



HAL
open science

Vers un système générique d'aide au diagnostic basé sur les images médicales : Application en Dermatologie et en Neurologie

Walid Barhoumi

► To cite this version:

Walid Barhoumi. Vers un système générique d'aide au diagnostic basé sur les images médicales : Application en Dermatologie et en Neurologie. Informatique [cs]. Université de la Manouba, 2006. Français. NNT: . tel-04191876

HAL Id: tel-04191876

<https://theses.hal.science/tel-04191876>

Submitted on 30 Aug 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.

N° d'ordre :

THÈSE

présentée devant

L'Université de la Manouba

pour obtenir le titre de

DOCTEUR en INFORMATIQUE

par

Walid BARHOUMI

Equipe d'accueil : GRIFT, Laboratoire : CRISTAL
Ecole Nationale des Sciences de l'Informatique

**Vers un système générique d'aide au diagnostic basé
sur les images médicales :
Application en Dermatologie et en Neurologie**

A soutenir le 28 Janvier 2006 devant le jury composé de :

M. : Mohamed BEN AHMED	Professeur Emérite (ENSI - Tunis)	Président
M. : Christian ROUX	Professeur (ENSTB - Brest)	Rapporteur
M. : Rafik BRAHAM	Professeur (ISITC – Hammam Sousse)	Rapporteur
M. : Habib ESSABBAH	Professeur (FMM - Monastir)	Membre
M. : Faouzi GHORBEL	Professeur (ENSI - Tunis)	Directeur de Thèse
M. : Ezzeddine ZAGROUBA	Maître de Conférences (ISI - Tunis)	Co-Encadrant

à l'âme de mon oncle **Fethi** qui m'a montré la voie

Remerciements

Je tiens à remercier tout particulièrement Monsieur Mohamed Ben Ahmed, Professeur Emérite à l'Ecole Nationale des Sciences de l'Informatique, pour avoir accepté de me faire l'honneur de présider le jury de thèse.

Je tiens à remercier tout particulièrement Monsieur Christian Roux, Professeur à l'Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications de Bretagne, et Monsieur Rafik Braham, Professeur à l'Institut Supérieur d'Informatique et des Technologies de Communications de Hammam Sousse, pour avoir accepté d'être rapporteurs de ma thèse.

En outre, je suis très sensible à l'honneur que me fait Monsieur Habib Essabbah, Professeur à la Faculté de médecine de Monastir, d'accepter de faire partie de mon jury de thèse, manifestant ainsi son intérêt pour mon travail.

Je tiens à remercier tout particulièrement Monsieur Ezzeddine Zagrouba, Maître de Conférences à l'Institut Supérieur d'Informatique, pour m'avoir encadré, mais aussi pour sa confiance, ses encouragements et son enthousiasme.

Je voudrais exprimer toute ma reconnaissance à Monsieur Faouzi Ghorbel, Professeur à l'Ecole Nationale des Sciences de l'Informatique, pour m'avoir accueilli au sein de l'équipe, pour m'avoir facilité toutes les tâches administratives et surtout pour son soutien moral.

Je remercie également tous les membres de l'équipe "Groupe de Recherche en Images et Formes de Tunisie" (Pôle "Image" du laboratoire "CRISTAL"), qui ont su instaurer une très bonne ambiance.

Je suis très reconnaissant à tous mes collègues de l'Institut Supérieur d'Informatique pour leurs encouragements. En particulier, je cite Mademoiselle Hanène Malki et Madame Ginette Kadhi pour leurs aides linguistiques.

Enfin, je remercie aussi amis et collègues qui par un conseil, un encouragement ou un sourire m'ont soutenu pour mener ce travail à son terme.

Table des matières

Remerciements	1
Table des matières	2
Introduction générale	7
1 Systèmes informatiques d'aide au diagnostic médical	13
1.1 Introduction	13
1.2 Synoptique d'un SADIM standard	14
1.3 Acquisition et pré-traitements des images médicales	15
1.3.1 Acquisition des images médicales	15
1.3.2 Problèmes liés à l'acquisition des images médicales	19
1.3.3 Pré-traitement des images médicales	22
1.3.3.1 Les opérateurs globaux	23
1.3.3.2 Les opérateurs ponctuels	24
1.3.3.3 Les opérateurs locaux	28
1.4 La segmentation	32
1.4.1 Les techniques de détection des contours	32
1.4.1.1 Les opérateurs différentiels	33
1.4.1.2 Les contours déformables	34
1.4.2 Les techniques de détection des régions	36
1.4.2.1 Les techniques de seuillage	36
1.4.2.2 Les techniques de croissance de régions	37
1.4.2.3 Les approches par morphologie mathématique	40
1.4.2.4 Les approches par division et fusion	41
1.4.3 Les techniques de classification	43
1.4.3.1 Les méthodes de classification floue	43
1.4.3.2 Les méthodes statistiques	44
1.4.3.3 Les techniques de satisfaction de contraintes	45
1.4.4 Les techniques d'intelligence artificielle	45
1.4.4.1 Les techniques des algorithmes génétiques	46

1.4.4.2	Les techniques de réseaux de neurones	46
1.4.5	Conclusion	47
1.5	Les processus de haut niveau	49
1.5.1	Caractérisation des lésions	50
1.5.2	Détection des lésions	50
1.5.3	Reconstruction 3D	50
1.5.4	Recalage	51
1.6	Conclusion	52
2	Modèle générique pour les systèmes d'aide au diagnostic basés sur les images médicales	53
2.1	Introduction	53
2.2	Notre Modèle générique pour les SADIMs	54
2.2.1	Élément d'information	54
2.2.2	Architecture de notre MGSADIM	55
2.3	EI Observation - Observation	58
2.3.1	Débruitage de l'image médicale	58
2.3.2	Rehaussement de la zone d'intérêt	59
2.4	EI Observation - Primitive	60
2.4.1	Cas d'une seule région d'intérêt	61
2.4.1.1	Rehaussement de la région d'intérêt	62
2.4.1.2	Détermination du pixel germe	66
2.4.1.3	Agrégation des pixels	66
2.4.2	Cas de plusieurs régions d'intérêt	68
2.4.2.1	Classification floue	69
2.4.2.2	Segmentation hiérarchique en régions par seuil- lage adaptatif	75
2.4.2.3	Principe de la segmentation d'une région	76
2.4.2.4	Choix du seuil de partition d'une région	77
2.4.2.5	Critères d'arrêt de la construction hiérarchique	82
2.4.2.6	Avantages de notre approche de segmentation	84
2.5	EI Primitive - Décision	85
2.5.1	EI Primitive - Description	86
2.5.1.1	L'approximation polygonale	86
2.5.1.2	Les algorithmes génétiques	87
2.5.1.3	Notre algorithme d'approximation polygonale	93
2.5.2	EI Description - Décision	98
2.5.2.1	Architecture du perceptron	100
2.5.2.2	Algorithme d'apprentissage	101
2.6	Conclusion	102

3	Cas d'une seule région d'intérêt : Application en diagnostic du mélanome	105
3.1	Introduction	105
3.2	Présentation du cadre de l'application	105
3.2.1	La maladie du mélanome	105
3.2.2	Intérêt d'un système d'aide au diagnostic	107
3.3	Notre solution	108
3.4	EI Objet - Observation	108
3.5	EI Observation - Observation	110
3.5.1	Débruitage de l'image médicale	111
3.5.2	Suppression des poils	112
3.5.3	Rehaussement de la zone d'intérêt	115
3.5.4	Discussion des résultats	117
3.6	EI Observation - Primitive	118
3.6.1	Rehaussement de la région d'intérêt	118
3.6.2	Détermination du pixel germe	120
3.6.3	Agrégation des pixels	121
3.6.4	Discussion des résultats	123
3.7	EI Primitive - Décision	123
3.7.1	EI Primitive - Description	124
3.7.1.1	Sélection des attributs	126
3.7.1.2	Quantification de l'asymétrie (A)	129
3.7.1.3	Quantification de l'irrégularité du bord (B)	131
3.7.1.4	Quantification de la variation de la couleur (C)	137
3.7.2	EI Description - Décision	138
3.7.2.1	Implémentation du réseau de neurones	139
3.7.2.2	Expérimentations et résultats	140
3.8	Conclusion	142
4	Cas de plusieurs régions d'intérêt : Application au cancer du cerveau	145
4.1	Introduction	145
4.2	Présentation du cadre de l'application	145
4.3	Notre solution	146
4.4	EI Objet - Observation	147
4.5	EI Observation - Observation	149
4.6	EI Observation - Primitive	150
4.6.1	Classification floue	150
4.6.1.1	Les composantes des vecteurs descriptifs	150
4.6.1.2	Le nombre de classes	151
4.6.1.3	La norme de la distance	152

4.6.1.4	Le facteur de floue	153
4.6.2	Segmentation en régions	153
4.7	EI Primitive - Décision	154
4.8	Conclusion	156
Conclusion générale		157
A Principes de base de la théorie de l'évidence		161
A.1	Introduction	161
A.2	Concepts de base	162
A.3	Combinaison des sources	164
Glossaire		165
Bibliographie		166
Table des figures		189
Liste des tableaux		193
Index		195

Introduction générale

La médecine est une discipline scientifique certes mais elle est aussi une discipline d'action qui requiert souvent une prise de décision. Ce processus résulte de la confrontation d'un problème réel à l'expérience acquise et à un corpus de connaissances théoriques. Depuis deux siècles, le développement rapide de toutes les sciences et techniques a permis à la médecine de connaître un essor extraordinaire. Le clinicien a aujourd'hui à sa disposition, pour l'assister dans ses tâches une pléthore de données, notamment des images médicales. En contrepartie, il est difficile d'exploiter au mieux la très grande quantité de données disponibles, car cela constitue une tâche laborieuse pour le médecin. C'est à ce niveau là qu'intervient l'outil informatique dont le rôle consiste à traiter et à analyser automatiquement l'information. Plusieurs catégories de systèmes informatiques peuvent participer à diverses phases de l'activité quotidienne du médecin tels que les systèmes de banques de données, les systèmes d'aide à l'enseignement et enfin les systèmes d'aide à la décision. Ces derniers ont l'ambition d'assister le clinicien en reproduisant le raisonnement humain. En effet, une décision suppose la confrontation et l'application d'un modèle de connaissance à un cas du monde réel dans le but d'effectuer un choix. Elle met en jeu trois types d'informations à savoir les faits observés, les connaissances théoriques (le savoir) et l'expérience acquise au cours de l'exercice médical (le savoir-faire).

Généralement, on peut distinguer trois grandes classes de systèmes informatiques d'aide à la décision médicale qui se distinguent par leur degré de participation au processus de la décision prise par les cliniciens. Plus le système est intégré dans l'acte de décision, plus il est actif, tout en devant être en contrepartie défini avec le maximum de délicatesse et de fiabilité.

La première classe concerne les systèmes *d'aide indirecte à la prise de décision*. D'un côté, ces systèmes permettent au médecin, lors de son activité quotidienne, d'accéder aux données personnalisées relevant du patient et ceci en apportant une aide quant à l'accès aux données ainsi qu'à leur gestion. D'un autre côté, ils permettent au médecin, dans les cas difficiles lorsque la solution n'est pas évidente, d'accéder au savoir médical sans intégrer les données du patient.

La deuxième classe concerne les systèmes, dits *de rappels automatiques*, qui permettent de rappeler au médecin des éléments importants à prendre en compte pour la décision. Ces systèmes, qui sont plus actifs que les précédents, offrent aux cliniciens un aide-mémoire fournissant une information utile dans une situation facile à définir a priori.

La dernière classe est celle des systèmes *consultants*. Ces systèmes cherchent à donner un avis de spécialiste devant une situation médicale définie. L'avis peut être de nature diagnostique, thérapeutique ou pronostique. Pour ce faire, deux modes de dialogue sont possibles : un mode *interactif* où s'enchaînent questions et réponses et un mode *programmé* où après avoir reçu un bloc d'informations initiales, le système n'émet qu'une réponse finale. Le support de dialogue est généralement constitué de textes ou de nombres, mais de nos jours, il met de plus en plus en jeu des informations plus riches et plus complexes telles que les signaux, les sons et/ou les images.

Dans le cadre de cette thèse, nous nous intéressons à la classe des systèmes consultants d'aide à la décision médicale qui aboutit à un avis de type diagnostique. On parle alors de systèmes d'aide au diagnostic (SAD). Le mode de dialogue du système d'aide au diagnostic médical que nous avons utilisé est le mode programmé. Le support de dialogue entre le clinicien et l'ordinateur est exclusivement basé sur les images médicales. Ainsi, nous avons baptisé un tel système : *système d'aide au diagnostic basé sur les images médicales (SADIM)*.

Depuis une vingtaine d'années, l'utilisation routinière des images médicales s'est démocratisée et elle a pris une place considérable dans l'activité quotidienne des médecins. Ces images médicales fournissent des informations pertinentes sur la forme et le fonctionnement des organes du corps humain. Les médecins ont recours aux images médicales non seulement pour établir ou affiner leur diagnostic, mais aussi pour suivre et guider l'effet de leurs traitements thérapeutiques sans avoir pour autant recours à des explorations invasives. En effet, une pathologie peut se manifester sur une image clinique à travers :

- une différence entre la forme habituellement examinée et la forme nouvelle : fracture osseuse par exemple ;
- une variation de la valeur d'un paramètre, représentant un symptôme d'anomalie, à l'intérieur d'un organe : les différents exemples de tumeurs ;
- une texture inhabituelle : l'ostéoporose par exemple ;

- un contraste anormal entre un organe et ses voisins : anomalie de l'irrigation du muscle cardiaque par exemple.

Cependant, les informations incluses dans les images médicales sont malheureusement extrêmement difficiles à extraire et à exploiter de manière quantitative et objective. En effet, la quantité des données disponibles relatives à chaque patient devient de plus en plus grande nécessitant de la sorte soit plus de temps d'analyse, soit une sélection très restrictive des données à utiliser. L'informatique, qui permet d'automatiser et d'accélérer en partie la tâche de traitement des informations, prend alors toute sa place dans l'univers médical moderne, notamment en ce qui concerne le traitement et l'analyse des images médicales. En revanche, la possibilité du traitement informatique des images est l'un des avantages majeurs de l'utilisation de l'imagerie médicale. L'outil informatique permet de faciliter l'acquisition des images médicales et de réduire leurs dimensionnalités. Les traitements informatiques offrent aussi la possibilité de mesurer des informations statistiques notamment grâce à la relation entre les intensités des pixels dans les images et les caractéristiques physiques des tissus qui peuvent être même reliés aux phénomènes physiologiques. Ces informations permettent d'évaluer des mesures photométriques et morphologiques mettant en évidence les signes cliniques des pathologies. De plus, la géométrie cartésienne des images permet d'extraire des mesures géométriques, qui peuvent être très utiles lors du processus de diagnostic, et de réaliser des reconstructions volumiques. L'apport de l'informatique à ce niveau réside essentiellement dans la possibilité de fournir des mesures exactes contrairement à celles données par les radiologues qui restent toujours approximatives.

