



HAL
open science

Segmentation à base d'atlas d'images médicales utilisant l'apprentissage en ligne

Asma Dali

► To cite this version:

Asma Dali. Segmentation à base d'atlas d'images médicales utilisant l'apprentissage en ligne. Traitement du signal et de l'image [eess.SP]. Ecole nationale supérieure Mines-Télécom Atlantique; Ecole Nationale d'Ingénieurs de Sousse (Tunisie), 2022. Français. NNT : 2022IMTA0305 . tel-03969001

HAL Id: tel-03969001

<https://theses.hal.science/tel-03969001>

Submitted on 2 Feb 2023

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.

THESE DE DOCTORAT DE

L'ÉCOLE NATIONALE SUPERIEURE MINES-TELECOM ATLANTIQUE
BRETAGNE PAYS DE LA LOIRE - IMT ATLANTIQUE

EN COTUTELLE AVEC

L'ÉCOLE NATIONALE D'INGENIEURS DE SOUSSE

ECOLE DOCTORALE N° 601
*Mathématiques et Sciences et Technologies
de l'Information et de la Communication*
Spécialité : *Signal, Image et Vision*

Par

Asma DALI

**Segmentation à base d'atlas d'images médicales utilisant
l'apprentissage en ligne**

Thèse présentée et soutenue à Brest, le 28 juin 2022

Unité de recherche : Département Image et Traitement de l'Information

Thèse N° : 2022IMTA0305

Rapporteurs avant soutenance :

Mounir SAYADI Professeur à l' Ecole Nationale Supérieure d'ingénieurs de Tunis – Tunis (Tunisie)
Elhadi ZAHZAH Maître de conférences HDR à l'Université de la Rochelle - La Rochelle (France)

Composition du Jury :

Président	Jean Paul HATON	Professeur émérite à l'Université de Lorraine – La Lorraine (France)
Examineurs	Fatma SAYADI	Maître de conférence à l'Ecole Nationale d'Ingénieurs de Sousse – Sousse
(Tunisie)	Mounir SAYADI	Professeur à l' Ecole Nationale Supérieure d'ingénieurs de Tunis – Tunis (Tunisie)
	Elhadi ZAHZAH	Maître de conférences HDR à l'Université de la Rochelle - La Rochelle (France)
Dir. de thèse	Basel SOLAIMAN	Professeur à l'Institut Mines-Télécom Atlantique Bretagne Pays de la Loire –
Plouzané (France)		

Co-dir. de thèse Najoua ESSOUKRI BEN AMARA Professeur à l'Ecole Nationale d'Ingénieurs de Sousse –
Sousse (Tunisie)

Invités Ali Khanchaf Professeur à l'Ecole Nationale Supérieure de techniques Avancées Bretagne –
Bretagne (France)

Sommaire

Glossaire.....	3
I. Introduction.....	2
II. Imagerie médicale et segmentation guidée par les connaissances.....	7
II.1. Principe.....	7
II.2. Les différentes technologies d'imagerie médicale.....	7
II.2.1. La radiographie.....	8
II.2.2. Le scanner.....	8
II.2.3. La scintigraphie mono photonique.....	8
II.2.4. La tomographie par émission de positons.....	8
II.2.5. L'échographie ultrasonore.....	9
II.2.6. L'imagerie par résonance magnétique.....	9
II.3. Intérêt de l'imagerie médicale dans le processus thérapeutique.....	9
II.3.1. La prévention et le dépistage.....	9
II.3.2. Le diagnostic.....	9
II.3.3. La thérapie.....	10
II.4. Segmentation d'images médicales.....	10
II.4.1. Segmentation par classification ou seuillage des pixels.....	10
II.4.2. Segmentation basée sur les régions.....	11
II.4.3. Segmentation basée sur les frontières.....	12
II.4.4. Segmentation basée sur un modèle déformable.....	12
II.4.5. Segmentation basée sur l'apprentissage automatique.....	13
II.4.6. Segmentation guidée par les connaissances.....	16
II.5. Problème de recalage.....	17
II.5.1. Recalage monomodal intra-patient.....	17
II.5.2. Recalage multimodal intra-patient.....	18
II.5.3. Recalage monomodal inter-patients.....	18
II.5.4. Recalage multimodal inter-patients.....	19
II.6. Objectifs de la thèse.....	19
III. Segmentation à base d'atlas utilisant l'apprentissage en ligne.....	23
III.1. Segmentation à base d'atlas.....	23
III.1.1. Construction de l'atlas.....	23
III.1.2. Recalage d'images.....	24

III.1.3. Propagation d'étiquettes	24
III.1.4. Sélection d'atlas.....	25
III.2. Apprentissage en ligne	27
III.3. Méthode de segmentation multi atlas proposée basée sur l'apprentissage en ligne	27
III.3.1. Segmentation multi-atlas du cervelet humain	27
III.3.2. Segmentation multi-atlas des organes pelviens féminins : Application pour l'aide au diagnostic du cancer du col de l'utérus	36
IV. Recalage d'images.....	47
IV.1. Formalisation du problème.....	47
IV.2. Attributs d'une image.....	48
IV.2.1. Approches géométriques	48
IV.2.2. Approches denses.....	49
IV.2.3. Approches hybrides.....	50
IV.3. Critères de similarité	51
IV.3.1. Similarité entre primitives géométriques	51
IV.3.2. Similarité entre intensités	52
IV.3.3. Estimation de l'information mutuelle.....	55
IV.4. Modèles de déformation.....	61
IV.4.1. Modèles linéaires.....	62
IV.4.2. Modèles non linéaires.....	63
IV.5. Interpolation	65
IV.6. Stratégie d'optimisation	65
IV.6.1. Résolution explicite.....	66
IV.6.2. Méthodes d'ordre 0.....	66
IV.6.3. Méthodes d'ordre supérieur	66
IV.6.4. Méthodes stochastiques.....	67
IV.6.5. Travaux en relation.....	72
IV.7. Approche de recalage proposée.....	73
IV.8. Résultats Expérimentaux.....	77
V. Conclusion et perspectives	83

Glossaire

CNN Convolutional Neural Networks

CVSS-LRSDL Cross-View Self-Similarity Low Rank Shared Dictionary Learning based framework

DBN Deep Belief Networks

DDL Degrés De Liberté

DNN Deep Neural Networks

FCM Fuzzy C-Means

FCN Fully Convolutional Networks.

F-CNN Fast Convolutional Neural Networks

FWF Fractional Wright energy Function

GNN Graph Neural Networks

IM Information Mutuelle

IMN Information Mutuelle Normalisée

IR Image Registration

IRM Imagerie par Résonance Magnétique

MHL Mask-guided Hierarchical Learning

PV Partial Volume

RCE Rapport de Corrélacion Entropique

R-CNN Region Based Convolutional Neural Networks

RWS Roulette Wheel Selection

SSD Sum of Squared Differences

SUS Stochastic Universal Sampling

SVM Support Vecteur Machine

TEP Tomographie par Emission de Positon

Liste des figures

Figure 1 : Processus de segmentation à base d'atlas	16
Figure 2 : Recalage intra-patient, mono-modalité [Petitjean 2012]	18
Figure 3 : Recalage intra-patient, multi-modalité [Petitjean 2012]	18
Figure 4 : Recalage inter-patients, mono-modalité [Petitjean 2012]	19
Figure 5: Principales étapes du processus de segmentation	20
Figure 6: Représentation schématique de la segmentation multi-atlas [Aljabar 2009]. Un certain nombre d'atlas (atlas 1, atlas 2 et atlas 3) sont recalés sur le sujet cible. Les déformations résultantes sont utilisées pour transformer les segmentations d'atlas correspondantes (étiquette 1, étiquette 2 et étiquette 3). Les segmentations transformées (étiquette 1', étiquette 2' et étiquette 3') sont ensuite fusionnées pour fournir une estimation de la segmentation finale.	25
Figure 7: Principales étapes de l'approche de segmentation proposée.....	28
Figure 8: Étapes de segmentation à base d'atlas. Tout d'abord, les atlas les plus proches de l'image cible X sont sélectionnés. Deuxièmement, un recalage non rigide entre X et chacun des n X_i est effectué. A l'issue de cette étape, n segmentations différentes sont obtenues. La fusion d'étiquettes consiste à fusionner les segmentations résultantes pour aboutir à une segmentation unique.	30
Figure 9: Exemples d'images de la base de données. La figure montre différentes images du plan sagittal du cerveau. Le cervelet est la plus petite région de la partie inférieure du cerveau. Il est désigné par une flèche sur toutes les images.	31
Figure 10 : Exemples de segmentation utilisant l'approche de segmentation suggérée. Cette figure affiche les résultats de segmentation de quatre cas différents d'IRMs. La segmentation donnée par l'approche proposée apparaît en rouge et la vérité terrain apparaît en vert.	36
Figure 11: Exemples d'IRM pathologiques extraites de notre base de données avec différentes formes d'organes pelviens	38
Figure 12: Exemples de segmentation utilisant l'apprentissage en ligne. Cette figure affiche les résultats de la segmentation dans deux cas différents. La segmentation donnée par l'apprentissage en ligne apparaît en rouge et la segmentation de la vérité terrain apparaît en vert. L'image (i) correspond à la patiente 1 et l'image (ii) correspond à la patiente 9	42
Figure 13: Processus de recalage d'après [Noblet 2006]	48
Figure 14: Histogramme conjoint d'un couple d'images (A, B).....	57
Figure 15 : Exemple d'histogrammes conjoints pour des images avant (a) et après (b) recalage (d'après [Rubeaux 2011]).....	57
Figure 16: Deux images de la même entropie marginale, l'image de droite est créée en déplaçant aléatoirement les pixels de celle de gauche. D'après [Rueckert 00].	59
Figure 17: Représentation de différents modèles de déformation [Maintz 1998]	62
Figure 18: Phénomène de trous provoqué par l'application d'une transformation géométrique [Cord 2015].....	65
Figure 19: Transformation directe et transformation inverse [Cord 2015]	65
Figure 20: Interpolation par les plus proches voisins et Interpolation bilinéaire [Cord 2015]	65
Figure 21 : Organigramme d'un algorithme génétique [Magnin 2006].....	68
Figure 22 : a) Sélection par RWS, b) Sélection SUS pour choisir 4 individus [Rachid 2010]	70
Figure 23 : Croisement à un point (d'après [Amédée 2004]).....	71
Figure 24 : Croisement à 2 points (d'après [Amédée 2004])	71
Figure 25 : Illustration schématique d'une mutation dans un chromosome [Rachid 2010]	71

Figure 26: Vue d'ensemble du processus de recalage. Le niveau de complexité de l'image (NC) est pris en compte à chaque étape. Le premier NC fait référence au niveau le moins complexe	76
Figure 27 : Coupes de volumes CT, IRM PD, IRM T1 et IRM T2 du patient 001 de la base de données RIRE	78
Figure 28 : La figure montre des coupes du patient 005 avant et après le recalage prises à partir de différents points de vue. Chaque colonne montre la superposition de deux coupes IRM T1 et TDM d'un même plan anatomique avant et après recalage. La coupe IRM apparaît en vert et la coupe TDM en violet	81

Liste des tableaux

Tableau 1: Sélection de travaux de segmentation de régions différentes du corps humain	14
Tableau 2: Résultats de la segmentation basée sur l'apprentissage en ligne	33
Tableau 3: Résultats de la segmentation basée sur un seul atlas	34
Tableau 4: Résultats de segmentation à l'aide d'une base fixe d'atlas	39
Tableau 5: Segmentation utilisant l'apprentissage en ligne	40
Tableau 6: Segmentation basée sur un seul atlas.....	41
Tableau 7: Coefficient de Dice donné par les différentes méthodes de segmentation employées	45
Tableau 8 : Paramètres de la méthode de recalage proposée	78
Tableau 9 : Paramètres de configuration d'Elastix	79
Tableau 10 : Résultats de coefficients de Dice.....	79
Tableau 11 : Distance entre les centres des masses.....	79
Tableau 12: Information mutuelle	80

Introduction

I. Introduction

Cette thèse est réalisée en cotutelle entre l'université de Sousse et l'IMT Atlantique Bretagne, Pays de la Loire. Le sujet de cette thèse se situe dans le contexte de la segmentation d'images médicales en se basant sur des connaissances préalables. Plusieurs modalités d'images permettant une meilleure exploration du corps humain ont eu naissance suite aux avancées technologiques récentes en imagerie médicale. L'imagerie médicale est de plus en plus utilisée en pratique clinique pour le diagnostic, le suivi des patients, l'évaluation thérapeutique, etc. Cela est dû à la bonne résolution spatiale fournie par la plupart des technologies d'imagerie médicale, à l'acquisition rapide et à leurs excellentes performances lors de la visualisation des différences dans divers tissus du corps humain. La segmentation d'image est souvent la première étape de l'analyse d'image. Son objectif est de simplifier ou de changer la représentation d'une image sous une autre forme plus significative ou plus facile à analyser. Cependant, malgré le grand nombre de méthodes de segmentation publiées dans les revues scientifiques, l'utilisation d'outils semi-automatisés et automatisés est relativement limitée en pratique clinique. La segmentation automatisée des images médicales est une tâche difficile en raison d'artefacts d'image et en raison du fait que différentes structures anatomiques peuvent partager le même contraste tissulaire. Ainsi, des informations anatomiques a priori sont essentielles pour simplifier la tâche de segmentation. Les informations préalables peuvent être fournies de différentes manières, par exemple sous la forme d'un ensemble d'annotations manuelles d'experts. Dans cette thèse, nous nous concentrons sur les connaissances sous forme d'un atlas à mettre en correspondance avec l'image cible que nous souhaitons segmenter. Ici, nous considérons un atlas comme étant un ensemble de deux images: une image d'intensité (ou modèle) et une image sémantique (image segmentée ou image étiquetée). À ce stade, la segmentation se transforme en un problème de recalage. L'avantage comparatif de la segmentation à base d'atlas par rapport aux autres méthodes de segmentation est la possibilité de segmenter une image sans relation bien définie entre les régions et les intensités des pixels. Après avoir recalé le modèle d'atlas et l'image cible, les étiquettes de l'atlas sont propagées à l'image cible. Nous définissons ce processus comme segmentation à base d'atlas [Aljabar 2009].

Si une base d'atlas est disponible, plusieurs segmentations d'un groupe d'atlas peuvent être propagées à l'image cible à segmenter. Après propagation, les segmentations résultantes peuvent être traitées comme des classifieurs séparés et être fusionnées pour former une seule estimation de la segmentation de l'image cible. La propagation des étiquettes multi-atlas permet de mieux gérer les erreurs de recalage résultant de l'utilisation d'un seul atlas, d'améliorer la précision des résultats et de mieux gérer la variabilité anatomique [Aljabar 2009, Cabezas 2011]. La segmentation multi-atlas s'est avérée efficace par rapport aux approches basées sur un atlas unique [Rohlfing 2004a]. Des travaux pertinents ont également été menés sur les méthodes utilisées pour combiner des classifieurs dans un cadre de segmentation multi-atlas [Ding 2020, Dubost 2020, Warfield 2004, Rohlfing 2004a].

Plusieurs études ont été basées sur une segmentation multi-atlas. Parmi eux, plusieurs chercheurs ont utilisé tous les atlas disponibles [Ledig 2015], et d'autres ont proposé l'utilisation d'un sous-ensemble d'atlas choisis au hasard [Rohlfing 2004a] ou en fonction d'une méta-information prédéfinie (âge, pathologie, histoire clinique, etc.) [Aljabar 2009] ou d'un critère de similarité [Aljabar 2009, Ding 2020, Dubost 2020] par rapport au sujet cible. Cependant, peu de travaux ont montré la manière dont la base d'atlas (supposée représenter toute la variabilité anatomique de la population considérée) a été générée et le critère utilisé pour intégrer un nouveau modèle à cette base de données. En outre, la segmentation multi-atlas est confrontée à un problème important lorsque le nombre d'atlas dans la base de données devient important. En effet, la sélection des atlas à utiliser avec chacun des sujets (images patients à segmenter) nécessite, dans un premier temps, de recalibrer chacun des atlas disponibles avec chaque sujet cible afin de placer les images dans un même repère géométrique. Ceci est clairement peu pratique pour une grande base de données puisque le coût de calcul de la segmentation augmente avec la taille de la base d'atlas. D'autre part, il est possible que la population représentée par les atlas soit redondante, ce qui peut conduire à des calculs supplémentaires inutiles. Il est donc important de bien choisir chacun des atlas de la base de données. De plus, le processus de segmentation peut se transformer en un problème de recalage. Par conséquent, la précision de la segmentation est étroitement liée à la précision du recalage. Le recalage d'images (en anglais Image registration-IR) médicales a été largement étudié dans la littérature [Viergever 2016, Gholipour 2007, Pluim 2003, Hill 2001, Lester 1999, Maintz 1998] au cours des dernières décennies et un grand nombre de techniques de recalage a été développé pour divers types de données et d'applications. Néanmoins, il n'y a toujours pas de technique universelle pour le recalage, en raison de la particularité de chaque application et de la variété des types d'images d'entrée [Fu 2020, Daly 2016]. Le recalage est le processus d'estimation d'une transformation géométrique afin d'aligner une image source sur une image cible en optimisant une métrique de similarité appropriée. Le succès de la technique de recalage est donc conditionné par le succès de la méthode d'optimisation utilisée pour obtenir la transformation optimale [Fu 2020, Van Der Bom 2011]. Diverses approches d'optimisation numérique ont été utilisées pour le recalage d'images médicales. Les méthodes d'optimisation numériques classiques sont rapides, en termes de temps de calcul. Cependant, ces techniques ont des limites face à une fonction énergie affichant plusieurs minima locaux. En outre, elles nécessitent souvent une solution initiale comme information *a priori* sur la position initiale des images à recalibrer et sont strictement conditionnées par cette initialisation. Cela justifie l'importance portée récemment à l'utilisation des techniques d'optimisation évolutionnaires telles que les algorithmes génétiques et les essais particuliers pour le recalage d'images. Ces algorithmes appartiennent à l'ensemble des techniques d'optimisation stochastiques. Ils ont fait leur preuve dans un nombre important d'applications médicales et se sont prouvés très prometteurs dans la résolution des problèmes d'optimisation les plus complexes. Néanmoins, ces méthodes présentent un coût de calcul énorme engendré par une faible vitesse de convergence et une faible précision [Daly 2016, Van Der Bom 2011].

Dans ce manuscrit de thèse, une approche de segmentation multi-atlas basée sur une technique de recalage robuste est proposée. Cette approche a été appliquée pour la

segmentation du cervelet humain à partir d'images IRM cérébrales dans une première partie, et pour séparer les régions susceptibles d'être affectées par le cancer du col de l'utérus à partir d'images IRM pelviennes féminines dans une deuxième partie. Ces organes présentent une grande diversité de taille et de forme. Cela nécessite l'utilisation de plusieurs atlas pour la segmentation. Les images sont disponibles progressivement dans un ordre séquentiel. Pour cela, l'approche proposée est basée sur une méthode d'apprentissage automatique en ligne pour la construction de la base d'atlas et pour la procédure de segmentation. Les images composant la base d'atlas sont segmentées et annotées manuellement par un expert médical. Le sous-ensemble d'atlas à utiliser pour la segmentation de chaque patient est défini automatiquement en fonction d'un critère de similarité. Le recalage est effectué en deux étapes principales dans lesquelles nous utilisons des versions progressivement plus grandes et plus détaillées des images d'entrée. Une méthode d'optimisation évolutionnaire est combinée à une méthode d'optimisation numérique dans le processus de recalage multi-résolution afin de tirer profit des deux types de méthodes. Dans la première étape, une transformation de recalage affine globale est effectuée sur une version plus simple des images en utilisant l'optimisation évolutive pour obtenir un alignement initial à un faible coût de calcul. Dans la deuxième étape, un recalage local non rigide est appliqué à l'aide d'une méthode d'optimisation numérique. La stratégie multi-résolution est utilisée pour améliorer le coût de calcul ainsi que la précision des résultats. La simulation expérimentale montre des résultats prometteurs. L'approche de segmentation à base d'atlas décrite dans cette thèse a été appliquée dans un premier temps pour une segmentation 2D du cervelet humain. Dans un second temps, l'approche a été appliquée pour la segmentation 3D du cancer du col de l'utérus.

Dans la littérature, quelques travaux se sont intéressés à la segmentation du cervelet humain. Parmi les travaux les plus significatifs, nous citons celui de Romero et al. [Romero 2017]. L'auteur a proposé un outil de segmentation multi-atlas basé sur des patches appelé CERES (CEREbellum Segmentation) qui est capable de séparer automatiquement les lobules du cervelet. La méthode proposée fonctionne avec des images pondérées en T1 par résonance magnétique à résolution standard et utilise l'algorithme Optimized PatchMatch pour accélérer le processus de correspondance des patches. La méthode proposée a été comparée à des méthodes de pointe récentes montrant des résultats compétitifs à la fois en précision (DICE moyen de 0,7729) et en temps d'exécution (environ 5 minutes).

Le nombre de travaux qui ont porté sur l'aide au diagnostic du cancer du col de l'utérus est limité dans la littérature. Parmi les travaux les plus remarquables, nous citons les travaux de Bnoui et al. [Bnoui 2019, Bnoui 2018a, Bnoui 2018b]. L'auteure a proposé dans [Bnoui 2019] une plateforme basée sur l'apprentissage par dictionnaire partagé (CVSS-LRSDL - Cross-View Self-Similarity Low Rank Shared Dictionary Learning based framework). La plateforme permet de tirer parti de la complémentarité des vues axiales et sagittales T2 d'images IRM pour le diagnostic du cancer du col de l'utérus. Elle permet d'introduire des patches d'auto-similarité (SS) pour un apprentissage profond, qui explorent l'interaction unidirectionnelle d'une vue source à une vue cible. L'approche d'apprentissage CVSS-LRSDL permet l'extraction de caractéristiques partagées entre les différents stades de cancer et les caractéristiques spécifiques à chaque stade. La plateforme CVSS-LRSDL a été évaluée

utilisant 15 séquences IRM pondérées en T2 avec des vues axiales et sagittales. CVSS-LRSDL a significativement dépassé plusieurs méthodes de la littérature et a donné une précision moyenne de 81,73% pour la stadification du cancer du col de l'utérus. Dans [Bnoui 2018a], l'auteure a agrégé différentes architectures CNN pour améliorer leur apprentissage relationnel à plusieurs niveaux d'interactions CNN-CNN. Dans [Bnoui 2018b], l'auteure a proposé une approche de segmentation et de classification des ganglions lymphatiques issus d'images IRM du cancer du col de l'utérus. La méthode a été évaluée en utilisant 10 images IRM T2- et IRM de diffusion avec 47 ganglions lymphatiques métastatiques. Il y a eu obtention d'une précision moyenne de 70,21% pour la classification des nodules du cancer du col utérin.

Ce rapport est structuré en cinq chapitres.

Dans le premier chapitre, nous introduisons la segmentation à base d'atlas d'images médicales. Dans le deuxième chapitre, nous présentons la problématique relative à l'imagerie médicale et la segmentation guidée par les connaissances. Les différentes technologies d'imagerie médicale sont décrites en premier lieu. En second lieu, nous exposons l'intérêt de l'imagerie médicale dans le processus thérapeutique. Une revue bibliographique sur les différentes méthodes de segmentation d'imagerie médicale proposées dans la littérature est réalisée en troisième lieu. Le problème du recalage et son intérêt dans l'imagerie médicale est détaillé en quatrième lieu. En dernier lieu, nous présentons les objectifs de la thèse. Le troisième chapitre est consacré à la description de la segmentation à base d'atlas utilisant l'apprentissage en ligne. Tout d'abord, nous présentons une étude bibliographique sur les techniques de segmentation à base d'atlas. Ensuite, nous décrivons l'approche de segmentation proposée et son application pour la segmentation multi-atlas du cervelet humain 2D dans une première partie. Dans une seconde partie, nous présentons l'application de l'approche proposée pour la segmentation des organes pelviens 3D pouvant être affectés par le cancer du col de l'utérus. Le quatrième chapitre est dédié au problème de recalage. Nous présentons un état de l'art sur les techniques du recalage dans le domaine de l'imagerie médicale dans une première partie. Dans une deuxième partie, nous exposons l'approche de recalage proposée. Le cinquième chapitre conclut la thèse et présente quelques perspectives du travail proposé.

Imagerie médicale et segmentation guidée par les connaissances

II.1. Principe

II.2. Les différentes technologies d'imagerie médicale

II.2.1. La radiographie

II.2.2. Le scanner

II.2.3. La scintigraphie monophotonique

II.2.4. La tomographie par émission de positons

II.2.5. L'échographie ultrasonore

II.2.6. L'imagerie par résonance magnétique

II.3. Intérêt de l'imagerie médicale dans le processus thérapeutique

II.3.1. La prévention et le dépistage

II.3.2. Le diagnostic

II.3.3. La thérapie

II.4. Segmentation d'images médicales

II.4.1. Segmentation par classification ou seuillage des pixels

II.4.2. Segmentation basée sur les régions

II.4.3. Segmentation basée sur les frontières

II.4.4. Segmentation basée sur un modèle déformable

II.4.5. Segmentation basée sur l'apprentissage automatique

II.4.6. Segmentation guidée par les connaissances

II.5. Problème de recalage

II.5.1. Recalage monomodal intra-patient

II.5.2. Recalage multimodal intra-patient

II.5.3. Recalage monomodal inter-patients

II.5.4. Recalage multimodal inter-patients

II.6. Objectifs de la thèse

II. Imagerie médicale et segmentation guidée par les connaissances

L'imagerie médicale est définie comme étant l'ensemble des moyens d'acquisition et de restitution d'images du corps humain en se basant sur divers phénomènes physiques tels que la résonance magnétique nucléaire, la réflexion d'ondes ultrasons, l'absorption des rayons X ou la radioactivité [Jannin 2001]. Grâce au progrès de l'informatique, ces techniques ont révolutionné la médecine en permettant de visualiser l'anatomie, le métabolisme et la physiologie du corps humain. L'objectif de l'imagerie médicale est non seulement d'offrir un meilleur diagnostic des maladies, suivre leur évolution, découvrir le fonctionnement de certains organes mais d'offrir aussi de nouveaux espoirs de traitement pour plusieurs pathologies. Développées comme moyens de diagnostic, les techniques de l'imagerie médicale sont aussi largement utilisées dans la recherche biomédicale afin de mieux comprendre le fonctionnement de l'organisme. Elles sont également appliquées dans différents domaines tels que la sécurité et l'archéologie.

Dans la section suivante, nous décrivons le principe ainsi que les différentes technologies de l'imagerie médicale. Dans la section II.2, nous présentons l'intérêt de l'imagerie médicale dans le processus thérapeutique. Dans la section II.3, nous exposons un état de l'art sur les différentes techniques de segmentation d'imagerie médicale proposées dans la littérature. Le problème du recalage et son intérêt dans l'imagerie médicale est détaillé dans la section II.4. Dans la dernière section, nous présentons les objectifs de la thèse.

II.1. Principe

L'imagerie médicale a pour objectif de produire une représentation visuelle compréhensible d'une information à caractère médical [Jannin 2001]. C'est dans le cadre de l'image scientifique et technique que s'inscrit cette problématique. Le but est de pouvoir représenter une grande quantité d'informations issues d'une variété de mesures sous un format relativement simple. Il est possible de traiter informatiquement l'image obtenue pour acquérir par exemple :

- une reconstruction tridimensionnelle d'un tissu ou d'un organe ;
- un film ou une animation qui montre les mouvements d'un organe en fonction du temps ;
- une imagerie quantitative représentant dans un volume bien précis les valeurs mesurées pour certains paramètres biologiques.

Le domaine de l'imagerie médicale englobe, dans un sens plus large, la totalité des techniques qui permettent de stocker et de manipuler ces informations. Ainsi, il existe une norme qui permet la gestion informatique des données provenant de l'imagerie médicale ; c'est la norme DICOM- Digital Imaging and Communications in Medicine [Jannin 2001].

II.2. Les différentes technologies d'imagerie médicale

Les examens d'imagerie médicale permettent de fournir des informations sur l'anatomie des organes (leur volume, leur taille, leur localisation, la forme d'une éventuelle lésion, etc.), on parle d'imagerie structurelle dans ce premier cas, ou sur leur fonctionnement

(leur physiologie, leur métabolisme, etc.), on parle d'imagerie fonctionnelle dans ce second cas.

II.2.1. La radiographie

La radiographie a été découverte il y a plus d'un siècle, elle est basée sur l'utilisation des rayons X. Ces rayons sont capables de traverser les tissus de façon plus ou moins importante selon leur densité. Ainsi, devant le corps à radiographier est située une source de rayons X et à l'arrière du corps est situé un détecteur. Le corps est traversé par les photons émis qui sont plus ou moins absorbés par les tissus croisés sur leur chemin. Cela assure la différenciation entre les os et les muscles sur le cliché final [CEA 2020].

II.2.2. Le scanner

Le scanner (appelé aussi tomodynamométrie) est également basé sur l'utilisation d'une source de rayons X et d'un détecteur de part et d'autre du corps en question. Il permet une rotation simultanée de la source émettrice de rayons X et du détecteur autour du corps pour l'obtention d'images 3D. La zone à explorer est balayée et des images en coupes fines, ou "tranches" de l'organisme sont reconstituées, ce qui permet la détermination précise de la localisation et l'étendue d'une lésion [CEA 2020].

II.2.3. La scintigraphie mono photonique

La scintigraphie mono photonique est une technique qui fait intervenir la médecine nucléaire. Cette technique d'imagerie repose sur l'utilisation d'un traceur radioactif administré au patient et une caméra sensible aux rayons gamma. Le traceur, marqué par un atome radioactif émettant des photons dans toutes les directions, va être capté par l'organe à analyser. Le corps du patient va être traversé par les photons émis, jusqu'à la gamma caméra. Cette caméra est équipée d'un collimateur¹ ne laissant passer que les rayons parallèles aux zones aménagées à cet effet. L'objectif est de délimiter les points d'émission des photons. Autour du patient tourne la gamma caméra pour obtenir des images 3D de l'organe étudié suite à une reconstitution informatique [La société Unify 2020] [CEA 2020].

II.2.4. La tomographie par émission de positons

La tomographie par émission de positons (TEP) repose sur l'utilisation d'un traceur marqué par un atome radioactif (le Fluor 18 ou le Carbone 11) émettant des positons. Le traceur se fixe sur sa cible biologique après son injection dans l'organisme par voie intraveineuse. Les positons, qui sont émis lors de cette fixation, s'annihilent avec les électrons environnant en émettant deux photons dans des directions diamétralement inverses. Les photons de part et d'autre de la région cible vont être captés par une couronne de détecteurs placée autour du patient. Une image 3D de la région étudiée résulte du traitement de l'ensemble de ces captures [CEA 2020].

¹ Le collimateur est un dispositif situé devant la gamma caméra qui a la possibilité de recueillir uniquement les faisceaux de photons parallèles entre eux. Il est sous la forme d'une plaque en plomb ou tungstène percée de trous cylindriques qui sont parallèles entre eux.

II.2.5. L'échographie ultrasonore

L'échographie ultrasonore est une technique d'imagerie médicale basée sur l'exposition du corps à des ondes ultrasonores et sur la réception de leur écho. Un faisceau d'ultrasons est envoyé par une sonde dans la région du corps à explorer. Ces ondes sonores sont réfléchies d'une manière plus ou moins importante. Ces ondes traversent les tissus et y font écho d'une façon différente selon leur densité : plus un tissu est dense, plus l'écho est puissant. On arrive à visualiser les organes observés suite au traitement de ces échos [La société Unify 2020]. Ainsi, lors d'une échographie réalisée dans le cas d'une grossesse par exemple, on arrive à différencier les organes du fœtus, de son squelette, du liquide amniotique, etc.

II.2.6. L'imagerie par résonance magnétique

L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) a la possibilité de visualiser des détails qui sont invisibles sur les radiographies standards, le scanner ou l'échographie [La société Unify 2020]. Il s'agit d'une technique d'imagerie qui se base sur les propriétés magnétiques des molécules d'eau qui remplit le corps humain à plus de 80% [CEA 2020]. Les atomes d'hydrogène contenus dans les molécules d'eau possèdent un "moment magnétique", appelé également spin, qui fonctionne comme un aimant. Une bobine permet à la machine IRM de créer un champ magnétique puissant (B_0). Le patient est situé au centre de ce champ magnétique. La totalité des molécules d'eau qui composent le corps vont s'orienter suivant B_0 . Une antenne placée sur la région du corps étudiée va assurer l'émission et la réception de certaines fréquences. Lors de l'émission, les molécules vont basculer par la fréquence induite dans un plan perpendiculaire à B_0 . Suite à l'arrêt de l'émission de l'antenne, les molécules retrouvent leur position initiale et se mettent à émettre à leur tour une fréquence captée par l'antenne. Des logiciels permettent ensuite d'analyser et de traiter cette fréquence comme un signal électrique. Le signal est différent selon la teneur d'eau dans les tissus [CEA 2020].

II.3. Intérêt de l'imagerie médicale dans le processus thérapeutique

II.3.1. La prévention et le dépistage

L'imagerie joue un rôle important dans la prévention, le diagnostic, la thérapie et le suivi des patients. Elle a la possibilité de dépister précocement un grand nombre de pathologies.

L'imagerie médicale contribue aux politiques de santé publique et permet la prévention de plusieurs maladies lourdes.

Le dépistage du cancer du poumon, qui constitue la première cause de décès par cancer en utilisant le scanner (réalisé généralement de façon courante), permettrait de faire diminuer la mortalité de ce cancer [FNMR 2017].

II.3.2. Le diagnostic

Dans un très grand nombre de pathologies, le diagnostic à l'imagerie permet d'orienter le patient dans le parcours de soins avec une prise en charge plus précoce et plus adaptée. Les diagnostics à l'imagerie permettent une meilleure orientation du patient.

Par exemple, pour les personnes traitées pour un cancer, les examens radiologiques réguliers avec comparaison des examens aboutissent à une meilleure évaluation de l'impact des traitements ainsi que leur adaptation à l'évolution de la pathologie. Le recours à l'IRM a la possibilité de diminuer l'exposition des patients aux rayonnements.

Pour les maladies inflammatoires digestives (Crohn et RCH), l'imagerie est nécessaire pour une prise en charge précoce, éviter les traitements chirurgicaux et suivre leur évolution en prévenant d'éventuelles complications [FNMR 2017].

II.3.3. La thérapie

En assurant le diagnostic nécessaire, l'imagerie médicale contribue à optimiser les parcours de soins des patients. L'intervention de l'imagerie médicale dans le processus thérapeutique s'est développée essentiellement grâce à l'imagerie interventionnelle (radiofréquence, cimentoplastie, etc.). Elle constitue une alternative peu invasive à des actes chirurgicaux lourds. L'avantage pour le patient est la réduction des durées d'hospitalisation et des conséquences des interventions invasives, des séquelles moindres, etc. Par exemple, la destruction par radiofréquence de tumeurs, notamment hépatiques, en remplacement d'une intervention chirurgicale par laparotomie (Incision de la paroi abdominale) ou cœlioscopie (technique chirurgicale qui permet, à travers une petite ouverture de la paroi de l'abdomen, l'observation l'intérieur de la cavité abdominale ou pelvienne et l'intervention sur les organes). On prend également l'exemple de la ponction biopsie sous scanner ou en échographie en ambulatoire au lieu d'intervenir chirurgicalement pour une exploration d'un organe profond [FNMR 2017].

II.4. Segmentation d'images médicales

Les méthodes de segmentation et de classification de l'imagerie médicale ont attiré une attention considérable de la communauté scientifique au cours des deux dernières décennies, ce qui a abouti à de nombreux algorithmes de segmentation automatisée, semi-automatisée et interactive.

