérative des structures. Image b : Algorithme DILEM résultant pour la segmentation locale coopérative des tissus.

Dans un premier temps chaque AML-T exécute son comportement $\mathcal{B}_{\text{AML-T_Init}}$ pour initialiser la segmentation et se met ensuite en mode sommeil. Dès que tous les AML-T ont fini leur initialisation, l’agent global \mathcal{A}_G est activé en mode $\mathcal{B}_{\text{GlbAgent_WakeUpAgents}}$. Il commence par calculer un modèle d’intensité global simple via un EM non spatial. Il est ensuite chargé de démarrer la procédure de segmentation locale en réveillant seulement une partie des AML-T. La stratégie est de réveiller ceux dont le modèle d’intensité local est le plus proche du modèle d’intensité global. De cette manière, on privilégie les agents dont le territoire est le plus informatif, donc ceux qui ont le plus de chance de débiter avec une estimation correcte des modèles d’intensités locaux. Les autres agents seront activés ultérieurement via des mécanismes de coordination entre AML-T voisins comme décrit dans la section suivante.

4.3.3.b Coordination locale entre agents voisins

Lorsque l’agent \mathcal{A}_c a terminé son estimation locale il active son comportement $\mathcal{B}_{\text{AML-T_Stabilized}}$. Ce comportement réveille les AML-T voisins $\mathcal{G}_{\mathcal{N}(\mathcal{A}_c)}$ de sorte qu’ils lancent leur estimation à leur

tour, puis place l'agent \mathcal{A}_c en mode sommeil. Deux configurations sont possibles après le réveil d'un agent $\mathcal{A}_{c'} \in \mathcal{G}_{\mathcal{N}(\mathcal{A}_c)}$ par \mathcal{A}_c :

- $\mathcal{A}_{c'}$ a déjà terminé son estimation et se trouve dans le comportement $\mathcal{B}_{\text{AML-T_Stabilized}}$. Dans ce cas l'agent $\mathcal{A}_{c'}$ réalise une étape de model checking. Si une correction du modèle local est requise, le comportement $\mathcal{B}_{\text{AML-T_DILEMloop}}$ de $\mathcal{A}_{c'}$ est à nouveau activé de manière à prendre en compte la modification du modèle local de $\mathcal{A}_{c'}$. Un nombre $MAX_{AgentRestart}$ est défini pour assurer la convergence de l'algorithme. En pratique, les modèles locaux tendent vers un compromis entre leur propre modèle et le modèle dans le voisinage.
- $\mathcal{A}_{c'}$ a seulement réalisé son initialisation et est en attente d'activation. Dans ce cas il active son comportement $\mathcal{B}_{\text{AML-T_DILEMloop}}$ de manière à calculer une première estimation des paramètres de son champ de Markov local.

4.3.4 Algorithme DILEM

Les mécanismes de coordination et de coopération sont introduits dans la procédure d'estimation des paramètres du champ de Markov local. Les mécanismes de coordination agissent sur l'enchaînement des comportements de l'agent (voir Figure 4.7a). Les mécanismes de coopération peuvent être introduits dans un algorithme de type ICM ou dans les différents algorithmes basés sur EM proposés par Celeux et al. (2003) (voir Section 4.1.4). La figure 4.7b illustre l'introduction de ces étapes dans un algorithme de type EM, que l'on nomme DILEM (DIstributed Local EM). Le paramètre η^c n'est pas estimé mais considéré comme l'inverse d'une température décroissante. La valeur atteinte par η^c est donc la même pour tous les agents, et il n'est pas corrigé dans DILEM.

4.4 Segmentation locale et coopérative des tissus et structures

L'approche locale par agents présentée dans la section précédente est étendue pour segmenter de manière couplée les structures sous-corticales. En considérant L structures sous-corticales, une approche naturelle est d'envisager un unique champ de Markov global pour étiqueter chaque voxel dans $L + 1$ classes (L structures + le fond). On note par $\mathbf{S} = \{S_1, \dots, S_N\}$ le champ aléatoire des étiquettes « structure », les S_i étant à valeur dans $\{e_1, \dots, e_L, e_{L+1}\}$ pour un voxel du fond ($s_i = e_{L+1}$) ou un voxel appartenant à la structure l ($s_i = e_l$). Une réalisation $\mathbf{s} = \{s_1, \dots, s_N\}$ correspond à une segmentation en structures.

Ce modèle global est décomposé en L modèles locaux binaires qui estiment une segmentation selon deux classes : *structure* et *non structure*. Les classes s_i^l sont alors définies par :

$$\begin{cases} s_i^l = e_S = {}^t[0, 1] & \text{si } s_i = e_l \\ s_i^l = e_B = {}^t[1, 0] & \text{sinon.} \end{cases}$$

Ces L modèles locaux sont estimés par L agents markoviens locaux spécialisés structure (AML-S) décrits dans la section suivante.

4.4.1 Agents markoviens locaux spécialisés structure (AML-S)

La notion d'agent markovien local (Section 4.2, page 60) est spécialisée dans le but de segmenter les structures sous-corticales. La connaissance *a priori* nécessaire à la segmentation est fournie par une description floue de l'anatomie cérébrale (voir Section 3.5.2). La carte de localisation floue (« *Fuzzy Localization Map* » en anglais, FLM) f^l de la structure l est utilisée de deux manières :

- elle fournit une région d'intérêt contenant la structure l . Le territoire V_l^S de l'AML-S \mathcal{A}_l est défini comme le sous-volume cubique V_l^S contenant les voxels dont la valeur dans la FLM est supérieure à un certain seuil δ_{ROI} .

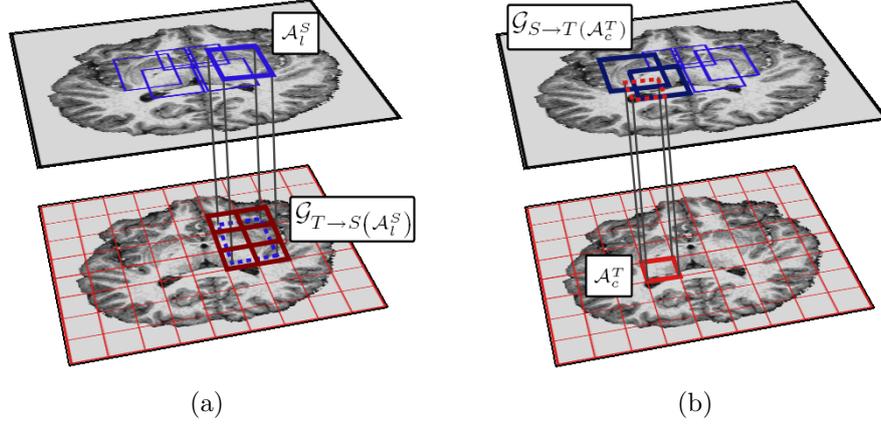


FIG. 4.8 – Illustration des agents tissus dans le groupe d'acoittance d'un agent structure (agents dont le territoire est rouge foncé sur l'image a) et illustration des agents structures dans le groupe d'acoittance d'un agent tissu (agents dont le territoire est bleu foncé sur l'image b).

– elle est injectée comme une connaissance *a priori* dans le champ externe du champ de Markov de l'agent \mathcal{A}_i .

Chaque AML-S \mathcal{A}_i segmente son territoire V_i^S selon $K = 2$ classes : *non structure* ou *structure*. Les étiquettes des structures en chaque voxel sont notées par $\mathbf{s}^l = \{s_i^l, i \in V_i^S\}$. Chaque s_i^l est un vecteur de dimension 2 à valeur dans $\{e_1, e_2\}$ respectivement pour les classes *non structure* et *structure* $\{e_{\bar{s}}, e_S\}$. Le champ externe des structures est noté α^l . Il n'est pas estimé mais permet l'intégration de la connaissance anatomique (voir Section 4.4.2). Avec ces notations, chaque AML-S estime les paramètres d'un champ de Markov M_i défini par la distribution de Gibbs d'énergie :

$$H^l(\mathbf{s}^l | \mathbf{y}, \Psi^l) = - \sum_{i \in V_i^S} \left[\langle t_i, \alpha_i^l \rangle + \frac{\eta^l}{2} \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \frac{\langle s_i^l, s_j^l \rangle}{d(i, j)} + \log p(y_i | s_i^l, \Psi_y^l) \right], \quad (4.10)$$

avec $\Psi^l = \{\Psi_s^l, \Psi_y^l\}$. Chaque structure est composée d'un unique tissu $T^l \in \{e_{LCR}, e_{MG}, e_{MB}\}$. L'agent \mathcal{A}_i n'estime pas ses propres modèles d'intensité pour les classes *structure* et *non structure* mais les détermine par des mécanismes de coopération à partir des paramètres $\{\Phi_{iy}, i \in V\}$ calculés par les agents tissus AML-T (Voir Section 4.4.3.a, page 67).

Groupes d'acoittance

La segmentation des tissus et des structures est réalisée de manière couplée via des mécanismes de coopération et de coordination entre agents. Trois groupes d'acoittances sont définis pour identifier les interactions :

- le groupe $\mathcal{G}_{T \rightarrow S}(\mathcal{A}_i^S)$ des AML-T qui coopèrent avec un AML-S \mathcal{A}_i^S . Ce groupe désigne l'ensemble des agents tissus dont le territoire recouvre au moins partiellement celui de \mathcal{A}_i^S (voir Figure 4.8.a),
- le groupe $\mathcal{G}_{S \rightarrow T}(\mathcal{A}_c^T)$ des AML-S qui coopèrent avec un AML-T \mathcal{A}_c^T . De la même manière, ce groupe désigne l'ensemble des agents structures dont le territoire recouvre au moins partiellement celui de \mathcal{A}_c^T (voir Figure 4.8.b) et
- le groupe $\mathcal{G}_{S \rightarrow S}(\mathcal{A}_i^S)$ des AML-S qui utilisent \mathcal{A}_i^S comme une référence pour la construction d'une relation spatiale. Par exemple « *le putamen ($\mathcal{A}_i^S \in \mathcal{G}_{S \rightarrow S}(\mathcal{A}_i^S)$) est à environ 20mm du ventricule latéral (\mathcal{A}_i^S)* ».

Comportements.

Les AML-S possèdent quatre comportements :

- $\mathcal{B}_{\text{AML-S_Init}}$ qui initialise l’agent markovien local spécialisé structure,
- $\mathcal{B}_{\text{AML-S_ComputeFuzzyMap}}$ qui construit ou met à jour les cartes floues des relations spatiales en coopération avec les autres AML-S,
- $\mathcal{B}_{\text{AML-S_EMLoop}}$ qui estime les paramètres du champ de Markov local M_l en coopération avec les AML-T,
- $\mathcal{B}_{\text{AML-S_Stabilized}}$ qui met l’agent en mode sommeil lors de la convergence de l’estimation.

4.4.2 Intégration d’a priori anatomique

En notant f_i^l la valeur de la FLM au voxel i , nous proposons d’introduire la connaissance anatomique floue via le champ externe du champ de Markov, qui permet la définition d’un potentiel en chaque voxel pondérant l’importance relative des différentes classes (voir Section 4.1.3.b). Nous proposons le champ externe :

$$\alpha_i^l = \gamma_i \begin{bmatrix} \log(1 - f_i^l) \\ \log f_i^l \end{bmatrix}, \quad (4.11)$$

avec γ_i un paramètre pondérant l’influence du champ externe. On désigne par $\alpha_i^l(1)$ (respectivement $\alpha_i^l(2)$) la première composante (respectivement la seconde) du vecteur $\alpha_i^l \in \mathbb{R}^2$. Lorsque $f_i^l \approx 0$, le voxel i a peu de chance d’appartenir à la structure. On a alors $\alpha_i^l(1) < \alpha_i^l(2)$, favorisant dans l’énergie (4.10) la classe *non structure*. Lorsque $f_i^l \approx 1$, le voxel i a des chances d’appartenir à la structure. Dans ce cas $\alpha_i^l(1) > \alpha_i^l(2)$ et la classe *structure* est favorisée.

Le contraste entre les tissus est faible sur les images IRM cérébrales. En particulier le putamen ou le thalamus sont traversés par un grand nombre de faisceaux de fibres de myéline et apparaissent d’un gris plus clair. En conséquence un grand nombre de voxels ont une probabilité *a priori* proche d’appartenir à la matière grise et à la matière blanche : $p(y_i | t_i = e_{GM}, \Phi_y) \approx p(y_i | t_i = e_{WM}, \Phi_y)$. L’étiquetage a alors de grandes chances d’être instable : $p(t_i = e_{GM} | y_i, \Phi) \approx p(t_i = e_{WM} | y_i, \Phi)$. Plus généralement, si une classe a une probabilité largement supérieure à toutes les autres classes, l’étiquetage peut être considéré comme stable. Quand toutes les classes ont une probabilité quasi identique, l’étiquetage est instable. Cette notion est capturée par l’entropie de la distribution de probabilité *a posteriori* \mathcal{H}_i :

$$\mathcal{H}_i = - \sum_{k=1..K} p(t_i = e_k | y_i, \Phi) \log(p(t_i = e_k | y_i, \Phi)).$$

L’entropie \mathcal{H}_i est plus grande lorsque deux probabilités sont proches, comme dans certaines parties du putamen et du thalamus (voir Figure 4.9). L’influence du champ externe γ_i est alors choisie proportionnelle à l’entropie pour chaque voxel i via une fonction h : $\gamma_i = h(\mathcal{H}_i)$.

4.4.3 Coopération entre modèles locaux

4.4.3.a Modèles d’intensité des structures fournis par les tissus

Chaque structure l est composée d’un unique tissu T^l . Le modèle d’intensité de la structure segmentée par \mathcal{A}_l^S est calculé à partir des modèles d’intensités calculés par les agents tissu appartenant au groupe $\mathcal{G}_{T \rightarrow S}(\mathcal{A}_l^S)$, c’est-à-dire ceux dont le territoire recouvre au moins en partie celui de l’agent structure \mathcal{A}_l^S .

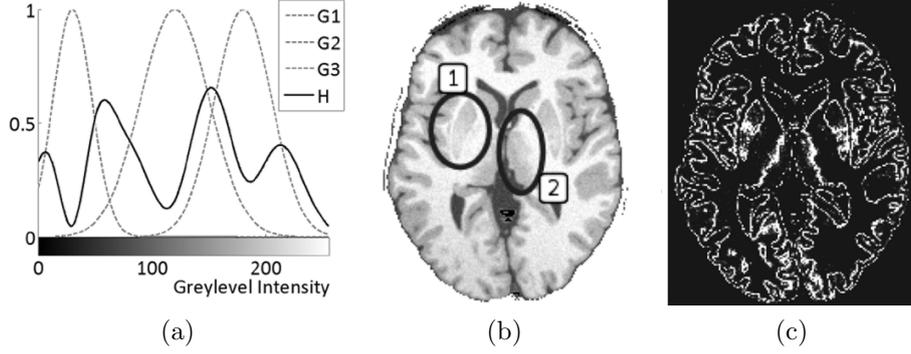


FIG. 4.9 – L'image (a) montre la fonction entropie H pour un mélange de trois gaussiennes G_1 , G_2 , et G_3 . L'image (b) illustre une coupe transversale d'une acquisition et l'image (c) la carte correspondante de la distribution d'intensité *a posteriori* des tissus (les valeurs élevées sont en blanc). Dans les régions du putamen (marque 1) et du thalamus (marque 2), l'entropie est plus élevée à cause du faible contraste entre les tissus, responsable d'un étiquetage instable.

Classe *structure* : Le modèle d'intensité pour la classe *structure* e_S est de manière directe déterminé par le modèle d'intensité du tissu T^l :

$$p(y_i | s_i^l = e_S, \Psi_y^l) = p(y_i | t_i = T^l, \Phi_y).$$

Classe *non structure* : Le modèle de la classe *non structure* $e_{\bar{S}}$ est quant à lui déterminé par un mélange des modèles d'intensité des tissus. Un voxel i peut en effet être dans la classe *non structure* soit parce qu'il appartient à une autre structure $l' \neq l$ ou alors parce qu'il n'appartient à aucune des L structures. Il peut donc appartenir à chacune des trois classes de tissu. Les proportions du mélange sont déterminées en utilisant la carte de localisation floue de la structure l et la segmentation des tissus.

On a :

$$\begin{aligned} p(y_i | s_i^l = e_{\bar{S}}, \Psi_y^l) &= p(y_i | s_i \neq e_l, \Psi_y^l) \\ &= \sum_{k=1}^3 p(y_i | t_i = e_k, s_i \neq e_l, \Psi_y^l) p(t_i = e_k | s_i \neq e_l, \Psi_y^l). \end{aligned}$$

On considère qu'un voxel i de tissu e_k n'appartenant pas à la structure l ($s_i \neq e_l$) est soit un voxel d'une autre structure l' ($s_i = e_{l'}$) de tissu e_k , soit un voxel du fond ($s_i = e_{L+1}$). On a alors (en éliminant la notation des paramètres Ψ_y^l pour plus de lisibilité) :

$$\begin{aligned} p(t_i = e_k | s_i \neq e_l) &= \sum_{l' \neq l, T^{l'} = e_k} p(t_i = e_k | s_i = e_{l'}) \pi_{l', \bar{l}} + p(t_i = e_k | s_i = e_{L+1}) \pi_{B, \bar{l}} \\ &= \sum_{l' \neq l, T^{l'} = e_k} \pi_{l', \bar{l}} + p(t_i = e_k | s_i = e_{L+1}) \pi_{B, \bar{l}} \end{aligned} \quad (4.12)$$

avec :

$$\begin{cases} \pi_{l', \bar{l}} = p(s_i = e_{l'} | s_i \neq e_l) = \frac{p(s_i = e_{l'})}{p(s_i \neq e_l)}, \\ \pi_{B, \bar{l}} = p(s_i = e_{L+1} | s_i \neq e_l) = \frac{p(s_i = e_{L+1})}{p(s_i \neq e_l)}. \end{cases}$$

On considère que l'*a priori* $p(s_i = e_{l'})$ est donné par la carte de localisation floue de la structure l' , ie. $p(s_i = e_{l'}) \propto f_i^{l'}$ et que $p(s_i = e_B) \propto f_i^B$ avec f_i^B construit par $f_i^B = 1 - \max_l f_i^l$. On a alors :

$$\begin{aligned} \pi_{l', \bar{l}} &= f_i^{l'} / D, \quad \pi_{B, \bar{l}} = f_i^B / D \\ \text{avec } D &= \sum_{k \neq l} f_i^k + f_i^B. \end{aligned}$$

En considérant de plus que $p(t_i = e_k | s_i = e_{L+1}) = p(t_i = e_k)$, et en approximant $p(y_i | t_i = e_k, s_i \neq e_l, \Psi_y^l)$ par $p(y_i | t_i = e_k, \Phi_y)$, le mélange définissant la classe *non structure* est donné par :

$$p(y_i | s_i \neq e_l, \Psi_y^l) = \sum_{k=1}^3 p(y_i | t_i = e_k, \Phi_y) \left[\sum_{l \neq l', T^{l'} = e_k} \pi_{l', \bar{l}} + p^{MF}(t_i = e_k | \Phi_z) \pi_{B, \bar{l}} \right],$$

avec $p^{MF}(t_i = e_k | \Phi_z)$ l'approximation en champ moyen de $p(t_i = e_k | \Phi_z)$.

4.4.3.b Retour de la segmentation des structures sur les tissus

Le résultat de la segmentation des structures est à son tour intégré à la segmentation des tissus via des mécanismes de coopération entre agents. Plus précisément, ce retour est réalisé via le champ externe $\lambda_i^c = [\lambda_i^c(e_{LCR}), \lambda_i^c(e_{MG}), \lambda_i^c(e_{MB})]'$ des agents tissu AML-T, calculé dans le comportement $\mathcal{B}_{\text{AML-T_BuildKnowledge}}$. L'agent tissu \mathcal{A}_c^T introduit dans son modèle la probabilité *a posteriori* des agents structures comme des poids relatifs pour chaque classe de tissu. Le poids au voxel i pour la classe de tissu e_k est défini par :

$$\lambda_i^c(e_k) = \log \left(\max_{l \in \mathcal{G}_{S \rightarrow T}(\mathcal{A}_c^T), T^l = e_k} p(s_i^l = e_S | \mathbf{y}, \Psi^l) \right).$$

Si le voxel i appartient à une structure l de tissu e_k , alors $p(s_i^l = e_S | \mathbf{y}, \Psi^l)$ est proche de 1, conduisant à $\lambda_i^c(e_k)$ proche de 0 et $p(t_i = e_k | \Phi_z)$ proche de 1. Ce voxel a peu de chance d'appartenir à une autre structure, si bien que pour les autres composantes k' , $\lambda_i^c(e_{k'})$ tend vers l'infini et $p(t_i = e_{k'} | \Phi_z)$ est proche de 0. Le tissu e_k est alors favorisé.

La segmentation des structures n'est alors pas réduite à une seconde étape postérieure à la segmentation des tissus. Les deux procédures sont couplées, de manière à introduire un effet de régularisation entre ces deux niveaux de connaissance.

4.4.4 Coordination entre les agents

Initialisation : de la même manière que Colliot et al. (2006) et Barra et Boire (2001) la construction de la connaissance anatomique est démarrée en considérant le système ventriculaire. La première étape est d'attendre que les agents tissus correspondant au système ventriculaire soient stabilisés : en désignant par $l = 1$ l'indice du système ventriculaire, l'agent $\mathcal{A}_{l=1}^S$ attend que tous les agents de $\mathcal{G}_{T \rightarrow S}(\mathcal{A}_{l=1}^S)$ soient dans le comportement $\mathcal{B}_{\text{AML-T_Stabilized}}$. $\mathcal{A}_{l=1}^S$ réalise ensuite une première segmentation du système ventriculaire via des opérations de morphologie mathématique et la segmentation du tissu LCR.

Mise à jour des cartes floues : la mise à jour de la segmentation d'un agent structure \mathcal{A}_l^S entraîne la mise à jour de la connaissance anatomique des agents de $\mathcal{G}_{S \rightarrow S}(\mathcal{A}_l^S)$, c'est-à-dire ceux utilisant \mathcal{A}_l^S comme référence dans une relation spatiale. Ceux-ci recalculent leurs relations spatiales dépendant de l , offrant une connaissance anatomique de plus en plus juste. Des seuils sur la modification de la structure de référence sont définis pour recalculer ou non la connaissance anatomique. Seules les relations spatiales entre deux structures adjacentes sont recalculées à chaque modifications (seuil nul). Les autres sont mises à jour seulement si la structure de référence a suffisamment changée.

Activation des AML-T : à chaque fois que la convergence d'un AML-S \mathcal{A}_l^S est atteinte (comportement $\mathcal{B}_{\text{AML-S_Stabilized}}$) les agents tissus identifiés dans le groupe $\mathcal{G}_{T \rightarrow S}(\mathcal{A}_l^S)$ sont activés avec le comportement $\mathcal{B}_{\text{AML-T_DILEMLoop}}$. Ce mécanisme de coordination permet aux agents tissus de prendre en compte la connaissance structure mise à jour.

Activation des AML-S : lorsque la convergence d'un AML-T \mathcal{A}_c^T est atteinte (comportement $\mathcal{B}_{AML-T_Stabilized}$), les agents structures de $\mathcal{G}_{S \rightarrow T}(\mathcal{A}_c^T)$ sont activés. La convergence est assurée par le nombre maximal de fois $MAX_{AgentRestart}$ qu'un agent tissu peut être réveillé.

4.5 Synthèse

Nous proposons donc une approche de segmentation locale et coopérative des tissus et des structures modélisée dans un système multi-agents (voir Figure 4.10). Les agents tissus coopèrent entre eux pour assurer la validité des modèles d'intensités locaux. Les agents structures coopèrent entre eux pour construire la connaissance anatomique des relations spatiales floues. Enfin, agents tissus et agents structures coopèrent : les agents tissus fournissent les modèles d'intensité aux agents structures ; les agents tissus intègrent la connaissance des structures via le champ externe de leur champ de Markov local.

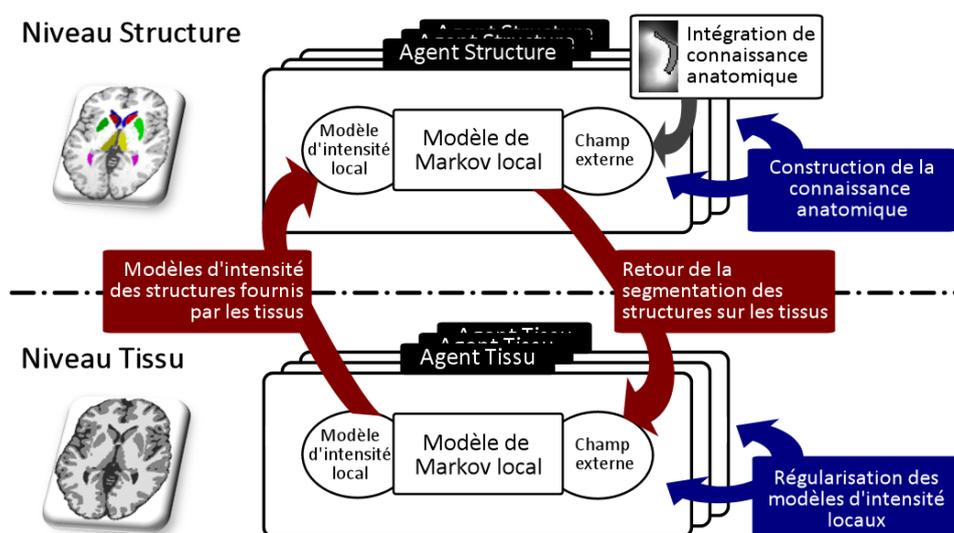


FIG. 4.10 – Schéma synthétique de LOCUS : principalement deux types d'agents sont considérés : des agents spécialisés tissus et des agents spécialisés structures, qui définissent deux niveaux différents de connaissances. Ces agents coopèrent, soit de manière intra-niveau (en bleu) ou de manière inter-niveau (en rouge).

5

Segmentation des tissus, structures et recalage : formulation bayésienne jointe

Sommaire

| | |
|--|-----------|
| 5.1 Motivations | 71 |
| 5.2 Analyse bayésienne d'un problème à données manquantes | 72 |
| 5.2.1 Interprétation fonctionnelle de EM | 73 |
| 5.2.2 Estimation d'un modèle à données manquantes couplées | 75 |
| 5.3 Modélisation de LOCUS^B | 76 |
| 5.3.1 Modélisation markovienne et décomposition en distributions conditionnelles | 77 |
| 5.3.2 Formulation des interactions | 78 |
| 5.4 Estimation du modèle | 81 |
| 5.4.1 Etape E : mise à jour de q_S et q_T | 81 |
| 5.4.2 Etape M : mise à jour des paramètres | 82 |
| 5.5 Recalage hiérarchique affine local | 85 |
| 5.6 Modélisation dans le cadre multi-agent | 87 |

5.1 Motivations

Limites de LOCUS.

La modélisation multi-agents à l'origine de LOCUS permet de formaliser la complexité des interactions entre les processus locaux. Elle permet d'identifier les entités qui coopèrent et de mettre en place des mécanismes de coordination de manière à élaborer une stratégie asynchrone et opportuniste du calcul local.

Cependant, certains mécanismes de coopération restent « ad-hoc » : les étapes de *model checking* et de *model correction* expriment des idées intuitives de cohérence entre modèles locaux mais ne permettent pas de définir certaines propriétés de l'algorithme telle la convergence. Un certain nombre de seuils sont introduits, qui s'ils ne sont pas très sensibles en pratique, ne paraissent pas satisfaisants. Les mécanismes de coopération entre segmentation des tissus et segmentation des structures expriment aussi des idées intuitives mais souffrent du manque d'un cadre théorique formel.

Approche LOCUS^B.

Nous proposons une deuxième approche LOCUS^B (LOcal Cooperative Unified Segmentation in a Bayesian framework) fondée sur un cadre théorique formel élégant. Nous nous plaçons dans le cadre statistique bayésien et proposons :

- d'exprimer la coopération entre la segmentation des tissus et des structures via une modélisation jointe traduisant le couplage des deux modèles,
- d'intégrer la connaissance *a priori* nécessaire à la segmentation des structures via un atlas statistique. Le recalage de l'atlas n'est pas considéré comme un prétraitement mais comme un problème lié à la segmentation des tissus et des structures,
- de modéliser les interactions entre segmentation des tissus, segmentations des structures, paramètres d'intensités locaux et paramètres de recalage via une distribution jointe et une modélisation markovienne.

Nous considérons alors une unique modélisation dans laquelle \mathbf{t} et \mathbf{s} désignent respectivement les étiquettes des tissus et des structures, ψ les paramètres des modèles locaux d'intensités et \mathcal{R} les paramètres de recalage. Segmenter une image \mathbf{y} revient à trouver les \mathbf{t} , \mathbf{s} , ψ et \mathcal{R} qui maximisent $p(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \psi, \mathcal{R} | \mathbf{y})$. Nous nous plaçons donc dans un cadre similaire à celui des *Conditional Random Fields* (CRF) (Kumar et Hebert, 2006) dans lequel nous modélisons directement la distribution conditionnelle $p(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \psi, \mathcal{R} | \mathbf{y})$ comme un champ de Markov. Ceci est équivalent à se placer dans le cadre des champs de Markov triplets (Blanchet et Forbes, 2008; Benboudjema et Pieczynski, 2005) dans lesquels on ne modélise pas explicitement $p(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \psi, \mathcal{R}, \mathbf{y})$ ou $p(\mathbf{y})$. Ceci n'est pas nécessaire pour la segmentation et réduit l'effet de la mauvaise adéquation du modèle aux données.

La modélisation markovienne de $p(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \psi, \mathcal{R} | \mathbf{y})$ permet d'introduire des dépendances dans le modèle. L'approche LOCUS^B est alors fondée sur la décomposition de cette distribution en une série de distributions conditionnelles pour identifier et spécifier naturellement les différents niveaux d'interactions au sein du modèle. En particulier, ces interactions permettent (1) de définir des modalités de coopération entre tissus et structures, (2) d'assurer la cohérence des modèles locaux d'une manière statistiquement fondée et (3) de guider le recalage d'atlas.

Segmentation des tissus, régularisation des modèles d'intensité locaux, segmentation des structures et recalage de l'atlas sont alors quatre étapes couplées qui s'améliorent mutuellement.

Nous décrivons dans un premier temps l'analyse d'un problème à données manquantes en général et le cas particulier dans lequel plusieurs ensembles de données sont manquantes et couplées (Section 5.2, page 72). Nous modélisons la segmentation coopérative des tissus et des structures dans ce cadre (Section 5.3, page 76), nous montrons comment décomposer la distribution $p(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \psi, \mathcal{R} | \mathbf{y})$ (Section 5.3.1, page 77) et spécifions les différents types d'interactions introduits dans notre modèle (Section 5.3.2, page 78). Nous décrivons ensuite les étapes nécessaires à l'estimation (Section 5.4, page 81) et spécifions le choix du type de recalage (Section 5.5, page 85). Finalement, nous décrivons brièvement comment modéliser cette approche dans un paradigme multi-agent semblable à LOCUS (Section 5.6, page 87).

5.2 Analyse bayésienne d'un problème à données manquantes

Nous commençons par rappeler brièvement la vision classique de EM déjà présentée dans la section 3.2.2 (page 34) pour la résolution d'un problème à données manquantes. Nous décrivons une interprétation fonctionnelle différente de cet algorithme proposée par Neal et Hinton (1998), de type *Maximization-Maximization*, et montrons comment elle s'adapte à un problème à données manquantes couplées dans un cadre bayésien.

De manière générale, on considère pour un problème à données manquantes :

- Un ensemble des données observées $\mathbf{y} = \{y_1, \dots, y_N\}$ modélisées comme la réalisation d'un champ aléatoire $\mathbf{Y} = \{Y_1, \dots, Y_N\}$,
- Un ensemble des données manquantes $\mathbf{z} = \{z_1, \dots, z_N\}$ considérées comme la réalisation d'un champ aléatoire caché $\mathbf{Z} = \{Z_1, \dots, Z_N\}$,
- Des paramètres $\theta \in \Theta$ régissant la distribution jointe $p(\mathbf{y}, \mathbf{z}|\theta)$ et modélisés comme des valeurs déterministes inconnues (cas standard) ou comme la réalisation d'un champ aléatoire Θ (cas bayésien).

L'objectif est de calculer une estimation des données manquantes \mathbf{Z} . Dans un cadre de segmentation non-supervisée les paramètres θ ne sont pas connus et il est nécessaire de les estimer. Une approche courante est d'estimer ces paramètres selon le principe de maximum de vraisemblance :

$$\hat{\theta} = \arg \max_{\theta \in \Theta} p(\mathbf{y}|\theta)$$

Comme présenté dans la section 3.2.2 (page 34), l'algorithme EM est à l'origine un algorithme général pour estimer la solution du maximum de vraisemblance pour les problèmes à données manquantes. Dans un cadre bayésien, il peut être adapté pour estimer la solution du maximum *a posteriori*. L'algorithme EM est généralement présenté comme une procédure itérative composée de deux étapes : l'étape E (Expectation) dans laquelle est mis à jour le calcul de l'espérance de la log-vraisemblance complète, et l'étape M (Maximisation) qui consiste à maximiser cette espérance selon les paramètres θ .

Une fois le paramètre θ estimé, la segmentation est réalisée en maximisant la probabilité *a posteriori* $p(\mathbf{z}|\theta, \mathbf{y})$.

5.2.1 Interprétation fonctionnelle de EM

Nous introduisons dans cette section une vision fonctionnelle plus générale de EM proposée par Neal et Hinton (1998). Nous désignons par \mathcal{D} l'ensemble des distributions de probabilité sur \mathbf{z} . L'algorithme EM pour l'estimation par maximum de vraisemblance est équivalent à la maximisation alternée par rapport à $\theta \in \Theta$ et par rapport à $q \in \mathcal{D}$ d'une fonction F définie par :

$$\begin{aligned} F(q, \theta) &= \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{z}) \log \left(\frac{p(\mathbf{y}, \mathbf{z}|\theta)}{q(\mathbf{z})} \right) \\ &= \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} \log p(\mathbf{y}, \mathbf{z} | \theta) q(\mathbf{z}) + I[q], \end{aligned} \tag{5.1}$$

avec $I[q] = -\mathbb{E}_q[\log q(\mathbf{Z})]$ l'entropie de q (\mathbb{E}_q fait référence à l'espérance selon q). C'est une interprétation *Maximization-Maximization* de l'algorithme EM : l'étape E est équivalente à la maximisation selon les distributions q , l'étape M à la maximisation selon les paramètres θ .

Estimation par maximum *a posteriori*.

Lorsqu'une connaissance *a priori* sur les paramètres θ est disponible (connaissance de la distribution $p(\theta)$), on remplace l'estimation par maximum de vraisemblance par une estimation par maximum *a posteriori* (MAP) :

$$\hat{\theta} = \arg \max_{\theta \in \Theta} p(\theta|\mathbf{y}) .$$

L'interprétation fonctionnelle de EM peut être utilisée pour estimer ce MAP. Cela revient alors à remplacer la fonction $F(q, \theta)$ (Equation 5.1) par :

$$F_{\text{MAP}}(q, \theta) = \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} \log p(\mathbf{y}, \mathbf{z} | \theta) q(\mathbf{z}) + \log p(\theta) + I[q], \tag{5.2}$$

Démonstration

On désigne par $KL(q, p)$ la divergence de Kullback-Leibler entre q et la distribution conditionnelle $p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \theta)$, donnée par :

$$KL(q, p) = \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{z}) \log \left(\frac{q(\mathbf{z})}{p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \theta)} \right) .$$

La vraisemblance $p(\mathbf{y}|\theta)$ et la fonction $F(q, \theta)$ sont alors liées par :

$$\log p(\mathbf{y}|\theta) = F(q, \theta) + KL(q, p)$$

En utilisant l'égalité $\log p(\theta|\mathbf{y}) = \log p(\mathbf{y}|\theta) + \log p(\theta) - \log p(\mathbf{y})$ (règle de Bayes) on démontre que :

$$\log p(\theta|\mathbf{y}) = F(q, \theta) + KL(q, p) + \log p(\theta) - \log p(\mathbf{y}) .$$

La fonction $KL(q, p)$ étant positive ou nulle, une borne inférieure de $\log p(\theta|\mathbf{y})$ est alors donnée par $\mathcal{L}(q, \theta)$:

$$\mathcal{L}(q, \theta) = F(q, \theta) + \log p(\theta) - \log p(\mathbf{y}) .$$

La maximisation de $\mathcal{L}(q, \theta)$ alternativement selon q et θ conduit à une suite $\{q^{(r)}, \theta^{(r)}\}_{r \in \mathbb{N}}$ vérifiant $\mathcal{L}(q^{(r+1)}, \theta^{(r+1)}) \geq \mathcal{L}(q^{(r)}, \theta^{(r)})$. La maximisation selon q correspond à l'étape E de EM pour l'estimation du maximum de vraisemblance et conduit à $q^{(r)}(\mathbf{z}) = p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \theta^{(r)})$. On a par la suite $\mathcal{L}(q^{(r)}, \theta^{(r)}) = \log p(\theta^{(r)}|\mathbf{y})$ et donc $\log p(\theta^{(r+1)}|\mathbf{y}) \geq \log p(\theta^{(r)}|\mathbf{y})$: la suite $\{\theta^{(r)}\}_{r \in \mathbb{N}}$ fait donc croître la distribution a posteriori de $p(\theta|\mathbf{y})$ à chaque étape et est analogue à une étape M généralisée.

L'estimation est réalisée via la maximisation alternée selon q et θ de F_{MAP} (Equation 5.2). Démarrant d'une valeur initiale $(q^{(r)}, \theta^{(r)}) \in \mathcal{D} \times \Theta$, il s'agit de les mettre à jour itérativement selon :

$$q^{(r+1)} = \arg \max_{q \in \mathcal{D}} F_{\text{MAP}}(q, \theta^{(r)}) = \arg \max_{q \in \mathcal{D}} \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} \log p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \theta^{(r)}) q(\mathbf{z}) + I[q] \quad (5.3)$$

$$\theta^{(r+1)} = \arg \max_{\theta \in \Theta} F_{\text{MAP}}(q^{(r+1)}, \theta) = \arg \max_{\theta \in \Theta} \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} \log p(\theta|\mathbf{y}, \mathbf{z}) q^{(r+1)}(\mathbf{z}) . \quad (5.4)$$

Démonstration

En décomposant la définition de F_{MAP} (5.2) avec la règle de Bayes :

$$\begin{aligned} F_{\text{MAP}}(q, \theta) &= \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} \log p(\mathbf{y}, \mathbf{z}|\theta) q(\mathbf{z}) + \log p(\theta) + I[q] \\ &= \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} \log p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \theta) q(\mathbf{z}) + \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} \log p(\mathbf{y}|\theta) q(\mathbf{z}) + \log p(\theta) + I[q] \\ &= \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} \log p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \theta) q(\mathbf{z}) + \log p(\mathbf{y}|\theta) \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{z}) + \log p(\theta) + I[q] \end{aligned}$$

Or $\sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{z}) = 1$, et les termes $\log p(\theta)$ et $\log p(\mathbf{y}|\theta)$ ne dépend pas de q . Donc :

$$\arg \max_{q \in \mathcal{D}} F_{\text{MAP}}(q, \theta^{(r)}) = \arg \max_{q \in \mathcal{D}} \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} \log p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \theta^{(r)}) q(\mathbf{z}) + I[q]$$

De même :

$$\begin{aligned} F_{\text{MAP}}(q, \theta) &= \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{z}) \log \left(\frac{p(\mathbf{y}, \mathbf{z}|\theta)}{q(\mathbf{z})} \right) + \log p(\theta) \\ &= \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{z}) \log p(\theta|\mathbf{y}, \mathbf{z}) + \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{z}) \log p(\mathbf{y}, \mathbf{z}) - \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{z}) \log p(\theta) - \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{z}) \log q(\mathbf{z}) + \log p(\theta) \end{aligned}$$

En omettant les termes qui ne dépendent pas de θ :

$$\begin{aligned} F_{\text{MAP}}(q, \theta) &= \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{z}) \log p(\theta|\mathbf{y}, \mathbf{z}) - \log p(\theta) \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{z}) + \log p(\theta) \\ &= \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{z}) \log p(\theta|\mathbf{y}, \mathbf{z}) \end{aligned}$$

Donc :

$$\arg \max_{\theta \in \Theta} F_{\text{MAP}}(q^{(r+1)}, \theta) = \arg \max_{\theta \in \Theta} \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} \log p(\theta | \mathbf{y}, \mathbf{z}) q^{(r+1)}(\mathbf{z})$$

On remarque dans (5.3) et (5.4) que l'estimation ne fait intervenir que les modèles conditionnels $p(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \theta)$ et $p(\theta | \mathbf{y}, \mathbf{z})$. Or la définition de ces modèles conditionnels est nécessaire et suffisante à la définition de la distribution $p(\mathbf{z}, \theta | \mathbf{y})$ comme on peut le vérifier avec la relation :

$$p(\mathbf{z}, \theta | \mathbf{y}) = p(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \theta) \left(\sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} \frac{p(\mathbf{z} | \mathbf{y}, \theta)}{p(\theta | \mathbf{y}, \mathbf{z})} \right)^{-1}.$$

En conséquence, il n'est pas nécessaire de définir le modèle joint complet $p(\mathbf{z}, \theta, \mathbf{y})$ pour segmenter l'image. La distribution conditionnelle $p(\mathbf{z}, \theta | \mathbf{y})$ contient toute l'information nécessaire, il n'est pas nécessaire de spécifier $p(\mathbf{y})$.