L'objectif d'un SADIM est d'optimiser l'exploitation des images médicales pour le plus grand bénéfice du patient et du médecin. Un tel système vise à extraire, à partir d'une image médicale, l'information nécessaire pour apporter de l'aide aux praticiens lors de leurs exercices cliniques. En effet, les SADIMs ne peuvent qu'apporter une amélioration des conditions de travail des médecins. Toutefois, avant de mettre en place une nouvelle technologie, il est important de juger si elle apporte un bénéfice en terme de santé. La littérature scientifique est très riche en réalisations de SADIMs exploités en diverses applications médicales. Seulement, chacun des systèmes existants n'est dédié qu'à une seule application médicale relative à un secteur médical particulier et à une pathologie précise. Certaines des applications existantes sont adaptées uniquement à des modalités bien particulières d'imagerie médicale (IRM, CT, TEP, ...). Ainsi, on trouve les systèmes d'aide au diagnostic adaptés aux pathologies cérébrales, aux pathologies cardiaques, aux pathologies osseuses, aux cancers de peau, aux cancers des seins, etc. A notre connaissance, ceci revient à dire qu'un SADIM pouvant s'adapter à

toute application médicale indépendamment de toute contrainte et de tout domaine n'existe toujours pas. L'apport de notre travail s'inscrit dans ce cadre en cherchant à mettre en place un modèle générique capable d'assurer cette fonction pour différentes applications médicales. En plus, nous mettrons en oeuvre ce modèle générique dans le cadre de deux applications médicales réelles qui sont assez représentatives et significatives dans le domaine : la première consiste à réaliser un système de dépistage du mélanome et la deuxième concerne la détection des zones tumorales dans les images IRM du cerveau humain.

La suite de ce manuscrit est organisée en quatre chapitres. Dans le **chapitre 1**, nous réalisons une étude des différents concepts et techniques utilisés en littérature pour la réalisation des SADIMs.

Dans le **chapitre 2**, nous présentons notre modèle générique des systèmes d'aide au diagnostic basé sur les images médicales (*MGSADIM*). La modélisation proposée est défini comme une succession de quatre éléments d'information (EI). Le premier est l'“*EI Objet-Observation*” faisant le lien entre les objets du monde réel et l'espace des observations du capteur utilisé. Il correspond au processus d'acquisition de l'image. Le deuxième EI est l'“*EI Observation-Observation*” qui cherche à présenter une observation plus adaptée à l'application et plus simple à manipuler. Cet EI correspond au pré-traitement de l'image acquise par le EI précédent afin d'améliorer sa qualité. Le troisième EI est l'“*EI Observation-Primitive*” qui réduit la dimension de l'espace d'observation tout en maintenant un niveau de représentativité assez élevé. Cet EI correspond au processus de segmentation qui cherche à représenter l'image sous la forme d'un ensemble de primitives. En imagerie médicale, ce processus relève d'un problème d'extraction d'une zone d'intérêt (ZI) représentant la partie du corps à traiter. Pour ce faire, nous proposons deux méthodes en fonction de la composition de la zone d'intérêt d'une ou de plusieurs régions. Le dernier élément d'information de notre système est l'“*EI Primitive-Décision*”. Cet EI met en oeuvre un réseau de neurones de type perceptron pour associer les primitives aux différentes décisions ce qui revient à attribuer à la forme une étiquette associée à une famille. Cet EI peut être divisé en deux EIs dans le cas où la prise de décision à partir de l'observation des primitives est impossible. Ceci impose l'introduction d'un EI intermédiaire dont le rôle est de définir chaque primitive par un ensemble de descripteurs permettant la prise de décision. Ainsi, ce dernier EI peut être décomposé en un “*EI Primitive-Description*” et un “*EI Description-Décision*”. Toutefois, en ce qui concerne le calcul des caractéristiques géométriques des primitives, une méthode d'approximation polygonale basée sur les algorithmes génétiques a été envisagée.

Dans les deux chapitres suivants, nous mettons en oeuvre notre modèle générique dans le cadre de deux applications représentatives dans le domaine médical. En effet, dans le **chapitre 3**, nous présentons une application de la première approche de segmentation (cas d'une seule région d'intérêt). Il s'agit de la réalisation d'un système de dépistage du mélanome permettant l'aide au diagnostic pour les dermatologues.

Le **chapitre 4** illustre une application de la deuxième approche de segmentation (cas de plusieurs régions d'intérêt). Nous réalisons la détection d'une zone tumorale, définie par un ensemble de régions, à partir d'une image par résonance magnétique du cerveau humain.

Enfin, nous concluons par un ensemble de commentaires relatifs au modèle générique que nous avons proposé et ce dans le but d'en montrer les apports et les avantages. Néanmoins, notre modèle présente des imperfections dont l'amélioration peut faire l'objet des perspectives à envisager.

Chapitre 1

Systemes informatiques d'aide au diagnostic médical

1.1 Introduction

Dans le domaine médical, plusieurs outils peuvent être offerts par les techniques d'aide au diagnostic basées sur les images médicales. Cependant, le processus de diagnostic est un processus sous incertitude. En effet, dans un grand nombre de situations, la décision doit être prise alors que l'information est encore incomplète ou incertaine. Ainsi, il faut toujours prendre en considération cette incertitude lors de la réalisation d'un système informatique d'aide au diagnostic basé sur les images médicales (SADIM). Les principales sources d'incertitude sont :

1. l'incertitude sur les faits : la description de l'état présent n'est jamais parfaite, soit par manque de moyens ou de temps, soit par mauvaise interprétation d'un symptôme, d'un signe ou d'un résultat ;
2. l'incertitude des mesures instrumentales par manque de résolution : une telle incertitude se voit dans l'appréciation de la taille d'une tumeur et dans l'éventuel envahissement des organes du voisinage ;
3. la variabilité individuelle et la variabilité liée aux opérateurs.

De plus, plusieurs contraintes pèsent sur la diffusion des SADIMs. Une de ces contraintes est la fiabilité de l'interface homme-machine (IHM). Cette interface, qui conditionne largement l'acceptabilité des systèmes interactifs, doit être assez réactive et assez simple d'emploi pour s'intégrer facilement dans les conditions de travail des cliniciens. En plus, la sécurité de ces systèmes (fiabilité, protection contre les erreurs de manipulation, absence de résultats dangereux) est une contrainte majeure dès lors que le pronostic vital peut être engagé. Enfin, le système

doit être évalué, ce qui implique éventuellement les critères d'ergonomie et de pertinence vis-à-vis des objectifs tracés.

Nous allons poursuivre ce chapitre par la présentation de la synoptique générale d'un système standard d'aide au diagnostic basé sur l'analyse des images médicales. Ensuite, nous synthétisons l'état de l'art des différents concepts et techniques utilisés pour la réalisation de chaque module d'un SADIM.

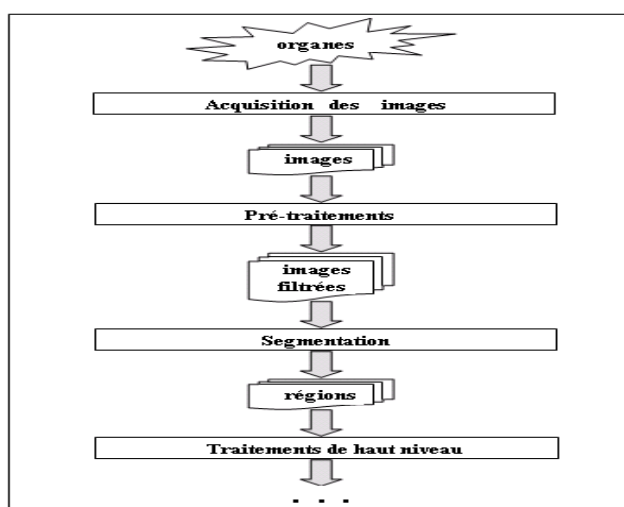


FIG. 1.1 – Synoptique générale d'un SADIM standard.

1.2 Synoptique d'un SADIM standard

L'objectif d'un SADIM est de fournir de l'aide au diagnostic des cliniciens à partir des images médicales. Ceci passe éventuellement par un processus standard d'analyse d'images dans le but d'extraire les organes ou les tissus en question, et d'un processus, dit **de haut niveau**, plus spécifique à l'application visée par le médecin (FIG 1.1). Le principe du processus d'analyse d'images est d'extraire une information pertinente à partir des données brutes. Ce processus peut être décomposé en plusieurs étapes comme le montre la figure FIG 1.1. La première étape concerne la modélisation d'une image. Ceci revient à l'**acquisition d'une scène** en discrétisant l'image réelle continue par l'intermédiaire d'une fonction descriptive (le *niveau de gris* ou la *couleur*) mesurant le phénomène physique sous-jacent [Mal92]. Cette discrétisation entraîne une perte d'information et pose des problèmes d'ordre technique liés à l'illumination et à la texture par exemple. Étant bruitées ou floues, ces images doivent passer par des **pré-traitements** avant toute

opération de détection afin de restaurer l'information dégradée. Ensuite vient la phase la plus importante et la plus difficile du processus d'analyse d'images : la **segmentation**, qui consiste à définir les différentes régions de l'image. Cette étape doit permettre l'interprétation de la scène aussi bien que ferait l'observateur humain. Nous allons revenir dans les sections suivantes avec plus de détails sur les divers concepts et techniques utilisés pour chacune des étapes d'un SADIM.

1.3 Acquisition et pré-traitements des images médicales

Les images traitées proviennent de domaines d'application variés et elles sont de dimensions différentes et acquises par diverses modalités. Le processus physique d'acquisition des images médicales est souvent accompagné par des distorsions d'origines diverses. Ces distorsions se traduisent par l'apparition dans les images d'un certain nombre de dégradations. Ceci nécessite un ensemble de pré-traitements dans le but de restaurer l'information dégradée.

1.3.1 Acquisition des images médicales

Jusqu'au début des années 1970, la seule modalité d'acquisition des images médicales était l'examen radiologique sur film qui comporte un certain nombre de limitations intrinsèques [Mal92]. Avec l'apparition de nouvelles techniques d'imagerie, l'acquisition des images s'est considérablement améliorée. L'information obtenue est désormais numérique, ce qui lui confère un caractère quantitatif. Ces techniques d'imagerie sont généralement développées pour permettre la visualisation de l'intérieur du corps humain sans être obligé de recourir à la chirurgie. D'autres techniques d'imagerie sont développées dans le but de visualiser l'extérieur du corps humain avec plus de perception de couleurs que ne le permet l'œil humain. Selon le domaine d'application médicale, les critères de qualité de l'image informative diffèrent. Pour l'endoscopie, la dermatologie ou l'anatomopathologie, la couleur est essentielle. Dans d'autres applications (niveaux de gris fixes), la résolution et le contraste sont prioritaires. Dans l'imagerie cardiaque ou échographique (niveaux de gris dynamiques), le mouvement est essentiel.

Dans la pratique, diverses techniques permettent de prendre des images de l'intérieur ou de l'extérieur du corps humain. Ces techniques ne permettent pas toutes d'illustrer le même organe et sont principalement [CJ93] :

1. **la radiologie numérisée** : cette technique consiste à projeter sur un film radiosensible des rayons X en interposant la partie du corps que l'on veut

étudier. Le résultat est fixé sur un film photosensible (radiologie conventionnelle) qui sera ensuite numérisé en une image. Les rayons X ne sont pas absorbés de la même façon par les différents tissus, et si certains absorbent presque tous les rayons X comme les os par exemple, d'autres laissent passer quasiment tous les rayons X, comme la peau par exemple. Cette technique est principalement utilisée pour l'angiographie.

2. **la Tomodensitométrie ou Scanner X** : cette technique utilise le même principe de la radiologie numérisée. Toutefois, l'image finale n'est plus une projection du volume sur un plan, mais une coupe de volume reconstruite d'après ses projections (FIG 1.2). Cette technique est principalement utilisée pour la détection des tumeurs cancéreuses, la localisation des oedèmes, les pathologies osseuses, etc.



FIG. 1.2 – Image mammographique du sein (Scanner X).

3. **la Scintigraphie et Gammagraphie** : cette imagerie, dite aussi imagerie de médecine nucléaire, est la plus invasive puisqu'elle nécessite l'injection d'un traceur radioactif dans le sang. Le principal avantage de cette modalité est qu'elle permet d'obtenir des images de la fonction métabolique des organes étudiés. Parmi les applications médicales de cette technique, nous citons les pathologies du cerveau (tumeurs, débit sanguin, troubles du transit du liquide céphalo-rachidien), les pathologies du squelette (métastases, infections, certaines tumeurs), les pathologies du thyroïde (nodules et hyperplasies), les pathologies du foie et de la rate (tumeurs, hématomes), etc.
4. **l'imagerie ultrasonore échographie** : cette méthode semble pour l'instant la plus pratique, tant pour le corps médical (maniable et peu coûteuse) que pour le patient (indolore et sans dangers). Elle utilise les ultrasons en

envoyant une impulsion dans une direction donnée et en mesurant le temps que met l'écho pour revenir à la source (FIG 1.3). Ceci permet de calculer la distance à l'obstacle lorsqu'on connaît la vitesse de déplacement des ondes dans le milieu observé. Cette méthode s'applique en obstétrique, en cardiologie, en gastroentérologie, en urologie, etc.



FIG. 1.3 – Image échographique d'une femme enceinte (10 semaines de grossesse).

5. **l'imagerie par résonance magnétique (IRM)** ¹ : cette technique a connu un essor prodigieux tout au long de ces dernières années, grâce à la qualité et à la diversité des images (des coupes sur n'importe quel plan de l'espace) qu'elle offre aux praticiens. Elle exploite la résonance magnétique des noyaux d'hydrogène qui se trouvent en grande quantité dans le corps humain. En leur appliquant des champs magnétiques qui vont changer leur orientation, on peut mesurer leur densité dans une région de l'espace et estimer les paramètres de relaxation caractérisant les tissus. Il est important de noter que l'IRM est un procédé d'imagerie très jeune, qui continue d'être étudié et amélioré dans plusieurs applications. Par exemple, l'IRM devient un outil privilégié pour l'étude du cerveau, auquel l'émergence des techniques d'IRM fonctionnelle offre la possibilité de "cartographier" l'activité du cerveau (FIG 1.4).