La segmentation est une opération de traitement d'image consistant à partitionner l'image d'entrée en zones séparées contenant des pixels rassemblés suivant des critères prédéfinis. Récemment, de nombreuses techniques de segmentation d'images cérébrales, pelviennes, pulmonaires, pancréatiques, osseuses, etc. ont été proposées en raison des progrès rapides de la technologie d'imagerie médicale. En général, les techniques de segmentation sont classées sur la base des informations extraites des images et utilisées pour mettre en œuvre la segmentation.

Dans ce qui suit, nous détaillerons les principaux types des méthodes employées récemment pour la segmentation dans des régions différentes du corps humain.

II.4.1. Segmentation par classification ou seuillage des pixels

Ce type de segmentation est fondé sur la classification des pixels en fonction de leur intensité. On parle de seuillage étant donné que les classes sont déterminées par le choix d'un seuil. Des

informations sont calculées sur l'image, comme la moyenne des niveaux de gris de l'ensemble des pixels, ou la médiane, le seuillage permet de construire n classes d'intensité. Les pixels qui appartiennent à une même classe et qui sont connexes constituent des régions de l'image [Petrou 2010].

La méthode d'Otsu représente une méthode classique permettant de trouver un seuil à partir d'une image à niveaux de gris. La méthode des K-moyennes permet la séparation en plusieurs classes d'intensités les pixels d'une image. Elle peut également être utilisable sur les images couleur et sur des images de grandes dimensions [Jin 2014].

Conceptuellement, cette classe de segmentation est la plus simple et est couramment utilisée pour des images bidimensionnelles. La plupart des techniques basées sur les pixels dépendent de la mesure des seuils à partir de l'histogramme d'une image [A. Jalab 2019, Petrou 2010, Alan 1998]. Si l'image peut être segmentée par un seuil unique, ce dernier est dit seuil global. Sinon, s'il y a plus de deux objets dans l'image, la segmentation doit être implémentée à l'aide d'un seuillage local [Jin 2014, Gordillo 2013, Naji 2012, Russ 1990].

Le principal problème de ce type de segmentation est que seules les informations d'intensité sont prises en compte et que les relations entre les pixels sont négligées. Par conséquent, certains pixels ne sont pas attribués souvent aux régions souhaitées [A Jalab 2019]. En général, les méthodes de segmentation basées sur des seuils ne permettent pas de bien exploiter les informations fournies par une image IRM et sont généralement utilisées pour séparer ou éliminer l'arrière-plan de la coupe IRM [A Jalab 2019, Gordillo 2013, Wilson 2000, Russ 1990].

II.4.2. Segmentation basée sur les régions

Les techniques qui appartiennent à cette classe manipulent directement des régions. Deux cas sont possibles. Dans le premier cas on part d'une première partition de l'image, qui est ensuite modifiée en divisant ou regroupant des régions. On parle dans ce cas de méthodes de décomposition/fusion (ou split and merge en anglais). Dans le second cas on part de quelques régions, qui sont amenées à croître par intégration de pixels jusqu'à ce que toute l'image soit couverte, et on parle de méthodes par croissance de régions.

Les algorithmes de décomposition/fusion se servent des caractéristiques propres de chaque région (texture, colorimétrie, intensité lumineuse, etc.). Des couples de régions candidates à une fusion sont cherchés et sont notés en fonction de l'impact de cette fusion sur l'apparence générale de l'image. Les couples de régions les mieux notés sont alors fusionnés, et l'opération est réitérée jusqu'à ce que les caractéristiques de l'image remplissent une condition prédéfinie : nombre de régions, contraste, luminosité ou texture générale donnée, ou alors jusqu'à ce que les meilleures notes attribuées aux couples de régions n'atteignent plus un certain seuil (on parle dans ce cas d'un algorithme avec minimisation de fonctionnelle).

Les algorithmes de croissance de région partent d'un premier ensemble de régions. Ces dernières peuvent être calculées automatiquement, ou données par un utilisateur de manière

interactive. Les régions grandissent ensuite par intégration des pixels les plus similaires suivant un critère donné, tel que la différence entre le niveau de gris du pixel considéré et le niveau de gris moyen de la région. Les algorithmes de segmentation par ligne de partage des eaux, développés dans le cadre de la morphologie mathématique, appartiennent à cette classe [Dougherty 2009].

La principale caractéristique de la méthode de croissance de région est la possibilité de segmenter des régions similaires et de générer des régions associées [Rogowska 2009].

Le principal inconvénient des méthodes de croissance de régions est l'effet volume partiel (connu par sa dénomination anglaise Partial Volume-PV), qui limite la précision de la segmentation des images par résonance magnétique. Par conséquent, le PV rend flou les frontières entre les différents tissus, puisque le pixel peut contenir plus d'un type de tissus [Jin 2014, Gordillo 2013, Mie 2000]. Les méthodes de croissance de régions sont plus sensibles au bruit, produisant ainsi des trous dans les régions extraites [Palm 1998]. De plus, si le point de départ n'est pas correctement choisi, la région se développe en dehors de l'objet d'intérêt ou se confond avec une autre région n'appartenant pas à l'objet souhaité [Dougherty 2009].

II.4.3. Segmentation basée sur les frontières

La segmentation basée sur les frontières est basée sur la recherche des différences (au lieu des similitudes) entre les pixels pour déterminer les limites proches correspondant aux objets d'une image [Dougherty 2009]. Ce type de méthodes cherche à exploiter le fait qu'il existe une transition détectable entre deux régions connexes. Il utilise des opérateurs de traitement d'images, comme le filtre de Canny, pour déterminer les pixels qui semblent appartenir à un contour.

La segmentation basée sur les frontières est rapide en calcul et ne nécessite aucune information préalable sur le contenu de l'image [Rogowska 2009].

Ce type de segmentation est développé pour être fortement sensible aux variations significatives des valeurs de niveaux de gris. Il peut être utilisé pour surmonter l'effet de la modification de la taille de l'objet segmenté en raison du système de seuillage inapproprié utilisé pour la segmentation [Jähne 2005]. La principale limite de la segmentation basée sur les frontières est que les contours résultants n'incluent pas entièrement l'objet. Pour résoudre ce problème, des étapes supplémentaires de post-traitement doivent être appliquées pour lier les contours qui correspondent à une frontière unique afin de combiner ces bords en chaînes et améliorer la représentation des frontières dans l'image. Ces méthodes sont plus sensibles au bruit et, si les images ne diffèrent que d'une petite quantité de régions, les contours détectés peuvent être brisés [Sonka 2014, Rogowska 2009, William 2001].

II.4.4. Segmentation basée sur un modèle déformable

Des courbes paramétriques (courbe de Bézier, spline...) ou de polygones (par exemple algorithme à bulle) peuvent intervenir en tant que modèles déformables pour segmenter une image.

Ces modèles de contours représentent des modèles paramétriques déformables qui conviennent pour segmenter, faire correspondre et suivre des structures pathologiques dans des images IRM en exploitant des contraintes dérivées de ces images et des connaissances préalables concernant l'emplacement, la taille et la forme de la tumeur dans ces zones pathologiques [A Jalab 2019, Gordillo 2013, Dougherty 2009, Jähne 2005]. Ces modèles déformables sont définis comme un ensemble de courbes dirigé par l'impact de forces internes et externes. L'effet des forces internes lisse les courbes, tandis que les forces externes sont responsables de la modification de la direction des courbes vers les bords de la zone anatomique. Parmi toutes les techniques de segmentation, le modèle déformable a été prouvé une technique réussie et efficace.

Le modèle déformable a été utilisé dans de nombreux domaines d'application, en particulier dans le domaine médical, en raison de sa capacité à s'adapter à la variabilité des structures biologiques de différents patients [Tantisatirapong 2015, Rousseau 2009]. Jin et al. [Jin 2014] et Gordillo et al. [Gordillo 2013], ont pris le cas d'une tumeur cérébrale et ont conclu que des bons résultats de segmentation de la tumeur cérébrale à l'aide des méthodes classiques (méthode basée sur les régions, méthode basée sur les pixels et méthode basée sur les frontières) sont difficiles à obtenir. De plus, en raison de l'émersion des données de l'imagerie médicale tridimensionnelles, la segmentation d'une lésion volumétrique qui consiste à déterminer les limites d'une structure particulière à partir d'une image tridimensionnelle est un problème difficile à réaliser [A Jalab2019]. Les études précédentes se concentraient généralement sur la segmentation individuelle de chaque coupe (coupe par coupe), puis sur leur fusion pour obtenir un volume tridimensionnel ou une surface continue. Cependant, la segmentation résultante dans ce cas conduit à une surface non continue car certaines informations anatomiques importantes du volume IRM seront manquantes [Mikulka 2013, Despotovic 2015]. Dans les travaux cités précédemment, une approche basée sur un modèle tridimensionnel déformable a été employée et montrée comme la meilleure méthode de segmentation ne nécessitant pas de données d'apprentissage. Elle nécessite d'initialiser le contour qui est proche de l'objet d'intérêt. L'approche utilise également des instructions d'interaction avec l'utilisateur pour placer des repères dans l'image afin de guider la segmentation [Loizou 2009].

II.4.5. Segmentation basée sur l'apprentissage automatique

L'apprentissage automatique est l'une des méthodes les plus efficaces pour automatiser l'analyse et la segmentation d'images médicales. Il peut apprendre les relations complexes disponibles à partir des données empiriques pour prendre des décisions précises [Jin 2014]. Les approches basées sur l'apprentissage automatique pour la segmentation d'images sont classées en trois catégories: méthodes de segmentation supervisée, semi-supervisée et non supervisée. Une fois que les données d'apprentissage sont étiquetées manuellement, la méthode de segmentation est dite supervisée. Le principal avantage des méthodes de segmentation supervisée est qu'il est possible de les utiliser pour effectuer différentes tâches en modifiant uniquement le jeu de données d'apprentissage [Gordillo 2013]. Si les données d'apprentissage sont automatiquement étiquetées en regroupant numériquement des pixels

similaires, la segmentation est dite non supervisée [Gordillo 2013, Solomon 2011, Han 2011, Larose 2005]. Ce type de segmentation utilise des intensités et / ou des caractéristiques de texture pour segmenter les coupes IRMs en régions remarquables. La présence d'une grande variété de tumeurs de formes et d'intensités différentes rend difficile la segmentation précise de ces tumeurs, en particulier lorsque leur intensité est hétérogène et leurs limites sont floues [Angulakshmi 2017, Gordillo 2013]. La majorité des algorithmes de segmentation des lésions tumorales sont basés sur des réseaux de neurones artificiels (Artificial Neural Networks - ANN), machines à vecteurs de support (SVM) et fuzzy C-means clustering (FCM).

La technique ANN est l'une des méthodes de segmentation les plus populaires en raison de sa capacité d'apprendre de l'historique et à générer automatiquement de nouvelles règles [Negnevitsky 2005]. ANN utilise des intensités et des fonctions de texture pour segmenter l'image IRM. Les caractéristiques extraites sont alimentées par une série de nœuds nommés couches d'entrée, puis un ensemble d'opérations mathématiques est appliqué à ces caractéristiques dans une couche cachée. La décision finale est prise au niveau de la couche de sortie [Gordillo 2013]. Aucune approche standard ne peut être utilisée pour identifier la meilleure structure de réseau pour la segmentation des tumeurs. Par conséquent, des expériences fastidieuses et des essais sont souvent utilisés [Zhang 1998]. Ces limitations sont surmontées en utilisant les réseaux de neurones convolutionnels (CNN- Convolutional Neural Network) [Negnevitsky 2005, Havaei 2016].

En ce qui concerne les SVMs, ils ont été développés en 1992 par Vapnik et al. [Hasan 2016]. Les SVMs sont considérés comme l'un des modèles d'apprentissage supervisé utilisés dans diverses applications telles que la segmentation, la reconnaissance de formes, l'identification du locuteur et le diagnostic médical [Tantisatirapong 2015, Han 2011]. Ils ont été souvent utilisés pour classer les pixels dans les tissus normaux et pathologiques [Nabizadeh 2015, Guo 2015, Bauer 2011].

Le FCM est une technique non supervisée de segmentation et de regroupement de pixels en deux ou plusieurs clusters en générant un ensemble d'appartenances, chacune couvrant un groupe de pixels correspondant au centre du cluster le plus proche [Jin 2014]. Par conséquent, l'appartenance attribuée à une classe spécifique est déterminée en fonction de ses caractéristiques telles que les valeurs d'intensité et les caractéristiques de texture, et peut être précisément déterminée par l'estimation des centres du cluster [Gordillo 2013]. Le principal inconvénient du FCM est qu'il est coûteux en temps de calcul et qu'il est très sensible au bruit et à l'inhomogénéité, ce qui peut fausser les résultats de segmentation [Kahali 2017].

Le tableau 1 présente des exemples de travaux de la littérature qui ont porté sur la segmentation des parties différentes du corps humain.

Tableau 1: Sélection de travaux de segmentation de régions différentes du corps humain

Références	Type de segmentation	Méthode	Localisation
Zhang et al. 2019	Segmentation basée	Elle est basée sur un cadre d'apprentissage	Sein

	sur l'apprentissage automatique.	hiérarchique guidé par masque (mask-guided hierarchical learning-MHL) pour la segmentation des tumeurs du sein via des réseaux entièrement convolutifs (Fully Convolutional Networks-FCN).	
Ibrahim et al. 2018	Modèle déformable.	Elle est basée sur un Modèle déformable à base de FWF (FractionalWright energy Function)	Cerveau
Havaei et al. 2017	Segmentation basée sur l'apprentissage automatique.	Elle est basée sur des réseaux de neurones profonds (Deep Neural Networks-DNNs).	
Zhang et al. 2017	Segmentation basée sur l'apprentissage automatique.	Elle est basée sur l'utilisation de neurones entièrement convolutifs (réseau FCNN), perte d'amorçage, perte de spécificité et de sensibilité.	
Krupali et al. 2016	Segmentation basée sur l'apprentissage automatique.	Elle est basée sur un regroupement C-means flou (Fuzzy C-means clustering).	OS
Le et al. 2016	Segmentation basée sur l'apprentissage automatique.	Elle est basée sur un réseau neuronal à couche unique cachée.	Foie
Chang et al. 2016	Segmentation basée sur la région.	La région tumorale a été segmentée en utilisant une méthode de croissance de région.	Sein
M. Hasan et al. 2016	Modèle déformable	Contour actif tridimensionnel sans bord.	Cerveau
Nabizadeh et al. 2015	Segmentation basée sur l'apprentissage automatique.	Fonctionnalités de texture basées sur la segmentation et le	

		classifieur SVM	
--	--	-----------------	--

II.4.6. Segmentation guidée par les connaissances

Les méthodes de segmentation d'image peuvent être réparties en techniques de segmentation de bas niveau [Dawant 2000] et techniques de segmentation de haut niveau [Sonka 2000]. Les techniques de segmentation de haut niveau ne dépendent pas de l'information sur les niveaux de gris de l'image. Elles intègrent plutôt l'expertise humaine en tant que connaissance préalable dans le processus de segmentation. Les connaissances à intégrer peuvent prendre la forme d'un modèle utilisé comme prototype, ou référence, pour la segmentation de l'objet cible [Kalinic 2009]. L'appariement d'un tel modèle et d'une segmentation manuelle correspondante est souvent appelé «atlas». La segmentation basée sur atlas est une technique de segmentation de haut niveau qui est capable de segmenter une image sans pour autant avoir une relation bien définie entre les régions et les intensités des pixels en raison de contours mal définis, d'une faible résolution spatiale, d'un contraste médiocre, d'un artefact d'acquisition, etc. Etant donné un atlas, la segmentation peut être réalisée en effectuant un recalage de l'atlas par rapport à l'image cible du sujet à segmenter. La segmentation à base d'atlas exploite les connaissances prédéfinies sur des images d'apprentissage précédemment étiquetées pour segmenter une nouvelle image cible.

La figure 1 explique le processus de segmentation à base d'atlas. I_0 est l'image du patient à segmenter, I_1 représente l'image anatomique de l'atlas et S_1 est l'image sémantique de l'atlas correspondant. La transformation issue du processus de recalage de I_1 sur I_0 est appliquée sur S_1 pour aboutir à S'_1 l'image sémantique du patient I_0 .

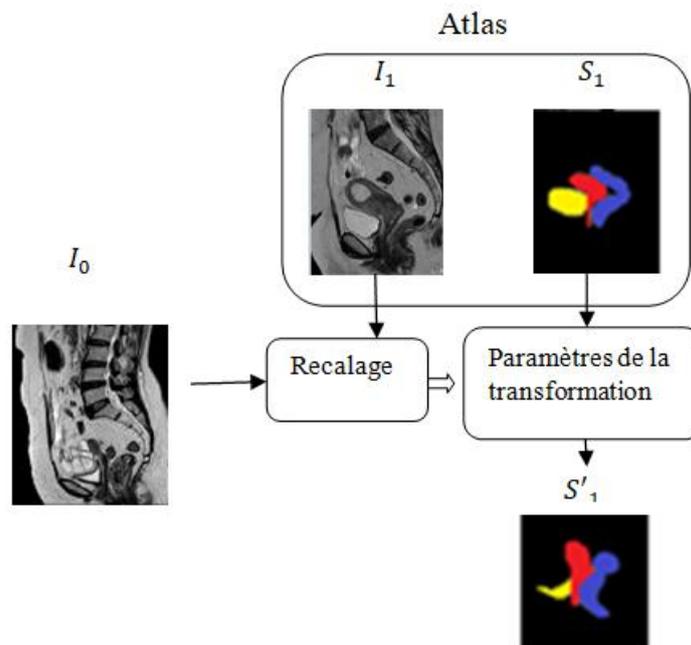


Figure 1 : Processus de segmentation à base d'atlas

II.5. Problème de recalage

Le recalage d'images est une étape fondamentale dans le traitement d'images. Il trouve ses applications dans de nombreux problèmes qui relèvent de domaines différents, tels que l'imagerie médicale, l'imagerie satellitaire, le traitement de vidéos, etc [Malandain 2006].

L'importance occupée par ce problème dans le traitement des images médicales peut être expliquée par plusieurs raisons. D'abord, pour les applications de nature clinique à base de l'imagerie, une comparaison des images issues de différentes modalités est généralement nécessaire. Ce qui justifie le recours au recalage. D'autre part, la multitude des modalités mises à la disposition des cliniciens offre de nouvelles possibilités pour un meilleur diagnostic et prise en charge thérapeutique. Cependant, cela nécessite que les images soient placées dans un même repère afin de pouvoir en tirer profit. En effet, les modalités de l'imagerie médicale sont complémentaires et leurs indications sont variées. Certaines d'entre elles donnent l'accès à l'anatomie des organes (comme la radiographie), alors que d'autres assurent la visualisation de la physiologie ou le métabolisme du corps humain (comme la scintigraphie). Dans l'objectif de pouvoir profiter de la particularité de chacune de ces modalités, il est nécessaire qu'elles soient spatialement comparables. Cependant, les images acquises nativement ne vérifient pas cette condition. Cela est engendré, à titre d'exemple, par leurs formats d'acquisition ou les déformations liées aux biais instrumentaux. Le recalage se montre donc essentiel pour compenser les variations de mesure, bénéficier de la complémentarité des images et faciliter leur interprétation [Rubeaux 2011].

On peut distinguer plusieurs applications du recalage dans l'imagerie médicale ; recalage mono ou multi-modalités, intra- ou inter-individus [Rubeaux 2011]. Dans ce qui suit, nous citons des exemples de contextes applicatifs pour le recalage dans chacun des cas susmentionnés.

II.5.1. Recalage monomodal intra-patient

Les images sont, dans ce cas, de la même modalité et concernent un même patient mais prises à des instants différents. Parmi les applications du recalage dans ce cas nous citons le suivi de l'évolution d'une maladie, l'estimation de mouvement cardiaque, la compensation du mouvement respiratoire, le contrôle d'opérations chirurgicales [Rubeaux 2011]. La figure 2 illustre un exemple de recalage intra-patient, mono-modalité.

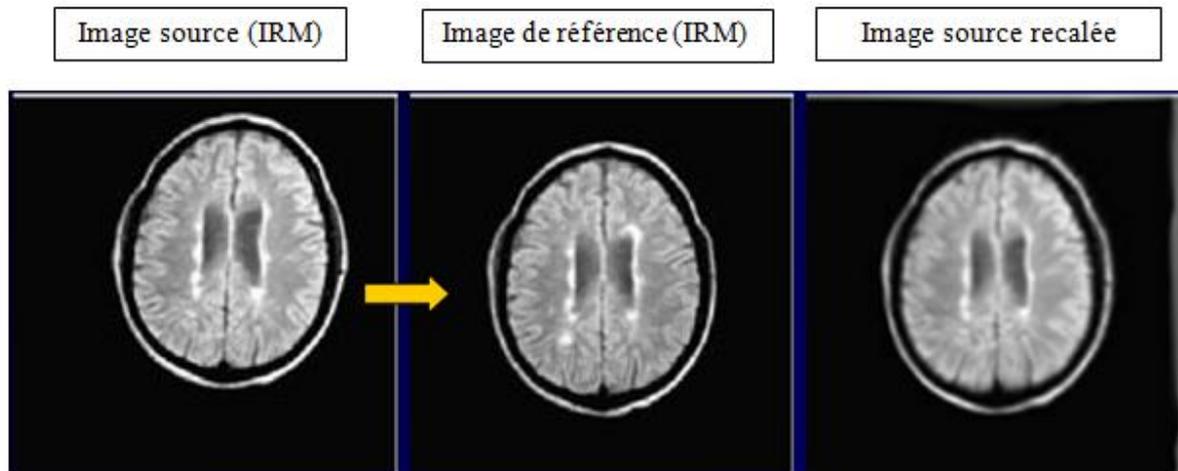


Figure 2 : Recalage intra-patient, mono-modalité [Petitjean 2012]

II.5.2. Recalage multimodal intra-patient

Il s'agit, dans ce cas, d'images qui concernent un même patient mais provenant de modalités distinctes. Ce cas est plus complexe vu que la nature des images peut ne pas être la même. Le recalage a des applications typiques dans ce cas, à savoir, la fusion d'informations issues des différents imageurs afin d'obtenir une information composite et la conduite de gestes interventionnels guidés par l'image grâce à une connaissance plus précise de l'anatomie du patient [Rubeaux 2011]. La figure 3 présente un exemple de recalage intra-patient, multi-modalité.

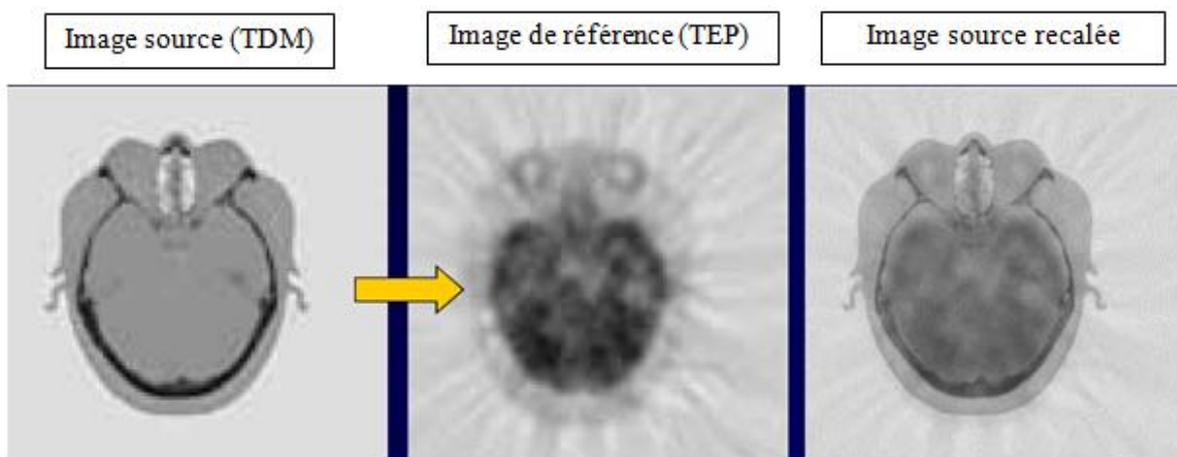


Figure 3 : Recalage intra-patient, multi-modalité [Petitjean 2012]

II.5.3. Recalage monomodal inter-patients

Les images, dans ce cas, proviennent de la même modalité mais appartiennent à des sujets différents. L'une des applications principales de ce recalage est la comparaison de données issues de plusieurs patients dans l'objectif de détecter des maladies par comparaison avec un groupe d'individus sains [Malandain 2006] [Rubeaux 2011]. Une autre application de

ce type de recalage est la segmentation à base d'atlas qui correspond à notre sujet d'étude. La figure 4 illustre un exemple de recalage inter-patients, mono-modalité.

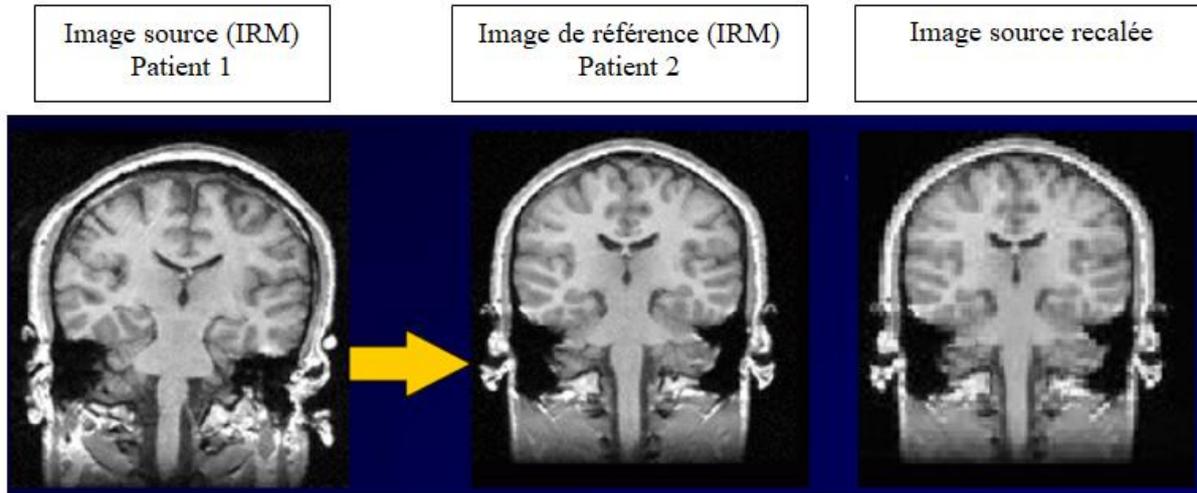


Figure 4 : Recalage inter-patients, mono-modalité [Petitjean 2012]

II.5.4. Recalage multimodal inter-patients

Il s'agit, dans ce cas, d'images provenant de modalités différentes et appartenant à des sujets différents. Ce recalage consiste à la superposition d'atlas anatomiques afin d'analyser statistiquement des variations anatomiques ou fonctionnelles dans un ensemble d'individus, ou alors pour réaliser une segmentation automatique par transport d'un modèle a priori [Noblet 2006].

II.6. Objectifs de la thèse

Dans ce travail, nous proposons une technique de segmentation à base d'atlas utilisant l'apprentissage en ligne pour séparer des régions d'intérêt sur des images médicales IRM.

La méthode sera appliquée dans deux problématiques d'imagerie médicale différentes. Dans une première partie, nous considérons le problème de la segmentation du cervelet humain. Il s'agit d'une structure majeure du cerveau postérieur qui joue un rôle important dans le contrôle moteur. Il peut également être en charge de certaines fonctions cognitives telles que le langage, l'attention et le contrôle émotionnel [Wolf 2009]. La segmentation automatique de cette structure a une importance cruciale car elle permet aux cliniciens de mieux diagnostiquer les anomalies cérébelleuses.

Dans une deuxième partie, nous considérons le problème de la segmentation des organes pelviens à partir d'images IRM tridimensionnelles. L'approche proposée permet de séparer les régions locales susceptibles d'être affectées par un cancer du col de l'utérus dans des images IRM pelviennes féminines. La région pelvienne féminine est connue pour être anatomiquement complexe et de grande variabilité, ce qui rend difficile la tâche de segmentation utilisant des techniques de segmentation de bas niveau.

La segmentation à base d'atlas est une technique de segmentation de haut niveau qui est devenue un paradigme standard pour exploiter les connaissances a priori dans la segmentation d'images.

Des méthodes récentes basées sur plusieurs atlas ont fourni des segmentations très précises de différentes parties du corps humain en propageant des délimitations manuelles de plusieurs atlas dans un ensemble de données à un sujet cible et en les fusionnant [Aljabar 2009, Cabezas 2011].

Les atlas utilisés dans ce travail sont mis à notre disposition progressivement dans un ordre séquentiel. L'approche proposée est donc basée sur une méthode d'apprentissage automatique en ligne pour la construction de l'ensemble de données des atlas et pour le processus de segmentation. Le recalage sera employé dans deux étapes différentes du processus de segmentation. Nous avons consacré le chapitre IV pour décrire le problème de recalage.

Le schéma bloc global de la méthode proposée est donné par la figure 5.

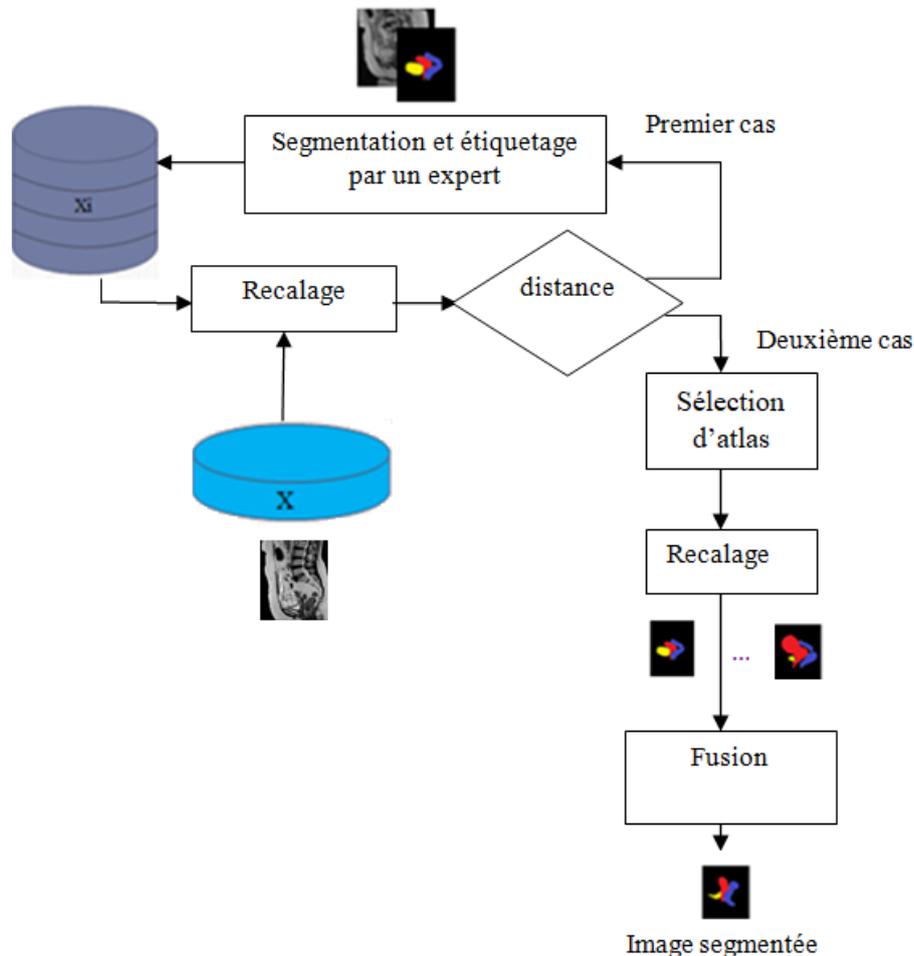


Figure 5: Principales étapes du processus de segmentation

Dans l'approche de segmentation proposée, les modèles anatomiques utilisés pour créer la base des atlas peuvent être pathologiques ou non pathologiques.

Tout d'abord, un expert doit intervenir pour sélectionner un nombre d'images IRM pour être annotées manuellement et considérées comme des atlas. Ces images sont choisies de manière à représenter la variabilité anatomique présente dans la base de données. La base des atlas sera considérée comme un ensemble de données d'apprentissage pour la segmentation des nouveaux cas. Lorsqu'un nouveau cas X se présente, il est tout d'abord aligné sur chacun des atlas $\{X_i\}$ afin de placer toutes les images dans un même repère géométrique.

Ensuite, la distance entre X et chacun des atlas est mesurée afin de décider s'il s'agit d'une forme anatomique nouvelle non présente dans la base d'atlas (premier cas) ou d'une forme usuelle qui a des similaires dans la base d'atlas et qui peut, donc, être segmentée en se basant sur les atlas qui lui sont proches (deuxième cas). Dans le premier cas, l'expert doit intervenir pour segmenter manuellement et étiqueter l'image avant de l'ajouter à la base d'atlas. Dans le deuxième cas, les « n » atlas les plus proches à l'image cible à segmenter sont déterminés. Ils sont ensuite recalés par rapport à X pour aboutir à « n » segmentations différentes. Ces dernières sont enfin fusionnées pour avoir la segmentation finale de l'image cible.

Segmentation à base d'atlas utilisant l'apprentissage en ligne

III.1. Segmentation à base d'atlas

III.1.1. Construction de l'atlas

III.1.2. Recalage d'images

III.1.3. Propagation d'étiquettes

III.1.4. Sélection d'atlas

III.2. Apprentissage en ligne

III.2.1. Volume

III.2.2. Vitesse

III.2.3. Variété

III.3. Méthode de segmentation multi atlas proposée basée sur l'apprentissage en ligne

III.3.1. Segmentation multi-atlas du cervelet humain

III.3.2. Segmentation multi-atlas des organes pelviens féminins : Application pour l'aide au diagnostic du cancer du col de l'utérus

III. Segmentation à base d'atlas utilisant l'apprentissage en ligne

Dans ce troisième chapitre nous décrivons la segmentation à base d'atlas utilisant l'apprentissage en ligne. Dans la section suivante nous présentons une étude bibliographique sur les techniques de segmentation à base d'atlas. Ensuite, nous décrivons l'approche de segmentation proposée. L'application de la méthode proposée pour la segmentation multi-atlas du cervelet humain 2D est décrite dans une première sous-section. Dans une seconde sous-section, nous présentons l'application de l'approche proposée pour la segmentation des organes pelviens 3D pouvant être affectés par le cancer du col de l'utérus.

III.1. Segmentation à base d'atlas

Etant donné un atlas, la segmentation est réalisée à travers l'opération du recalage de l'atlas sur l'image cible du sujet à segmenter. Lors de ce processus, communément appelé segmentation à base d'atlas, toutes les informations spatialement prédéfinies sur l'atlas concernant les étiquettes d'organes, les informations fonctionnelles, etc. sont transférées à l'image cible du patient. Nous appelons cette opération: propagation d'étiquettes [Aljabar 2009].

La propagation des étiquettes peut être étendue à plusieurs atlas afin de mieux gérer les erreurs de recalage résultant de l'utilisation d'un seul atlas, d'améliorer la précision des résultats et de mieux gérer la variabilité anatomique [Aljabar 2009, Cabezas 2011]. Après propagation, les segmentations résultantes peuvent être traitées comme des classificateurs séparés et peuvent être fusionnées afin de former une estimation d'une seule segmentation. La segmentation multi-atlas s'est avérée efficace par rapport aux approches basées sur un atlas unique [Rohlfing 2004a]. Des travaux pertinents ont également été menés sur les méthodes utilisées pour combiner des classificateurs dans un cadre de segmentation multi-atlas [Warfield 2004, Rohlfing 2004b].