5.2.2 Estimation d'un modèle à données manquantes couplées

Le cadre décrit dans la section précédente présente une interprétation fonctionnelle de EM pour calculer l'estimation MAP des paramètres d'un problème à données manquantes (\mathbf{Y}, \mathbf{Z}) . Nous proposons maintenant d'adapter ce cadre pour estimer les paramètres d'un problème dans lequel deux types de données différentes sont manquantes et couplées.

On considère deux ensembles de données manquantes couplées désignées par \mathbf{t} et \mathbf{s} , de sorte que $\mathbf{z} = (\mathbf{t}, \mathbf{s})$. La notation \mathcal{D} désigne alors l'ensemble des distributions de probabilité $q_{(T,S)}$ sur (\mathbf{T}, \mathbf{S}) . Résoudre exactement l'optimisation (5.3) sur l'ensemble \mathcal{D} n'est en général pas calculable en pratique à cause des dépendances introduites.

Approximation de type *Variational EM*.

Nous considérons une variante de EM dans laquelle l'étape E n'est pas calculée de manière exacte. La maximisation (5.3) est résolue sur une classe restreinte de distributions de probabilités $\tilde{\mathcal{D}}$: nous nous limitons à l'ensemble des distributions qui se factorisent, de sorte que $q_{(T,S)}(\mathbf{t}, \mathbf{s}) = q_T(\mathbf{t}) q_S(\mathbf{s})$ où q_T (resp. q_S) appartient à l'ensemble \mathcal{D}_T (resp. \mathcal{D}_S) des distributions de probabilité sur \mathbf{T} (resp. sur \mathbf{S}). Cette variante, de type *variational EM* (Jordan et al., 1999), conduit à une approximation de l'étape E par :

$$(q_T^{(r+1)}, q_S^{(r+1)}) = \arg \max_{q_T, q_S} F_{\text{MAP}}(q_T q_S, \theta^{(r)}).$$

Mise à jour itérative de $q_T^{(r)}$ et $q_S^{(r)}$.

L'hypothèse de factorisation permet de décomposer l'optimisation en deux étapes que l'on baptise E-T-step et E-S-step. A l'itération r , les estimations courantes sont $q_T^{(r)}, q_S^{(r)}$ et $\theta^{(r)}$, et l'étape E devient :

$$\mathbf{E-T-step} : q_T^{(r+1)} = \arg \max_{q_T \in \mathcal{D}_T} F_{\text{MAP}}(q_T q_S^{(r)}, \theta^{(r)})$$

$$\mathbf{E-S-step} : q_S^{(r+1)} = \arg \max_{q_S \in \mathcal{D}_S} F_{\text{MAP}}(q_T^{(r+1)} q_S, \theta^{(r)}).$$

Ces deux mises à jour conduisent à une suite $\{q_T^{(r)}, q_S^{(r)}, \theta^{(r)}\}_{r \in \mathbb{N}}$ vérifiant $F_{\text{MAP}}(q_T^{(r+1)} q_S^{(r+1)}, \theta^{(r+1)}) \geq F_{\text{MAP}}(q_T^{(r)} q_S^{(r)}, \theta^{(r)})$. La variante *variational EM* s'apparente alors à la famille des procédures *Generalized Alternating Minimization (GAM)*, pour laquelle des outils de démonstration et des résultats de convergence sont disponibles (Byrne et Gunawardana, 2005).

Algorithme EM pour un problème à données manquantes couplées.

Finalement, les trois étapes de mises à jour de EM pour un problème à données manquantes couplées sont :

$$\mathbf{E-T-step} : q_T^{(r+1)} = \arg \max_{q_T \in \mathcal{D}_T} \mathbb{E}_{q_T} [\mathbb{E}_{q_S^{(r)}} [\log p(\mathbf{T}|\mathbf{S}, \mathbf{y}, \theta^{(r)})]] + I[q_T] \quad (5.5)$$

$$\mathbf{E-S-step} : q_S^{(r+1)} = \arg \max_{q_S \in \mathcal{D}_S} \mathbb{E}_{q_S} [\mathbb{E}_{q_T^{(r+1)}} [\log p(\mathbf{S}|\mathbf{T}, \mathbf{y}, \theta^{(r)})]] + I[q_S] \quad (5.6)$$

et

$$\mathbf{M-step} : \theta^{(r+1)} = \arg \max_{\theta \in \Theta} \mathbb{E}_{q_T^{(r+1)} q_S^{(r+1)}} [\log p(\theta|\mathbf{y}, \mathbf{T}, \mathbf{S})] .$$

Démonstration

Pour la formule (5.5), on réécrit l'expression (5.2) de F_{MAP} avec la règle de Bayes et $\mathbf{z} = (\mathbf{t}, \mathbf{s})$ sous la forme :

$$\begin{aligned} F_{\text{MAP}}(q, \theta) &= \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{t}, \mathbf{s}) \log p(\mathbf{t}|\mathbf{s}, \mathbf{y}, \theta) + \sum_{\mathbf{z} \in \mathcal{Z}} q(\mathbf{t}, \mathbf{s}) \log p(\mathbf{s}, \mathbf{y}|\theta) + \log(\theta) + I[q] \\ &= \mathbb{E}_q [\log p(\mathbf{T}|\mathbf{S}, \mathbf{y}, \theta)] + \mathbb{E}_q [\log p(\mathbf{S}, \mathbf{y}|\theta)] + \log(\theta) + I[q] . \end{aligned}$$

On a grâce à l'approximation $q(\mathbf{t}, \mathbf{s}) = q_T(\mathbf{t}) q_S(\mathbf{s})$:

$$\begin{aligned} F_{\text{MAP}}(q_T q_S, \theta) &= \mathbb{E}_{q_T} [\mathbb{E}_{q_S} [\log p(\mathbf{T}|\mathbf{S}, \mathbf{y}, \theta)]] + \mathbb{E}_{q_S} [\log p(\mathbf{S}, \mathbf{y}|\theta)] + \log(\theta) + I[q_T q_S] \\ &= \mathbb{E}_{q_T} [\mathbb{E}_{q_S} [\log p(\mathbf{T}|\mathbf{S}, \mathbf{y}, \theta)]] + I[q_T] + G[q_S] , \end{aligned}$$

où $G[q_S] = \mathbb{E}_{q_S} [\log p(\mathbf{S}, \mathbf{y}|\theta)] + \log(\theta) + I[q_S]$ ne dépend pas de q_T , conduisant à :

$$q_T^{(r+1)} = \arg \max_{q_T \in \mathcal{D}_T} \mathbb{E}_{q_T} [\mathbb{E}_{q_S^{(r)}} [\log p(\mathbf{T}|\mathbf{S}, \mathbf{y}, \theta^{(r)})]] + I[q_T] .$$

La formule (5.6) se démontre de manière exactement identique en utilisant la symétrie en \mathbf{T} et \mathbf{S} .

La formule (5.7) se démontre de manière directe à partir de (5.4) avec $\mathbf{z} = (\mathbf{t}, \mathbf{s})$.

On remarque comme dans la Section 5.2.1 (page 75) que les mises à jour décrites par (5.5), (5.6), et (5.7) ne font apparaître que les distributions conditionnelles $p(\mathbf{t}|\mathbf{s}, \mathbf{y}, \theta)$, $p(\mathbf{s}|\mathbf{t}, \mathbf{y}, \theta)$ et $p(\theta|\mathbf{t}, \mathbf{s}, \mathbf{y})$. Leur spécification est donc nécessaire et suffisante pour l'estimation. Il n'est pas nécessaire de définir le modèle joint complet $p(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \mathbf{y}, \theta)$ pour segmenter l'image, et donc pas nécessaire de spécifier $p(\mathbf{y})$. De plus, l'avantage d'écrire le modèle coopératif sous la forme des distributions conditionnelles $p(\mathbf{t}|\mathbf{s}, \mathbf{y}, \theta)$ et $p(\mathbf{s}|\mathbf{t}, \mathbf{y}, \theta)$ est de permettre de définir naturellement la coopération entre \mathbf{t} et \mathbf{s} .

5.3 Modélisation de LOCUS^B

Nous modélisons la segmentation des tissus et des structures comme un problème dans lequel ces deux niveaux de connaissance sont manquants et couplés. En considérant l'introduction d'un atlas statistique dans le modèle, on peut identifier :

Les données manquantes, définies par :

- les étiquettes $\mathbf{t} = \{t_1, \dots, t_N\}$ des tissus. Les t_i 's sont à valeur dans $\{e_1, e_2, e_3\}$ pour respectivement $\{e_{LCR}, e_{MG}, e_{MB}\}$.
- les étiquettes $\mathbf{s} = \{s_1, \dots, s_N\}$ des structures. Les s_i 's sont à valeur dans $\{e'_1, \dots, e'_L, e'_{L+1}\}$ pour les L structures, avec e'_{L+1} décrivant la classe fond.

Les connaissances des tissus et des structures ne sont pas indépendantes mais liées : chaque structure l est composée d'un unique tissu, que l'on désignera par $T^{e'_l} \in \{1, 2, 3\}$. La connaissance en un voxel i du tissu t_i aide donc à retrouver la classe s_i de la structure, et vice et versa. Par convention, pour la classe *fond* nous posons $e_{T^{e'_{L+1}}} = {}^t[0, 0, 0]$.

Les paramètres, définis par :

- les paramètres de recalage \mathcal{R} .
- les paramètres des distributions d'intensité gaussiennes ψ pour les $K = 3$ classes de tissus. On considère dans un premier temps un modèle de distribution par voxel, de sorte que $\psi = \{\psi_i^k, i \in V, k = 1 \dots K\}$. Les distributions gaussiennes sont décrites par leur moyenne μ_i^k et, pour simplifier l'écriture des équations, leur précision λ_i^k qui est l'inverse de la variance : $\lambda_i^k = 1/\sigma_i^{k2}$. On les désigne par $\mathcal{G}(y|\mu, \lambda)$.

Nous avons donc dans le cadre présenté en Section 5.2 les données manquantes $\mathbf{z} = (\mathbf{t}, \mathbf{s})$ et les paramètres $\theta = (\psi, \mathcal{R})$.

Intégration d'information *a priori* issue de l'atlas.

La connaissance *a priori* issue du recalage de l'atlas est injectée dans le modèle via deux champs que l'on désigne par f_T pour les tissus et f_S pour les structures. $f_T = \{f_T^k, l = k \dots K\}$ représente la distribution spatiale *a priori* pour les K classes de tissus. $f_S = \{f_S^l, l = 1 \dots L + 1\}$ représente la distribution spatiale *a priori* pour les $L + 1$ structures.

Ces champs dépendent du paramètre de recalage \mathcal{R} . En désignant par $\rho(\mathcal{R}, i)$ la fonction associant la position d'un voxel i de l'espace de l'atlas à l'espace de l'image, on désigne par :

- $f_T^k(\rho(\mathcal{R}, i))$ la probabilité *a priori* que le voxel i appartienne au tissu k après recalage par \mathcal{R} .
- $f_S^l(\rho(\mathcal{R}, i))$ la probabilité *a priori* que le voxel i appartienne à la structure l après recalage par \mathcal{R} .

Nous ne faisons à ce stade aucune hypothèse sur la nature du recalage, qui sera spécifié dans la Section 5.5 (page 85). Nous montrons dans la section suivante que la définition d'un champ de Markov sur la distribution $p(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta|\mathbf{y})$ permet de définir les interactions dans le modèle. En particulier, cette définition revient à une modélisation markovienne des distributions conditionnelles $p(\mathbf{t}|\mathbf{s}, \theta, \mathbf{y})$, $p(\mathbf{s}|\mathbf{t}, \theta, \mathbf{y})$ et $p(\theta|\mathbf{t}, \mathbf{s}, \mathbf{y})$ qui permettent de définir naturellement les interactions entre chaque champ \mathbf{T} , \mathbf{S} et Θ .

5.3.1 Modélisation markovienne et décomposition en distributions conditionnelles

On définit sur $p(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta|\mathbf{y})$ un champ de Markov d'énergie $H(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta|\mathbf{y})$. Cette énergie se décompose en une somme de fonctions potentielles associées aux différentes cliques. Nous différencions de manière explicite les types de dépendances entre \mathbf{T} , \mathbf{S} et Θ dans l'écriture des fonctions potentielles. Pour alléger les formules, nous ne décomposons pas θ en ψ et \mathcal{R} et omettons la notation négative de l'énergie, de sorte que $p(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta|\mathbf{y}) \propto \exp(H(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta|\mathbf{y}))$. Nous précisons la forme de l'énergie $H(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta|\mathbf{y})$ en posant :

$$H(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta|\mathbf{y}) = H(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta) + \sum_{i \in V} \log g(y_i|z_i, \theta_i)$$

où $H(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta)$ correspond à l'énergie d'un champ de Markov et les $g(y_i|z_i, \theta_i)$ sont des fonctions positives en y_i qui peuvent être normalisées. Cette fonction est proche de la forme (4.4) de la Section 4.1.3 (page 56) à ceci près que nous autorisons l'utilisation de fonctions g non normalisées. Plus précisément, $H(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta)$ peut s'écrire sous la forme d'une somme de fonctions d'énergie faisant

apparaître explicitement les termes ne dépendant que de \mathbf{T} , \mathbf{S} et Θ et ceux dans lesquels ils ne peuvent être séparés :

$$H(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta) = H_{\mathbf{T}}(\mathbf{t}) + H_{\mathbf{S}}(\mathbf{s}) + H_{\Theta}(\theta) + H_{\mathbf{T},\mathbf{S}}(\mathbf{t}, \mathbf{s}) + H_{\mathbf{T},\Theta}(\mathbf{t}, \theta) + H_{\mathbf{S},\Theta}(\mathbf{s}, \theta) + H_{\mathbf{T},\mathbf{S},\Theta}(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta)$$

avec :

$$H_{\mathbf{T}}(\mathbf{t}) = \sum_c U_{\mathbf{T}}^c(\mathbf{t}_c), \quad H_{\mathbf{S}}(\mathbf{s}) = \sum_c U_{\mathbf{S}}^c(\mathbf{s}_c), \quad H_{\Theta}(\theta) = \sum_c U_{\Theta}^c(\theta_c),$$

$$H_{\mathbf{T},\mathbf{S}}(\mathbf{t}, \mathbf{s}) = \sum_c U_{\mathbf{T},\mathbf{S}}^c(\mathbf{t}_c, \mathbf{s}_c), \quad H_{\mathbf{T},\Theta}(\mathbf{t}, \theta) = \sum_c U_{\mathbf{T},\Theta}^c(\mathbf{t}_c, \theta_c), \quad H_{\mathbf{S},\Theta}(\mathbf{s}, \theta) = \sum_c U_{\mathbf{S},\Theta}^c(\mathbf{s}_c, \theta_c),$$

$$H_{\mathbf{T},\mathbf{S},\Theta}(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta) = \sum_c U_{\mathbf{T},\mathbf{S},\Theta}^c(\mathbf{t}_c, \mathbf{s}_c, \theta_c)$$

où \mathbf{t}_c , \mathbf{s}_c et θ_c désignent des réalisations restreintes à la clique c , et les U^c 's définissent les potentiels sur les cliques qui peuvent dépendre d'autres paramètres (non mentionnés dans la notation pour alléger l'écriture).

Finalement, avec la règle de Bayes, on montre que les distributions conditionnelles $p(\mathbf{t}|\mathbf{s}, \theta, \mathbf{y})$, $p(\mathbf{s}|\mathbf{t}, \theta, \mathbf{y})$ et $p(\theta|\mathbf{t}, \mathbf{s}, \mathbf{y})$ sont aussi des champs de Markov de fonctions d'énergie respectives :

$$H(\mathbf{t}|\mathbf{s}, \theta, \mathbf{y}) = H_{\mathbf{T}}(\mathbf{t}) + H_{\mathbf{T},\mathbf{S}}(\mathbf{t}, \mathbf{s}) + H_{\mathbf{T},\Theta}(\mathbf{t}, \theta) + H_{\mathbf{T},\mathbf{S},\Theta}(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta) + \sum_{i \in V} \log g(y_i | t_i, s_i, \theta_i) \quad (5.7)$$

$$H(\mathbf{s}|\mathbf{t}, \theta, \mathbf{y}) = H_{\mathbf{S}}(\mathbf{s}) + H_{\mathbf{T},\mathbf{S}}(\mathbf{t}, \mathbf{s}) + H_{\mathbf{S},\Theta}(\mathbf{s}, \theta) + H_{\mathbf{T},\mathbf{S},\Theta}(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta) + \sum_{i \in V} \log g(y_i | t_i, s_i, \theta_i) \quad (5.8)$$

$$H(\theta|\mathbf{y}, \mathbf{t}, \mathbf{s}) = H_{\Theta}(\theta) + H_{\mathbf{T},\Theta}(\mathbf{t}, \theta) + H_{\mathbf{S},\Theta}(\mathbf{s}, \theta) + H_{\mathbf{T},\mathbf{S},\Theta}(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta) + \sum_{i \in V} \log g(y_i | t_i, s_i, \theta_i) \quad (5.9)$$

Cette formulation sous forme de distributions conditionnelles permet d'identifier et de spécifier naturellement les modalités d'interactions dans le modèle. Elle permet de considérer :

- des interactions au niveau du terme d'attache aux données, pour fusionner des connaissances dans la modélisation des données observées,
- des *interactions inter-champs*, par exemple entre \mathbf{T} et \mathbf{S} pour exprimer la coopération entre segmentation des tissus et des structures,
- et des *interactions intra-champ*, pour introduire par exemple une corrélation spatiale entre les étiquettes ou définir des modalités de régulation des paramètres des modèles d'intensités locaux.

5.3.2 Formulation des interactions

Nous présentons dans cette section le choix des interactions introduites dans le modèle.

5.3.2.a Interactions via le terme d'attache aux données $\sum_{i \in V} \log g(y_i | t_i, s_i, \theta_i)$.

Notations :

- μ_i désigne le vecteur $\mu_i = {}^t[\mu_i^1, \dots, \mu_i^K]$ représentant les moyennes des modèles d'intensité des K classes au voxel i . Lorsque $t_i = e_k$ on a alors $\langle t_i, \mu_i \rangle = \mu_i^k$ qui est la moyenne du modèle d'intensité de la classe k .
- Cette convention est étendue au cas multi-dimensionnel : $\psi_i^k = (\mu_i^k, \lambda_i^k)$ et lorsque $t_i = e_k$, $\mathcal{G}(y_i | \langle t_i, \psi_i \rangle)$ désigne la distribution gaussienne de moyenne μ_i^k et de précision λ_i^k .

L'interaction dans le terme d'attache aux données permet de définir le modèle d'intensité de chaque classe tout en traduisant l'accord ou le désaccord entre les connaissances tissus et structures. Il est défini par :

- Si la structure s_i correspond au fond ($s_i = e'_{L+1}$), alors l'information structure n'apporte pas de connaissance spécifique et le terme d'attache aux données est $\mathcal{G}(y_i|t_i, \psi_i)$.
- Si le tissu de la structure s_i correspond à t_i , alors les deux informations sont en accord et le terme d'attache aux données est aussi $\mathcal{G}(y_i|t_i, \psi_i)$.
- Sinon, si le tissu de la structure s_i ne correspond pas à t_i , nous proposons de définir le terme d'attache aux données par un compromis entre les deux informations :

$$\mathcal{G}(y_i|t_i, \psi_i)^{1/2} \mathcal{G}(y_i|e_{T^{s_i}}, \psi_i)^{1/2}$$

Cette manière de formuler le terme d'attache aux données est équivalente à considérer :

$$g(y_i|t_i, s_i, \psi_i) = \mathcal{G}(y_i|t_i, \psi_i)^{\frac{(1+(s_i, e'_{L+1}))}{2}} \mathcal{G}(y_i|e_{T^{s_i}}, \psi_i)^{\frac{(1-(s_i, e'_{L+1}))}{2}}.$$

5.3.2.b Interactions spatiales entre étiquettes.

Nous définissons des interactions spatiales entre voxels pour \mathbf{t} et \mathbf{s} . En reprenant la notation U_{ij} désignant l'interaction spatiale entre deux sites i et j (voir Section 4.1.3.a, page 57), nous considérons :

$$H_{\mathbf{T}}(\mathbf{t}) = \sum_{i \in V} \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} U_{ij}^T(t_i, t_j, \eta_T) \quad \text{et} \quad H_{\mathbf{S}}(\mathbf{s}) = \sum_{i \in V} \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} U_{ij}^S(s_i, s_j, \eta_S).$$

Les hyperparamètres η_T et η_S ajustent l'influence de la corrélation spatiale. On reconnaît les termes classiques de régularisation spatiale considérés dans les champs de Markov.

Interaction tissus - structures.

L'interaction traduisant la coopération entre segmentation des tissus et segmentation des structures est quant à elle définie par :

$$H_{\mathbf{T}, \mathbf{S}}(\mathbf{t}, \mathbf{s}) = \sum_{i \in V} \langle t_i, e_{T^{s_i}} \rangle.$$

Elle n'est pas spatiale car elle ne fait intervenir que des potentiels sur les singletons. Elle vise à favoriser les situations pour lesquelles le tissu $e_{T^{s_i}}$ d'une structure au site i est le même que le tissu t_i . On peut parler de *régularisation transversale* entre les deux niveaux de connaissances tissu et structure. On remarque que pour un voxel s_i du fond ($s_i = e'_{L+1}$), la convention $e_{T^{e'_{L+1}}} = {}^t[0, 0, 0]$ ne conduit à aucune interaction.

Ce modèle pourrait être complété par un terme prenant aussi en compte des interactions spatiales. Ce type d'interaction n'a pas encore été considéré mais serait une extension intéressante du modèle. Ce type d'interaction permettrait par exemple en présence d'une frontière entre structures de tissus différents de favoriser cette frontière au niveau des tissus.

5.3.2.c Interactions de \mathbf{t} , \mathbf{s} avec les paramètres du recalage d'atlas.

Les paramètres du modèle sont $\theta = (\psi, \mathcal{R})$ avec ψ les modèles d'intensité gaussiens et \mathcal{R} les paramètres de recalage. Une dépendance de \mathbf{t} et \mathbf{s} avec ψ est déjà spécifiée dans le terme d'attache aux données. Nous spécifions dans $H_{\mathbf{S}, \Theta}(\mathbf{s}, \theta)$ (resp. $H_{\mathbf{t}, \Theta}(\mathbf{t}, \theta)$) seulement une interaction entre \mathcal{R} et \mathbf{s} (resp. \mathbf{t}).

Avec une idée semblable à Pohl et al. (2006), la dépendance de \mathbf{s} avec \mathcal{R} est définie de manière à favoriser les configurations où la segmentation d'une structure l est « alignée » sur l'atlas *a priori* de l . Comme déjà mentionné $f_S^l(\rho(\mathcal{R}, i))$ représente la probabilité *a priori* que le voxel i appartienne à la structure l après recalage de l'atlas par \mathcal{R} . On désigne par $f_S(\rho(\mathcal{R}, i)) =$

${}^t(f_S^1(\rho(\mathcal{R}, i)), \dots, f_S^{L+1}(\rho(\mathcal{R}, i)))$ le vecteur représentant la probabilité de chaque structure en un voxel i , et on définit :

$$H_{\mathbf{S}, \Theta}(\mathbf{s}, \theta) = \sum_i \langle s_i, \log(f_S(\rho(\mathcal{R}, i)) + \epsilon) \rangle.$$

Ainsi, pour un site tel que $s_i = e'_i$, la composante $\langle s_i, \log(f_S(\rho(\mathcal{R}, i)) + \epsilon) \rangle$ de l'énergie est d'autant plus grande que la probabilité *a priori* issue de l'atlas de l en $\rho(\mathcal{R}, i)$ est grande. Le logarithme est introduit car f_S est une distribution de probabilité, et qu'une énergie H est homogène au logarithme d'une probabilité. L'ajout de ϵ permet d'éviter le cas particulier où $f_S^l(\rho(\mathcal{R}, i)) = 0$ conduisant à un logarithme infini. Nous choisissons $\epsilon = 1$ qui permet de plus que $H_{\mathbf{S}, \Theta}(\mathbf{s}, \theta)$ soit positif, mais le modèle ne semble pas très sensible à la valeur exacte de ϵ .

De la même manière nous définissons l'interaction entre \mathbf{t} et \mathcal{R} par :

$$H_{\mathbf{T}, \Theta}(\mathbf{t}, \theta) = \sum_i \langle t_i, \log(f_T(\rho(\mathcal{R}, i)) + 1) \rangle,$$

avec la notation vectorielle $f_T(\rho(\mathcal{R}, i)) = {}^t(f_T^1(\rho(\mathcal{R}, i)), \dots, f_T^K(\rho(\mathcal{R}, i)))$.

5.3.2.d Estimation locale des modèles d'intensités et interactions entre les modèles locaux.

Pour spécifier $H_{\Theta}(\theta)$, on considère que les paramètres des distributions gaussiennes ψ et les paramètres des transformations \mathcal{R} sont indépendants, c'est-à-dire que $H_{\Theta}(\theta) = H(\psi) + H(\mathcal{R})$. On s'intéresse dans cette section à $H(\psi)$.

Dans le cadre général présenté dans la Section 5.2.2 (page 75) on considère un modèle d'intensité par voxel : $\psi = \{\psi_i^k, i \in V, k = 1 \dots K\}$. En pratique, il y a trop de paramètres et il n'est pas possible de les estimer correctement. Nous adoptons donc une *stratégie d'estimation locale* comme dans la première approche. Nous désignons par \mathcal{C} un partitionnement cubique régulier du volume en C sous-volumes V_c^T :

$$\mathcal{C} : \begin{cases} \forall c \neq c', V_c^T \cap V_{c'}^T = \emptyset \\ \bigcup_{c=1}^C V_c^T = V \end{cases}.$$

On considère un modèle d'intensités ψ_c constant par sous-volume : pour tout $c \in \mathcal{C}$ et pour tout $i \in V_c^T$, $\psi_i = \psi_c$. On définit alors une fonction d'énergie $H_{\psi}^{\mathcal{C}}(\psi)$ sur \mathcal{C} où par extension ψ désigne l'ensemble des modèles d'intensités localement constant : $\psi = \{\psi_c, c \in \mathcal{C}\}$. La fonction $H_{\psi}^{\mathcal{C}}(\psi)$ permet d'intégrer des interactions spatiales entre les modèles d'intensités locaux pour assurer leur cohérence. Sa forme $H_{\psi}^{\mathcal{C}}(\psi)$ sera spécifiée dans la Section 5.4.2.a (page 83) en fonction des développements mathématiques nécessaires à l'estimation du modèle.

5.3.2.e *A priori* intégré dans le recalage d'atlas.

$H(\mathcal{R})$ permet d'introduire un *a priori* sur le recalage, de manière à autoriser seulement certaines amplitudes et orientations de déformations. Cette connaissance *a priori* peut être déterminée via un apprentissage *a priori* sur une base de données, estimant les transformations caractéristiques de chaque structure entre une population et le modèle de l'atlas. Ne disposant pas d'une telle base d'apprentissage nous avons considéré le cas $H(\mathcal{R}) = 0$.

5.3.2.f Interactions de type $\mathbf{T}, \mathbf{S}, \Theta$.

Nous ne considérons pas d'interaction de type $\mathbf{T}, \mathbf{S}, \Theta : H_{\mathbf{T}, \mathbf{S}, \Theta}(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \theta) = 0$

5.4 Estimation du modèle

Le modèle étant défini, nous proposons maintenant de décrire son estimation dans le cadre présenté dans la Section 5.2.2 (page 75).

5.4.1 Etape E : mise à jour de q_S et q_T

Nous décrivons l'étape E pour l'estimation du modèle couplé. Comme décrit dans la section 5.2.2 (page 75), elle se décompose en deux étapes E-T et E-S réalisées via les maximisations (5.5) et (5.6).

Etape E-T.

En notant $H_T^{(r)}(\mathbf{t}) = \mathbb{E}_{q_S^{(r)}}[H(\mathbf{t}|\mathbf{S}, \mathbf{y}, \theta^{(r)})]$ et en introduisant les interactions définies dans la Section 5.3.2 (page 78) on obtient en négligeant les termes qui ne dépendent pas de \mathbf{t} :

$$\begin{aligned} H_T^{(r)}(\mathbf{t}) &= H_{\mathbf{T}}(\mathbf{t}) + H_{\mathbf{T}, \Theta}(\mathbf{t}, \theta^{(r)}) + \sum_{\mathbf{s}} q_{\mathbf{S}}^{(r)}(\mathbf{s}) \left(H_{\mathbf{T}, \mathbf{S}}(\mathbf{t}, \mathbf{s}) + \sum_{i \in V} \log g(y_i | t_i, s_i, \theta_i^{(r)}) \right) \\ &= \sum_{i \in V} \left[\langle t_i, \log (f_T(\rho(\mathcal{R}^{(r)}, i)) + 1) \rangle + \langle t_i, \sum_{l=1..L} q_{S_i}^{(r)}(e'_l) e_{T^l} \rangle \right] \\ &\quad + \sum_{i \in V} \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} U_{ij}^T(t_i, t_j, \eta_T) \\ &\quad + \sum_{i \in V} \left[\frac{(1 + q_{S_i}^{(r)}(e'_{L+1}))}{2} \log \mathcal{G}(y_i | \langle t_i, \psi_i^{(r)} \rangle) \right]. \end{aligned} \tag{5.10}$$

Le terme $\sum_{l=1..L} q_{S_i}^{(r)}(e'_l) e_{T^l}$ dans (5.10) est un vecteur de dimension $K = 3$ dont la $k^{\text{ième}}$ composante est $\sum_{l=1..L, T^l=k} q_{S_i}^{(r)}(e'_l)$. Cette dernière représente la probabilité connaissant la distribution $q_{S_i}^{(r)}$ que le voxel i soit dans une structure de tissu k . Cette expression est différente mais exprime une idée proche de la coopération définie dans la première approche (Section 4.4.3.b, page 69) par $\log \left(\max_{l=1..L, T^l=k} q_{S_i}^{(r)}(e'_l) \right)$: la coopération vise à favoriser un tissu k au site i d'autant plus que la probabilité d'une structure de tissu k est grande pour ce site. Par la suite, en posant :

$$\log \tilde{f}_T^k(\mathcal{R}, i) = \log(f_T^k(\mathcal{R}, i) + 1) + \sum_{l=1..L, T^l=k} q_{S_i}^{(r)}(e'_l),$$

on peut écrire $H_T^{(r)}(\mathbf{t})$ sous la forme :

$$H_T^{(r)}(\mathbf{t}) = \sum_{i \in V} \left[\langle t_i, \log(\tilde{f}_T^{(r)}(\mathcal{R}^{(r)}, i)) \rangle + \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} U_{ij}^T(t_i, t_j; \eta_T) + \log \left(\mathcal{G}(y_i | \langle t_i, \psi_i^{(r)} \rangle) \frac{1 + q_{S_i}^{(r)}(e'_{L+1})}{2} \right) \right] \tag{5.11}$$

On reconnaît la décomposition standard de l'énergie d'un champ de Markov en \mathbf{t} sous la forme d'un champ externe, d'un terme de corrélation spatiale et d'un terme d'attache aux données. A chaque itération, résoudre l'étape E-T revient alors à résoudre la segmentation via un champ de Markov standard qui dépend de l'itération précédente de l'étape E-S. On peut alors résoudre l'étape E-T en calculant q_T^{r+1} via une approximation basée sur le principe de champ moyen comme utilisé dans LOCUS.

Etape E-S.

De même, en notant $H_S^{(r)}(\mathbf{s}) = \mathbb{E}_{q_T^{(r+1)}}[H(\mathbf{s}|\mathbf{T}, \mathbf{y}, \theta^{(r)})]$ et négligeant les termes qui ne dépendent pas de \mathbf{s} on obtient :

$$\begin{aligned} H_S^{(r)}(\mathbf{t}) &= H_S(\mathbf{s}) + H_{S,\Theta}(\mathbf{s}, \theta^{(r)}) + \sum_{\mathbf{t}} q_T^{(r)}(\mathbf{t}) \left(H_{\mathbf{T},\mathbf{S}}(\mathbf{t}, \mathbf{s}) + \sum_{i \in V} \log g(y_i | t_i, s_i, \theta_i^{(r)}) \right) \\ &= \sum_{i \in V} \left[\langle s_i, \log(f_S(\rho(\mathcal{R}^{(r)}, i)) + 1) \rangle + \langle s_i, \sum_{l=1..L} q_{T_i}^{(r+1)}(e_{T^l}) e'_l (1 - \langle s_i, e_{L+1} \rangle) \rangle \right] \\ &\quad + \sum_{i \in V} \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} U_{ij}^S(s_i, s_j, \eta_S) \\ &\quad + \sum_{i \in V} \left[\frac{1 + \langle s_i, e'_{L+1} \rangle}{2} \log \left(\prod_{k=1}^3 \mathcal{G}(y_i | \psi_i^{(r)k})^{q_{T_i}^{(r+1)}(e_k)} \right) + \frac{1 - \langle s_i, e'_{L+1} \rangle}{2} \mathcal{G}(y_i | \langle e_{T^{s_i}}, \psi_i^{(r)} \rangle) \right], \end{aligned} \quad (5.12)$$

Pour $s_i \in \{1, \dots, L\}$ on a $\langle s_i, \sum_{l=1..L} q_{T_i}^{(r+1)}(e_{T^l}) e'_l \rangle = q_{T_i}^{(r+1)}(e_{T^{s_i}})$. La structure l est donc d'autant plus favorisée que la probabilité à l'itération précédente du tissu de l est grande. On pose alors :

$$\log \tilde{f}_S^{l(r)}(\mathcal{R}, i) = \log(f_S^l(\mathcal{R}, i) + 1) + q_{T_i}^{(r+1)}(e_{T^l})(1 - \langle e'_l, e'_{L+1} \rangle)$$

et (5.12) s'écrit sous la forme :

$$\begin{aligned} H_S^{(r)}(\mathbf{s}) &= \sum_{i \in V} \left[\langle s_i, \log(\tilde{f}_S^{(r)}(\mathcal{R}^{(r)}, i)) \rangle + \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} U_{ij}^S(s_i, s_j; \eta_S) + \right. \\ &\quad \left. \log \left(\left(\prod_{k=1}^3 \mathcal{G}(y_i | \psi_i^{(r)k})^{q_{T_i}^{(r+1)}(e_k)} \right)^{\left(\frac{1 + \langle s_i, e'_{L+1} \rangle}{2} \right)} \mathcal{G}(y_i | \langle e_{T^{s_i}}, \psi_i^{(r)} \rangle) \right)^{\left(\frac{1 - \langle s_i, e'_{L+1} \rangle}{2} \right)} \right]. \end{aligned} \quad (5.13)$$

On reconnaît comme pour l'étape E-T la décomposition standard de l'énergie d'un champ de Markov en \mathbf{s} . L'étape E-S se résout alors aussi en calculant q_S^{r+1} via une approximation basée sur le principe de champ moyen comme utilisé dans LOCUS.

5.4.2 Etape M : mise à jour des paramètres

Nous nous intéressons maintenant à la résolution de l'étape (5.4), c'est à dire :

$$\theta^{(r+1)} = \arg \max_{\theta \in \Theta} \mathbb{E}_{q_T^{(r+1)} q_S^{(r+1)}}[H(\theta | \mathbf{t}, \mathbf{s}, \mathbf{y})] \quad (5.14)$$

avec :

$$H(\theta | \mathbf{y}, \mathbf{t}, \mathbf{s}) = H_\Theta(\theta) + H_{T,\Theta}(\mathbf{t}, \theta) + H_{S,\Theta}(\mathbf{s}, \theta) + \sum_{i \in V} \log g(y_i | z_i, \theta_i)$$

L'hypothèse d'indépendance de ψ et \mathcal{R} conduit à une résolution en deux étapes **M- ψ** et **M- \mathcal{R}** . Avec $H_\Theta(\theta) = H(\psi) + H(\mathcal{R})$, et en isolant les termes dépendant de ψ et \mathcal{R} on a :

$$\mathbf{M}\text{-}\psi : \quad \psi^{(r+1)} = \arg \max_{\psi \in \Psi} \left(H(\psi) + \sum_{i \in V} \mathbb{E}_{q_T^{(r+1)} q_S^{(r+1)}}[\log g(y_i | t_i, s_i, \psi_i)] \right) \quad (5.15)$$

et

$$\mathbf{M}\text{-}\mathcal{R} : \quad \mathcal{R}^{(r+1)} = \arg \max_{\mathcal{R} \in \mathcal{R}} \left(H(\mathcal{R}) + \mathbb{E}_{q_T^{(r+1)}}[H_{T,\Theta}(\mathbf{t}, \theta)] + \mathbb{E}_{q_S^{(r+1)}}[H_{S,\Theta}(\mathbf{s}, \theta)] \right). \quad (5.16)$$

5.4.2.a Mise à jour des paramètres des distributions d'intensité ψ : étape M- ψ

On s'intéresse dans un premier temps au calcul de la partie droite de (5.15). En négligeant l'exposant $(r+1)$ pour alléger les formules, on montre que :

$$\mathbb{E}_{q_T q_S}[\log g(y_i | t_i, s_i, \psi_i)] = \log \left[\prod_{k=1}^K \mathcal{G}(y_i | \psi_i^k)^{a_{ik}} \right],$$

avec

$$a_{ik} = \frac{1}{2} \left(q_{T_i}(e_k) + q_{T_i}(e_k) q_{S_i}(e'_{L+1}) + \sum_{l=1..L, T^l=k} q_{S_i}(e'_l) \right).$$

Le premier terme $q_{T_i}(e_k)$ est la probabilité du voxel i d'appartenir au tissu k sans aucune connaissance structure. Les deux autres termes, dont la somme sur k est égale à 1, peuvent être interprétés comme la probabilité du voxel i d'appartenir au tissu k intégrant la connaissance structure : $q_{T_i}(e_k) q_{S_i}(e'_{L+1})$ représente la probabilité du voxel i d'appartenir au tissu k quand aucune structure n'est segmentée en i , et le troisième terme de a_{ik} est la probabilité que le voxel i appartienne à une structure de tissu k .

La somme des a_{ik} 's sur k est donc aussi égale à 1, et a_{ik} peut être interprété comme la probabilité pour le voxel i d'appartenir au tissu k quand l'information des tissus et des structures est combinée.

Approche locale de l'estimation et régularisation des modèles locaux.

Nous nous intéressons ensuite au terme $H(\psi)$. Comme mentionné dans la Section 5.3.2.d (page 80) nous adoptons une approche locale : \mathcal{C} désigne le partitionnement cubique régulier du volume en C sous-volumes $\{V_c^T, c \in \mathcal{C}\}$ et nous considérons les ψ_i 's constants égaux à ψ_c sur chaque sous-volume V_c^T . Pour assurer la cohérence des modèles locaux nous introduisons des interactions spatiales entre les ψ_c 's via la définition un champ de Markov de fonction d'énergie $H_\psi^C(\psi)$. On a alors $p(\psi) \propto \exp(-H_\psi^C(\psi))$, et l'équation (5.15) peut être écrite sous la forme :

$$\begin{aligned} \psi^{(r+1)} &= \arg \max_{\psi \in \underline{\Psi}} p(\psi) \prod_{i \in V} \prod_{k=1}^K \mathcal{G}(y_i | \psi_i^k)^{a_{ik}} \\ &= \arg \max_{\psi \in \underline{\Psi}} p(\psi) \prod_{c \in \mathcal{C}} \prod_{k=1}^K \prod_{i \in V_c^T} \mathcal{G}(y_i | \psi_c^k)^{a_{ik}}. \end{aligned}$$

On introduit l'hypothèse naturelle d'indépendance entre les classes, de sorte que $p(\psi) = \prod_{k=1}^K p(\psi^k)$. On peut alors mettre à jour pour chaque classe $k = 1, \dots, K$ le paramètre ψ^k ($r+1$) via :

$$\psi^{k(r+1)} = \arg \max_{\psi^k \in \underline{\Psi}^k} p(\psi^k) \prod_{c \in \mathcal{C}} \prod_{i \in V_c^T} \mathcal{G}(y_i | \psi_c^k)^{a_{ik}}.$$

Approximation.

La modélisation Markovienne de $p(\psi^k)$ introduit des dépendances complexes qui rendent la maximisation incalculable en pratique. On remplace alors $p(\psi^k)$ par une forme factorisée. Cette approximation revient en fait à utiliser un algorithme de type ICM (Besag, 1986) ou de type champ moyen (modal field, (Celeux et al., 2003)), maximisant de manière itérative et les uns après les autres les ψ_c^k pour $c \in \mathcal{C}$. En considérant une estimation ψ^k à l'itération ν , on considère la mise à jour d'un modèle local ψ_c^k donnée par :

$$\forall c \in \mathcal{C}, \quad \psi_c^{k(\nu+1)} = \arg \max_{\psi_c^k \in \underline{\Psi}^k} p(\psi_c^k | \psi_{\mathcal{N}(c)}^{k(\nu)}) \prod_{i \in V_c^T} \mathcal{G}(y_i | \psi_c^k)^{a_{ik}}, \quad (5.17)$$

où $\mathcal{N}(c)$ désigne les indices des sous-volumes voisins de V_c^T , et $\psi_{\mathcal{N}(c)}^k$ l'ensemble des paramètres des modèles voisins : $\psi_{\mathcal{N}(c)}^k = \{\psi_{c'}^k, c' \in \mathcal{N}(c)\}$. A la convergence, nous obtenons la mise à jour du paramètre ψ^k ($r+1$).

Formulation de l'a priori sur ψ .