¹MRI en anglais pour Magnetic Resonance Imaging.

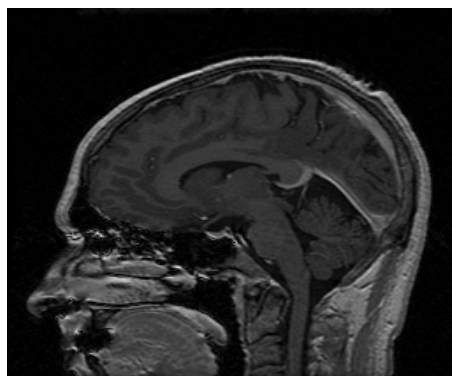


FIG. 1.4 – Une image IRM de la tête.

6. **l'imagerie couleur** : dans plusieurs domaines médicaux (Dermatologie, ORL², Médecine dentaire, etc) le clinicien fait son diagnostic d'après plusieurs critères dont la couleur. Or l'oeil humain distingue deux à trois douzaines de nuances de gris et plus de mille couleurs. L'utilisation de l'image numérique en vraies couleurs permet la distinction de plus de seize millions de couleurs et ce nombre peut évoluer très rapidement avec l'évolution du matériel informatique (FIG 1.5). Ainsi, l'ordinateur peut utiliser d'autres informations que l'oeil humain ne peut pas donner.

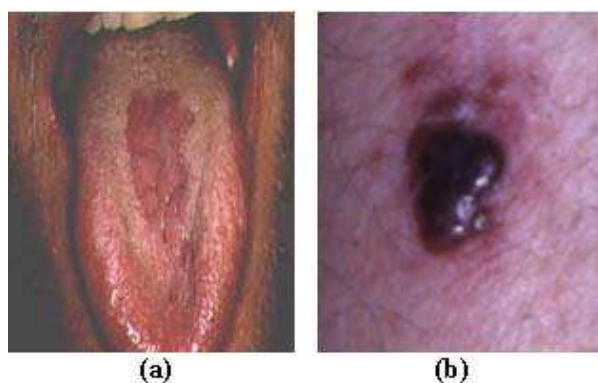


FIG. 1.5 – Une image couleur a- d'une lésion de la langue, b- d'une lésion de la peau.

Toutefois, il est important de relativiser l'impact des images médicales. Comme on vient de le voir, elles sont d'une aide précieuse et souvent indispensable. Cependant, elles ne remplacent en aucun cas le médecin. De plus, il ne faut jamais oublier

²Oto-Rhino-Laryngologie.

que si, dans la plupart des cas, elles permettent de voir ce qui est invisible dans le corps humain, plusieurs problèmes peuvent perturber ou voiler la réalité puisque il n'est pas toujours possible de tirer l'information recherchée à partir des images. Ces problèmes sont principalement liés aux distorsions géométriques, aux occultations d'objets et aux dépendances des conditions d'éclairage. Par ailleurs, en plus du coût énorme de l'imagerie médicale dû essentiellement à l'installation et à la maintenance des équipements, il est important de remarquer que l'exposition durable à la radioactivité (radiographie, Scanner X) ou à des champs magnétiques forts (IRM) peut avoir des conséquences mal connues à long terme.

1.3.2 Problèmes liés à l'acquisition des images médicales

Le processus physique d'acquisition des images médicales est souvent accompagné par des distorsions d'origines diverses. Ces distorsions se traduisent par l'apparition dans les images d'un certain nombre de dégradations. D'un côté, ces dégradations peuvent être déterministes (systématiques) et elles se traduisent par une atténuation du contraste et une apparition du flou. De l'autre côté, elles peuvent être aléatoires (statistiques) et dans ce cas elles sont dues essentiellement au bruit intervenant lors de la formation des données. Il est intéressant de noter que les images médicales contiennent des imperfections qui les rendent parfois difficiles à exploiter surtout d'une façon automatique par le biais de programmes informatiques. Les principales sources de ces imperfections sont :

1. **la présence des informations inutiles** : une image médicale représente souvent une zone plus large que celle de la pathologie étudiée. Ceci peut dégrader les résultats du traitement de l'image et notamment ceux de la segmentation. Par exemple, une image mammographique MLO³ du sein est souvent caractérisée par la présence d'un muscle (dit muscle pectoral) dans l'un de ses coins. Ce muscle n'apporte aucune information pertinente pour le diagnostic et possède une couleur très semblable à celle des lésions. Ceci peut fausser le processus de segmentation en détectant ce muscle comme une partie d'une lésion. De là, plusieurs travaux [FBZ04] procèdent à la suppression du muscle pectoral de l'image en se basant sur la transformée de Hough (FIG 1.6). Un autre exemple concerne les images IRM du cerveau qui sont souvent caractérisées par la présence d'un fond aux alentours du cerveau. Ce fond n'apporte aucune information utile et il ralentit en contrepartie le processus d'analyse de l'image. Ainsi, la plupart des travaux procèdent à la suppression de ce fond par la technique des contours déformables [KWT88] afin d'isoler le cerveau sujet de l'analyse médicale (FIG 1.7).

³Medio-Lateral-Oblic.

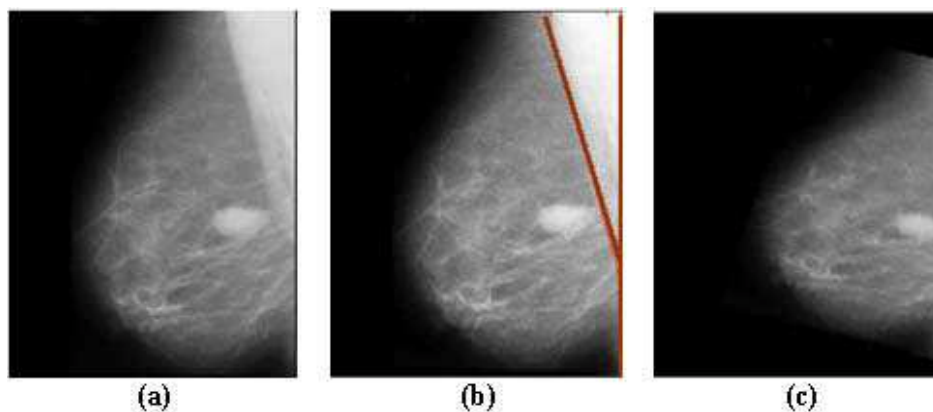


FIG. 1.6 – Suppression du muscle pectoral d'une image *CT* mammographique (MLO). a- image originale, b- détection du muscle pectoral par la transformée de Hough, c- rotation de l'image.

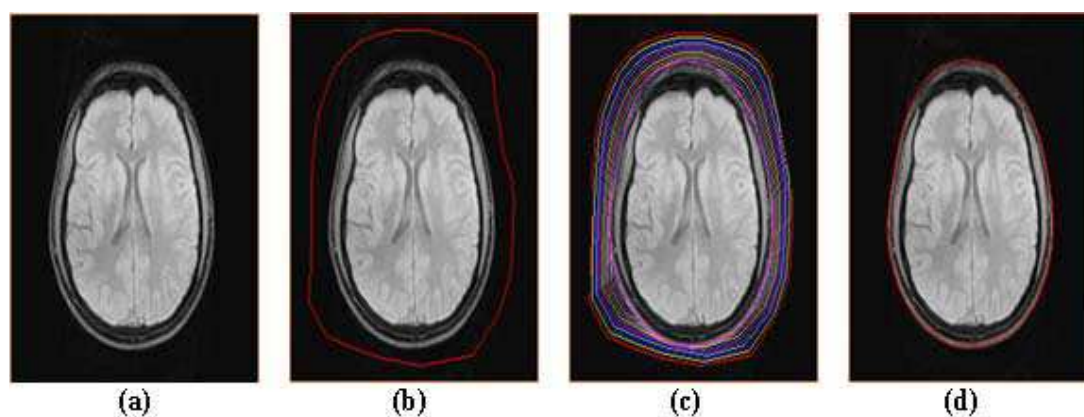


FIG. 1.7 – Isolation du cerveau dans une image IRM par les contours actifs. a- image originale, b- contour initial du cerveau, c- évolution du contour, d- délimitation du contour du cerveau.

2. **le bruit de mesure** : l'acquisition d'une image médicale est sujette au bruit aléatoire appelé *bruit de mesure*. Ce bruit peut être provoqué, par exemple, par la production aléatoire des photons dans les images à rayons X. La présence d'un bruit de mesure se voit nettement lors d'un seuillage de l'image avec un seuil assez bas (FIG 1.8).

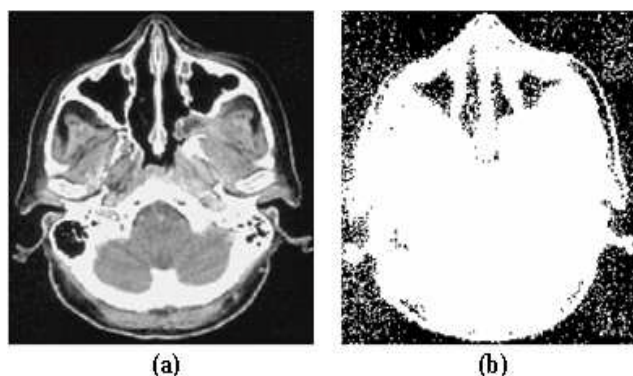


FIG. 1.8 – Bruit de mesure d’une image IRM du cerveau. a- image originale, b- image binarisée (*seuil* = 20).

3. **les artéfacts liés aux mouvements du patient** : les mouvements du patient (tête, yeux et peau) sont généralement une source d’artéfacts dans certaines images médicales surtout celles dont l’acquisition nécessite un temps d’exposition assez long (de l’ordre de quelques minutes) comme par exemple l’acquisition d’une succession de coupes IRM. En effet, pour la plupart des patients, il est difficile de ne pas bouger quelques organes, par réflexe (respiration et mouvements des yeux) (FIG 1.9)⁴ ou à cause de la maladie (FIG 1.10)⁵.

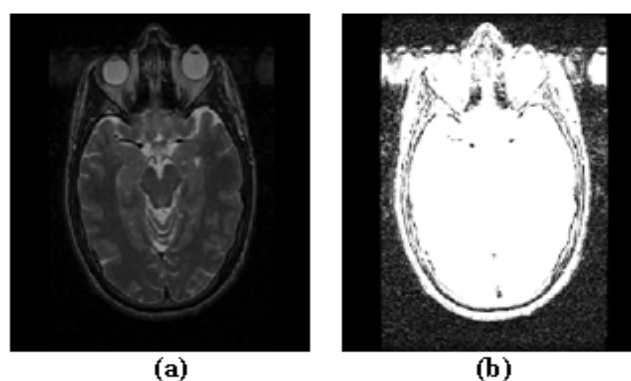


FIG. 1.9 – Bruit de mouvement dans une image IRM du cerveau dû au mouvement des yeux lors de l’acquisition. a- image originale, b- image binarisée (*seuil* = 20).

⁴Nous remercions les Docteurs radiologues Chanalet et Padovani, CHU Pasteur, Nice, France, qui nous ont fourni l’image originale.

⁵Images provenant de la base du Whole Brain Atlas du Havard Medical School, USA.

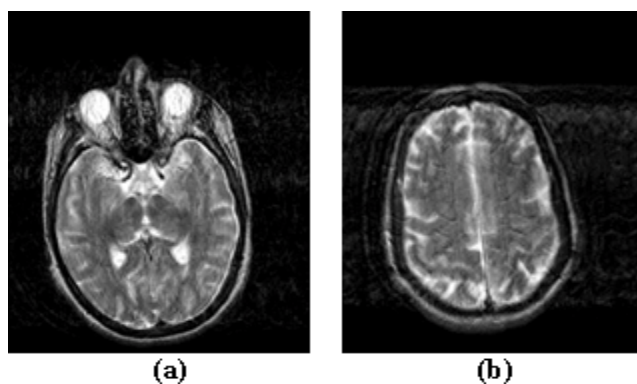


FIG. 1.10 – Images IRM bruitées de patients atteints de la maladie de Creutzfeldt-Jacob.

4. **les artefacts liés à la variation de la densité du corps humain** : la variabilité de la densité dans le corps humain peut produire des distorsions géométriques et intentionnelles qui provoquent des artefacts dans les images IRM [CF92]. Le même phénomène peut se produire dans les images ultrasonores à cause du changement de la vitesse de l'onde sonore lors du parcours des tissus ayant des densités distinctes.
5. **le Gibbs ringing** : ce phénomène vient d'un problème de numérisation du signal. Il entraîne des artefacts sous la forme de lignes parallèles à un contour net dans l'image [Rey02].

1.3.3 Pré-traitement des images médicales

Le pré-traitement d'une image médicale consiste à sélectionner dans l'espace de représentation l'information nécessaire au diagnostic. Cette sélection passe souvent par l'élimination du bruit dû aux conditions physiques d'acquisition, par la normalisation des données ainsi que leur homogénéisation (suppression des informations redondantes, superflues et inutiles). En effet, des problèmes liés à la résolution spatiale ou temporelle et aux distorsions géométriques perturbent ou voilent la réalité. Ceci rend difficile l'extraction de l'information pertinente à partir des images. Ainsi, la restauration des images médicales s'avère indispensable et vitale pour l'aide au diagnostic. Il s'agit de faire subir des traitements à l'image bruitée afin d'améliorer le plus possible sa qualité. Plusieurs techniques de restauration d'images médicales sont largement traitées dans la littérature. Nous distinguons trois sortes de traitements (appelés aussi opérateurs) pour la restauration des images médicales :

1. les opérateurs globaux où l'étendue de la transformation est toute l'image ;
2. les opérateurs ponctuels qui modifient ponctuellement les intensités des pixels (dits aussi points image ou tout simplement points) ;
3. les opérateurs locaux (sur un voisinage) où la nouvelle intensité d'un pixel est obtenue à partir des intensités de ses voisins.