III.1.1. Construction de l'atlas

Différentes méthodes de construction d'atlas ont été proposées dans la littérature pour divers organes humains, comme le cœur [Zhang 2017, Perperidis 2005], la prostate [Acosta 2017] et principalement le cerveau [Sun 2019, Liyanage 2016, Fillard 2007, Lorenzen 2006, Joshi 2004]. Différentes méthodes de construction d'atlas ont été étudiées par Kalinic [Kalinic 2009]. Étant donné une base d'images, il existe quelques techniques pour construire un atlas et l'utiliser pour la segmentation. Une approche courante pour créer un atlas consiste à sélectionner un individu (une image) dans l'ensemble de données et à associer une annotation manuelle d'expert à cette image [Kalinic 2009]. Il est possible également de construire la forme moyenne à partir de l'ensemble des données de la base d'images et d'ajouter une annotation de clinicien à cette image pour obtenir un atlas [Kalinic 2009]. Un atlas peut également être construit en utilisant l'instance la plus similaire de l'ensemble d'images et joindre un étiquetage manuel d'un clinicien. Une autre approche consiste à sélectionner un

sous-ensemble d'images individuelles et à attribuer une annotation correspondante à chacune d'elles. Cette technique est utilisée pour créer plusieurs atlas. Par conséquent, une méthode de fusion doit être utilisée afin d'obtenir la segmentation finale [Kalinic 2009].

III.1.2. Recalage d'images

La segmentation à base d'atlas nécessite l'utilisation du recalage afin d'aligner l'atlas sur l'image cible du sujet à segmenter. Le recalage d'image médicale a été largement étudié dans la littérature au cours des dernières décennies et un grand nombre de techniques de recalage a été développé pour divers types de données et d'applications. Néanmoins, il n'y a toujours pas de technique universelle pour le recalage d'images en raison de la particularité de chaque application et de la variété des types d'images d'entrée [Daly 2016, Noblet 2006]. Le recalage est une technique qui consiste en la « mise en correspondance d'images » dans l'objectif de les comparer ou combiner leurs informations respectives. Cette mise en correspondance se fait à travers la recherche d'une transformation géométrique afin d'aligner une image source sur une image cible en optimisant une métrique de similarité appropriée. Le problème de recalage d'images est étudié plus en détail dans le chapitre III.

III.1.3. Propagation d'étiquettes

La propagation d'étiquettes multi-atlas est une classe populaire d'algorithmes de segmentation à base d'atlas. Les premiers qui ont travaillé dessus sont Rohlfing et al. [Rohlfing 2004b] et Heckemann et al. [Heckemann 2006]. Dans la propagation d'étiquettes multi-atlas, chacun des atlas étiquetés manuellement est recalé individuellement sur l'image cible non segmentée. Les segmentations propagées sont ensuite fusionnées en une étiquette consensus à chaque voxel de l'image cible. La fusion des segmentations propagées peut être réalisée de différentes manières. Une approche simple consiste à transformer les segmentations en utilisant l'interpolation du plus proche voisin afin qu'elles permettent, chacune, un étiquetage discret pour chaque voxel. L'étiquette résultante attribuée à un voxel peut alors être déterminée par un « vote majoritaire ». Il existe également des méthodes plus sophistiquées pour la combinaison des segmentations de l'atlas. Il est, par exemple, possible d'utiliser une interpolation linéaire dans la transformation d'étiquettes individuelles pour obtenir une estimation probabiliste de l'étiquette à partir de chaque segmentation, ce qui peut être réalisé pour produire un tableau de valeurs (p_{ij}) pour un voxel donné où p_{ij} constitue la probabilité que le voxel se voit attribuer l'étiquette « i » par la « j » ème segmentation. De nombreuses règles peuvent être utilisées pour créer une estimation consensuelle basée sur ces données. Un aperçu de ces règles est donné dans Kittler et al. [Kittler 1998]. Un exemple notable de génération de segmentations consensuelles dans le traitement d'images médicales, est le travail présenté par Ledig et al. [Ledig 2015]. Les auteurs ont proposé une approche utilisant le concept d'Expectation Maximisation pour estimer la segmentation du consensus. Malgré le succès de ces méthodes de fusion d'étiquettes, l'utilisation du vote majoritaire pour chaque voxel s'est avérée efficace dans plusieurs contextes. Rohlfing et Coll. [Rohlfing 2004a] ont utilisé une base de données d'images de cerveaux d'abeilles afin de montrer que la fusion des segmentations basées sur le vote majoritaire est précise et robuste par rapport à la propagation d'un atlas de forme moyenne, ou d'un atlas unique, choisi en fonction de sa similitude avec

l'image cible. La règle de vote s'est également avérée efficace par rapport à d'autres approches combinées dans un contexte de reconnaissance de formes plus général [Kittler 1998].

La segmentation basée sur plusieurs atlas est illustrée schématiquement dans la figure 6.

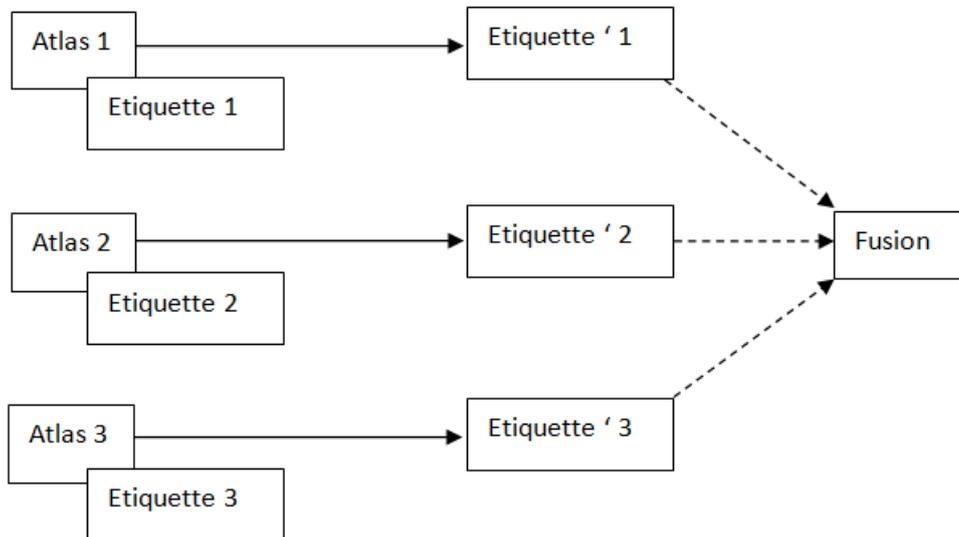


Figure 6: Représentation schématique de la segmentation multi-atlas [Aljabar 2009]. Un certain nombre d'atlas (atlas 1, atlas 2 et atlas 3) sont recalés sur le sujet cible. Les déformations résultantes sont utilisées pour transformer les segmentations d'atlas correspondantes (étiquette 1, étiquette 2 et étiquette 3). Les segmentations transformées (étiquette 1', étiquette 2' et étiquette 3') sont ensuite fusionnées pour fournir une estimation de la segmentation finale.

III.1.4. Sélection d'atlas

Pour un sujet donné, seul un sous-ensemble approprié des atlas de la base de données peut être utilisé. Le terme «sélection» est utilisé pour identifier les atlas à utiliser pour le sujet à segmenter. Par exemple, dans Rohlfing et al. [Rohlfing 2004a] et Wang et al. [Wang 2005], un seul meilleur atlas a été identifié pour la propagation à une requête. Han et Coll. [Han 2008] ont comparé la sélection d'un atlas unique à la propagation et à la fusion de l'ensemble de leur base d'atlas. Aljabar et Coll. [Aljabar 2009] contrastent avec ces approches et ont appliqué un sous-ensemble d'atlas pour chaque sujet cible et ont montré que la sélection d'un nombre limité d'atlas pour chaque sujet cible fournit des segmentations sous-corticales plus précises que celles données par une combinaison non sélective de sous-ensembles d'atlas aléatoires. De plus, Aljabar et al. [Aljabar 2009] ont présenté une approche heuristique utilisant une mesure de la «similitude» de chaque atlas avec le sujet cible. Une fois attribuée, cette mesure peut être utilisée pour classer les atlas. La segmentation multi-atlas peut alors être effectuée en utilisant un nombre fixe d'atlas les mieux classés. La similitude peut être dérivée des intensités dans les images cibles à segmenter et les atlas ou de méta-informations liées aux sujets. Klein et Coll. [Klein 2008] ont utilisé une approche similaire où la segmentation multi-atlas est effectuée en utilisant uniquement des atlas qui atteignent un seuil de similitude défini par l'utilisateur avec le sujet cible. Pour un seuil donné, le nombre d'atlas utilisés pour différentes cibles peut varier.

Étant donné plusieurs atlas et une image cible, il est théoriquement possible d'identifier le sous-ensemble optimal d'atlas pour générer une segmentation multi-atlas de l'image cible. La recherche exhaustive de tous les sous-ensembles possibles est clairement peu pratique pour une grande base de données. Une mesure de similarité peut être utilisée pour classer les atlas. La segmentation multi-atlas peut alors être effectuée à l'aide des atlas les mieux classés. Une approche simple consiste à interpréter la similitude comme une similitude d'image, c'est-à-dire à la déduire des intensités des images cibles et des atlas. Alternativement, la similitude peut être dérivée des méta-informations relatives aux sujets. Le classement de chaque atlas est ensuite basé sur la correspondance entre l'atlas et l'image cible en termes de variables cliniques, tels que l'âge, la pathologie, les antécédents cliniques, la génétique, le sexe [Aljabar 2009].

Un cadre de sélection reposant sur l'évaluation de la similitude d'une paire d'images (un atlas et une image cible) nécessite une estimation de la correspondance entre elles. Il est possible d'aligner tous les atlas sur chaque nouvelle image cible à segmenter avant d'effectuer une sélection. Afin d'éviter la charge de calcul d'un grand nombre de recalages directement sur l'image cible, il est possible d'appliquer un cadre de sélection qui utilise un espace standard défini par une image de référence. Cette approche identifie à l'avance une image de référence arbitraire et tous les atlas de la base de données y sont alignés. Lorsqu'une nouvelle image cible est donnée, elle est également alignée de la même manière sur la référence. La similitude d'image cible et de chacun des atlas, peut alors être évaluée, puisqu'ils sont tous alignés. Ces valeurs de similarité peuvent ensuite être utilisées pour attribuer des rangs. Les atlas les mieux classés sont sélectionnés et recalés directement sur l'image cible afin de générer une estimation de segmentation multi-atlas dans l'espace de l'image cible. Cette approche utilise deux types de recalages: ceux qui alignent les atlas sur l'image cible de référence avant la sélection et ceux utilisés pour propager les atlas lors de la génération des segmentations multi-atlas [Aljabar 2009].

La similitude des images peut être exprimée à l'aide de diverses mesures, y compris les sommes des différences au carré (SSD- Sum of Squared Differences), la Corrélacion Croisée (CC), l'Information Mutuelle (IM) [Collignon 1995, Viola 1995] et l'Information Mutuelle Normalisée (IMN) [Studholme 1999]. Dans le contexte du recalage d'images, les mesures théoriques de l'information telles que l'IM et l'IMN sont destinées à aligner des images multimodales.

La propagation des atlas lors de la segmentation multi-atlas, utilise des transformations avec un degré élevé de contrôle local qui se sont avérées générer des segmentations plus précises. La méthode de recalage non rigide utilisée pour propager les segmentations peut être choisie parmi un certain nombre d'approches différentes. Pour plus d'informations nous invitons le lecteur à considérer les travaux de Zitová et al. [Zitová 2003].

Une distinction doit être faite ici entre l'utilisation d'une métrique de similarité pour la sélection et son utilisation pour le recalage. Lors du recalage, la métrique de similarité est utilisée comme fonction dont l'objectif est d'optimiser, tandis que pour la sélection, la métrique de similarité est évaluée pour mesurer la distance entre l'image cible et un atlas

après alignement. Il est possible d'utiliser la même métrique pour la sélection et pour le recalage (à la fois avant et après la sélection) étant donné qu'il n'y a pas d'exigence stricte que la même métrique soit utilisée à toutes les étapes.

III.2. Apprentissage en ligne

En informatique, l'apprentissage automatique en ligne est une méthode d'apprentissage automatique dans laquelle les données deviennent disponibles dans un ordre séquentiel par opposition aux techniques d'apprentissage par lots qui utilisent l'ensemble de données d'apprentissage à la fois [Richard 2021]. L'apprentissage en ligne est une technique courante utilisée dans les domaines de l'apprentissage automatique où il est impossible, d'un point de vue informatique, de s'entraîner sur l'ensemble de données. Il est également utilisé dans les situations où il est nécessaire que l'algorithme s'adapte dynamiquement à de nouveaux modèles dans les données, ou lorsque les données elles-mêmes sont générées en fonction du temps.

Un algorithme prédictif simple comme Random Forest sur environ 50000 points de données et 100 dimensions prend 10 minutes à s'exécuter sur une machine de 12 Go de RAM [Analytics Vidhya 2020]. Les problèmes avec des centaines de millions d'observations sont tout simplement impossibles à résoudre avec de telles machines. Par conséquent, il ne nous reste que deux options: utiliser une machine plus puissante ou changer le fonctionnement d'un algorithme prédictif. La première option n'est pas toujours réalisable. Quant aux algorithmes d'apprentissage en ligne, ils sont destinés à gérer des données avec un volume et une vitesse aussi élevés avec des machines à performances limitées.

III.3. Méthode de segmentation multi atlas proposée basée sur l'apprentissage en ligne

Cette section est divisée en deux parties. Dans la première, on propose une méthode de segmentation bidimensionnelle à base d'atlas d'images IRM. La méthode sera appliquée pour la segmentation du cervelet humain. Ce travail a fait l'objet de l'article [Daly 2020a]. Dans la deuxième partie, on fait une extension de la première méthode pour des images tridimensionnelles et on l'applique pour la segmentation d'images IRM pelviennes féminines. Ce travail a fait l'objet de l'article [Daly 2020b].

III.3.1. Segmentation multi-atlas du cervelet humain

III.3.1.1. Construction de la base d'atlas

Dans ce travail, les images utilisées sont des images non pathologiques. La figure 7 illustre schématiquement l'approche de segmentation à base d'atlas proposée.

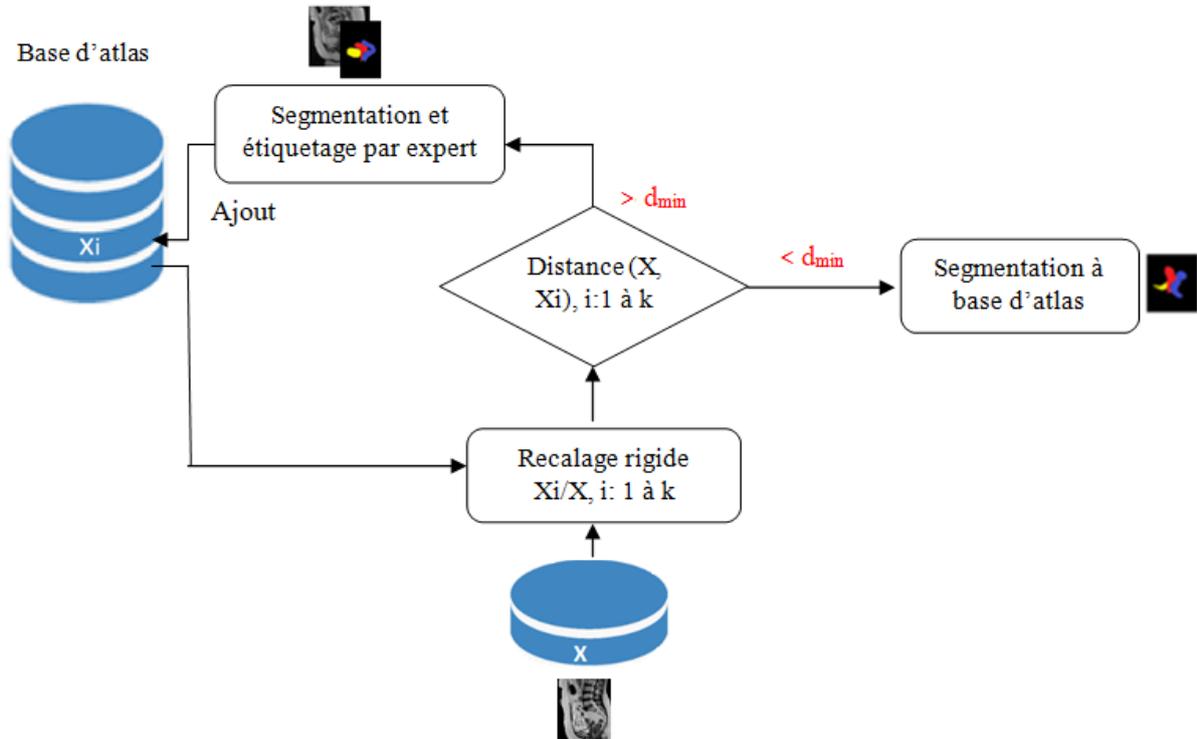


Figure 7: Principales étapes de l'approche de segmentation proposée.

Les modèles anatomiques utilisés sont disponibles progressivement dans un ordre séquentiel. Par conséquent, nous utilisons l'apprentissage automatique en ligne pour mettre à jour la base d'atlas et effectuer la segmentation.

Tout d'abord, sept IRM cérébrales (chacune appartenant à un patient différent) pathologiques ou non pathologiques ont été initialement sélectionnées par un expert pour être annotées manuellement et considérées comme des atlas. Ces images ont été choisies de manière à représenter la variabilité anatomique présente dans la base de données. La base des atlas est alors considérée comme un ensemble de données d'apprentissage pour la segmentation des nouveaux cas. Le but est de segmenter une image cible avec une taille minimale de la base d'apprentissage.

Dans le diagramme de la figure 7 :

- «K» indique le nombre total d'atlas dans la base de données. Par conséquent, dans notre approche, K est initialement égal à 7. La sélection d'une nouvelle IRM X, à ajouter à la base de données, est basée sur une mesure de distance « d_{min} » qui sépare les atlas deux à deux. Nous utilisons l'opposé de l'information mutuelle comme mesure de distance entre deux images A et B (Equation (1)).

$$dist(A,B) = -MI(A,B) \quad (1)$$

- $\{X_i\}$, $i = 1, \dots, K$ désigne l'ensemble des K atlas. Lorsqu'un nouveau cas X arrive, il est d'abord aligné sur chacun des K atlas $\{X_i\}$ existants à travers un recalage rigide et en

utilisant l'information mutuelle comme mesure de similarité. Ensuite, la distance entre X et chacun des atlas est mesurée. La valeur minimale «d» de ces distances est ensuite comparée à «d_{min}».

Si $d > d_{\min}$, le nouveau cas est donc considéré comme un nouveau modèle anatomique (qui n'a pas de formes similaires dans la base de données) et est ajouté à la base des atlas après segmentation manuelle et étiquetage par un expert. Si $d < d_{\min}$, le nouveau cas est considéré comme un modèle qui existe déjà dans la base des atlas. Il est ensuite segmenté automatiquement en se basant sur les «n» atlas similaires déjà existants.

III.3.1.2. Segmentation à base d'atlas

Les étapes du processus de segmentation à base d'atlas sont données dans le diagramme de la figure 8.

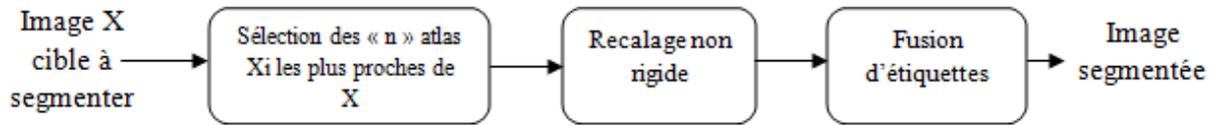


Figure 8: Étapes de segmentation à base d'atlas. Tout d'abord, les atlas les plus proches de l'image cible X sont sélectionnés. Deuxièmement, un recalage non rigide entre X et chacun des n Xi est effectué. A l'issue de cette étape, n segmentations différentes sont obtenues. La fusion d'étiquettes consiste à fusionner les segmentations résultantes pour aboutir à une segmentation unique.

Étant donné un cas sélectionné pour être automatiquement segmenté, les atlas de la base de données sont classés par ordre décroissant de similarité par rapport à ce cas. Ensuite, les «n» top classés sont retenus. «n» est défini pour satisfaire l'équation (2).

$$distToX \leq \frac{dist(X, BA) - dist(X, TA)}{3} \quad (2)$$

où

- $distToX$ est la distance entre un atlas et l'image X du patient cible
- BA est l'atlas en bas de la liste des atlas classés. C'est l'atlas le plus éloigné de l'image cible en termes de similarité.
- TA est l'atlas en haut de la liste des atlas classés. C'est l'atlas le plus proche de l'image cible.

On divise la distance entre BA et TA par 3 afin de restreindre le nombre «n» d'atlas à une valeur comprise entre 1 et 3. En effet, un tel nombre limité permet d'avoir un temps de calcul raisonnable. Les différentes expérimentations réalisées ont montré que les 3 premières réponses sont les plus significatives au point de vue similarité. Un recalage non rigide est ensuite utilisé pour aligner chacun des «n» atlas sélectionnés avec l'image cible à segmenter. A travers cette procédure, la mise en correspondance spatiale assurée par le recalage permet de propager la connaissance sémantique prédéfinie sur chacun des atlas sélectionnés vers l'image cible. Enfin, les segmentations transférées peuvent être fusionnées en une étiquette pour chaque pixel de l'image cible en utilisant l'algorithme de vote majoritaire. Cette étape est appelée fusion d'étiquettes sur la figure 8. La méthode utilisée dans la littérature pour la fusion des étiquettes obtenues est la technique des votes majoritaires. Le paramétrage de l'étape de recalage sera détaillé dans le chapitre suivant qui sera dédié au recalage. Concernant la segmentation, elle est totalement dépendante de l'étape de recalage. Il n'y a pas de paramétrage spécifique à l'opération de segmentation.

III.3.1.3. Résultats Expérimentaux

Le cervelet est une structure de l'encéphale situé sous le cerveau, à l'arrière du crâne, dans la région occipitale. Il est impliqué dans le contrôle moteur et dans certaines fonctions cognitives. Il s'agit d'un centre nerveux en communication avec l'ensemble du système nerveux. Le cervelet traite les informations reçues de la moelle épinière et du cerveau pour

donner une organisation temporo-spatiale et chronologique aux programmes moteurs du mouvement [FRC 2021].

Vu le rôle important que joue le cervelet dans le langage, les tâches motrices et les processus cognitifs, une méthode de segmentation automatique paraît importante pour mesurer et comprendre le rôle du cervelet dans le développement cérébral normal et pathologique.

III.3.1.3.1. Base de données

La base de données utilisée dans cette étude comprend 26 IRM cérébrales de coupe sagittale appartenant à 26 patients différents. Vingt-deux images sont issues de l'Open Access Series of Imaging Studies (OASIS). OASIS fournit une série d'IRM qui sont accessibles au public pour l'analyse et l'étude. Outre ces images, quatre IRMs ont été fournies par l'hôpital Charles-Nicolle de Tunis, en Tunisie. La figure 9 présente quelques images de la base de données.

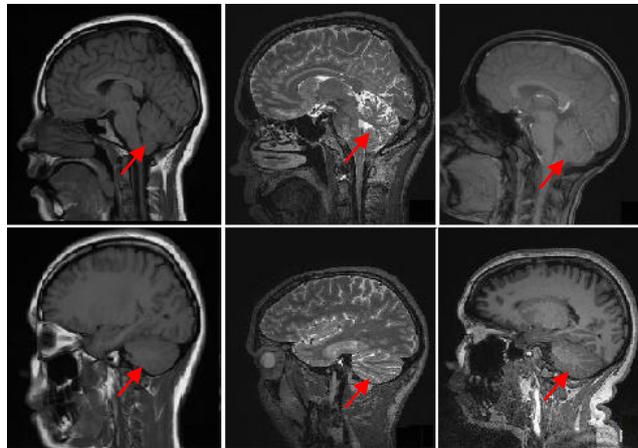


Figure 9: Exemples d'images de la base de données. La figure montre différentes images du plan sagittal du cerveau. Le cervelet est la plus petite région de la partie inférieure du cerveau. Il est désigné par une flèche sur toutes les images.

Plusieurs expérimentations ont été menées afin d'évaluer l'impact de l'utilisation d'une base d'atlas dynamique dans la segmentation à base d'atlas. Dans ce qui suit, nous détaillons les choix de l'implémentation et les données utilisées pour la segmentation multi-atlas.

III.3.1.3.2. Impact de l'apprentissage en ligne

Le but de ces expérimentations est de comparer les résultats de segmentation donnés par un jeu de données fixe de sept atlas, qui sont sélectionnés par un clinicien, avec les résultats donnés en utilisant une base d'atlas dynamique.

Les deux méthodes de segmentation sont appliquées pour segmenter 19 images. Le nombre total d'images dans la base de données étant 26, dont 7 sont utilisés comme atlas (base d'apprentissage) et 19 pour la base de test. La vérité terrain est fournie par un expert, c'est Docteur Yosr Boukhris médecin de l'hôpital Charles-Nicolle de Tunis. La validation est effectuée à l'aide du coefficient de Dice dont la formule est donnée par l'équation (3).

$$\text{Dice} = \frac{2|X \cap Y|}{|X| + |Y|} \quad (3)$$

où $|X|$ et $|Y|$ indiquent le nombre de pixels dans les segmentations X et Y respectivement.

Le tableau 1 donne les résultats de segmentation basés sur une base fixe d'atlas, tandis que le tableau 2 résume les résultats de segmentation en utilisant la technique de segmentation développée basée sur l'apprentissage en ligne de la base d'atlas.

Tableau 1: résultats de segmentation à l'aide de la base de données fixe d'atlas

	Nombre des atlas les plus proches	Les atlas les plus proches	Coefficient de Dice individuel	Dice des masques combinés
Cas 1	1	Atlas 3	0.9207	0.9207
Cas 2	1	Atlas 3	0.9116	0.9116
Cas 3	2	Atlas 3	0.8952	0.8952
		Atlas 4	0.8639	
Cas 4	2	Atlas 3	0.8728	0.8728
		Atlas 4	0.7748	
Cas 5	2	Atlas 3	0.7957	0.7957
		Atlas 4	0.7865	
Cas 6	1	Atlas 4	0.9461	0.9461
Cas 7	2	Atlas 3	0.8288	0.8288
		Atlas 4	0.8187	
Cas 8	2	Atlas 3	0.8507	0.8507
		Atlas 4	0.8289	
Cas 9	2	Atlas 3	0.8877	0.8877
		Atlas 4	0.8744	
Cas 10	2	Atlas 3	0.9289	0.9289
		Atlas 4	0.8752	
Cas 11	2	Atlas 3	0.7897	0.7897
		Atlas 4	0.8011	
Cas 12	2	Atlas 3	0.8977	0.8977
		Atlas 4	0.8310	
Cas 13	2	Atlas 3	0.9204	0.9204
		Atlas 4	0.8375	
Cas 14	2	Atlas 3	0.8649	0.8649
		Atlas 4	0.8490	
Cas 15	2	Atlas 3	0.8399	0.8399
		Atlas 4	0.7969	
Cas 16	3	Atlas 3	0.8080	0.8365

SEGMENTATION A BASE D'ATLAS UTILISANT L'APPRENTISSAGE EN LIGNE

		Atlas 4	0.8231	
		Atlas 5	0.4762	
Cas 17	1	Atlas 6	0.9460	0.9460
Cas 18	1	Atlas 5	0.7770	0.7770
Cas 19	1	Atlas 5	0.8772	0.8772
Mean				0.8730

Tableau 2: Résultats de la segmentation basée sur l'apprentissage en ligne

	Nombre des atlas les plus proches	Les atlas les plus proches	Coefficient de Dice individuel	Coefficient de Dice des masques combinés
Cas 1	1	Atlas 3	0.9207	0.9207
Cas 2	1	Atlas 3	0.9116	0.9116
Cas 3	2	Atlas 3	0.8952	0.8952
		Atlas 4	0.8639	
Cas 4	2	Atlas3	0.8728	0.8728
		Atlas4	0.7748	
Cas 5	Ajouté à la base d'atlas en tant qu'atlas 8			
Cas 6	1	Atlas 4	0.9461	0.9461
Cas 7	Ajouté à la base d'atlas en tant qu'atlas 9			
Cas 8	5	Atlas 8	0.7663	0.8988
		Atlas 3	0.8507	
		Atlas 4	0.8289	
		Atlas 9	0.8704	
Cas 9	5	Atlas8	0.7707	0.9284
		Atlas3	0.8877	
		Atlas4	0.8744	
Cas 10	3	Atlas3	0.9289	0.9308
		Atlas4	0.8752	
		Atlas8	0.8051	
Cas 11	Ajouté à la base d'atlas en tant qu'atlas 10			
Cas 12	5	Atlas8	0.8108	0.9051
		Atlas3	0.8977	
		Atlas 4	0.8310	
		Atlas9	0.8583	
		Atlas10	0.8659	
Cas 13	5	Atlas 8	0.8249	0.9188
		Atlas 3	0.9204	
		Atlas 4	0.8375	
		Atlas 9	0.7727	
		Atlas 10	0.8185	
Cas 14	5	Atlas 8	0.8869	0.8974
		Atlas 3	0.8649	
		Atlas 4	0.8490	
		Atlas 9	0.8269	
		Atlas 10	0.7753	
Cas 15	5	Atlas 8	0.8881	0.8593
		Atlas 3	0.8399	
		Atlas 4	0.7969	
		Atlas 10	0.7676	
		Atlas 9	0.8054	
Cas 16	5	Atlas 3	0.8080	0.8681

		Atlas 4	0.8231	
		Atlas 8	0.6980	
		Atlas 10	0.8720	
		Atlas 9	0.8953	
Cas 17	1	Atlas 6	0.9460	0.9460
Cas 18	Ajouté à la base d'atlas en tant qu'atlas 11			
Cas 19	1	Atlas 5	0.8772	0.8772
Mean				0.9050

Pour chacun des 19 cas, les deux tableaux indiquent le nombre d'atlas les plus proches, les atlas les plus proches qui sont choisis automatiquement pour la segmentation, le coefficient de Dice donné séparément par chaque atlas et le coefficient de Dice des masques combinés.

Pour le tableau 1, une base fixe de sept atlas est utilisée tout au long du processus de segmentation.

Pour le tableau 2, la segmentation est réalisée à l'aide de l'approche de segmentation proposée qui est basée sur l'apprentissage en ligne de la base d'atlas. Il convient de préciser que les images des patients 5, 7, 11 et 18 ont été automatiquement sélectionnées par la méthode suggérée pour être ajoutées en tant que nouvelles formes anatomiques à la base d'atlas. Un clinicien doit intervenir ici pour segmenter manuellement ces cas qui seront utilisés ultérieurement comme modèles de référence pour segmenter de nouveaux cas. C'est le cas de l'image 5 qui a été ajoutée à la base de données sous la forme d'un atlas numéro 8. Cet atlas a été utilisé pour la segmentation du cas 10 par exemple, et a permis d'améliorer le coefficient de Dice de 0,9289 à 0,9308.

Comme indiqué dans les tableaux 1 et 2, l'approche de segmentation proposée basée sur une base d'atlas dynamique a permis d'améliorer la moyenne du coefficient de Dice de 0,8730 à 0,9050.

La section suivante permet d'étudier l'impact de l'utilisation de plusieurs atlas plutôt qu'un seul dans le cas de la segmentation du cervelet.

III.3.1.3.3. Impact de la segmentation multi-atlas

L'objectif de ces expérimentations est d'étudier l'intérêt d'utiliser plusieurs atlas plutôt qu'un seul dans la segmentation du cervelet humain. Le tableau 3 résume les résultats en utilisant un seul atlas dans la segmentation des 19 images cérébrales.

Tableau 3: Résultats de la segmentation basée sur un seul atlas

Patients	Atlas sélectionné	Dice
Cas 1	Atlas 3	0.9207
Cas 2	Atlas 3	0.9116
Cas 3	Atlas 3	0.8952
Cas 4	Atlas 3	0.8728
Cas 5	Atlas 3	0.7957
Cas 6	Atlas 4	0.9461
Cas 7	Atlas 3	0.8288
Cas 8	Atlas 3	0.8507
Cas 9	Atlas 3	0.8877

SEGMENTATION A BASE D'ATLAS UTILISANT L'APPRENTISSAGE EN LIGNE

Cas 10	Atlas 3	0.9289
Cas 11	Atlas 3	0.7897
Cas 12	Atlas 3	0.8977
Cas 13	Atlas 3	0.9204
Cas 14	Atlas 3	0.8649
Cas 15	Atlas 3	0.8399
Cas 16	Atlas 3	0.8080
Cas 17	Atlas 6	0.9460
Cas 18	Atlas 5	0.7770
Cas 19	Atlas 5	0.8772
Moyenne		0.8715

Le tableau 3 indique le seul atlas sélectionné pour la segmentation de chacun des 19 cas et le coefficient de Dice donné à chaque fois par la segmentation. Les résultats montrent que la méthode de segmentation multi-atlas dépasse la segmentation basée sur un atlas unique avec une moyenne de coefficient de Dice de 0,9050 contre 0,8715. En revanche, on peut remarquer que les résultats donnés par un seul atlas se rapprochent des résultats donnés par une base de données multi-atlas fixe avec une moyenne de coefficient de Dice de 0,8715 vs 0,8730. Cela démontre que l'utilisation d'une base de données fixe multi-atlas n'est pas nécessairement plus efficace que l'utilisation d'un seul atlas pour la segmentation des IRM du cervelet humain. Compte tenu du temps de calcul, on peut conclure que la segmentation du cervelet basée sur un seul atlas est généralement plus efficace que la segmentation basée sur plusieurs atlas.

La figure 10 présente quelques exemples de segmentation du cervelet sur des IRM cérébrales sagittales en utilisant la technique de segmentation proposée montrant son efficacité.

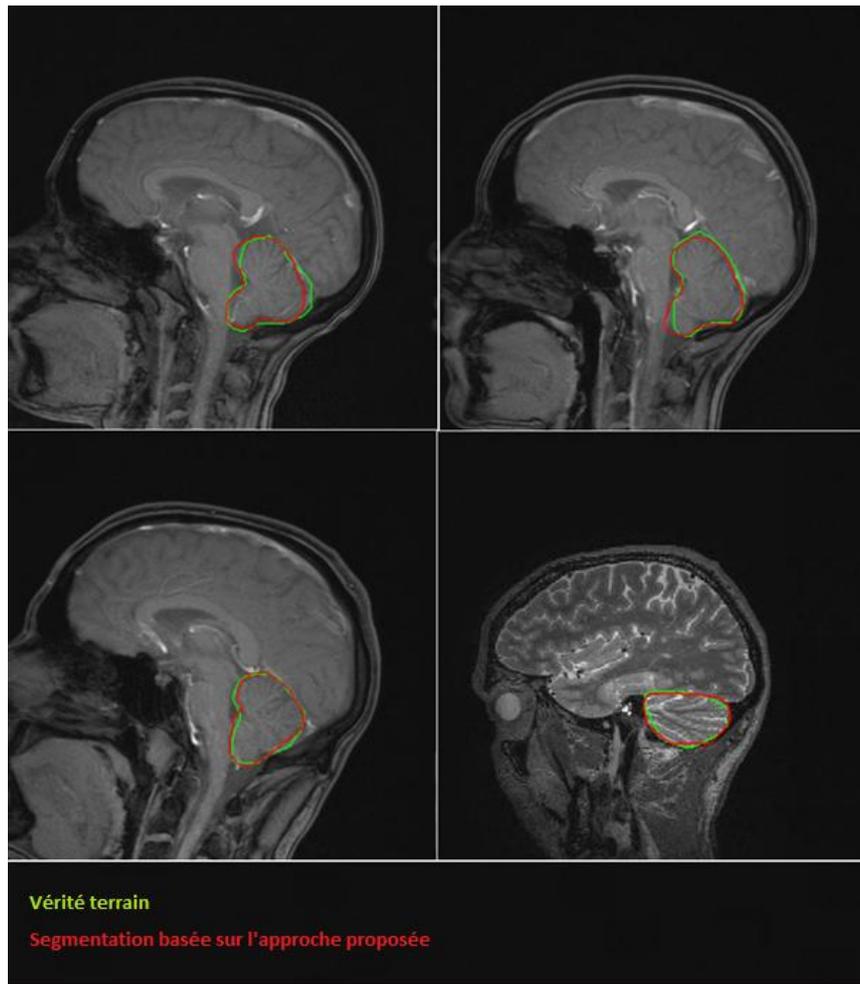


Figure 10 : Exemples de segmentation utilisant l'approche de segmentation suggérée. Cette figure affiche les résultats de segmentation de quatre cas différents d'IRM. La segmentation donnée par l'approche proposée apparaît en rouge et la vérité terrain apparaît en vert.