Nous faisons l'hypothèse que la dépendance markovienne n'agit que sur le paramètre de moyenne des distributions gaussiennes :

$$p(\psi_c^k | \psi_{\mathcal{N}(c)}^k) = p(\mu_c^k | \mu_{\mathcal{N}(c)}^k) p(\lambda_c^k),$$

La forme particulière de (5.17) indique une forme naturelle pour l'a priori sur ψ . En effet, selon l'analyse bayésienne, un choix naturel pour $p(\psi_c^k | \psi_{\mathcal{N}(c)}^k)$ est de considérer un a priori conjugué pour la distribution gaussienne $\mathcal{G}(y_i | \psi_c^k)$ (Gelman et al., 2004).

Definition 5.4.1 La distribution a priori $p(\psi)$ est dite conjuguée pour une classe de fonctions de vraisemblance $p(\cdot | \psi)$ si la distribution a posteriori $p(\psi | y)$ est dans la même famille que $p(\psi)$.

La distribution conditionnelle a priori $p(\mu_c^k | \mu_{\mathcal{N}(c)}^k)$ est alors définie comme une distribution gaussienne de moyenne $\mu_c^{0k} = |\mathcal{N}(c)|^{-1} \sum_{c' \in \mathcal{N}(c)} \mu_{c'}^k$ et de précision λ_c^{0k} . La distribution a priori $p(\lambda_c^k)$ est elle définie comme une distribution Gamma de paramètre de forme α_c^k et de paramètre d'échelle b_c^k :

$$\begin{aligned} p(\mu_c^k | \mu_{\mathcal{N}(c)}^k) &= \mathcal{G}(\mu_c^k | \mu_c^{0k}, \lambda_c^{0k}), \\ p(\lambda_c^k) &\propto \lambda_c^{k(\alpha_c^k + 1)} \exp(-b_c^k \lambda_c^k). \end{aligned}$$

Les termes $\{\lambda_c^{0k}, \alpha_c^k, b_c^k, c \in \mathcal{C}\}$ sont des hyperparamètres à définir. Ce choix n'est pas le seul mais permet une expression pour le calcul de $\mu_c^{(\nu+1)k}$ et de $\lambda_c^{(\nu+1)k}$.

On montre que pour cette modélisation, les formules de mises à jour des paramètres sont :

$$\mu_c^{(\nu+1)k} = \frac{\lambda_c^{(\nu)k} \sum_{i \in V_c^T} a_{ik} y_i + \lambda_c^{0k} |\mathcal{N}(c)|^{-1} \sum_{c' \in \mathcal{N}(c)} \mu_{c'}^{(\nu)k}}{\lambda_c^{(\nu)k} \sum_{i \in V_c^T} a_{ik} + \lambda_c^{0k}} \quad (5.18)$$

$$\text{et } \lambda_c^{(\nu+1)k} = \frac{\alpha_c^k + \sum_{i \in V_c^T} a_{ik} / 2 - 1}{b_c^k + 1/2 [\sum_{i \in V_c^T} a_{ik} (y_i - \mu_c^{(\nu+1)k})^2]} \quad (5.19)$$

Démonstration

On cherche à maximiser $p(\mu_c^k | \mu_{\mathcal{N}(c)}^k) p(\lambda_c^k) \prod_{i \in V_c^T} \mathcal{G}(y_i | \psi_i^k)^{a_{ik}}$.

(1) Pour maximiser $p(\mu_c^k | \mu_{\mathcal{N}(c)}^k) \prod_{i \in V_c^T} \mathcal{G}(y_i | \psi_i^k)^{a_{ik}}$ en μ_c^k il faut maximiser :

$$\begin{aligned} &\exp\left(-\frac{1}{2} \lambda_c^{0k} (\mu_c^{0k} - \mu_c^k)^2\right) \prod_{i \in V_c^T} \exp\left(-\frac{1}{2} \lambda_c^k (y_i - \mu_c^k)^2\right)^{a_{ik}} \\ &\propto \exp\left(-\frac{1}{2} \left(\lambda_c^{0k} (\mu_c^{0k} - \mu_c^k)^2 + \lambda_c^k \sum_{i \in V_c^T} a_{ik} (y_i - \mu_c^k)^2 \right)\right) \end{aligned}$$

La distribution a priori de μ_c^k étant conjuguée, on recherche cette expression sous la forme d'une loi normale :

$$\exp\left(-\frac{1}{2} \tilde{\lambda} (y_i - \tilde{\mu})^2\right)$$

En développant les expressions dans les exponentiels, et en identifiant terme à terme on trouve que la moyenne de la loi normale (et donc la valeur qui maximise l'expression considérée) est :

$$\tilde{\mu}_c^k = \frac{\lambda_c^{0k} \mu^{0k} + \lambda_c^k \sum_{i \in V_c^T} a_{ik} y_i}{\lambda_c^{0k} + \lambda_c^k \sum_{i \in V_c^T} a_{ik}}$$

(2) Pour maximiser $p(\lambda_c^k) \prod_{i \in V_c^T} \mathcal{G}(y_i | \psi_i^k)^{a_{ik}}$ en λ_c^k il faut maximiser :

$$\begin{aligned} & \lambda_c^{k \alpha_c^k + 1} \exp(-b_c^k \lambda_c^k) \prod_{i \in V_c^T} \left(\sqrt{\frac{\lambda_c^k}{2\pi}} \right)^{a_{ik}} \exp\left(-\frac{1}{2} \lambda_c^k (y_i - \mu_c^k)^2\right)^{a_{ik}} \\ \propto & \lambda_c^{k \alpha_c^k + 1 + \sum_{i \in V_c^T} a_{ik}/2} \exp\left(-\lambda_c^k \left(b_c^k + \frac{1}{2} \sum_{i \in V_c^T} a_{ik} (y_i - \mu_c^k)^2 \right)\right) \end{aligned}$$

On reconnaît aussi une loi Gamma de paramètre de forme $\alpha_c^k + \sum_{i \in V_c^T} a_{ik}/2$ et de paramètre d'échelle $b_c^k + \frac{1}{2} \sum_{i \in V_c^T} a_{ik} (y_i - \mu_c^k)^2$, dont le mode est donnée par :

$$\frac{\alpha_c^k + \sum_{i \in V_c^T} a_{ik}/2}{b_c^k + \frac{1}{2} \sum_{i \in V_c^T} a_{ik} (y_i - \mu_c^k)^2}$$

On remarque que (5.18) et (5.19) font apparaître les termes classiques de mise à jour de la moyenne et de la précision obtenus avec un EM standard, mais pondérés par d'autres termes à cause de la régulation avec le voisinage. En effet un EM standard sur V_c^T estimerait μ_c^k via $\sum_{i \in V_c^T} a_{ik} y_i / \sum_{i \in V_c^T} a_{ik}$ et λ_c^k via $\sum_{i \in V_c^T} a_{ik} / \sum_{i \in V_c^T} a_{ik} (y_i - \mu_c^k)^2$. Les formules (5.18) et (5.19) mettent donc à jour ces paramètres en intégrant une régularisation spatiale entre les modèles locaux. Ils expriment de manière statistiquement fondée les idées de *model checking* et *model correction* de LOCUS.

Interpolation en chaque voxel.

De la même manière que dans LOCUS, nous calculons ensuite un modèle d'intensité par voxel à partir de ces paramètres constant sur les sous-volumes. L'interpolation est réalisée entre ψ_c et ses modèles voisins $\psi_{c'}$ pour $c' \in \mathcal{N}(c)$ via une interpolation par splines cubiques. Elle permet d'assurer des variations lentes entre les sous-volumes et de modéliser les nonuniformités d'intensité dans chaque sous-volume.

5.4.2.b Mise à jour des paramètres de recalage \mathcal{R} : étape M- \mathcal{R} .

En introduisant les expressions de $\mathbb{E}_{q_T^{(r+1)}}[H_{T,\Theta}(\mathbf{t}, \theta)]$ et de $\mathbb{E}_{q_S^{(r+1)}}[H_{S,\Theta}(\mathbf{s}, \theta)]$ dans (5.16), les paramètres \mathcal{R} sont mis à jour par :

$$\begin{aligned} \mathcal{R}^{(r+1)} &= \arg \max_{\mathcal{R} \in \underline{\mathcal{R}}} \left(H(\mathcal{R}) + \mathbb{E}_{q_T^{(r+1)}}[H_{T,\Theta}(\mathbf{t}, \theta)] + \mathbb{E}_{q_S^{(r+1)}}[H_{S,\Theta}(\mathbf{s}, \theta)] \right) \\ &= \arg \max_{\mathcal{R} \in \underline{\mathcal{R}}} \left(H(\mathcal{R}) + \sum_{i \in V} \sum_{l=1..L+1} q_{S_i}^{(r+1)}(e_i) \log \left(f_S^l(\rho(\mathcal{R}, i)) + 1 \right) + \sum_{i \in V} \sum_{k=1..3} q_{T_i}^{(r+1)}(e_k) \log \left(f_T^k(\rho(\mathcal{R}, i)) + 1 \right) \right). \end{aligned}$$

Nous définissons dans la section suivante le type de recalage considéré, ainsi que la construction des champs f_S et f_T décrivant la distribution spatiale *a priori* des structures et des tissus.

5.5 Recalage hiérarchique affine local

Le recalage de l'atlas est effectué via la transformation \mathcal{R} dont il faut spécifier la forme. Comme mentionné dans la Section 3.5.1.c (page 49), la majorité des approches considèrent une transformation globale unique. L'utilisation du recalage d'atlas pour segmenter les structures requiert alors

une transformation élastique pour capturer la variabilité inter-individuelle. L'inconvénient de ce type de transformation est leur très grande dimension. L'optimisation est généralement coûteuse en temps de calculs et sujette à un grand nombre d'optima locaux.

Nous préférons considérer une approche hiérarchique affine semblable à celle de Pohl et al. (2006). Elle est basée sur l'estimation d'une transformation globale affine et d'un ensemble de transformations locales affines propres à chaque structure :

La transformation globale affine \mathcal{R}_G permet de capturer une correspondance globale affine entre l'image et l'image de référence de l'atlas sans connaissance de l'anatomie cérébrale.

Les transformations locales affines $\mathcal{R}_S = (\mathcal{R}_1, \dots, \mathcal{R}_{L+1})$, exprimées par rapport à \mathcal{R}_G , capturent pour chaque structure cérébrale la déformation résiduelle.

Le recalage implique donc l'estimation de $L+2$ transformations affines \mathcal{R}_G et $\mathcal{R}_S = (\mathcal{R}_1, \dots, \mathcal{R}_{L+1})$. On a donc $\mathcal{R} = (\mathcal{R}_G, \mathcal{R}_S) = (\mathcal{R}_G, \mathcal{R}_1, \dots, \mathcal{R}_{L+1})$. La transformation décrivant une structure l est calculée par la composition $\mathcal{R}_G \circ \mathcal{R}_l$.

Définition des champs f_S et f_T .

Comme déjà mentionné le champ $f_S^l(\mathcal{R}, \cdot)$ représente la distribution spatiale *a priori* de la structure l après recalage de l'atlas par \mathcal{R} . Nous désignons par ζ_S l'atlas statistique des structures sous-corticales du cerveau : $\zeta_S = \{\zeta_S^l, l = 1, \dots, L+1\}$, avec l'atlas de la classe *fond* déduite si nécessaire par $\zeta_S^{L+1} = 1 - \sum_{l=1..L} \zeta_S^l$. Nous calculons alors $f_S^l(\mathcal{R}, \cdot)$ par :

$$f_S^l(\mathcal{R}, i) = \frac{\zeta_S^l(\rho(\mathcal{R}_G, \mathcal{R}_l, i))}{\sum_{l'=1..L+1} \zeta_S^{l'}(\rho(\mathcal{R}_G, \mathcal{R}_{l'}, i))} \quad (5.20)$$

La normalisation est nécessaire car les transformations \mathcal{R}_l appliquées à chaque structure sont indépendantes : plusieurs voxels dans l'espace de l'atlas peuvent être projetés sur le même voxel dans l'espace de l'image.

Le champ f_T représentant la distribution *a priori* des tissus n'est pas calculé à partir d'un deuxième atlas mais construit à partir de f_S . Pour un voxel i , la distribution $f_T^k(\mathcal{R}, i)$ de la classe k résulte de la fusion des distributions des structures de tissu k . La classe *fond* ne possédant pas d'information tissu, elle participe au calcul de $f_T^k(\mathcal{R}, i)$ avec la pondération $1/K$: on considère en effet que sans connaissance spécifique la probabilité *a priori* d'apparition du tissu k est égale $1/K$. $f_T^k(\mathcal{R}, i)$ est alors calculé par :

$$f_T^k(\mathcal{R}, i) = \sum_{l=1..L, T^l=k} f_S^l(\mathcal{R}, i) + \frac{1}{K} f_S^{L+1}(\mathcal{R}, i), \quad (5.21)$$

avec la convention que la somme est nulle si $\{l = 1..L, T^l = k\} = \emptyset$, c'est-à-dire si il n'y a pas de structure de tissu k .

Mise à jour de \mathcal{R} .

En pratique la transformation affine \mathcal{R}_G est estimée en prétraitement via une méthode de recalage basée sur les intensités, utilisant l'histogramme conjoint par exemple. Les $L+1$ paramètres $(\mathcal{R}_1.. \mathcal{R}_{L+1})$ des déformations résiduelles propres à chaque structure sont mis à jour par la formule obtenue dans la Section 5.4.2.b (page 85), issue de la coopération entre segmentation et paramètres de recalage :

$$\mathcal{R}^{(r+1)} = \arg \max_{\mathcal{R} \in \underline{\mathcal{R}}} \left(H(\mathcal{R}) + \sum_{i \in V} \sum_{l=1..L+1} q_{S_i}^{(r+1)}(e'_l) \log \left(f_l^S(\rho(\mathcal{R}_G, \mathcal{R}_l, i)) + 1 \right) + \sum_{i \in V} \sum_{k=1..K} q_{T_i}^{(r+1)}(e_k) \log \left(f_k^T(\rho(\mathcal{R}_G, \mathcal{R}_l, i)) + 1 \right) \right).$$

On remarque qu'en plus de raffiner le recalage grâce à la connaissance des structures comme dans Pohl et al. (2006), le recalage se base aussi sur la connaissance tissus. Pour le calcul de la maximisation nous adoptons une méthode par *relaxation* en découplant la recherche des transformations pour chaque structure. Il n'y a cependant pas d'expression simple du maximum, et l'optimisation est réalisée via une méthode numérique de type *méthode de Powell*. Nous recherchons alors les douze paramètres de chaque transformation affine \mathcal{R}_l via la maximisation :

$$\mathcal{R}_l^{(r+1)} = \arg \max_{\mathcal{R}_l \in \underline{\mathcal{R}}_\uparrow} \left(H(\mathcal{R}) + \sum_{i \in V} \left[q_{S_i}^{(r+1)}(e'_i) \log \left(f_i^S(\rho(\mathcal{R}_G, \mathcal{R}_l, i)) + 1 \right) + \sum_{k=1..K} q_{T_i}^{(r+1)}(e_k) \log \left(f_k^T(\rho(\mathcal{R}_G, \mathcal{R}_l, i)) + 1 \right) \right] \right). \quad (5.22)$$

On remarque que l'estimation d'une transformation \mathcal{R}_l dépend des autres transformations via le terme de normalisation dans $f_i^S(\rho(\mathcal{R}_G, \mathcal{R}_l, i))$ (voir Equation (5.20)). Les transformations affines ne sont pas estimées de manière complètement disjointes et se régularisent mutuellement les unes les autres.

5.6 Modélisation dans le cadre multi-agent

De la même manière que dans LOCUS, cette approche est modélisée dans un cadre multi-agent adapté à la modélisation locale de la segmentation. Nous décrivons brièvement les modifications apportées.

L'agent global estime au démarrage du système les paramètres de la transformation globale affine \mathcal{R}_G sur des critères d'intensité.

Les agents tissus sont définis de manière analogue aux AML-T. Ils n'intègrent plus les mécanismes de *model checking* et *model correction* « ad-hoc » mais la régularisation issue du modèle markovien conditionnel des paramètres des tissus (équations (5.18) et (5.19)). Les agents tissus dans LOCUS^B estiment le champ de Markov d'énergie (5.11), intégrant les termes d'interaction avec les structures et l'atlas recalé.

Les agents structures sont semblables aux AML-S mais intègrent la connaissance de l'atlas statistique ζ_S^l et les paramètres de recalage \mathcal{R}_l . Ils ne segmentent plus leur territoire en deux classes *structure* et *non structure* mais en $L + 1$ classes. Ils estiment le champ de Markov d'énergie (5.13), intégrant les termes d'interaction avec les tissus et l'atlas recalé.

Le recalage local de l'atlas est modélisé comme un comportement attribué aux agents structures. Nous remplaçons le comportement $\mathcal{B}_{\text{AML-S_ComputeFuzzyMap}}$ de LOCUS par un nouveau comportement $\mathcal{B}_{\text{AML-S_AtlasRegistration}}$. Dans ce comportement, l'agent ajuste son recalage local en estimant les douzes paramètres de sa transformation affine locale par la maximisation (5.22).

6

Implémentation

Sommaire

| | | |
|------------|---|-----------|
| 6.1 | Plate-forme multi-agents générique | 89 |
| 6.1.1 | Gestionnaire du système | 90 |
| 6.1.2 | Modèle générique d'agent à base de comportements | 90 |
| 6.1.3 | Modèle générique de groupe | 91 |
| 6.1.4 | Descripteur générique d'évènements et interface utilisateur | 91 |
| 6.1.5 | Implémentation | 92 |
| 6.2 | Segmentation markovienne générique | 92 |
| 6.3 | Implémentation de LOCUS | 93 |
| 6.4 | Implémentation de LOCUS^B | 97 |

Ce chapitre décrit l'implémentation des deux approches présentées. Nous commençons par détailler l'implémentation de la plate-forme multi-agent générique développée, puis celle d'un module générique de segmentation markovienne. L'implémentation de la première approche, dénommée LOCUS (LOcal Cooperative Unified Segmentation), est par la suite exposée. Nous distinguons LOCUS-T pour la segmentation locale et coopérative des tissus seulement et LOCUS-TS pour la segmentation couplée des tissus et des structures. Enfin, l'implémentation de la seconde approche baptisée LOCUS^B (LOcal Cooperative Unified Segmentation in a Bayesian framework) est décrite, distinguant de la même manière LOCUS^B-T et LOCUS^B-TS.

6.1 Plate-forme multi-agents générique

L'architecture multi-agents développée est inspirée du modèle conceptuel Agent-Groupe-Comportement proposé par Gutknecht (2001) (voir Section 3.4.2.d page 45). L'implémentation se base sur une amélioration de celle proposée par Richard (2004). Elle repose sur la simulation du calcul distribué comme présenté dans cette section.

Le système est composé d'agents dont l'exécution parallèle est simulée et s'effectue sous le contrôle d'un *gestionnaire du système*. Ce dernier assure la création et la destruction des agents, leur séquençage ainsi que leur activation et leur désactivation. Les agents sont potentiellement organisés en groupes, placés sous le contrôle de *gestionnaires de groupe*, qui assurent leur coordination. Les groupes, comme les agents, sont dynamiquement créés et détruits selon les besoins du système. L'échange d'information se fait via une mémoire partagée, naturelle dans ce type de système dans lequel la distribution est simulé, et plus performante que l'envoi de message.

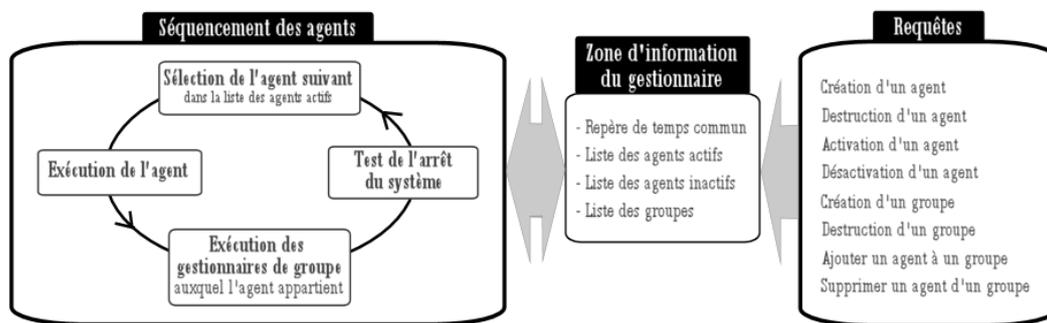


FIG. 6.1 – Gestionnaire du système

6.1.1 Gestionnaire du système

C'est le niveau de contrôle le plus bas du système qui n'est régi par aucune connaissance dépendante du domaine d'application. Il gère une zone d'information décrivant l'état du système et définit en particulier un repère de temps commun aux acteurs du système.

Séquencement des agents.

Le rôle principal du gestionnaire du système est de simuler l'action parallèle des agents à partir de leur exécution séquentielle. Il s'appuie sur une liste de groupes et deux listes d'agents, contenant respectivement des liens vers les agents actifs et les agents inactifs du système. Le gestionnaire exécute tour à tour les agents présents dans la liste des agents actifs. Les agents sont responsables de suspendre leur propre exécution et doivent donc être implémentés selon un schéma spécifique. Après exécution d'un agent, une requête est envoyée par le gestionnaire du système à tous les gestionnaires de groupes dont fait partie l'agent. Ces derniers peuvent alors évaluer si la configuration interne de l'agent a été modifiée, et déclencher des actions de coordination spécifiques au groupe si nécessaire. L'arrêt du système est déclenché lorsque plus aucun agent n'est actif. Il est cependant assuré par une durée maximale d'exécution (définie dans le repère de temps commun) spécifié lors de la conception.

Requêtes.

Chaque acteur du système, agent ou groupe, possède un lien vers le gestionnaire du système, auquel il peut adresser à n'importe quel moment une série de requêtes (voir Figure 6.1). Ces requêtes permettent de créer ou détruire des agents, modifier leur état, créer ou détruire des groupes, etc. Le gestionnaire du système n'a pas de pouvoir de décision sur l'exécution des requêtes. Il les exécute dès qu'elles lui sont adressées. Il assure cependant la cohérence du système en transmettant la modification effectuée aux agents et aux gestionnaires de groupe. Par exemple, si un groupe est détruit, des requêtes sont envoyées aux agents qui appartenaient à ce groupe pour les informer de la destruction. De même, si un agent est activé ou désactivé, des requêtes sont envoyées aux gestionnaires des groupes dont cet agent fait partie pour diffuser la modification de l'état interne de l'agent.

6.1.2 Modèle générique d'agent à base de comportements

On définit un modèle d'agent générique qui doit être spécialisé pour chaque application. Un agent est doté d'un ou plusieurs comportements et d'un *gestionnaire d'agent* interne. Ce gestionnaire permet d'une part d'adresser les requêtes au gestionnaire du système (demande d'activation/désactivation, de création/destruction d'un autre agent ou de lui-même, etc.) ou aux ges-

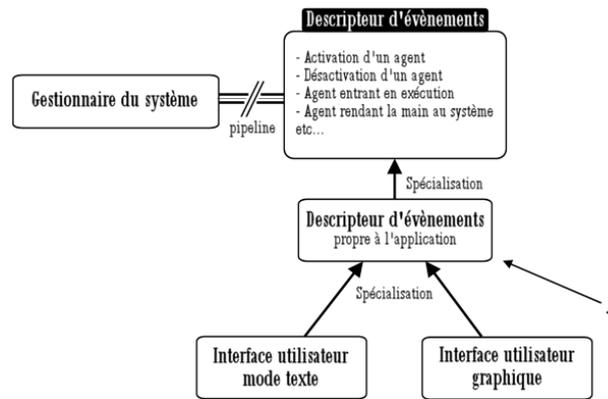


FIG. 6.2 – Un descripteur d'évènements peut être connecté (ou non) au gestionnaire du système via un pipeline. Il peut être spécialisé pour définir une ou des interfaces utilisateurs afin de suivre l'évolution de l'application en temps réel.

tionnaires de groupes (demande d'ajout ou de retrait d'un autre agent ou de lui-même au groupe). Il permet d'autre part de sélectionner le comportement à exécuter via le biais d'une requête. Les requêtes déclenchant le changement de comportement peuvent être envoyées par l'agent lui-même, par un autre agent ou par le gestionnaire d'un groupe. Elles sont au centre des mécanismes de coordination entre agents.

Un agent possède deux états : activé ou désactivé. Lorsque l'agent est actif, le gestionnaire du système lui donne périodiquement la main. L'agent exécute son comportement courant pendant une période de temps donnée au delà de laquelle il doit rendre la main au gestionnaire. Pour cela, les actions des agents sont décomposées en une série de tâches élémentaires, dont on considère qu'elles correspondent chacune à une unité de temps du système.

6.1.3 Modèle générique de groupe

Un groupe permet de définir une communauté d'agents en interaction. Ce rassemblement d'agents n'est pas « statique » mais inclut un niveau de contrôle via un *gestionnaire de groupe*. Le mécanisme du gestionnaire de groupe est basé sur un mécanisme signal/action. Le gestionnaire de groupe est en effet averti lorsque les agents appartenant au groupe ont modifié leur état interne ou ont atteint une configuration particulière. Par exemple, à chaque fois qu'un agent du groupe est activé ou désactivé, une méthode spécifique du gestionnaire de groupe est appelée. Un groupe qui a une fonction particulière est implémenté comme une spécialisation du modèle générique de gestionnaire de groupe. Il définit les actions spécifiques à réaliser correspondants aux signaux reçus. Comme le gestionnaire d'agent, le gestionnaire de groupe est capable d'adresser des requêtes aux gestionnaires du système. Il peut également exécuter des requêtes relatives à la gestion du groupe, permettant par exemple l'ajout ou le retrait d'un agent au groupe l'activation/désactivation de l'ensemble des agents du groupe.

6.1.4 Descripteur générique d'évènements et interface utilisateur

Un *descripteur générique d'évènements* est défini de manière à décrire via des évènements le comportement du système en temps réel (voir Figure 6.2). Il peut être connecté ou non au gestionnaire du système via un pipeline. Ce descripteur générique peut être spécialisé lors de la réalisation d'une application utilisant la plate-forme multi-agents générique, permettant d'enrichir la description du processus distribué considéré. Il peut aussi être spécialisé de manière à définir une ou des interfaces

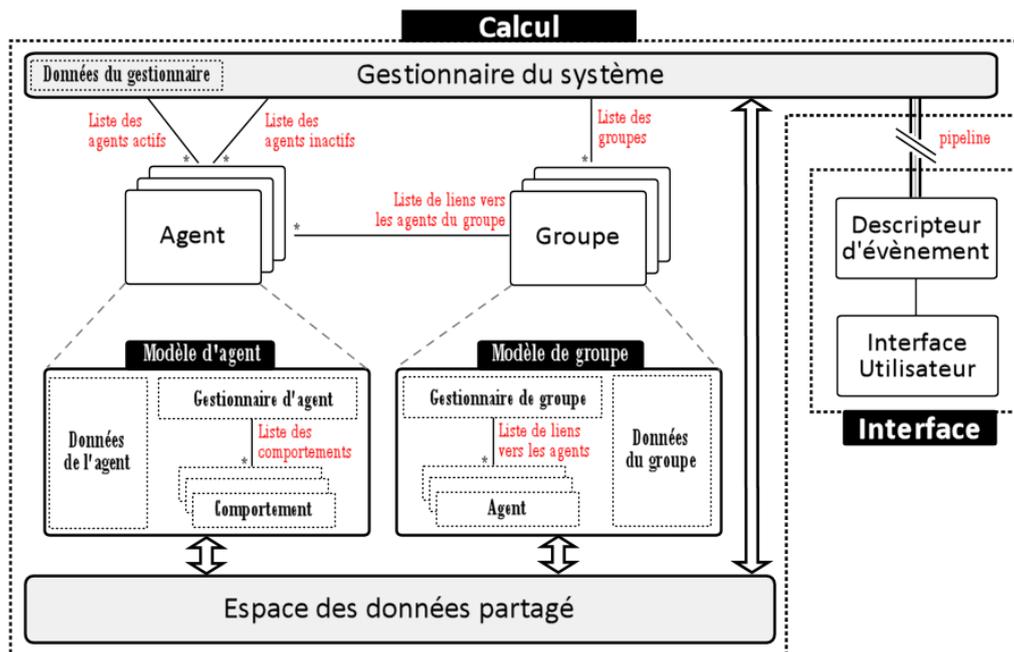


FIG. 6.3 – Schéma synthétique de l'implémentation de la plate-forme multi-agent générique. Interface et calcul sont dissociés. Le calcul distribué est réalisé à partir du gestionnaire du système, d'un espace partagé, d'un modèle de groupe et d'un modèle d'agent à base de comportements.

de sortie avec l'utilisateur. En particulier il permet l'implémentation d'une interface graphique temps réel décrivant le système.

Un avantage majeur de cette modélisation par pipeline est que l'application peut être exécutée en mode « silencieuse » ou en mode graphique par simple connexion du pipeline.

6.1.5 Implémentation

La Figure 6.3 synthétise le système multi-agents considéré. Il est implémenté de manière modulaire via des classes C++. Les modèles d'agent, de comportement et de groupe sont conçus comme des *classes génériques virtuelles*, qui doivent être spécialisées pour l'application considérée. Comme dans Richard (2004) le système multi-agents est exécuté dans un seul *processus* et un seul *thread* système. Cette implémentation permet de mieux contrôler les conditions d'exécution et de concevoir plus facilement une preuve de concept de nos approches sans considérer les multiples problèmes liés au parallélisme uniquement (accès simultané aux données, etc.)

6.2 Segmentation markovienne générique

Nous décrivons maintenant l'implémentation d'un module de segmentation markovienne générique. Comme présenté dans la Section 4.1.4 (page 59), l'estimation des paramètres d'un champ de Markov peut être réalisée via différents algorithmes : l'algorithme ICM, ainsi que les trois variantes de EM proposés par Celeux et al. (2003) : les algorithmes modal-field, mean-field et simulated-field. Le paramètre de corrélation spatiale peut être estimé ou considéré comme l'inverse d'une température décroissante. Le champ externe peut lui aussi être estimé ou permettre l'introduction d'information *a priori*.

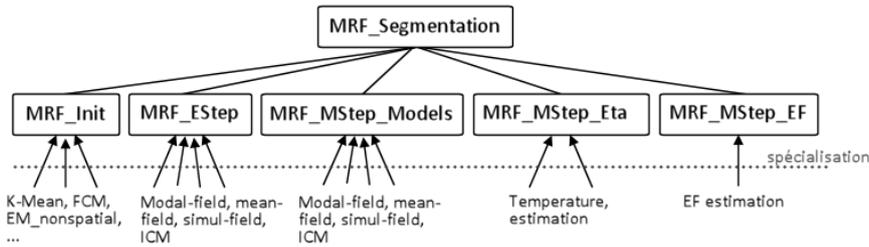


FIG. 6.4 – Conception modulaire pour l'estimation des champs de Markov.

En considérant que l'étape de segmentation dans ICM ressemble à une étape E (Expectation), et que l'étape d'estimation des paramètres ressemble à une étape M (Maximization), nous proposons une conception modulaire d'une librairie générique de segmentation markovienne (voir Figure 6.4). Elle permet de choisir facilement durant l'exécution (mode « *run-time* ») les algorithmes des différentes étapes par simple connexion entre modules. Un module principal *MRF_Segmentation* est instancié, qui décompose les étapes de l'estimation en sous-modules :

Module d'initialisation : il initialise une première estimation des modèles d'intensités. Des spécialisations de ce module permettent d'implémenter différents algorithmes : K-Mean, FCM, EM (non spatial), ...

Module E.Step : il met à jour le calcul de $Q(\Phi|\Phi^q)$. Les spécialisations de ce module sont mises en œuvre pour définir « l'étape E de ICM » (la segmentation) ou les étapes E de mean-field, modal-field et simulated-field.

Module M.Step.Models : il met à jour le calcul des paramètres Φ_y des modèles d'intensités des tissus et est aussi spécialisé pour l'algorithme ICM (mise à jour du paramètre Φ_y à partir de la segmentation) et ceux de type EM.

Module M.Step.Eta : il met à jour le calcul du paramètre η qui pondère l'influence de la corrélation spatiale. Des spécialisations de ce module permettent l'estimation de η par maximum de vraisemblance, ou de considérer η comme l'inverse d'une température qui décroît au fur et à mesure des itérations.

Module M.Step.EF : il met à jour le calcul de l'estimation du champ externe. Des spécialisations peuvent être implémentées pour estimer le champ externe selon [Celeux et al. \(2004\)](#), ou pour ne pas l'estimer mais introduire une connaissance *a priori* dans le modèle via champ externe.

Cette conception a été implémentée en C++ sous forme d'objets et permet la segmentation markovienne d'images 2-D ou 3-D. L'estimation peut se faire sur *le volume complet* ou sur *seulement un sous-volume* de celui-ci. La boucle EM classique est réalisée par l'exécution consécutive des différents modules (Figure 6.5). Le test de convergence est défini par un seuil sur la modification relative de la vraisemblance entre deux itérations. Ce seuil est paramétrable, ainsi que le nombre de classes ou le type de voisinage considéré pour la corrélation spatiale.

6.3 Implémentation de LOCUS

L'approche LOCUS (LOcal Cooperative Unified Segmentation) (Chapitre 4, page 53) a été implémentée dans le système multi-agent générique en spécialisant la notion d'agent générique en agent global (pour démarrer le système), agent markovien local tissu (AML-T) et agent markovien local structure (AML-S) comme présenté dans la modélisation.

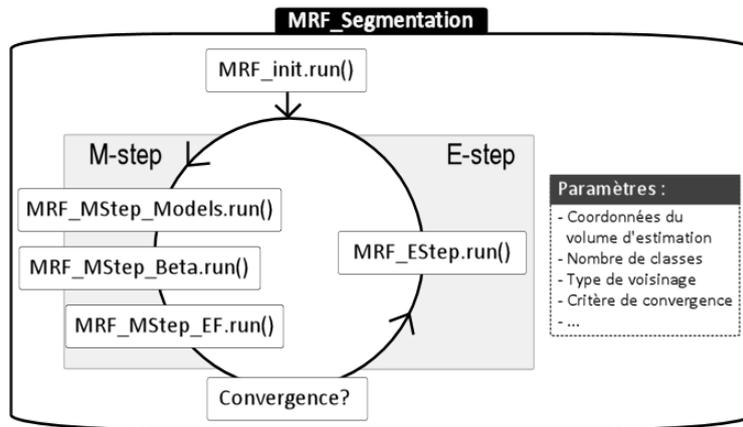


FIG. 6.5 – Implémentation du module générique de segmentation markovienne : les différents modules sont exécutés de manière consécutive.

Implémentation de l’agent global.

L’agent global initialise le système. Il est en particulier responsable de charger les données au démarrage du système : l’image IRM à segmenter, le masque du cerveau, le fichier de description des relations spatiales des structures, etc. Il possède deux comportements : un premier qui initialise la segmentation des tissus comme présenté dans Section 4.3.1.a (page 61), et un second qui initialise la segmentation des structures. Sa conception est modulaire : le partitionnement du volume et la définition du voisinage de chaque agent est à la charge d’un module que l’on peut spécialiser. Dans l’implémentation actuelle, seul un module de partitionnement cubique régulier est réalisé. La conception modulaire permettrait cependant d’intégrer facilement un nouveau type de partitionnement (sphérique, adaptatif, ...).

Comme décrit dans la Section 4.3.3.a (page 63) l’agent global se charge aussi d’estimer les paramètres d’un modèle global pour l’initialisation ciblée de l’algorithme. Ce modèle estimé n’a pas besoin d’être très précis et est estimé avec un EM non spatial dont le critère d’arrêt, défini par la modification relative de la log-vraisemblance, est rapidement atteinte. Elle est fixée à 10^{-2} .

Implémentation des agents locaux.

AML-T et AML-Sinstancient la librairie *MRF_Segmentation* pour estimer sur un sous-volume les paramètres de leur champ de Markov local. Pour les AML-T, la boucle EM est modifiée en boucle DILEM (Distributed Local EM) : on introduit dans l’étape M les étapes de *model checking*, *model correction* et *model interpolation*. La conception des AML-T est modulaire (voir Figure 6.7.a) : un module est chargé de la régularisation des modèles (*model checking* et *model correction* dans LOCUS), un autre de l’interpolation des modèles en chaque voxel. De cette manière, on peut facilement choisir et tester différentes alternatives pour ces étapes. En particulier l’interpolation est réalisée avec la méthode du krigeage (voir Annexe A.4, page 146) mais qui pourrait être remplacée par une autre méthode.

AML-T et AML-S sont implémentés avec chacun quatre comportements comme décrits dans les sections 4.3.1.b (page 61) et 4.4.1 (page 65). Le voisinage des voxels et celui des AML-T est défini comme un 26-voisinage 3-D (voir Figure 6.7.b). Les paramètres η^c des AML-T et η^l des AML-S, qui pondèrent l’influence du champ externe, ne sont pas estimés mais considérés comme l’inverse d’une température décroissante : $\eta^c = \eta^l = 1/T$. Expérimentalement, T décroissant de 10 à 5 donne de bons résultats pour un 26-voisinage. Les seuils relatifs à la distance de Kullback-Leibler entre gaussiennes dans la correction des modèles sont fixés à $\delta_{keep} = 0.3$ et $\delta_{replace} = 1.0$.

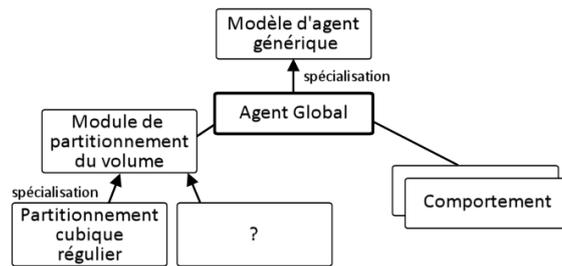


FIG. 6.6 – Conception modulaire de l’agent global : le partitionnement du volume est défini comme un module, qui peut être spécialisé pour proposer différents types de partitionnement du volume.

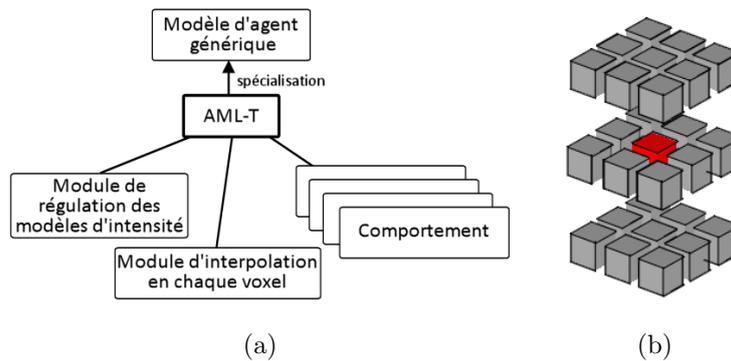


FIG. 6.7 – L’image (a) montre la conception modulaire d’un AML-T. L’image (b) illustre le 26-voisinage 3-D considéré pour définir le voisinage d’un voxel et des AML-T.

Espace partagé.

Les cartes de niveaux de gris, d’étiquettes et de probabilités sont situées dans l’espace partagé. Tous les agents du système partagent ces données mais ne les modifient seulement que sur leur territoire. Ce partage permet d’assurer :

- la rapidité des mécanismes de coopération
- l’accès en lecture aux voxels voisins de la frontière d’un territoire, permettant de garantir la cohérence de la corrélation spatiale des champs de Markov entre territoires.

Interface graphique.

Une interface graphique a été développée avec la librairie QT de manière à suivre le comportement des agents en temps réel (voir Figure 6.8). Cette interface est exécutée dans un *thread système* différent de celui du système multi-agents, permettant son utilisation sans ralentissement. Elle permet d’observer le comportement des agents ainsi qu’un grand nombre d’informations mises en jeu dans le calcul :

- l’histogramme local de chaque agent et le modèle local estimé
- les cartes de probabilité de chaque classe,
- le nombre d’itération de chaque agent,
- les paysages flous de chaque relation spatiale et la carte de localisation floue,
- un historique des segmentations des structures,
- etc.

L’interface graphique peut être connectée ou non au système multi-agent via le mécanisme de *descripteur d’évènement* (voir Section 6.1.4, page 91), permettant d’exécuter l’application de manière « silencieuse » ou de manière graphique. Le *descripteur générique d’évènement* est par ailleurs

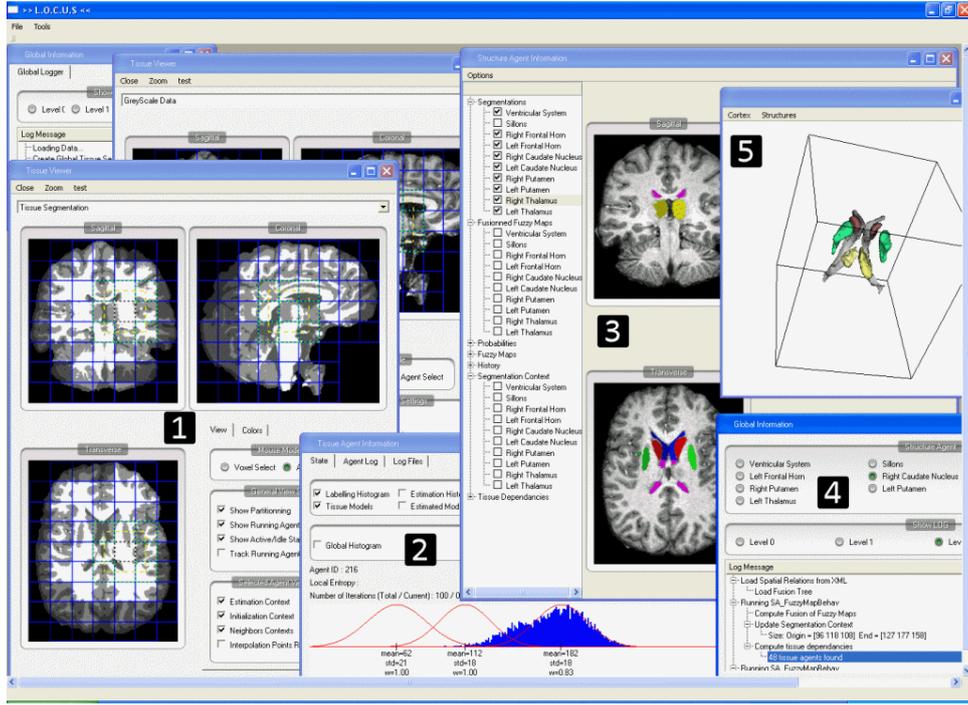


FIG. 6.8 – Interface graphique de la première approche

spécialisé afin de décrire un grand nombre d'évènements spécifiques à l'application : mise à jour d'un modèle d'intensité local, mise à jour d'une segmentation, mise à jour d'une carte floue, etc.