1.3.3.1 Les opérateurs globaux

Ces opérateurs peuvent être fréquentiels ou spatiaux. Fréquentiellement, les phénomènes de dégradation sont caractérisés par la *fonction d'étalement de point PSF*⁶, appelée aussi *réponse impulsionnelle*, qui caractérise chaque outil d'acquisition. En effet, pour un modèle linéaire, l'image dégradée I' est modélisée par une convolution entre l'image originale I et la réponse impulsionnelle H du système et d'un bruit additif aléatoire η (1.1).

$$I'(x_1, \dots, x_n) = I(x_1, \dots, x_n) * H(x_1, \dots, x_n) + \eta(x_1, \dots, x_n) \quad (1.1)$$

Mathématiquement, la restauration d'une image est un problème inverse pour lequel I peut être déterminée à partir de la connaissance de I' et H . Ainsi, la connaissance a priori de H est essentielle pour reconstruire une estimée de I . Toutefois, une connaissance complète de H n'est pas toujours possible. De plus, quand la matrice H admet des valeurs propres très petites [GMKK97], une simple inversion entraîne une amplification inacceptable du bruit. En effet, quand l'inverse de H est utilisé pour déterminer I , ses valeurs propres causent l'amplification du bruit de haute fréquence dans I et par conséquent une estimation très bruitée de l'image est obtenue. De là, plusieurs méthodes de déconvolution aveugle (Blind Deconvolution) ont vu le jour dans le but de restaurer simultanément l'image et la PSF [BA01].

Parmi les opérateurs spatiaux les plus utilisés dans le pré-traitement des images médicales, nous citons la transformation de Karhunen-Loève (TKL)⁷ [Loè98], qui permet de rehausser les bords dans l'image en décorrélant les données en entrée. Pour ce faire, une base orthogonale est déterminée par une diagonalisation

⁶Pour Point Spread Function, en anglais.

⁷Aussi appelée *Hotelling Transformation* ou *Analyse en Composantes Principales* (ACP).

de la matrice de covariance de l'image. Ensuite, la matrice image est projetée sur cette base. En revanche, vu l'ordre décroissant des valeurs propres, la première composante principale (PCP) contiendra la variance maximale. La plus grande partie de la texture et de l'information de structure sera dressée dans la première composante principale, qui peut être donc utilisée comme une approximation de l'image originale. L'inconvénient majeur de cette transformation est qu'elle est fortement dépendante de la taille car elle rehausse les grands objets plus que les petits objets puisque ces derniers interviennent faiblement lors de l'estimation de la matrice de covariance. Ceci peut être résolu en considérant toutes les composantes principales lors de l'analyse et de l'interprétation de l'image. En effet, les autres composantes principales peuvent montrer des objets cachés dans l'image originale.

1.3.3.2 Les opérateurs ponctuels

Ces opérateurs cherchent à améliorer l'image en lui appliquant une transformation ponctuelle d'intensité. Cette transformation est souvent croissante de façon à conserver les contrastes entre les régions de l'image. Par exemple, une région claire sur un fond sombre apparaîtra encore plus claire que le fond dans l'image transformée. Du fait de leur caractère ponctuel, ces opérateurs n'affectent pas la forme des régions. Ils modifient seulement l'apparence visuelle. Parmi les techniques utilisées, nous citons :

1. **la méthode d'expansion de dynamique**⁸ [CP95] : cette méthode consiste à profiter au mieux de l'échelle disponible des intensités sur le système d'acquisition afin d'améliorer l'aspect visuel de l'image (FIG 1.11). Ceci revient à répartir les fréquences d'apparition des pixels sur la largeur de l'histogramme afin de répartir au mieux les intensités sur l'échelle des valeurs disponibles. Pour ce faire, à tout pixel d'intensité $I(i_1, \dots, i_n) \in [a, b]$: l'intervalle des intensités de l'image) on associe une intensité $\mathfrak{S}(i_1, \dots, i_n) \in [A, B]$: l'intervalle disponible) définie par l'équation suivante (1.2) :

$$\mathfrak{S}(i_1, \dots, i_n) = \alpha \cdot I(i_1, \dots, i_n) + \beta \quad (1.2)$$

$$\text{avec, } \alpha = \frac{B-A}{b-a} \text{ et } \beta = \frac{A \cdot b - B \cdot a}{b-a}.$$

⁸Aussi appelée linéarisation de l'histogramme ou étirement de l'histogramme.

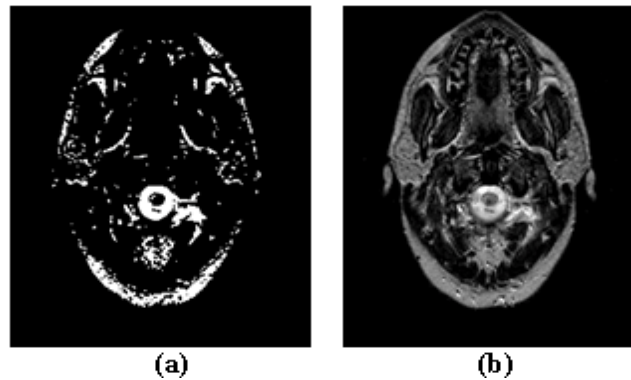


FIG. 1.11 – Expansion de la dynamique d’une IRM cérébrale. a- image originale, b- image transformée.

2. **la méthode d’égalisation de l’histogramme** : cette transformation consiste à rendre l’histogramme des intensités le plus plat possible. Elle implique l’augmentation de la gamme dynamique des pixels par allongement de leur distribution de probabilité de niveau de gris. Ceci permet d’augmenter les nuances dans l’image en renforçant le contraste sur les détails de l’image (FIG 1.12) ce qui rend la tâche de détection des contours plus simple [HRSC97].

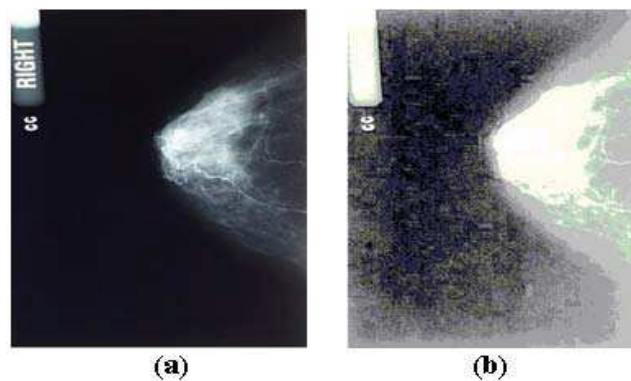


FIG. 1.12 – Egalisation d’histogramme d’une *CT* mammographique. a- image originale, b- image transformée.

A part la méthode d’égalisation de l’histogramme, ils existent d’autres techniques, plus récentes et plus performantes, d’augmentation du contraste qui sont basées sur l’analyse des histogrammes. Parmi lesquelles, nous avons adopté [FBZ04] la technique d’amélioration du contraste avec hyperboliza-

tion de l'histogramme flou⁹ [HB03], pour augmenter le contraste des microcalcifications dans les images mammographiques (FIG 1.13). En effet, ces images sont caractérisées par un faible contraste et la détection des microcalcifications est très difficile à cause de leurs tailles et de leurs existences sur un fond structuré.

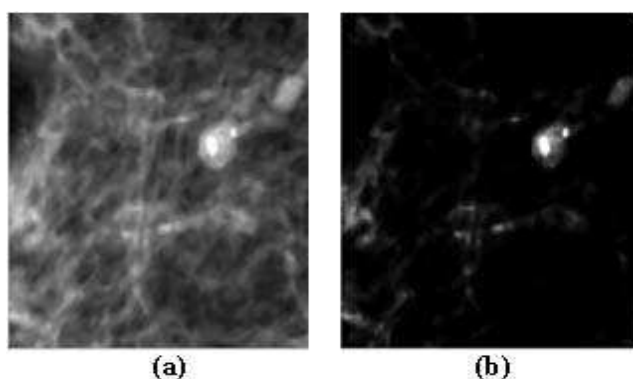


FIG. 1.13 – Amélioration du contraste par hyperbolization de l'histogramme flou dans une image mammographique de microcalcifications. a- image originale, b- image transformée.

3. les méthodes de transformation de l'espace de couleur : ces méthodes visent à améliorer la qualité d'une image couleur moyennant une transformation de l'espace de représentation de la couleur. La question souvent posée est de savoir si les images obtenues de manière artificielle sont suffisamment réalistes. Dans ce contexte, la transformation concerne l'utilisation optimale de la couleur en tant qu'information vectorielle, mais aussi psychovisuelle, par la prise en compte des spécificités du Système Visuel Humain (**SVH**) pour l'appréciation de la qualité des traitements. Cette quantification permet de normaliser et de réduire le nombre de couleurs par regroupement et donc d'accélérer le temps de traitement. L'utilisation du regroupement de couleurs permet alors une amélioration grâce à la réduction de la dimension de l'espace de représentation et grâce à l'introduction de mesures de distances plus réalistes dans un contexte de classification. Les méthodes utilisées dans la littérature sont adaptées à la nature des images et aux palettes de couleur souhaitables. Parmi les transformations les plus classiques qui représentent les images dans différents espaces de la couleur [Tao95], nous citons :

⁹Contrast Improvement with Fuzzy Histogram Hyperbolization.

- les transformations T issues de la normalisation (dites *systèmes primaires*) des composantes de l'espace RVB (Rouge, Vert et Bleu) dans un espace *rvb* (1.3). L'espace RVB est souvent considéré comme l'espace de couleur par défaut puisqu'il représente les couleurs que nous voyons quand nous regardons un moniteur de couleurs.

$$\forall C \in \{R, V, B\}, \quad c = T(C) = \frac{C}{R+V+B} \in \{r, v, b\} \quad (1.3)$$

- les transformations des modèles psychophysiques de la couleur (*systèmes perceptuels*), tels que le modèle **TLS** (Teinte, Luminance et Saturation) et **ITS** (Intensité, Teinte et Saturation) donnant des notions plus intuitives et insensibles aux ombres, à l'orientation des surfaces, à la direction et à l'intensité lumineuse [BB82].

D'autres transformations plus sophistiquées sont plus spécifiques à la nature de l'image traitée et à l'objectif du traitement. Par exemple, dans [CDSd98], les auteurs ont proposé, dans le but de préserver les dynamiques des couleurs dans des images RVB des lésions de la peau, d'utiliser une transformation linéaire sur la surface de la peau saine et sur la surface de la lésion. Ils ont utilisé un recalage photométrique par rapport à une "peau étalon" de manière à ce que la peau saine entourant toute la lésion, s'approche au mieux, au sens d'un critère photométrique, de la peau étalon (FIG 1.14). Ainsi, à partir des trois plans classiques de couleur, (R , V et B), on en déduit les trois plans R' , V' et B' définis par :

$$\forall C \in \{R, V, B\}, \quad C' = \frac{(C - \overline{C_S}) \cdot \sigma_{C_{ref}}}{\sigma_{CS}} + \overline{C_{Sref}} \quad (1.4)$$

où, $\overline{C_S}$ est la moyenne de C sur la région saine à recalcr, $\overline{C_{Sref}}$ est la moyenne de C sur la peau saine étalon, σ_{CS} est l'écart type de C sur la peau saine à recalcr et $\sigma_{C_{ref}}$ est l'écart type sur la peau saine étalon.

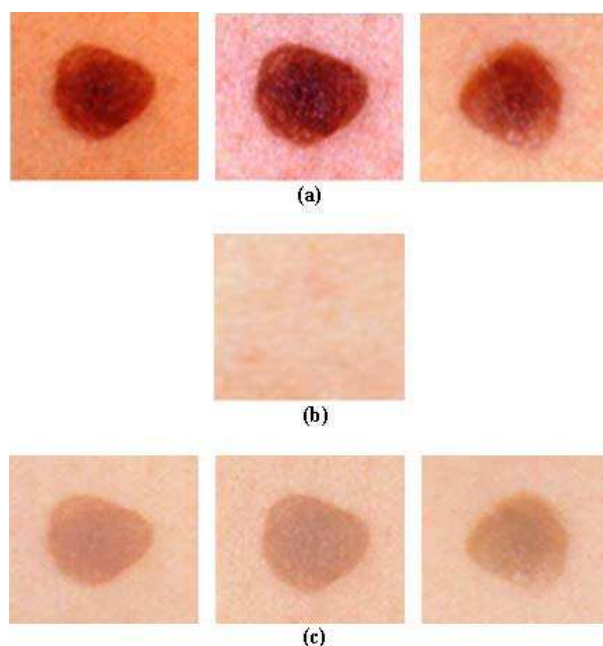


FIG. 1.14 – Correction photométrique des images couleur du mélanome (de [CDSd98] avec permission). a- Les images originales, b- La peau étalon, c- Les images recalées.

1.3.3.3 Les opérateurs locaux

Ces opérateurs, qui sont les plus utilisés dans la restauration des images médicales, définissent une nouvelle valeur de chaque pixel en examinant son voisinage. Les filtres paraissent comme les opérateurs locaux les plus répandus. Ces filtres peuvent être linéaires ou non-linéaires. Un des meilleurs exemples des filtres linéaires est le filtre de *Wiener* [GJ95] qui cherche à construire une estimée de l'image originale à partir d'un échantillon de mesures bruitées de manière à minimiser l'erreur quadratique moyenne d'estimation.

Le filtre médian est l'un des filtres non-linéaires les plus simples et les plus standards. Il assigne à chaque pixel de l'image la valeur médiane sur un voisinage d'une dimension donnée afin d'enlever les pointes du bruit qui couvrent seulement quelques pixels par rapport à la dimension du voisinage. Ce filtre peut s'adapter avec le type de l'image traitée et avec le type de l'information recherchée. Plusieurs versions du filtre médian, telles que SMF¹⁰ [VLM⁺00], ont été introduites et ont prouvé leur efficacité dans le débruitage de plusieurs types d'images médicales. A titre d'exemple, nous avons utilisé [BZSG03], pour le débruitage des images

¹⁰Selective Median Filter.

couleur du mélanome un filtre de type CWMF (*central weighted median filter*) [QCC94], avec un ensemble de masques linéaires et courbés (FIG 1.15), que nous avons séparément appliqués sur les trois composantes couleurs (R,V,B) de l'image. Le CWMF est un filtre médian pondéré qui met plus de poids sur le pixel central en ajoutant des copies de ce pixel lors du calcul de la valeur médiane. Il permet ainsi de supprimer le bruit impulsif tout en gardant les informations contours (lignes droites et coins aigus) grâce aux masques linéaires et courbés (FIG 1.16).



FIG. 1.15 – Les 8 masques linéaires et courbés utilisés par le CWMF.