III.3.2. Segmentation multi-atlas des organes pelviens féminins : Application pour l'aide au diagnostic du cancer du col de l'utérus

Dans cette section, nous considérons des images IRM tridimensionnelles du pelvis féminin. Nous appliquons l'approche de segmentation proposée basée sur l'apprentissage en ligne pour segmenter les organes pouvant être affectés par un cancer du col de l'utérus. Ces organes sont l'utérus, le vagin, la vessie et le rectum.

Le cancer du col de l'utérus est l'un des cancers les plus courants chez les femmes dans le monde [World Health Organization 2015]. C'est une tumeur gynécologique qui commence souvent dans le col de l'utérus et qui a la capacité d'envahir d'autres sites du système reproducteur féminin comme le vagin et l'utérus. À des stades plus avancés, le cancer peut se propager à la vessie ou au rectum, ou à des régions éloignées du corps [Stöppler 2018, Canadian Cancer Society 2018]. Les tests d'imagerie ont une place importante pour spécifier le degré de propagation du cancer. L'IRM est l'examen médical de référence standardisé utilisé pour vérifier la taille de la tumeur et déterminer l'étendue, si elle existe, du cancer aux organes et tissus voisins [Facquet 2018].

III.3.2.1. Construction de la base d'atlas

Dans cette section, les modèles anatomiques utilisés pour créer la base des atlas peuvent être pathologiques ou normaux. Nous utilisons l'apprentissage en ligne pour mettre à jour la base des atlas et réaliser la segmentation. Le schéma bloc de la segmentation donné dans la figure 9 de la section III.3.1.1. est valable également pour cette problématique de segmentation des organes pelviens.

Initialement, 10 images IRM de la région pelvienne féminine ont été choisies et annotées manuellement par Yosr Boukhris, médecin de l'hôpital Charles-Nicolle de Tunis. Elles ont été considérées comme des modèles de référence représentant la variabilité anatomique de la base de données. Ces images ainsi que leurs modèles sémantiques associés ont été considérés comme des atlas. La base d'atlas initiale a été construite uniquement à partir d'images non pathologiques puisque les images pathologiques sont destinées à être segmentées automatiquement. Nous rappelons que dans le diagramme présenté à la figure 7, «k» fait référence au nombre total d'atlas dans la base de données. Initialement, «k» a été pris égal à 10 dans ce cas. La distance minimale «dmin» séparant ces atlas, deux à deux, a été calculée dans une première phase d'expérimentations, afin d'être utilisée ultérieurement pour la sélection de nouveaux modèles.

Quand un nouveau cas X se présente, il est alors recalé à chacun des atlas Xi de la base de d'atlas. Le nouveau cas peut être pathologique (affecté par un cancer du col de l'utérus) ou non pathologique. La distance entre le nouveau cas et chacun des atlas est calculée. La distance minimale “d” de ces distances est comparée à dmin. Le principe est le même que dans le cas précédent, Si $d > d_{min}$, le nouveau cas est considéré comme une nouvelle forme anatomique et il est donc ajouté à la base des atlas après segmentation et étiquetage. Sinon, il est considéré comme une forme déjà représentée dans la base de données. Pour une image pathologique, elle est ajoutée à la base de données pathologique afin d'être segmentée automatiquement en fonction des atlas les plus proches.

III.3.2.2. Segmentation à base d'atlas

Les étapes du processus de segmentation à base d'atlas sont données dans le diagramme de la figure 8. De même, pour un cas sélectionné pour être automatiquement segmenté, les atlas de la base de données sont classés par ordre décroissant de ressemblance par rapport à ce cas. Ensuite, les «n» top classés sont retenus.

III.3.2.3. Résultats Expérimentaux

III.3.2.3.1. Base de données

Vu l'absence de base de données publique d'IRM de cancer du col de l'utérus, la base de données utilisée dans cette étude consiste en 35 images IRM pelviennes féminines (pondérées en T2) acquises du CHU Morvan de Brest, France et du CHU Fattouma Bourguiba de Monastir, Tunisie. Cette base de données comprend 20 images de femmes atteintes d'un cancer du col de l'utérus et 15 images non pathologiques. Les images non pathologiques sont

destinées à alimenter la base d'atlas. Pour les images pathologiques, elles sont destinées à la segmentation automatique et peuvent, comme expliqué précédemment dans la section III.3.1.3.1, être ajoutées à la base d'atlas. La figure 11 présente quelques cas pathologiques de la base de données.

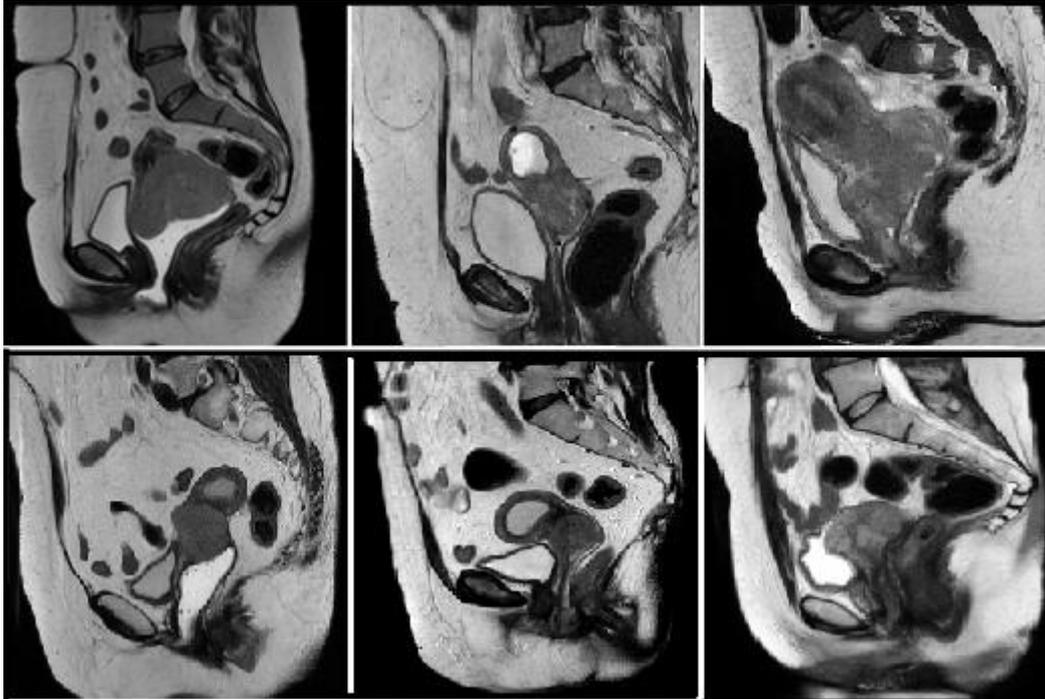


Figure 11: Exemples d'IRM pathologiques extraites de notre base de données avec différentes formes d'organes pelviens

Afin d'évaluer l'impact de l'utilisation de l'apprentissage automatique en ligne sur la qualité de la segmentation, plusieurs expérimentations ont été menées avec et sans l'apprentissage en ligne dans le cadre du processus de segmentation à base d'atlas. Dans ce qui suit, nous décrivons les données utilisées pour la segmentation multi-atlas. Ceci est suivi par des expérimentations visant à mesurer l'effet de l'apprentissage en ligne sur la précision de la segmentation.

III.3.2.3.2. Impact de l'apprentissage en ligne

Il convient de rappeler que les objectifs de ces expérimentations sont de comparer les résultats de segmentation donnés par une base de données fixe d'atlas choisis à l'avance, avec les résultats donnés à l'utilisation de l'approche proposée basée sur l'apprentissage en ligne dans le cadre de la procédure de segmentation multi-atlas. Les deux méthodes de segmentation ont été appliquées pour segmenter les 20 images pathologiques disponibles. La vérité terrain a été fournie par un clinicien du CHU Morvan de Brest. La validation a été effectuée en utilisant le coefficient de Dice comme pour la section III.3.1.3.2.

SEGMENTATION A BASE D'ATLAS UTILISANT L'APPRENTISSAGE EN LIGNE

Tableau 4: Résultats de segmentation à l'aide d'une base fixe d'atlas

Patientes	Nombre des atlas les plus proches	Les atlas les plus proches	Dice individuel	Dice des masques combinés
Pt 1	3	Atlas 4	0.6603	0.8801
		Atlas 5	0.7867	
		Atlas 9	0.6927	
Pt 2	1	Atlas 2	0.8031	0.8031
Pt 3	3	Atlas 3	0.7163	0.7970
		Atlas 5	0.6448	
		Atlas 8	0.6257	
Pt 4	1	Atlas 8	0.7956	0.7956
Pt 5	2	Atlas 4	0.5481	0.5481
		Atlas 8	0.4130	
Pt 6	1	Atlas 5	0.7902	0.7902
Pt 7	3	Atlas 8	0.5879	0.6529
		Atlas 5	0.6368	
		Atlas 3	0.6605	
Pt 8	1	Atlas 9	0.8657	0.8657
Pt 9	2	Atlas 1	0.2875	0.2875
		Atlas 2	0.3774	
Pt 10	2	Atlas 5	0.7647	0.7647
		Atlas 3	0.6244	
Pt 11	1	Atlas 6	0.7573	0.7573
Pt 12	1	Atlas 1	0.8148	0.8148
Pt 13	1	Atlas 2	0.7183	0.7183
Pt 14	1	Atlas 8	0.8580	0.8580
Pt 15	1	Atlas 1	0.8087	0.8087
Pt 16	1	Atlas 9	0.7702	0.7702
Pt 17	1	Atlas 6	0.7432	0.7432
Pt 18	1	Atlas 10	0.7132	0.7132
Pt 19	2	Atlas 5	0.7629	0.7629
		Atlas 3	0.7530	
Pt 20	3	Atlas 5	0.3511	0.4081
		Atlas 8	0.4062	

SEGMENTATION A BASE D'ATLAS UTILISANT L'APPRENTISSAGE EN LIGNE

	Atlas 3	0.3772
Mean		0.7269

Tableau 5: Segmentation utilisant l'apprentissage en ligne

Patientes	Nombre des atlas les plus proches	Les atlas les plus proches	Dice individuel	Dice des masques combinés
Pt 1	3	Atlas4	0.6603	0.8801
		Atlas 5	0.7867	
		Atlas 9	0.6927	
Pt 2	1	Atlas 2	0.8031	0.8031
Pt 3	3	Atlas 3	0.7163	0.7970
		Atlas 5	0.6448	
		Atlas 8	0.6257	
Pt 4	1	Atlas 8	0.7956	0.7956
Pt 5	Ajouté à la base d'atlas			
Pt 6	1	Atlas 5	0.7902	0.7902
Pt 7	Ajouté à la base d'atlas			
Pt 8	1	Atlas 9	0.8657	0.8657
Pt 9	1	Atlas 12 (=Pt7)	0.7074	0.7074
Pt10	2	Atlas 5	0.7647	0.7647
		Atlas 3	0.6244	
Pt 11	1	Atlas 6	0.7573	0.7573
Pt 12	1	Atlas 1	0.8148	0.8148
Pt 13	1	Atlas 2	0.7183	0.7183
Pt 14	1	Atlas 8	0.8580	0.8580
Pt 15	1	Atlas1	0.8087	0.8087
Pt 16	1	Atlas 9	0.7702	0.7702
Pt 17	1	Atlas 6	0.7432	0.7432
Pt 18	1	Atla1 0	0.71322	0.7132
Pt 19	2	Atlas 5	0.7629	0.7629
		Atlas 3	0.7530	
Pt 20	Ajouté à la base d'atlas			
Mean				0.7853

Les deux tableaux 4 et 5 précisent, pour chacun des 20 patients, les atlas les plus proches sélectionnés pour la segmentation, le nombre des atlas les plus proches, le coefficient de Dice donné individuellement par chaque atlas et le coefficient de Dice des masques combinés.

Pour le tableau 4, une base d'atlas fixe a été utilisée tout au long de la procédure de segmentation. On peut remarquer que lorsque la forme pelvienne de la patiente n'a pas de forme similaire dans la base des atlas, l'algorithme ne conduira pas à des résultats satisfaisants. En effet, le coefficient de Dice n'a pas dépassé 0,5 dans le cas de la patiente 9 et 20 par exemple.

Pour le tableau 5, la segmentation est effectuée en se basant sur l'approche proposée.

On remarque que les images des patientes 5, 7 et 20 ont été automatiquement sélectionnées par l'approche proposée pour être ajoutées en tant que nouvelles formes dans la base des atlas. Un expert doit intervenir dans ce cas afin de segmenter et annoter manuellement les modèles qui serviront ultérieurement de modèles de référence pour segmenter de nouveaux cas similaires. C'est le cas de l'image de la patiente 7 qui a été ajoutée à la base des atlas sous forme d'atlas 12. L'image de la patiente 9 a profité de cet ajout en utilisant ce nouvel atlas à la place des atlas 1 et 2. Ceci a amélioré le résultat donné par le coefficient de Dice dont la valeur passe de 0,2875 à 0,7074. En moyenne, la segmentation basée sur l'apprentissage en ligne dépasse la méthode utilisant une base fixe d'atlas avec une valeur de coefficient de Dice de 0,7853 contre 0,7269. Nous pouvons en conclure que l'utilisation de l'apprentissage en ligne permet d'améliorer la diversité de la base des atlas et de mettre à jour les sous-ensembles des atlas les plus proches utilisés pour la segmentation d'un sujet cible.

La section suivante décrit l'impact de l'utilisation de plusieurs atlas plutôt qu'un seul pour la segmentation des organes pelviens féminins.

III.3.2.3.3. Impact de la segmentation multi-atlas

L'objectif de cette étude est de montrer l'utilité d'utiliser plusieurs atlas plutôt qu'un seul dans le processus de segmentation. Le tableau 6 présente les résultats en utilisant une segmentation basée sur un seul atlas des 20 images pelviennes pathologiques.

Tableau 6: Segmentation basée sur un seul atlas

Patientes	L'atlas sélectionné	Dice	Patientes	L'atlas sélectionné	Dice
Pt 1	4	0.6603	Pt 11	6	0.7573
Pt 2	2	0.8031	Pt 12	1	0.8148
Pt 3	3	0.7163	Pt 13	2	0.7183
Pt 4	8	0.7956	Pt 14	8	0.8580

SEGMENTATION A BASE D'ATLAS UTILISANT L'APPRENTISSAGE EN LIGNE

Pt 5	4	0.5481	Pt 15	1	0.8087
Pt 6	5	0.7902	Pt 16	9	0.7702
Pt 7	8	0.5879	Pt 17	6	0.7432
Pt 8	9	0.8657	Pt 18	10	0.7132
Pt 9	1	0.2875	Pt 19	5	0.7629
Pt 10	5	0.7647	Pt 20	5	0.3511
Mean	0.7058				

Le tableau 6 précise l'atlas déterminé pour la segmentation de chacun des 20 patients et le coefficient de Dice donné par la segmentation à chaque fois. Les résultats montrent que la performance de la méthode proposée dépasse celle de la segmentation basée sur un seul atlas avec une moyenne de coefficient de Dice de 0,7853 contre 0,7058. Cela indique que l'utilisation d'un sous-ensemble d'atlas pour la segmentation d'une image IRM pelvienne améliore la précision de la segmentation obtenue.

La figure 12 illustre quelques exemples de segmentation de la région d'intérêt sur des images IRM en utilisant la technique de segmentation proposée.



Figure 12: Exemples de segmentation utilisant l'apprentissage en ligne. Cette figure affiche les résultats de la segmentation dans deux cas différents. La segmentation donnée par l'apprentissage en ligne apparaît en rouge et la segmentation de la vérité terrain apparaît en vert. L'image (i) correspond à la patiente 1 et l'image (ii) correspond à la patiente 9

Pour conclure, la méthode proposée pour la segmentation des organes pelviens a surtout trois avantages: (1) l'utilisation de l'apprentissage en ligne pour mettre à jour la base d'atlas et effectuer la segmentation, (2) la détection automatique des nouveaux cas qui peuvent enrichir la base d'atlas en termes de diversité, et (3) l'utilisation d'un sous-ensemble d'atlas pour la segmentation d'un sujet cible plutôt qu'un seul atlas.

Néanmoins, l'approche proposée a une limite. En effet, pour les cas qui ne disposent pas d'atlas similaires dans la base de données disponible, un expert doit intervenir afin de les segmenter manuellement. Pour faire face à cette limitation, la base d'atlas doit être suffisamment diversifiée pour représenter le maximum de variabilité anatomique dans la région pelvienne féminine afin que nous puissions trouver des atlas similaires pour chaque sujet cible à segmenter. Cependant, la méthode doit pouvoir faire la différence entre les nouveaux cas susceptibles d'enrichir la base des atlas et les cas pouvant engendrer une redondance. En fait, c'est ce que nous proposons dans notre démarche en comparant chaque nouveau cas à la liste des atlas et en l'intégrant dans la base des atlas s'il satisfait un critère de dissimilarité à chacun des atlas disponibles.

III.3.2.3.4. Comparaison avec des méthodes de segmentation conventionnelles

Outre les méthodes de segmentation présentées dans la section III.3.2.3, nous avons essayé de comparer la technique de segmentation proposée avec d'autres méthodes telles que la segmentation par ligne de partage des eaux et une technique de segmentation basée sur un réseau de neurones convolutif.

- **Segmentation par ligne de partage des eaux :**

La segmentation par ligne de partage des eaux désigne une famille de méthodes de segmentation d'images issues de la morphologie mathématique. Le principe de base derrière toutes les méthodes de segmentation à base de la ligne de partage des eaux est de considérer une image à niveaux de gris comme un relief topographique et de calculer la ligne de partage des eaux de ce relief. Les bassins versants obtenus correspondent aux régions de la partition.

Parmi les travaux les plus significatifs qui ont porté sur la segmentation d'images médicales en se basant sur la méthode de ligne de partage des eaux, nous citons celui de Gupta et al. [Gupta 2019]. Dans cet article l'auteur s'est intéressé à la segmentation d'images IRM de tumeurs cérébrales en se basant sur la ligne de partage des eaux. Les résultats montrent que la méthode proposée est performante en termes complexité d'exécution, de sensibilité et de précision de segmentation.

Dans [Devisivasankari 2020], l'auteur propose une segmentation par ligne de partage des eaux pour des images médicales et montre qu'il y a moyens d'améliorer la vitesse de calcul de l'algorithme de segmentation par ligne de partage des eaux en utilisant le GPU.

Dans cette thèse, nous avons employé la méthode de la ligne de partage des eaux pour la segmentation d'images IRM pelviennes féminines. La segmentation basée sur cette technique a donné un coefficient de Dice de 0,2685.

- **Segmentation par apprentissage profond**

L'apprentissage profond fait partie d'une famille plus large de méthodes d'apprentissage automatique basées sur des réseaux de neurones artificiels [Schmidhuber 2015, Bengio 2015].

Des architectures d'apprentissage profond telles que les réseaux de croyances profondes (DBN - Deep Belief Networks), les réseaux de neurones graphiques (GNN - Graph Neural Networks), les réseaux de neurones récurrents (RNN - Recurrent Neural Networks) et les réseaux de neurones convolutifs (CNN - Convolutional Neural Networks) ont été appliquées à des domaines différents tels que la vision par ordinateur, la reconnaissance vocale, le traitement automatisé du langage naturel, la reconnaissance audio, le filtrage des réseaux sociaux, la traduction automatique, la bioinformatique, la conception de médicaments, l'analyse d'images médicales, l'inspection des matériaux et les programmes de jeux de société, où ils ont produit des résultats comparables et, dans certains cas, dépassant les performances des experts humains [Ciresan 2012, Krizhevsky 2012, Hu 2020].

Les réseaux de neurones convolutifs basés sur la région (R-CNN) représentent une famille de modèles d'apprentissage automatique pour la vision par ordinateur et plus particulièrement la détection d'objets.

Les réseaux de neurones convolutifs basés sur la région ont été largement utilisés dans la littérature pour des problèmes différents comme pour suivre des objets à partir d'une caméra montée sur un drone [Vidi 2020], localiser du texte dans une image [Tiernan 2020], et activer la détection d'objets dans Google Lens [Ram 2020].

Dans ce travail, nous avons configuré plusieurs architectures de CNN comme F-CNN, VGG16 et R-CNN sur des bibliothèques différentes. Après plusieurs bancs essais, nous avons conclu que la performance de l'architecture R-CNN dépasse légèrement celle des autres architectures et que la bibliothèque Caffe s'annonce comme l'environnement de travail le plus adéquat pour la segmentation des organes pelviens féminins. Le coefficient de Dice n'a pas dépassé 0,1964 ce qui peut être expliqué par le nombre réduit des images de la base d'apprentissage.

Le tableau 7 donne le coefficient de Dice donnés par les différentes méthodes de segmentations employées.

SEGMENTATION A BASE D'ATLAS UTILISANT L'APPRENTISSAGE EN LIGNE

Tableau 7: Coefficient de Dice donné par les différentes méthodes de segmentation employées

Méthode de segmentation	Coefficient de Dice
Technique de segmentation proposée à base d'atlas	0.7853
Segmentation par ligne de partage des eaux	0,2685
Segmentation par R-CNN	0,1964

Les résultats montrent l'efficacité des méthodes de segmentation à base d'atlas par rapport aux méthodes conventionnelles appliquées pour la segmentation des organes pelviens féminins.

Nous pouvons conclure également que, pour les mêmes conditions initiales et pour une base de données de taille réduite, la performance de la méthode de segmentation à base d'atlas proposée dépasse largement celle donnée par les réseaux d'apprentissage profond.

Les résultats montrent aussi que la performance de la méthode de segmentation à base d'atlas utilisant l'apprentissage en ligne proposée dépasse celle de la segmentation basée sur un seul atlas et celle basée sur une base fixe d'atlas.

Recalage d'images

- IV.1. Formalisation du problème **Erreur ! Signet non défini.**
- IV.2. Attributs d'une image
 - IV.2.1. Approches géométriques
 - IV.2.2. Approches denses
 - IV.2.3. Approches hybrides
- IV.3. Critères de similarité
 - IV.3.1. Similarité entre primitives géométriques
 - IV.3.2. Similarité entre intensités
 - IV.3.3. Estimation de l'information mutuelle
- IV.4. Modèles de déformation
 - IV.4.1. Modèles linéaires
 - IV.4.2. Modèles non linéaires
- IV.5. Interpolation
- IV.6. Stratégie d'optimisation
 - IV.6.1. Résolution explicite
 - IV.6.2. Méthodes d'ordre 0
 - IV.6.3. Méthodes d'ordre supérieur
 - IV.6.4. Méthodes stochastiques
 - IV.6.5. Travaux en relation
- IV.7. Approche de recalage proposée
- IV.8. Résultats Expérimentaux

IV. Recalage d'images

Ce quatrième chapitre est consacré au problème de recalage. Un état de l'art sur les techniques de recalage dans le domaine de l'imagerie médicale sera présenté dans une première section. Nous détaillerons ensuite les différentes caractéristiques du recalage comme le critère de similarité, le modèle de déformation et la stratégie d'optimisation. Nous exposerons dans un dernier lieu l'approche de recalage proposée.

Plusieurs revues sur les méthodes de recalage dans un cadre général ont été proposées dans la littérature. Nous citons à titre d'exemple celui de Zitova et Flusser [Zitova 2003], Glasbey et Mardia [Glasbey 1998], Brown [Brown 1992], et plus récemment Fu et al. [Fu 2020] Viergever et al. [Viergever 2016], Saxena et Singh [Saxena 2014] et Wyawahare et al. [Wyawahare 2009]. D'autres revues ont porté sur le recalage dans le domaine médical particulièrement, tels que celui de Karthick et al. [Karthick 2019], Mani et Arivazhagan [Mani 2013], Oliveira et Tavares [Oliveira 12], Betrouni [Betrouni 2009], Crum et al. [Crum 2004], pluim et al. [2003], Hutton et al. [Braun 2003], Maleka et al. [Maleka 2002], Hill et al. [Hill 2001], Barillot [Barillot 1999], Lester et Arridge [Lester 1999] et Maintz et al. [maintz 1998].

Ces techniques de recalage ont proposé dans ces travaux plusieurs types de classification. En se référant à la classification de Brown [Brown 1992], qui est la plus souvent employée, les méthodes de recalage peuvent être classées selon quatre critères dont le choix conditionne la qualité du recalage. Ces critères se basent sur la nature des attributs extraits des images, le modèle de transformation appliqué, le critère de similarité utilisé et la stratégie d'optimisation permettant la détermination de la transformation optimale. Ces critères mènent aux quatre composantes caractéristiques d'un problème de recalage qui seront étudiées par la suite. Dans la section suivante, nous rappelons le problème de recalage d'une manière formelle.

IV.1. Formalisation du problème

Soient une image source I et une image cible ou référence J . Le recalage consiste à trouver la transformation géométrique optimale \hat{T} permettant d'aligner I sur J de manière à maximiser la ressemblance entre l'image source transformée " $I \circ T$ " et l'image de référence au sens d'un critère de similarité S prédéfini.

Le recalage peut être considéré comme un problème d'optimisation et peut être exprimé par l'équation (4) :

$$\hat{T} = \arg \max_{T \in \tau} S(I \circ T, J) \quad (4)$$

où T est une transformation possible de l'espace de recherche τ et S est le critère de similarité (max) ou dissimilarité (min).

La figure 13 illustre le processus de recalage qui met en œuvre les composantes mentionnées précédemment.

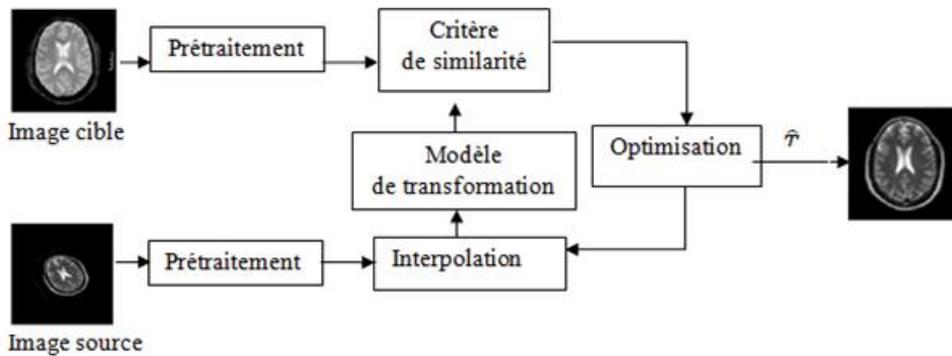


Figure 13: Processus de recalage d'après [Noblet 2006]

L'étape de prétraitement consiste à extraire à partir des images considérées l'information nécessaire pour guider le recalage. Cette information peut concerner des caractéristiques géométriques ou la répartition des intensités sur les images. La procédure de prétraitement peut comprendre des opérations de segmentation, suppression d'inhomogénéités, réduction de bruit, transformation sur les intensités [Noblet 2006], etc. Le critère de similarité est la mesure de ressemblance entre les images à recaler. Lorsque la correspondance est optimale, cette mesure doit prendre sa valeur maximale. Le modèle de déformation définit la manière dont les images sont géométriquement transformées. Cette transformation doit faire appel à une méthode d'interpolation pour définir les valeurs des intensités au niveau de l'image source, dite également image flottante, après sa transformation. La stratégie d'optimisation assure l'obtention de la transformation optimale à appliquer sur l'image flottante pour la faire correspondre au mieux à l'image de référence.

IV.2. Attributs d'une image

Afin de mener à bien le processus du recalage, il est nécessaire de sélectionner l'information à prendre en considération pour la mise en correspondance des images. Les attributs constituent les traits caractéristiques issus des images et sur lesquels se base le recalage [Noblet 2006]. Le choix de ces attributs est capital dans la définition de la qualité du recalage et est étroitement lié à la nature des images et de l'application en question. Suivant la nature de l'information extraite des images, deux approches peuvent être distinguées; les approches géométriques et les approches iconiques (appelées aussi approches denses). Chacune de ces méthodes a ses avantages et ses limites que nous précisons dans ce qui suit tout en justifiant le choix à porter sur les méthodes denses. Dans la littérature, d'autres approches nommées approches hybrides ou mixtes ont également été proposées. Elles combinent les caractéristiques des deux précédentes.

IV.2.1. Approches géométriques

Elles sont basées sur l'extraction de primitives géométriques homologues à partir des images à recaler et de les mettre en correspondance. L'objectif est de déterminer la transformation optimale à appliquer sur l'image source. Cette transformation devra minimiser la distance

entre les attributs appariés qui peuvent être de trois types : points [Bookstein 1989], [Rohr 1996], [Davis 1997], [Rohr 1999], courbes [Davatzikos 1996], [Peckar 1999], ou surfaces [Thomson 1997], [Yamany 1999]. L'extraction peut être réalisée soit manuellement par un expert ou bien automatiquement. Le choix des primitives à prendre en considération doit tenir compte de quelques facteurs. En effet, ces primitives doivent être discernables et facilement détectables. Elles doivent également être réparties sur l'ensemble de l'image et robustes contre les différentes altérations liées à l'acquisition [Zitova 2003], [Noblet 2006].

Les attributs géométriques peuvent être extrinsèques ou intrinsèques. Il s'agit de marqueurs externes (cadre stéréotaxique, calibration des systèmes d'acquisition, marqueurs) visibles sur l'imageur dans le premier cas. Dans le second cas, l'information est tirée de l'image en elle même.

➤ **Avantages et limites des approches géométriques :**

L'avantage des méthodes géométriques est de réduire le temps de traitement étant donné qu'elles opèrent sur un sous-ensemble de l'information portée par l'image. Les primitives extraites des images sont, d'autre part, supposées être discriminantes et très informatives vu qu'elles comportent une information de haut niveau qui s'appuie sur des considérations anatomiques [Noblet 2006]. Néanmoins, ces approches ont un inconvénient majeur lié à l'imprécision associée à l'extraction des primitives. En effet, ces méthodes s'appuient le plus souvent sur une sélection manuelle ou une détection semi-automatique des caractéristiques, ce qui nécessite une étape de prétraitement [Noblet 2006] [Rubeaux 2011]. La littérature propose des détecteurs automatiques d'amers ponctuels, tel que le détecteur de Harris [Harris 1988] ainsi que SUSAN [Smith 1997]. Cependant, ces détecteurs ont été proposés dans le cadre de la robotique pour la détection de coins et ils ne sont donc pas adaptés pour l'imagerie médicale. Une autre limite tient au fait qu'il n'y a encore pas de moyen permettant un choix optimal des primitives à prendre en considération. Les points qui constituent une primitive de type courbe ou surface sont, en outre, indiscernables. L'appariement de ces primitives est, de ce fait, arbitraire [Noblet 2006]. Il s'appuie généralement sur l'introduction d'une condition de régularité et l'estimation de la transformation la plus lisse possible, ce qui ne correspond pas nécessairement à la réalité [Noblet 2006].

IV.2.2. Approches denses

Les approches denses ou iconiques se basent sur l'exploitation de la totalité de l'information portée par les intensités des images sans prendre en considération l'information géométrique. Cette classe de méthodes peut également s'appuyer sur l'utilisation d'une représentation de ces intensités dans un espace différent (par l'application de la transformation de fourrier ou la transformation en ondelettes par exemple) ou la considération de l'information issue des caractéristiques différentielles de l'image [Van den Elsen 1995], [Maintz 1996], [Pluim 2000]. Dans [Mellor 2005], les auteurs emploient une représentation des images dans le domaine fréquentiel en appliquant une transformation de Fourier. Une décomposition des images en ondelettes a été utilisée dans [Xue 2004]. Pour les techniques s'appuyant sur une utilisation directe des valeurs de l'intensité dans les images, les travaux

[Barnea 1972], [McGille 1976], [Svedlow 1978] sont les premiers qui ont eu lieu dans le cadre d'un recalage rigide monomodal. Suite aux avancées qui ont été produites au niveau de l'imagerie médicale, le problème du recalage d'images multimodales a été posé. Les méthodes géométriques ont montré leurs limites face à ce sujet étant donné la complexité de la tâche relative à l'extraction de primitives homologues sur des images de natures différentes. Les travaux de Woods et al. [Woods 1993] ont fourni des résultats remarquables en employant le concept de l'histogramme conjoint pour le recalage dense multimodal. Par la suite, l'utilisation de l'information mutuelle dans ce cadre a eu lieu pour la première fois en 1995 simultanément dans deux travaux séparés [Collignon 1995] et [Viola 1995]. Le succès de cette dernière n'a jamais été contredit depuis son apparition et est devenue une mesure de référence pour le recalage d'images médicales multimodales [Pluim 2000].

➤ **Avantages et limites des approches denses :**

Contrairement aux méthodes géométriques, les méthodes denses ont l'avantage d'être plus flexibles en employant toute l'information portée par l'image et ne nécessitent aucune étape de prétraitement relative à la réduction du volume de données. Ces méthodes sont complètement automatiques. Elles ne requièrent aucune segmentation préalable ou sélection manuelle de primitives qui sont souvent très délicates à réaliser. Cependant, ces techniques présentent quelques limites. Une première concerne le coût calculatoire important vu que toute l'information portée par l'image est prise en compte. Dans ce cadre, des approches hiérarchiques multi-résolution ont été proposées pour diminuer le temps de calcul [Mallat 1989]. Un autre inconvénient concerne le problème lié à la procédure d'optimisation qui est plus complexe à résoudre pour les méthodes denses par rapport aux méthodes géométriques, notamment lorsqu'il s'agit d'un recalage multimodal où la fonction coût affiche plusieurs optima locaux.

IV.2.3. Approches hybrides

Ces approches combinent les deux types d'informations issus des deux approches précédentes dans l'objectif de tirer profit des caractéristiques extraites de chaque méthode. Trois cas sont envisageables pour les approches hybrides :

- **La combinaison de primitives géométriques de nature différente :** Ce type de combinaison d'attributs a été employé par exemple dans [Yuille 1992] où l'auteur combine des points et des courbes. C'est également le cas dans [Hsu 1999] où il y a eu intégration de surfaces et de courbes. Dans [Maurer 1998], il y a eu une combinaison de différents types de surfaces.
- **La combinaison de différentes informations issues des intensités des images :** Dans le travail de Pluim et al. [Pluim 2000] il y a eu une incorporation de l'information sur le gradient de l'image à l'information portée par les niveaux de gris. Dans [Shen 2002], les auteurs associent à chaque voxel un vecteur d'attributs concernant l'intensité du voxel en question, les différents moments géométriques invariants qui caractérisent le voisinage du voxel et une information provenant de la segmentation de l'image en trois classes.
- **La combinaison d'approches géométriques et iconiques :** Dans ce cas, les primitives géométriques servent généralement de contraintes pour les attributs iconiques. Dans ce cadre, les auteurs dans [Johnson 2002], [Sorzano 2005] emploient une contrainte par des amers ponctuels. Dans [Collins 1996], [Cachier 2001], [Cachier 03], [Hellier 2001], [Hellier 2003], les auteurs ont utilisé une contrainte par des primitives courbes (sillons corticaux).