Récapitulatif des paramètres définis.

Nous indiquons dans cette section les valeurs des paramètres fixés pour toutes les évaluations :

- Taille des sous-volume tissus V_c^T : $20 \times 20 \times 20$ voxels
- Seuils relatifs à la distance de Kullback-Leibler pour la correction de modèles : $\delta_{keep} = 0.3$ et $\delta_{replace} = 0.9$.
- Influence de la régularisation spatiale markovienne : $\eta^c = \eta^l = 1/T$ avec T décroissant de 10 à 5.
- Critère d'arrêt dans l'algorithme d'estimation des paramètres des champs de Markov : seuil sur la modification relative de la vraisemblance entre deux itérations, fixé à 10^{-6} .
- Nombre d'agents réveillés à l'initialisation : 20% des agents qui ont le modèle d'intensité local le plus proche du modèle d'intensité global.
- Nombre maximal de relancement de l'estimation locale d'un agent : $MAX_{AgentRestart} = 5$.
- Seuil définissant la reconstruction de la carte d'une relation spatiale : seuil relatif à la modification relative entre deux structures. Fixé à 0 pour une relation décrivant deux structures adjacentes, 0.1 sinon.
- Seuil sur la carte de localisation floue pour définir la taille du territoire d'un agent structure : 0.2.
- Influence du champ externe des structures pour l'introduction de la connaissance anatomique : $\gamma_i = h(\mathcal{H}_i) = 0.75 + \mathcal{H}_i$ avec \mathcal{H}_i l'entropie de la distribution *a posteriori* des tissus.

6.4 Implémentation de LOCUS^B

L'approche LOCUS^B (Local Cooperative Unified Segmentation in a Bayesian framework) a été implémentée sur la base de LOCUS en intégrant le modèle statistique présenté dans le Chapitre 5.

Segmentation des tissus.

La régularisation des modèles définie dans la Section 5.4.2.a est simplement intégrée en proposant une nouvelle version du module de régularisation des modèles (voir Figure 6.7.a). Dans LOCUS^B, celui-ci corrige les modèles non plus par les étapes de *model checking* et de *model correction* mais par les équations (5.18) et (5.19) (page 83).

La précision (égale à l'inverse de la variance) de la distribution gaussienne *a priori* définie sur $p(\mu_c^k | \mu_{\mathcal{N}(c)}^k)$ est fixé à $N_c \lambda_g^k$ où λ_g^k est la variance estimée globalement sur l'image par l'algorithme EM global non spatial au démarrage du système. N_c est le nombre de voxels de V_c^T , permettant de prendre en compte l'effet de la taille du sous-volume sur les paramètres de précision.

Les paramètres de la distribution Gamma définie sur $p(\lambda_c^k)$ sont fixés à $\alpha_c^k = |\mathcal{N}(c)|$ (paramètre de forme) et $b_c^k = |\mathcal{N}(c)|/\lambda_g^k$ (paramètre d'échelle) où $|\mathcal{N}(c)|$ est le nombre de sous-volumes voisins de V_c^T .

Segmentation des structures.

Pour la segmentation des structures un nouveau type d'agent a été défini, chargé de segmenter une structure à partir de la connaissance d'un atlas statistique. Comme mentionné dans la section 5.6 (page 87), la segmentation des structures n'est pas réalisée par L processus locus à deux classes *structure* et *non structure* mais par une segmentation en $L + 1$ classes. Nous conservons cependant l'approche locale pour les structures. Les AML-S partagent donc les différentes cartes de probabilité des $L + 1$ classes pour tout le volume mais travaillent localement seulement sur leur territoire.

Pour l'atlas nous utilisons l'atlas statistique de structures sous-corticales de Harvard-Oxford disponible dans FSL. Nous segmentons dix-sept structures : le tronc cérébral, les ventricules latéraux gauche/droit, le putamen gauche/droit, le noyau caudé gauche/droit, le thalamus gauche/droit, le noyau accumbens gauche/droit, hypothalamus gauche/droit, amygdale gauche/droit et le palidum gauche/droit.

Nous calculons la transformation affine globale initiale \mathcal{R}_G basée sur les intensités via l'outil FLIRT (FMRIB's Linear Image Registration Tool) disponible dans FSL. Les transformations affines locales $(\mathcal{R}_1, \dots, \mathcal{R}_{L+1})$ sont ensuite estimées au sein de notre approche couplée par chaque agent.

Comme déjà mentionné notre modélisation permet l'introduction d'un *a priori* $H(\mathcal{R})$ sur le recalage de manière à autoriser seulement certaines amplitudes et orientations de déformations. Cependant, ne disposant pas de base d'apprentissage pour estimer cet *a priori*, nous avons considéré le cas $H(\mathcal{R}) = 0$.

Interface graphique.

L'interface graphique est fondée sur celle de la première approche, et complétée de manière à observer les connaissances issues de l'atlas. De nouveaux événements sont définis dans le descripteur d'évènement, en particulier pour la mise à jour du recalage local d'une structure.

7

Evaluation

Sommaire

| | | |
|------------|--|------------|
| 7.1 | Données utilisées | 99 |
| 7.1.1 | Evaluation quantitative | 100 |
| 7.1.2 | Evaluation qualitative sur images réelles | 102 |
| 7.2 | Algorithmes de segmentation considérés | 102 |
| 7.3 | Algorithmes d'estimation des champs de Markov | 103 |
| 7.4 | Evaluation de LOCUS | 103 |
| 7.4.1 | Evaluation de LOCUS-T | 103 |
| 7.4.2 | Comportements intéressants de l'approche locale | 107 |
| 7.4.3 | Evaluation de LOCUS-TS | 110 |
| 7.4.4 | Simulation d'image | 113 |
| 7.5 | Evaluation de LOCUS^B | 114 |
| 7.5.1 | Evaluation de LOCUS ^B -T | 114 |
| 7.5.2 | Evaluation quantitative de LOCUS ^B -TS et LOCUS ^B -TSR | 114 |
| 7.5.3 | Evaluation qualitative de LOCUS ^B -TS et LOCUS ^B -TSR sur images réelles | 118 |
| 7.5.4 | Evaluation sur une image pathologique | 121 |
| 7.6 | Conclusion | 123 |

7.1 Données utilisées

L'évaluation a été réalisée à la fois sur des images fantômes et des images réelles. Les images fantômes sont simulées et permettent de contrôler le niveau bruit et d'inhomogénéité. Ces images sont accompagnées d'une « vérité terrain » rendant possible une évaluation quantitative de l'approche et une évaluation de sa robustesse aux artéfacts de bruit et d'inhomogénéité. Si les images simulées permettent de quantifier en partie les performances, elles ne représentent pas exactement la réalité et les vérités terrain ne sont pas toujours satisfaisantes. L'évaluation doit aussi se baser sur la segmentation d'images réelles. Cette évaluation est plus délicate et souvent qualitative. Une évaluation quantitative nécessite en effet la construction manuelle fastidieuse de la vérité terrain sur ces images réelles. Nous présentons dans la suite les données utilisées pour le deux types d'évaluation : quantitatives et qualitatives.

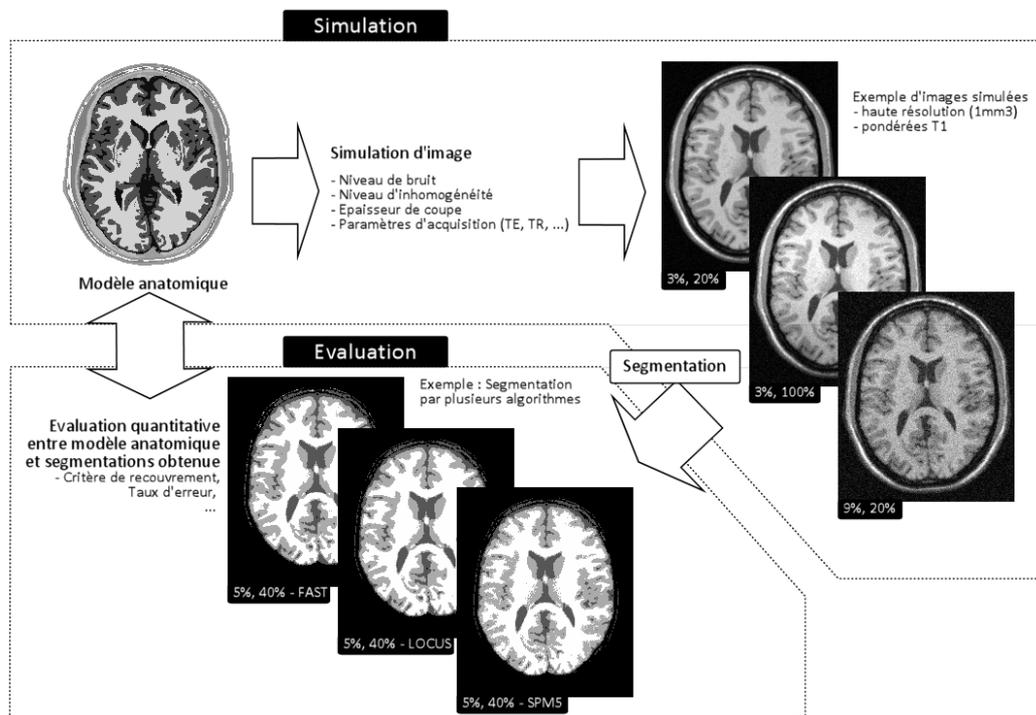


FIG. 7.1 – Simulateur d'image BrainWeb et évaluation

7.1.1 Evaluation quantitative

7.1.1.a Evaluation quantitative de la segmentation des tissus sur images simulées

La base de données du McConnell Brain Imaging Center¹ met à disposition un grand nombre d'images simulées accompagnées de leur « vérité terrain ». Elles sont simulées selon différentes pondérations (T1, T2, PD), différentes épaisseurs de coupes, différentes valeurs de bruit (0%, 3%, 5%, 7% et 9%)² et d'inhomogénéité (0%, 20%, 40%)³. Ces images sont générées à partir d'un modèle anatomique réaliste de cerveau et d'un simulateur (Collins et al., 1998) :

Construction du modèle anatomique (CJH27) : Le modèle anatomique est basé sur le recalage et la moyenne de 27 acquisitions $1mm^3$ d'un même sujet sain, permettant un bon rapport signal sur bruit. L'image moyenne (CJH27) est segmentée de manière semi-automatique en 7 classes (liquide céphalo-rachidien, matière grise, matière blanche, graisse, muscles, crâne, air, ...), permettant de constituer un ensemble de volumes contenant les degrés d'appartenance à chaque tissu.

Simulation d'une acquisition : Ce modèle anatomique est injecté dans un simulateur qui génère une intensité pour chaque voxel du volume à partir des premiers principes des équations de Bloch et al. (1946). Le simulateur prend en compte le volume partiel, et permet de choisir la pondération de l'image, la séquence d'acquisition, l'épaisseur de coupes, le niveau de bruit et le niveau d'inhomogénéité.

¹<http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb/>, accès valide en octobre 2008

²Le % de bruit correspond au quotient de la déviation standard du bruit sur celle du signal pour un tissu de référence (MB pour les images pondérées T1 et LCR pour les images pondérées T2 et PD). Le bruit est simulé selon une loi Ricienne dans les régions de signal et selon une loi de Rayleigh pour le fond.

³Les inhomogénéités sont générées à partir d'un champ non linéaire estimé sur des images réelles. 20% correspond à une dégradation multiplicative comprise entre 0.9 et 1.1, 40% entre 0.80 et 1.20, etc...

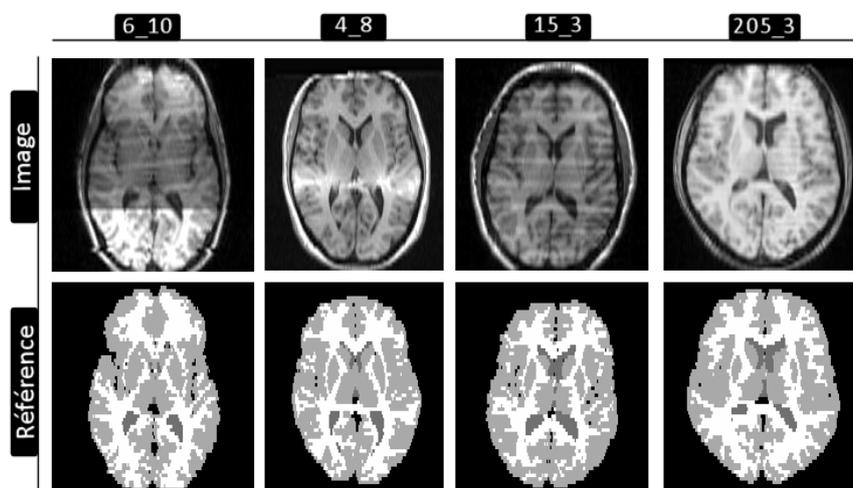


FIG. 7.2 – Base de données IBSR.

7.1.1.b Evaluation quantitative de la segmentation des structures sur images simulées

Pour la segmentation des structures, nous avons demandé à trois experts de segmenter trois structures sous-corticales sur le modèle anatomique de BrainWeb : le noyau caudé gauche, le putamen gauche et le thalamus gauche. Nous avons ensuite calculé une estimation statistique de la segmentation de référence via l’outil STAPLE, fournissant une vérité terrain avec laquelle comparer la segmentation des structures issue de nos deux approches.

7.1.1.c Evaluation quantitative sur images réelles

Deux bases de données d’images réelles sont disponibles sur IBSR (Internet Brain Segmentation Repository⁴). La première est composée de 20 acquisitions d’IRM cérébrales pondérées T1 fournies avec une segmentation de référence produite manuellement. Ces images sont de faible résolution (1x1x3mm) et sont perturbées par un grand nombre d’artéfacts d’acquisition (voir Figure 7.2). La seconde, plus récente, propose 18 IRM cérébrales de meilleure résolution (1x1x1.5mm) fournies avec une segmentation de référence de 43 structures et une segmentation de référence des tissus. On remarque que pour ces deux bases de données, la segmentation de référence du LCR est seulement fournie pour le système ventriculaire. L’interface MG-LCR des sillons est majoritairement étiquetée MG (ou ”fond”), rendant difficile l’évaluation.

7.1.1.d Mesure de similarité

La comparaison quantitative entre la segmentation S_1 issue d’un algorithme et la segmentation de référence S_2 peut être réalisée via une mesure de similarité. Plusieurs mesures ont été proposées. Parmi celles-ci le coefficient de Dice (Dice, 1945) est couramment utilisé (Shattuck et al., 2001; Van Leemput et al., 1999a; Ashburner et Friston, 2005; Cuadra et al., 2005). Il mesure le recouvrement spatial entre S_1 et S_2 par :

$$d(S_1, S_2) = \frac{2\text{card}(S_1 \cap S_2)}{\text{card}(S_1) + \text{card}(S_2)} \quad (7.1)$$

C’est en fait un cas particulier de la statistique *kappa*, communément utilisée en analyse de fiabilité. Numériquement, en notant VP_k le nombre de vrai positifs pour la classe k , FP_k le nombre de faux

⁴<http://www.cma.mgh.harvard.edu/ibsr/>, accès valide en octobre 2008

positifs et FN_k le nombre de faux négatifs, le coefficient de Dice d_k pour la classe k est donné par :

$$d_k = \frac{2VP_k}{2VP_k + FN_k + FP_k}.$$

d_k est à valeur dans $[0, 1]$ où 1 représente la correspondance parfaite. Une autre métrique classique (Marroquin et al., 2002) est le coefficient de Tanimoto, équivalent à la mesure de Jaccard, défini par :

$$\begin{aligned} J(S_1, S_2) &= \text{card}(S_1 \cap S_2) / \text{card}(S_1 \cup S_2) \\ J_k &= VP_k / (VP_k + FN_k + FP_k). \end{aligned}$$

Shattuck et al. (2001) montrent que le coefficient de Dice est lié au coefficient de Tanimoto par : $d(S_1, S_2) = 2J(S_1, S_2) / (J(S_1, S_2) + 1)$. Cette relation permet de comparer des évaluations réalisées avec l'un ou l'autre critère.

7.1.2 Evaluation qualitative sur images réelles

Nous avons aussi évalué de manière qualitative les algorithmes de segmentation sur des images réelles acquises à 3 Tesla à l'Institut des Neurosciences de Grenoble. La plupart de ces images, pondérées T1, ont été acquises avec les paramètres suivants :

- TR/TE/Flip : $12ms/4.6ms/8^\circ$,
- Temps de récupération : $2500ms$,
- Matrice d'acquisition $256 \times 256 \times 176$,
- Résolution isotropique des voxels, $1mm^3$

Nous avons aussi utilisé une image pondérée T1 acquise à 1.5Tesla avec une antenne de surface, et les paramètres :

- TR/TE/Flip= $24ms/6ms/30^\circ$,
- Matrice d'acquisition : $192 \times 192mm^2$,
- Résolution des voxels : $0.75 \times 0.75 \times 1mm$.

7.2 Algorithmes de segmentation considérés

Nous confrontons dans différentes évaluations la segmentation obtenue par LOCUS et LOCUS^B avec celle obtenue par deux outils très largement utilisés dans le domaine : FAST distribué dans FSL et SPM5.

FAST (Zhang et al., 2001) adopte une modélisation markovienne globale de la segmentation.

Pour la robustesse aux inhomogénéités, un modèle de biais est estimé avec la même idée que Wells et al. (1996) (voir Section 3.2.5.b, page 40). L'algorithme alterne estimation du biais et estimation du modèle de segmentation dans un algorithme de type EM. L'estimation du champ de Markov est réalisée de manière équivalente à l'algorithme modal-field de Celeux et al. (2003).

SPM5 (Ashburner et Friston, 2005) se base sur une approche couplant recalage global non linéaire d'un atlas de tissus, segmentation des tissus par mélange de gaussiennes et estimation du biais. Pour la prise en compte du bruit il intègre un *a priori* spatial via un atlas statistique recalé (voir Section 3.2.3.a, page 36). Pour les inhomogénéités il intègre le champ de biais au sein même de la modélisation gaussienne (voir Section 3.2.5.b, page 40).

On remarque que les approches proposées dans cette thèse (ainsi que FAST) nécessitent une étape d'extraction de cerveau (voir Section 3.1.4, page 31) avant la phase de segmentation. SPM5 lui extrait le cerveau de manière automatique en se basant sur son propre recalage d'atlas.

Certaines évaluations ont été réalisées en utilisant BET (Smith, 2002) pour l'étape d'extraction de cerveau. Lors des confrontations entre algorithmes, nous avons procédé différemment : dans un premier temps chaque image est segmentée avec SPM5. Les cartes de segmentation obtenues sont ensuite utilisées comme des masques pour extraire les cerveaux sur les différentes images. Nos algorithmes et FAST sont finalement évalués sur ces données. De cette manière, la comparaison quantitative des algorithmes est réalisée sur les mêmes voxels et n'est pas perturbée par des erreurs d'extraction de cerveau.

Pour la segmentation des structures nous avons comparé nos approches avec celle de Fischl et al. (2002) disponible dans FreeSurfer.

Les sections suivantes reportent l'évaluation de nos algorithmes. Nous organisons la présentation de l'évaluation selon des sous-sections thématiques, discutant les résultats à la fin de chaque sous-section.

7.3 Algorithmes d'estimation des champs de Markov

Nous avons d'abord évalué l'apport des différents algorithmes d'estimation des champs de Markov : ICM (Besag, 1986) et les trois algorithmes basé EM proposés par Celeux et al. (2003) : les algorithmes modal-field, mean-field et simulated-field.

Dans un premier temps, nous avons confronté ces algorithmes via la segmentation globale d'une image simulée 2-D à faible contraste et fortement bruitée (voir Figure 7.3). En accord avec Celeux et al. (2003), les algorithmes mean-field et simulated-field fournissent une meilleure segmentation que ICM ou modal-field. Nous avons ensuite comparé quantitativement ces algorithmes sur les images simulées BrainWeb (3-D). Pour éviter d'introduire des erreurs dues au comportement de l'approche locale, la comparaison a été réalisée en segmentant globalement des images simulées avec 0% d'inhomogénéité d'intensité. La Figure 7.4 montre le coefficient de Dice obtenu pour les différents tissus (LCR, MG, MB) et pour différentes valeurs de bruit (3%, 5%, 7%, 9%). Pour ce type d'image, il semble que les quatre algorithmes soient globalement équivalents.

Commentaires et discussion.

La légère baisse du critère de Dice observée pour la MB et la MG avec les algorithmes mean-field et simulated-field est expliquée par le fait que le paramètre d'interaction spatiale η n'est pas estimé mais atteint la même valeur maximale dans toutes ces expériences. Cependant, une valeur plus grande de η est généralement requise pour ces deux algorithmes. Avec un η plus grand, on observe des résultats très similaires à ICM et modal-field. Le même comportement des quatre algorithmes a été observé avec l'approche locale LOCUS-T sur les images avec 20% et 40% d'inhomogénéité.

Du point de vue du temps de calcul, les algorithmes mean-field et simulated-field sont plus coûteux alors qu'ICM et modal-field sont équivalents. Ces évaluations nous ont conduit à utiliser l'algorithme de type EM modal-field pour notre approche de segmentation locale.

7.4 Evaluation de LOCUS

7.4.1 Evaluation de LOCUS-T

La Figure 7.5 montre l'évaluation de la segmentation des tissus réalisée sur huit images fantômes BrainWeb pour différents niveaux de bruit (3%, 5%, 7% and 9%) et d'inhomogénéité (20%, 40%). Ces images, pondérées T1, sont de haute résolution (1x1x1mm³). La valeur moyenne du coefficient de Dice sur toutes les expériences et tous les tissus est de 86.4% pour SPM5, 88.4% pour FAST et

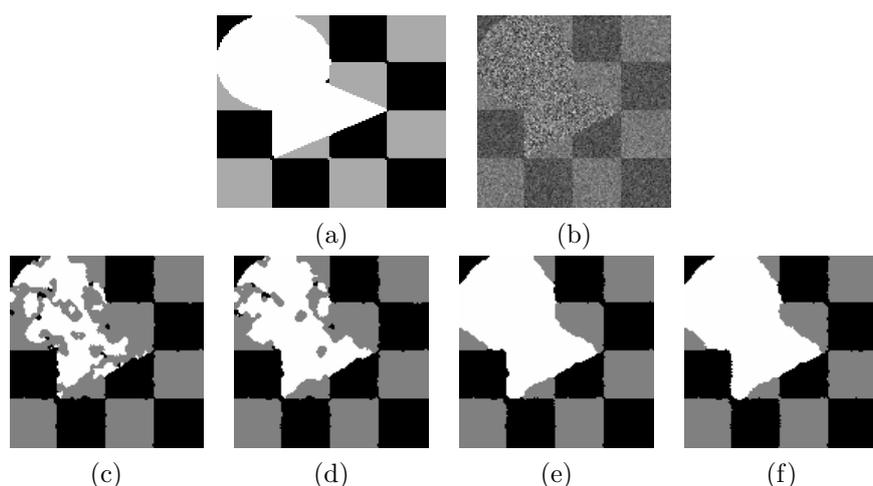


FIG. 7.3 – Evaluation des algorithmes d’estimation des champs de Markov sur une image 2-D (image a) dégradée avec un fort niveau de bruit (image b). Segmentation obtenue à partir de ICM (image c), modal-field (image d), mean-field (image e) et simulated-field (image f).

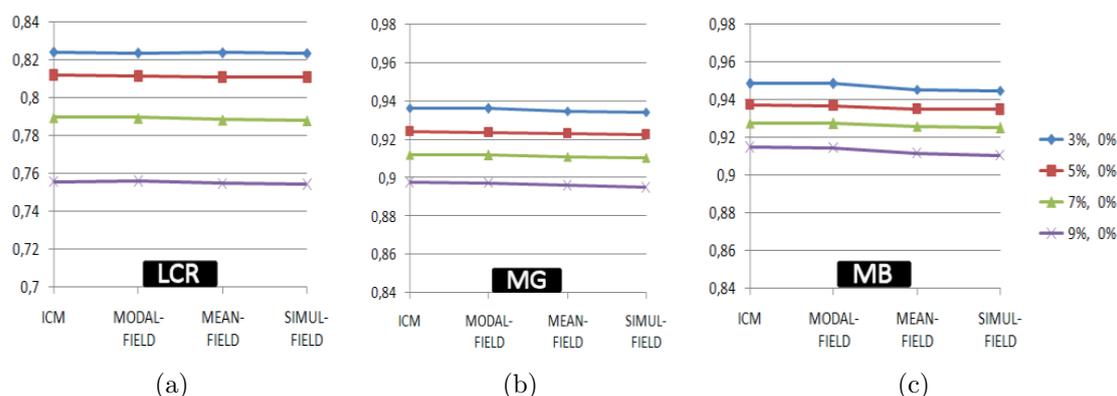


FIG. 7.4 – Evaluation des algorithmes d’estimation des champs de Markov sur quatre images Brain-Web, via la segmentation globale d’images simulées avec 0% d’inhomogénéité d’intensité et pour différentes valeurs de bruit. Les trois graphiques montrent le critère de Dice pour la segmentation du LCR (image a), de la MG (image b) et de la MB (image c).

88.5% pour LOCUS-T. Le temps moyen de calcul est de 4min pour LOCUS-T, 8min pour FAST et plus de 10min pour SPM5.

Nous avons ensuite évalué les performances sur la première base de données d’IBSR composée de vingt images (voir Figure 7.6a). Nous avons pu comparer les résultats à d’autres résultats publiés⁵ en transformant les coefficients de Jaccard disponibles en coefficients de Dice (voir Section 7.1.1.d, page 101). On observe que sur ces images basse résolution et très fortement perturbées par des artefacts, LOCUS-T et FAST sont pénalisés par rapport à SPM5. La modélisation markovienne dans ces deux approches semble sur-régulariser l’étiquetage avec des images basse résolution. SPM5 fournit de meilleurs résultats.

Sur la seconde base de données d’IBSR (images 1x1x1.5mm) SPM5 est légèrement supérieur pour le LCR et la MG (voir Figure 7.6(b)) mais moins performant pour la MB.

La Figure 7.7 montre le résultat de la segmentation des tissus sur une image réelle haute résolution

⁵Disponibles sur http://www.cma.mgh.harvard.edu/ibsr/result_jcr_0997.html

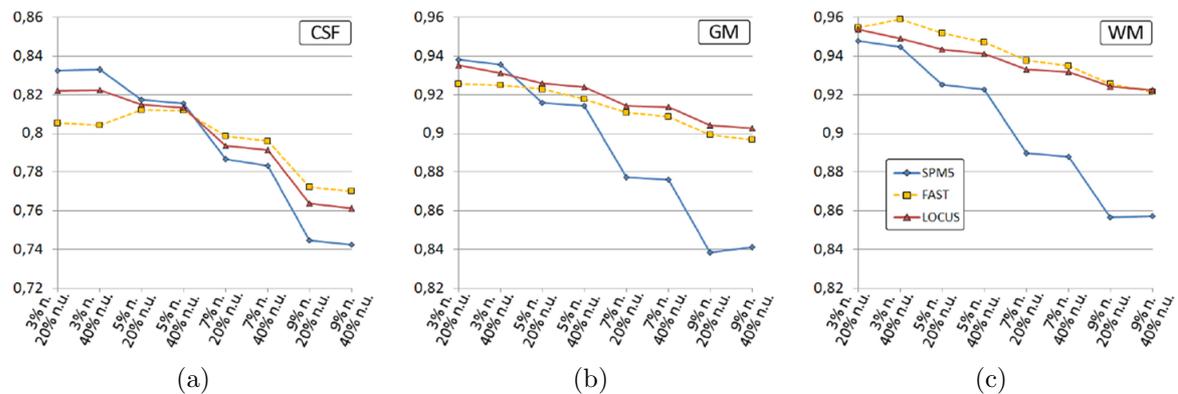


FIG. 7.5 – Evaluation de LOCUS-T et comparaison à SPM5 et FAST sur huit fantômes BrainWeb, pour différentes valeurs de bruit et d’inhomogénéité (par exemple « 3% n., 20% n.u. » signifie « Fantôme avec 3% de bruit et 20% d’inhomogénéité »).

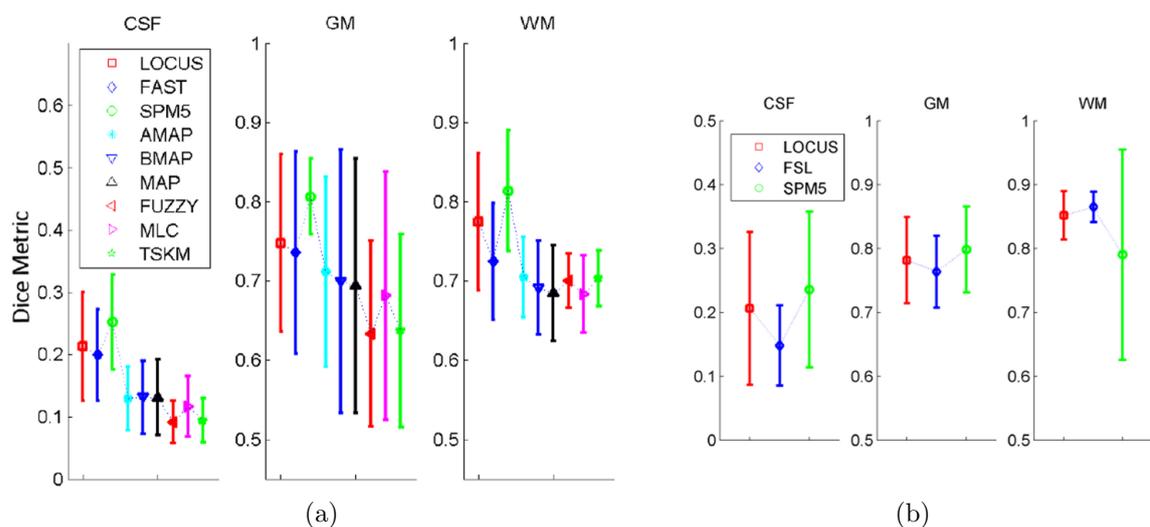


FIG. 7.6 – Evaluation de LOCUS-T sur les deux bases de données IBSR. L’image (a) montre le coefficient de Dice moyen et sa variance sur les 20 images de IBSR v1.0 pour chaque classe de tissus et pour LOCUS-T, FAST, SPM5 et d’autres résultats publiés (Maximum A posteriori Probability, Adaptive-MAP, Biased-MAP, Fuzzy C-Means, Maximum Likelihood, Tree-Structure K-Mean). L’image (b) montre l’évaluation sur les 18 images 1x1x1.5mm de IBSR v2.0.

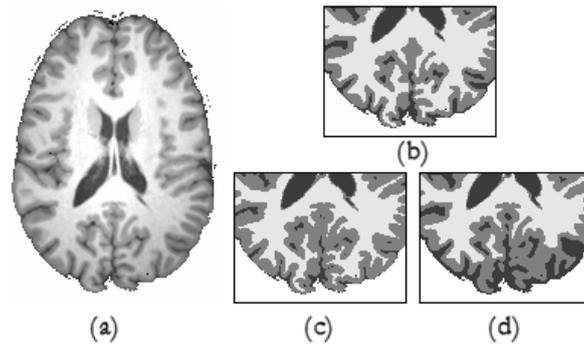


FIG. 7.7 – Evaluation qualitative de la robustesse aux inhomogénéités d’intensité sur une image 3T réelle (a). L’image (b) est la segmentation obtenue par LOCUS-T, (c) par SPM5 et (d) par FAST.

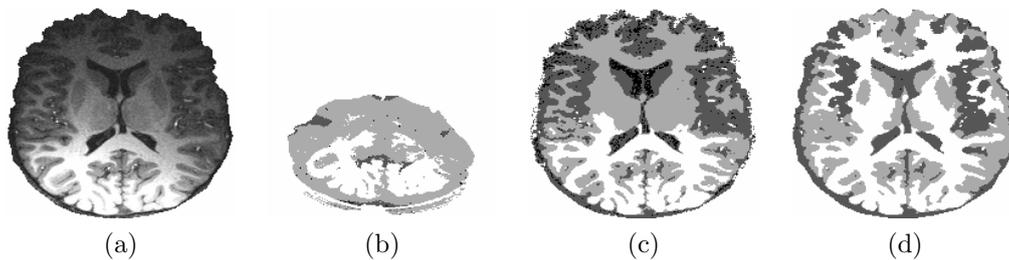


FIG. 7.8 – Evaluation sur une acquisition réalisée avec une antenne de surface (image a), produisant une forte inhomogénéité des intensités dans l’image. Comparaison de la segmentation obtenue par SPM5 (image b), FAST (image c) et LOCUS-T (image d).

acquise à 3 Tesla. LOCUS-T et SPM5 s’avèrent plus robuste aux inhomogénéités d’intensité que FAST.

La Figure 7.8 montre une évaluation qualitative sur une image avec très forte inhomogénéité d’intensité. Cette image 1.5T a été acquise avec une antenne de surface placée sur une partie occipitale de la tête. Elle fournit une très haute sensibilité dans une région limitée (ici le lobe occipital). Une telle acquisition est précieuse pour les études en IRMf mais entraîne une forte inhomogénéité. SPM5, qui utilise un atlas *a priori*, échoue dans la segmentation. Ce résultat est probablement dû à la difficulté de faire correspondre l’atlas avec une image de ce type. FAST ne parvient pas à estimer un champ de biais correct. Notre approche locale, bien que le résultat ne soit pas parfait, apparaît plus robuste aux très fortes inhomogénéités d’intensité.

La Figure 7.9 montre une évaluation de la robustesse de LOCUS-T à la taille des sous-volumes cubiques réguliers. Nous avons utilisé pour cette évaluation l’image BrainWeb avec 5% de bruit et 40% d’inhomogénéité d’intensité, inhomogénéité qui peut être admise comme maximale avec la majorité des imageurs récents. Nous avons segmenté ces images avec différentes tailles pour les sous-volumes (de 8x8x8 à 60x60x60) et reportons le coefficient de Dice pour chacune de ces expérimentations.

Commentaires et discussion.

Les résultats de LOCUS-T s’avèrent similaires aux autres approches (SPM5, FAST) sur des images de haute résolution, avec des temps de calculs plus faibles. Le gain du temps de calcul est lié à la localité : les territoires faciles à segmenter permettent aux agents de converger plus rapidement, permettant au système de se focaliser sur les autres régions. Ils représentent environ un quart (voire

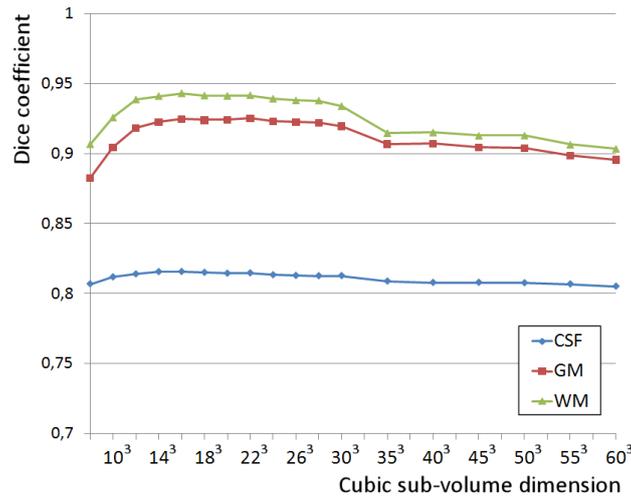


FIG. 7.9 – Evaluation de la robustesse de LOCUS-T au paramètre de taille des sous-volumes sur l'image BrainWeb avec 5% de bruit et 40% d'inhomogénéité : coefficient de Dice pour les trois tissus et pour chaque taille de sous-volumes.

un tiers) des territoires.

Sur les images à faible contraste et à base résolution (base de données IBSR), LOCUS-T et FAST sont moins performants, probablement du fait de la sur-régularisation des champs de Markov avec de telles images. De plus, l'*a priori* de l'atlas introduit par SPM5 lui permet sans doute d'améliorer ses résultats.

L'évaluation sur une image à très forte inhomogénéité d'intensité (Figure 7.8) pointe cependant les limites d'introduire un *a priori* trop rigide dans le modèle de segmentation. Elle montre :

- les limites du recalage d'atlas dans une telle situation, qui est difficile à réaliser.
- les limites du modèle de biais sous-jacent dans FAST

LOCUS-T introduit seulement l'hypothèse que les intensités varient de manière lente dans le volume. Il s'avère plus robuste aux très fortes inhomogénéités d'intensités. On remarque aussi que le paramètre de la dimension des sous-volumes n'est pas trop sensible : avec une image qui a une inhomogénéité que l'on peut considérer maximale avec les imageurs récents (image 40% d'inhomogénéité de BrainWeb), une taille de cube entre 16x16x16 et 30x30x30 paraît satisfaisante. Avec une taille inférieure à 16x16x16, les différentes classes de tissus ne sont pas assez représentées et les mécanismes de coopération pas suffisants pour corriger les modèles locaux. Avec une taille supérieure à 30x30x30, les modèles d'intensités locaux sont trop perturbés par les inhomogénéités.

7.4.2 Comportements intéressants de l'approche locale

La Figure 7.10.a montre le nombre d'itérations de DILEM accomplies par différents agents. Certains agents en périphérie nécessitent moins de dix itérations pour arriver à convergence ; d'autres plus d'une centaine. La figure illustre aussi l'activité de quatre agents immergés dans le système :

L'agent 1 (voir Figure 7.10.c1) n'a pas besoin de corriger son modèle local car toutes les classes sont suffisamment représentées dans son territoire. La segmentation se base alors seulement sur l'estimation locale du modèle d'intensité.

L'agent 2 (voir Figure 7.10.c2) ne contient que très peu de voxels dans son territoire et ne possède donc qu'une faible connaissance. Après son initialisation il attend d'être réveillé par ses agents voisins. Une seule étape de correction de modèle et quelques itérations de DILEM

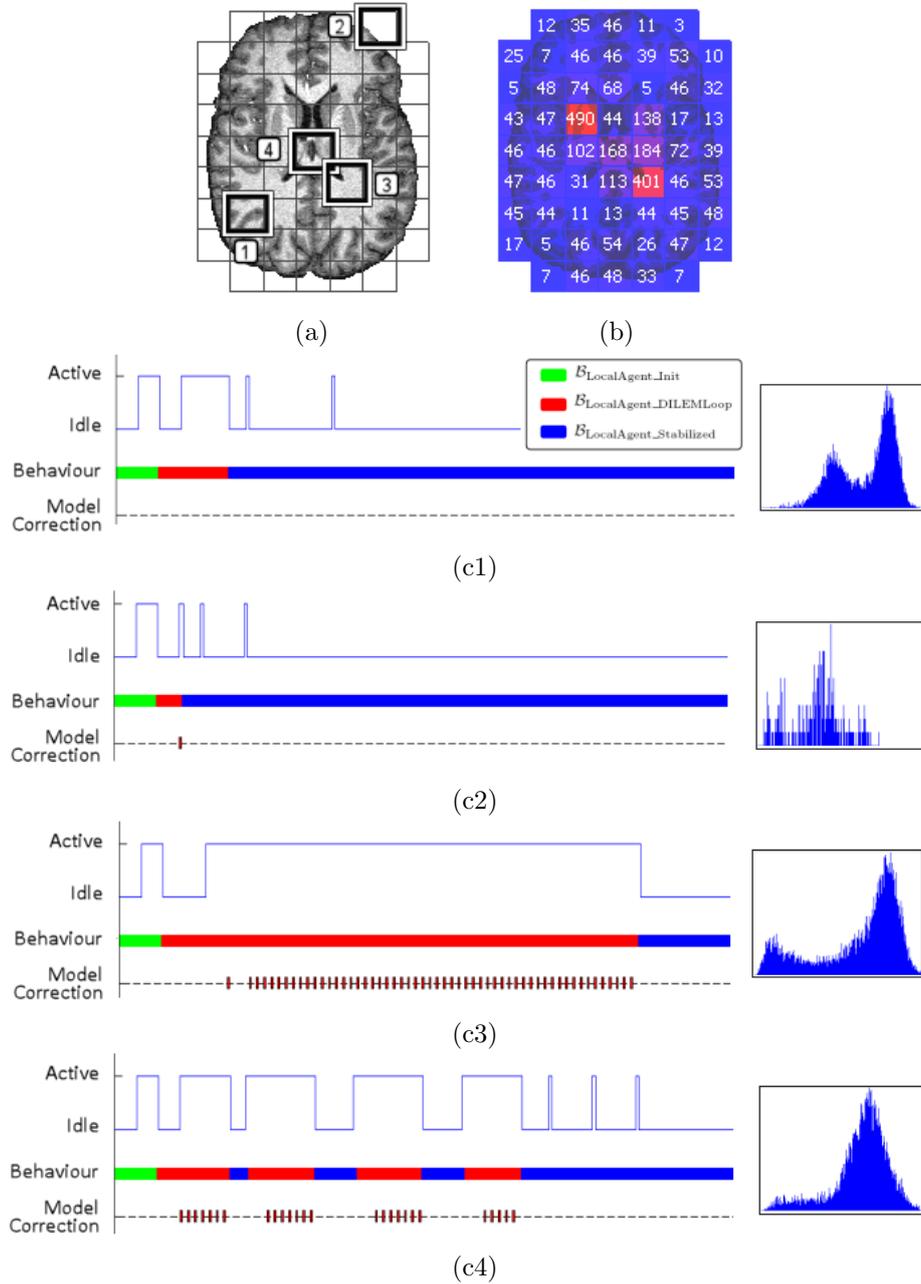


FIG. 7.10 – L'image (b) montre le nombre d'itérations de DILEM pour différents agents. Les images (c1)...(c4) montrent un chronogramme d'exécution pour les agents (1)...(4) pointés sur l'image (a), ainsi que l'histogramme local calculé sur chaque territoire correspondant.