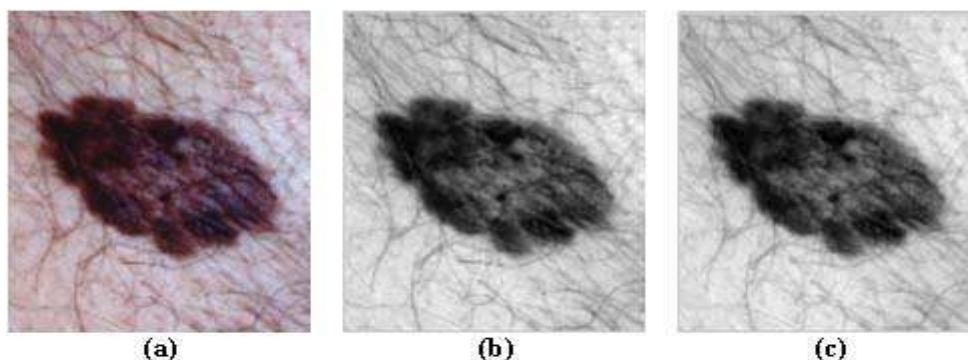


FIG. 1.16 – Pré-traitement d'une image couleur d'une lésion de la peau. a- image couleur, b- composante rouge (R) de l'image, c- Lissage de R par le CWMF.

Toutefois, mis à part les filtres, plusieurs autres opérateurs locaux ont prouvé leur intérêt dans la restauration des images médicales. Nous présentons dans ce qui suit les approches qui nous ont paru assez performantes.

1. **les opérateurs morphologiques** : l'originalité et la simplicité de la morphologie mathématique proviennent du fait qu'une large classe d'opérateurs peut être représentée comme une combinaison de deux simples opérations : l'érosion et la dilatation [HO97]. D'un côté, l'érosion d'une image réduit les "pics" des intensités et élargit les "vallées". Elle tend donc à homogénéiser l'image, à l'assombrir et à étaler les bords des objets les plus sombres. De l'autre côté, la dilatation est l'opération duale à l'érosion qui comble les vallées et épaisit les pics : elle homogénéise l'image, l'éclaircit et tend

à faire disparaître les objets sombres. En considérant ces deux transformations de base, d'autres opérations plus complexes peuvent être définies telles que l'ouverture et la fermeture. L'ouverture, qui consiste en une érosion suivie d'une dilatation, supprime les pics mais préserve les vallées, homogénéise l'image mais préserve les objets sombres. Par contre, la fermeture, qui consiste en une dilatation suivie d'une érosion, comble les vallées, homogénéise et éclaircit l'image. En outre, à partir des ouvertures et des fermetures, il est possible de définir d'autres opérateurs morphologiques servant les pré-traitements des images médicales. En l'occurrence, nous avons choisi d'appliquer une technique de la morphologie mathématique nommée la *transformation de chapeau haut de forme blanc*¹¹ pour la suppression des variations lentes du fond dans les images mammographiques afin de faciliter la détection des lésions [FBZ04]. En effet, le chapeau haut de forme blanc permet la détection des zones claires des images par une soustraction de la version filtrée passe-bas de l'image de son originale (FIG 1.17).

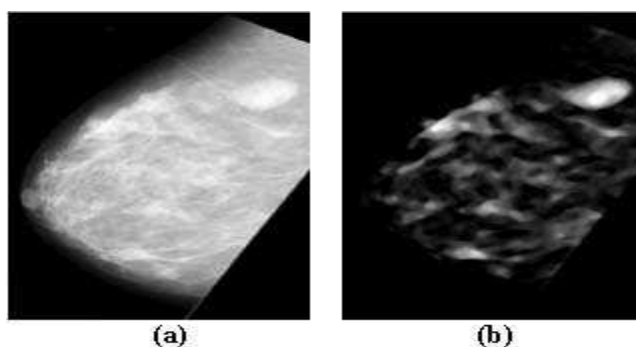


FIG. 1.17 – Suppression des variations lentes des niveaux de gris du fond par la transformation de chapeau haut de forme. a- image originale de microcalcifications mammaires, b- image transformée.

2. **la diffusion anisotrope (DA)** : c'est une nouvelle technique dérivée du produit de convolution avec une fonction gaussienne [PM90]. Elle permet de restaurer les images bruitées tout en préservant le contraste de l'image. Le principe général s'inspire du phénomène de la diffusion physique, qui équilibre les différences de concentration sans modifier la masse générale. L'idée consiste à appliquer la diffusion au traitement des images médicales en identifiant localement la concentration au niveau du gris. Cet outil offre plusieurs algorithmes dont le principe de base est d'effectuer un lissage uniquement dans les parties de l'image présentant déjà une certaine homogénéité. Plusieurs applications médicales se sont basées sur l'approche

¹¹White Top-Hat Transform.

de la diffusion anisotrope pour la restauration des images [GKKJ92]. Par exemple, [KMA96] ont utilisé la diffusion anisotrope pour réduire le bruit tout en préservant les petites structures comme les vaisseaux dans les images médicales. Cette technique est basée sur la différenciation de la diffusion selon les directions du gradient et de la courbure minimale et maximale.

3. **les ondelettes** : la représentation multi-résolution réorganise l'information apportée par une image en un ensemble de détails qui apparaissent à différents niveaux de résolution. La technique des ondelettes (wavelets) [Mal99] est l'outil le plus populaire permettant d'obtenir une représentation multi-résolution d'une image. Elle permet une décomposition optimale de l'image en sous-bandes. Cette technique a l'avantage de pouvoir localiser l'information dans le domaine fréquentiel ainsi que dans le domaine spatial, ce qui permet de décomposer l'image en des sous-images spécifiques qui contiennent l'information dans différentes régions de fréquence. Ainsi, il est possible de reconstruire l'image par sélection partielle d'un ensemble de sous images spécifiques. Par exemple, dans le but de rehausser les microcalcifications dans des mammogrammes, [Mel01] a défini une technique qui utilise une représentation pyramidale de l'image construite à partir des ondelettes. Ensuite, il suffit de reconstruire l'image en ignorant la bande de basses fréquences représentant le fond du mammogramme tout en mettant l'accent sur les hautes fréquences caractérisant les microcalcifications. L'inconvénient majeur des ondelettes est qu'ils sont basés sur des choix expérimentaux de plusieurs paramètres tels que le choix du filtre Daubechies et du niveau de décomposition de la pyramide relative à l'image traitée. En plus, la technique des ondelettes, quand elle est utilisée seule, ne produit pas généralement des résultats très satisfaisants (FIG 1.18).

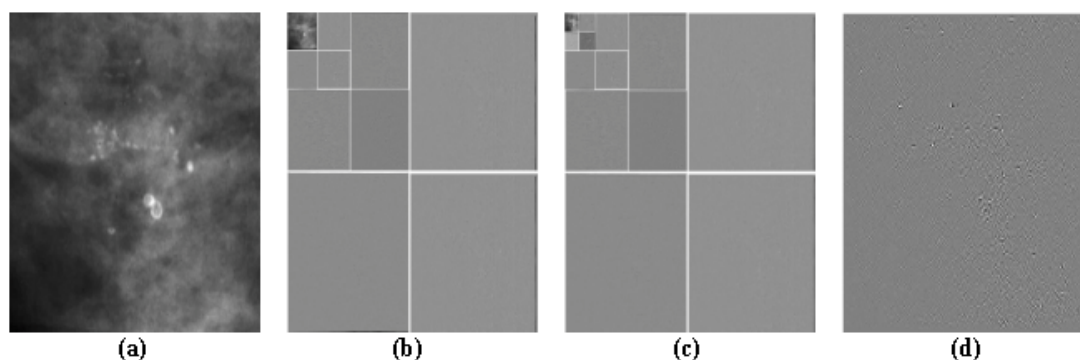


FIG. 1.18 – Filtrage d'une image mammographique par les filtres en ondelettes (de [Mel01] avec permission). a- image originale, b, c- deux pyramides successives de décomposition de niveau 4 de l'image, d- image après suppression du fond.

1.4 La segmentation

Après l'élimination des informations superflues et inutiles, moyennant les pré-traitements, l'image doit être segmentée en un ensemble de primitives reflétant les différents objets qui la composent. La segmentation d'images étant la base de la plupart des systèmes de vision, de nombreux travaux lui ont été consacrés. Les méthodes de segmentation sont diverses et dépendent en grande partie de l'imagerie utilisée et des caractéristiques propres aux structures que l'on souhaite segmenter. Comme il a été affirmé par Ayache [Aya98], il n'y a pas de solution générale au problème de la segmentation, mais plutôt un ensemble d'outils mathématiques et algorithmiques que l'on peut combiner pour résoudre des problèmes spécifiques. Nous nous sommes limités dans ce manuscrit à l'étude des techniques de segmentation qui peuvent être appliquées à des images médicales. Nous avons classifié ces techniques en quatre catégories :

1. les techniques de détection des contours : ces techniques sont basées sur la détection des discontinuités (hétérogénéité) locales de l'intensité dans l'image ;
2. les techniques de détection des régions : ces techniques cherchent à constituer une partition de l'image en sous-ensembles connexes de pixels en connectant les pixels par l'uniformité (homogénéité) de leurs caractéristiques, telles que : luminance, couleur, coordonnées, désordre locale, etc. ;
3. les techniques de classification : ces techniques permettent de diviser l'image en un ensemble de classes reflétant les tissus de l'organe traité ;
4. les techniques d'intelligence artificielle : elles utilisent des notions d'intelligence artificielle, notamment les réseaux de neurones et les algorithmes génétiques, pour segmenter les images médicales.

1.4.1 Les techniques de détection des contours

Ces techniques sont basées sur la détection de la discontinuité des intensités dans l'image afin de délimiter les différentes régions par leurs contours. Toutes les définitions existantes des contours sont liées à la définition intuitive suivante [CP95] : “*Un contour est un ensemble de pixels de l'image où se produisent de brusques changements de l'intensité lumineuse*”. Une segmentation en contours cherche donc à caractériser ces changements. Parmi les avantages les plus intéressants des contours, nous pouvons citer leur minime dépendance des variations d'éclairage et surtout de la position de prise de vue. Ils sont généralement localisés de façon précise et fiable. Cependant, les techniques de détection des contours

sont très sensibles au bruit, ne produisent pas souvent de contours fermés et détectent beaucoup de faux contours. Nous présentons ci-dessous les deux grandes techniques de détection des contours utilisées en imagerie médicale : les opérateurs différentiels et les contours déformables.

1.4.1.1 Les opérateurs différentiels

Les contours des objets dans les images correspondent le plus souvent aux extrema locaux du gradient et aux zéros du Laplacien. Ces extrema locaux sont seuillés pour ne conserver que les points de contour représentant les variations de l'intensité les plus significatives. Pour cela, différentes méthodes de seuillage sont utilisées. Parmi les méthodes de seuillage basées sur l'image gradient, nous citons l'algorithme du rh-maxima [HA03] qui est très utilisé en imagerie médicale. Cet algorithme consiste à détecter d'abord les maxima locaux de l'image, puis à identifier ceux qui présentent un gradient "suffisamment élevé" dans un voisinage donné (FIG 1.19). Le *Laplacien*, qui est un opérateur différentiel isotrope, peut aussi être utilisé pour la détection des contours dans les images médicales quand on ne tient pas compte des directions. Dans ce cas, on cherche les passages par zéro (*zero-crossing*) de cette fonction qui correspondent aux maxima de la dérivée première, et donc aux pentes maximales (FIG 1.20). Le Laplacien a produit des résultats encourageants dans certaines applications médicales [RAH01] [PCSW96]. Toutefois, cet opérateur est rarement utilisé dans la segmentation des images médicales à cause de la contamination des images par un bruit qui peut être assez important.

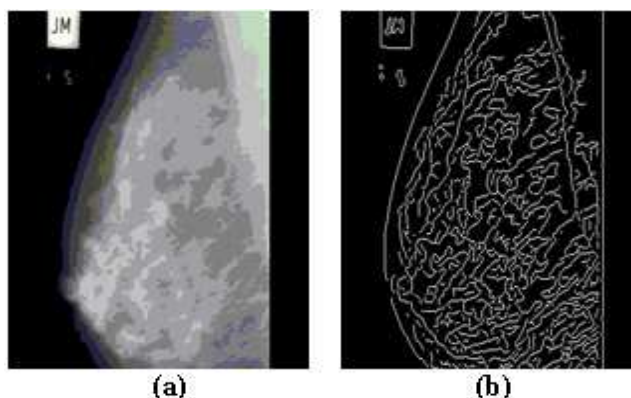


FIG. 1.19 – Détection des contours dans un mammogramme du sein par la méthode de rh-maxima. a- image originale, b- détection des contours.



FIG. 1.20 – Détection des contours dans le mammogramme du sein (FIG 1.19. a) par la méthode de zéro-crossing.

La détection des contours par ces méthodes différentielles nécessite la plupart du temps une intervention de l'utilisateur, vu la diversité et surtout la complexité des images médicales. En revanche, la pratique médicale a démontré à plusieurs reprises la difficulté de fournir des solutions totalement automatiques [OS01]. Ainsi, les méthodes dites “semi-automatiques” prennent place en étant mieux adaptées à ce contexte puisqu'elles permettent d'automatiser le processus de détection tout en gardant une marge de manoeuvre à l'utilisateur. Par exemple, [AZG⁺98] ont développé un système semi-automatique qui segmente des images IRM du cerveau humain. Pour ce faire, l'utilisateur choisit un point (germe) à l'intérieur de la structure d'intérêt, puis l'algorithme calcule le gradient sur les frontières de la structure et essaye de détecter les contours dans l'image. La détection des contours se fait par une recherche en profondeur moyennant des paramètres supplémentaires afin de spécifier le degré d'appartenance d'un pixel au contour. Enfin, l'utilisateur accepte, refuse ou corrige les contours. D'autres méthodes sont plus interactives et plus dynamiques. Parmi ces méthodes les plus performantes et les plus récentes, nous citons les méthodes dites “*Live Wire*” et “*Live Lane*” [FUS98] qui permettent à l'utilisateur d'intervenir directement pendant l'opération de segmentation en corrigeant une portion du contour. Ces dernières méthodes ont montré leur intérêt dans la segmentation des images dans divers domaines médicaux, telles que les images de radiographie du rachis [ZCM03].

1.4.1.2 Les contours déformables

La détection des points de contour par les opérateurs différentiels ne permet ni d'ajouter des contraintes globales au critère de détection ni de prendre en considération les informations a priori. En outre, les contours des objets peuvent

être modélisés par des courbes ou des surfaces possédant des propriétés de régularité et intégrant des connaissances a priori [Coh92]. On distingue les modèles paramétriques dont les contours sont obtenus en ajustant les paramètres du modèle et les modèles qui caractérisent les points de contour par l'intermédiaire de leurs degrés de liberté. Cette dernière approche, moins restrictive, est souvent appliquée en imagerie médicale à l'aide du modèle de contours déformables (ou actifs). Le modèle de contours actifs (snakes en anglais) [KWT88] conjugue détection et régularité des points de contour par le biais d'une fonction. Le minimum de cette fonction dépend des données a priori et permet de caractériser le contour d'un seul objet. Cette fonction est également interprétée en terme d'énergie, car la formulation choisie est similaire à la modélisation d'un matériau élastique se déformant sous l'action de forces extraites de l'image et caractérisant les attributs recherchés.