IV.3. Critères de similarité

L'objectif de la mesure de similarité est de quantifier la notion de ressemblance entre deux images [Noblet 06]. Elle est étroitement dépendante des attributs pris en considération pour guider le recalage. Deux types de critères de similarité peuvent être distingués. Ceux qui sont destinés pour les approches géométriques et ceux qui se rapportent aux approches denses.

Nous précisons que notre choix concernant la méthode de l'extraction des attributs a été porté sur l'approche dense pour plusieurs considérations. D'abord, les méthodes relevant de cette approche sont complètement automatiques et ne nécessitent aucune segmentation préalable ou autre étape de prétraitement manuel. D'autre part, vu la multimodalité des images à considérer pour le recalage, l'emploi d'une méthode géométrique a été écarté vu la complexité de la tâche qui concerne la détection de primitives homologues dans des images peu semblables et de natures différentes. Dans la sous section IV.3.1, nous étudions la première catégorie de mesures de similarité destinée pour les méthodes géométriques. Ensuite nous nous intéressons dans la sous section IV.3.2. à la seconde catégorie de critères qui concernent les méthodes iconiques.

IV.3.1. Similarité entre primitives géométriques

Les critères de similarités utilisés entre primitives géométriques représentent les mesures de distance qui séparent ces derniers. Dans la littérature, différents critères ont été proposés en fonction de la nature des primitives utilisés.

La norme euclidienne est classiquement utilisée comme mesure de distance pour des amers ponctuels. Dans le cas d'un recalage rigide et affine, elle ramène à une solution analytique en utilisant la méthode de Procrustes [Arun 1987]. Plusieurs méthodes sont envisageables pour mesurer la distance entre des primitives de dimension supérieure (courbes ou surfaces), à savoir :

- **L'algorithme ICP (Iterative Closest Point)** [Besl 1992] : Deux étapes réitérées successivement caractérisent cet algorithme. Chaque point de la primitive source sera attribué au point le plus proche de la primitive de référence dans une première étape. La deuxième étape consiste à déterminer la transformation adéquate en utilisant la méthode de Procrustes [Noblet 2006].
- **La moyenne du carré de la distance** : Elle est calculée à travers la moyenne du carré de la distance de chacun des points de la primitive source par rapport au point le plus proche de la primitive de référence dans la direction du centroïde de cette dernière [Pelizzari 1989].
- **La carte de distance** : Une carte de distance est construite à travers la mise à zéro des pixels qui correspondent à des contours de l'objet d'intérêt sur l'image de référence, et le calcul par propagation de la distance associée à chaque pixel du point de contour le plus proche. Les cartes de distances sont des outils efficaces pour le calcul de la distance qui sépare deux contours. Il faut, en effet, calculer la moyenne des valeurs de la carte de distance superposées avec les contours de l'image à recaler. De par son efficacité et sa rapidité, la distance de chanfrein [Borgefors 1988] est l'une des distances couramment utilisées pour l'élaboration de cartes de distance. Elle donne une bonne approximation de la distance euclidienne [Noblet 2006].
- **La distance de Hausdorff** : C'est une mesure de la distance entre deux ensembles de points. Soit $d(x, y)$ la distance entre deux points x et y , avec x appartient à l'ensemble de points Γ_1 et y appartient à l'ensemble de points Γ_2 . La distance de Hausdorff entre les deux ensembles Γ_1 et Γ_2 est donnée par l'équation (5) :

$$d_H(\Gamma_1, \Gamma_2) = \max \left(\sup_{x \in \Gamma_1} \inf_{y \in \Gamma_2} d(x, y), \sup_{y \in \Gamma_2} \inf_{x \in \Gamma_1} d(x, y) \right) \quad (5)$$

IV.3.2. Similarité entre intensités

Les critères de similarité iconiques emploient les intensités des images en s'appuyant sur toute l'information disponible. Ce type de critères fait une hypothèse par rapport à la relation qui relie les intensités des deux images à recaler. Différentes catégories de mesures de similarité peuvent être distinguées à travers cette relation. Le choix d'un critère dépend de la nature des images à recaler et prend en compte la complexité de certaines mesures par rapport aux autres. Une mesure faisant l'hypothèse d'une relation très générale et peu restrictive entre les images, est souvent plus coûteuse en termes de temps de calcul et plus complexe à optimiser [Rubeaux 2011]. Parmi les relations entre les intensités, on trouve la

relation identité, la relation affine et la relation fonctionnelle. Il est également possible de considérer les images comme des réalisations de variables aléatoires et adopter une relation de dépendance entre elles [Pluim 2003], [Pluim 2004].

IV.3.2.1. Conservation de l'intensité

Cette relation est employée dans le cas du recalage d'images monomodales. Elle fait l'hypothèse d'une correspondance entre les intensités des images à un bruit blanc Gaussien près. Les méthodes basées sur cette relation s'appuient généralement sur la minimisation de la différence entre les intensités des images. Le critère des moindres carrés \mathcal{L}_2 est celui le plus couramment utilisé dans ce cadre. Il est défini par l'équation (6) comme suit :

$$\mathcal{L}_2(I_{ref}, I_{reca}(h)) = \int_{\Omega} (I_{ref}(s) - I_{reca}(h(s)))^2 ds \quad (6)$$

avec Ω est l'intersection entre le support Ω_{ref} de I_{ref} et l'image du support Ω_{reca} de I_{reca} par la transformation h , $\Omega = \{s | s \in \Omega_{ref} \text{ et } h(s) \in \Omega_{reca}\}$.

Ce critère a pour inconvénient la sensibilité aux valeurs aberrantes. Il existe, cependant, d'autres mesures telles que la différence absolue des intensités (norme \mathcal{L}_1) ou les mesures dites robustes [Rousseeuw 1987]. Ces fonctions basées sur la différence inter-images sont moins sensibles aux valeurs aberrantes.

IV.3.2.2. Dépendance affine

Dans la pratique, l'hypothèse de la relation identité est rarement satisfaite même lorsqu'il s'agit d'un recalage monomodal. Vu que les valeurs d'intensité dans l'image dépendent de l'appareil de mesure, il est donc nécessaire de prendre en compte une remise à l'échelle de ces valeurs à travers une relation affine de type $j = \alpha i + \beta$. Le coefficient de corrélation linéaire prend en considération cette relation [Hill 2001]. Il est exprimé de la manière suivante (équations (7) et (8)) :

$$\rho(I_{ref}, I_{reca}(h)) = \frac{1}{\sigma_{I_{ref}} \sigma_{I_{reca}^h}} \int_{\Omega} (I_{ref}(s) - \mu_{I_{ref}}) (I_{reca}(h(s)) - \mu_{I_{reca}^h}) ds \quad (7)$$

avec

$$\begin{cases} \mu_{I_{ref}} = \frac{1}{\Omega} \int_{\Omega} I_{ref}(s) ds, & \mu_{I_{reca}^h} = \frac{1}{\Omega} \int_{\Omega} I_{reca}(h(s)) ds \\ \sigma_{I_{ref}} = \sqrt{\frac{1}{\Omega} \int_{\Omega} (I_{ref}(s) - \mu_{I_{ref}})^2 ds}, & \sigma_{I_{reca}^h} = \sqrt{\frac{1}{\Omega} \int_{\Omega} (I_{reca}(h(s)) - \mu_{I_{reca}^h})^2 ds} \end{cases} \quad (8)$$

Ce critère peut également être exprimé par l'équation (9) :

$$\rho^2(I_{ref}, I_{reca}(h)) = \frac{Cov(I_{ref}, I_{reca}(h))}{Var(I_{ref})Var(I_{reca}(h))} \quad (9)$$

Cette mesure a une valeur comprise entre -1 et 1 et sert à déterminer l'existence d'une relation linéaire entre les intensités des images I_{ref} et $I_{reca}(h)$. Dans le cas où la valeur donnée par cette mesure est nulle, cela veut dire que les deux images sont des réalisations de variables aléatoires non corrélées. Ainsi, le recalage consiste à maximiser ce critère. Ce dernier est sensible aux valeurs aberrantes des intensités dans les images à recaler. Dans [Kim 2004], une version plus robuste est proposée.

IV.3.2.3. Dépendance fonctionnelle

Lorsqu'il s'agit d'un recalage d'images de modalités différentes, l'hypothèse de la relation affine entre les intensités n'est plus vérifiée. L'hypothèse d'une relation fonctionnelle de type $j = f(i)$ est plus générale et peut donc être prise en considération. Cette hypothèse suppose que chaque intensité d'une image donnée sera attribuée à une valeur unique dans la deuxième image. Le critère de Woods [Woods 1993] et le rapport de corrélation introduit par Roche [Roche 1998], [Roche 2000], [Roche 2001] sont parmi les critères satisfaisant cette hypothèse. En ce qui concerne le critère de Woods, il a été proposé pour le recalage multimodal d'images IRM/TEP. Il est basé sur le calcul, pour une valeur d'intensité donnée dans une image, de la dispersion des intensités des pixels correspondants dans l'autre image. En effet, l'hypothèse concerne cette dispersion qui doit être réduite pour l'ensemble des intensités quand les images sont recalées. Le recalage sert à minimiser le critère donné par l'équation (10) :

$$Woods \left(I_{ref} | I_{reca}(h) \right) = \sum_j p_j \frac{\sigma_{I_{ref}|j}}{\mu_{I_{ref}|j}} \quad (10)$$

avec $\mu_{I_{ref}|j}$ et $\sigma_{I_{ref}|j}$ sont respectivement la moyenne et l'écart-type des intensités de l'image I_{ref} correspondant aux pixels de l'image $I_{reca}(h)$ ayant l'intensité j , et p_j est la fréquence des pixels dans l'image $I_{reca}(h)$ ayant une intensité j .

La division par la moyenne assure la normalisation qui permet au critère d'être invariant à la modification des valeurs de l'intensité de l'image I_{ref} . Cette invariabilité est assurée par un facteur multiplicatif.

Pour le rapport de corrélation, il se base sur le même principe que le critère de Woods. En gardant les notations précédentes, il est donné par l'équation (11) :

$$\eta \left(I_{ref} | I_{reca}(h) \right) = 1 - \frac{1}{\sigma_{I_{ref}}^2} \sum_j p_j \sigma_{I_{ref}|j}^2 \quad (11)$$

La différence de ce critère par rapport à celui de Woods est le fait de considérer les variances et non les écart-types. Les deux critères décrits précédemment ont des expressions non symétriques par rapport aux deux images étant donné que la relation fonctionnelle est non symétrique. Une fonction de I_{ref} vers I_{reca} n'implique pas nécessairement l'existence d'une fonction de I_{reca} vers I_{ref} . Une version symétrisée du rapport de corrélation a été proposée par Lau et al. dans [Lau 2001] dont l'expression est donnée par l'équation (12) :

$$\eta^{sym} \left(I_{ref}, I_{reca}(h) \right) = \eta \left(I_{ref} | I_{reca}(h) \right) + \eta \left(I_{reca}(h) | I_{ref} \right) \quad (12)$$

IV.3.2.4. Dépendance statistique

La dépendance statistique constitue une relation encore moins contraignante et restrictive que la dépendance fonctionnelle. La relation statistique est établie grâce à l'histogramme conjoint introduit par [Hill 1994] qui consiste à estimer la densité de probabilité conjointe des deux images à recalcer. Le critère utilisé est basé sur la mesure de la dispersion de l'histogramme après recalage. En effet, deux images mal recalées présentent un histogramme qui tend à se disperser. Dans le cadre de la dépendance statistique, d'autres mesures ont été également proposées. Ces mesures reposent sur des concepts issus de la théorie de l'information plutôt que de s'appuyer seulement sur la densité de probabilité conjointe. Dans ce contexte, les mesures les plus marquantes sont l'entropie conjointe [Collignon 1995], [Studholme 1995], l'Information Mutuelle (IM) [Collignon 1995], [Viola 1995] et l'Information Mutuelle Normalisée (IMN) [Studholme 1999]. Nous soulignons que la distance de Hellinger [Swain 1991] est également l'une des mesures efficaces proposées pour le recalage d'images statistiquement dépendantes [Rousseau 2003] [Rubeaux 2011].

IV.3.3. Estimation de l'information mutuelle

IV.3.3.1. Entropie de Shannon

IV.3.3.1.1. Entropie d'une variable aléatoire

Pour X une variable aléatoire prenant ses valeurs dans l'ensemble $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ associant les probabilités respectives p_1, p_2, \dots, p_n , avec $P(X = x_i) = p_i$.

La mesure $-\log_2(p_i)$ représente la quantité d'information en relation avec l'évènement $X = x_i$. Elle est d'autant plus élevée que la probabilité de l'évènement est faible.

L'expression de la quantité d'information moyenne associée à X est donnée par l'équation (13) :

$$H(X) = - \sum_{i=1}^n p_i \log_2(p_i) \quad (13)$$

Cette mesure est appelée entropie de la variable aléatoire X . Par convention, si l'une des probabilités p_i est nulle, la mesure $0 \log_2(0)$ est aussi déclarée égale à 0.

La grandeur $H(X)$ est maximale lorsque tous les évènements sont équiprobables (les p_i sont égaux).

IV.3.3.1.2. Information contenue dans une image

Soit A une image codée sur N niveaux de gris, la quantité d'information donnée par un niveau i est exprimée par l'équation (14):

$$Q_i = -\log_2(p_i) \quad (14)$$

avec p_i : probabilité d'apparition du niveau i . Elle est donnée approximativement par un comptage statistique. Ainsi, une statistique sur les niveaux peut être effectuée en comptant, pour chaque niveau, le nombre de pixels possédant ce niveau.

Considérons Nb le nombre de pixels dans l'image A . Si chaque pixel est codé sur q bits, on a alors $N = 2^q$ niveaux de gris. Si f_i est la fréquence d'apparition du niveau i , la probabilité d'apparition de ce niveau dans l'image est donnée par la formule (15) :

$$p_i = \frac{f_i}{Nb} \quad (15)$$

La quantité d'information marginale Q_i est également appelée incertitude sur le niveau i . Plus le niveau i est rare (p_i est faible), plus l'incertitude sur lequel est importante, plus la quantité d'information est grande. Par contre, un niveau omniprésent apporte peu d'information.

On considère l'image A comme une variable aléatoire dont l'entropie est exprimée par l'équation (16) :

$$H(A) = \sum_{i=0}^{N-1} p_i Q_i = - \sum_{i=0}^{N-1} p_i \log_2(p_i) \quad (16)$$

C'est la quantité d'information moyenne en relation avec l'image A . Si le nombre de niveaux de gris différents qui constitue une image est réduit, l'image possède une entropie faible, ça veut dire qu'elle contient peu d'information. Néanmoins, une image contenant un nombre élevé de niveaux de gris différents avec des occurrences équivalentes, a une entropie élevée. C'est-à-dire qu'elle contient plus d'information.

IV.3.3.2. Histogramme conjoint

IV.3.3.2.1. Entropie conjointe

Considérons deux images A et B codées sur N niveaux de gris, l'entropie conjointe associée à ce couple d'images vues comme une paire de variables aléatoires (A,B) de loi de probabilité conjointe $p(a, b)$ est exprimée par l'équation (17) :

$$H(A, B) = - \sum_{i,j} p(a_i, b_j) \log_2(p(a_i, b_j)) \quad (17)$$

avec a_i et b_j sont les niveaux de gris dans les images A et B respectivement, i et j varient de 0 à $N-1$. La probabilité conjointe $p(a_i, b_j)$ est donnée par l'expression (18) :

$$p(a_i, b_j) = P(A = a_i, B = b_j) \quad (18)$$

L'estimation de la distribution de probabilité conjointe $p(a, b)$ pour le vecteur aléatoire (A,B) se fait en utilisant l'histogramme conjoint. Concernant les distributions marginales, elles

peuvent être estimées par la somme des lignes ou les colonnes de l'histogramme conjoint normalisé.

IV.3.3.2.2. Histogramme conjoint de deux images

L'histogramme conjoint sert à estimer la distribution de probabilité conjointe $p(a, b)$ du vecteur aléatoire (a, b) en comptabilisant des occurrences des valeurs prises par le vecteur sur l'ensemble de ses réalisations (a_i, b_j) . En effet, il permet de préciser le nombre d'occurrences d'une paire de valeurs d'intensité aux mêmes emplacements correspondants à chaque pixel. Les images doivent être de la même dimension.

Une représentation graphique de l'histogramme conjoint associé au couple d'images (A, B) est donnée sur la figure 14.

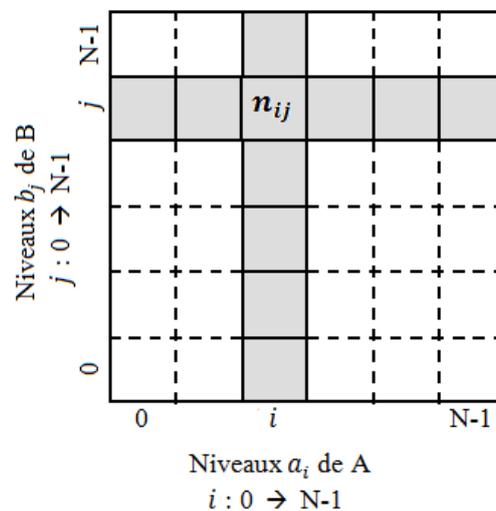


Figure 14: Histogramme conjoint d'un couple d'images (A, B)

n_{ij} représente le nombre d'occurrences du couple d'intensités (a_i, b_j) conjointement. C'est le nombre d'apparition du niveau a_i dans A conjointement à b_j dans B au même emplacement pixel.

La probabilité $p(a_i, b_j)$ est donnée par l'expression (19):

$$p(a_i, b_j) = \frac{n_{ij}}{Nb} \quad (19)$$

avec Nb : nombre de pixels dans chacune des deux images.

La probabilité marginale $p_A(a_i)$ est calculée par l'équation (20) :

$$p_A(a_i) = \sum_j \frac{n_{ij}}{Nb} \quad (20)$$

Un exemple de deux histogrammes conjoints avant et après recalage est donné au niveau de la figure 14.

Illustration enlevée par respect du droit d'auteur

Figure 15 : Exemple d'histogrammes conjoints pour des images avant (a) et après (b) recalage (d'après [Rubeaux 2011]).

Quand les images sont non recalées, nous pouvons remarquer que la dispersion de l'histogramme est beaucoup plus flagrante.

IV.3.3.3. Information mutuelle

Le développement de l'information Mutuelle (IM) a eu lieu dans les années quarante par Claude Shannon [Shannon 1949]. En recalage d'images, Cette mesure a été utilisée pour la première fois simultanément par deux équipes de recherche séparés [Collignon 1995], [Viola 1995]. Depuis sa première utilisation, le nombre de publications employant cette mesure comme critère de similarité pour le recalage d'images ne cesse d'augmenter. Actuellement, l'IM est devenue le critère de référence en recalage d'images médicales multimodales [Rubeaux 2011] [Meyer 1997], [Pluim 2003] [Velázquez 2020].

L'IM est une mesure de l'information commune entre deux variables. C'est une mesure symétrique qui croît en fonction de la dépendance des deux variables et de leurs entropies. L'information mutuelle de deux images A et B peut être exprimée par la formule (21) :

$$IM(A, B) = H(A) + H(B) - H(A, B) \quad (21)$$

où $H(A)$ et $H(B)$ sont les entropies de Shannon des images A et B respectivement et $H(A, B)$ est l'entropie conjointe qui leurs est associée.

Le recalage consiste à trouver la transformation assurant la maximisation de l'IM entre l'image flottante et l'image de référence. Cela revient à minimiser l'entropie conjointe tout en prenant en considération le terme de pénalité donné par l'entropie marginale de l'image flottante. Nous ne parlons pas de l'entropie marginale associée à l'image de référence étant donné qu'elle est constante. De ce fait, elle ne sera pas considérée pour l'optimisation.

L'avantage de l'IM par rapport à l'entropie conjointe réside dans le terme permettant de tenir compte de l'entropie marginale de l'image à recalier. En effet, l'entropie conjointe a pour inconvénient d'être très sensible au recouvrement partiel. La considération de la quantité d'information de l'image flottante dans le recalage permet de réduire cette sensibilité. L'IM pénalise les transformations qui permettent de réduire la quantité d'information dans l'image flottante ce qui lui permet d'être relativement plus robuste que l'entropie conjointe face au problème de recouvrement partiel [Rubeaux 2011].

IV.3.3.4. Limites de l'information mutuelle et solutions existantes

Depuis ses premières utilisations en 1995, l'apport de l'IM pour le recalage d'images multimodales ne n'est jamais démenti. Néanmoins, quelques limites ont été signalées à son égard. Afin de remédier à ces dernières, des améliorations à apporter à l'information mutuelle ont été proposées dans la littérature.

IV.3.3.4.1. Sensibilité au recouvrement partiel

L'IM a été prouvée sensible à la région de recouvrement des images. Ce phénomène est envisageable notamment dans le cas d'un recalage d'images multimodales. En effet, une

structure anatomique ou une partie des données peut être présente dans l'une des images et non dans l'autre. En outre, l'application d'une transformation géométrique à l'image source est susceptible de modifier la zone de recouvrement des deux images.

Pour remédier à ce problème, plusieurs mesures ont été proposées. La mesure la plus connue est l'Information Mutuelle Normalisée (IMN) [Studholme 1999]. En utilisant les mêmes notations précédentes, l'IMN s'exprime ainsi (22) :

$$IMN(A, B) = \frac{H(A) + H(B)}{H(A, B)} \quad (22)$$

L'IMN a été largement employée en recalage d'images médicales et sa robustesse au recouvrement partiel a dépassé celle de l'IM.

Des autres critères de similarité ont été proposés dans ce cadre, telles que le Rapport RCE qui est donné par l'équation (23) :

$$RCE(A, B) = \sqrt{2 - \frac{2H(A, B)}{H(A) + H(B)}} = \frac{2IM(A, B)}{H(A) + H(B)} \quad (23)$$

L'information exclusive est également l'une des mesures proposées pour répondre au problème du recouvrement partiel. Elle est définie par l'équation (24) :

$$IE(A, B) = H(A, B) - IM(A, B) = 2H(A, B) - H(A) - H(B) \quad (24)$$

IV.3.3.4.2. Non prise en compte de l'information spatiale

L'IM ne prend pas compte de l'information spatiale dans les images à recalcr [Rueckert 2000] vu qu'elle traite les pixels en tant que réalisations d'une variable aléatoire. La localisation de ces derniers est non prise en considération lors de l'estimation de l'IM. Ce problème est illustré dans l'exemple de la figure 13 issue de [Rueckert 2000]. En effet, il s'agit de deux images où celle de droite a été contruite en déplaçant les pixels de l'image de gauche d'une manière aléatoire. Ces deux images ont la même entropie marginale alors qu'elles sont clairement différentes.

Illustration enlevée par respect du droit d'auteur

Figure 16: Deux images de la même entropie marginale, l'image de droite est créée en déplaçant aléatoirement les pixels de celle de gauche. D'après [Rueckert 00].

Il s'avère donc intéressant de rajouter une information spatiale dans le but d'améliorer la robustesse de la mesure et réduire le nombre de minima locaux. Cette procédure peut susciter de l'intérêt notamment lorsqu'il s'agit d'un recalage non rigide. En effet, l'estimation de l'information mutuelle se base généralement sur un histogramme conjoint global. Au cours de l'optimisation, l'algorithme peut avoir tendance à l'optimisation des minima locaux au lieu du minimum global. Dans le cas d'une transformation linéaire, ce problème ne se pose souvent pas, étant donné le nombre réduit de degrés de liberté. En revanche, le nombre élevé

de paramètres à optimiser pour une transformation non rigide provoque un nombre important de minima locaux, ce qui peut produire la divergence de l'algorithme [Rubeaux 2011].

Dans l'objectif de remédier à ces difficultés, des travaux ont essayé de tenir compte des considérations géométriques dans la mesure de similarité à travers l'emploi de l'emplacement des pixels ou des relations existantes entre des pixels voisins. Dans ce contexte, l'ajout d'une information sur le gradient est l'un des critères très intéressants proposés.

- **Incorporation d'une information sur le gradient**

Cette mesure proposée dans [Pluim 2000] prend en considération les gradients spatiaux des images lors du calcul de l'information mutuelle.

Pour des images médicales, de forts gradients signifient en général une transition entre des tissus de nature différente et sont donc porteurs d'une information importante.

Le vecteur de gradients est construit pour chaque point $X=\{x,y\}$ de l'image A de référence et son point correspondant $X'=\{x',y'\}$ dans l'image source B, qui est trouvé à l'issue d'une transformation géométrique de l'image flottante. Les deux dérivées partielles qui forment ensemble le vecteur de gradient en un point (pour des images bidimensionnelles) sont calculées en utilisant les dérivées premières d'un noyau gaussien d'écart type σ . L'angle $\alpha_{X,X'}(\sigma)$ entre les vecteurs de gradients est ensuite exprimé par l'équation (25) :

$$\alpha_{X,X'}(\sigma) = \arccos \frac{\nabla X(\sigma) \cdot \nabla X'(\sigma)}{|\nabla X(\sigma)| |\nabla X'(\sigma)|} \quad (25)$$

avec $\nabla X(\sigma)$ est le vecteur gradient au point X d'écart type σ .

Soit α l'angle entre les gradients $\nabla X(\sigma)$ et $\nabla X'(\sigma)$, on cherche à ce que les gradients $\nabla X(\sigma)$ et $\nabla X'(\sigma)$ aient les mêmes orientations. Etant donné que des images multimodales peuvent avoir des gradients de même orientation mais de directions opposées, les angles α proches de 0 ou Π seront favorisés (2Π doit être proche de 0, $\cos(2\Pi)$ doit donc être proche de 1). La fonction $\cos(2\Pi)$ favorise des gradients de même orientation ; elle est maximale pour α proche de 0 ou Π . De ce fait, pour un même point (X,X') dans deux images (A,B) , les gradients de même orientation résultent de la maximisation de la fonction (26) :

$$\omega(\alpha) = \frac{1}{2}(\cos(2\alpha) + 1) \quad (26)$$

Les gradients forts qui apparaissent dans les deux images à la fois signifient des structures communes. On cherche à favoriser ce cas et pénaliser celui où le gradient est fort uniquement dans l'une des deux images. La fonction $\omega(\alpha)$ est donc multipliée par le minimum des normes des deux gradients. La somme de cette fonction pour tous les pixels de l'image donne le terme de l'information sur le gradient ayant l'expression (27) :

$$G(A, B) = \sum_{(X,X') \in (A \cap B)} \omega(\alpha_{X,X'}(\sigma)) \min(|\nabla X(\sigma)|, |\nabla X'(\sigma)|) \quad (27)$$

La maximisation de ce terme favorise le recalage des contours des deux images. L'incorporation de l'information sur le gradient $G(A, B)$ à l'information mutuelle $MI(A, B)$ fournit le terme IM_{nouv} à maximiser donné par l'expression (28) :

$$IM_{nouv} = G(A, B) IM(A, B) \quad (28)$$

D'une manière équivalente, l'incorporation de l'information sur le gradient à l'information mutuelle normalisée est donnée par l'expression (29) :

$$IMN_{nouv} = G(A, B) IMN(A, B) \quad (29)$$

La nouvelle mesure combinant l'information sur le gradient et l'information mutuelle classique apporte une meilleure robustesse à la méthode du recalage. En effet, l'ajout de l'information spatiale a pour objectif de réduire le nombre des optima locaux de la fonction coût [Rubeaux 2011].

Etant donné la complexité de l'estimation de l'information mutuelle et la multitude des minima locaux qu'elle peut afficher, notamment dans le cas d'un recalage d'images de modalités différentes et peu semblables, l'utilisation d'un algorithme d'optimisation global et robuste devient nécessaire. Dans ce cadre, les algorithmes génétiques s'avèrent bien adaptés, ils seront étudiés dans la section suivante.

IV.4. Modèles de déformation

Une méthode de recalage est également caractérisée par le modèle de transformation. Ce dernier définit la façon à transformer géométriquement l'image source flottante pour qu'elle ressemble au mieux à l'image de référence [Velázquez 2020, Maintz 1998].

Dans la littérature, plusieurs modèles de déformations ont été proposés. Parmi lesquels, nous pouvons distinguer les modèles linéaires qui incluent les transformations rigides, métriques, affines et projectives et les modèles non linéaires qui reposent sur un nombre plus important de degrés de liberté.

Ces modèles peuvent être globaux, c'est à dire appliqués globalement de la même manière sur toute l'image, ou locaux ne concernant que quelques régions de cette dernière. Les transformations linéaires sont d'une manière générale appliquées globalement bien que les transformations non rigides sont employées localement.

Le choix de la nature de la transformation à appliquer est guidé par des contraintes impliquant notamment :

- **Les structures anatomiques à recaler :** Le modèle de déformation à prendre en compte doit prendre en considération les structures anatomiques concernées par le recalage. A titre d'exemple, le modèle de déformation destiné à recaler des structures osseuses doit être différent de celui employé pour le recalage de structures anatomiques molles comme le cœur [Rubeaux 2011]. Une transformation rigide ou affine est largement utilisée pour des structures osseuses. Les images cérébrales particulièrement sont celles le plus souvent recalées en se basant sur ces transformations [Hill 1993]. Par contre, les tissus mous exigent un modèle de transformation plus souple afin de décrire leur déformation avec une précision suffisante.
- **La finalité clinique :** Dans l'objectif de mesurer l'évolution d'une pathologie lorsqu'il s'agit d'un recalage monomodal, on peut se contenter d'un modèle de transformation rigide. Cependant, il est souvent nécessaire de faire appel à une transformation plus complexe dans le cas d'une application faisant intervenir un recalage multimodal.

La figure 17 illustre différents types de transformations possibles.

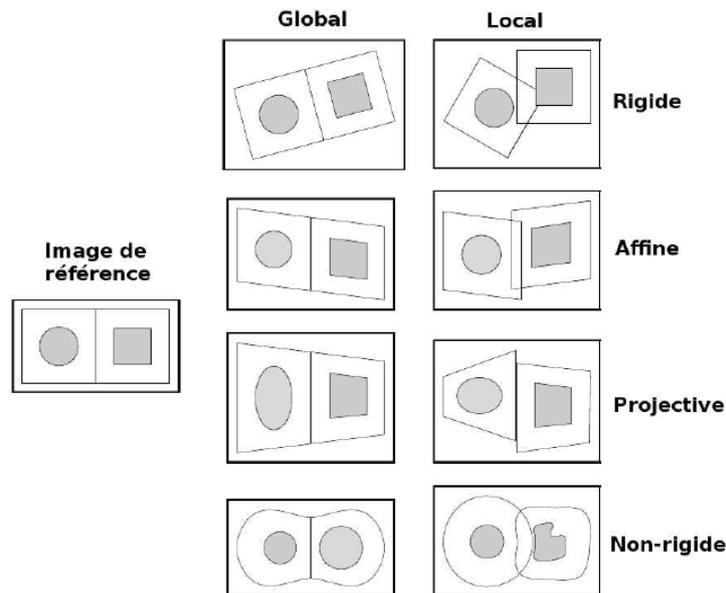


Figure 17: Représentation de différents modèles de déformation [Maintz 1998]

IV.4.1. Modèles linéaires

IV.4.1.1. Transformation rigide

Les transformations rigides comprennent uniquement des translations et des rotations. Les distances, les angles et le parallélisme sont conservés. Une transformation rigide comporte 3 DDL en 2 dimensions (1 rotation et 2 translations) ou 6 DDL (3 rotations et 3 translations) lorsqu'il s'agit d'images de 3 dimensions.

Ce type de transformations est généralement mis en œuvre pour recalibrer des formes rigides sur des images monomodales. Il sert à corriger le positionnement d'un patient par rapport aux capteurs sans prendre en considération les éventuelles distorsions dans des tissus imagés [Rubeaux 2011]. Il peut également être employé pour initialiser un autre type de transformation plus complexe.

IV.4.1.2. Transformation métrique

Mis à part les translations et les rotations, cette transformation autorise un autre degré de liberté lié à un facteur d'échelle isotrope. Une telle transformation assure la conservation des angles, du parallélisme et du rapport entre les longueurs et admet 4 DDL en 2D et 7 en 3D. Cette transformation est employée pour le recalage d'images d'un même individu de la même modalité ou de modalités différentes ayant une résolution différente. En pratique, ce modèle de déformation est peu utilisé étant donné que les facteurs d'échelle à déterminer sont généralement anisotropes [Nobet 2006].

IV.4.1.3. Transformation affine

Outre les translations et les rotations, cette transformation permet de prendre en compte un facteur d'échelle anisotrope ainsi qu'un facteur de cisaillement (shear ou skew en anglais). Ce modèle de déformation permet de conserver le parallélisme et permet 6 DDL en 2D et 12 en 3D. Il est généralement employé pour le recalage de structures relativement rigides sur des images mono ou multimodales, ou bien comme étape préliminaire pour un recalage non-rigide [Rubeaux 2011]. Le modèle de transformation affine est le modèle le plus utilisé en recalage d'images médicales. Les transformations affines appliquées globalement sont employées pour compenser les grandes déformations engendrées par exemple par le positionnement du patient sur la table d'examen ou par la différence due aux dispositifs d'acquisition. Dans ce dernier cas, la transformation permet de corriger le facteur d'échelle entre les images multimodales.

IV.4.1.4. Transformation projective

Ce type de transformation permet de prendre en considération des effets de la perspective dans l'image. Cette transformation ne permet pas de conserver le parallélisme, mais assure la stabilité des lignes droites (l'image d'une droite par la transformation est toujours une droite). Ce modèle de transformation est uniquement utilisé dans le recalage d'images 3D sur des images 2D.

Les transformations précédentes (rigide, métrique, affine et projective) sont qualifiées de transformations linéaires vu qu'elles peuvent être formulées en employant des coordonnées homogènes dans d'un produit matriciel donné par l'équation (30) pour des images 3D:

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \\ z' \\ w' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_{00} & a_{01} & a_{02} & b_0 \\ a_{10} & a_{11} & a_{12} & b_1 \\ a_{20} & a_{21} & a_{22} & b_2 \\ a_{30} & a_{31} & a_{32} & b_3 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \\ w \end{pmatrix} \quad (30)$$

où (x, y, z) et (x', y', z') sont respectivement les coordonnées initiales et les coordonnées transformées. La variable w vaut 1 si les coordonnées du point sont réelles et 0 si le point est projeté à l'infini (dans le cas d'une transformation projective).

IV.4.2. Modèles non linéaires

Contrairement aux modèles linéaires, les modèles non linéaires sont généralement appliqués localement. Cela signifie qu'une transformation appliquée en un point peut être différente de celle appliquée en un point voisin. Ces modèles sont aussi appelés modèles non-rigides ou modèles déformables. Ils sont employés dans le contexte d'une analyse inter-individu ou encore intra-individu dans le cas où les objets imagés concernés par le recalage représentent des tissus mous.

Dans la littérature, un nombre important de modèles de déformation non-rigides ont été proposés. Parmi ceux-ci, quelques modèles très utilisables en recalage sont cités ci-dessous

sans pour autant s'étendre sur lesquels étant donné qu'ils ne sont pas inclus dans le cadre de ce travail.