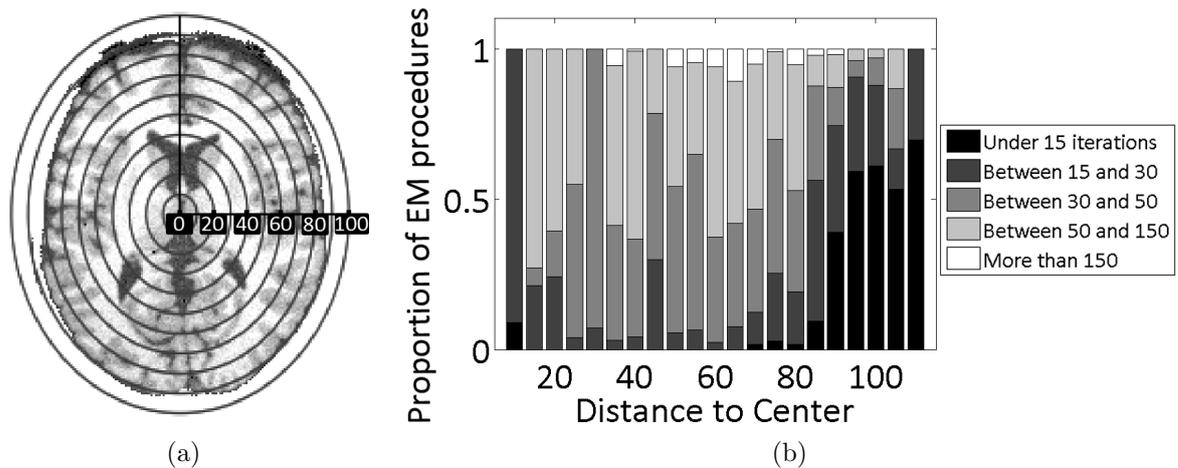


FIG. 7.11 – L'image (a) montre pour différentes positions dans le volume la proportion d'agents qui nécessitent un nombre plus ou moins élevé d'itérations, calculé à partir d'une moyenne sur huit segmentations d'images BrainWeb. La position est définie par la distance elliptique entre le centre du cerveau et le centre des territoires des agents.

sont nécessaires pour segmenter son territoire. Il est vraisemblable que le modèle local soit complètement remplacé par le modèle voisin durant la correction de modèle. Ce modèle est alors cohérent avec les quelques voxels du territoire, et l'algorithme DILEM converge rapidement. Lorsqu'il est stabilisé (comportement $\mathcal{B}_{AML-T_Stabilized}$), ses agents voisins le réveillent deux fois pour qu'il vérifie à nouveau la cohérence de son modèle. Il ne relance cependant pas l'estimation.

L'agent 3 (voir Figure 7.10.c3) nécessite à la fois un grand nombre d'itérations et des corrections de modèle pour converger. Le modèle local et le modèle moyen dans le voisinage apparaissent être en compétition pour obtenir un compromis et la stabilisation de l'estimation.

L'agent 4 (voir Figure 7.10.c4) fait lui aussi appel à des corrections de modèle. Cependant, contrairement à l'agent 3, une première stabilisation de l'estimation est obtenue assez rapidement. La vérification de modèle relance ensuite l'estimation trois fois, prenant en compte les modifications dans son voisinage.

Sur la Figure 7.11(b) nous avons calculé pour différentes positions dans le volume la proportion d'agents qui nécessitent un grand ou un petit nombre d'itérations pour arriver à convergence. Ce graphique synthétise les proportions moyennes obtenues à partir de huit segmentations de fantômes BrainWeb, pour différentes valeurs de bruit (3%, 5%, 7% et 9%) et d'inhomogénéité (20% et 40%). On remarque que les agents qui nécessitent un petit nombre d'itérations sont principalement localisés dans les régions périphériques du cerveau. Les agents qui nécessitent un grand nombre d'itérations sont eux localisés principalement entre 40mm et 80mm.

Commentaires et discussion.

La modélisation locale de la segmentation engendre des comportements opportunistes des agents. A cause des dépendances et interactions complexes mises en jeu, il est difficile de définir un comportement général des agents du système. Cependant, comme montré sur la figure 7.11, les agents situés dans une région périphérique du cerveau n'ont en général besoin que d'un faible nombre d'itérations pour arriver à convergence. Leur territoire a en fait de grandes chances de contenir moins de voxels et des classes sous-représentées. Ces agents ne sont généralement pas exécutés dès le démarrage mais réveillés par leurs agents voisins. L'étape de correction de modèle remplace

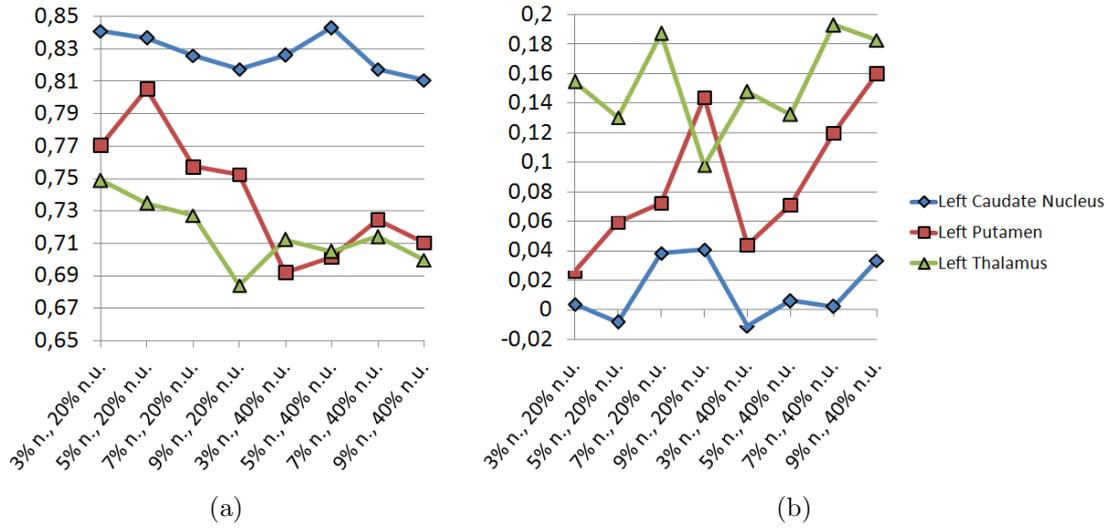


FIG. 7.12 – L'image (a) montre l'évaluation réalisée sur huit images BrainWeb avec différents niveaux de bruit et d'inhomogénéité. L'image (b) montre l'amélioration relative du coefficient de Dice entre la première et la dernière convergence de chaque structure.

alors généralement le modèle local par le modèle moyen dans le voisinage. La vraisemblance de ce modèle a des chances d'être élevée avec le faible nombre de voxels, et l'algorithme local converge rapidement.

A l'opposé les agents qui nécessitent un grand nombre d'itérations sont principalement localisés entre 40mm et 80mm. Cette caractéristique est sans doute liée à la difficulté à segmenter la matière grise du cortex dans cette région à faible contraste qui contient un grand nombre de voxels de volume partiel.

On remarque aussi que les territoires dans lequel les trois tissus sont bien représentés ont généralement recours à plus d'itérations pour calculer une estimation des modèles d'intensités correspondant et atteindre la convergence.

Ces expériences montrent de quelle manière une approche locale implémentée dans un système distribué s'adapte localement à la complexité de l'image. Le contrôle décentralisé de l'exécution des agents et les mécanismes de coordination ordonnancent de manière asynchrone les estimations locales. A partir de la définition de quelques règles (exécution au démarrage des agents qui ont une connaissance fiable), les agents mettent en place une stratégie opportuniste. Certains d'entre eux ont besoin localement d'un petit nombre d'itérations pour arriver à convergence, permettant aux autres agents de profiter de la puissance de calcul libérée.

7.4.3 Evaluation de LOCUS-TS

La Figure 7.12(a) montre l'évaluation quantitative de la segmentation des structures sur huit images BrainWeb pour différentes valeurs de bruit et d'inhomogénéité. Cette évaluation a été réalisée en calculant le coefficient de Dice entre la segmentation des structures issue de LOCUS-TS et la segmentation de référence de trois structures calculée à partir de STAPLE (voir Section 7.1.1.b, page 101). La valeur moyenne du coefficient de Dice sur toutes ces évaluations est de 82.7% pour le noyau caudé, 73.9% pour le putamen et 71.6% pour le thalamus.

Nous avons comparé notre approche de segmentation des structures à Freesurfer (Fischl et al., 2002) sur l'image BrainWeb simulée avec 5% de bruit et 40% d'inhomogénéité. Le coefficient de

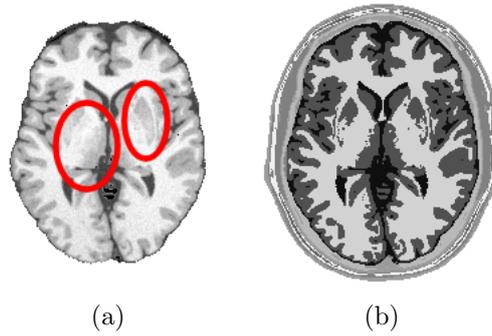


FIG. 7.13 – La matière grise de certaines structures est sous-segmentée sur la référence de BrainWeb

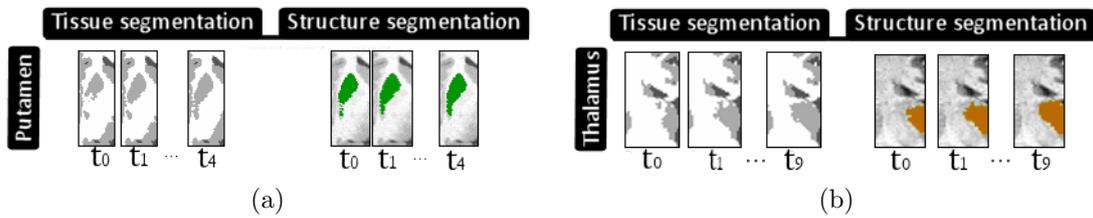


FIG. 7.14 – L'image (a) montre les segmentations tissus et structures au niveau du putamen entre la première segmentation (temps t_1) et la dernière (temps t_4). L'image (b) montre ce même résultat qualitatif pour le thalamus.

Dice était respectivement 88%, 86% et 90% pour le noyau caudé, le putamen et le thalamus (plus de vingt heures de calculs pour 37 structures). LOCUS-TS lui obtient respectivement 84%, 70% and 71% (environ quinze minutes de calcul).

L'apport de la coopération entre segmentation des tissus et segmentation des structures n'a pu être évaluée quantitativement sur BrainWeb. En effet, sur la segmentation de référence des tissus, la matière grise au niveau du putamen et du thalamus est sous-segmentée (voir Figure 7.13). Nous avons donc plutôt comparé l'amélioration relative du coefficient de Dice entre la première et la dernière convergence pour chaque structure (voir Figure 7.12(b)). En désignant par $d_s^{(0)}$ la valeur du coefficient de Dice à la première convergence, et $d_s^{(f)}$ la valeur à la dernière convergence, cette amélioration relative a été calculée par

$$\frac{|d_s^{(0)} - d_s^{(f)}|}{d_s^{(0)}}. \quad (7.2)$$

Cette mesure donne une indication sur l'apport du couplage entre segmentation des tissus et segmentation des structures. On observe seulement un faible impact pour le noyau caudé (+1% en moyenne) mais plus évident pour le thalamus (+15% en moyenne) et pour le putamen (+9% en moyenne). La Figure 7.12(b) met aussi en évidence que l'apport est plus important avec des images bruitées.

Sur la Figure 7.14 on peut observer de manière qualitative l'amélioration mutuelle des segmentations tissus et structures au niveau du putamen et du thalamus.

Enfin, la Figure 7.15 montre une évaluation générale qualitative de LOCUS-TS sur trois IRM cérébrales réelles 3T acquises à Grenoble. Elle montre en particulier l'amélioration obtenue par LOCUS-TS comparée à LOCUS-T, montrant une nette amélioration de la segmentation des tissus au niveau du putamen et du thalamus.

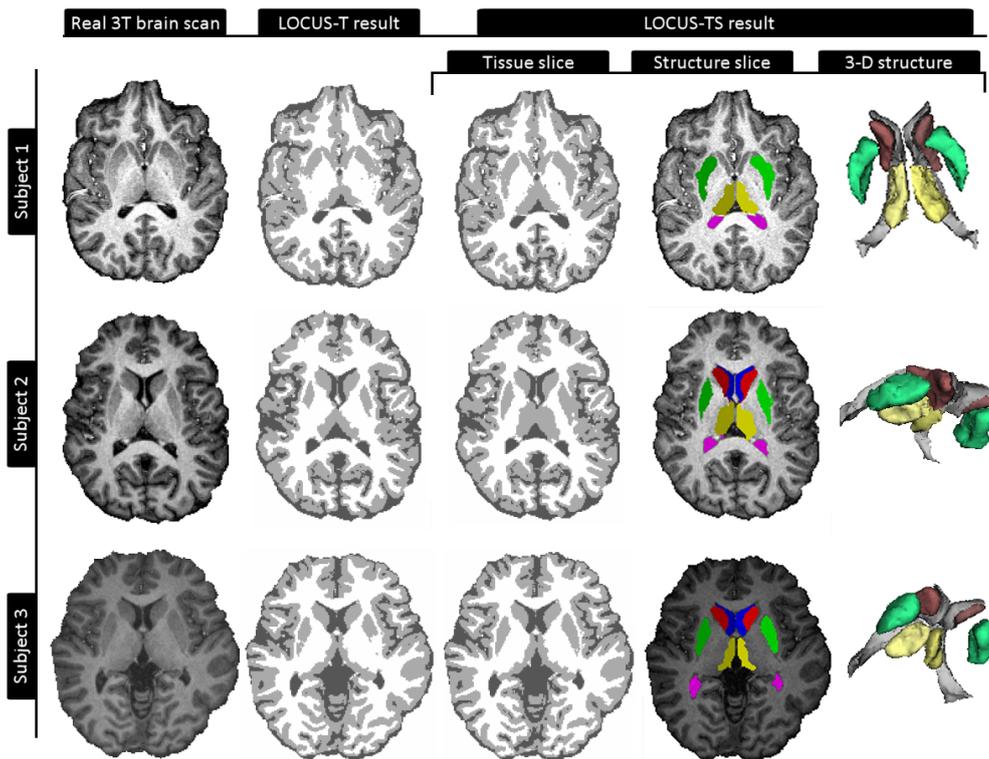


FIG. 7.15 – Evaluation qualitative de la segmentation coopérative des tissus et des structures (LOCUS-TS) sur trois images réelles montrées en première colonne. La deuxième colonne correspond à la segmentation des tissus obtenue par LOCUS-T, et la troisième la segmentation des tissus obtenue par LOCUS-TS. La quatrième et la cinquième colonne montrent respectivement la segmentation des structures obtenues et une reconstruction 3-D de celle-ci.

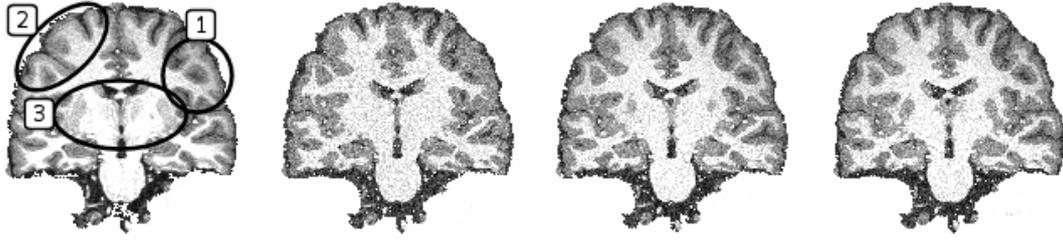


FIG. 7.16 – Simulation d’images à partir des paramètres du modèle de segmentation, en considérant un modèle de segmentation de plus en plus complet. L’image (a) est l’image originale, (b) une simulation à partir des paramètres d’un champ de Markov global, (c) une simulation à partir des paramètres de LOCUS-T et (d) une simulation à partir des paramètres de LOCUS-TS. Les marques 1, 2, 3 pointent des régions dont la simulation est améliorée en considérant un modèle de segmentation plus complexe.

Commentaires et discussion. La segmentation du noyau caudé s’avère plus robuste au bruit et aux inhomogénéités d’intensité que le putamen et le thalamus. Ce résultat s’explique par le fait que le noyau caudé présente un meilleur contraste gris-blanc que les deux autres structures. On observe cependant que la coopération entre segmentation des tissus et segmentation des structures permet d’améliorer mutuellement ces segmentations au niveau du putamen et du thalamus. Pour le putamen, cette amélioration est d’autant plus grande que le niveau de bruit est important (voir Figure 7.12(b)) et semble donc cohérente. Pour le thalamus l’amélioration est moins cohérente, pointant possiblement une sensibilité de l’approche.

7.4.4 Simulation d’image

L’idée est de considérer les différents modèles de segmentation et de simuler l’intensité de chaque voxel à partir des paramètres de ces modèles. En désignant par \bar{y}_i l’intensité simulée pour le voxel i , et par $\bar{G}_{\mu,\sigma}$ la simulation d’une donnée selon une loi gaussienne de moyenne μ et de variance σ^2 , la simulation est réalisée par :

$$\bar{y}_i = \sum_{k=1..K} p(t_i = e_k | y_i, \Phi) \bar{G}_{\mu_{i,k}, \sigma_{i,k}} \quad (7.3)$$

La Figure 7.16 montre le résultat de la simulation à partir de trois modèles de segmentation.

Commentaires et discussion. La première simulation est générée à partir des paramètres d’un champ de Markov global. Dans les régions annotées (1, 2, 3) la simulation n’est pas pertinente puisque le modèle global n’intègre pas de modèle d’inhomogénéité (voir Figure 7.16.b). La seconde simulation est générée à partir des paramètres de LOCUS-T (voir Figure 7.16.c). La simulation est améliorée dans les zones 1 et 2 car LOCUS-T modélise de manière non explicite les inhomogénéités d’intensité via l’approche locale. Dans la zone 3, la simulation du thalamus et du putamen est améliorée mais pas satisfaisante. On peut aussi observer que le champ de biais dans la matière blanche est mieux simulé (voir l’intensité de la MB du haut vers le bas). Enfin, avec LOCUS-TS (voir Figure 7.16.d), l’inhomogénéité due aux propriétés des tissus est mieux modélisée et la simulation est améliorée (zone 3).

| | CSF | GM | WM | M.C.T |
|-----------------------|--------|--------|--------|---------|
| LOCUS ^B -T | 79.9 % | 91.6 % | 93.6 % | ≈ 4min |
| LOCUS-T | 79.8 % | 91.8 % | 93.7 % | ≈ 4min |
| SPM5 | 79.5 % | 89.2 % | 90.4 % | ≈ 12min |
| FAST | 79.6 % | 91.3 % | 94.1 % | ≈ 8min |

TAB. 7.1 – Evaluation de LOCUS^B-T sur les images simulées BrainWeb et comparaison à LOCUS, SPM5 et FAST : valeurs moyennes du coefficient de Dice calculées sur huit images pour différentes valeurs d’inhomogénéité (20%, 40%) et de bruit (3% , 5% , 7% , 9%). M.C.T. est le temps moyen de calcul (Mean Computation Time).

7.5 Evaluation de LOCUS^B

Nous reportons maintenant l’évaluation de la deuxième approche proposée, LOCUS^B.

7.5.1 Evaluation de LOCUS^B-T

De même que pour LOCUS nous avons d’abord évalué la segmentation des tissus seulement, baptisée LOCUS^B-T. Les résultats de LOCUS^B-T étant proches de ceux de LOCUS-T, nous synthétisons l’évaluation réalisée sur la base de données BrainWeb dans la Table 7.1 : elle indique les valeurs moyennes des coefficients de Dice obtenus pour huit images avec différentes valeurs de bruit et d’inhomogénéité. Nous comparons ces valeurs à LOCUS, SPM5 et FAST.

Commentaires et discussion.

LOCUS^B-T s’avère approximativement équivalent en temps et en performances à LOCUS-T. On vérifie aussi qu’il montre approximativement les mêmes propriétés : robustesse à la dimension des sous-volumes, adaptation à la complexité locale de l’image, etc. Nous nous focalisons ensuite principalement sur l’évaluation de la segmentation couplée des tissus, des structures et du recalage.

7.5.2 Evaluation quantitative de LOCUS^B-TS et LOCUS^B-TSR

Nous évaluons dans cette section la segmentation couplée des tissus et des structures. Nous distinguons la segmentation sans couplage avec le recalage (LOCUS^B-TS) et la segmentation avec le recalage couplé (LOCUS^B-TSR).

La Figure 7.17 montre l’évaluation quantitative de la segmentation des structures et des tissus sur les images simulées BrainWeb avec notre segmentation de référence de trois structures. La Figure 7.17(a) indique le coefficient de Dice obtenu pour huit images (pour différentes valeurs de bruit et d’inhomogénéités) avec LOCUS^B-TS, et la Figure 7.17(b) le coefficient de Dice obtenu avec LOCUS^B-TSR. La Figure 7.17(c) montre l’amélioration relative offerte par le couplage du recalage à la segmentation. En particulier on observe une nette amélioration du noyau caudé (+22% en moyenne).

La Figure 7.18 illustre cette amélioration en montrant l’atlas recalé et la segmentation correspondante du noyau caudé pour différentes itérations avec l’approche couplée LOCUS^B-TSR. On observe en particulier une légère translation de l’atlas vers le bas, et une nette amélioration de la segmentation. La Figure 7.19 permet de comparer cette évolution avec celle obtenue par le couplage des tissus et des structures mais sans couplage avec le recalage (LOCUS^B-TS).

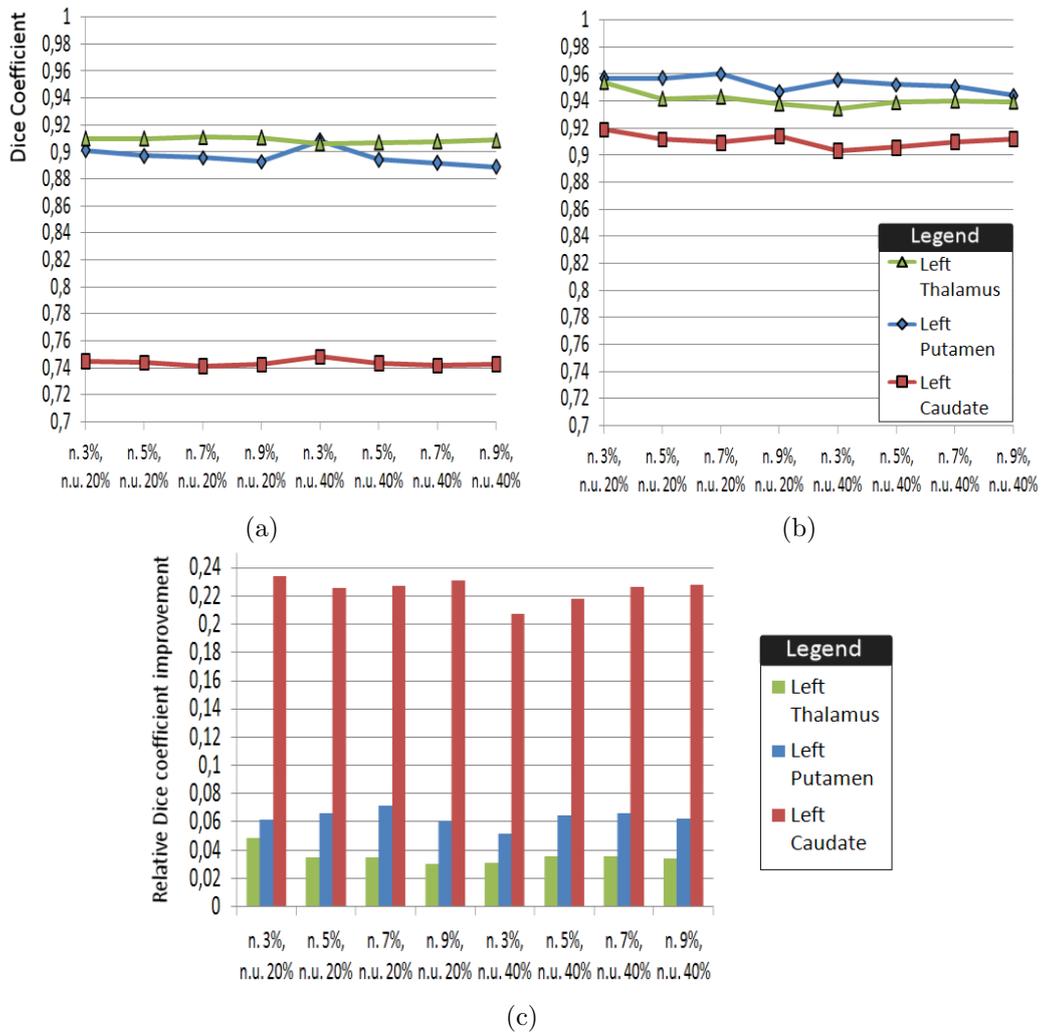


FIG. 7.17 – Evaluation de la segmentation de trois structures par LOCUS^B sur les images BrainWeb pour différentes valeurs de bruit et d’inhomogénéité. L’image (a) montre le coefficient de Dice sans le couplage avec l’estimation du recalage (LOCUS^B-TS). L’image (b) montre le coefficient de Dice de la segmentation avec recalage couplé (LOCUS^B-TSR). L’image (c) montre l’amélioration relative du critère de Dice pour chaque structure.

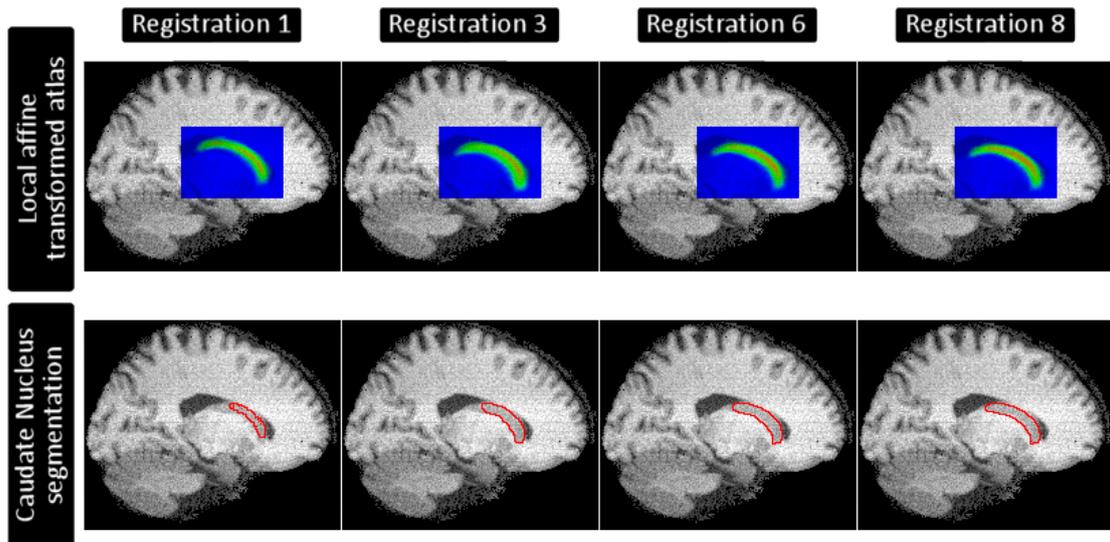


FIG. 7.18 – Illustration du couplage de la segmentation des structures avec le recalage sur l'image BrainWeb 9% de bruit et 40% d'inhomogénéité. La figure montre l'évolution du recalage pour le noyau caudé (première ligne) et de sa segmentation (seconde ligne). La segmentation est montrée selon les contours de la région étiquetée pour mieux visualiser l'adéquation aux données. L'atlas est montré en transparence, le bleu correspondant à une faible probabilité (proche de 0), le vert une moyenne (environ 0.5) et le rouge une forte probabilité (proche de 1).

La moyenne et l'écart type sur les huit segmentations avec LOCUS^B-TSR sont de 0.9110 ± 0.0045 pour le noyau caudé, 0.9532 ± 0.0051 pour le putamen et 0.9415 ± 0.0054 pour le thalamus. Le temps moyen de calcul est de 10 minutes pour ces trois structures (et 45 minutes pour les dix-sept structures) incluant l'étape d'initialisation du recalage global avec FLIRT. A titre de comparaison le coefficient de Dice pour les trois structures sur l'image avec 5% de bruit et 40% d'inhomogénéité est de 0.88 pour le noyau caudé, 0.86 pour le putamen et 0.90 pour le thalamus avec FreeSurfer qui requiert plus de 20 heures de calculs pour trente-sept structures.

La Figure 7.20 montre l'évaluation réalisée sur les 18 images de la base de données IBSR v2. Nous avons calculé le coefficient de Dice moyen obtenu pour 9 structures : le tronc cérébral (Stem), le ventricule latéral droit (Right_Ventr), le putamen droit (RightPU), le noyau caudé droit (RightCN), le thalamus droit (RightTH), le noyau accumbens droit (RightNA), hypothalamus droit (RightHYP),

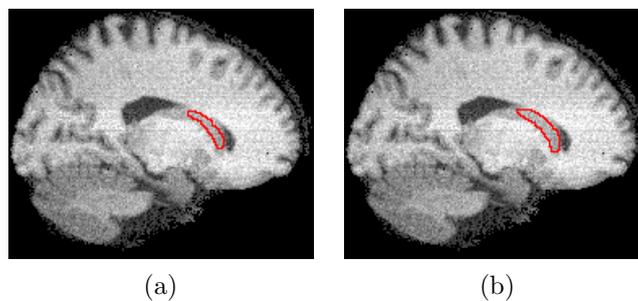


FIG. 7.19 – Segmentation des structures obtenue sur l'image 9% de bruit et 40% d'inhomogénéité par LOCUS^B-TS. L'image (a) représente la première itération, et l'image (b) la dernière.

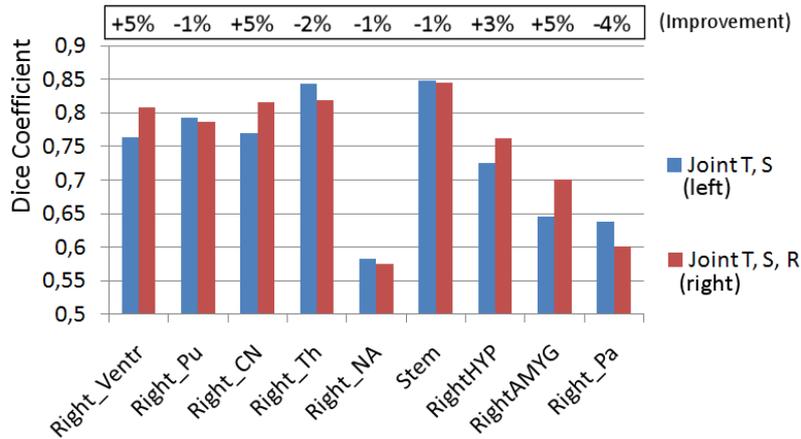


FIG. 7.20 – Evaluation de la segmentation des structures sur IBSR v2 pour neuf structures : valeurs moyennes calculées sur les 18 images de la base de données pour chaque structure, avec (à droite) ou sans (à gauche) recalage couplé.

| | Ciofolo et al. | LOCUS ^B -TSR |
|-------------|----------------|-------------------------|
| Thalamus | 0.82 | 0.82 |
| Noyau Caudé | 0.64 | 0.82 |
| Pallidum | 0.62 | 0.60 |
| Putamen | 0.74 | 0.79 |

TAB. 7.2 – Comparaison de LOCUS^B-TSR avec l’approche de Ciofolo et Barillot (2006)

amygdale droite (RightAMYG) et le palidum droit (RightPA). La Table 7.2 permet de comparer les résultats de LOCUS^B-TSR avec ceux reportés par Ciofolo et Barillot (2006) sur la même base de données. L’approche proposée par Ciofolo et Barillot (2006) se base sur des ensembles de niveaux en compétitions intégrant un modèle de forme pour chaque structure et un contrôleur de décision flou pour contrôler l’évolution locale des level sets.

Commentaires et discussion.

L’évaluation sur la base de données BrainWeb montre que la qualité de la segmentation est très stable pour différentes valeurs de bruit et d’inhomogénéité à la différence de LOCUS-TS. Les trois structures sont améliorées par le couplage du recalage avec la segmentation. Le recalage global initial du noyau caudé est particulièrement sous-optimal mais est corrigé avec LOCUS-TSR. On remarque que cette amélioration est stable pour les trois structures pour différents niveaux de bruit et d’inhomogénéité.

L’évaluation sur la base d’images IBSR v2 montre des résultats comparables et parfois meilleurs que ceux reportés par Ciofolo et Barillot (2006). Par ailleurs, on remarque sur la Figure 7.20 que certaines structures sont améliorées par le recalage couplé à la segmentation (gain moyen : +4.5%), mais que certaines sont désavantagées (perte moyenne : -1.18%). Cette observation pointe vraisemblablement la nécessité d’injecter une information *a priori* sur le recalage via le terme $H(\mathcal{R})$ du modèle. Il permettrait d’injecter une connaissance sur les transformations caractéristiques de chaque structure entre une population et le modèle de l’atlas. Une telle information serait à considérer et permettrait de gagner en robustesse.

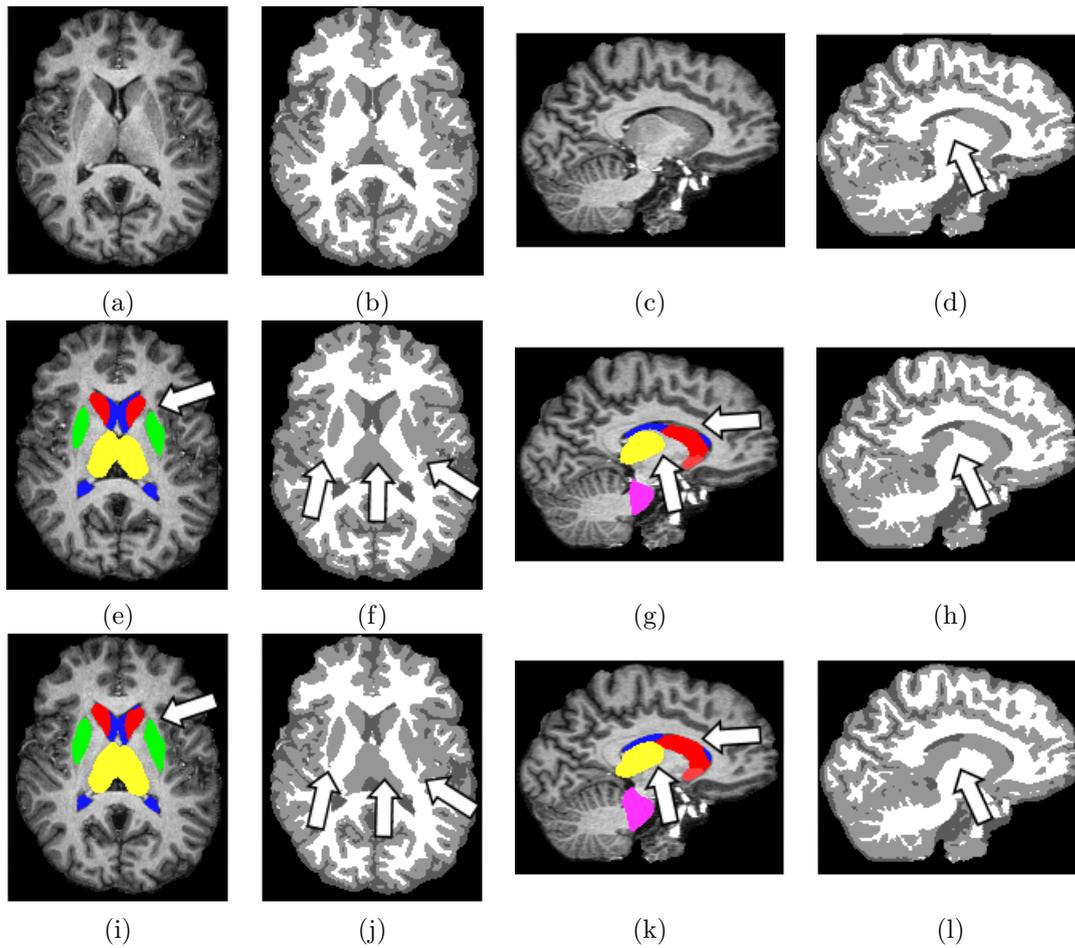


FIG. 7.21 – Evaluation et comparaison de $\text{LOCUS}^{\text{B-T}}$, $\text{LOCUS}^{\text{B-TS}}$ et $\text{LOCUS}^{\text{B-TSR}}$ sur une image réelle 3 Tesla. La première ligne montre les résultats obtenus par $\text{LOCUS}^{\text{B-T}}$ pour une coupe transversale et une coupe sagittale. La deuxième et troisième ligne montrent respectivement les résultats obtenus par $\text{LOCUS}^{\text{B-TS}}$ et $\text{LOCUS}^{\text{B-TSR}}$. Les différences entre les segmentations tissus (images b, d, f, h, j, l) et structures (images e, g, i, k) obtenues par les différents algorithmes sont pointées par des flèches.

7.5.3 Evaluation qualitative de $\text{LOCUS}^{\text{B-TS}}$ et $\text{LOCUS}^{\text{B-TSR}}$ sur images réelles

Nous proposons dans cette section une évaluation sur des images réelles. La Figure 7.21 montre l'évaluation sur une image réelle à 3 Tesla et la comparaison de $\text{LOCUS}^{\text{B-T}}$, $\text{LOCUS}^{\text{B-TS}}$ et $\text{LOCUS}^{\text{B-TSR}}$. On peut observer sur cette image la segmentation des noyaux caudés (en rouge foncé), des noyaux accumbens (en rouge clair), des ventricules (en bleu), des thalamus (en jaune) et du tronc cérébral (en rose). La Figure 7.22 montre alors une reconstruction 3-D des structures segmentées avec $\text{LOCUS}^{\text{B-TSR}}$.

La Figure 7.23 montre l'évaluation sur une autre image à 3 Tesla et la comparaison de $\text{LOCUS}^{\text{B-T}}$ et $\text{LOCUS}^{\text{B-TSR}}$. Pour cette même image, la Figure 7.24 illustre l'évolution itérative du recalage et de la segmentation de l'hippocampe, montrant l'apport du recalage couplé avec la segmentation dans $\text{LOCUS}^{\text{B-TSR}}$. On peut comparer les résultats à la segmentation sans recalage couplé ($\text{LOCUS}^{\text{B-T}}$).

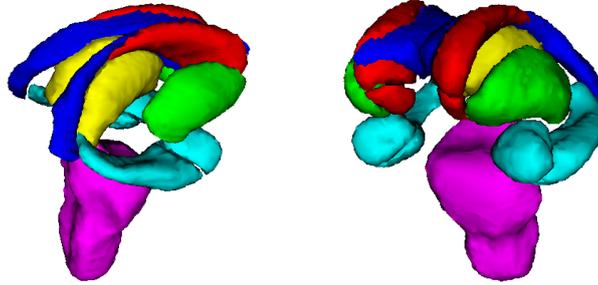


FIG. 7.22 – Reconstruction 3-D des structures segmentées avec LOCUS^B-TSR.