Le modèle de contours actifs a été repris et modifié par plusieurs auteurs pour la segmentation des images médicales [Ham01] [AM98] [WS03] et notamment pour le suivi de structures déformables dans des images spatio-temporelles [Coh92] [Mon99]. Ces méthodes sont très efficaces lorsque le contour initial est choisi d'une manière optimale autour de la région d'intérêt à délimiter. Ce contour initial peut être soit initialisé manuellement par un expert du domaine [MT96] [MT97] soit automatiquement, à partir d'un atlas standard par exemple [NS94]. Le modèle déformable évolue alors, depuis cette solution initiale grossière, pour délimiter automatiquement avec précision la frontière de la région recherchée en minimisant une fonction d'énergie (FIG 1.21). Les approches par contours actifs sont également très populaires dans l'analyse des séquences temporelles d'images. En effet, la solution à un instant donné peut servir d'initialisation pour l'image acquise à l'instant d'après [BGN⁺01].

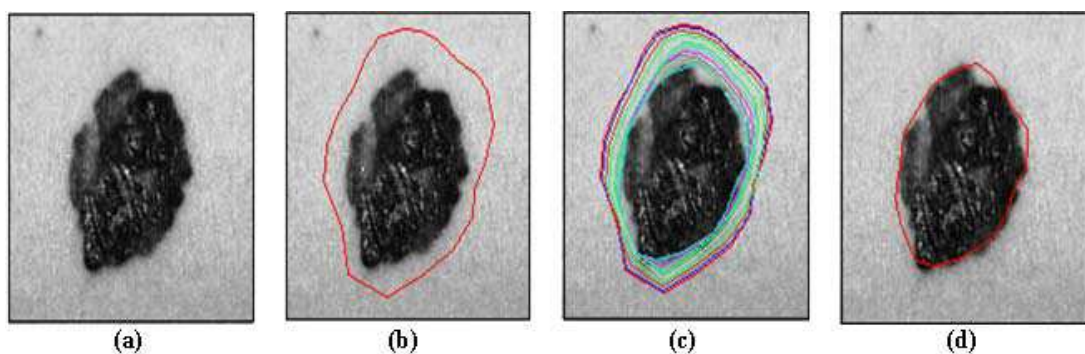


FIG. 1.21 – Détection du contour d'une lésion de la peau par les contours actifs : a- image originale, b- contour initial, c- évolution du contour, d- contour final de la lésion.

1.4.2 Les techniques de détection des régions

L'extraction des régions est l'approche duale de la segmentation en contours. La notion de segmentation en régions [BB82] consiste à créer une partition de l'image en sous-ensembles connexes de pixels, appelés régions. Chaque région doit satisfaire un critère d'homogénéité pour une ou plusieurs caractéristiques de l'image. De plus, une région doit être différente de chacune des régions voisines d'au moins une caractéristique. Formellement, une segmentation en régions d'une image I est une partition $P = \{R_1, R_2, \dots, R_n\}$ de I qui remplit les cinq conditions suivantes :

$$1. I = \bigcup_{i=1}^n R_i.$$

→ Une segmentation doit être *complète*, c'est-à-dire que chaque pixel de l'image doit appartenir à une région de l'image ;

$$2. \forall i \in \{1, 2, \dots, n\}, R_i \text{ est connexe.}$$

→ Chaque région est formée d'un ensemble connexe de pixels :

$$3. \forall i \in \{1, \dots, n\}, \forall j \in \{1, \dots, n\}, \text{ si } i \neq j, \text{ alors } R_i \cap R_j = \emptyset.$$

→ Toutes les régions sont deux à deux *disjointes* ;

$$4. \forall i \in \{1, \dots, n\}, H(R_i) = \text{Vrai.}$$

→ H est le prédicat définissant l'*homogénéité* des régions ;

$$5. \forall (i, j) \in \{1, \dots, n\}^2, \text{ si } i \neq j \text{ et } R_i \text{ et } R_j \text{ adjacentes, alors } H(R_i \cup R_j) = \text{Faux.}$$

→ Chaque région de la segmentation finale est "*maximale*" au sens du critère d'homogénéité H choisi, c'est-à-dire toute fusion de régions voisines infirmerait le critère d'homogénéité en produisant une région non homogène.

Un des avantages majeurs des régions est ses caractéristiques géométriques et radiométriques qui sont nombreuses et pertinentes. De plus, on peut manipuler des graphes d'inclusion ou de voisinage. Cependant, ces méthodes dépendent fortement des variations d'éclairage et surtout de la position de prise de vue et elles sont assez souvent dirigées par les données. Nous présentons dans ce qui suit les principales techniques de détection de régions qui ont été appliquées en segmentation des images médicales.

1.4.2.1 Les techniques de seuillage

Les techniques de détection des régions sont basées sur le fait qu'idéalement les éléments appartenant au même tissu sont caractérisés par une plage d'inten-

sité bien limitée. Ainsi, une estimation de ces plages d'intensité caractéristiques des principaux tissus est souvent nécessaire. Pour cela, différentes techniques de seuillage peuvent être utilisées pour déterminer ces plages et par la suite les régions composant l'image [Koh81] [ZHJ98]. Le seuillage, qui est l'opération de segmentation en régions la plus simple, consiste à extraire des régions dont l'intensité lumineuse est supérieure à un seuil fixé. La surface d'une telle région est ainsi définie par une fonction implicite, et s'appelle un *iso-surface* (ou surface d'iso-intensité) [BLB90] [NGDS95] [SSGT03]. Elle peut être approximée par un ensemble de facettes polygonales avec l'algorithme de *marching cubes* [LH87] [DCKBM96].

Ces techniques de segmentation par seuillage ne sont pertinentes que si le nombre des régions à détecter dans l'image est réduit. Ainsi, elles sont souvent appliquées en dermatologie où le nombre des régions est au maximum 7 [SBE⁺01]. Nous pouvons donner l'exemple de l'algorithme de segmentation en régions par seuillage présenté par [HM98] dans l'objectif de partitionner une image dermatoscopique en 3 régions. Cet algorithme utilise une approche probabilistique pour déterminer 2 seuils T_1 et T_2 séparant les régions. Il suppose que la distribution de probabilité conditionnelle de chaque pixel p dans une région R_i est gaussienne avec une moyenne μ_{R_i} et une variance constante σ et que les probabilités a priori des 3 régions sont égales (*i.e.* $P(R_1) = P(R_2) = P(R_3)$). Ainsi, le problème de la sélection des seuils peut être considéré comme un problème de classification qui utilise la décision bayésienne pour minimiser la probabilité d'une fausse classification d'un pixel. De là, les seuils optimaux ont été déterminés d'une façon récursive (le processus s'arrête si $\forall i, T_i^{(t+1)} = T_i^{(t)}$, où t est le numéro de l'itération) par la formule suivante (1.5) :

$$T_i = \frac{\mu_{R_i} + \mu_{R_{i+1}}}{2} + \frac{\sigma^2}{\mu_{R_i} - \mu_{R_{i+1}}} \log \frac{P(R_{i+1})}{P(R_i)} \quad (1.5)$$

1.4.2.2 Les techniques de croissance de régions

Ces techniques consistent à regrouper itérativement des ensembles de pixels connexes en régions plus importantes en utilisant un critère d'homogénéité. L'image est initialement décomposée en régions sachant qu'une région peut être composée d'un seul pixel. Ensuite, ces régions sont regroupées itérativement selon un critère de similarité jusqu'à ce qu'il n'y ait plus de fusion possible. Les relations spatiales sont ainsi utilisées tout au long du processus de segmentation. Ces méthodes peuvent être subdivisées en deux classes selon le mode de regroupement des régions :

1. **l'agrégation des points** : ces algorithmes associent à chaque pixel un vecteur de propriétés. Deux pixels sont regroupés si leurs vecteurs de propriétés sont suffisamment similaires. Pour ce faire, un pixel germe est judicieusement choisi à l'intérieur de chaque région de l'image. Chaque région, définie initialement par un germe, croît pixel par pixel. Divers vecteurs de propriétés et maintes mesures de similarité ont été proposés pour des applications en imagerie médicales [HGV⁺95].

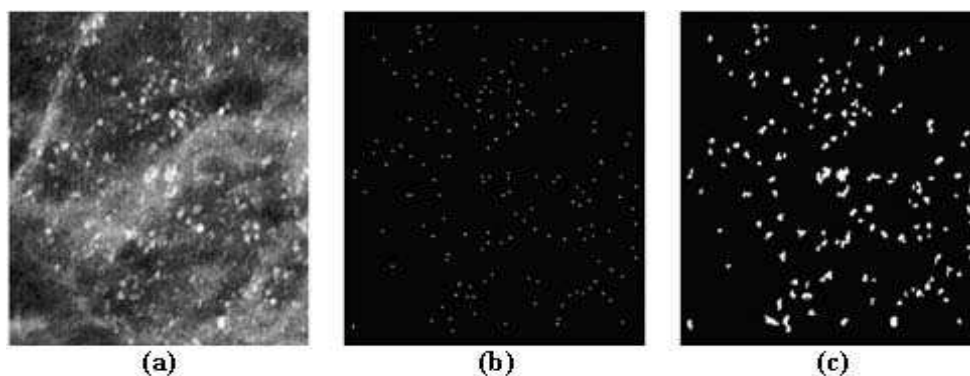


FIG. 1.22 – Détection des microcalcifications dans des mammogrammes des seins par croissance de régions. a- image originale, b- détection des germes, c- localisation des microcalcifications.

Dans [PT01], les auteurs ont proposé un algorithme de segmentation des images médicales par croissance des régions. Cet algorithme définit son critère d'homogénéité automatiquement à partir des caractéristiques de la région à segmenter. Les paramètres du critère d'homogénéité sont estimés à partir des emplacements des pixels échantillons. Ces emplacements sont sélectionnés séquentiellement d'une façon aléatoire en partant d'un pixel germe et le critère d'homogénéité évolue ensuite d'une façon continue jusqu'à la détection de la région. Cette approche présente des résultats moins dépendants de l'endroit du pixel germe que les approches classiques de croissance des régions. Plus récemment, [GRC⁺03] ont proposé une approche de segmentation par agrégation des points pour la détection des tumeurs dans des images mammographiques des seins. Cette approche définit la tumeur par une région d'intérêt qui sera déterminée par croissance floue à partir d'un pixel germe. Pour ce faire, les auteurs ont défini un critère adaptatif de similarité pour la croissance de la région d'intérêt ayant la moyenne et la déviation standard comme des conditions d'évolution de la région. Dans [FBZ04], nous avons appliqué un algorithme de croissance des régions pour la détection des microcalcifications dans des images mammographiques. Nous avons défini

les maxima locaux des intensités comme étant les germes des microcalcifications. Ensuite, nous avons généré relativement à chaque microcalcification une image floue sur laquelle nous avons appliqué l'algorithme de croissance de régions permettant de localiser, en partant du pixel germe correspondant, la microcalcification (FIG 1.22).

2. **le regroupement des ensembles de points** : l'idée de ces méthodes est de définir une succession de partitions de l'image par regroupement itératif des régions connexes. Cette stratégie permet de définir des heuristiques de regroupement dépendant de la similarité des propriétés des régions (FIG 1.23) [RDF97]. En outre, un graphe représentant les adjacences entre les régions est souvent construit de manière à ce que chaque région-germe soit représentée par un sommet, et une arête est créée entre les sommets si et seulement si les régions correspondantes sont adjacentes. En associant à chaque arête de ce graphe le coût de fusion entre les deux sommets adjacents, ce graphe pondéré peut être utilisé pour choisir les meilleures fusions de façon à minimiser la perte d'information.

Un exemple d'algorithme de segmentation par regroupement d'ensembles de points est celui proposé par [MD91] pour la détection des frontières des régions dans des images scanners. Les auteurs ont utilisé une technique basée sur la théorie des graphes. Chaque paire de pixels voisins est reliée par un arc évalué en fonction de la différence d'intensité entre les deux pixels. La segmentation se ramène alors à un problème de minimisation du flot maximal entre sous-graphe. Cette approche, dont le temps de calcul est excessif, ne prend pas en considération l'aspect 3D des données.

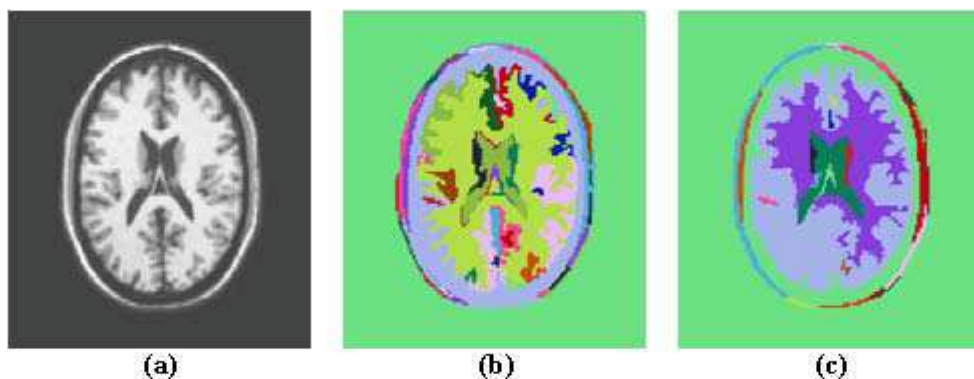


FIG. 1.23 – Segmentation d'une image IRM du cerveau par croissance de régions. a- image originale, b- résultat de la segmentation par agrégation des points, c- résultat de la segmentation après regroupement de régions.