- **Les polynômes :** Une fonction polynomiale peut représenter le champ de déformation. Un modèle de second ordre (30 DDL) est exprimé de la façon montrée dans l'équation (31) :

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \\ z' \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_{00} & a_{01} & \dots & a_{09} \\ a_{10} & a_{11} & \dots & a_{19} \\ a_{20} & a_{21} & \dots & a_{29} \\ 0 & 0 & \dots & 1 \end{pmatrix} [x^2 \quad y^2 \quad z^2 \quad xy \quad xz \quad yz \quad x \quad y \quad z \quad 1]^t \quad (31)$$

Il est possible que ce modèle soit étendu à un ordre supérieur. Un polynôme d'ordre 5 (168 DDL) a été utilisé par Woods [Woods 1998]. La limite d'un modèle polynomial est due au fait qu'il est global. Il s'applique sur l'image toute entière. De ce fait, il ne peut prendre en considération des variations locales des formes anatomiques. Ce modèle a un inconvénient majeur lié au support des fonctions radiales qui n'est pas borné. Dès lors, chaque point de contrôle a un effet sur la totalité du champ de déformation [Noblet 2006].

- **La base de fonctions radiales :** Les fonctions radiales sont utilisées principalement pour les méthodes de recalage géométrique. Elles permettent d'interpoler le champ de déformation à partir des points appariés de manière à ce qu'il soit défini sur la totalité du volume. Pour n points de coordonnées (x_i, y_i, z_i) et une fonction radiale g , la transformation correspondante définie sur l'ensemble du volume est donnée par l'équation (32) :

$$\begin{cases} x' = P_x^m(x, y, z) + \sum_{i=1}^n \alpha_{i,x} g(r_i(x, y, z)) \\ y' = P_y^m(x, y, z) + \sum_{i=1}^n \alpha_{i,y} g(r_i(x, y, z)) \\ z' = P_z^m(x, y, z) + \sum_{i=1}^n \alpha_{i,z} g(r_i(x, y, z)) \end{cases} \quad (32)$$

avec $P_x^m(x, y, z)$, $P_y^m(x, y, z)$, $P_z^m(x, y, z)$ sont des formes polynomiales d'ordre m qui donnent le comportement global de la transformation, $(\alpha_{i,x}, \alpha_{i,y}, \alpha_{i,z})$ représentent les coefficients qui caractérisent ce comportement et $r_i(x, y, z)$ est la distance euclidienne du point (x, y, z) au $i^{\text{ème}}$ point de coordonnées (x_i, y_i, z_i) .

Parmi les fonctions radiales les plus employées dans la littérature nous citons les Thin-Plate Splines (TPS) introduites dans le cadre de l'imagerie médicale par Bookstein [Bookstein 1989].

- **Les déformations de formes libres :** Les déformations de formes libres reposent sur la considération d'une grille régulière de points de contrôle sous-jacente à l'image. L'image est ensuite déformée en agissant sur chacun de ces points de contrôle.

Une fonction interpolante, telle que la fonction B-spline d'ordre 3, permet au champ de déformation d'être lisse et continu. Ces méthodes sont capables d'estimer des déformations fortement localisées [Noblet 2006].

IV.5. Interpolation

Le problème de l'interpolation s'impose au cours de l'application d'une transformation géométrique sur une image. En effet, une transformation directe ne signifie pas que tous les pixels de l'image de destination auront une intensité. Nous parlons ici du phénomène de "trous" dans une image [Cord 2015]. Deux solutions sont envisageables. La première s'appuie sur l'application d'une transformation inverse à l'image et la deuxième consiste à boucher les trous. Dans les deux cas, il faut faire appel à l'interpolation. La figure 18 illustre le phénomène de trous.

Illustration enlevée par respect du droit d'auteur

Figure 18: Phénomène de trous provoqué par l'application d'une transformation géométrique [Cord 2015]

La transformation directe consiste à partir des pixels de l'image source et calculer leur transformé. Cela peut générer des "trous" (ou des superpositions), comme le montre la figure 19, au niveau de l'image transformée. Pour pallier cela, il est possible de partir des pixels de l'image résultat et déterminer, pour chacun, le pixel correspondant dans l'image source par transformation inverse.

Illustration enlevée par respect du droit d'auteur

Figure 19: Transformation directe et transformation inverse [Cord 2015]

Plusieurs modes d'interpolation existent dans les littératures telles que le plus proche voisin, B-splines, l'interpolation bilinéaire, polynômes d'Hermitte. Les méthodes les plus couramment utilisées sont principalement le plus proche voisin et l'interpolation bilinéaire. Le principe de ces deux approches est illustré dans la figure 5. La méthode du plus proche voisin consiste à attribuer au pixel dont on cherche à déterminer l'intensité, la même couleur que celle de son plus proche voisin. Pour l'interpolation bilinéaire, les 4 voisins du pixel sont pris en considération pour faire une combinaison bilinéaire des intensités comme le montre la figure 20.

Illustration enlevée par respect du droit d'auteur

Figure 20: Interpolation par les plus proches voisins et Interpolation bilinéaire [Cord 2015]

IV.6. Stratégie d'optimisation

Les méthodes d'optimisation utilisées dans le recalage peuvent être classées en quatre catégories [Noblet 2006] que nous décrirons dans ce qui suit :

IV.6.1. Résolution explicite

L'utilisation de cette méthode est limitée au cas du recalage géométrique qui fait intervenir une énergie quadratique. C'est le cas, à titre d'exemple, de l'estimation des paramètres d'une transformation rigide lors de la mise en correspondance d'amers ponctuels en minimisant la somme du carré de la distance entre eux. Ce problème possède une solution analytique en se basant sur la méthode de Procrustes [Arun 1987]. C'est également le cas du recalage non rigide, utilisant un appariement strict de primitives géométriques ponctuelles, qui se formule en un problème des moindres carrés [Noblet 2006] [Rohr 2001].

IV.6.2. Méthodes d'ordre 0

Ces méthodes ne nécessitent pas le calcul du gradient de la fonction coût. La recherche exhaustive est l'une des méthodes appartenant à cette classe. Elle s'appuie sur l'échantillonnage de l'espace des paramètres à intervalle régulier et la rétention de la solution optimale. Cette méthode assure l'obtention de l'optimum global avec une précision équivalente au pas de l'échantillonnage mais elle est rarement employée en pratique étant donné son coût calculatoire important.

D'autres méthodes appartenant à cette classe sont les méthodes itératives s'appuyant sur l'évaluation d'un nombre d'échantillons pour proposer de nouveaux candidats. La méthode de Powell [Powell 1964] et celle du simplexe [Nelder 1965] sont les plus populaires. L'inconvénient majeur de ces méthodes est la sensibilité aux optima locaux. Elles n'assurent pas la convergence de l'algorithme vers un minimum global.

IV.6.3. Méthodes d'ordre supérieur

Ces méthodes reposent sur les caractéristiques différentielles (gradient et/ou hessien) de la fonction énergie. Les méthodes de descente de gradient et du gradient conjugué s'appuient sur l'information portée par le gradient de la fonction coût. Pour les méthodes de Newton, elles reposent sur l'information portée par le hessien. Certaines méthodes comme celle de quasi-Newton s'appuient sur une approximation du hessien à partir du gradient.

Les méthodes appartenant à cette classe nécessitent une solution initiale. Concernant les méthodes basées sur le hessien, elles sont montrées efficaces pour une initialisation proche de l'optimum et mal adaptées dans le cas contraire. En revanche, les méthodes par descente de gradient sont plus appropriées pour des initialisations lointaines sauf qu'elles ont une vitesse de convergence faible au voisinage de l'optimum [Noblet 2006]. L'algorithme de Levenberg-Marquardt [Marquardt 1963] est également l'un des algorithmes faisant partie de cette classe. Il propose de tirer avantage des deux méthodes précédentes en les combinant en une seule. Son principe se base sur l'évolution d'un paramètre de pondération lors de l'étape d'optimisation. Cela permet à l'algorithme d'avoir un comportement similaire à celui de l'algorithme de Newton ou l'algorithme de descente de gradient suivant le paramètre de pondération. Cependant, aucune des techniques citées précédemment ne garantit la convergence de l'algorithme vers un optimum global [Noblet 2006].

IV.6.4. Méthodes stochastiques

Contrairement aux méthodes numériques itératives classiquement utilisées dans le cadre du recalage, les méthodes stochastiques assurent théoriquement la convergence de l'algorithme vers un optimum global. Elles sont également plus robustes vu qu'elles sont indépendantes de la position initiale des images à recalculer. Les algorithmes évolutionnaires, principalement les algorithmes génétiques et les essaims particulaires, appartiennent à cette classe et ont été utilisés récemment pour le recalage d'images. Ces approches se sont prouvées prometteuses dans le cas des problèmes d'optimisation sous contraintes employée dans les applications médicales [Valsecchi 2013a], [Rouet 2000], [Damas 2011]. Elles sont considérées comme des techniques d'optimisation globales, et sont capables de réaliser une recherche pertinente dans les espaces de recherche les plus complexes comme ceux impliqués dans le recalage d'images [Damas 2011]. Néanmoins, ces méthodes présentent une faible vitesse de convergence et manquent de précision. En effet, bien qu'elles garantissent une bonne approximation de la solution finale, une étape de post-traitement pourrait être nécessaire pour améliorer la précision de l'algorithme.

IV.6.4.1. Algorithmes génétiques

Les algorithmes génétiques se basent sur des techniques inspirées de la génétique et des mécanismes d'évolution de la nature. Leur but est d'apporter une solution approximative à un problème d'optimisation, lorsqu'il n'existe pas d'outil exact (ou dans le cas où la solution est inconnue) pour le résoudre en un temps raisonnable [De Jong 1992]. Dans ce chapitre, nous présentons le principe de fonctionnement des algorithmes génétiques dans un premier temps. Dans un second temps, nous présentons la manière dont sont codées les solutions. Dans un troisième temps, nous exposons les opérations génétiques impliquées dans le processus évolutionnaire et impliquant la sélection, le croisement et la mutation, ainsi que les différentes techniques proposées pour les mettre en œuvre. Nous explicitons, dans un quatrième temps, les critères permettant l'arrêt du processus de résolution itératif et la génération de la solution finale. Dans un dernier temps, nous présentons les limites inhérentes à l'application de ces algorithmes.

IV.6.4.1.1. Principe de fonctionnement

Les algorithmes génétiques ont été développés dans les années 1970 par John Holland [Holland 1975]. Ils appartiennent à la famille des algorithmes évolutionnaires. La procédure de recherche fait évoluer un ensemble de solutions, dite population, au problème considéré à l'aide d'un processus itératif dans le but de trouver les meilleurs résultats. Une population d'individus est d'abord initialisée d'une manière aléatoire. Chaque individu est une solution candidate au problème d'optimisation et se compose d'un ensemble de chromosomes formés à leur tour de gènes. Ensuite, la population est évaluée en employant la fonction énergie associée au problème d'optimisation. Les meilleurs individus de la population ont une meilleure chance d'être choisis pour former la population de parents et employés pour la reproduction. Par la suite, les parents sont recombinaisonnés et modifiés dans l'objectif de produire une nouvelle génération en mettant en œuvre des opérateurs génétiques. Pendant cette phase,

les enfants héritent de certains critères de leurs parents. On s'attend par ce schéma, constitué par les étapes d'évaluation, de sélection et de reproduction, une évolution au niveau de la qualité des solutions. La nouvelle génération est alors soumise aux mêmes étapes de traitement du schéma précédent pour générer des nouvelles solutions. Ce processus est répété jusqu'à ce qu'un critère d'arrêt prédéfini soit atteint. L'organigramme d'un algorithme génétique est présenté dans la figure 21.

Illustration enlevée par respect du droit d'auteur

Figure 21 : Organigramme d'un algorithme génétique [Magnin 2006]

IV. 6. 4. 1. 2. Codage des données

L'un des critères importants qui caractérisent un algorithme génétique est la manière dont les solutions sont codées. Chaque paramètre d'une solution est assimilé à un gène et les valeurs pouvant être prises par lequel représentent les allèles² de ce gène. Chaque allèle est codé d'une manière unique. Une suite de gènes forme un chromosome. Un individu est représenté par un ensemble de chromosomes. Quand à la population, elle est formée d'un ensemble d'individus. Trois types de codage sont principalement employés. Ils seront décrits dans ce qui suit.

➤ Codage binaire

Chaque gène appartient à l'alphabet binaire $\{0, 1\}$. Le principe est de coder la solution selon une chaîne de bits. Ce type de codage est le plus employé pour des raisons principalement historiques. En effet, c'est le codage utilisé dans les théories élaborées dans les premiers travaux de Holland en 1975. L'avantage est de permettre une mise en œuvre simple des opérateurs de croisement et de mutation et de faciliter la mise au point des résultats théoriques.

L'inconvénient du codage binaire est d'être souvent peu naturel par rapport à un problème donné quand on le compare à d'autres types de codage. En outre, bien qu'il soit bien approprié à certains domaines, des travaux ont montré que la puissance et l'efficacité des algorithmes génétiques ne dépendent absolument pas du codage binaire [Goldberg 1989]. Le codage réel a été montré plus adapté à un grand nombre de problèmes et fournit de meilleurs résultats [Rachid 2010].

➤ Codage réel

Utilisé généralement pour des espaces de recherche de grande dimension lorsque le codage binaire trouve ses limites. En effet, en utilisant un codage binaire, chaque variable est généralement représentée par une partie de la chaîne de bits, ce qui ne reflète pas la structure du problème. La structure du chromosome est dépendante de l'ordre des variables, mais la structure du problème ne n'en dépend pas. Ce problème ne se pose pas en employant un codage réel. Ce dernier conserve la structure du problème en maintenant les variables

² Allèle : En biologie, un allèle est une version d'un gène occupant une place précise sur un chromosome, qui peut varier d'un individu à un autre.

inchangées dans le codage de chaque individu sans passer par un codage intermédiaire [Amédée 2004].

➤ **Codage de Gray**

En se basant sur le codage binaire, deux éléments voisins en termes de distance de Hamming ne représentent pas forcément deux solutions proches de l'espace de recherche correspondant au problème d'optimisation [Amédée 2004]. Le codage de Gray permet de remédier à cette situation.

IV. 6. 4. 1. 3. Opérateurs génétiques

➤ **Sélection**

D'une manière analogue au processus de la sélection naturelle où les individus les plus adaptés réussissent la compétition de la reproduction, l'opérateur de sélection définit les individus à dupliquer dans la nouvelle population et qui vont servir de parents. Généralement, la probabilité de survie d'un individu dépend de sa performance. Il existe quatre techniques de sélection principalement employées. Elles sont présentées dans ce qui suit.

- **Loterie biaisée**

Cette méthode introduite par (Goldberg 1989) est largement répandue et employée en pratique. Appelée aussi sélection par roulette ou RWS, elle permet à chaque individu d'avoir une chance d'être sélectionné proportionnellement à sa performance. Les individus les plus adaptés au problème ont plus de chance d'être sélectionnés. La population est représentée comme une roue de roulette, et chaque individu est attribué une portion dont l'angle est proportionnel à son score d'adaptation, appelé également "fitness". On fait tourner la roue en face d'un pointeur fixe et lorsqu'elle s'arrête, l'individu correspondant au secteur pointé est choisi. Cette opération est répétée jusqu'à former toute la population des parents.

Bien que très pratiquement employé, ce type de sélection a quelques inconvénients. D'abord, il y a une possibilité qu'aucun des individus sélectionnés ne soit réellement performant. Toutefois, cela est contradictoire au principe des algorithmes génétiques qui est censé garder les individus les plus performants dans le but de converger vers la solution optimale. Inversement, une domination écrasante d'un individu localement supérieur peut avoir lieu s'il est bien plus performant que les autres, ce qui provoque une perte de la diversité dans la population. On se retrouve, donc, face au problème de la convergence prématurée. En effet, l'évolution se met à stagner et l'algorithme reste bloqué sur un optimum local [Rachid 2010] [Amédée 2004].

- **Sélection par tournoi**

C'est l'une des méthodes de sélection les plus employées en pratique dans les algorithmes génétiques. Cette méthode réalise une sélection proportionnelle sur des paires d'individus, et choisit parmi chacune d'elles l'individu ayant le score d'adaptation le plus élevé. Soit P la population initiale, un tirage avec remise de deux individus de P est réalisé en premier lieu. Par la suite, l'individu ayant le meilleur score d'adaptation est choisi avec une probabilité p comprise entre 0.5 et 1. Cette procédure est répétée autant de fois que la taille de la population

de départ pour garder la même taille de population. Cette technique assure une variance élevée et sa pression de sélection est dépendante de la valeur de la probabilité de sélection choisie [Amédée 2004] [Miller 1995].

- **Echantillonnage universel stochastique**

Proposée par [Baker 1987], la technique SUS emploie également une roulette partagée en autant de portions que le nombre d'individus d'une manière proportionnelle à leurs valeurs de fitness. Tous les parents sont sélectionnés à la fois via une rotation de la roue de roulette. Un ensemble d'indicateurs équidistants désignent les individus choisis [Rachid 2010]. Les individus sélectionnés sont désignés par un ensemble d'indicateurs équidistants où une rotation de la roue de roulette sélectionne tous les parents simultanément. La figure 22 montre la différence entre RWS et SUS.

Illustration enlevée par respect du droit d'auteur

Figure 22 : a) Sélection par RWS, b) Sélection SUS pour choisir 4 individus [Rachid 2010]

- **Sélection élitiste**

La technique élitiste se base sur la sélection du nombre d'individus requis en sélectionnant les meilleurs individus de la population après les avoir triés par ordre de fitness décroissant. La forte pression sélective provoquée par cette technique engendre une variance nulle, une perte de la diversité de la population et amène à une convergence prématurée de l'algorithme. De ce fait, son utilisation est limitée en pratique.

➤ **Croisement**

L'opérateur de croisement a pour but d'enrichir la diversité au sein de la population en manipulant la structure des chromosomes. Pendant cette procédure, deux chromosomes s'échangent des parties de leurs chaînes pour amener à de nouveaux chromosomes qui héritent partiellement des caractéristiques des parents. Cet opérateur a pour rôle de permettre la recombinaison des informations présentes dans le patrimoine génétique de la population [Amédée 2004].

L'opération de croisement est mise en œuvre généralement avec une certaine probabilité, appelée taux de croisement $p_c \in (0,1)$ sur les individus issus de l'étape de la sélection afin de donner lieu à la population de descendants.

- **Croisement simple et croisement multiple**

Les croisements peuvent être simples (à un point) ou multiples (à plusieurs points). Dans le premier cas, l'échange des portions d'ADN entre deux chromosomes se fait en un seul point. Dans le deuxième cas, plusieurs points de croisement sont pris en considération.

La procédure de croisement se fait de la façon suivante ; Pour une population de N individus, on réalise un tirage aléatoire sans remise de $N/2$ couples pour la reproduction. Chaque paire de parents donne naissance à un couple d'enfants. Le croisement peut être à un, à deux, voire jusqu'à $lg-1$ points, où lg est la longueur d'un chromosome. Lorsqu'il s'agit

d'un croisement multiple, les points de croisement sont déterminés au hasard. Chaque chromosome est alors séparé en segments. Ensuite, chaque segment du premier parent est échangé avec son homologue du deuxième parent selon la probabilité de croisement p_c . Les figures 23 et 24 présentent une illustration schématique d'un croisement à un point et un autre à deux points.

Illustration enlevée par respect du droit d'auteur

Figure 23 : Croisement à un point (d'après [Amédée 2004])

Illustration enlevée par respect du droit d'auteur

Figure 24 : Croisement à 2 points (d'après [Amédée 2004])

- **Croisement arithmétique**

Le croisement arithmétique [Davis, 1991] est adapté au codage réel. Il s'applique à une paire de chromosomes et représente la moyenne pondérée des variables des deux parents. Pour deux parents P_1 et P_2 choisis à l'issue de l'étape de la sélection et E_1 et E_2 les deux enfants générés, le croisement arithmétique est alors défini par :

$$E_1 = \alpha \cdot P_1 + (1 - \alpha) \cdot P_2 \quad (33)$$

$$E_2 = \alpha \cdot P_2 + (1 - \alpha) \cdot P_1 \quad (34)$$

avec $\alpha \in [0,1]$ est le coefficient de pondération.

➤ **Mutation**

L'opérateur de mutation s'applique sur la population des enfants avec une probabilité très faible, appelée taux de mutation ou p_m . Il joue le rôle d'un élément perturbateur ayant pour but de garder la diversité dans la population et de mieux explorer l'espace de recherche tout en évitant une convergence prématurée de l'algorithme vers un optimum local [Rachid 2010]. La mutation engendre un changement de la valeur allélique d'un ou plusieurs gènes d'un individu. Si on prend l'exemple du codage binaire, cette opération consiste à inverser la valeur d'un (ou plusieurs) bit localisé en un locus bien particulier choisi d'une manière aléatoire.

L'opérateur de mutation permet de modifier aléatoirement les caractéristiques d'un ou plusieurs individus de la population. Un individu muté n'est pas nécessairement plus performant, mais il peut être utile pour donner naissance à de meilleures nouvelles solutions par la suite.

La figure 25 présente un exemple de mutation dans un chromosome à codage binaire.

Illustration enlevée par respect du droit d'auteur

Figure 25 : Illustration schématique d'une mutation dans un chromosome [Rachid 2010]

La mutation a plusieurs avantages, à savoir :

- Maintenir la diversité de la population.
- Permettre une meilleure exploration de l'espace de recherche en agissant d'une manière aléatoire au niveau de n'importe quel locus³. Cela permet de converger vers un optimum global.
- Eviter le phénomène de dérive génétique. Ce dernier aura lieu quand certains gènes favorisés par le hasard sont répandus au détriment des autres et se trouvent au même emplacement sur tous les chromosomes. Le changement apporté aléatoirement par l'opérateur de mutation au niveau de n'importe quel locus permet de se tenir à l'écart de cette situation [Amédée 04].
- Diminuer le risque d'une convergence prématurée de l'algorithme qui peut être provoquée par une forte pression sélective due à l'utilisation de la sélection élitiste par exemple. En effet, si c'est le cas, on peut probablement se retrouver avec une population dont les membres sont tous identiques mais qui correspondent à un optimum local. Dans ce cas, le croisement n'apporte rien à la population vu qu'il ne va permettre que l'échange d'une information identique. La population n'évoluera donc pas et l'optimum global ne sera jamais atteint. La mutation permet dans ce cas à réintroduire une différence entre les membres de la population, ce qui permet d'échapper à ce problème.

IV. 6. 4. 1. 4. Critère d'arrêt

Le cycle faisant intervenir l'évaluation de la population, la sélection, le croisement et la mutation est répété jusqu'à ce qu'un critère d'arrêt soit atteint. Ce dernier peut être défini différemment en fonction de l'application en question. Généralement, le processus s'arrête lorsqu'un nombre maximal d'itérations ou un temps maximal prédéfini est atteint ou alors lorsque la solution retournée ne change plus.

Après avoir rappelé le fonctionnement des algorithmes génétiques, la section suivante décrira l'application de la méthode proposée pour le recalage d'images médicales multimodales à base d'un algorithme génétique.

IV.6.5. Travaux en relation

Les méthodes d'optimisation les plus fréquentes employées dans le recalage d'images incluent les méthodes d'optimisation qui reposent sur le gradient et ceux qui ne s'appuient pas sur le gradient telles que Quasi-Newton, Gradient Descent, Nonlinear Conjugate Gradient, Simplex, Powell, ainsi que des méthodes se basant sur le calcul évolutionnaire [Damas 2011]. Elastix est une plateforme qui rassemble la plupart des optimiseurs numériques dans le cadre du recalage. A l'inverse des méthodes d'optimisation numérique, les techniques basées sur le calcul évolutionnaire ne nécessitent pas une solution initiale [Yahia 2011]. En outre, elles s'appuient sur des procédures de recherche particulières leur permettant d'éviter de converger vers des optima locaux [Damas 2011]. Cependant, ils peuvent manquer de précision et ils ont

³ En génétique, un locus est un emplacement physique précis et invariable sur un chromosome.

un coût calculatoire important. Les méthodes employées par Alexy John et al. [John 2020], Sarvamangala et coll. [Sarvamangala 2019], Panda et al. [Panda 2017], Abdel-Basset et al. [Abdel Basset 2017] sont des méthodes de recalage récentes se basant sur des algorithmes évolutionnaires. Dans [John 2020], Alexy John et al. ont développé un algorithme génétique pour un problème de recalage d'images médicales. Les performances du recalage ont été testées sur des IRMs cérébrales de la base de données BrainWeb. Les résultats expérimentaux ont révélé que l'approche proposée semble pertinente. Sarvamangala et al. dans [Sarvamangala 2019] ont présenté une méthode de recalage non rigide pour des images médicales basée sur l'algorithme d'optimisation des essaims particulaires, l'algorithme de colonies d'abeilles artificielles et l'algorithme de libellule. Les expériences ont montré que l'algorithme de libellule fournit un recalage d'images plus performant, mais nécessite un temps énorme pour converger. Dans [Panda 2017], un algorithme génétique a été employé dans le processus d'optimisation, la technique a été testée sur des images du projet Retrospective Image Registration Evaluation (RIRE), les résultats ont démontré l'efficacité de la technique proposée. Dans [Abdel Basset 2017], une approche hybride pour le recalage a été appliquée. Elle utilise l'algorithme des essaims particulaires comme procédure de recherche. L'approche proposée a été mise en œuvre avec succès dans un certain nombre de bases de données d'images médicales, y compris des images avec des parties manquantes et une détérioration due au bruit. Les résultats du recalage indiquent que la méthode proposée est efficace.

IV.7. Approche de recalage proposée

IV.7.1. Première version d'algorithme génétique proposée

La recherche des paramètres de la transformation qui permet à l'image flottante d'être superposée au mieux à l'image de référence est faite en utilisant un algorithme génétique à codage réel.

Dans notre cas, un individu est une solution possible dans l'espace des transformations. Il s'agit d'un ensemble de paramètres pour une transformation rigide, affine ou non rigide. Un individu est donné donc par un vecteur à valeurs réelle. Chacun des paramètres d'un individu représente un chromosome. Comme opérateur de sélection, Nous employons la sélection de Tournois. Cette méthode est avantageuse étant donné qu'elle n'impose pas une forte pression sélective, ce qui aide à garantir la diversité de la population. Concernant le croisement, notre choix s'est porté sur le croisement arithmétique, c'est celui qui a été le mieux adapté à ce problème. La mutation, quand à elle, elle est effectuée d'une manière aléatoire sur l'un des gènes d'un individu choisi aléatoirement. Le gène choisi au hasard, au cours de cette phase, est remplacé par une valeur aléatoire entre la limite supérieure et inférieure définies pour ce gène. Chaque composante d'une transformation est considérée comme un gène. L'algorithme s'arrête lorsque ce dernier converge vers une solution unique ou lorsqu'un nombre maximal prédéfini d'itérations est atteint.

Après plusieurs essais, on a adopté les paramètres suivant dans le codage de l'algorithme génétique.

Taille de la population de l'algorithme génétique	80
Nombre maximal d'itérations	15
Probabilité de mutation	0.4
Probabilité de sélection Tournois	0.9

Les opérateurs employés dans cette version d'algorithme représentent des choix courants en pratique pour un algorithme génétique à codage réel. Nous supposons que la version d'algorithme génétique décrite ci-dessus est une version classique. Nous discutons, dans ce qui suit, les limites relatives à cette version, ainsi que les modifications que nous avons effectuées pour améliorer sa performance.

IV.7.2. Limites de la première version

La version décrite plus haut d'algorithme génétique présente principalement trois limites. Une vitesse de convergence lente, un manque de précision et une convergence prématurée de l'algorithme dans certains cas. Dans ce qui suit, nous détaillons ces trois points.

- **Vitesse de convergence :** Cette version d'algorithme nécessite de nombreux calculs afin que l'algorithme puisse converger, ce qui engendre un énorme coût calculatoire. D'autre part, pour maintenir la diversité de la population et réduire le risque d'une convergence prématurée de l'algorithme pouvant être engendré par une forte pression sélective, nous avons choisi d'utiliser la sélection de Tournois. Le principe de cette méthode est décrit au niveau de la sixième section du quatrième chapitre. De par sa performance, la sélection de Tournois est l'une des méthodes de sélection les plus employées dans les algorithmes génétiques. Cependant, cette technique de sélection, n'imposant pas une forte pression sélective, engendre la perte de bonnes solutions qui sont produites au fil des générations. Ce qui ralentit davantage la convergence de l'algorithme.
- **Convergence prématurée :** Ce problème est rencontré quand la distance initiale entre les images à recaler est importante, notamment lorsque la position de l'image source à recaler est lointe de celle de la l'image de référence. Des déformations indésirables peuvent être engendrées dans ce cas. L'exemple de la figure 26 montre ce problème. Nous désignons par I_m à recaler l'image source à recaler et I_{ref} l'image de référence.

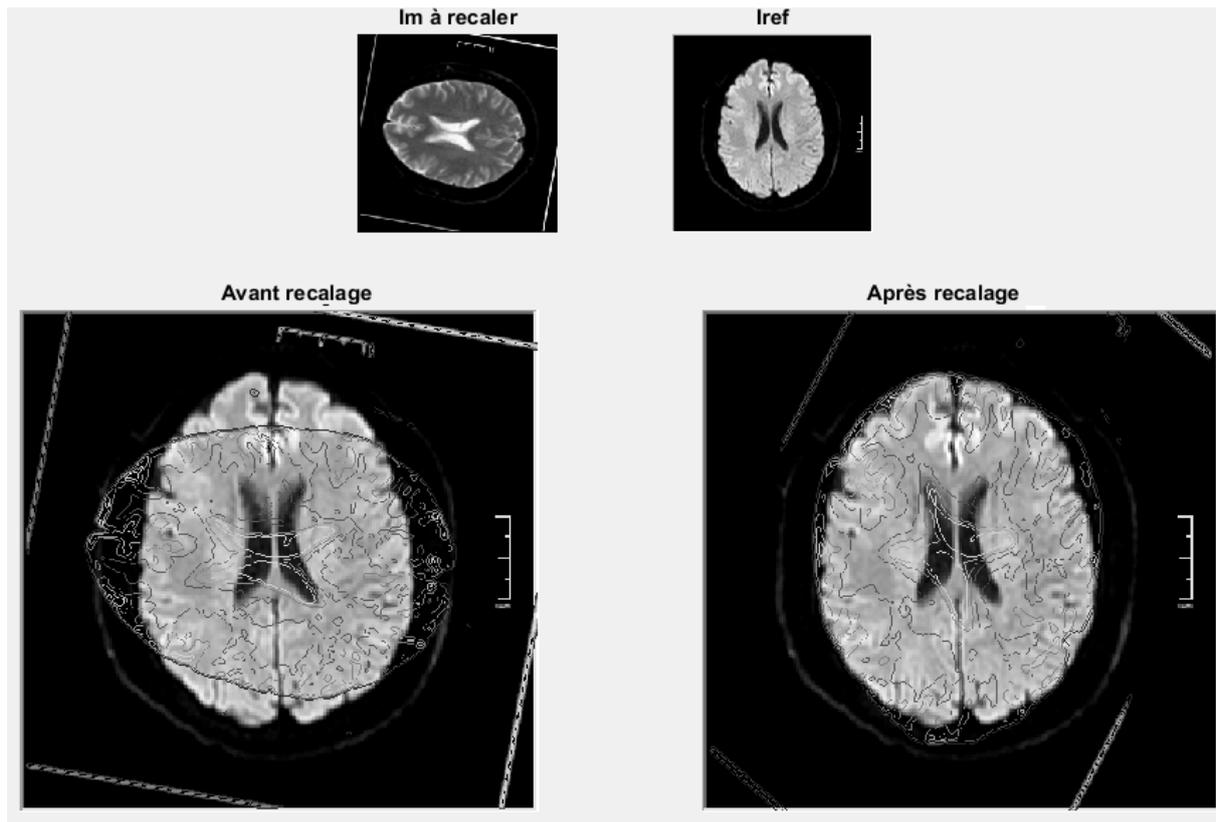


Figure 26 : Convergence prématurée

La figure illustre la superposition des deux images à recaler avant et après le recalage. L'image source a été rétrécie horizontalement et étirée verticalement pour correspondre à l'image de référence, ce qui ne correspond pas à la bonne transformation devant être appliquée. Un passage par une transformation rigide n'autorisant que des rotations et des translations en premier lieu s'avère intéressante dans ce cas pour éviter de telles situations. D'où l'intérêt de l'utilisation de l'approche hiérarchique au niveau de la procédure de la recherche de la transformation optimale.

- **Manque de précision :** D'une manière générale, il est difficile de s'assurer, avec un algorithme génétique, que la solution trouvée soit la meilleure même après un grand nombre d'itérations. Notamment lorsque la solution trouvée, n'est pas la même si on relance l'algorithme. De ce fait, On ne peut être sûr que du fait que l'on s'est approché de la solution optimale. Un algorithme génétique peut être considéré comme un outil aboutissant à une bonne approximation de la solution optimale [Rouet 00]. Cependant, une étape de post-traitement est parfois nécessaire pour améliorer la précision de la solution finale.

IV.7.3. Version modifiée d'algorithme génétique et procédure de recherche hiérarchique multi-résolution

Dans l'objectif de remédier aux limites de la première version d'algorithme génétique, nous proposons une deuxième version permettant d'accélérer la vitesse de convergence, d'améliorer la précision des résultats, de réduire le coût de calcul et de prévenir une

éventuelle convergence prématurée de l’algorithme. Ceci est fait en introduisant des modifications à la version précédente d’algorithme génétique et en suivant une procédure d’optimisation hiérarchique multi-résolution.

Afin d’obtenir des résultats plus précis et d’accélérer le processus d’optimisation, nous employons une stratégie de recherche hiérarchique multi-résolution. Pour éviter la perte de l’individu le plus performant d’une génération sans pour autant imposer une forte pression sélective, nous accordons un traitement spécifique à l’optimum de chaque population de sorte à garantir son passage à la génération suivante sans aucun changement. En effet, nous imposons particulièrement la sélection de cet individu au niveau de la phase de la sélection. Comme les autres membres de la population, l’optimum participera à la phase de reproduction tout en gardant une copie inchangée duquel au sein de la population. Cette copie sera dupliquée par la suite et l’une des deux sera susceptible de subir une mutation tel que le reste de la population, tandis que l’autre est maintenue inchangée. Outre ceci, nous employons un taux de mutation élevé (0.4) afin de maintenir la diversité de la population et d’effectuer une exploration globale et plus rapide de l’espace de recherche.

Le schéma bloc de la méthode est donné dans la figure 26. Dans ce qui suit, nous notons VSAG pour la Version Spécifique d’Algorithme Génétique que nous avons développée.