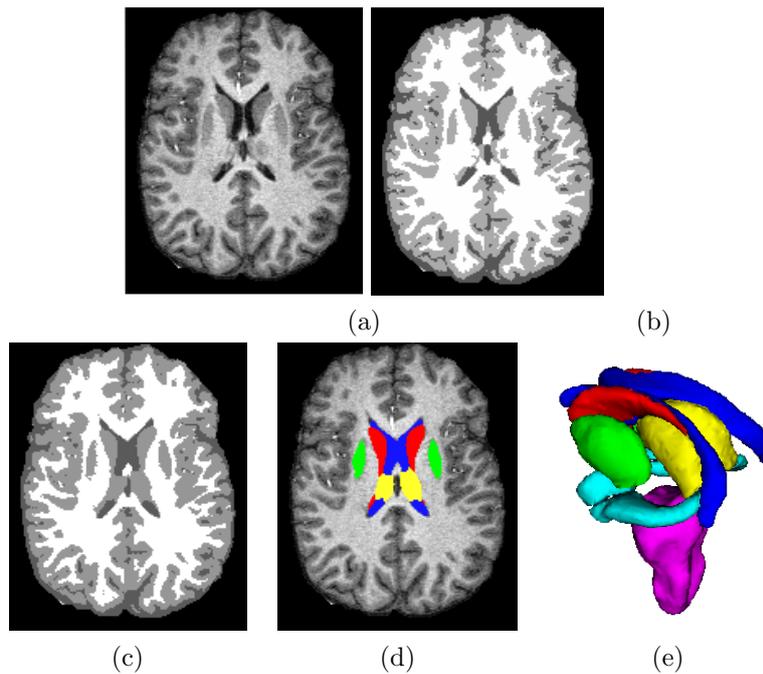


FIG. 7.23 – Evaluation de LOCUS^B-TSR sur une image réelle 3 Tesla (image a). L'image (b) montre la segmentation des tissus obtenue par LOCUS^B-T et l'image (c) la segmentation des tissus obtenue par l'approche couplée LOCUS^B-TSR. L'image (d) montre la segmentation des structures correspondante et l'image (e) la reconstruction 3-D des dix-sept structures segmentées. On reconnaît le tronc cérébral (en rose), les putamens (en vert), les thalamus (en jaune), le noyaux caudés (en rouge), les ventricules (en bleu foncé), les amygdales et les hippocampes (en bleu ciel).

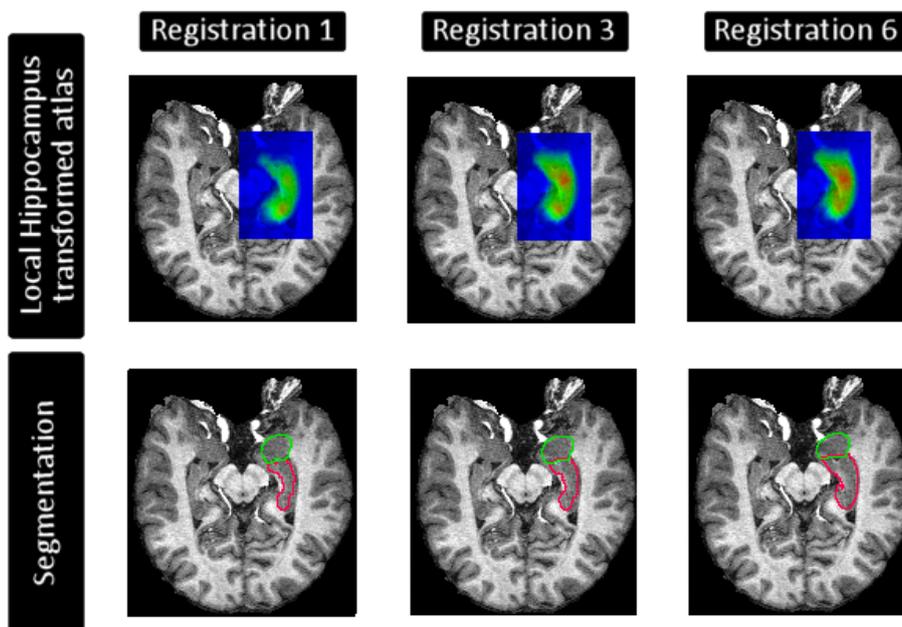


FIG. 7.24 – Illustration du couplage entre segmentation et recalage local affine ($\text{LOCUS}^{\text{B-TSR}}$) : la figure montre l'évolution du recalage pour l'hippocampe (première ligne) et de la segmentation (seconde ligne) de l'hippocampe (en rouge) et de l'amygdale (en vert) lors de la segmentation d'une image réelle. L'atlas est montré en transparence, le bleu correspondant à une faible probabilité (proche de 0), le vert une moyenne (environ 0.5) et le rouge une forte probabilité (proche de 1).

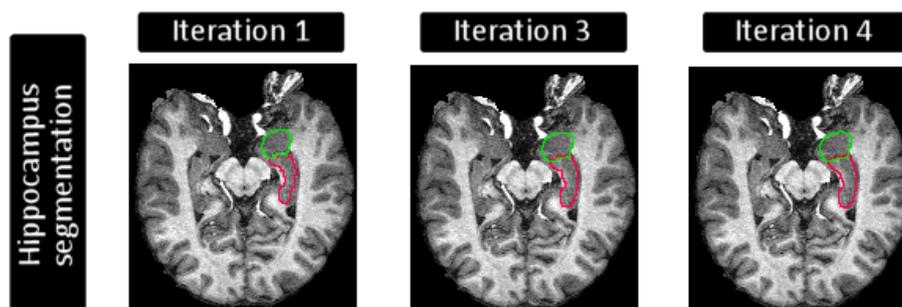


FIG. 7.25 – Evolution sur la même image que 7.24 de la segmentation couplée des tissus et des structures mais sans recalage couplé ($\text{LOCUS}^{\text{B-TS}}$).

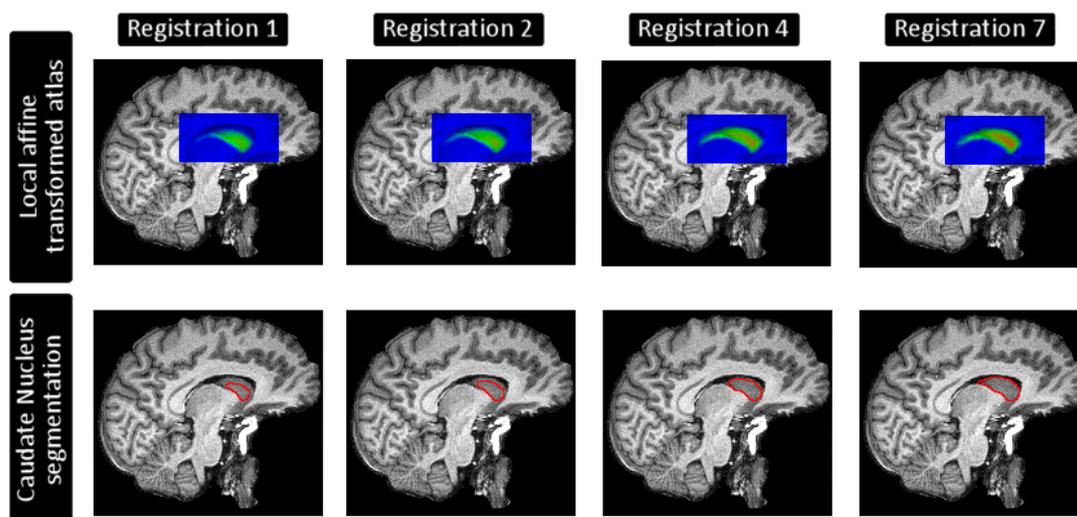


FIG. 7.26 – Illustration du couplage segmentation et recalage local affine, à partir d'un recalage initial artificiellement perturbé du noyau caudé. La première ligne montre l'évolution du recalage local affine de l'atlas du noyau caudé pour différentes itérations. La deuxième ligne montre la segmentation du noyau caudé correspondante.

TS) sur la Figure 7.25, qui montrent de faibles mais visibles différences : avec LOCUS^B-TSR, l'amygdale (en vert) a une meilleure segmentation sur sa partie gauche, et l'hippocampe (en rouge) a une meilleure segmentation sur sa partie droite et sa partie inférieure.

Sur la Figure 7.26, nous avons artificiellement perturbé le recalage initial du noyau caudé en le décalant vers le bas. Nous montrons comment le couplage de la segmentation avec le recalage permet finalement de segmenter correctement le noyau caudé.

Commentaires et discussion.

Nous observons comme pour LOCUS le bénéfice du couplage segmentation des tissus et segmentation des structures, améliorant la segmentation des tissus au niveau de certaines structures sous-corticales comme le putamen ou le thalamus. Nous observons aussi clairement le bénéfice du couplage de la segmentation avec le recalage, permettant à l'atlas d'être mieux mis en correspondance localement avec l'image dans la plupart des cas. Il semble toutefois que l'introduction d'un *a priori* sur le recalage serait judicieux pour contenir les déformations autorisées.

7.5.4 Evaluation sur une image pathologique

En pratique l'approche locale de segmentation est trop perturbée en présence de lésions. Cependant, la Figure 7.27 montre une image que LOCUS^B-T parvient à segmenter en quatre classes de manière satisfaisante. La Figure 7.28 montre le résultat de la segmentation des structures sur l'hémisphère gauche de cette image. La figure illustre l'amélioration dont bénéficie le noyau caudé grâce au couplage du recalage avec la segmentation. En revanche nous n'observons pas d'amélioration pour les autres structures.

Commentaires et discussion.

La présence de lésions perturbe généralement fortement la segmentation des tissus avec notre

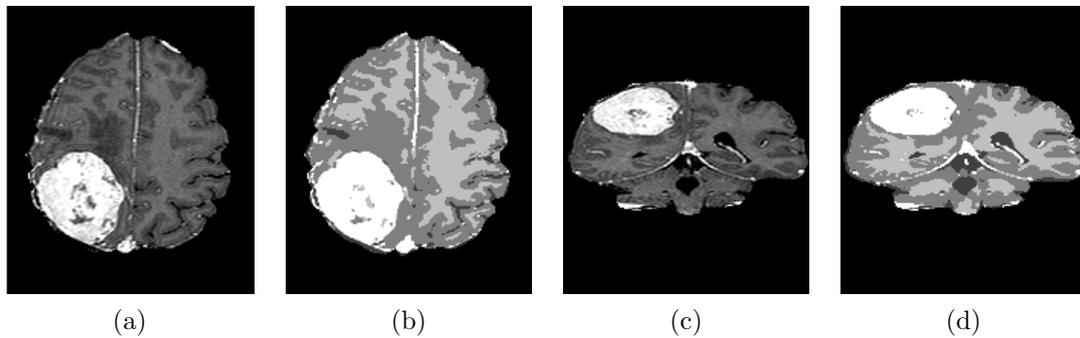


FIG. 7.27 – Segmentation avec LOCUS^B-T d'une image pathologique en quatre classes : liquide céphalo-rachidien, matière grise et matière blanche, et tumeur. L'image (a) montre une coupe transversale dont la segmentation est présentée sur l'image (b). L'image (c) montre une coupe coronale dont la segmentation est reportée sur l'image (d).

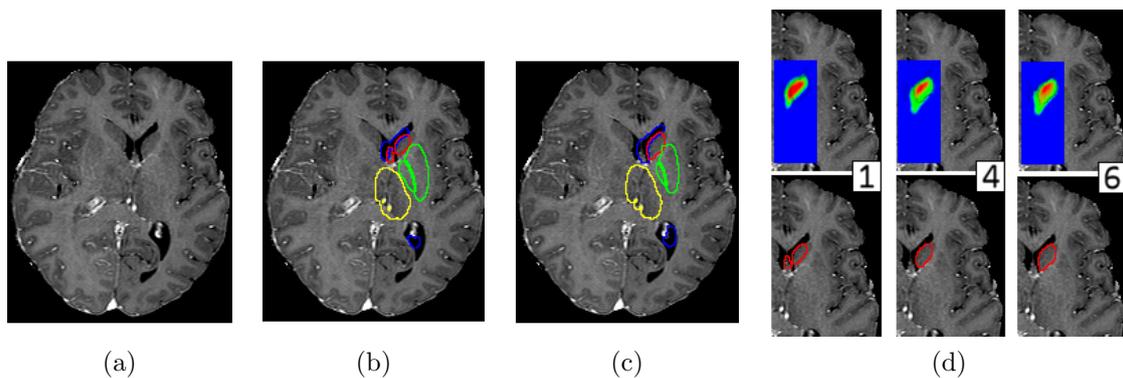


FIG. 7.28 – Segmentation des structures sur une IRM pathologique : l'image (a) montre l'image déformée par la lésion, l'image (b) la segmentation obtenue par LOCUS^B-TS et l'image (c) la segmentation obtenue par LOCUS^B-TSR. L'image (d) montre pour différents raffinements du recalage la segmentation du noyau caudé correspondante.

approche locale car les mécanismes de régularisation des modèles locaux ne sont pas suffisants pour diffuser la modélisation correcte des quatre classes dans le volume. Cependant, sur la Figure 7.27, nous montrons une image que LOCUS^B-T parvient à segmenter en quatre classes, sans doute parce que la lésion est importante. L'anatomie sur cette image est fortement perturbée par la lésion, et la segmentation en structures est délicate. En particulier les déformations rendent difficile le recalage global affine qui initialise notre approche locale affine couplée du recalage. On observe cependant que le couplage du recalage avec la segmentation parvient à segmenter de manière correcte le noyau caudé. Les autres structures ne sont par contre pas correctement étiquetées. On peut identifier deux causes :

- la matière grise est très peu contrastée,
- une transformation locale affine sur les ventricules latéraux n'a sans doute pas assez de degrés de liberté. Il serait judicieux de considérer un atlas pour les cornes frontales (la partie frontale des ventricules latéraux) et un autre alors pour la partie dorsale).

7.6 Conclusion

Pour la segmentation des tissus, LOCUS-T et LOCUS^B-T montrent des résultats semblables et exhibent des propriétés intéressantes dues à une implémentation distribuée, s'adaptant localement à la complexité de l'image. Les résultats sont comparables aux outils de segmentation des tissus les plus largement utilisés, avec des meilleurs temps de calcul. Pour la segmentation coopérative des tissus et des structures, LOCUS-TS segmente neuf structures en introduisant une description floue de l'anatomie cérébrale. Dans cette approche, la coopération entre tissus et structures est réalisée de manière intuitive mais montre l'intérêt de combiner ces deux informations : segmentation des tissus et segmentation des structures s'améliorent mutuellement. L'approche LOCUS^B-TS propose elle un véritable couplage au sens statistique du terme et permet de segmenter un plus grand nombre de structures via l'intégration d'un atlas statistique plutôt que de la description floue. Enfin, LOCUS^B-TSR couple à la segmentation des tissus et des structures le recalage local affine de l'atlas. Dans la plupart des cas l'amélioration du recalage se traduit par une amélioration de la segmentation des structures. La segmentation des tissus et des structures obtenue par LOCUS^B-TSR offre alors des résultats parmi les meilleurs avec des temps de calcul relativement faibles.

8

Synthèse, Conclusion et Perspectives

LA segmentation d'IRM cérébrales est une tâche difficile. C'est une étape cruciale dans de nombreuses applications, et il est nécessaire qu'elle soit la plus robuste et fiable possible. Dans la littérature, les approches proposées s'orientent vers :

- (1) **l'introduction de connaissance *a priori* dans le modèle.** Elle permet de restreindre l'espace des solutions. Certaines approches ont proposées d'introduire des atlas statistiques de forme (Corouge et Barillot, 2002; Styner et al., 2003; Pitiot et al., 2004; Ciofalo et Barillot, 2006), des atlas statistiques des tissus (Ashburner et Friston, 2005), des atlas statistiques des structures corticales ou sous-corticales (Fischl et al., 2002; Pohl et al., 2006), des modèles de croissance de lésions (Cuadra et al., 2006), des hypothèses *a priori* sur les inhomogénéités d'intensité, etc. Il faut cependant veiller à ne pas trop contraindre le problème, sous peine d'obtenir une solution davantage guidée par l'*a priori* que par les données.
- (2) **la combinaison de différentes méthodes de segmentation.** Certaines approches combinent les méthodes de manière hiérarchique (ou séquentielle), utilisant le résultat d'une première méthode comme données en entrée pour une seconde : un algorithme de partage des eaux suivie de la déformation d'un template statistique pour extraire le cerveau (Ségonne et al., 2004), une approche bayésienne de segmentation des tissus suivie d'un réseau de neurones pour identifier les structures (Magnotta et al., 1999), une approche hybride combinant segmentation bayésienne suivie d'un algorithme de type ligne de partage des eaux pour segmenter les sillons (Yang et Kruggel, 2008), un recalage dense pour initialiser une méthode de segmentation par level sets (Baillard et al., 2001), etc.
D'autres approches combinent les méthodes par fusion, s'exécutant sur les mêmes données et intégrant ensuite les différentes solutions : une approche bayésienne de la segmentation avec un algorithme mean-shift pour segmenter les lésions de sclérose en plaque (Garcia-Lorenzo et al., 2008a), une approche hybride par level set qui intègre une estimation orientée région du champ de biais pour segmenter le cortex (Yu et al., 2006), ...
- (3) **le couplage de modèles.** Plus que la combinaison de méthodes, le couplage exprime les interactions mutuelles entre les modèles. Le couplage nécessite alors une modélisation dans un cadre unifié. (Chen et Metaxas, 2005) alternent estimation de champ de Markov et évolution d'un modèle déformable. Ils intègrent la solution région issue de la modélisation markovienne à l'évolution du modèle déformable via un champ externe, et font dépendre à son tour l'estimation du champ de Markov de l'information contours du modèle déformable. Les deux processus s'améliorent alors mutuellement.

On remarque que la modélisation statistique de la segmentation permet naturellement d'exprimer des modèles couplés et a l'avantage d'offrir des outils pour les estimer. L'analyse bayésienne et les algorithmes de type Expectation-Maximization (EM) permettent de formuler l'estima-

tion comme une suite d'étapes réalisées de manière itérative, tout en assurant la convergence. Chaque étape s'appuie alors sur les précédentes, améliorant itérativement la solution. Dans cet esprit Wells et al. (1996) couplent la segmentation et l'estimation d'un modèle de biais et ont inspiré de nombreuses approches (Held et al., 1997; Guillemaud et Brady, 1997; Van Leemput et al., 1999a; Zhang et al., 2001; Marroquin et al., 2002). Ashburner et Friston (2005) couplent la segmentation des tissus avec la correction du biais et le recalage d'un atlas de tissus. Pohl et al. (2006) couplent le recalage local affine d'un atlas de structures et la segmentation des structures.

Les approches couplées permettent aux processus de s'enrichir et de se raffiner l'un l'autre, permettant de régulariser la solution sur la base de connaissances complémentaires. Chaque étape s'améliore alors mutuellement.

Constat dans la littérature.

Ainsi, concernant les approches proposées dans la littérature, nous pouvons faire deux constats :

- (1) **Segmentation des tissus et des structures** : A notre connaissance, le couplage entre segmentation des tissus et segmentation des structures n'a jamais été considéré, alors que ce sont deux tâches pourtant naturellement liées : une structure est composée d'un tissu connu. La connaissance des tissus aide donc à déterminer la connaissance des structures, qui peut à son tour raffiner la connaissance des tissus. Les approches proposées considèrent ces deux tâches :
 - soit comme des tâches séparées dans des approches par recalage (Pitiot et al., 2004; Comowick et al., 2008) ou par segmentation région (Pohl et al., 2006),
 - soit comme des tâches séquentielles (Magnotta et al., 1999; Barra et Boire, 2001; Fischl et al., 2002), utilisant la segmentation des tissus pour segmenter les structures. Cependant, aucun retour de la connaissance de structures n'est réalisé sur la connaissance des tissus.
- (2) **Segmentation des structures par recalage d'un atlas statistique** : à l'exception de l'approche proposée par Pohl et al. (2006), toutes les approches considèrent la segmentation des structures et le recalage d'atlas comme deux tâches indépendantes. Or leur couplage semble naturel dans la mesure où chacun des processus apporte une connaissance qui permet d'améliorer l'autre.
- (3) **Localité de l'information** : la majorité des approches considèrent la segmentation comme un problème global. Cette modélisation reflète pourtant peu les caractéristiques locales de l'image. En particulier elle nécessite l'estimation d'un modèle de biais pour prendre en compte les inhomogénéités.

Quelques approches locales de segmentation des tissus ont été proposées, visant à estimer localement des modèles d'intensité distribués dans le volume. Ces modèles locaux reflètent mieux les caractéristiques locales de l'image. En particulier, ce type d'approche ne requiert pas de modélisation explicite des inhomogénéités d'intensité. On s'affranchit de l'estimation d'un terme de biais qui, en plus d'alourdir la complexité du modèle et de son estimation, repose sur des hypothèses parfois non vérifiées. Les approches locales permettent donc de limiter l'introduction d'un *a priori* trop contraignant.

Dès lors que l'on considère une approche locale se pose cependant la question d'assurer la cohérence des modèles locaux. En effet certaines classes peuvent être sous-représentées localement, conduisant à une estimation locale peu fiable. De plus, la localité rend l'approche plus sensible au bruit. La plupart des approches locales proposées utilisent des sous-volumes en recouvrement partiel pour assurer une représentation suffisante des classes pour une estimation

locale fiable. Ce type d'approche s'avère efficace (mais pas robuste au bruit) lorsque la segmentation est réalisée avec un algorithme de type Fuzzy C-Mean (Zhu et Jiang, 2003), peu coûteux en temps de calculs. Par contre, lors de l'introduction d'une modélisation markovienne, la redondance d'information engendre un algorithme très gourmand et peu utilisable en pratique (algorithme A-MAP de Rajapakse et al. (1997)). De manière générale, les approches locales proposées souffrent du manque d'un modèle de régulation adapté entre modèles locaux.

Orientation suivie dans cette thèse.

Dans cette thèse nous avons proposé deux approches de segmentation avec la volonté :

- (1) **de coupler la segmentation des tissus et des structures** plutôt que de les considérer comme des tâches séparées ou séquentielles,
- (2) **de coupler segmentation et recalage d'atlas** dans un même cadre statistique plutôt que de les considérer comme des tâches séquentielles,
- (3) **de profiter du caractère local de l'information**, à la fois pour la segmentation des tissus mais aussi pour le recalage de l'atlas,
- (4) **d'introduire une modalité de régularisation entre modèles locaux** plutôt que d'utiliser d'une redondance d'information,
- (5) **d'engendrer un comportement opportuniste de l'estimation locale** en ordonnant de manière asynchrone les estimations locales via des mécanismes de coordination.

Nous synthétisons et discutons dans les deux sections suivantes les caractéristiques principales des approches proposées.

8.1 Approche LOCUS

La première approche LOCUS a été motivée par l'adéquation du paradigme multi-agents pour modéliser une approche locale de segmentation. Elle étend les travaux initiés par Germond et al. (2000) puis Richard et al. (2007) sur l'utilisation de ce paradigme pour la segmentation d'IRM. L'estimation des paramètres locaux peut en effet être naturellement modélisée comme la tâche d'agents situés, ancrés dans l'image, qui travaillent localement et coopérativement chacun sur un sous-volume. Nous avons alors défini des agents pour segmenter les tissus (AML-T) et des agents pour segmenter les structures (AML-S).

Segmentation coopérative des tissus.

Pour la segmentation des tissus les agents AML-T estiment les paramètres d'un champ de Markov local à trois classes (liquide céphalo-rachidien, matière grise et matière blanche) sur des sous-volumes disjoints. La cohérence des modèles locaux n'est pas assurée par une redondance d'information comme dans Rajapakse et al. (1997); Zhu et Jiang (2003) mais par des mécanismes de coopération entre AML-T : nous considérons que le modèle local d'un tissu doit être proche du modèle moyen dans son voisinage. La seule hypothèse introduite pour modéliser les inhomogénéités d'intensité est donc leur variation lente dans le volume. Aucune hypothèse supplémentaire n'est introduite quant à la nature multiplicative du biais, la nature de ses interactions avec le bruit ou sa dépendance aux tissus contrairement à Wells et al. (1996); Held et al. (1997); Guillemaud et Brady (1997); Van Leemput et al. (1999a); Zhang et al. (2001); Marroquin et al. (2002); Ashburner et Friston (2005).

Exécution asynchrone des procédures d'estimation locale.

Le paradigme multi-agents permet de modéliser naturellement un contrôle décentralisé dans l'exécution des procédures d'estimation via des mécanismes de coordination, engendrant un comportement opportuniste des agents. L'estimation est au démarrage orientée sur les zones les plus *informatives*, définies comme celles dont le modèle d'intensité local est le plus proche du modèle d'intensité global. Les estimations dans les autres sous-volumes sont à leur tour activées via des mécanismes de coordination entre agents. Cette stratégie permet de segmenter d'abord les zones « de confiance » pour ensuite diffuser l'information via les mécanismes de coopération et de coordination.

Une autre propriété intéressante de l'approche est l'adaptation de la puissance de calcul à la complexité de l'image. En effet, l'estimation dans les sous-volumes « faciles » à segmenter converge rapidement, permettant de se focaliser sur les autres sous-volumes. Il est délicat de définir ce qu'est un volume facile à segmenter, et difficile de déterminer un comportement global des agents. Comme montré dans les expériences de la section 7.4.2 (page 107), on peut tout de même définir différents comportements « types » d'un agent immergé dans le système. En particulier, les agents rapides à converger sont généralement ceux dont le sous-volume contient une mauvaise représentation d'au moins une classe de tissu. Grâce à la régularisation avec son voisinage le modèle local de la classe est corrigé, et paraît rapidement cohérent au sens du critère d'arrêt de l'algorithme d'estimation : la vraisemblance des paramètres évolue en effet peu pour une classe peu représentée. Les sous-volumes qui contiennent une bonne représentation des trois classes ont généralement un comportement différent : l'estimation des paramètres en présence d'un grand nombre de données demande plus d'itérations pour s'affiner et être cohérent avec l'ensemble des données. De plus, si le modèle local apparaît en compétition avec la régularisation, un plus grand nombre d'itérations est nécessaire pour atteindre un compromis.

Segmentation coopérative des tissus et des structures.

Dans cette première approche la segmentation des tissus et des structures n'est pas rigoureusement couplé au sens statistique, mais coopérative : les agents structures AML-S intègrent la connaissance tissu via le terme d'attache aux données du champ de Markov local, tandis que les agents tissus AML-T injectent la connaissance structure via le champ externe de leur champ de Markov local. Les estimations des modèles des tissus et structures sont donc mutuellement contraints, permettant de combiner et de raffiner les deux connaissances.

Connaissance issue des relations spatiales.

Les agents structures AML-S segmentent leur sous-volume en deux classes *structure* et *non structure*. Ils intègrent une connaissance *a priori* issue d'une description floue de l'anatomie cérébrale : chaque structure est décrite par des relations spatiales stables avec d'autres structures. Ce n'est pas une connaissance probabiliste mais possibiliste. Ce type de connaissance a l'avantage d'être général et robuste à la variabilité inter-individuelle ; l'information des relations spatiales fournit une zone de localisation floue de la structure dans le volume. Elle a cependant été rarement considérée dans la littérature. Barra et Boire (2001) utilisent la localisation floue seulement comme un masque pour extraire la segmentation des structures à partir de la segmentation des tissus. Colliot et al. (2006) ont proposé de l'introduire dans un modèle déformable explicite (snake) et segmentent sept structures sur des acquisitions T1 à 1.5 Tesla. L'efficacité de ce type de modèle déformable dépend cependant en grande partie des prétraitements réalisés pour rehausser les contours et assurer la stabilisation du modèle sur les vraies frontières des structures. Ce type d'approche est alors sensible au bruit dans les zones de faible contraste. Colliot et al. (2006) ne montrent par ailleurs pas de résultats sur le putamen qui est une structure faiblement contrastée et hautement inhomogène, ni

sur des images à champ élevé (3 Tesla ou plus). Avec une approche similaire, Atif et al. (2006) montrent cependant que la description floue reste stable en présence d'une tumeur pour certaines structures.

Nous proposons dans notre approche d'introduire la description floue de l'anatomie cérébrale via le champ externe des champs de Markov des structures. Elle est introduite comme une pondération relative des classes *structure* et *non structure* en chaque voxel : la classe *structure* est favorisée lorsque la possibilité de présence d'une structure est grande.

L'information issue des relations spatiales est cependant générale et peu précise, et l'influence de la pondération des classes *structure* et *non structure* dans le modèle est délicate à déterminer. Nous avons alors proposé d'introduire une information révélant les zones de faible contraste de l'image, capturée par l'entropie de la distribution *a posteriori* des tissus, et proposons de définir une influence plus forte pour ces zones.

Dans notre modélisation, la connaissance issue des relations spatiales n'est pas statique : lorsqu'un AML-S l (par exemple l'agent pour la corne frontale) met à jour la segmentation de sa structure, il en informe les AML-S utilisant l comme référence dans une relation spatiale pour qu'ils recalculent leur connaissance (par exemple l'agent pour le noyau caudé, défini en partie par la relation « *à moins de 5mm des cornes frontales* »). Seules les relations spatiales entre deux structures adjacentes sont recalculées à chaque modification. Les autres sont mises à jour seulement si la structure de référence a suffisamment changé. Ce seuil est peu sensible car l'information des relations spatiales est générale.

Evaluation de l'approche.

L'évaluation de la segmentation des tissus (LOCUS-T) montre des résultats similaires aux approches classiquement utilisées (SPM5, FAST) sur des images de haute résolution, avec des temps de calculs meilleurs. Elle montre une bonne robustesse aux inhomogénéités d'intensité, et ce sans aucune modélisation explicite d'un terme de biais. Elle est particulièrement plus robuste sur des images à très haute inhomogénéité comme illustré dans l'évaluation sur l'image de surface (Figure 7.8). Nous pointons alors les limites d'introduire un *a priori* trop contraignant pour ce type d'image. L'évaluation montre en particulier :

- les limites du recalage d'atlas dans SPM5, qui est difficile à réaliser avec une forte inhomogénéité.
- les limites du modèle de biais sous-jacent dans FAST

L'évaluation de la segmentation des tissus et des structures (LOCUS-TS) montre clairement l'intérêt de la coopération entre les modèles. L'amélioration mutuelle de la segmentation des tissus et des structures est davantage observée au niveau des structures peu contrastées telles le putamen ou le thalamus. Nous segmentons en tout neuf structures en une quinzaine de minutes. Les résultats n'atteignent pas ceux obtenus par FreeSurfer mais qui lui utilise un atlas et requiert plus de vingt heures de calcul. Il semble que si l'information des relations spatiales fournit une connaissance *a priori* plus générale et donc moins contraignante que la connaissance d'un atlas, la description floue est cependant peut-être trop générale et pas assez sélective.

Limites de LOCUS.

Dans LOCUS les mécanismes de coopération entre agents restent « ad-hoc » : la régularisation des modèles d'intensité locaux ou la coopération entre tissus et structures expriment des idées intuitives mais souffrent d'un manque de cadre théorique formel. En particulier ils ne permettent pas d'étudier la convergence de l'algorithme.

De plus, si la description floue est connue pour être robuste à la variabilité inter-individuelle, elle s'avère fournir une information finalement trop générale et pas assez précise : son influence dans le modèle est délicate à déterminer. L'utilisation de l'entropie de la distribution *a posteriori* des tissus permet de gagner en robustesse. On peut la considérer satisfaisante pour certaines structures (comme les noyaux caudés ou le putamen), mais pas pour d'autres : l'amélioration relative du thalamus montre un manque de robustesse en fonction du bruit (voir Figure 7.12(b)). De plus, la description floue de l'anatomie cérébrale ne permet pas de segmenter un grand nombre de structures. Elle pourrait être remplacée par la connaissance d'un atlas, mais le cadre proposé n'est pas adapté à l'introduction d'un recalage coopératif qui utiliserait itérativement l'information sur les segmentations structures et tissus.

8.2 Approche LOCUS^B

Dans la seconde approche LOCUS^B nous avons considéré l'information *a priori* issue d'un atlas pour segmenter les structures et avons proposé un modèle dans lequel :

- la segmentation des tissus et la segmentation des structures sont véritablement couplées, modélisés comme un problème à données manquantes couplées dans un cadre bayésien.
- la correction des modèles d'intensité locaux est assurée via une modélisation markovienne des paramètres des modèles d'intensités locaux.
- le recalage de l'atlas n'est pas considéré comme un prétraitement mais comme un problème joint à la segmentation.

Modélisation dans un cadre statistique unifié élégant.

L'approche est modélisée dans un cadre statistique unifié élégant : les étiquettes des tissus \mathbf{t} , les étiquettes des structures \mathbf{s} , les modèles d'intensités locaux ψ et les paramètres du recalage \mathcal{R} sont modélisés via une unique distribution jointe conditionnelle $p(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \psi, \mathcal{R} | \mathbf{y})$. Cela revient à ne pas modéliser explicitement $p(\mathbf{y})$, qui n'est pas nécessaire pour la segmentation et réduit l'effet de la mauvaise adéquation du modèle aux données. Ce cadre est alors similaire à celui des approches *discriminatives* et des *Conditional Random Fields* (CRF) (Kumar et Hebert, 2006). Cette distribution est modélisée par un champ de Markov permettant d'introduire des dépendances dans le modèle. Nous avons alors proposé une approche fondée sur la décomposition de $p(\mathbf{t}, \mathbf{s}, \psi, \mathcal{R} | \mathbf{y})$ en une série de modèles conditionnels. Cette décomposition permet d'identifier de manière explicite et naturelle différents niveaux d'interactions :

- des *interactions intra-champ aléatoires*, permettant d'introduire une corrélation spatiale entre les étiquettes (robustesse au bruit) et une corrélation spatiale entre les modèles locaux (régularisation des modèles),
- des *interactions inter-champs aléatoires*, ou *interactions transversales*, permettant d'introduire les modalités du couplage tissus-structures ou des interactions avec les paramètres du recalage pour guider l'estimation des déformations.

A la différence de (Pohl et al., 2006) le recalage n'est pas seulement lié à la segmentation des structures mais aussi à la segmentation des tissus. La segmentation des tissus, la segmentation des structures, la correction des paramètres des modèles d'intensité locaux et le recalage sont alors véritablement couplés dans un cadre statistique unifié.

Estimation du modèle.

L'estimation du modèle couplé est inférée de manière rigoureuse dans le cadre bayésien via un algorithme de type EM. Nous adoptons une formulation fonctionnelle de EM (Neal et Hinton,

1998) avec une approximation de type *Variational EM* (Jordan et al., 1999) pour résoudre la complexité induite par le couplage. L'estimation se ramène alors à un algorithme itératif en quatre étapes : E-T (pour les tissus), E-S (pour les structures), M- ψ (pour les paramètres des modèles d'intensité locaux) et M- \mathcal{R} (pour la mise à jour des paramètres du recalage).

En particulier, nous montrons qu'à chaque itération, l'étape E-T (resp. E-S) revient à résoudre l'étape E classique d'un champ de Markov qui dépend de E-S (resp. E-T) à l'itération précédente. L'idée est donc semblable à l'algorithme proposé dans LOCUS à la différence que dans LOCUS^B, la forme des champs de Markov n'est pas « ad-hoc » mais donnée par le modèle couplé (Equations 5.11, page 81 et 5.13, page 82). De même, l'étape M- ψ fournit les modalités de régulation des modèles d'intensité locaux (Equations 5.18 et 5.19, page 84) et l'étape M- \mathcal{R} les modalités d'estimation des déformations de l'atlas.

Recalage de l'atlas statistique.

Pour le recalage de l'atlas nous ne considérons pas une transformation globale mais un recalage local affine comme dans (Pohl et al., 2006; Pitiot et al., 2006; Commowick et al., 2008). Une transformation globale affine capture la mise en correspondance globale de l'atlas sur l'image, tandis qu'un ensemble de transformations locales affines capturent les déformations résiduelles pour chaque structure.

Le *recalage affine local* capture les propriétés locales de l'image : il permet d'estimer les déformations locales pour chaque structure. Son calcul est très efficace et moins sensible aux optima locaux qu'un recalage global.

Evaluation de l'approche.

Les résultats de la segmentation des tissus (LOCUS^B-T) sont semblables à ceux obtenus avec LOCUS-T avec des temps de calcul similaires. Si les mécanismes de coopération sont ad-hoc dans LOCUS-T, ils semblent donc en pratique proches de LOCUS^B-T.

L'introduction de l'atlas plutôt que des relations spatiales floues permet par contre de segmenter un plus grand nombre de structures (dix-sept dans l'évaluation) et d'obtenir une segmentation de meilleure qualité. L'évaluation quantitative sur les images BrainWeb révèle des résultats quantitatifs supérieurs aux résultats de FreeSurfer pour la segmentation des structures, avec des temps de segmentation beaucoup plus courts (une quarantaine de minutes pour 17 structures contre plus de vingt heures pour 37 structures). Nous montrons aussi l'apport de la combinaison du recalage avec la segmentation à la fois dans l'évaluation quantitative et l'évaluation qualitative.

Dans le cas des images IBRS, certaines structures sont pénalisées par le recalage couplé, et pointe l'intérêt pour de futurs travaux d'injecter un *a priori* $H(\mathcal{R})$ sur les transformations résiduelles pour limiter les déformations sur la base d'un apprentissage statistique.

8.3 Perspectives

L'approche LOCUS^B comble les principaux défauts de LOCUS en modélisant la segmentation couplée des tissus et des structures dans un cadre statistique élégant. Elle fournit des résultats très satisfaisants. Le modèle pourrait cependant être complété. Nous esquissons dans cette section quelques pistes.

Intégration de couplages supplémentaires.

La modélisation statistique de LOCUS^B permet d'intégrer de manière naturelle de nouvelles connaissances pour enrichir le modèle. En particulier le cadre unifié proposé permet d'introduire des nouvelles modalités de couplage.

Extraction du cerveau. L'extraction du cerveau est généralement considérée comme un pré-traitement mais pourrait être couplé à la segmentation des tissus et des structures. Partant d'un masque initial, celui-ci pourrait être raffiné de manière itérative. Le couplage pourrait se baser sur des propriétés anatomiques : par exemple la matière blanche ne se retrouve jamais en périphérie du cerveau ; elle est toujours protégée par une fine couche de cortex d'au moins 1.5mm. Ce type d'information pourrait être exprimé dans un cadre possibiliste via une relation spatiale de distance entre la matière blanche et l'extérieur du masque du cerveau. Elle permettrait d'assurer une épaisseur minimum de matière grise périphérique dans l'extraction.

Segmentation des lignes sillons. On observe que la modélisation markovienne de la segmentation a souvent un effet de « gommage » des structures fines comme les sillons. Les *modèles chiens* (Descombes et al., 1995) sont connus pour éviter une telle situation mais leur extension en 3-D est d'une très grande complexité calculatoire. On pourrait plutôt considérer l'ajout d'une connaissance supplémentaire sur les sillons. Elle pourrait se baser sur la détection *a priori* des sillons par morphologie mathématique (Mangin et al., 1995), ou par l'introduction de modèles statistiques des sillons (Corouge et Barillot, 2002) à recalculer sur l'image.

De plus, le cadre proposé par LOCUS^B pourrait permettre de coupler l'estimation des lignes de sillons à la segmentation des tissus et des structures. On pourrait considérer les sillons comme des structures au même titre que les structures sous-corticales en introduisant un atlas statistique orienté région des sillons. Cependant, la segmentation des sillons implique vraisemblablement des problèmes différents de la segmentation des structures sous-corticales (épaisseur fine, replis nombreux, etc.) ainsi que des interactions différentes avec les tissus et les structures. Il serait alors sans doute préférable de considérer la segmentation des sillons comme une troisième donnée manquante couplée à la segmentation des tissus et des structures.

Prise en compte du volume partiel.

Le volume partiel n'est actuellement pas pris en compte dans nos modèles. Le simple ajout de classes gaussiennes supplémentaires pour modéliser les voxels contenant les tissus intermédiaires LCR+MG et MG+MB devrait fonctionner avec notre approche. Il est cependant probable qu'il faille utiliser des sous-volumes plus grands afin que les classes soient suffisamment représentées. Il serait préférable de considérer des modèles plus réalistes de volume partiel. En particulier celui proposé par Santago et Gage (1993) serait facile à mettre en œuvre et ne nécessiterait pas d'agrandir les sous-volumes. Il n'introduit en effet pas de nouveaux paramètres mais estime la forme des distributions des classes de volume partiel à partir des modèles des classes de tissu pur (voir Section 3.2.4, page 37). Une approche semblable à Van Leemput et al. (2003), ou bien l'utilisation de champ de Markov flou serait aussi à considérer (Salzenstein et Collet, 2006).

Partitionnement du volume.

Le partitionnement cubique du volume n'est pas entièrement satisfaisant car arbitraire. Le paramètre de la taille des sous-volumes, bien que peu sensible pour des niveaux d'inhomogénéité courant avec les imageurs actuels, est à déterminer. Dans les évaluations il a été déterminé et fixé de manière empirique. Une première amélioration serait d'estimer ce paramètre à partir de l'image en maximisant un critère. Le critère pourrait par exemple chercher à trouver un compromis entre petite taille des cubes et maximisation d'entropie dans chaque cube.

Une meilleure solution serait d'estimer dans l'image un partitionnement non cubique optimal, qui maximise la quantité moyenne d'information dans chaque sous-volume. Des approches par

diagramme de Voronoï, et par multi-résolution serait à envisager.

Extension aux données pathologiques.

Le problème de la segmentation des données pathologiques est important. Dans le cas de la sclérose en plaque les lésions sont généralement petites et la segmentation de l'image en trois classes n'est pas perturbée. Pour la segmentation en quatre classes (tissus + lésions) la classe lésion n'est que très peu représentée, et les mécanismes de régularisation des modèles locaux ne sont pas suffisants pour diffuser dans le volume complet la modélisation de cette classe.

Pour des lésions plus volumineuses (tumeurs, accidents vasculaires cérébraux) la segmentation en trois classes est fortement perturbée car il existe réellement quatre classes. Dans cette situation, malgré les mécanismes de régularisation, la segmentation en quatre classes échoue car la classe n'est pas suffisamment représentée spatialement.