1.4.2.3 Les approches par morphologie mathématique

La *morphologie mathématique* est une théorie qui permet l'analyse et le traitement des images et plus généralement des ensembles à n-dimensions (signal, images, pile d'images, ...). Comme son nom l'indique, elle permet de traiter les images par des critères de formes, en considérant une image comme un ensemble d'"objets". Elle s'inscrit tout à fait dans le cadre de segmentation des images médicales, où les images sont constituées d'organes possédant chacun une caractéristique spatiale propre. De là, une théorie et un ensemble d'opérations sont proposés afin d'être appliqués localement dans les images pour extraire des régions. Parmi les approches de segmentation par morphologie mathématique appliquées en imagerie médicale, nous citons la *ligne de partage des eaux* (LPE). Cette approche considère une image comme un relief topographique où l'altitude est l'intensité de chaque pixel. Ce relief comporte des minima locaux. Ce sont des zones connexes de l'image où tous les pixels sont à une même intensité et pour lesquelles il est impossible d'atteindre un pixel d'altitude inférieure sans avoir une montée. En effet, le phénomène de la segmentation est souvent bien simulé par le problème hydraulique suivant : supposons qu'une goutte d'eau tombe sur le relief (*vallée*), elle va s'écouler le long de celui-ci jusqu'à atteindre un minimum local. On appelle *bassin de capture* (ou *bassin versant*) l'ensemble de pixels tel que si une goutte d'eau y tombait, elle se dirigerait vers un même minimum local (FIG 1.24). Ces bassins de capture sont connexes et forment une partition de l'image. La frontière de ces bassins est appelée ligne de partage des eaux (*watershed*) et elle est souvent définie à un pixel près.

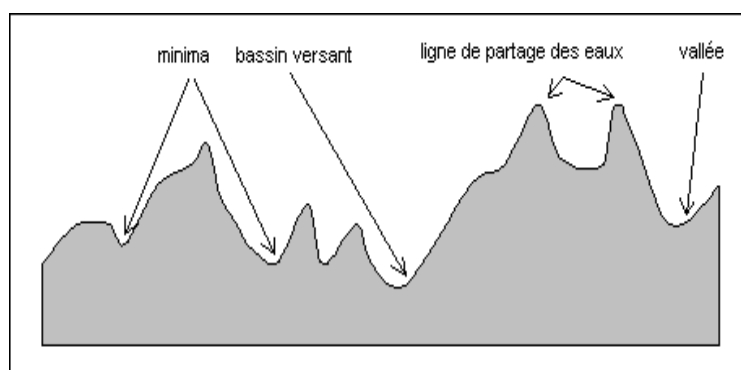


FIG. 1.24 – Principe de la ligne de partage des eaux.

Les watersheds sont généralement appliqués, dans le cadre de la segmentation d'une image médicale, sur l'image gradient ou sur toute autre fonction d'énergie

et fournissent souvent des régions délimitées par des contours fermés. Cette fonction d'énergie est définie de façon à avoir une valeur élevée sur les transitions dans l'image. Par exemple, les variations d'intensité ou de textures localisées se traduisent par des maxima de gradient (ou de la fonction d'énergie) et/ou des crêtes en terme de relief. Toutefois, la valeur de la fonction d'énergie est faible dans les parties homogènes de l'image qui correspondent à des minima locaux (FIG 1.25). Plusieurs algorithmes de LPE essaient de simuler l'écoulement de l'eau le long du relief, or la notion d'écoulement est mal définie sur un relief à valeurs discrètes. De plus, pour chaque pixel de l'image, il est nécessaire de parcourir plusieurs pixels avant de tomber dans un minimum local. Ainsi, vu que ces algorithmes nécessitent beaucoup de calculs sans être assez fiables, plusieurs applications alternatives ont été envisagées en pratique pour la segmentation des images médicales [HO97] [HA03].

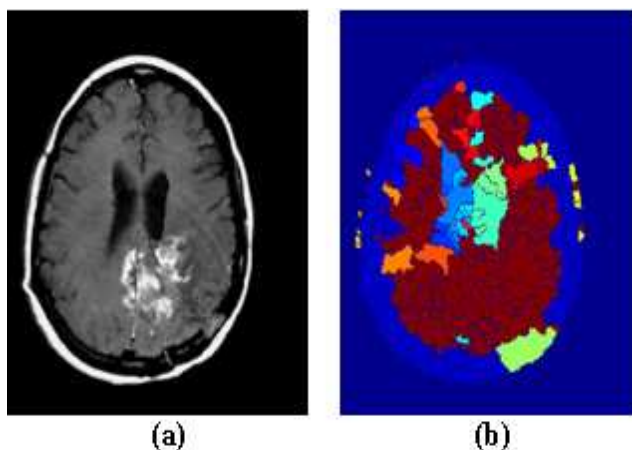


FIG. 1.25 – Segmentation d'une image IRM du cerveau par LPE. a- image originale, b- résultat de la segmentation.

1.4.2.4 Les approches par division et fusion

Le principe de ces approches est de considérer l'image initiale comme une seule région. Elle sera ensuite partagée itérativement, selon un critère de similarité, en régions de plus en plus petites. Le découpage d'une région est récursif et s'arrête lorsqu'elle respecte un critère d'homogénéité. Cette phase de division est réalisée selon des structures géométriques dont les plus usuelles sont :

1. **l'arbre quaternaire (*quadtree*)** : cette structure opère de façon à ce que l'image soit découpée récursivement en des carrés jusqu'à ce que chaque carré soit homogène. La récursivité vient du fait que chaque carré doit être découpé en quatre carrés s'il ne vérifie pas le critère d'homogénéité

(FIG 1.26). Les inconvénients de cette approche sont : sa non-invariance par translation de l'image et sa fondation totale sur des critères géométriques [SH93] [BZK94].

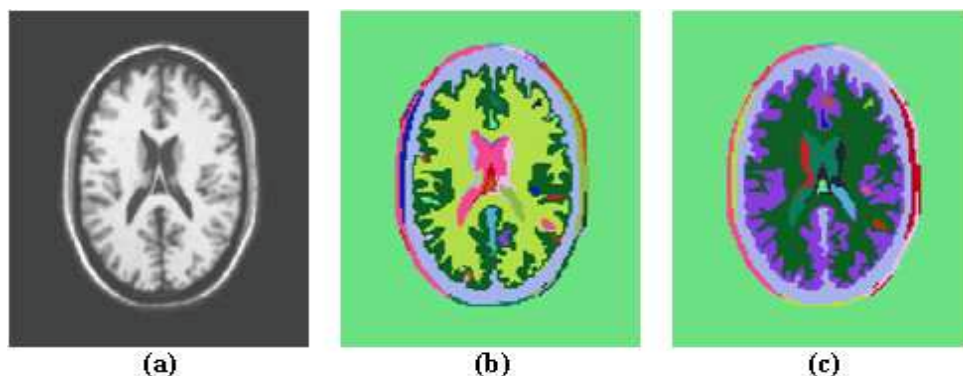


FIG. 1.26 – Segmentation d'une image IRM du cerveau par division-fusion (quadtrees). a- image originale, b- résultat de la segmentation avec division si $\max\text{-min}=5$ et fusion avec $\text{moyenne}=30$, c- résultat de la segmentation avec division si $\max\text{-min}=5$ et fusion avec $\text{moyenne}=50$.

2. **structure de Delaunay** : cette structure consiste à partitionner l'image en triangles. Chaque triangle ne respectant pas le critère d'homogénéité est subdivisé en trois triangles par l'insertion d'un germe à son barycentre. La triangulation de Delaunay est une procédure récursive moins stricte que la précédente puisque la longueur des arêtes des triangles est variable. Cependant, la segmentation reste toujours largement guidée par un facteur géométrique [LM96].
3. **structure de Vornoi** : c'est la structure duale de la structure de Delaunay. En revanche, ses contraintes géométriques sont beaucoup moins fortes car l'image est partitionnée en polygones qui comportent un nombre de cotés variable. Chaque polygone ne respectant pas le critère d'homogénéité est partitionné en un nombre quelconque de polygones. Contrairement aux deux structures précédentes, lorsqu'un polygone est partitionné, ses polygones voisins changent de topologie en s'adaptant à ce nouveau partitionnement. En plus, le diagramme de Vornoi offre plusieurs outils de manipulation et d'interprétation des entités géométriques [BPC02] [CHS03].

1.4.3 Les techniques de classification

Une technique de classification est un processus de projection de n vecteurs, de dimension p , dans k classes avec $k \ll n$. Le centre de chaque classe est représentatif des données formant ce groupe. La réalisation de la segmentation peut se faire par classification, en assignant chaque pixel de l'image à une classe en fonction de ses caractéristiques. Ainsi, avant de commencer la classification, une étape d'extraction des vecteurs correspondants aux pixels de l'image est souvent réalisée. Deux pixels qui devraient être classés dans la même classe du tissu devraient avoir des vecteurs similaires. De là, il est très important de bien choisir les composantes des vecteurs descriptifs des pixels selon les buts de la segmentation. Ensuite, une recherche des composantes connexes dans chaque classe détermine les régions de l'image.

En imagerie médicale, la segmentation consiste en la détection des organes ou des tissus dans les images. Ainsi, les techniques de classification ont été largement appliquées en imagerie médicale. Nous présentons ci-dessous les principales classes de techniques de classification qui ont prouvé une efficacité dans la segmentation des images médicales.

1.4.3.1 Les méthodes de classification floue

La classification floue est une généralisation de la classification classique dans le domaine des ensembles flous. L'avantage de l'utilisation de la notion du flou est la modélisation de l'incertitude et de l'ambiguïté, ce qui permet de retarder la classification tant qu'elle est incertaine. Le processus de classification floue crée une partition floue de l'image en affectant à chaque pixel un degré flou d'appartenance dans chacune des classes [CLF98] [Deb99]. L'approche la plus fréquemment utilisée pour la réalisation de la classification floue en imagerie médicale est l'algorithme FCM (Fuzzy-C-Means) [Bez81]. Ayant une connaissance a priori du nombre c des classes, le FCM classe les pixels de façon à minimiser l'erreur quadratique Jm (1.6) entre les vecteurs centres des classes v_k et les vecteurs pixels $X_{i,j}$ (FIG 1.27).

$$Jm = \sum_{i=1}^{n_1} \sum_{j=1}^{n_2} \sum_{k=1}^c (u_{i,j}(k))^m \cdot (\|X_{i,j} - v_k\|_A)^2 \quad (1.6)$$

où, $u_{i,j}(k)$ est le degré d'appartenance du vecteur $X_{i,j}$ à la classe k et m est le coefficient contrôleur du degré de fuzzification des classes.

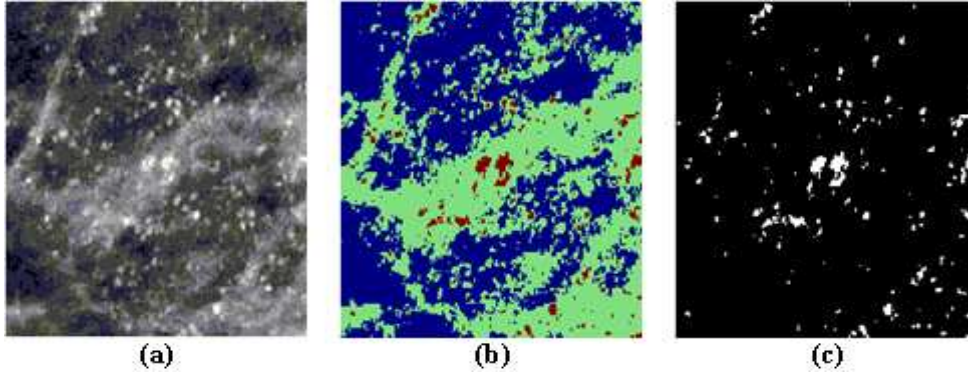


FIG. 1.27 – Segmentation d'un mammogramme du sein par l'algorithme FCM. a- image originale de microcalcifications, b- résultat de la segmentation par l'algorithme FCM (avec $c = 3$), c- Isolation de la troisième classe permettant la détection des microcalcifications.

Cet algorithme a été largement utilisé en segmentation des images médicales et notamment pour la détection des différents tissus en imagerie à résonance magnétique du cerveau [MAF99] [WCY03]. Certains travaux ont utilisé des versions modifiées de l'algorithme FCM (MFCM¹²) en introduisant d'autres critères lors de la classification tels que des critères d'homogénéité. Ceci peut être fait en intégrant un paramètre mettant en évidence le voisinage \aleph de chaque pixel à classifier (1.7) [AYM⁺02].

$$Jm = \sum_{i=1}^{n_1} \sum_{j=1}^{n_2} \sum_{k=1}^c ((u_{i,j}(k))^m) (\|X_{i,j} - v_k\|_A)^2 + \frac{\alpha}{N} \sum_{i=1}^{n_1} \sum_{j=1}^{n_2} \sum_{k=1}^c ((u_{i,j}(k))^m) (\sum_{x_r \in \aleph} (\|x_r - v_k\|_A)^2) \quad (1.7)$$

où, N est le cardinal de \aleph et α est un paramètre qui contrôle l'effet des voisins sur la classification d'un pixel.

1.4.3.2 Les méthodes statistiques

L'approche statistique suppose que le problème de représentation des pixels de l'image admet un modèle probabiliste. Elle définit l'appartenance d'un pixel à une classe avec un minimum d'erreur et évalue le risque de la décision à prendre. Un formalisme mathématique complet du modèle probabiliste bayésien est détaillé dans [BB92a]. Divers travaux de recherche se sont basés sur ce formalisme pour la segmentation des images médicales telles que [VGMR98], [KG98] et [LCV99].

¹²Modified FCM.

Par exemple, dans [YPS⁺02], les auteurs ont introduit une approche automatique pour la détection des lésions dans la matière blanche à partir d'une IRM cérébrale. Ceci a nécessité en premier lieu la segmentation de l'image en trois classes de tissus qui sont la matière blanche, la matière grise et le CSF (Cerebral Spinal Fluid). Ensuite, comme les lésions de la matière blanche sont typiquement classifiées dans la classe de la matière grise vu les caractéristiques de leur intensité, la matière grise est séparée en une classe de lésions de la matière blanche et une classe contenant les tissus normaux de la matière grise. Cette séparation a été réalisée moyennant un modèle statistique de distribution des tissus. D'autres approches ont utilisé des techniques plus évoluées, tels que les *champs de Markov* [SJ01] et l'algorithme d'*Expectation Maximisation* (EM) [KGWK95], pour classifier une image médicale en différentes régions de texture [LKC⁺95] [CLD96] [FNH⁺99] [LTaS⁺99].