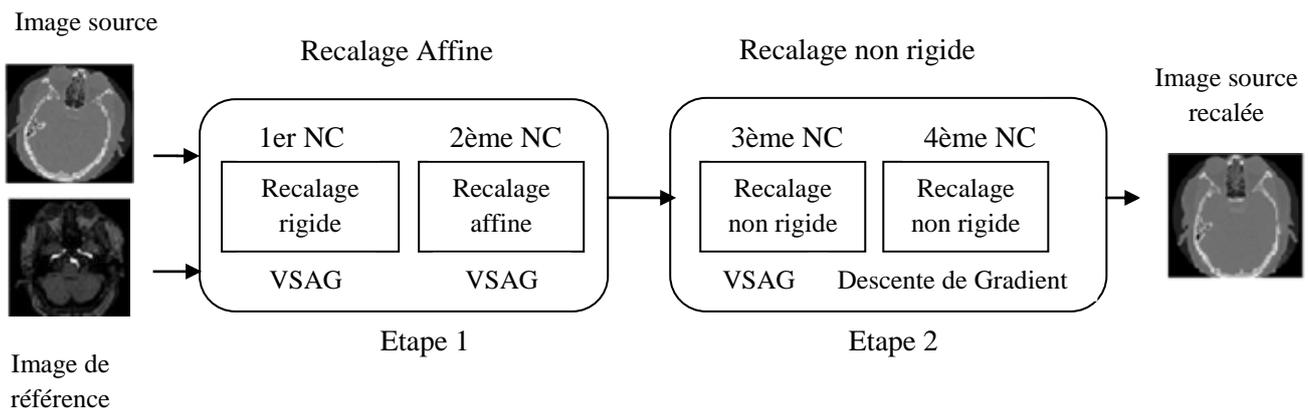


Figure 27: Vue d'ensemble du processus de recalage. Le niveau de complexité de l'image (NC) est pris en compte à chaque étape. Le premier NC fait référence au niveau le moins complexe

Le processus de recalage se déroule en deux étapes principales, au cours desquelles, des versions de plus en plus grandes et détaillées des images à recaler sont utilisées. Chaque étape est composée de deux sous-étapes. Dans la première étape, un recalage affine global est réalisé sur la base de la VSAG. Le recalage sera conduit au départ sur les images ayant le NC (Niveau de Complexité) le plus faible qui sont obtenues par filtrage Gaussien et sous-échantillonnage. Dans la première sous-étape de l'étape 1, nous ne considérons qu'une transformation rigide dont nous cherchons à déterminer les paramètres. L'objectif est d'obtenir rapidement une approximation grossière de la transformation souhaitée. Cette étape est non coûteuse en termes de calcul vue la quantité réduite des données à l'usage et la considération d'une transformation plus simple. A la fin de cette étape, nous appliquons sur l'image source la solution préliminaire obtenue qui est une transformation rigide. Au passage à la deuxième

étape de l'étape 1, nous augmentons la résolution et la complexité des images. Ensuite, nous commençons la recherche de la transformation affine appropriée. Une fois la deuxième étape est terminée, on applique la transformation affine obtenue à l'image source précédemment alignée.

Dans la deuxième étape, un recalage non rigide est effectué en deux sous étapes. Le recalage ici est encore affiné en considérant des images plus complexes et comprenant plus de détails. Nous utilisons la VSAG à un NC inférieur dans la première sous-étape pour obtenir rapidement une approximation de la solution finale. L'algorithme de la descente de gradient est utilisé dans la deuxième sous-étape de l'étape 2 qui traite un NC supérieur pour obtenir la solution optimale avec beaucoup plus de précision. De cette manière, on peut dire que l'algorithme génétique a été employé pour obtenir une approximation de la solution finale. Quand à l'algorithme de la descente de gradient, il a été employé comme étape de post-traitement afin d'obtenir la solution finale beaucoup plus précisément.

IV.8. Résultats Expérimentaux

Nous présentons dans cette section les résultats de la méthode de recalage proposée. Afin d'évaluer les performances de la méthode proposée, de nombreuses expérimentations ont été réalisées à l'aide d'images cérébrales multimodales du projet d'évaluation Retrospective Image Registration Evaluation (RIRE) [West 1997]. Le projet RIRE est conçu pour évaluer et comparer les méthodes de recalage TDM-IRM et PET-IRM. Cela implique l'utilisation d'un ensemble d'images, communément appelé "Vanderbilt Database".

La technique de recalage proposée a été implémentée sur Matlab 2019a. Dans la phase d'expérimentation, nous avons effectué le recalage de volumes TDM sur les volumes IRM-PD, IRM-T1 et IRM-T2. Les résultats ont été donnés pour tous les patients ayant ces modalités, ce qui correspond à 10 patients. La figure 27 montre des coupes de volumes TDM, IRM PD, IRM T1 et IRM T2 du patient 001.

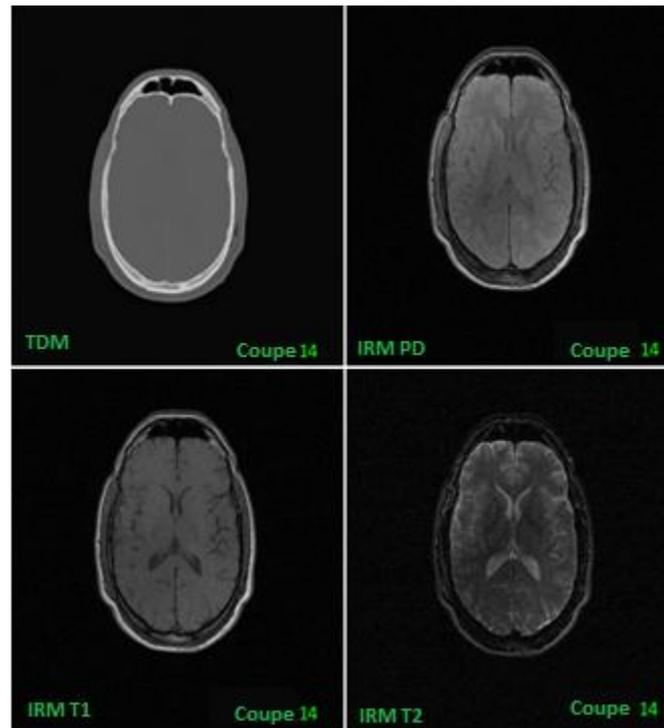


Figure 28 : Coupes de volumes CT, IRM PD, IRM T1 et IRM T2 du patient 001 de la base de données RIRE

Après plusieurs essais, les paramètres présentés dans le tableau 8 ont été adoptés pour la méthode de recalage proposée.

Tableau 8 : Paramètres de la méthode de recalage proposée

Taille de la population de l'AG	80
Nombre maximal d' iterations	15
Probabilité de mutation	0.4
Probabilité de la sélection Tournoi	0.9
Nombre de résolutions	4
Écart type du lissage gaussien partant du niveau de complexité inférieur jusqu'au supérieur	4, 3, 2, 0

Afin d'évaluer les performances de l'approche proposée, nous avons effectué les mêmes recalages à l'aide d'un module basé sur la boîte à outils Elastix [Klein 2010]. Elastix est l'une des plateformes de recalage à base d'intensité les plus révolutionnaires utilisant l'Insight Toolkit (ITK) qui a été développé en 2010 et est mise à jour chaque année. Nous avons suivi les recommandations du manuel d'utilisation pour la configuration des paramètres. Les paramètres présentés dans le tableau 9 ont été utilisés.

Tableau 9 : Paramètres de configuration d'Elastix

Mesure de similarité	Information mutuelle
strategie d'optimization	Descente de gradient stochastique adaptative
Nombre de résolutions	4
Nombre maximal d' itérations	2000
Nombre d'échantillons spatiaux	2048

Cette configuration a fourni les résultats les plus précis pour le problème considéré. La validation a été établie en utilisant le coefficient de Dice, la distance euclidienne entre les centres des masses des images recalées ainsi que l'information mutuelle.

Pour le calcul du coefficient de Dice, la segmentation a été faite automatiquement par l'algorithme du contour actif sauf dans le cas où les images sont très bruitées. Dans ce cas la segmentation a été faite manuellement. C'était le cas de certaines images IRM T2. Les résultats des coefficients de Dice sont donnés dans le tableau 10. Le tableau présente les coefficients de Dice donnés par l'Approche Proposée (AP) dans les 3 scénarios de recalage TDM/ IRM_PD, TDM/IRM_T1 et TDM/IRM_T2, et ceux donnés par Elastix ainsi que le rang de l'AP par rapport à Elastix.

Tableau 10 : Résultats de coefficients de Dice

	Dice coefficient								
	TDM/ IRM_PD			TDM/IRM_T1			TDM/IRM_T2		
Patient	AP	Elastix	Rang	AP	Elastix	rang	AP	Elastix	rang
Pt001	0.9481	0.9577	2	0.9445	0.9616	2	0.8937	0.9114	2
Pt002	0.9788	0.9736	1	0.9460	0.9368	1	0.8791	0.8560	1
Pt003	0.9313	0.9404	2	0.9248	0.9058	1	0.9038	0.8910	1
Pt004	0.9577	0.9152	1	0.9597	0.9348	1	0.9296	0.8997	1
Pt005	0.9595	0.9435	1	0.9283	0.9259	1	0.9111	0.9317	2
Pt006	0.8559	0.8601	2	0.8661	0.8883	2	0.8806	0.8538	1
Pt007	0.9162	0.9299	2	0.9613	0.9515	1	0.9460	0.9642	2
Pt101	0.9097	0.8960	1	0.9348	0.9099	1	0.9017	0.8946	1
Pt102	0.9052	0.8813	1	0.9113	0.9051	1	0.8608	0.8617	2
Pt104	0.9387	0.9192	1	0.9561	0.9400	1	0.8930	0.9037	2
Mean	0.9301	0.9216	1	0.9332	0.9259	1	0.8999	0.9057	2

Le tableau 11 résume les résultats de la distance (en mm) entre les centres des masses et les résultats de l'information mutuelle sont présentés dans le tableau 11.

Tableau 11 : Distance entre les centres des masses

	Distance entre les centres des masses (mm)								
	TDM/ IRM_PD			TDM/IRM_T1			TDM/IRM_T2		
Patient	AP	Elastix	Rang	AP	Elastix	rang	AP	Elastix	rang
Pt001	1.0096	0.9773	2	0.5401	0.8440	1	0.6777	0.9114	1
Pt002	0.4831	0.7078	1	0.5478	0.4823	2	0.3946	0.3303	2
Pt003	0.4873	0.4402	2	0.4304	0.4620	1	0.5038	0.4145	2

Pt004	0.8079	1.1576	1	0.6570	0.8498	1	0.3828	0.7100	1
Pt005	0.5059	1.0639	1	0.5321	0.5013	2	0.4625	0.7327	1
Pt006	0.5316	1.1769	1	1.0526	0.6907	2	0.2156	1.1065	1
Pt007	0.3933	1.1584	1	0.2796	0.8897	1	1.3407	0.4863	2
Pt101	1.7371	1.8469	1	2.3877	2.3419	2	1.6978	1.8215	1
Pt102	2.4431	2.3071	2	2.6562	2.5324	2	1.9248	1.5574	2
Pt104	0.9212	1.0978	1	1.8052	1.6159	2	1.6014	1.0953	2
Mean	0.9320	1.1933	1	1.0888	0.9210	2	0.9201	0.9165	2

Tableau 12: Information mutuelle

	Information mutuelle								
	TDM/ IRM_PD			TDM/IRM_T1			TDM/IRM_T2		
Patient	AP	Elastix	Rang	AP	Elastix	rang	AP	Elastix	rang
Pt001	0.9477	0.7810	1	0.7794	0.7825	2	0.7737	0,6106	1
Pt002	0.8791	0.8740	1	0.8260	0.8366	2	0.7599	0.7419	1
Pt003	0.6187	0.5935	1	0.7348	0.5767	1	1.0859	0.5015	1
Pt004	0.7390	0.7233	1	0.7031	0.7137	2	0.6023	0.6342	2
Pt005	0.7414	0.7240	1	0.7994	0.7150	1	0.6593	0.5959	1
Pt006	0.6616	0.7417	2	0.7685	0.7339	1	0.7352	0.6544	1
Pt007	0.9420	0.7897	1	0.9431	0.7417	1	0.7106	0.6568	1
Pt101	0.8545	0.9168	2	0.8874	0.9067	2	0.7017	0.7282	2
Pt102	0.9393	0.9620	2	0.9680	0.9547	1	0.7469	0.7712	2
Pt104	1.1159	1.0312	1	1.1132	1.0383	1	0.8645	0.8483	1
Mean	0.8439	0.8137	1	0.8522	0.8000	1	0.7640	0.6743	1

Les résultats montrent un coefficient de Dice moyen plus élevé pour la méthode de recalage proposée par rapport à Elastix dans le recalage des volumes TDM/ IRM PD et TDM/IRM T1. Cependant, Elastix a donné un coefficient de Dice plus élevé dans le cas des scénarios de recalage TDM/IRM T2. Il convient de rappeler ici que les images IRM pondérées en T2 sont plus bruitées que les images IRM pondérées en PD et T1. Par conséquent, nous pouvons conclure que la méthode de recalage proposée dépasse Elastix dans des conditions de travail normales, cependant, Elastix est plus robuste au bruit.

Pour les résultats donnés dans le tableau 11, plus la distance entre les centres des masses est faible, mieux sera le résultat. Les résultats montrent une distance moyenne inférieure pour la méthode proposée par rapport à Elastix dans le recalage TDM/IRM PD. D'autre part, Elastix a donné une distance moyenne plus faible dans les scénarios de recalage TDM/IRM T1 et TDM/IRM T2. La distance moyenne totale est de 0,9803 pour la technique de recalage proposée contre 1,0102 pour Elastix. Les résultats sont très proches avec une performance légèrement supérieure pour la technique de recalage proposée.

Les résultats donnés dans le tableau 12 montrent des valeurs moyennes d'information mutuelle plus élevées pour la méthode proposée par rapport à Elastix dans les trois scénarios de recalage. Sachant que la technique de recalage proposée ainsi qu'Elastix utilisent l'information mutuelle comme critère de similarité et essaient les deux de la maximiser, nous pouvons conclure que notre stratégie d'optimisation est plus performante que celle d'Elastix.

Enfin, en ce qui concerne le temps de calcul, la technique de recalage proposée est plus coûteuse qu'Elastix ce qui est prévu puisque la méthode que nous proposons est implémentée sur Matlab alors qu'Elastix est basé sur C ++.

La figure 28 présente un exemple de recalage TDM/IRM T1 en utilisant la méthode proposée pour un patient de la base de données RIRE.

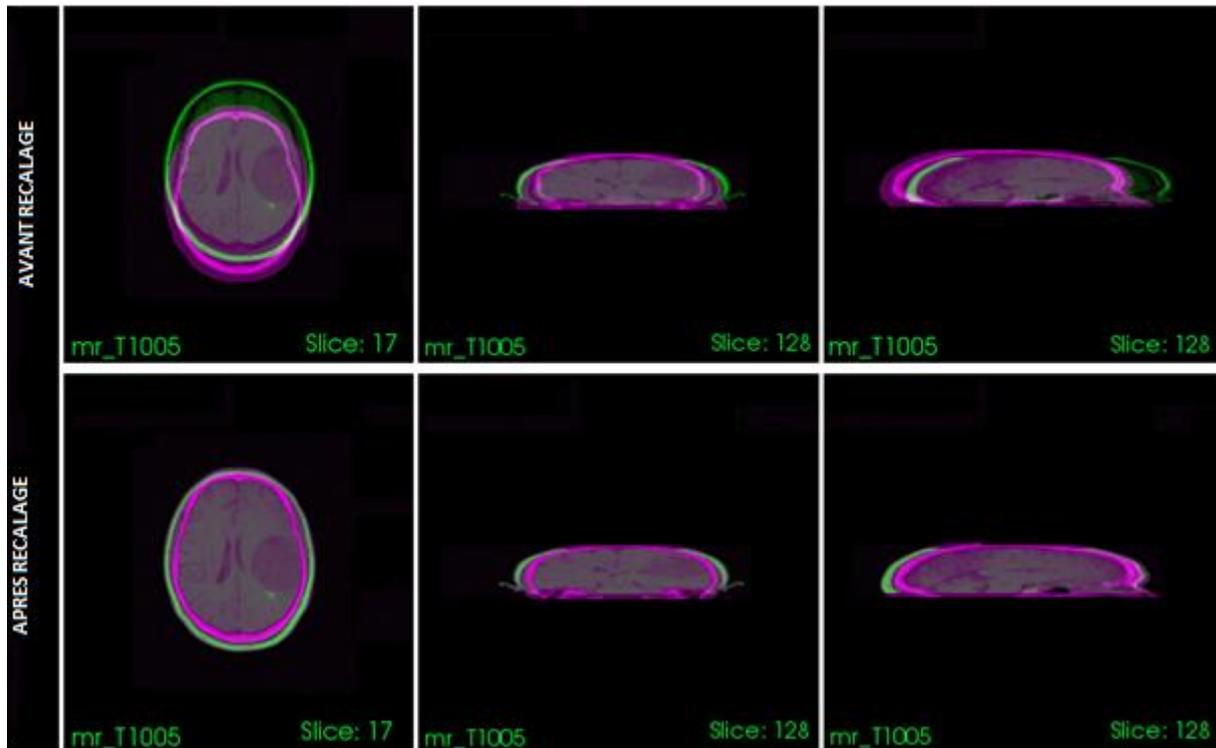


Figure 29 : La figure montre des coupes du patient 005 avant et après le recalage prises à partir de différents points de vue. Chaque colonne montre la superposition de deux coupes IRM T1 et TDM d'un même plan anatomique avant et après recalage.

La coupe IRM apparaît en vert et la coupe TDM en violet

Dans ce chapitre, nous avons présenté une nouvelle technique pour le problème du recalage multimodal. La méthode proposée utilise une procédure d'optimisation hybride basée sur une version spécifique d'algorithme génétique combiné à l'algorithme de la descente de gradient dans une stratégie multi-résolution. Les résultats expérimentaux ont démontré une plus grande précision de la méthode proposée pour le problème de recalage multimodal par rapport à Elastix qui est une boîte à outils bien connue pour le recalage à base de l'intensité. D'autre part, Elastix a montré une robustesse au bruit légèrement supérieure. Nous travaillons actuellement sur la robustesse de la méthode proposée.

Conclusion et perspectives

V. Conclusion et perspectives

La segmentation d'image est l'une des fonctions critiques de l'analyse et du traitement d'image. Elle joue un rôle crucial dans de nombreuses applications d'imagerie médicale, en automatisant ou en facilitant la délimitation des structures anatomiques et d'autres régions d'intérêt. Fondamentalement, les résultats de la segmentation affectent tous les processus ultérieurs d'analyse d'image. Une segmentation manuelle est non seulement un processus fastidieux, mais aussi pas très précis, notamment avec le nombre important de modalités d'imagerie médicale et la grande quantité des images médicales qui doivent être examinées.

Malgré le nombre important des méthodes de segmentation proposées dans la littérature, l'utilisation d'outils automatisés est limitée en pratique clinique. Ceci peut être expliqué par la difficulté des techniques de segmentation de bas niveau lorsqu'il s'agit d'artefacts d'image ou lorsque différentes structures anatomiques partagent le même contraste tissulaire. La segmentation à base d'atlas est une approche de segmentation de haut niveau permettant d'exploiter les connaissances *a priori* dans la segmentation d'images. Ce type de segmentation s'est montré efficace même avec une base d'apprentissage de taille réduite et même lorsqu'il n'y a pas de relation bien définie entre les régions et les intensités des pixels.

Dans cette thèse, nous avons présenté une technique de segmentation multi-atlas utilisant l'apprentissage en ligne. La méthode a été appliquée en premier lieu pour extraire le cervelet humain des IRMs cérébrales 2D. L'approche proposée a été comparée à une technique de segmentation classique basée sur une base d'atlas fixe. L'étude expérimentale montre que l'approche suggérée dépasse la méthode de segmentation à base d'atlas classique avec une moyenne de coefficient de Dice de 0,9050 vs 0,8730. En ce qui concerne le nombre d'atlas appliqués dans la procédure de segmentation, la technique de segmentation multi-atlas développée dépasse la segmentation basée sur un atlas unique avec une moyenne de coefficient de Dice de 0,9050 vs 0,8715. Cependant, nous avons montré que les résultats donnés par un ensemble d'atlas fixe sont très proches des résultats donnés par un seul atlas dans la segmentation des IRMs du cervelet humain. En deuxième lieu, la méthode de segmentation a été étendue en une technique de segmentation multi atlas 3D et a été appliquée pour segmenter les organes pelviens féminins susceptibles d'être affectés par le cancer du col de l'utérus. Les expérimentations réalisées montrent une plus grande précision de l'approche proposée par rapport à une technique de segmentation classique basée sur un ensemble d'atlas fixe avec un coefficient de Dice moyen de 0,7853 vs 0,7269. En ce qui concerne le nombre d'atlas utilisés dans le processus de segmentation, l'approche de segmentation multi-atlas proposée dépasse la segmentation basée sur un seul atlas avec une moyenne de coefficient de Dice de 0,7853 vs 0,7058. Les résultats obtenus sont prometteurs et peuvent encore être améliorés en ajoutant de nouveaux cas à la base d'atlas afin d'avoir des données suffisamment diversifiées et capables de représenter la variabilité anatomique de la région pelvienne féminine. Nous précisons ici que la segmentation a été réalisée comme une étape de prétraitement permettant la délimitation des organes susceptibles d'être affectés par le cancer du col de l'utérus afin de segmenter la lésion tumorale dans une étape suivante. Une future

perspective de ce travail consistera donc en une segmentation de la lésion tumorale et détermination du stade histologique du cancer.

En ce qui concerne la méthode de recalage utilisée dans la segmentation, nous avons présenté une nouvelle technique pour le problème de recalage multimodal qui utilise une procédure d'optimisation hybride basée sur une conception particulière d'algorithme génétique combinée à la méthode de la descente de gradient dans une stratégie multi-résolution. Les résultats expérimentaux ont démontré une plus grande précision de la méthode proposée pour le problème de recalage multimodal par rapport à Elastix qui est un software open source C++ basé sur ITK bien connue pour le recalage basée sur l'intensité des images. D'autre part, Elastix a montré une robustesse légèrement supérieure au bruit qui est actuellement en cours d'exploration. Une perspective future possible de ce travail consisterait à l'application de l'approche de recalage dans d'autres problèmes de segmentation à base d'atlas.

Références

- [Abdel Basset 2017] M. Abdel Basset, A.E. Fakhry, I. El-henawy, T. Qiu, A. K. Sangaiah, “Feature and Intensity Based Medical Image Registration Using Particle Swarm Optimization“. *Journal of Medical Systems*, 41, 197, 2017.
- [Acosta 2017] O. Acosta, E. Mylona, M. Le Dain, C. Voisin, T. Lizee, B. Rigaud, C. Lafond, K. Gnep, R. de Crevoisier, “Multi-atlas based segmentation of prostatic urethra from planning CT imaging to quantify dose distribution in prostate cancer radiotherapy”, *Radiotherapy and Oncology*, vol. 125, pp.492-499, 2017.
- [A Jalab 2019] H. A Jalab, A. M. Hasan. “Magnetic Resonance Imaging Segmentation Techniques of Brain Tumors: A Review”. *Journal of Neuroscience*. 2019.
- [Alan 1998] H. W. Alan, F. Policarpo *The computer image*. The University of Michigan: Addison-Wesley, 1998.
- [Aljabar 2009] P. Aljabar, R.A. Heckemann, A. Hammers, J.V. Hajnal, D. Rueckert, 2009. “Multi-atlas based segmentation of brain images: atlas selection and its effect on accuracy”. *NeuroImage* 46, 726–738.
- [Amédée 04] S. Amédée. *Algorithmes génétiques*. Master's thesis, Université de Nice, 2004.
- [Analytics Vidhya 2020] Analytics Vidhya, *Introduction to Online Machine Learning: Simplified*, Consulté le 22/08/2020, <https://www.analyticsvidhya.com/blog/2015/01/introduction-online-machine-learning-simplified-2/>
- [Angulakshmi 2017] M. Angulakshmi, GG. Lakshmi Priya. “Automated brain tumour segmentation techniques: A review”. *International Journal of Imaging Systems and Technology*, 27(1), pp. 66–77. 2017.
- [Arun 1987] K. S. Arun, T. Huang & S. D. Blostein. “Least-squares fitting of two 3-D point sets“. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 6, no. 5, pp. 698-700, 1987.
- [Baker 1987] J. E. Baker. “Reducing bias and inefficiency in the selection algorithm”. *Int J. J. Grefenstette* (ed), *Proceedings of the International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 14-21, 1987.
- [Barillot 1999] C. Barillot. *Fusion de données et imagerie 3D en médecine*. Habilitation à diriger des recherches, Université de Rennes I, 1999.
- [Barnea 1972] , D. I. Barneaand, H. F. Silverman. “A class of algorithms for fast digital image registration”. *IEEE Transactions on Computers*, 21(2), pp. 179–186, 1972.
- [Bauer 2011] S . Bauer, L.P. Nolte, M. Reyes. “Fully automatic segmentation of brain tumor images using support vector machine classification in combination with hierarchical conditional random field regularization“. *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*. Springer Berlin Heidelberg. pp. 354–61, 2011.
- [Bengio 2015] Bengio, Yoshua; LeCun, Yann; Hinton, Geoffrey (2015). "Deep Learning". *Nature*. vol. no. 521, pp. 436–444, 2015.
- [Betrouni 2009] N. Betrouni. “Multimodality medical images registration: From conception to validation”. *IRBM*, vol 30 (2), pp. 60-71, 2009.
- [Bookstein 1989] F.L. Bookstein. “Principal warps : Thin-plate splines and the decomposition of deformations”. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 11, no. 6, pp. 567-585, 1989.

- [Bnoui 2018a] N. Bnoui, I. Rekik, M. S. Rhim & N. Essoukri Ben Amara. “Dynamic multi-scale CNN forest learning for automatic cervical cancer segmentation”. *Machine Learning in Medical Imaging*, vol. 11046, pp 19-27, 2018.
- [Bnoui 2018b] N. Bnoui, O. Mechi, I. Rekik, M. S. Rhim & N. Essoukri Ben Amara. “Semi-automatic lymph node segmentation and classification using cervical cancer MR imaging”. *International Conference on Advanced Technologies for Signal and Image Processing (ATSIP)*, No. 17789260, pp. 1-6, 2018.
- [Bnoui 2019] N. Bnoui, I. Rekik, M. S. Rhim & N. Essoukri Ben Amara. “Cross-view self-similarity using shared dictionary learning for cervical cancer staging”. *IEEE Access*, vol. 7, no. 18526705, pp. 30079 – 30088, 2019.
- [Borgefors 88] G. Borgefors. “Hierarchical chamfer matching : A parametric edge matching algorithm”. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 10, pp. 849-865, 1988.
- [Braun 03] M. Braun & B.F. Hutton. “Software for image registration : Algorithms, accuracy, efficacy“. *Seminar in nuclear medicine*, vol. 33, no. 3, pp. 180-192, 2003.
- [Brown 92] L.G. Brown. “A survey of image registration techniques“. *ACM Computing Surveys*, vol. 24, no. 4, pp. 325-376, 1992.
- [Cabezas 2011] M. Cabezas. “A review of atlas-based segmentation for magnetic resonance brain images”, *Computer methods and programs in biomedicine* Vol. 104 issue 3, pp. 158-177, 2011.
- [Cachier 01] P. Cachier, J. Mangin, X. Pennec, D. Rivière, D. Papadopoulos-Orfanos, J. Régis, and N. Ayache. “Multisubject deformable, registration of brain MRI using intensity and geometric features“. In Niessen, W. and Viergever, M. A., editors, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention MICCAI 2001*, vol. 2208, pp. 734–742, Utrecht (Netherlands), 2001.
- [Cachier 03] P. Cachier, E. Bardinet, D. Dormont, X. Pennec, and N. Ayache. “Iconic feature based nonrigid registration : the pasha algorithm“. *Computer Vision and Image Understanding*, 89(2-3) : pp. 272 – 298, 2003.
- [Canadian Cancer Society 2018] Canadian Cancer Society 2018, What is cervical cancer?, <http://www.cancer.ca/en/cancer-information/cancer-type/cervical/cervical-cancer/?region=on>. consulté le 21/05/2018.
- [CEA 2020] Le Commissariat à l'énergie atomique et aux énergies alternatives (CEA), L'imagerie médicale, Consulté le 22/08/2020, <http://www.cea.fr/comprendre/Pages/sante-sciences-du-vivant/essentiel-sur-imagerie-medecale.aspx>.
- [Chang 2016] R.F. Chang, H. HaoChen, Y.C. Chang, C.S. Huang, J.H. Chen, C.M. Lo. “Quantification of breast tumor heterogeneity for ER status, HER2 status, and TN molecular subtype evaluation on DCE-MRI”. *Magnetic Resonance Imaging*. Vol. 34, no. 6, pp. 809-819, 2016.
- [Ciresan 2012] D. Ciresan, U. Meier, J. Schmidhuber. "Multi-column deep neural networks for image classification". 2012 *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*. pp. 3642–3649, 2012.
- [Collignon 1995] A. Collignon, F. Maes, D. Delaere, D. Vandermeulen, P. Suetens, and G. Marchal. “Automated Multi-modality Image Registration based on Information Theory”. In *Conference on Information Processing in Medical Imaging*, pp. 263–274. 1995.
- [Collins 1996] D. Collins, G. Le Goualher, R. Venugopal, A. Caramanos, A. Evans and C. Barillot. “Cortical constraints for non-linear cortical registration”. In Hohne, K. and Kikinis, R., editors,

Visualization in Biomedical Computing, volume 1131 of Lecture Notes in Computer Science, pp. 307–316. Springer Berlin, 1996.

[Cord 2015] : M. Cord. S. Dubuisson, D. Béréziat, N. Thome. Bases du traitement des images, Opérations de base et améliorations. Consulté le 15/03/2016 à : <http://webia.lip6.fr/~thomen/Teaching/BIMA/cours/amelioration.pdf>. 2015

[Crum 2004] W.R. Crum, T. Hartkens & D.L.G. Hill. “Non-rigid image registration : theory and practice”. British journal of radiology, vol. 77, no. spécial 2, pp. S140-S153, 2004.

[Daly 2016] A. Daly, H. Yazid, N. Essoukri Ben Amara, “Multimodal Image Registration Using Multiresolution Genetic Optimization,” in SETIT’2016 7th International Conference on Sciences of Electronics, Technologies of Information and Telecommunications, Tunisia, 2016.

[Daly 2020a] A. Daly, H. Yazid, B. Solaiman, N. Essoukri Ben Amara. “Multi-atlas based segmentation of human cerebellum”, International Multi-Conference on Systems, Signals & Devices, 2020.

[Daly 2020b] A. Daly, H. Yazid, B. Solaiman, N. Essoukri Ben Amara. “Multi-atlas based segmentation of female pelvic organs: Application for computer-aided diagnosis of cervical cancer”. International Journal of Imaging Systems and Technology, 2020.

[Daly 2020c] A. Daly, H. Yazid, B. Solaiman, N. Essoukri Ben Amara. “Multimodal Medical Image Registration Based on a Hybrid Optimization Strategy”. International Conference On Advanced Technologies For Signal & Image Processing, 2020.

[Damas 2011] S. Damas, O. Cordon, J. Santamaría. “Medical Image Registration Using Evolutionary Computation: An Experimental Survey”. IEEE Computational Intelligence Magazine, 6(4), pp. 26-42, 2011.

[Davis 1991] L. Davis. Handbook of Genetic Algorithms. Van Nostrand Reinhold, 1991.

[Davis 1997] M. Davis, A. Khotanzad, D. Flamming, and S. Harms. “A physicsbased coordinate transformation for 3D image matching”. IEEE Transactions on Medical Imaging, 16, pp. 317–328, 1997.

[Davatzikos 1996] C. Davatzikos. “Spatial Normalization of 3D Brain Images Using Deformable Models”. Journal of Computer Assisted Tomography, vol. 20, no. 4, pp. 656-665, 1996.

[Dawant 2000] B. M. Dawant and A. P. Zijdenbos. Handbook of Medical Imaging. SPIE Press, Vol. 2. Medical Image Processing and Analysis, ch.Image Registration, pp. 71–128, 2000.

[De 2016] S. De, S. Bhattacharyya, P. Dutta. “Automatic magnetic resonance image segmentation by fuzzy intercluster hostility index based genetic algorithm: An application“. Applied Soft Computing, 47, pp. 669–83. 2016.

[De Jong 1992] K. A. De Jong. “Are genetic algorithms function optimizers? “. Actes de PPSN 2, R. Manner, B. Manderick (éditeurs), pp. 3-13, 1992.

[Despotovic 2015] I. Despotovic, B. Goossens, W. Philips. “MRI segmentation of the human brain: Challenges, methods, and applications”. Computational and Mathematical Methods in Medicine. [PubMed: 25945121], 2015.

[Devisivasankari 2020] P. Devisivasankari et R. Vijayakumar, "Parallel Watershed method for Medical modality Image segmentation". 2020 International Conference on Emerging Trends in Information Technology and Engineering (ic-ETITE), pp. 1-3, 2020.

[Ding 2020] W. Ding, L. Li, X. Zhuang, L. Huang. “Cross-Modality Multi-atlas Segmentation Using Deep Neural Networks”. Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention – MICCAI 2020. MICCAI 2020. Lecture Notes in Computer Science, vol 12263, 2020.

[Dougherty 2009] G. Dougherty. Digital image processing for medical applications. Cambridge University Press; 2009.

[Dubost 2020] F. Dubost, M. de Bruijne, M. Nardin, A. V. Dalca, K. L. Donahue, A. –K. Giese, M. R. Etherton, O. Wu, M. de Groot, W. Niessen, M. Vernooij, N. S. Rost, M. D. Schirmer. « Multi-atlas image registration of clinical data with automated quality assessment using ventricle segmentation”. Medical Image Analysis. Volume 63, 2020.

[Facquet 2018] V. Facquet, L’IRM, examen de premier choix pour le diagnostic des cancers du col, consulté le 19/04/2018, <http://www.manip-info.com/actualites/etudes-scientifiques/article/l-irm-un-examen-de-premier-choix>, 2018.

[Fillard 2007] P. Fillard, X. Pennec, P. M. Thompson, N. Ayache, “Evaluating Brain Anatomical Correlations via Canonical Correlation Analysis of Sulcal Lines”, in Proc. of MICCAI’07 Workshop on Statistical Registration: Pair-wise and Group-wise Alignment and Atlas Formation, Brisbane, Australia, 2007.

[FNMR 2017] Fédération Nationale des Médecins Radiologues (FNMR), Nouvelle imagerie médicale libérale, Octobre 2017, Consulté le 24/08/2020, https://www.fnmr.org/uploads/documents/1508409718_201710_fnmr_projet_nouvelle_imagerie.pdf

[FRC 2021] FRC (Fédération pour la Recherche sur le Cerveau). Le syndrome cérébelleux. Consulté le 25/01/2021 à : <https://www.frcneurodon.org/comprendre-le-cerveau/le-cerveau-malade-et-ses-maladies-neurologiques/le-syndrome-cerebelleux/#:~:text=Le%20cervelet%20est%20situ%C3%A9%20sous,de%20la%20coordination%20des%20mouvements>.

[Fu 2020] Y. Fu, Y. Lei, T. Wang, W. J. Curran, T. Liu and X. Yang. “Deep learning in medical image registration: a review” 2020 Institute of Physics and Engineering in Medicine. Physics in Medicine & Biology, Volume 65, Number 20, October 2020.

[Gholipour 2007] A. Gholipour, N. Kehtarnavaz, R. Briggs, M. Devous, K. Gopinath. “Brain functional localization: a survey of image registration techniques”, IEEE Transaction on Medical Imaging, Vol. 26 issue 4, pp. 427–451, 2007.

[Glasbey 1998] C.A. Glasbey & K.V. Mardia. “A review of image-warping methods”. Journal of applied statistics, vol. 25, no. 2, pp. 155-17, 1998.

[Goldberg 1989] D. E. Goldberg. Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning. Reading, MA: Addison-Wesley, 1989.

[Gordillo 2013] N. Gordillo, E. Montseny, P. Sobrevilla. “State of the art survey on MRI brain tumor segmentation”. Magnetic Resonance Imaging. 31(8), pp.1426–38. [PubMed: 23790354], 2013.

[Guo 2015] D. Guo, J. Fridriksson, P. Fillmore, C. Rorden, H. Yu, K. Zheng et al. “Automated lesion detection on MRI scans using combined unsupervised and supervised methods”. BMC Medical Imaging. pp. 15-50, 2015.

[Gupta 2019] K.K. Gupta, N. Dhanda, U. Kumar. “Depth Analysis of Different Medical Image Segmentation Techniques for Brain Tumor Detection”. In: Jain L., Virvou M., Piuri V., Balas V. (eds) Advances in Bioinformatics, Multimedia, and Electronics Circuits and Signals. Advances in Intelligent Systems and Computing, vol 1064, pp 197-214, 2019.