La segmentation d'IRM cérébrales pathologiques nécessite donc une modélisation particulière avec une approche locale. Plusieurs pistes sont à envisager :

- D'une part, le partitionnement « intelligent » du volume contribuerait à une meilleure représentation des classes dans chaque sous-volume. Il serait donc bénéfique pour segmenter les données pathologiques mais peut-être pas suffisant.
- On pourrait imaginer estimer le nombre de classes dans chaque sous-volume avec par exemple un critère BIC (Bayesian Information Criterion) (Schwarz, 1978). L'estimation locale pourrait alors se baser sur l'estimation d'un nombre réduit de classes et sur des mécanismes de régularisation fournissant les classes manquantes via le voisinage.
- On pourrait aussi considérer la segmentation des lésions comme un problème couplé à la segmentation des tissus en trois classes via la définition d'un problème à données manquantes couplées. L'interaction du modèle de lésion sur le modèle des tissus pourrait naturellement permettre de ne pas considérer les voxels de la lésion dans l'estimation des tissus. L'interaction du modèle des tissus sur le modèle de la lésion pourrait permettre de définir les tissus sains.

Implémentation réellement distribuée.

Comme mentionné le système multi-agents est exécuté dans un seul *processus* et un seul *thread* système. Cette implémentation permet de mieux contrôler les conditions d'exécution et de concevoir plus facilement une preuve de concept de nos approches sans considérer les multiples problèmes liés au parallélisme uniquement (accès simultané aux données, etc.)

L'architecture pourrait toutefois être adaptée pour fonctionner dans un environnement réellement distribué (multi-thread, multi-processeurs, multi-sites) afin de permettre une véritable parallélisation des traitements et ainsi accélérer le processus. On pourrait de même envisager une implémentation sur processeurs graphiques (GPU) offrant une très grande puissance de calcul parallèle à coût réduit. Si leur programmation ne pouvait à l'origine être réalisée que dans des langages de bas niveau, des langages de haut niveau proche du C tel CUDA permettent désormais le développement rapide et structuré profitant de ces architectures massivement parallèles. Le déploiement sur une grille serait contraint par la taille des informations échangées entre agents. Lors d'échange de données de petite taille (par exemple des modèles d'intensité des tissus dans LOCUS-T) cela ne pose pas de problème. Pour des données plus importantes (échange de cartes de probabilités 3-D dans LOCUS-TS) ces échanges peuvent limiter l'efficacité du calcul sur grille.

8.3.1 Synthèse

L'approche de segmentation LOCUS^B offre donc un cadre statistique efficace, original et élégant pour traduire le couplage entre modèles. Il a l'avantage de pouvoir identifier, modéliser et in-

interpréter les interactions entre modèles de manière naturelle, permettant d'intégrer élégamment des extensions pour l'enrichir.



Annexes

Sommaire

| | |
|---|------------|
| A.1 Publications scientifiques | 135 |
| A.1.1 Approche LOCUS | 135 |
| A.1.2 Approche LOCUS ^B | 136 |
| A.2 Estimation des paramètres d'un champ de Markov | 137 |
| A.2.1 Algorithme ICM non supervisé | 137 |
| A.2.2 Algorithme EM | 138 |
| A.3 Description floue de l'anatomie via des relations spatiales | 142 |
| A.3.1 Traduction des relations spatiales en paysages flous | 142 |
| A.3.2 Application à l'anatomie cérébrale : description de huit structures sous-corticales | 144 |
| A.4 Interpolation par krigeage | 146 |
| A.4.1 Interpolation mono-dimensionnelle | 146 |
| A.4.2 Extension au cas multi-dimensionnel | 147 |
| A.4.3 Conclusion | 147 |
| A.5 Conversion 8 bits | 148 |
| A.6 Comparaison des modalités d'imagerie cérébrale | 150 |
| A.6.1 Imagerie anatomique | 150 |
| A.6.2 Imagerie fonctionnelle | 151 |

A.1 Publications scientifiques

A.1.1 Approche LOCUS

L'approche LOCUS a donné lieu à plusieurs publications dans des conférences nationales et internationales, et également à un article de journal; un deuxième article de journal a été soumis dans IEEE Transactions on Medical Imaging et est en cours de révision.

Revue internationale

- B. Scherrer, M. Dojat, F. Forbes, C. Garbay, Agentification of Markov Model Based Segmentation : Application to MRI Brain Scans. Artificial Intelligence in Medicine (AIM). to appear (2008)

Article de conférence avec comité de revue, publié dans les actes

- B. Scherrer, M. Dojat, F. Forbes, C. Garbay, LOCUS : LOcal Cooperative Unified Segmentation of MRI Brain Scans, in the Proceedings of the 10th International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI), Springer-Verlag Berlin, 2007, 219-227
- B. Scherrer, M. Dojat, F. Forbes, C. Garbay, MRF Agent Based Segmentation : Application to MRI Brain Scans, in the Proceedings of the 11th Conference on Artificial Intelligence In Medicine (AIME), Springer-Verlag Berlin, 2007, 13-23
- B. Scherrer, M. Dojat, F. Forbes, C. Garbay, Une Approche SMA pour la Segmentation Markovienne des Tissus et Structures Présents dans les IRM Cérébrales, JETIM, Alger, 2006
- B. Scherrer, M. Dojat, F. Forbes, C. Garbay, Segmentation Markovienne Distribuée et Coopérative des Tissus et Structures Présents dans des IRM Cérébrales, RFIA, Tours, 2006

Résumé accepté dans une conférence

- B. Scherrer, M. Dojat, F. Forbes, C. Garbay, Distributed and Cooperative Markovian Segmentation of Tissues and Structures in MRI Brain Scans, Human Brain Mapping, Florence, 2006

A.1.2 Approche LOCUS^B

L'approche LOCUS^B a donné lieu à une publication à la conférence internationale MICCAI'2008 pour laquelle j'ai remporté le prix *Young Investigator Award* dans la catégorie *Segmentation* ; un article long pour une revue du domaine est en préparation.

Article de conférence avec comité de revue, publié dans les actes

- B. Scherrer, F. Forbes, C. Garbay, M. Dojat, Fully Bayesian Joint Model for MR Brain Scan Tissue and Structure Segmentation, in the Proceedings of the 11th International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI), Springer-Verlag Berlin, 2008, 1066-1074

A.2 Estimation des paramètres d'un champ de Markov

Dans cette annexe nous donnons des détails sur les algorithmes d'estimation des champs de Markov. Comme présenté dans la Section 4.1.3 (page 55), la modélisation markovienne de la segmentation conduit généralement à considérer une distribution *a posteriori* de la forme :

$$p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi) = W_{\Phi_z}^{-1} \exp(-H(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi)) \quad (\text{A.1})$$

avec :

$$H(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi) = \sum_{i \in V} [H(z_i|\Phi_z) - \log p(y_i|z_i, \Phi_y)] .$$

avec \mathbf{z} représentant la segmentation, \mathbf{y} les données observées et $\Phi = \{\Phi_z, \Phi_y\}$ les paramètres du modèle. Pour segmenter une image on se base généralement sur l'estimateur du *Maximum A Posteriori* (MAP) qui consiste à maximiser la distribution *a posteriori* :

$$\hat{\mathbf{z}}_{MAP} = \arg \max_{\mathbf{z}} p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi) ,$$

Dans une approche de segmentation non-supervisée, les paramètres Φ ne sont pas connus et doivent être estimés. Nous présentons dans les deux sections suivantes deux algorithmes couramment utilisés pour calculer le MAP : L'algorithme *Iterated Conditional Modes* (ICM) (Besag, 1986) et les algorithmes de type *Expectation-Maximization* (EM).

A.2.1 Algorithme ICM non supervisé

L'algorithme *Iterated Conditional Modes* (ICM) (Besag, 1986) permet d'approximer l'estimateur du MAP en alternant étiquetage des voxels et estimation des paramètres pour résoudre le problème de la segmentation. Nous détaillons ces deux étapes dans les sections suivantes.

A.2.1.a Etape de segmentation

Le principe de l'étape de segmentation consiste à mettre à jour les pixels de manière itérative et les uns après les autres à partir de l'information contenue dans les observations \mathbf{y} et dans les valeurs courantes \mathbf{z} du champ \mathbf{Z} sur les autres pixels. Ainsi, si $\mathbf{z}^{(r-1)} = (z_1^{(r-1)}, \dots, z_N^{(r-1)})$ représente la configuration des étiquettes à l'itération $(r-1)$, et $\Phi^{(r-1)}$ les paramètres estimés à l'itération $(r-1)$, la classe de chaque pixel z_i est mise à jour à l'itération r par :

$$z_i^{(r)} = \arg \max_{z_i} p\left(z_i \mid Z_{\mathcal{N}(i)}^{(r-1)}, y_i, \Phi^{(r-1)}\right)$$

Le calcul de ces probabilités locales est facile car il ne fait intervenir que les différents états possibles d'un pixel, au lieu de toutes les configurations de l'image comme dans le calcul de l'estimateur du MAP. On décompose avec la règle de Bayes en :

$$\begin{aligned} z_i^{(r)} &= \arg \max_{z_i} \left(p\left(z_i \mid Z_{\mathcal{N}(i)}^{(r-1)}, \Phi_z^{(r-1)}\right) p(y_i|z_i, \Phi_y^{(r-1)}) \right) \\ &= \arg \max_{z_i} \left(\exp\left(-H(z_i \mid Z_{\mathcal{N}(i)}^{(r-1)}, \Phi_z^{(r-1)}) + \log p(y_i|z_i, \Phi_y^{(r-1)})\right) \right) \end{aligned}$$

La nouvelle classe e_i du voxel i est donc donnée par :

$$l = \arg \max_{k=1..K} \left(-H\left(z_i = e_k \mid Z_{\mathcal{N}(i)}^{(r-1)}, \Phi_z^{(r-1)}\right) + \log p(y_i|z_i = e_k, \Phi_y^{(r-1)}) \right) \quad (\text{A.2})$$

On itérant (A.2) pour tous les voxels $i = 1..N$ du volume on obtient $z^{(r)}$ la nouvelle configuration des étiquettes à l'itération r . Lorsque le parcours se fait de manière séquentielle, on peut montrer que la probabilité de la segmentation courante ne décroît jamais. Cette propriété assure la convergence de l'algorithme vers un maximum local de la distribution conditionnelle $p(\mathbf{z}|\mathbf{y}, \Phi)$.

A.2.1.b Etape d'estimation

L'estimation des paramètres à l'étape r se décompose en deux étapes :

Le paramètre Φ_y est mis à jour par maximum de la log-vraisemblance conditionnelle :

$$\Phi_y^{(r)} = \arg \max_{\Phi_y} \log p(\mathbf{y} | \mathbf{z}^{(r)}, \Phi_y)$$

Avec des densité gaussiennes de moyenne μ_k et de variance σ_k^2 la maximisation est réalisée avec les expressions :

$$\mu_k^{(r)} = \frac{\sum_{i=1..N} \langle e_k, z_i^{(r)} \rangle y_i}{\sum_{i=1..N} \langle e_k, z_i^{(r)} \rangle} \quad \text{(A.3)}$$

$$\sigma_k^{(r)} = \frac{\sum_{i=1..N} \langle e_k, z_i^{(r)} \rangle (y_i - \mu_k^{(r)})^2}{\sum_{i=1..N} \langle e_k, z_i^{(r)} \rangle} \quad \text{(A.4)}$$

Le paramètre $\Phi_z = \{\eta\}$ représentant l'influence de la corrélation spatiale dans $H(\mathbf{z} | \Phi_z)$ peut être estimé numériquement. Ils peut aussi être interprété comme l'inverse d'une température T qui décroît pour arriver à l'état stable.

A.2.1.c Algorithme ICM non supervisé

Algorithme

Calculer une segmentation initiale $\mathbf{z}^{(0)}$

$r = 0$

BOUCLE

$r \leftarrow r + 1$

Estimation

Mettre à jour Φ_y : Calcul de $m_k^{(r)}$ et $(\sigma_k^2)^{(r)}$ en fonction de $z^{(r-1)}$ pour tout k avec (A.3) et (A.4).

Mettre à jour Φ_z

Segmentation

Mettre à jour l' étiquette de chaque voxel :

Calcul de $z^{(r)}$ en fonction de $\mu_k^{(r)}$, $\sigma_k^{(r)}$ et $z^{(r-1)}$ avec Equation avec (A.2)

TANTQUE non convergence ALLER A BOUCLE

Le test de convergence peut se baser sur l'étude de l'évolution de la vraisemblance des paramètres au modèle (lorsqu'elle n'évolue plus beaucoup), ou sur le nombre de voxels dont l'étiquette change entre deux étapes de segmentation.

A.2.2 Algorithme EM

A.2.2.a Présentation générale de EM

L'algorithme EM (Dempster et al., 1977) est un algorithme qui vise à calculer une estimation des paramètres par maximum de vraisemblance dans un modèle à données incomplètes (\mathbf{Z}, \mathbf{Y}) . Il cherche à estimer le(s) paramètre(s) pour le(s)quel(s) les données observées sont les plus probables.

Definition A.2.1 Vraisemblance

– Soit \mathbf{y} une réalisation de la loi de densité $p(\mathbf{y} | \Phi)$. On appelle vraisemblance du paramètre Φ la fonction $L(\Phi, \mathbf{y})$ définie par :

$$L(\Phi, \mathbf{y}) = p(\mathbf{y} | \Phi)$$

Dans beaucoup de cas la solution à ce problème n'est pas directement accessible. On préfère s'intéresser à l'estimateur du maximum de vraisemblance complète, pour lequel le couple (\mathbf{z}, \mathbf{y}) est le plus probable sous le modèle $p(\mathbf{z}, \mathbf{y} | \Phi)$.

Definition A.2.2 *Vraisemblance complète*

– Soit (\mathbf{z}, \mathbf{y}) une réalisation de la distribution $p(\mathbf{z}, \mathbf{y} | \Phi)$. On appelle vraisemblance complète du paramètre Φ la fonction $L_c(\Phi, \mathbf{z}, \mathbf{y})$ définie par :

$$L_c(\Phi, \mathbf{z}, \mathbf{y}) = p(\mathbf{z}, \mathbf{y} | \Phi)$$

Le passage au logarithme permettant de simplifier les calculs, l'estimateur du maximum de log-vraisemblance complète est :

$$\Phi^{MVC} = \arg \max_{\Phi} \log(L_c(\Phi, \mathbf{z}, \mathbf{y}))$$

Les données \mathbf{z} n'étant pas disponibles dans un problème à données manquantes, on remplace la log-vraisemblance complète du paramètre Φ par son espérance conditionnellement aux données observées. L'algorithme EM consiste alors en la maximisation itérative de la fonction Q définie à l'itération r par :

$$\begin{aligned} Q(\Phi | \Phi^{(r)}) &= \mathbb{E}[\log L_c(\Phi, \mathbf{Z}, \mathbf{y}) | \mathbf{Y} = \mathbf{y}, \Phi^{(r)}] \\ &= \mathbb{E}[\log p(\mathbf{Z}, \mathbf{y} | \Phi) | \mathbf{Y} = \mathbf{y}, \Phi^{(r)}] \end{aligned} \quad \text{(A.5)}$$

L'idée est en fait de maximiser à chaque itération des approximations locales successives de la vraisemblance. L'algorithme EM général est alors le suivant :

(1) **Initialisation**

Commencer avec une première valeur $\Phi^{(0)}$ de Φ ,

(2) **Maximisation itérative de $Q^{(r)}$**

– Etape E (Expectation) : Calcul de $Q(\Phi | \Phi^{(r)})$

– Etape M (Maximization) : Mise à jour des paramètres par $\Phi^{(r)} = \arg \max_{\Phi} Q(\Phi | \Phi^{(r-1)})$

On peut montrer que ce schéma fournit une séquence de paramètres estimés $\{\Phi^{(r)}\}_{r \in \mathbb{N}}$ qui augmente la vraisemblance $L(\Phi, \mathbf{y}) = p(\mathbf{y} | \Phi)$ à chaque itération (Wu, 1983), prouvant la convergence de l'algorithme sous certaines conditions.

A.2.2.b Application à l'estimation des paramètres d'un champ de Markov

Avec une modélisation markovienne de type (A.1), on a à l'itération r avec la règle de Bayes :

$$\begin{aligned} Q(\Phi | \Phi^{(r)}) &= \mathbb{E}[\log p(\mathbf{y} | \mathbf{Z}, \Phi_y) | \mathbf{y}, \Phi^{(r)}] + \mathbb{E}[\log p(\mathbf{Z} | \Phi_z) | \mathbf{y}, \Phi^{(r)}] \\ &= \sum_{i \in V} \sum_{z_i} p(z_i | \mathbf{y}, \Phi^{(r)}) \log p(y_i | z_i, \Phi_y) - \log W(\eta) - \sum_c \sum_{\mathbf{z}_c} U_c(\mathbf{z}_c | \eta) p(\mathbf{z}_c | \mathbf{y}, \Phi^{(r)}). \end{aligned}$$

On peut alors réécrire Q sous la forme de deux termes, l'un dépendant seulement de Φ_z et l'autre seulement de Φ_y :

$$\begin{aligned} Q(\Phi | \Phi^{(r)}) &= Q(\Phi_y | \Phi^{(r)}) + Q(\Phi_z | \Phi^{(r)}) \\ \text{avec} \quad \begin{cases} Q(\Phi_y | \Phi^{(r)}) &= \sum_{i \in V} \sum_{z_i} p(z_i | \mathbf{y}, \Phi^{(r)}) \log p(y_i | z_i, \Phi_y) \\ Q(\eta | \Phi^{(r)}) &= -\log W(\eta) - \sum_c \sum_{\mathbf{z}_c} V_c(\mathbf{z}_c | \eta) p(\mathbf{z}_c | \mathbf{y}, \Phi^{(r)}). \end{cases} \end{aligned}$$

On peut donc maximiser $Q(\Phi | \Phi^{(r)})$ en maximisant successivement $Q(\Phi_y | \Phi^{(r)})$ puis $Q(\Phi_z | \Phi^{(r)})$. Dans ces expressions la fonction de partition $W(\eta)$ et les probabilités conditionnelles $p(z_i | \mathbf{y}, \Phi^{(r)})$ et $p(\mathbf{z}_c | \mathbf{y}, \Phi^{(r)})$ ne sont pas calculables directement. L'introduction des dépendances spatiales dans le modèle markovien entraîne une explosion combinatoire dans le calcul de ces termes. Le calcul exact de EM n'est pas possible et il est nécessaire de faire des approximations.

Celeux et al. (2003) ont proposé différents types d'approximations basés sur le principe de Champ Moyen. Le principe consiste à se ramener à chaque itération à un système de variables aléatoires indépendantes en fixant la valeur du champ dans le voisinage de chaque pixel à une constante $\tilde{Z}_{\mathcal{N}(i)}^{(r)}$. Ce système de variables indépendantes est alors beaucoup plus facile à manipuler. Cette constante n'est pas arbitraire mais satisfait certaines propriétés de cohérence. En particulier, les algorithmes *champ moyen*, *champ modal* et *champ simulé* proposés par Celeux et al. (2003) sont issus de trois manières différentes de fixer la constante. Ces approximations conduisent à des algorithmes d'estimation aussi simples à mettre en œuvre que pour les modèles de mélanges indépendants tout en préservant l'information spatiale et en préservant les bonnes propriétés de EM.

Pour ces trois algorithmes la constante $\tilde{z}_i^{(r)}$ est fixée pour chaque voxels à (voir Peyrard (2001); Celeux et al. (2003) pour plus de détails) :

Champ modal :

$$\tilde{z}_i^{(r)} = \arg \max_{z_i} \left[\exp \left(-H(z_i | Z_{\mathcal{N}(i)}^{(r-1)}, \Phi_z^{(r-1)}) + \log p(y_i | z_i = e_k, \Phi_y^{(r-1)}) \right) \right]$$

Champ moyen :

$$\tilde{z}_i^{(r)} = \frac{\sum_{z_i=\{e_1, \dots, e_K\}} z_i \exp \left(-H(z_i = e_k | \tilde{Z}_{\mathcal{N}(i)}^{(r-1)}, \Phi_z^{(r-1)}) + \log p(y_i | Z_i = e_k, \Phi_y^{(r-1)}) \right)}{\sum_{z_i=\{e_1, \dots, e_K\}} \exp \left(-H(z_i = e_k | \tilde{Z}_{\mathcal{N}(i)}^{(r-1)}, \Phi_z^{(r-1)}) + \log p(y_i | Z_i = e_k, \Phi_y^{(r-1)}) \right)}$$

Champ simulé : $\tilde{z}_i^{(r)}$ est obtenu en simulant la loi $p(z_i | \tilde{Z}_{\mathcal{N}(i)}^{(r-1)}, y_i)$:

i. Pour $i \in V$ et $k = 1..K$ on calcule :

$$p_{ik} = \frac{\exp \left(-H(z_i = e_k | \tilde{Z}_{\mathcal{N}(i)}^{(r-1)}, \Phi_z^{(r-1)}) + \log p(y_i | Z_i = e_k, \Phi_y^{(r-1)}) \right)}{\sum_{z'_i} \exp \left(-H(z'_i = e_k | \tilde{Z}_{\mathcal{N}(i)}^{(r-1)}, \Phi_z^{(r-1)}) + \log p(y_i | Z_i = e_k, \Phi_y^{(r-1)}) \right)}$$

ii. Le résultat de la simulation d'une loi binomiale $\mathcal{B}(p_{i1}, \dots, p_{iK})$ donne $\tilde{z}_i^{(r)}$.

En pratique :

$$H(z_i | \tilde{Z}_{\mathcal{N}(i)}^{(r-1)}, \Phi_z^{(r-1)}) = \langle z_i, v_i \rangle + \eta \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \langle z_i, \tilde{z}_j^{(r-1)} \rangle$$

Algorithme

Initialiser les \tilde{z}_i à $1/K$

Calculer une première estimation $\mathbf{z}^{(0)}$

$\mathbf{r} = 0$

BOUCLE

$r \leftarrow r + 1$

Etape (E)

Fixer la valeur du champ dans le voisinage à une constante $\tilde{z}_{\mathcal{N}(i)}^{(q)}$

Calcul de :

$$P_{\tilde{z}^r}(z_i = e_k | y_i, \Phi^{(r-1)}) \propto \frac{\exp\left(-\alpha_k + \eta \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \langle e_k, \tilde{z}_j^{(r)} \rangle\right)}{\sum_{l=1..K} \exp\left(-\alpha_l + \eta \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \langle e_l, \tilde{z}_j^{(r)} \rangle\right)} p(y_i | Z_i = e_k, \Phi_y^{(r-1)})$$

Etape (M)

Mettre à jour Φ_y : Calcul de $m_k^{(r)}$ et $(\sigma_k^2)^{(r)}$ en fonction de $\tilde{z}^{(r-1)}$ pour tout k :

$$\begin{aligned} \mu_k^{(r)} &= \frac{\sum_{i=1..N} y_i P_{\tilde{z}^r}(z_i = e_k | y_i, \Phi^{(r-1)})}{\sum_{i=1..N} P_{\tilde{z}^r}(z_i = e_k | y_i, \Phi^{(r-1)})} \\ \sigma_k^{(r)} &= \frac{\sum_{i=1..N} (y_i - \mu_k^{(r)})^2 P_{\tilde{z}^r}(z_i = e_k | y_i, \Phi^{(r-1)})}{\sum_{i=1..N} P_{\tilde{z}^r}(z_i = e_k | y_i, \Phi^{(r-1)})} \end{aligned}$$

Mettre à jour Φ_z

TANTQUE non convergence ALLER A BOUCLE

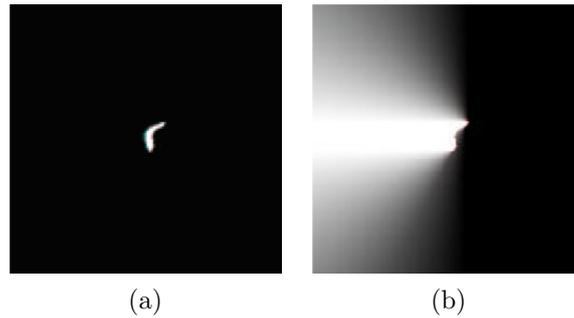


FIG. A.1 – Illustration d’une relation spatiale « à gauche de » : l’image (a) montre la structure de référence (R), et l’image (b) le paysage flou correspondant à la relation « à gauche de (R) ». Sur cette image, le blanc traduit une forte possibilité de vérifier la relation spatiale et le noir une possibilité nulle.

A.3 Description floue de l’anatomie via des relations spatiales

Dans l’approche LOCUS les structures sous-corticales sont segmentées via l’introduction d’une description floue de l’anatomie cérébrale, construite à partir de relations spatiales stables entre les structures. Les relations spatiales sont des relations binaires entre une structure de référence (R) et une structure cible (C). Par exemple : « le putamen (C) est à environ 20mm du ventricule latéral (R) ». Le caractère imprécis de la connaissance est issu à la fois de l’imprécision des informations anatomiques fournies par le médecin et de la variabilité interindividuelle. Le cadre bayésien, qui exprime davantage la notion d’incertitude, n’est pas approprié pour exprimer cette connaissance. Traditionnellement, on distingue deux types d’approches pour traduire l’information apportée par des relations spatiales :

- Les approches quantitatives, souvent liées à la logique formelle et à l’inférence et difficilement intégrables dans un domaine numérique.
- Les approches qualitatives, plutôt liées à la logique floue.

Ces dernières approches permettent d’exprimer numériquement la possibilité d’appartenance à une structure en chaque voxel grâce à la construction de cartes 3D baptisées « cartes floues » ou « paysages flous » (Bloch, 1999) (voir Figure A.1). On peut considérer trois types de relations spatiales :

- des relations de distance, qui visent à contraindre la position de la structure (C) selon une distance par rapport à la structure (R). Elles sont de la forme : « (C) est à une distance {d’environ, supérieure à, inférieure à} D mm de (R) »,
- des relations d’orientation, qui visent à contraindre la position de la structure (C) dans la direction D par rapport à la structure (R),
- et des relations de symétrie, afin de prendre en compte la semi-symétrie du cerveau.

Nous décrivons dans la section suivante comment traduire la connaissance des relations spatiales en paysages flous.

A.3.1 Traduction des relations spatiales en paysages flous

- **Relation de distance.**

Bloch (1999) a proposé un calcul en deux étapes du paysage flou d’une relation de distance (voir Figure A.2) :

- Calcul d’une carte de distance à l’objet (R). On peut utiliser la distance euclidienne ou pour accélérer les calculs la distance de chanfrein.

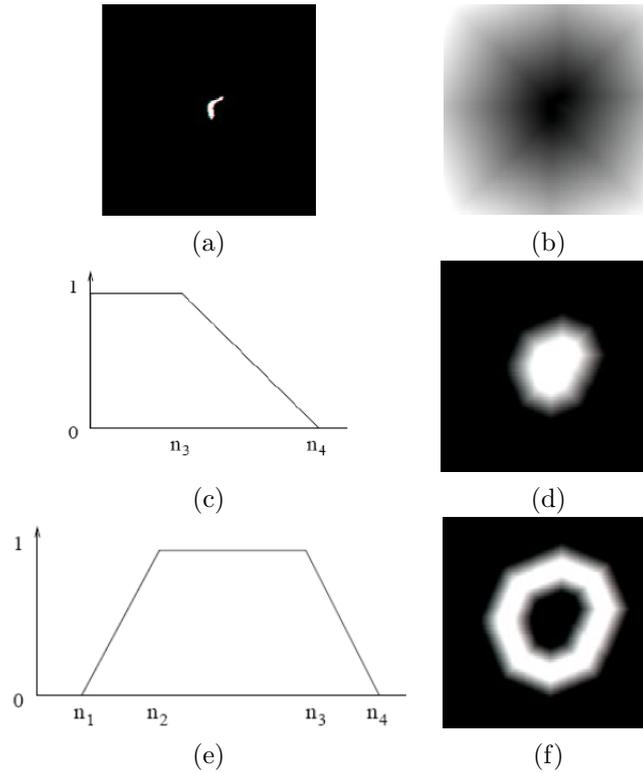


FIG. A.2 – Construction du paysage flou d’une relation spatiale de distance : à partir de l’image de référence (image a), calcul de la distance de chanfrein (image b) puis fuzzyfication. L’image (c) illustre une fonction trapèze traduisant la relation « à moins de D mm » et l’image (d) la carte floue correspondante. L’image (e) illustre une fonction trapèze traduisant la relation « à environ D mm » et l’image (f) la carte floue correspondante.

- « Fuzzyfication » de la carte de distance avec une fonction d’appartenance. Colliot et al. (2006) utilisent une fonction trapèze définie par quatre paramètres $0 \leq n_1 \leq n_2 \leq n_3 \leq n_4$, $[n_1, n_4]$ étant le support et $[n_2, n_3]$ le noyau.

- **Relation d’orientation.**

Ce type de relation s’exprime dans un repère de référence qu’il faut déterminer. Barra et Boire (2001) utilisent le repère de Talairach. Colliot et al. (2006) ont eux proposé un calcul efficace du plan inter-hémisphérique par analyse des symétries sur l’image sur lequel ils basent leur repère de référence. Bloch (1999) a suggéré une méthode basée sur la morphologie mathématique pour le calcul de la distribution de possibilité modélisant cette relation : le paysage flou est obtenu par dilatation sur (R) d’un élément structurant représentant la direction D . Un calcul équivalent en deux étapes a aussi été proposé :

- pour tout voxel i , on mesure l’angle minimal à la structure de référence (R) selon la direction D (voir Figure A.3(a)) :

$$\theta_i = \begin{cases} 0 & \text{si } i \in R \\ \min_{r \in R} \left[\arccos \left(\frac{\vec{r} \cdot \vec{D}}{\|\vec{r}\| \|\vec{D}\|} \right) \right] & \text{sinon} \end{cases}$$

- « fuzzification » de la carte d’angle minimaux avec une fonction décroissante de $[0, \pi]$ vers $[0, 1]$. Colliot et al. (2006) utilisent par exemple la fonction f définie par :

$$f(\theta_i) = \begin{cases} 0 & \text{si } i \in R \\ \max \left(0, 1 - \frac{2\theta_i}{\pi} \right) & \text{sinon} \end{cases}$$

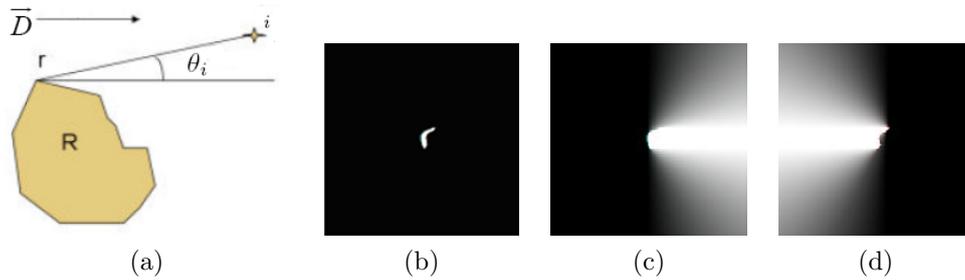


FIG. A.3 – Construction du paysage flou d’une relation spatiale d’orientation. L’image (a) illustre le calcul de l’angle minimal selon une direction D . L’image (b) montre une image de référence, et les images (c) et (d) respectivement les paysages flous correspondant aux relations « à droite de » et « à gauche de ».

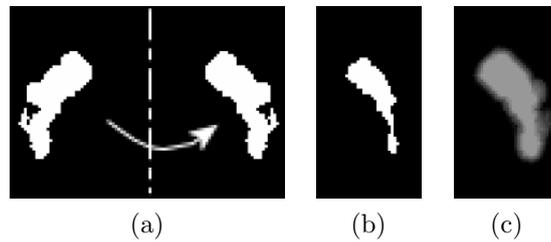


FIG. A.4 – Construction du paysage flou d’une relation spatiale de symétrie en trois étapes : calcul du symétrique (image a), érosion (image b) et calcul d’une relation de distance (image c).

• **Relation de symétrie.**

- Le paysage flou d’une relation spatiale de symétrie est calculé en trois étapes (voir Figure A.4) :
- calcul du symétrique de la segmentation de référence par rapport à l’axe de symétrie,
 - érosion de la carte obtenue,
 - calcul d’une relation de distance relative à l’érosion.

A.3.2 Application à l’anatomie cérébrale : description de huit structures sous-corticales

Nous décrivons dans cette section la description floue de l’anatomie cérébrale utilisée dans notre approche LOCUS. Comme pointé dans la Section 3.5.2.b, la segmentation d’une « structure racine » est nécessaire pour démarrer la construction de la connaissance anatomique. Nous considérons le système ventriculaire qui présente un bon contraste (gris-noir sur une image pondérée T1) et a la caractéristique d’être la deuxième plus grande composante de LCR dans l’anatomie cérébrale (Barra et Boire, 2001; Colliot et al., 2006). Le système ventriculaire est alors segmenté à partir de la segmentation du liquide céphalo-rachidien et d’opérateurs de morphologie mathématiques.

La segmentation de cette première structure permet ensuite la construction des paysages flous des relations spatiales décrivant les autres structures. Les précisions suivantes détaillent la description de l’anatomie pour les huit structures segmentées dans LOCUS. Les relations avec le caractère ^{*} représentent les relations indispensables pour démarrer la segmentation de la structure cible, les autres étant définie seulement pour raffiner la connaissance via les mécanismes de coordination entre agents.

• **Cornes frontales gauche (resp. droite).**

- ^{*} à moins de 1mm du système ventriculaire,

- * dans une position postérieure au plan $Y = 0$ dans le repère de Talairach,
- * dans une position gauche (resp. droite) par rapport au plan inter-hémisphérique ($X = 0$).
- **Noyau caudé gauche (resp. droit).**
 - * environ à moins de 5mm de la corne frontale gauche (resp. droite),
 - * dans une orientation antérieure gauche (resp. droite) par rapport à la corne frontale gauche (resp. droite),
 - symétrique par rapport au noyau caudé droit (resp. gauche).
- **Putamen gauche (resp. droit).**
 - * à environ 20mm du système ventriculaire,
 - * dans une orientation inférieure gauche (resp. droite) par rapport à la corne frontale gauche (resp. droite),
 - symétrique par rapport au putamen droit (resp. gauche),
 - à plus de 2mm du liquide céphalo-rachidien,
 - à plus de 9mm de la corne frontale gauche (resp. droite).
- **Thalamus gauche (resp. droit).**
 - * à moins de 55mm de la frontale gauche (resp. droite),
 - * dans une orientation antérieure par rapport à la corne frontale gauche (resp. droite),
 - symétrique par rapport au thalamus droit (resp. gauche),
 - à plus de 1mm du noyau caudé gauche (resp. droite),
 - à plus de 1mm du putamen gauche (resp. droite).

A.4 Interpolation par krigeage

Nous présentons dans cette section la méthode utilisée pour interpoler les paramètres des modèles d'intensité en chaque voxel : l'interpolation par krigeage.

L'origine du krigeage remonte à Krige (1951), ingénieur minier sud-africain. Le terme krigeage et le formalisme de cette méthode ont été développés par la suite par Matheron (1963). Le krigeage à l'origine a été introduit pour répondre aux besoins de la prospection minière, servant notamment à reconstituer la position d'un filon de minerai à partir des concentrations obtenues par forage.

Le krigeage généralise un certain nombre de méthodes d'interpolation et s'étend très facilement aux cas multi-dimensionnels. C'est en particulier la première méthode d'interpolation spatiale à avoir pris en compte la dépendance spatiale des données. Il repose sur des bases statistiques formelles (Matheron, 1963). Nous présentons ici une formulation simplifiée de la méthode de krigeage.

A.4.1 Interpolation mono-dimensionnelle

L'interpolation est un problème classique d'estimation d'une fonction $f(x)$ à partir de N valeurs connues de f : $\{(x_i, f(x_i)), i \in [1..N]\}$. La méthode par krigeage consiste à calculer un vecteur ${}^t(b_1, \dots, b_N, a_1, a_2)$ solution du système linéaire :

$$\left[\begin{array}{cccc|cc} K_{11} & K_{12} & \dots & K_{1N} & 1 & x_1 \\ K_{21} & K_{22} & \dots & K_{2N} & 1 & x_2 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \vdots \\ K_{N1} & K_{N2} & \vdots & K_{NN} & 1 & x_N \\ \hline 1 & 1 & \dots & 1 & 0 & 0 \\ x_1 & x_2 & \dots & x_N & 0 & 0 \end{array} \right] \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_N \\ a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} f(x_1) \\ f(x_2) \\ \vdots \\ f(x_N) \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad (\text{A.6})$$

qui peut être représenté sous forme matricielle :

$$\begin{bmatrix} K & A \\ {}^tA & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{f} \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{ou} \quad L \cdot \begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{f} \\ 0 \end{bmatrix} \quad (\text{A.7})$$

avec :

$$\mathbf{b} = (b_1, \dots, b_N) \quad , \quad \mathbf{a} = (a_1, a_2) \quad , \quad \mathbf{f} = (f(x_1), \dots, f(x_N))$$

$$K = \begin{bmatrix} K_{11} & K_{12} & \dots & K_{1N} \\ K_{21} & K_{22} & \dots & K_{2N} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ K_{N1} & K_{N2} & \vdots & K_{NN} \end{bmatrix} \quad , \quad A = \begin{bmatrix} 1 & x_1 \\ 1 & x_2 \\ \vdots & \vdots \\ 1 & x_N \end{bmatrix} \quad , \quad L = \begin{bmatrix} K & A \\ {}^tA & 0 \end{bmatrix}$$

Les coefficients K_{ij} sont construits à partir d'une fonction h qui varie selon la distance entre les abscisses x_i et x_j :

$$K_{ij} = h(|x_i - x_j|)$$

Le choix de la fonction h détermine les propriétés de la courbe de krigeage. La résolution du système (A.7) permet calculer la fonction de krigeage :

$$u(x) = \sum_{j=1}^N b_j h(|x - x_j|) + a_1 + a_2 x$$

qui est une fonction interpolatrice de f (Fortin, 2001).

On décompose $u(x)$ en deux termes : le premier, $a_1 + a_2x$ est appelée la *dérive*, qui dans le cas général peut aussi être un polynôme de degré k (en modifiant le système (A.7)). Le second terme $\sum_{j=1}^N b_j h(|x - x_j|)$ est appelée *fluctuation aléatoire*. La dérive peut s'interpréter comme une première approximation du comportement général de la fonction $f(x)$ à interpoler. La fluctuation aléatoire est une correction de la dérive permettant à la courbe de passer par les points d'interpolation.

Le choix de la fonction h n'est pas arbitraire et doit vérifier certaines propriétés. En particulier, $h(\alpha) = \alpha$ correspond à réaliser une interpolation par splines linéaires de f , et $h(\alpha) = \alpha^3$ correspond à réaliser une interpolation par splines cubiques (Fortin, 2001).

A.4.2 Extension au cas multi-dimensionnel

Le krigeage s'étend facilement en plusieurs dimensions. Par exemple, en considérant N points $\{(p_i, f(p_i)), i \in [1..N]\}$ dans l'espace tels que $p_i = (x_i, y_i, z_i)$, il suffit de considérer le système :

$$\left[\begin{array}{cccc|cccc} K_{11} & K_{12} & \dots & K_{1N} & 1 & x_1 & y_1 & z_1 \\ K_{21} & K_{22} & \dots & K_{2N} & 1 & x_2 & y_1 & z_1 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ K_{N1} & K_{N2} & \vdots & K_{NN} & 1 & x_N & y_1 & z_1 \\ \hline 1 & 1 & \dots & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ x_1 & x_2 & \dots & x_N & 0 & 0 & 0 & 0 \\ y_1 & y_2 & \dots & y_N & 0 & 0 & 0 & 0 \\ z_1 & z_2 & \dots & z_N & 0 & 0 & 0 & 0 \end{array} \right] \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_N \\ a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} f(p_1) \\ f(p_2) \\ \vdots \\ f(p_N) \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad (\text{A.8})$$

La fonction de krigeage s'écrit alors avec :

$$u(p) = \sum_{j=1}^N b_j h(\|p - p_j\|) + a_1 + \langle^t [a_2, a_3, a_4], p \rangle,$$

où $\|\cdot\|$ désigne une norme (la norme euclidienne par exemple). La fonction $h(\alpha) = \alpha^2 \log \alpha$ correspond alors à l'interpolation par splines cubiques en dimension 3 (Fortin, 2001).

A.4.3 Conclusion

La technique de krigeage est particulièrement adaptée pour l'interpolation 3-D des modèles d'intensités en chaque voxel. Il suffit de calculer une seule fois une décomposition LU de la matrice L . La résolution des systèmes linéaires pour calculer les coefficients b_1, \dots, b_N et a_1, \dots, a_4 pour les moyennes et les variances est alors directe et efficace. Une fois le système résolu, il suffit de calculer les valeurs des moyennes ou des variances en chaque voxel via la fonction $u(x)$.

On remarque que la diagonale de la matrice R est généralement nulle. On peut faciliter le calcul numérique de la décomposition LU en ajoutant une constante à $h(\alpha)$, qui ne modifie pas la solution du système.