- [Han 2008] X. Han, M. Hoogeman, P. Levendag, L. Hibbard, D. Teguh, P. Voet, A. Cowen, T. Wolf. "Atlas-based auto-segmentation of head and neck CT images". Eleventh Int. Conf. on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI '08). Vol. 5242 of Lecture Notes in Computer Science, pp. 434–441, 2008.
- [Han 2011] J. Han, J. Pei, M. Kamber. "Data mining: Concepts and techniques". 3th ed. Elsevier Science, 2011.
- [Harris 1988] C. Harris and M. Stephens. "A combined corner and edge detector". Proceedings of the 4th Alvey Vision Conference. pp. 147–151, 1988.
- [Hasan 2016] A. M. Hasan, F. Meziane. "Automated screening of MRI brain scanning using grey level statistics". Computers Electrical Engineering, 53, pp. 276–91, 2016.
- [Hasan 2016] A. M. Hasan, F. Meziane, R. Aspin and H. A. Jalab. Segmentation of Brain Tumors in MRI Images Using Three-Dimensional Active Contour without Edge [dissertation]. Salford, UK: University of Salford, 2016.
- [Havaei 2017] M. Havaei, A. Davy, D. Warde-Farley, A. Biard, A. Courville, Y. Bengio et al. "Brain tumor segmentation with Deep Neural Networks". Medical Image Analysis. 35, pp.18–31. 2017.
- [Heckemann 2006] R.A. Heckemann, J.V. Hajnal, P. Aljabar, D. Rueckert, A. Hammers. "Automatic anatomical brain MRI segmentation combining label propagation and decision fusion". NeuroImage 33, pp. 115–126, 2006.
- [Hellier 2001] P. Hellier and C. Barillot. "Cooperation between local and global approaches to register brain images". In IPMI2001, number 2082 in LNCS, pages 315–328. Springer-Verlag, 2001.
- [Hellier 2003] P. Hellier & C. Barillot. "Coupling dense and landmark-based approaches for nonrigid registration". IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 22, no. 2, pages 217-227, 2003.
- [Hill 1993] D. L. G. Hill, D. J. Hawkes, N. A. Harrison, and C. F. Ruff, "A strategy for automated multimodality image registration incorporating anatomical knowledge and imager characteristics," in Information Processing in Medical Imaging, H. H. Barrett and A. F. Gmitro, Eds, vol. 687 of Lecture Notes in Computer Science, pp. 182–196, Springer-Verlag, Berlin, 1993.
- [Hill 1994] D. L. Hill, C. Studholme, and D. J. Hawkes. Voxel similarity measures for automated image registration. In R. A. Robb, editor, Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference Series, volume 2359 of Presented at the Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference, pp. 205–216, 1994.
- [Hill 2001] D.L.G. Hill, P.G. Batchelor, M. Holden & D.J. Hawkes. "Medical image registration". Physics in medicine and biology, vol. 46, no. 3, pp. R1-R45, 2001.
- [Holland 75] : J. H. Holland. Adaptation in Natural and Artificial Systems. University of Michigan Press, Ann Arbor, MI, 1975.
- [Hsu 1999] L. Y. Hsu, M. Loew, and J. Ostuni. "Automated registration of brain images using edge and surface features". IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine, 18 pp. 40–47, 1999.
- [Hu 2020] J. Hu, H. Niu, J. Carrasco, B. Lennox, F. Arvin. "Voronoi-Based Multi-Robot Autonomous Exploration in Unknown Environments via Deep Reinforcement Learning". IEEE Transactions on Vehicular Technology, vol. 69, no.12, pp. 14413–14423, 2020.
- [Ibrahim 2018] R.W. Ibrahim, A. M. Hasan, H. A. Jalab. "A new deformable model based on fractional Wright energy function for tumor segmentation of volumetric brain MRI scans". Computer Methods and Programs Biomedicine, 163, pp. 21–8, 2018

- [Jähne 2005] B. Jähne. Digital image processing. 60th ed. Berlin: Springer, 2005.
- [Jannin 2001] P. Jannin, C. Grova & B. Gibaud. “Fusion de données en imagerie médicale: revue méthodologique basée sur le contexte clinique“ ITBM-RBM, 22(4), pp. 196-215, 2001.
- [Jin 2014] L. Jin, L. Min, W. Jianxin, W. Fangxiang, L. Tianming, P. Yi. A survey of MRI-based brain tumor segmentation methods. Tsinghua Science and Technology. 19(6) pp.578–95, 2014.
- [John 2020] A. John 2020, S. N. Kumar, A. Lenin Fred, H. Ajay Kumar, W. Abisha, “Unimodal Medical Image Registration Based on Genetic Algorithm Optimization,”. In: Das K., Bansal J., Deep K., Nagar A., Pathipooranam P., Naidu R. (eds) Soft Computing for Problem Solving. Advances in Intelligent Systems and Computing, vol 1057. Springer, Singapore, 2020.
- [Johnson 2002] H. Johnson, and G. Christensen. Consistent landmark and intensity-based image registration. IEEE Transactions on Medical Imaging, 21(5), pp. 450–61, 2002.
- [Joshi 2004] S. Joshi, B. Davis, M. Jomier, and G. Gerig, “Unbiased diffeomorphic atlas construction for computational anatomy,” Neuroimage, vol. 23 Suppl 1, 2004.
- [Kahali 2017] S. Kahali, S. K. Adhikari, J. K. Sing. “3D MRI brain image segmentation: A two-stage framework”. International Conference on Computational Intelligence, Communications, and Business Analytics. Springer. pp. 323–35, 2017.
- [Kalinic 2009] H. Kalinic, “Atlas based image segmentation: A Survey”, Computer Science, 2009.
- [Karthick 2019] S. Karthick , S. Maniraj. “Different Medical Image Registration Techniques: A Comparative Analysis”. Current Medical Imaging, Volume 15, Number 10, pp. 911-921(11), 2019.
- [Kim 04] J. Kim & J.A. Fessler. “Intensity-based image registration using robust correlation coefficients”. IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 23, no. 11, pages 1430-1444, 2004.
- [Kittler 1998] J. Kittler, M. Hatef, R. Duin, J. Matas. “On combining classifiers”. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 20 issue 3, pp. 226–239, 1998.
- [Klein 2008] S. Klein, U. van der Heide, I. Lips, M. van Vulpen, M. Staring, J. Pluim. “Automatic segmentation of the prostate in 3D MR images by atlas matching using localized mutual information”. Medical Physics, Vol. 35 issue 4, pp. 1407–1417, 2008.
- [Klein 2010] S. Klein, M. Staring, K. Murphy, M. A. Viergever, and J. P. W. Pluim, “Elastix: A toolbox for intensity-based medical image registration”, IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 29 no 1, pp. 196–205, 2010.
- [Krizhevsky 2012] A. Krizhevsky, I. Sutskever, G. Hinton. "ImageNet Classification with Deep Convolutional Neural Networks". Neural Information Processing Systems, Lake Tahoe, Nevada, 2012.
- [Krupali 2016] D. Mistry Krupali, J. Talati Bijal . “Integrated approach for bone tumor detection from MRI scan imagery”. International Conference on Signal and Information Processing (IConSIP). pp. 1-5, 2016.
- [La société Unify 2020] La société Unify, Imagerie médicale, Consulté le 22/08/2020, https://www.doctissimo.fr/html/sante/imagerie/imagerie_sommaire.htm
- [Larose 2005] D. T. Larose. Discovering knowledge in data: An introduction to data mining. USA: John Wiley & Sons, 2005.

- [Le 2016] T. N. Le, P. The Bao, H. Trung Huynh. "Liver Tumor Segmentation from MR Images Using 3D Fast Marching Algorithm and Single Hidden Layer Feedforward Neural Network". *BioMed Research International*, 2016.
- [Ledig 2015] C. Ledig. "Robust whole-brain segmentation: Application to traumatic brain injury". *Medical Image Analysis* 21, pp. 40–58, 2015.
- [Lee 2012] M. Lee, W. Cho, S. Kim, S. Park, J. H. Kim. "Segmentation of interest region in medical volume images using geometric deformable model". *Computers in Biology and Medicine*, 42(5), pp. 523–37, 2012.
- [Lester 1999] H. Lester & S.R. Arridge. "A Survey of Hierarchical Non-Linear Medical Image Registration". *Pattern Recognition*, vol. 32, no. 1, pp. 129-149, 1999.
- [Liyanage 2016] K. A. Liyanage, C. Steward, B. Armstrong Moffat, N. Lachlan Opie, G. S. Rind, S. E. John, S. Ronayne, C. N. May, T. J. O'Brien, M. E. Milne, T. J. Oxley, "Development and Implementation of a Corriedale Ovine Brain Atlas for Use in Atlas Based Segmentation", *PLoS One*, 2016.
- [Loizou 2009] C. P. Loizou, M. Pantziaris, I. Seimenis, C. S. Pattichis. "Brain MR image normalization in texture analysis of multiple sclerosis". 9th International Conference on Information Technology and Applications in Biomedicine, Larnaca, pp. 1–5, 2009.
- [Lorenzen 2006] P. Lorenzen, M. Prastawa, B. Davis, G. Gerig, E. Bullitt, and S. Joshi, "Multi-Modal Image Set Registration and Atlas Formation," *Medical Image Analysis*, vol. 10, no. 3, pp. 440–451, 2006.
- [Magnin 2006] : Vincent MAGNIN. 2006. Algorithmes Evolutives et Algorithmes Génétiques. consulté le 01/04/2016 à : <http://magnin.plil.net/spip.php?article45>.
- [Maintz 1996] J.B.A. Maintz, P.A. van den Elsen & M.A. Viergever. "Evaluation of ridge seeking operators for multimodality medical image matching". *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 18, no. 4, pp. 353-365, 1996.
- [Maintz 1998] J.B.A. Maintz & M.A. Viergever. "A survey of medical image registration". *Medical Image Analysis*, vol. 2, no. 1, pp. 1-36, 1998.
- [Makela 02] T. Makela, P. Clarysse, O. Sipila, N. Pauna, Q.C. Pham, T. Katila & I.E. Magnin. "A review of cardiac image registration methods". *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, no. 9, pp. 1011-1021, 2002.
- [Malandain 06] : G. Malandain. Les mesures de similarité pour le recalage des images médicales. Mémoire pour l'obtention de l'Habilitation à Diriger des Recherches. Université de Nice Sophia-Antipolis, 2006, 101p.
- [Mallat 1989] S. Mallat, "Multiresolution approximations and wavelet orthonormal bases of $L_2(\mathbb{R})$ ", *Trans. Amer. Math. Soc*, vol. 315, no. 1, p. 69-87, 1989.
- [Mani 13] V.R.S Mani, S. Arivazhagan. "Survey of Medical Image Registration". *Journal of Biomedical Engineering and Technology*, Vol. 1, no. 2, pp. 8-25, 2013.
- [Marquardt 63] D. W. Marquardt. "An algorithm for least-squares estimation of non-linear parameters". *Journal of the Society for Industrial and Applied Mathematics*, vol. 11, no. 2, pp. 431-441, 1963.

- [Maurer 98] C.R. Jr Maurer, R.J. Maciunas & J.M. Fitzpatrick. "Automated Registration of Brain Images Using Edge and Surface Features". IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 17, no. 5, pp. 753-761, 1998.
- [McGillem 76] C. McGillem and M. Svedlow. "Image registration error variance as a measure of overlay quality". IEEE Transactions on Geoscience Electronics, 14(1) pp. 44–49, 1976.
- [Mellor 05] M. Mellor and M. Brady. "Phase mutual information as a similarity measure for registration". Medical Image Analysis, 9(4) pp. 330 – 343. Functional Imaging and Modeling of the Heart - FIMH03, Functional Imaging and Modeling of the Heart, 2005.
- [Meyer 97] : C. R. Meyer, J. L. Boes , B. Kim, P. H. Bland, K. R. Zasadny, P. V. Kison, K. Koral, K. A. Frey, and R. L. Wahl. "Demonstration of accuracy and clinical versatility of mutual information for automatic multimodality image fusion using affine and thin-plate spline warped geometric deformations". Medical Image Analysis, 1(3), pp. 195 – 206, 1997.
- [Mie 2000] S. Mie, S. Lakare, W. Ming, A. Kaufman, M. Nakajima. "A gradient magnitude based region growing algorithm for accurate segmentation". Proceedings 2000 International Conference on Image Processing (Cat. No.00CH37101). Vancouver, BC, Canada, Canada. IEEE, p. 448–51, 2000.
- [Mikulka 2013] J. Mikulka, E. Gescheidtova. "An improved segmentation of brain tumor, edema and necrosis". Proceedings of Electromagnetics Research Symposium Proceedings, Taipei, pp. 25–8, 2013.
- [Miller 95] B.L. Miller, and D. E. Goldberg. "Genetic Algorithms, Tournament Selection, and the Effects of Noise". Complex System, 9(3), pp. 193-212, 1995.
- [Nabizadeh 2015] N. Nabizadeh, M. Kubat. "Brain tumors detection and segmentation in MR images: Gabor wavelet vs. statistical features". Computers and Electrical Engineering, 45, pp. 286–301, 2015.
- [Naji 2012] S. A. Naji, R. Zainuddin, H. A. Jalab. "Skin segmentation based on multi pixel color clustering models". Digit Signal Process. 2012;22(6), pp. 933–40, 2012.
- [Negnevitsky 2005] M. Negnevitsky. Artificial intelligence: A guide to intelligent systems. Addison-Wesley; 2005.
- [Nelder 65] J.A. Nelder & R. Mead. "A simplex method for function minimization". The Computer Journal, vol. 7, no. 4, pp. 308-313, 1965.
- [Noblet 06] : V. NOBLET. Recalage non rigide d'images cérébrales 3D avec contrainte de conservation de la topologie. Thèse de doctorat : Electronique, Electrotechnique, Automatique. Université Louis Pasteur - Strasbourg I, 220p, 2006.
- [Oliveira 12] P.M. Oliveira Francisco, R.S. Tavares Joao Manuel. "Medical Image Registration: A Review". Computer methods in Biomechanics and Biomedical Engineering, pp. 1-21, 2012.
- [Palm 1998] D.L. Palm, C. Xu, J. L. Prince. A survey of current methods in medical image segmentation. Baltimore, USA: Technical report, Johns Hopkins University, 1998.
- [Panda 2017] R. Panda, S. Agrawal, M. Sahoo, R. Nayak, "A novel evolutionary rigid body docking algorithm for medical image registration", Swarm and Evolutionary Computation, vol. 33, pp. 108-118, 2017.
- [Peckar 99] W. Peckar, C. Schnörr, K. Rohr, H. S. Stiehl. "Parameter-free elastic deformation approach for 2D and 3D Registration using prescribed displacements". Journal of Mathematical Imaging and Vision. 10: 143, 1999.

- [Pelizzari 89] C.A. Pelizzari, G.T.Y. Chen, D.R. Spelbring, R.R. Weichselbaum & C.-T. Chen. "Accurate three-dimensional registration of CT,PET, and/or MR images of brain". *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 13, pp. 20-26, 1989.
- [Perperidis 2005] D. Perperidis, R. Mohiaddin, D. Rueckert, "Construction of a 4D statistical atlas of the cardiac anatomy and its use in classification", *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention*. International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention, vol. 8, pp. 402–410, 2005.
- [Petitjean 2012] C. Petitjean. *Le recalage d'images*. Université de Rouen, Master 1 Sciences Medicales et Pharmaceutiques UE 15 Traitement et Analyse d'Images Medicales, 2012.
- [Petrou 2010] M. Petrou. "Texture in biomedical images". In: Deserno MT, editor. *Biomedical image processing*. Springer Berlin Heidelberg, pp. 157–76, 2010.
- [Piekos 2007] T. Piekos. Confidence connected segmenting using ITK Insight J (2007) Google Scholar, 2007.
- [Pluim 2000] J.P.W. Pluim, J.B.A. Maintz & M.A. Viergever. "Image registration by maximization of combined mutual information and gradient information". *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 19, no. 8, pp. 809-814, 2000.
- [Pluim 2003] J.P.W. Pluim, J.B.A. Maintz & M. A. Viergever. "Mutual-information-based registration of medical images : a survey". *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 22, no. 8, pp. 986-1004, 2003.
- [Pluim 2004] J.P.W. Pluim, J.B.A. Maintz & M.A. Viergever. "f-information measures in medical image registration". *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 23, no. 12, pp. 1508-1516, 2004.
- [Powell 64] M.J.D. Powell. "An efficient method for finding the minimum of a function of several variables without calculating derivatives". *The Computer Journal*, vol. 7, no. 2, pp. 155-162, 1964.
- [Rachid 10]: M. Haj-Rachid, C. Bloch , W. Ramdane-Cherif , P. Chatonnay, Différentes opérateurs évolutionnaires de permutation: sélections, croisements et mutations, laboratoire d'informatique de l'universite de franche-comte, Rapport de Recherche no RR2010–07, p 60, 2010.
- [Ram 2020] S. Ram. "These machine learning methods make google lens a success". *Analytics India*. Retrieved Mar 28, 2020.
- [Richard 2021] Raphaël Richard. *Machine learning online*. Consulté le 24/01/2021 à : <https://www.24pm.com/117-definitions/450-machine-learning-online>
- [Roche 1998] A. Roche, G. Malandain, X. Pennec & N. Ayache. "The Correlation Ratio as a New Similarity Measure for Multimodal Image Registration". In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, LNCS-1496, pp. 1115-1124, Cambridge, Etats-Unis, 1998. Springer Verlag.
- [Roche 2000] A. Roche, X. Pennec, M. Rudolph, D. P. Auer, G. Malandain, S. Ourselin, L. M. Auer & N. Ayache. Generalized Correlation Ratio for Rigid Registration of 3D Ultrasound with MR Images. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, LNCS-1935, pp. 567-577, 2000.
- [Roche 2001] A. Roche, X. Pennec, G. Malandain & N. Ayache. "Rigid Registration of 3D Ultrasound with MR Images : a New Approach Combining Intensity and Gradient Information". *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, no. 10, pp. 1038-1049, 2001.
- [Rogowska 2009] J. Rogowska. Chapter 5- Overview and fundamentals of medical image segmentation. In: Bankman IN, editor. *Handbook of medical image processing and analysis*. Elsevier/Academic Press; 2009.

- [Rohlfing 2004a] T. Rohlfing, R. Brandt, R. Menzel, C. Maurer. “Evaluation of atlas selection strategies for atlas-based image segmentation with application to confocal microscopy images of bee brains”. *NeuroImage*, Vol. 21 issue 4, pp. 1428–1442, 2004.
- [Rohlfing 2004b] T. Rohlfing, D. Russakoff, C. Maurer. “Performance-based classifier combination in atlas-based image segmentation using expectation-maximization parameter estimation”. *IEEE Transaction on Medical. Imaging*, Vol. 23 issue 8, pp. 983–994, 2004.
- [Rohr 1996] K. Rohr, H.S. Stiehl, R. Sprengel, W. Beil, T.M. Buzug, J. Weese & M.H.Kuhn. “Point-Based Elastic Registration of Medical Image Data Using Approximating Thin-Plate Splines”. In *Visualization in Biomedical Computing, LNCS-1131*, pp. 297-306, 1996.
- [Rohr 1999] K. Rohr, M. Fornefett, and H. S. Stiehl. “Approximating thin-plate splines for elastic registration : Integration of landmark errors and orientation attributes”. In *Proceedings of Information Processing in Medical Imaging : IPMI 1999*, volume 1613 of LNCS, pp. 252–265. Springer, 1999.
- [Rohr 2001] K. Rohr, H.S. Stiehl, R. Sprengel, T.M. Buzug, J. Weese & M.H. Kuhn. “Landmark-based elastic registration using approximating thin-plate splines”. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, no. 6, pp. 526-534, 2001.
- [Romero 2017] J. E. Romero, P. Coupé, R. Giraud, V-T.Ta, V. Fonov, M. T. M. Park, M. M. Chakravarty, A. N.Voineskos, J. V.Manjón. “CERES: A new cerebellum lobule segmentation method”. *NeuroImage*, vol. 147, pp. 916-924, 2017.
- [Rouet 2000] J. M. Rouet, J. J. Jacq, and C. Roux, “Genetic algorithms for a robust 3-D MR-CT registration,” *IEEE Transaction on Information Technology in biomedicine*, vol. 4, no. 2, pp.126–136, 2000.
- [Rousseau 2003] F. Rousseau. Méthodes d’analyse d’images et de calibration pour l’échographie 3D en mode main-libre. PhD thesis, Unviersité de Rennes 1, IFSIC, IRISA, Rennes, France, 2003.
- [Rousseau 2009] Rousseau O. Geometrical modeling of the heart [dissertation]. Canada: University of Ottawa, 2009.
- [Rousseeuw 1987] P.J. Rousseeuw & A.M. Leroy. *Robust regression and outlier detection*. Wiley Interscience, 1987.
- [Rubeaux 2011] : M. Rubeaux. Approximation de l'Information Mutuelle basée sur le développement d'Edgeworth : application au recalage d'images médicales. Thèse de doctorat : Traitement du Signal et Télécommunications. Université Rennes 1, 204 p, 2011.
- [Rueckert 2000] D. Rueckert, M. J. Clarkson, D. L. G. Hill, and D. J. Hawkes. Non-rigid registration using higher-order mutual information. *SPIE proceedings series*, 3979(2), pp. 438–447, 2000.
- [Russ 1990] J. C. Russ. “Image processing”. *Computer-assisted microscopy*. Springer; 1990. p. 33–69.
- [Sachdeva 2016] J. Sachdeva, V. Kumar, I. Gupta, N. Khandelwal, C. K. Ahuja. A package-SFERCB-“Segmentation, feature extraction, reduction and classification analysis by both SVM and ANN for brain tumors”. *Appl Soft Comput.* 47:151–67, 2016.
- [Sanjuan 2013] A. Sanjuan, C. J. Price, L. Mancini, G. Josse, A. Grogan, A. K. Yamamoto, et al. Automated identification of brain tumors from single MR images based on segmentation with refined patient-specific priors. *Front Neurosci.*7:241, 2013.
- [Sarvamangala 2019] D. R. Sarvamangala, R.V. Kulkarni, “A Comparative Study of Bio-inspired Algorithms for Medical Image Registration”. In: Mandal J., Dutta P., Mukhopadhyay S. (eds) *Advances in Intelligent Computing. Studies in Computational Intelligence*, vol 687. Springer, Singapore, 2019.

- [Savva 16] : A.D. Savva, T. L. Economopoulos, G. K. Matsopoulos. “Geometry-based vs. intensity-based medical image registration: A comparative study on 3D CT data“, *Computers in Biology and Medicine*69, 120–133, 2016.
- [Saxena 14] S. Saxena and R. Kumar Singh. “A Survey of Recent and Classical Image Registration Methods”, *International Journal of Signal Processing, Image Processing and Pattern Recognition* Vol.7, No.4, pp.167-176, 2014.
- [Schmidhuber 2015] J. Schmidhuber, "Deep Learning in Neural Networks: An Overview". *Neural Networks*, vol. 61, pp. 85–117. arXiv:1404.7828. PMID 25462637. S2CID 11715509, 2015.
- [Shen 02] D. Shen, and C. Davatzikos. “Hammer : Hierarchical attribute matching mechanism for elastic registration”. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 21 pp. 1421–1439, 2002.
- [Smith 97] S. M. Smith and J. M. Brady. “SUSAN - a new approach to low level image processing”. *International Journal of Computer Vision*. 23 (1) pp. 45–78, 1997.
- [Solomon 2011] Solomon C, Breckon T. *Fundamentals of digital image processing: A practical approach with examples in matlab*. John Wiley & Sons; 2011.
- [Soltaninejad 2017] M. Soltaninejad, G. Yang, T. Lambrou, N. Allinson, T. L. Jones, T. R. Barrick, et al. “Automated brain tumour detection and segmentation using superpixel-based extremely randomized trees in FLAIR MRI”. *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, 12(2):183–203, 2017.
- [Sonka 2000] M. Sonka, J. M. Fitzpatrick. *Handbook of Medical Imaging*. SPIE Press, Vol. 2. *Medical Image Processing and Analysis*, 2000.
- [Sonka 2014] M. Sonka, V. Hlavac, R. Boyle. *Image processing, analysis, and machine vision*. Cengage Learning, 2014.
- [Sorzano 05] C. O. S. Sorzano, P. Thevenaz, and M. Unser. Elastic registration of biological images using vector-spline regularization. *IEEE transactions on biomedical engineering*, 52, pp. 652–663, 2005.
- [Stöppler 2018] Melissa Conrad Stöppler 2018, Cervical Cancer (Cancer of the Cervix) Center, consulté le 17/05/2018, https://www.medicinenet.com/cervical_cancer/article.htm#what_are_methods_of_treatment_for_cervical_cancer
- [Studholme 1995] C. Studholme, D. L. G. Hill and D. J. Hawkes. Multiresolution voxel similarity measures for MR-PET registration. In Bizais, Y. and Barillot, C., editors, *Information processing in medical imaging, Computational imaging and vision*, pages 287–298, 1995.
- [Studholme 1999] C. Studholme, D. Hill, D. Hawkes. “An overlap invariant entropy measure of 3D medical image alignment”. *Pattern Recognition*. 32 (1), 71–86, 1999.
- [Sun 2019] L. Sun, L. Zhang, D. Zhang. “Multi-Atlas Based Methods in Brain MR Image Segmentation”, *Chinese Medical Sciences Journal*, vol. 34, Issue 2, pp. 110-119, 2019.
- [Svedlow 1978] M. Svedlow, C. McGillem and P. Anuta. Image registration : Similarity measure and processing method comparisons. 14(1), pp. 141–149, 1978.
- [Swain 91] M. J. Swain, and D. H. Ballard. Color indexing. *International Journal of Computer Vision*, 7 , pp. 11–32, 1991.

- [Tantisatirapong 2015] S. Tantisatirapong. Texture analysis of multimodal magnetic resonance images in support of diagnostic classification of childhood brain tumours [dissertation]. University of Birmingham, UK, 2015.
- [Thompson 97] P.M. Thompson, D. MacDonald, M.S. Mega, C.J. Holmes, A.C. Evans & A.W. Toga. "Detection and mapping of abnormal brain structure with a probabilistic atlas of cortical surfaces." *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 21, no. 4, pp. 567-581, 1997.
- [Tiernan 2020] R. Tiernan (Sep 11, 2018). "Facebook pumps up character recognition to mine memes". *ZDnet*. Retrieved Mar 28, 2020.
- [Valsecchi 2013a] : A. Valsecchi, S. Damas and J. Santamaria. "Evolutionary Intensity-based Medical Image Registration: A Review". *Current Medical Imaging Reviews*, Vol. 9, Num.4, pp. 283-297(15), 2013.
- [Van Den Elsen 1995] : P.A. Van den Elsen, J.B.A. Maintz, E.-J.D. Pol & M.A. Viergever. "Automatic registration of CT and MR brain images using correlation of geometrical features". *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 14, no. 2, pp. 384-396, 1995.
- [Van Der Bom 2011] I. M. J. Van Der Bom, S. Klein, M. Staring, R. Homan, L. W. Bartels, J. P. W. Pluim. "Evaluation of optimization methods for intensity-based 2D-3D registration in x-ray guided interventions", *Medical Imaging : Image Processing*, Vol. 7962, pp. 796223-1 - 796223-15, 2011.
- [Velázquez 2020] M.J. Velázquez-Durán, D.U. Campos-Delgado, E.R. Arce-Santana et al. "Multimodal 3D rigid image registration based on expectation maximization". *Health Technol.* 10, 429–435 2020.
- [Vidi 2020] N. Vidi. "Deep Learning-Based Real-Time Multiple-Object Detection and Tracking via Drone". *Drone Below*. Retrieved Mar 28, 2020.
- [Viergever 2016] M. A. Viergever. A survey of medical image registration, *Medical Image Analysis* 33, pp. 140–144, 2016.
- [Viola 1995] P. Viola, W. Wells. "Alignment by maximization of mutual information". In: Grimson, W.E.L. (Ed.), *Proc. 5th International Conference on Computer Vision (ICCV'95)*. IEEE Computer Society Press, pp. 16–23, 1995.
- [Wang 2005] Q. Wang, D. Seghers, E. D'Agostino, F. Maes, D. Vandermeulen, P. Suetens, A. Hammers. "Construction and validation of mean shape atlas templates for atlas-based brain image segmentation". *Information Processing in Medical Imaging: Proc. 19th International Conference (IPMI'05)*. Lecture Notes in Computer Science, pp. 689–700, 2005.
- [Warfield 2004] S. Warfield, K. Zou, W. Wells. "Simultaneous truth and performance level estimation (STAPLE): an algorithm for the validation of image segmentation". *IEEE Transaction on Medical Imaging*. Vol. 23 issue 7, pp. 903–921, 2004.
- [West 1997] J. West, J. M. Fitzpatrick, M. Y. Wang, B. M. Dawant, C. R. Jr. Maurer, R. M. Kessler, R. J. Maciunas, C. Barillot, D. Lemoine, A. Collignon, et al. "Comparison and evaluation of retrospective intermodality brain image registration techniques", *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 21 no 4, pp. 554-66, 1997.
- [William 2001] William K. Digital image processing. 3th ed. Canada: Wiley- Interscience. 656 p, 2001.
- [Wilson 2000] J. N. Wilson, G. X. Ritter. Handbook of computer vision algorithms in image algebra. CRC Press, 2000.

- [Wolf 2009] U. Wolf, M. J. Rapoport, T. A. Schweizer. “Evaluating the affective component of the cerebellar cognitive affective syndrome“, *Journal of Neuropsychiatry and Clinical Neurosciences*, vol. 21 issue 3, pp. 245–53, 2009.
- [Woods 1993] R.P. Woods, J.C. Mazziota & S.R. Cherry. “MRI-PET registration with automated algorithm”. *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 17, no. 4, pp. 536-546, 1993.
- [Woods 1998] R.P. Woods, S.T. Grafton, J.D.G. Watson, N.L. Sicotte & J.C. Mazziotta. Automated image registration : 2. Intersubject validation of linear and non- linear models. *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 22, no. 1, pp. 153-165, 1998.
- [World Health Organization 2015] World Health Organization 2015, Cervical Cancer Estimated Incidence Mortality and Prevalence Worldwide in 2012, consulté le 05/06/2018, < <http://globocan.iarc.fr/old/FactSheets/cancers/cervix-new.asp> >.
- [Wyawahare 2009] M. V. Wyawahare, P. M. Patil and H. K. Abhyankar, “Image Registration Techniques: An overview”, *International Journal of Image Processing and Pattern Recognition*, vol.2, No.3, pp. 11-28, 2009.
- [Xue 2004] Z. Xue, D. Shen, and C. Davatzikos. “Determining correspondence in 3-D MR brain images using attribute vectors as morphological signatures of voxels”. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 23, pp. 1276–1291, 2004.
- [Yahia 2011] M. Yahia, R. Thabet , J.W. Tao, M. Lahdi Riabi, “Ridged Waveguide Filter Optimization Using an Improved Simplex Method“, 6th Int. Conf. on Sciences of Electronics, Technologies of Information and Telecommunications, 2011.
- [Yamany 1999] S. M. Yamany, M. N. Ahmed, and A. A. Farag, “A new genetic-based technique for matching 3D curves and surfaces,” *Pattern Recognition*, vol. 32, pp. 1817–1820, 1999.
- [Yuille 1992] A. L. Yuille, P. W. Hallinan, , and D. S. Cohen. “Feature extraction from faces using deformable templates”. *International Journal of Computer Vision*, 8 pp. 99–111, 1992.
- [Zhang 1998] G. Zhang, B. Eddy Patuwo, M. Y. Hu. “Forecasting with artificial neural networks”. *International Journal of Forecasting*. 14(1), pp. 35–62, 1998.
- [Zhang 2017] W. Zhang, J. Han, “Towards heart sound classification without segmentation using convolutional neural network”, *Computing in Cardiology*, 2017.
- [Zhang 2017] J. Zhang, X . Shen, T. Zhuo, H. Zhou. “Brain tumor segmentation based on refined fully convolutional neural networks with a hierarchical dice loss”. *Computer Vision and Pattern Recognition*, 2017.
- [Zhang 2019] J. Zhang , A. Saha , Z. Zhu , M. A. Mazurowski. “Hierarchical Convolutional Neural Networks for Segmentation of Breast Tumors in MRI With Application to Radiogenomics”. *IEEE Transactions on Medical Imaging*. vol. 38, no. 2, pp. 435-447, 2019.
- [Zitova 2003] B. Zitova & J. Flusser. “Image registration methods: a survey”. *Image and Vision Computing*, vol. 21, no. 11, pp. 977-1000, 2003.

Titre : Segmentation à base d'atlas d'images médicales utilisant l'apprentissage en ligne

Mots clés : Segmentation, imagerie médicale, apprentissage, apprentissage en ligne, segmentation à base d'atlas

Résumé : La segmentation à base d'atlas est une technique de segmentation de haut niveau qui est devenue un paradigme standard pour exploiter les connaissances a priori dans la segmentation d'images. Des régions différentes du corps humain détectées sur l'imagerie médicale comme le cerveau ou la région pelvienne féminine, par exemple, sont connues d'être anatomiquement complexes et de grande variabilité d'un patient à un autre, ce qui rend difficile la tâche de segmentation utilisant les techniques de segmentation de bas niveau. Nous proposons, dans ce travail, une approche de segmentation automatique à base d'atlas utilisant l'apprentissage en ligne. L'approche proposée a été appliquée dans un premier temps pour la segmentation du cervelet humain à partir d'images IRM cérébrales 2D. Dans un deuxième temps, l'approche a été appliquée pour la segmentation des régions locales susceptibles d'être affectées par le cancer du col de l'utérus à partir d'images IRMs pelviennes féminines 3D.

L'approche de segmentation proposée se base sur une nouvelle technique de recalage qui utilise une procédure d'optimisation hybride basée sur une conception particulière d'algorithme génétique combinée à la méthode de la descente de gradient dans une stratégie multi-résolution. Les atlas utilisés dans ce travail ont été mis à notre disposition progressivement dans un ordre séquentiel. L'approche proposée est donc basée sur une méthode d'apprentissage automatique en ligne pour la construction de la base d'atlas et pour le processus de segmentation. Les expérimentations réalisées montrent une plus grande précision de l'approche proposée comparée à une technique de segmentation classique basée sur un ensemble d'atlas fixe et une technique de segmentation basée sur un seul atlas. Les résultats enregistrés sont également prometteurs comparés à ceux donnés par des méthodes de segmentation conventionnelles.

Title : Atlas based segmentation of medical images using online machine learning

Keywords : Segmentation, medical images, machine learning, online machine learning, atlas based segmentation

Abstract : Atlas-based segmentation is a high level segmentation technique which has become a standard paradigm for exploiting prior knowledge in image segmentation. Different regions of the human body detected on medical imaging such as the brain or the female pelvic region, for example, are known to be anatomically complex and of high variability which makes the segmentation task using low level segmentation techniques difficult. We propose, in this paper, an atlas based segmentation approach based on online machine learning. The proposed approach was first applied for the segmentation of the human cerebellum from 2D brain MRI images. The proposed segmentation approach is based on a new registration technique which uses a hybrid

optimization procedure based on a particular design of genetic algorithm combined with the gradient descent method within a multi-resolution strategy. The atlases used in this work are made available progressively in a sequential order. The suggested approach is, therefore, based on an automatic online learning method for the construction of the dataset of atlases and for the segmentation process. The performed experiments demonstrate the higher accuracy of the suggested approach compared to a segmentation technique based on a fixed dataset of atlases and a single-atlas-based segmentation technique. The performed experiments show also promising results compared to conventional segmentation methods..