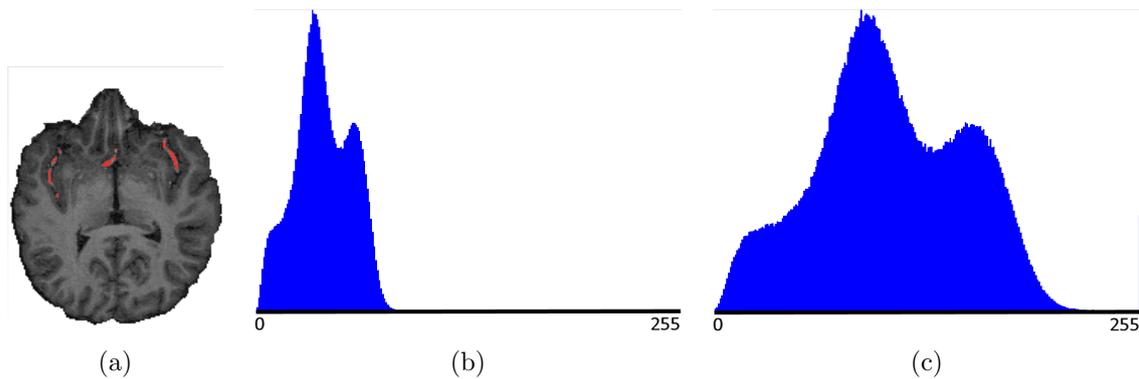


FIG. A.5 – L'image (a) montre une acquisition pondérée T1 avec en rouge des voxels du système sanguin cérébral. L'image (b) montre l'histogramme résultant lorsqu'on ré-échantillonne l'image de $[0, \mathbf{y}^{max}]$ vers $[0, 255]$. L'image (c) montre l'histogramme résultant lorsqu'on ré-échantillonne l'image avec un seuil inférieur à \mathbf{y}^{max} .

A.5 Conversion 8 bits

Nous soulevons dans cette section deux problèmes rarement abordés lors de la conversion 8 bits : celui de la destruction d'information pertinente, et celui du ré-échantillonnage non uniforme, faisant apparaître des bandes de fréquence constante dans l'image convertie.

On considère une image 16 bits (ou plus) \mathbf{y} dont les intensités sont dans l'intervalle $[0, \mathbf{y}^{max}]$. La conversion 8 bits vise à ramener les intensités de l'intensité $[0, \mathbf{y}^{max}]$ dans l'intervalle dans $[0, 255]$ pour calculer l'image $\tilde{\mathbf{y}}$. Une transformation linéaire est alors généralement utilisée pour ce ré-échantillonnage : le niveau gris \tilde{y}_i du voxel i de l'image 8 bits est calculée par :

$$\tilde{y}_i = \left\lceil \frac{255}{\mathbf{y}^{max}} y_i \right\rceil,$$

avec $\lceil \cdot \rceil$ désignant l'arrondi par excès.

Problème de destruction d'information pertinente.

Les voxels contenant du sang sont généralement peu nombreux mais présentent une intensité beaucoup plus grande que tous les tissus sur une acquisition pondérée T1. La valeur de \mathbf{y}^{max} est donc généralement beaucoup plus élevée que la « vraie » valeur maximum des intensités des tissus liquide céphalo-rachidien, matière grise et matière blanche.

Lorsque l'on ramène l'intervalle de l'image d'origine $[0, \mathbf{y}^{max}]$ dans $[0, 255]$, on détruit une partie de l'information pertinente : la partie de l'histogramme correspondant aux trois tissus est « tassée » (voir Figure A.5.b), et leur description est donc moins fine. Il est donc préférable de déterminer un seuil τ^{max} ne prenant pas en compte les intensités du sang, et ramener les intensités $[0, \tau^{max}]$ dans $[0, 255]$. L'histogramme de l'image convertie conserve alors toute l'information sur la description des trois tissus (voir Figure A.5.c). Ce seuil peut être fixé manuellement ou déterminé de manière automatique. On peut par exemple estimer avec un EM à 3 classes robuste aux outliers (les voxels du sang) les modes des trois tissus, puis fixer le seuil à $\tau^{max} = \mu_{MB} + 5\sigma_{MB}$.

Un effet de bord est l'apparition d'un pic sur l'image convertie (voir Figure A.5.c), correspond à tous les voxels du sang dont l'intensité a été ramenée à 255. Il est alors préférable que les algorithmes ne prennent pas en compte cette dernière valeur.

| Intensités y_i sur l'image originale | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 |
|--|---|---|----------|----------|---|---|----------|----------|---|----|----------|----------|
| Transformation linéaire avec $\lceil 255/350 y_i \rceil$ | 1 | 2 | 3 | 3 | 4 | 5 | 6 | 6 | 7 | 8 | 9 | 9 |
| Transformation linéaire avec $\lceil 255/510 y_i \rceil$ | 1 | 1 | 2 | 2 | 3 | 3 | 4 | 4 | 5 | 5 | 6 | 6 |

TAB. A.1 – Illustration de l'effet de bord produit avec une transformation linéaire des intensités ne vérifiant pas $\frac{255}{255k}$ (avec $k \in \mathbb{N}$). Les chiffres en rouge sur la deuxième ligne pointent les valeurs qui ont une double contribution dans l'histogramme de l'image convertie. La troisième ligne montre la linéarité de l'échantillonnage avec $\frac{255}{2 \times 255}$

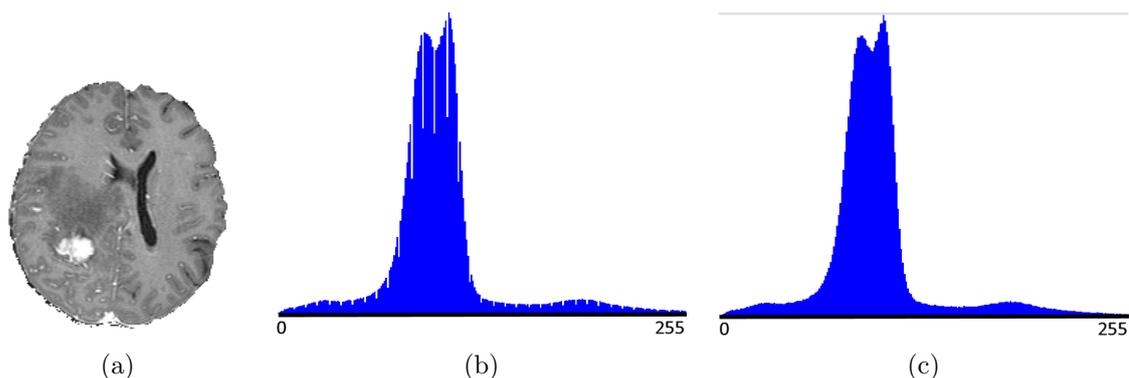


FIG. A.6 – L'image (a) montre une acquisition pondérée T1 d'une IRM pathologique. L'image (b) montre l'histogramme résultant lorsque l'on ramène les intensité de $[0, \tau^{max}]$ dans $[0, 255]$ avec τ^{max} quelconque. L'image (c) montre l'histogramme résultant lorsque τ^{max} est un multiple de 255.

Problème du ré-échantillonnage non uniforme.

Si la valeur de τ^{max} n'est pas un multiple de 255, l'histogramme de l'image convertie va comporter des « bandes » de fréquence constante. En effet le ré-échantillonnage n'est pas uniforme (voir exemple dans la Table A.1, avec $\tau^{max} = 350$) : certaines intensités de l'image d'origine contribuent davantage pour une même intensité dans l'histogramme de l'image convertie. Cet effet de bord peut perturber certains algorithmes et il est nécessaire de prendre des précautions. Une solution est de choisir le multiple de 255 le plus proche et plus grand que τ^{max} , assurant alors un ré-échantillonnage uniforme :

$$\tilde{y}_i = \frac{255}{255 * \lceil \tau^{max}/255 \rceil} y_i .$$

A.6 Comparaison des modalités d'imagerie cérébrale

A.6.1 Imagerie anatomique

L'imagerie anatomique (ou structurelle) permet d'observer les différentes parties de l'anatomie cérébrale. Elle peut ainsi permettre d'étudier la taille des différentes structures, leur volume, leur localisation. Elle permet aussi d'évaluer la présence d'une éventuelle lésion. Chaque technique explore le cerveau de façon différente et peut s'utiliser seule ou en complément d'une ou de plusieurs autres techniques.

Le CT-scan (Computerized Tomography), ou Scanner X (1972, G. Hounsfield), produit une image à partir du balayage d'un faisceau de rayons X et de la mesure de l'atténuation des rayons après leur passage dans le corps. Il est possible d'injecter un produit de contraste pour faire ressortir certains tissus. Ce produit a la propriété de fortement absorber les rayons X, rendant visible les tissus où il est présent. En particulier, on peut faire ressortir les vaisseaux sanguins (Angiographie, CTA).

Le CT-scan a l'avantage d'un coût réduit et permet d'obtenir des images de bonne résolution spatiale (de l'ordre du millimètre), avec des temps d'acquisitions courts (5s à 30s par image). Il est surtout adapté à l'étude des structures osseuses ou au diagnostic de certaines lésions, mais ne permet pas l'observation fine des différents tissus. La multiplication d'examen peut être néfaste car l'examen est irradiant, et l'introduction d'un produit de contraste n'est pas toujours sans effets secondaires.

L'ultrasonographie (ou échographie) repose sur le principe que les ondes sonores sont propagées et se réfléchissent de manière différente selon les propriétés acoustiques des tissus traversés. L'examen consiste à émettre des ultrasons dans les tissus et à mesurer le signal réfléchi pour reconstruire l'image.

L'équipement nécessaire est de faible coût et souvent portable. L'examen est rapide (même temps réel) et quasiment sans danger. Cependant, la qualité des images n'est pas très bonne (contraste médiocre, et bruit speckle, qui donne un fort grain à l'image).

L'IRM anatomique (Imagerie à résonance magnétique, 1973, Paul Lauterbur et Peter Mansfield) repose sur les propriétés magnétiques des noyaux des atomes d'hydrogène que l'on étudie grâce à un champ magnétique et une onde radiofréquence (une description plus complète est présentée dans la Section 2.3). On peut selon les paramètres de l'acquisition obtenir différentes modalités d'image pour observer différentes caractéristiques de l'anatomie, et ce de manière complètement non invasive : modalités T1, T2, Flair, Diffusion... Un produit de contraste peut aussi être injecté comme du gadolinium.

L'image obtenue est de bonne résolution (de l'ordre du mm), avec des temps d'acquisitions de 1min à 25min. L'examen IRM fournit de bons contrastes pour les tissus mous. En particulier, c'est l'examen non invasif qui permet le mieux d'observer les structures corticales et sous-corticales (présentées dans la Section 2.1.3). Cependant, l'examen est particulièrement inconfortable (bruit sonore important), ne permet pas d'imager les tissus durs et a un coût élevé.

L'imagerie du tenseur de diffusion (DTI, Basser, 1993) est une extension récente de l'IRM de diffusion. Elle permet de quantifier les directions principales de diffusion (diffusion privilégiée) des molécules d'eau dans les tissus. En particulier, elle permet d'observer la position et l'orientation des faisceaux de matière blanche (axones des neurones) du cerveau, permettant d'approcher une cartographie des principales connexions du cerveau.

A.6.2 Imagerie fonctionnelle

L'imagerie fonctionnelle permet d'étudier l'activité cérébrale, et donc de mettre en évidence des mécanismes du fonctionnement cérébral. Si elle a ouvert des perspectives totalement nouvelles en recherche fondamentale sur le fonctionnement du cerveau, elle a aussi révolutionné le diagnostic et les interventions cliniques. Les informations fonctionnelles sont en effet indispensables en l'absence d'anomalie anatomique, ou pour statuer sur l'état pathologique d'une anomalie anatomique. Elle facilite aussi le planning opératoire en neurochirurgie, pour localiser des zones à préserver lors d'opérations et maintenir chez le patient telle ou telle fonction.

L'électro-encéphalogramme (EEG, H. Berger, 1929) est la plus ancienne technique d'exploration de l'activité cérébrale. Des électrodes à la surface du crâne enregistrent les signaux électriques transmis par le cerveau (d'un ordre de quelques microvolts). Ceux-ci reflètent la transmission de l'information entre les neurones, au niveau des synapses. L'EEG permet une bonne résolution temporelle (de l'ordre de la milliseconde) et une résolution spatiale moyenne (de l'ordre de quelques millimètres).

La magnéto-encéphalographie (MEG, Cohen, 1970's) mesure les champs magnétiques (d'un ordre de grandeur de 10^{-13} Tesla) induits par l'activité électrique des neurones du cerveau. Les champs magnétiques induits étant très faibles, il est nécessaire que l'activité électrique de plusieurs milliers de neurones soit synchrone pour qu'un signal soit mesuré. Les résolutions spatiales et temporelles sont proches de celles de l'EEG.

La tomographie à émission de positons (TEP, 1970's) est une modalité d'imagerie nucléaire invasive qui requiert l'injection d'une substance faiblement radioactive (un traceur) qui émet des positons (électrons positifs). Le traceur radioactif peut être choisi pour se fixer sur une molécule d'eau (pour l'observation du débit sanguin), sur une molécule proche du glucose (pour la mesure de consommation de glucose dans le cerveau), etc. Une caméra mesure alors le rayonnement émis par le traceur, permettant de reconstruire une image en trois dimensions. La résolution spatiale est limitée (de l'ordre de 2 à 5mm), pour des temps d'acquisitions de 10 à 30min. La vie des traceurs radioactifs étant courte, un imageur TEP nécessite la proximité d'un Cyclotron, rendant l'installation extrêmement lourde et coûteuse.

La tomographie d'émission monophotonique (TEMP, ou SPECT, 1977) est aussi une modalité d'imagerie nucléaire mais utilise des isotopes radioactifs qui émettent des photons gamma, détectés par des gamma-caméras. Les imageurs TEMP ne nécessitent pas de Cyclotron à proximité, et utilisent des caméras beaucoup plus simples techniquement et moins coûteuses que les caméras utilisées en TEP.

IRM fonctionnelle (1990's) est une technique non invasive de mesure indirecte de l'activation cérébrale. Son principe repose sur l'effet BOLD (Blood Oxygenation Level Dependent). L'activité des neurones dans une zone entraîne une consommation d'oxygène localement, ayant pour conséquence une augmentation locale du débit sanguin apportant l'oxygène (réponse hémodynamique). L'augmentation du débit étant plus importante que la consommation d'oxygène, on observe une augmentation relative d'oxyhémoglobine par rapport à la déoxyhémoglobine dans les zones activées. Cette différence de concentration entre deux molécules aux propriétés différentes (oxyhémoglobine : diamagnétique ; déoxyhémoglobine : paramagnétique) peut être détectée en

IRM via une faible variation transitoire du signal, permettant la reconstruction de cartes d'activations 3D. La résolution spatiale obtenue est de l'ordre de 3 à 4mm³, avec une résolution temporelle d'environ 1s.

Bibliographie

- Acosta-Cabronero, J., Williams, G. B., Pereira, J. M., Pengas, G., Nestor, P. J., 2008. The impact of skull-stripping and radio-frequency bias correction on grey-matter segmentation for voxel-based morphometry. *NeuroImage* 39 (4), 1654–1665. [32](#)
- Ahmed, M. N., Yamany, S. M., Mohamed, N., Farag, A. A., Moriarty, T., 2002. A modified fuzzy C-means algorithm for bias field estimation and segmentation of MRI data. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 21 (3), 193–199. [30](#)
- Almeida, O. P., Burton, E. J., McKeith, I., Gholkar, A., Burn, D., O’Brien, J. T., 2003. Mri study of caudate nucleus volume in parkinson’s disease with and without dementia with lewy bodies and alzheimer’s disease. *Dementia and geriatric cognitive disorders* 16 (2), 57–63. [23](#)
- Arsigny, V., Pennec, X., Ayache, N., 2005. Polyrigid and polyaffine transformations : a novel geometrical tool to deal with non-rigid deformations - application to the registration of histological slices. *Medical Image Analysis* 9 (6), 507–523. [50](#)
- Ashburner, J., Friston, K. J., 2005. Unified Segmentation. *NeuroImage* 26, 839–851. [31](#), [36](#), [40](#), [41](#), [101](#), [102](#), [125](#), [126](#), [127](#)
- Atif, J., Khotanlou, H., Angelini, E., Duffau, H., Bloch, I., 2006. Segmentation of internal brain structures in the presence of a tumor. In : *MICCAI - Oncology Workshop*. pp. 61–68. [52](#), [129](#)
- Aylward, E. H., Rosenblatt, A., Field, K., Yallapragada, V., Kieburtz, K., McDermott, M., Raymond, L. A., Almqvist, E. W., Hayden, M., Ross, C. A., 2003. Caudate volume as an outcome measure in clinical trials for huntington’s disease : a pilot study. *Brain research bulletin* 62 (2), 137–41. [23](#)
- Baillard, C., Hellier, P., Barillot, C., 2001. Segmentation of brain 3D MR images using level sets and dense registration. *Medical Image Analysis* 5 (3), 185–194. [49](#), [125](#)
- Barra, V., Boire, J. Y., 2001. Automatic segmentation of subcortical brain structures in MR images using information fusion. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 20 (7), 549–558. [5](#), [52](#), [69](#), [126](#), [128](#), [143](#), [144](#)
- Benboudjema, D., Pieczynski, W., 2005. Unsupervised image segmentation using Triplet Markov fields. *Comput. Vision Image Underst.* 99, 476–498. [72](#)
- Bernard, R., Lika, B., Pernus, F., 2001. Segmenting articulated structures by hierarchical statistical modeling of shape, appearance, and topology. In : *Wiro J. Niessen and Max A. Viergever, Proceedings of the 4th International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention, MICCAI’01*. Vol. 2208 of *Lecture Notes in Computer Science*. Springer-Verlag Berlin, Utrecht, The Netherlands, pp. 499–506. [49](#)
- Besag, 1986. On the statistical analysis of dirty pictures. *Journal of the Royal Statistical Society* 48, 259–302. [34](#), [59](#), [83](#), [103](#), [137](#)
- Blanchet, J., Forbes, F., June 2008. Triplet markov fields for the classification of complex structure data. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 30 (6), 1055–1067. [72](#)
- Bloch, F., Hansen, W., Packard, M., 1946. The nuclear induction experiment. *Physical Review* 70, 474–485. [15](#), [16](#), [100](#)

- Bloch, I., 1999. Fuzzy relative position between objects in image processing : a morphological approach. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 21 (7), 657–664. [51](#), [142](#), [143](#)
- Bucki, M., Lobos, C., Payan, Y., 2007. Framework for a low-cost intra-operative image-guided neuronavigator including brain shift compensation. In : *Proceedings of the 29th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, EMBC'07*. IEEE, Lyon, France, pp. 872–875. [23](#)
- Byrne, W., Gunawardana, A., 2005. Convergence theorems of Generalized Alternating Minimization Procedures. *J. Machine Learning Research* 6, 2049–2073. [75](#)
- Caselles, V., Catta, F., Coll, T., Dibos, F., 1993. A geometric model for active contours in image processing. *Numerische Mathematik* 66 (1), 1–31. [27](#)
- Caselles, V., Kimmel, R., Sapiro, G., 1997. Geodesic active contours. *International Journal of Computer Vision* 22 (1), 61–79. [27](#)
- Celeux, G., Forbes, F., Peyrard, N., 2003. EM procedures using mean field-like approximations for model-based image segmentation. *Pattern Recognition* 36 (1), 131–144. [59](#), [65](#), [83](#), [92](#), [102](#), [103](#), [140](#)
- Celeux, G., Forbes, F., Peyrard, N., 2004. Modele de potts avec champ externe et algorithme de type em pour la segmentation d'image. In : *RFIA*. Toulouse. [93](#)
- Chen, T., Metaxas, D., 2005. A hybrid framework for 3D medical image segmentation. *Medical Image Analysis* 9 (6), 547–565. [31](#), [125](#)
- Cho, S., Jones, D., Reddick, W. E., Ogg, R. J., Steen, R. G., 1997. Establishing norms for age-related changes in proton T1 of human brain tissue in vivo. *Magnetic Resonance Imaging* 15 (10), 1133–1143. [20](#)
- Ciofalo, C., Barillot, C., 2006. Shape analysis and fuzzy control for 3D competitive segmentation of brain structures with level sets. In : *Computer Vision - ECCV 2006*. Vol. 3951 of *Lecture Notes in Computer Science*. pp. 458–470. [28](#), [48](#), [49](#), [117](#), [125](#)
- Collins, D., Holmes, C., Peters, T., Evans, A., 1995. Automatic 3d model-based neuroanatomical segmentation. *Human Brain Mapping* 3 (3), 190–208. [49](#), [50](#)
- Collins, D. L., Zijdenbos, A. P., Kollokian, V., Sled, J. G., Kabani, N. J., Holmes, C. J., Evans, A. C., 1998. Design and construction of a realistic digital brain phantom. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 17 (3), 463–468. [100](#)
- Colliot, O., Camara, O., Bloch, I., 2006. Integration of fuzzy spatial relations in deformable models - Application to brain MRI segmentation. *Pattern Recognition* 39 (8), 1401–1414. [5](#), [27](#), [28](#), [52](#), [69](#), [128](#), [143](#), [144](#)
- Comaniciu, D., Meer, P., 1997. Robust analysis of feature spaces : color image segmentation. In : *Proceedings of the Computer Vision and Pattern Recognition Conference*. IEEE, San Juan, Puerto Rico, pp. 750–755. [29](#)
- Comaniciu, D., Meer, P., 2002. Mean shift : a robust approach toward feature space analysis. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 24 (5), 603–619. [29](#)

- Commowick, O., Arsigny, V., Isambert, A., Costa, J., Dhermain, F., Bidault, F., Bondiau, P.-Y., Ayache, N., Malandain, G., 2008. An efficient locally affine framework for the smooth registration of anatomical structures. *Medical Image Analysis* 12 (4), 427–441. [5](#), [50](#), [126](#), [131](#)
- Connor, L. T., Blasi, V., Young, A. C., Tucker, F. M., Snyder, A. Z., Kwentus, A. B., Lewis, C., Corbetta, M., 2004. Longitudinal fmri study of aphasia recovery in frontal stroke. In : *Brain and language*. Vol. 91 of 42th Annual Meeting of Academy of Aphasia. pp. 82–83. [21](#)
- Cootes, T. F., Hill, A., Taylor, C. J., Haslam, J., 1994. Use of active shape models for locating structures in medical images. *Image Vision Computing* 12 (6), 355–366. [49](#)
- Corouge, I., Barillot, C., 2002. Statistical modeling of pairs of sulci in the context of neuroimaging probabilistic atlas. In : Kikinis, R., Ellis, R., Dohi, T. (Eds.), *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2002*. Vol. LNCS-2489 of Lecture Notes in Computer Sciences. Springer-Verlag, Tokyo, pp. 655–662. [28](#), [48](#), [125](#), [132](#)
- Coupé, P., Yger, P., Prima, S., Hellier, P., Kervrann, C., Barillot, C., April 2008. An Optimized Blockwise Non Local Means Denoising Filter for 3D Magnetic Resonance Images. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 27 (4), 425–441. [35](#)
- Cuadra, M., Cuisenaire, O., Meuli, R., Thiran, J. P., 2001. Automatic Segmentation of Internal Structures of the Brain in MR Images using a Tandem of Affine and Non Rigid Registration of an Anatomical Brain Atlas. In : *Proceedings of the IEEE International Conference on Image Processing (ICIP)*,. SPIE, pp. 1083–1086. [50](#)
- Cuadra, M. B., Cammoun, L., Butz, T., Cuisenaire, O., Thiran, J. P., 2005. Comparison and Validation of Tissue Modelization and Statistical Classification Methods in T1-weighted MR Brain Images. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 24 (12), 1548– 1565. [37](#), [38](#), [101](#)
- Cuadra, M. B., De Craene, M., Duay, V., Macq, B., Pollo, C., Thiran, J., 2006. Dense Deformation Field Estimation for Atlas-based Segmentation of Pathological MR Brain Images. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 84 (2-3), 66–75, *medical Image Segmentation Special Issue*. [52](#), [125](#)
- Damadian, R., 1971. Tumor detection by nuclear magnetic resonance. *Science* 171, 1151–1153. [15](#)
- Dempster, A. P., Laird, N. M., Rubin, D. B., 1977. Maximum likelihood from incomplete data via EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society* 39, 1–38. [34](#), [40](#), [138](#)
- Descobes, X., Mangin, J. F., Pechersky, E., Sigelle, M., 1995. Fine structures preserving model for image processing. In : *Proceedings of the 9th Scandinavian Conference on Image Analysis (SCIA'95)*. Uppsala, Sweden, pp. 349–356. [132](#)
- Dice, L. R., 1945. Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology* 26, 297–302. [101](#)
- Elad, M., 2002. On the origin of the bilateral filter and ways to improve it. *IEEE Transactions on Image Processing* 11 (10), 1141–1151. [35](#)
- Fennema-Notestine, C., Ozyurt, I. B., Clark, C. P., Morris, S., Bischoff-Grethe, A., Bondi, M. W., Jernigan, T. L., Fischl, B., Segonne, F., Shattuck, D. W., Leahy, R. M., Rex, D. E., Toga, A. W., Zou, K. H., Brown, G., 2006. Quantitative evaluation of automated skull-stripping methods applied to contemporary and legacy images : Effects of diagnosis, bias correction, and slice location. *Human Brain Mapping* 27 (2), 99–113. [32](#)

- Ferber, J., 1995. Les systèmes multi-agents - vers une intelligence collective. Paris : InterEditions. 44
- Fischl, B., Salat, D. H., Busa, E., Albert, M., Dieterich, M., Haselgrove, C., Van der Kouwe, A., Killiany, R., Kennedy, D., Klaveness, S., Montillo, A Makris, N., Rosen, B., Dale, A. M., 2002. Whole brain segmentation : automated labeling of neuroanatomical structures in the human brain. *Neuron* 33 (3), 341–55. 50, 103, 110, 125, 126
- Fischl, B., Salat, D. H., Van Der Kouwe, A., Makris, N., Ségonne, F., Quinn, B. T., Dale, A. M., 2004. Sequence-independent segmentation of magnetic resonance images. *NeuroImage* 23 (3), S69–S84. 40, 47
- Fortin, A., 2001. Analyse Numérique, 2nde édition. Presses Internationales Polytechnique, Montréal. 147
- Fukunaga, K., Hostetler, L., 1975. The estimation of the gradient of a density function with applications in pattern recognition. *IEEE Transactions on Information Theory* 21, 32–40. 29
- Garbay, C., 2000. Architectures Logicielles et Contrôle dans les Systèmes de Vision. in "Les systèmes de vision" (Chap 7), J.M. Jolion ed., Traité IC2, Hermès, Paris. 44, 45
- Garcia-Lorenzo, D., Prima, S., Collins, D. L., Arnold, D. L., Morrissey, S. P., Barillot, C., 2008a. Combining robust expectation maximization and mean shift algorithms for multiple sclerosis brain segmentation. In : MICCAI 2008 Workshop on Medical Image Analysis on Multiple Sclerosis (MIAMS). 29, 125
- Garcia-Lorenzo, D., Prima, S., Parkes, L., Ferré, J. C., Morrissey, S. P., Barillot, C., 2008b. The impact of processing workflow in performance of automatic white matter lesion segmentation in multiple sclerosis. In : MICCAI 2008 Workshop on Medical Image Analysis on Multiple Sclerosis (MIAMS). 39
- Gelman, A., Carlin, J. B., Stern, H. S., Rubin, D. B., 2004. Bayesian Data Analysis. Chapman & Hall, 2nd edition. 84
- Geman, S., Geman, D., 1984. Stochastic relaxation, Gibbs distributions and the Bayesian restoration of images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 6, 721–741. 36, 54
- Germond, L., Dojat, M., Taylor, C., Garbay, C., 2000. A cooperative framework for segmentation of mri brain scans. *Artificial Intelligence in Medicine* 20, 77–94. 127
- Grabowski, T. J., Frank, R. J., Szumski, N. R., Brown, C. K., Damasio (2000), H., 2000. Validation of partial tissue segmentation of single-channel magnetic resonance images of the brain. *NeuroImage* 12 (6), 640–656. 43
- Guillemaud, R., Brady, M., 1997. Estimating the bias field of MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 16 (3), 238–251. 40, 126, 127
- Gutknecht, O., 2001. Proposition d'un modèle organisationnel générique de systèmes multiagents. examen de ses conséquences formelles, implémentatoires et méthodologiques. Ph.D. thesis, Université des Sciences et Techniques du Languedoc. 46, 89
- Hammersley, M., Clifford, P., 1971. Markov fields on finite graphs and lattices (unpublished). 55

- Held, K., Kopps, E. R., Krause, B. J., Wells, W. M., Kikinis, R., Muller-Gartner, H. W., 1997. Markov random field segmentation of brain MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 16 (6), 878–886. [4](#), [37](#), [39](#), [40](#), [126](#), [127](#)
- Hellier, P., Barillot, C., 2003. Coupling dense and landmark-based approaches for non rigid registration. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 22 (2), 217–227. [49](#)
- Jaillard, A., Martin, C. D., Garambois, K., Lebas, J. F., Hommel, M., 2005. Vicarious function within the human primary motor cortex? a longitudinal fMRI stroke study. *Brain* 128, 1122–38. [21](#)
- Jordan, M., Ghahramani, Z., Jaakkola, T., Saul, L., 1999. An introduction to variational methods for graphical models. In : Jordan, M. (Ed.), *Learning in Graphical Models*. pp. 105–162. [75](#), [131](#)
- Kass, M., Witkin, A., Terzopoulos, D., 1988. Snakes : Active contour models. *International Journal of Computer Vision* 1 (4), 321–31. [27](#)
- Kisner, S. J., Talavage, T. M., Ulmer, J. L., 2002. Testing a model for MR imager noise. In : *Proceedings of the the 2nd Joint Meeting of the IEEE EMBS and the BMES Conference*. Vol. 2. IEEE Piscataway, Houston, Texas, pp. 1086–1087. [19](#)
- Krige, D., 1951. A statistical approach to some basic mine valuation problems on the witwatersrand. *Journal of the Chemical, Metallurgical and Mining Engineering Society of South Africa* 52 (6), 119–139. [146](#)
- Kumar, S., Hebert, M., 2006. Discriminative random fields. *Int. J. Comput. Vision* 68 (2), 179–201. [72](#), [130](#)
- Lauterbur, P. C., 1973. Image formation by induced local interactions : examples employing nuclear magnetic resonance. *Nature* 242, 190–191. [15](#)
- Likar, B., Viergever, M. A., Pernus, F., 2001. Retrospective correction of MR intensity inhomogeneity by information minimization. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 20 (12), 1398–1410. [40](#)
- Little, J., Hill, D., Hawkes, D., 1997. Deformations incorporating rigid structures. *Computer Vision and Image Understanding* 66 (2), 223–232. [50](#)
- Magnotta, V. A., Heckel, D., Andreasen, N. C., Cizadlo, T., Corson, P. W., Ehrhardt, J. C., Yuh, W. T., 1999. Measurement of brain structures with artificial neural networks : two- and three-dimensional applications. *Radiology* 211 (3), 781–790. [30](#), [125](#), [126](#)
- Mangin, J. F., 2000. Entropy minimization for automatic correction of intensity nonuniformity. *MMBIA*, 162–169. [40](#)
- Mangin, J.-F., Frouin, V., Bloch, I., Régis, J., Lopez-Krahe, J., 1995. From 3D magnetic resonance images to structural representations of the cortex topography using topology preserving deformations. *Journal of Mathematical Imaging and Vision* 5, 297–318. [132](#)
- Mansfield, P., Grannell, P. K., 1973. NMR diffraction in solids. *J Phys C : Solid State* 6, L422–L426. [15](#)
- Marroquin, J. L., Vemuri, B. C., Botello, S., Calderon, F., Fernandez-Bouzas, A., 2002. An accurate and efficient Bayesian method for automatic segmentation of brain MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 21 (8), 934–945. [41](#), [102](#), [126](#), [127](#)

- Matheron, G., 1963. Principles of geostatistics. *Economic Geology* 58 (8), 1246–1266. 146
- Neal, R. M., Hinton, G. E., 1998. A view of the EM algorithm that justifies incremental, sparse, and other variants. In : Jordan, M. (Ed.), *Learning in Graphical Models*. Kluwer Academic Publishers, pp. 355–368. 72, 73, 130
- Nowak, R., 1999. Wavelet-based rician noise removal for magnetic resonance imaging. *IEEE Transactions on Image Processing* 8 (10), 1408–1419. 35
- Osher, S., Sethian, J. A., 1988. Fronts propagating with curvature-dependant speed : Algorithms based on Hamilton-Jacobi formulations. *Journal of Computational Physics* 19 (1), 12–49. 27
- Ourselin, S., Roche, A., Prima, S., Ayache, N., October 2000. Block matching : a general framework to improve robustness of rigid registration of medical images. In : Delp, S., DiGioia, A., Jaramaz, B. (Eds.), *3rd International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, MICCAI'2000*. Vol. 1935 of *Lecture Notes in Computer Science*. Springer, Pittsburgh, USA, pp. 557–566. 49
- Peyrard, N., 2001. Approximations de type champ moyen des modèles de champ de markov pour la segmentation de données spatiales. Ph.D. thesis, Université J. Fourier, Grenoble. 140
- Pham, D. L., Prince, J. L., 1999. Adaptive fuzzy segmentation of magnetic resonance images. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 18 (9), 737–752. 30, 40
- Pitiot, A., Bardinet, E., Thompson, P. M., Malandain, G., 2006. Piecewise affine registration of biological images for volume reconstruction. *Medical Image Analysis* 10 (3), 465–483. 50, 131
- Pitiot, A., Delingette, H., Thompson, P. M., Ayache, N., 2004. Expert knowledge-guided segmentation system for brain MRI. *NeuroImage* 23 (1), S85–S96. 28, 31, 48, 49, 125, 126
- Pohl, K. M., Fisher, J., Grimson, E., Kikinis, R., Wells, W. M., 2006. A Bayesian model for joint segmentation and registration. *NeuroImage* 31 (1), 228–239. 5, 6, 50, 51, 52, 79, 86, 87, 125, 126, 130, 131
- Purcell, E. M., Torrey, H. C., Pound, R. V., 1946. Resonance absorption by nuclear magnetic moments in solids. *Physical Review* 69. 15
- Rajapakse, J. C., Giedd, J. N., Rapoport, J. L., 1997. Statistical approach to segmentation of single-channel cerebral MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 16 (2), 176–186. 6, 42, 127
- Richard, N., 2004. Une approche située, coopérative, et décentralisée pour l'interprétation d'images cérébrales par rmn. Thèse de doctorat, Université Joseph Fourier. 89, 92
- Richard, N., Dojat, M., Garbay, C., 2004. Automated segmentation of human brain MR images using a multi-agent approach. *Artificial Intelligence in Medicine* 30, 153–175. 29, 43
- Richard, N., Dojat, M., Garbay, C., 2007. Distributed markovian segmentation : Application to MR brain scans. *Pattern Recognition* 40 (12), 3467–3480. 6, 43, 127
- Ruan, S., Jaggi, C., Xue, J., Bloyet, J., 2000. Brain tissue classification of magnetic resonance images using partial volume modeling. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 19 (12), 172–186. 37, 57
- Ruan, S., Moretti, B., Fadili, J., Bloyet, D., 2002. Fuzzy markovian segmentation in application of magnetic resonance images. *Computer Vision and Image Understanding* 85 (1), 54–69. 38

- Salzenstein, F., Collet, C., 2006. Fuzzy Markov random fields versus chains for multispectral image segmentation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 28 (11). 132
- Sandor, S., Leahy, R., 1997. Surface-based labeling of cortical anatomy using a deformable database. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 16, 41–54. 31
- Santago, P., Gage, H. D., 1993. Quantification of MR brain images by mixture density and partial volume modeling. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 12 (3), 566–574. 37, 132
- Schnack, H. G., Hulshoff Pol, H. E., Baaré, W. F. C., Viergever, M. A., Kahn, S., 2001. Automatic segmentation of the ventricular system from MR images of the human brain. *NeuroImage* 14 (1), 95–104. 29
- Schwarz, G., 1978. Estimating the dimension of a model. *Annals of Statistics* 6 (2), 461–464. 133
- Sethian, J. A., 1996. A fast marching level set method for monotonically advancing fronts. In : *Proceedings of the National Academy of Sciences*. Vol. 93. pp. 1591–1595. 27
- Ségonne, F., Dale, A. M., Busa, E., Glessner, M., Salat, D., Hahn, H. K., Fischl, B., 2004. A hybrid approach to the skull stripping problem in MRI. *NeuroImage* 22, 1060–1075. 32, 125
- Shattuck, D. W., Sandor-Leahy, S. R., Schaper, K. A., Rottenberg, D. A., Leahy, R. M., 2001. Magnetic resonance image tissue classification using a partial volume model. *NeuroImage* 13 (5), 856–876. 5, 31, 35, 40, 43, 57, 101, 102
- Shen, D., Davatzikos, C., 2002. Hammer : Hierarchical attribute matching mechanism for elastic registration. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 21 (11), 1421–1439. 50
- Sijbers, J., den Dekker, A. J., Scheunders, P., Van Dyck, D., 1998. Maximum likelihood estimation of rician distribution parameters. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 17 (3), 357–361. 19, 58
- Sled, J. G., Zijdenbos, A. P., Evans, A., 1998. A non parametric method for automatic correction of nonuniformity in MRI data. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 17 (1), 87–97. 39, 40
- Smith, S. M., 2002. Fast robust automated brain extraction. *Human Brain Mapping* 17 (3), 143–155. 28, 31, 103
- Song, T., Gasparovic, C., Andreasen, N., Bockholt, J., Jamshidi, M., Lee1, R., Huang1, M., 2006. A hybrid tissue segmentation approach for brain MR images. *Medical and Biological Engineering and Computing* 44 (3). 30
- Stefanescu, R., Commowick, O., Malandain, G., Bondiau, P. Y., Ayache, N., Pennec, X., 2004. Non-rigid atlas to subject registration with pathologies for conformal radiotherapy. In : C. Barillot, D.R. Haynor, P. Hellier (Eds.) *Proceedings of the 7th International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention, MICCAI'2004*. Vol. 3216. *Lecture Notes in Computer Science*, Saint-Malo, France, pp. 704–711. 52
- Styner, M., Gerig, D., Lieberman, J., Jones, D., Weinberger, D., 2003. Statistical shape analysis of neuroanatomical structures based on medial models. *Medical Image Analysis* 7 (3), 207–220. 28, 48, 125
- Thiran, J. P., Warscotte, V., Macq, B., 1997. A queue-based region growing algorithm for accurate segmentation of multi-dimensional digital images. *Signal Processing* 60 (1), 1–10. 27

- Thirion, J.-P., 1998. Image matching as a diffusion process : an analogy with maxwell's demons. *Medical Image Analysis* 2 (3), 243–260. [50](#)
- Van Leemput, K., Maes, F., Vandermeulen, D., Suetens, P., 1999a. Automated model-based bias field correction in MR images of the brain. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 18 (10), 885–896. [101](#), [126](#), [127](#)
- Van Leemput, K., Maes, F., Vandermeulen, D., Suetens, P., 1999b. Automated model-based tissue classification of MR images of the brain. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 18 (10), 897–908. [4](#), [37](#), [40](#)
- Van Leemput, K., Maes, F., Vandermeulen, D., Suetens, P., 2003. A unifying framework for partial volume segmentation of brain MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 18 (10), 897–908. [xi](#), [38](#), [132](#)
- Vemuri, B. C., Rahman, S., Li, J., 1995. Multiresolution adaptive K-means algorithm for segmentation of brain MRI. In : *Proceedings of the International Computer Science Conference on Image Analysis Applications and Computer Graphics*. Vol. 1024 of *Lecture Notes in Computer Science*. Springer-Verlag Heidelberg, pp. 347–354. [30](#)
- Wansapura, J. P., Holland, S. K., Dunn, R. S., Ball, W. S. J., 1999. NMR relaxation times in the human brain at 3.0 tesla. *Journal of Magnetic Resonance Imaging* 9 (4), 531–538. [20](#)
- Warfield, S. K., Zou, K. H., Wells, W. M., 2004. Simultaneous truth and performance level estimation (STAPLE) : An algorithm for the validation of image segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 23 (7), 903–921. [24](#), [47](#)
- Warnking, J., Dojat, M., Guérin-Dugué, A., Delon-Martin, C. D., Olympieff, S., Richard, N., Chéhikian, A., Segebarth, C., 2002. fMRI retinotopic mapping - step by step. *NeuroImage* 17, 1665–83. [18](#)
- Wells, W. M., Grimson, W. E. L., Kikinis, R., Jolesz, F. A., 1996. Adaptative segmentation of MRI data. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 15 (4), 429–442. [39](#), [40](#), [102](#), [126](#), [127](#)
- Wu, C. F. J., 1983. On the convergence properties of the EM algorithm. *The Annals of Statistics* 11 (1), 95–103. [35](#), [139](#)
- Xu, C., Prince, J. L., 1998. Snakes, shapes and gradient vector flow. *IEEE Transactions on Image Processing* 7 (3), 359–369. [28](#)
- Yang, F., Kruggel, F., 2008. Automatic segmentation of human brain sulci. *Medical Image Analysis* 12 (4), 442–451. [31](#), [125](#)
- Yu, Z. Q., Zhu, Y., Yang, J., Zhu, Y. M., 2006. A hybrid region-boundary model for cerebral cortical segmentation in MRI. *Computerized Medical Imaging and Graphics* 30 (3), 197–208. [31](#), [125](#)
- Yushkevich, P. A., Piven, J., Cody Hazlett, H., Gimpel Smith, R., Ho, S., Gee, J. C., Gerig, G., 2006. User-guided 3D active contour segmentation of anatomical structures : Significantly improved efficiency and reliability. *NeuroImage* 31 (3), 1116–1128. [46](#)
- Zhang, Y., Brady, M., Smith, S., 2001. Segmentation of brain MR images through a hidden Markov random field model and the Expectation-Maximisation algorithm. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 20 (1), 45–47. [4](#), [37](#), [102](#), [126](#), [127](#)
- Zhu, C., Jiang, T., 2003. Multicontextual fuzzy clustering for separation of brain tissues in magnetic resonance images. *NeuroImage* 18 (3), 685–96. [6](#), [42](#), [127](#)