1.4.3.3 Les techniques de satisfaction de contraintes

Une technique de satisfaction de contraintes est une technique qui minimise une fonction d'énergie. Cette fonction est formulée de façon à ce que ses minima correspondent à une "bonne" segmentation de l'image. Il existe plusieurs méthodes qui peuvent être utilisées pour minimiser une telle fonction. Toutes les techniques de classification peuvent être vues comme étant des techniques de minimisation de fonction. En effet, ces techniques minimisent chaque fois la somme des distances des vecteurs d'entrée et les centres des classes. Dans ce sens, [GY91] ont essayé d'unifier plusieurs méthodes de segmentations sous un formalisme commun de minimisation de fonction. De même, dans [SLS⁺91], les auteurs ont posé le problème de segmentation comme étant un problème d'optimisation. Une fonction objective est définie et ensuite minimisée en utilisant la technique ACP (Analyse en Composantes Principales). Cette technique a donné de bons résultats sur des images IRM du cerveau.

Dans [Hua92], les auteurs ont utilisé un réseau de neurones artificiels Hopfield [Hop84] pour minimiser une fonction d'énergie afin de segmenter des images du cerveau. Campedilli et al. [CMS95] ont élargi cette dernière approche pour segmenter des images multi-spectrales. Plus récemment, [Keg99] a défini un vecteur de dimension cinq pour chaque pixel d'une image mammographique en vue d'une classification par un arbre binaire de décision.

1.4.4 Les techniques d'intelligence artificielle

Ces techniques, qui sont assez récentes par rapport aux autres techniques, utilisent des outils d'intelligence artificielle notamment les réseaux de neurones et les algorithmes génétiques.

1.4.4.1 Les techniques des algorithmes génétiques

Les algorithmes génétiques (AG) reposent sur les principes fondamentaux de la génétique humaine [KWT88]. On travaille ainsi sur une population d'individus (*chromosomes*) caractérisés par leur séquençement génétique. Une population en engendre une autre sur le principe de la sélection naturelle qui suppose que seuls les individus les mieux adaptés à leur environnement vont survivre et engendrent de nouveaux individus par croisement et mutation (*c.f.* 2.5.1). Nous citons à titre d'exemple d'approche de segmentation d'images médicales basée sur les algorithmes génétiques, celui proposé par [BACA01]. Ils proposent un outil de segmentation de structure osseuse, particulièrement celle du rachis, dans le but de mesurer l'amplitude des mouvements intervertébraux. Au début, le médecin définit approximativement un ensemble de contours vertébraux sur le cliché radiographique du rachis. Cet ensemble représente ensuite la population de départ pour l'AG qui évolue jusqu'à la détection du contour de la vertèbre. Dans [CDYP94], les auteurs proposent un algorithme semi-automatique de segmentation en contours des images IRM cérébrales qui utilise les algorithmes génétiques. Comme première étape, l'utilisateur trace manuellement n ($n \geq 2$) contours autour des régions. Un des contours sert comme entrée pour l'AG et les autres contours servent de références pour l'adaptation de la fonction d'utilité (dite aussi fonction de fitness) de l'AG. Moyennant le contour d'entrée, un détecteur non linéaire de contours basé sur un polynôme de second ordre est calculé. L'AG optimise ensuite les paramètres de ce détecteur de contours. La fonction d'utilité relative à l'AG produit des valeurs proportionnelles à la similarité entre les contours trouvés par le détecteur de contours et ceux utilisés comme références. Une fois le détecteur optimal fixé, il est appliqué sur toutes les coupes de l'ensemble des images.

1.4.4.2 Les techniques de réseaux de neurones

Un réseau de neurones artificiels (RNA) est un ensemble fortement interconnecté d'unités de calcul simples appelés neurones formels. Tout RNA est caractérisé par son architecture et les fonctions de ses éléments, et il fonctionne selon deux modes à savoir un mode d'apprentissage où le réseau est modifié en fonction des exemples et un mode de reconnaissance où le réseau sera utilisé pour traiter des nouvelles données. De plus, il existe deux sortes d'algorithmes d'apprentissage selon que les exemples sont étiquetés ou non, il s'agit de l'apprentissage supervisé ou non-supervisé. L'utilisation des réseaux de neurones pour la segmentation a connu un développement important au cours de la dernière décennie et a déjà donné lieu à des applications intéressantes en imagerie médicale surtout par les approches qui combinent plusieurs types de réseaux [CCR⁺93] [MSVD96] [ECL94].

Dans [AS95], les auteurs ont proposé, moyennant une carte auto-organisatrice de Kohonen (SOM) [Koh90] un algorithme de segmentation des images IRM du cerveau humain. Après l'extraction du fond de l'image, des vecteurs de dimension 4 relatifs aux pixels sont définis et utilisés comme entrées pour le réseau SOM. Cette approche a permis de bien séparer les différentes structures anatomiques du cerveau. Cependant, les résultats dépendent fortement des composantes des vecteurs d'entrée et de la topologie du réseau utilisé. Dans [YMZC94], les auteurs ont utilisé un classifieur en plus proches voisins (KNN¹³) [DK82] pour segmenter des images IRM du cerveau en trois classes : matière grise, matière blanche et le CSF. D'abord, des vecteurs sont définis pour chaque pixel de l'image. Les composantes de chaque vecteur sont : l'intensité, la moyenne du voisinage 5×5 et l'écart type du voisinage 5×5 . Puis, ces vecteurs sont compressés moyennant une carte auto-organisatrice de Kohonen qui réalise une classification non supervisée et produit un ensemble de vecteurs prototypes. Ces vecteurs prototypes constituent les entrées du réseau LVQ (Learning Vector Quantization) [Koh90] qui va les optimiser afin de réduire les modèles utilisés dans la classification. Finalement, ces prototypes optimisés forment les données pour un KNN classique qui produit la classification finale. Pour la détection des microcalcifications en mammogrammes des seins, plusieurs travaux [CLS⁺95] [NNPD98] ont proposé des approches basées sur les réseaux de neurones, notamment les réseaux de neurones de convolution (CNN¹⁴). Ces approches ont prouvé leur efficacité pour la réduction de détection des fausses-positives des microcalcifications tumorales.

1.4.5 Conclusion

Les techniques de segmentation révisées ici représentent un petit échantillon de la littérature complète disponible, ce qui prouve les bénéfices récupérés d'une solution générique au problème de segmentation des images médicales. Toutefois, il est difficile de comparer les techniques existantes et ce pour les raisons suivantes :

1. il n'existe pas un ensemble commun des données utilisées par les différents travaux de recherche ;
2. les différentes techniques n'ont pas le même objectif lors de la segmentation. Par exemple, en imagerie cérébrale, certaines techniques séparent tout simplement le cerveau de la tête, d'autres essaient d'identifier chaque classe de tissu et d'autres visent à détecter toute structure anatomique ;
3. certaines techniques font intervenir des connaissances du domaine et d'autres ne le font pas ;

¹³K-Nearest Neighbors.

¹⁴Convolution Neural Networks.

4. les différentes bases de connaissances ne sont pas identiques ;
5. il n'existe pas encore de mesures communes pour évaluer les différents algorithmes.

Par exemple, [HBC⁺92] ont présenté une comparaison entre l'utilisation de la classification en ensembles flous et la rétro-propagation des réseaux de neurones pour la segmentation des images IRM. Ils ont implémenté et comparé les résultats d'un algorithme FCM classique, d'un algorithme FCM accéléré et d'un algorithme de rétro-propagation rapide des réseaux de neurones. Le résultat final, tel qu'il a été validé par des experts radiologues, est que les algorithmes de classification en ensembles flous sont plus robustes pour les images médicales que la rétro-propagation des réseaux de neurones.

Notons enfin que les récents travaux sur la segmentation des images médicales sont plus orientés vers la fusion de plusieurs techniques de segmentation afin de profiter des avantages de chaque technique. En effet, vu la complexité du problème posé, les travaux comparatifs sur les différentes techniques de segmentation n'ont pas dégagé une dominance d'une approche particulière indépendamment du type d'image [Duc01]. Nous distinguons trois familles d'approches de coopération utilisées pour la segmentation des images médicales :

1. **les approches par coopération confrontative** : le concept de cette famille de méthodes est fondé sur un procédé d'intégration d'informations résultantes de segmentations multiples en vue de tirer parti des avantages de chacune d'elles. La coopération intervient ainsi comme une confrontation a posteriori entre les segmentations concurrentes. Afin de mettre en œuvre cette confrontation, plusieurs outils ont été manipulés, notamment la fusion floue [KFB94] (FIG 1.28), la théorie de l'évidence [VCd99] et les graphes d'adjacence [MCF99].
2. **les approches par coopération intégrative** : pour cette famille de méthodes, les informations apportées par une approche sont intégrées sous forme de contraintes par une autre approche. Les représentations qui restent le plus souvent manipulées dans la majorité des approches par coopération intégrative sont celles combinant l'information "contour" et l'information "région" [SL98] [GPR⁺01]. En effet, l'information contour est fréquemment intégrée sous forme de contrainte par une approche région [BZ01b].
3. **les approches par coopération dynamique** : dans cette dernière famille de méthodes, les différentes approches s'influencent mutuellement et dynamiquement au cours du processus de segmentation. Pour ce faire, plusieurs

architectures et outils d'intelligence artificielle, tels que les systèmes experts [RDG01] et les systèmes multi-agents [GDTG00], sont proposés en vue de permettre une intégration distribuée des informations apportées par les approches coopérantes.

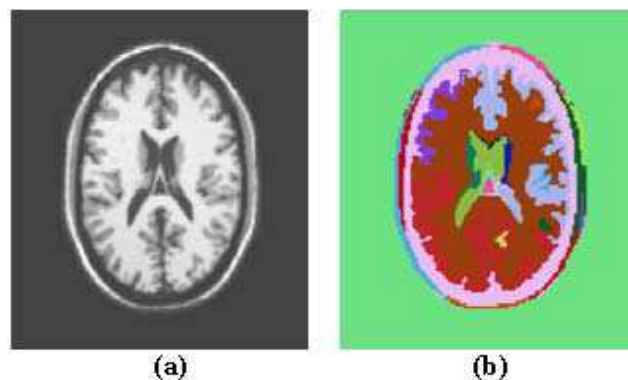


FIG. 1.28 – Segmentation d'une IRM du cerveau par fusion floue de plusieurs approches classiques de segmentation en régions [KFB94]. a- image originale, b- résultat de la segmentation.

Comme nous pouvons le déduire, plusieurs travaux se sont intéressés au problème de segmentation des images médicales. La plupart de ces travaux présentent des approches qui sont bien adaptées à une application médicale particulière ou à un type défini d'images médicales. Toutefois, certains chercheurs, dont le nombre est toujours réduit, croient à la possibilité d'introduire une approche standard de segmentation qui ne dépend ni du type de l'image ni de l'objectif de l'application. Ces chercheurs ont été souvent bloqués par la difficulté extrême d'introduire une telle approche vu la variabilité des images médicales et des applications. Notre contribution entre dans ce cadre et cherche à définir une approche relativement standard qui dépend seulement de la composition de la zone d'intérêt (une seule région ou plusieurs régions). Nous introduisons ainsi une première approche simple pour la détection de la zone d'intérêt si elle est composée d'une seule région et une deuxième approche plus fine et plus complexe pour la détection de la zone d'intérêt si elle est composée de plusieurs régions.

1.5 Les processus de haut niveau

Dans un système de traitement d'images médicales, les traitements de haut niveau ont souvent comme données les résultats fournis par la segmentation. En

combinaison avec des systèmes de télémédecine [MPM⁺03] [ABAPC05], ces processus de haut niveau permettraient de répondre à des problèmes géographiques d'isolement de la population dans des régions avec peu de spécialistes en divers domaines médicales. Nous présentons brièvement dans ce qui suit quelques applications médicales utilisant les processus de haut niveau et qui entrent toutes dans le contexte d'aide au diagnostic médical.

1.5.1 Caractérisation des lésions

En ce qui concerne la caractérisation des lésions, les processus de haut niveau ont pour objectif de fournir au clinicien des mesures objectives et précises qui l'aident à distinguer les lésions bénignes des tumeurs malignes et à décider du bien fondé d'une intervention chirurgicale. L'intérêt majeur de l'utilisation de telles mesures est de réduire le nombre d'opérations inutiles [Ric00]. Autrement dit, elles permettent de diminuer les coûts en termes de santé publique et d'éviter certains traumatismes infligés aux patients.

1.5.2 Détection des lésions

Pour ce qui est de la détection des lésions, les processus de haut niveau peuvent réaliser un pré-dépistage (pre-screening) ou même un dépistage. Pour le pré-dépistage, ces processus cherchent à séparer les lésions normales de celles suspectes afin que seules ces dernières soient présentées au praticien. Toutefois, pour le dépistage, ces processus essaient de décider de la nature d'une lésion en la classifiant de bénigne ou maligne¹⁵ moyennant des techniques de classification. Cependant, le dépistage est un objectif difficile à atteindre : les tumeurs ont des aspects très divers et certaines d'entre elles sont très subtiles et difficiles à détecter automatiquement. Ainsi, de nos jours, aucune application des SADIMs dans le domaine de dépistage des tumeurs n'a pu atteindre un taux de succès de 100%. Les applications médicales des SADIMs qui s'intéressent à la caractérisation, le pré-dépistage ou le dépistage des lésions sont très nombreuses. Elles touchent divers domaines tels que la gynécologie (cancer du sein) [SKGC00], la dermatologie (cancer de la peau) [DOMK⁺01], la cardiologie [VMRT97], la neurologie [JHP02], etc.

1.5.3 Reconstruction 3D

En ce qui concerne la reconstruction 3D, les processus de haut niveau ont pour objectif de reconstruire et de visualiser un organe en 3D à partir d'une

¹⁵Dans certaines références, la classe des lésions malignes contient des lésions, dites atypiques, dont la malignité n'est pas assurée.

séquence d'images 2D [SFF91]. La reconstruction 3D d'un organe ou d'une partie de l'organe permet le calcul des mesures quantitatives afin de faciliter l'examen médical. En effet, l'information tridimensionnelle permet d'améliorer la précision de l'analyse quantitative des différentes pathologies et de garantir une meilleure planification des gestes thérapeutiques de radiologie interventionnelle, de chirurgie ou de radiothérapie. Par exemple, [CGSG01] proposent une méthode de reconstruction 3D du réseau vasculaire à partir des données issues d'un examen d'angiographie rotative par rayons X. Dans ce cas, la reconstruction 3D permet au clinicien d'estimer le degré d'épaississement et de rétrécissement d'une portion d'un vaisseau sanguin. Cela lui permettra de détecter et d'évaluer la sévérité des pathologies vasculaires comme les sténoses, les anévrismes ou les malformations artério-veineuses. En cardiologie, la reconstruction 3D permet l'estimation des mesures de déformation du ventricule gauche sur des séquences d'images IRM 3D (2D+t) du cœur [BDP03]. Notons enfin que la reconstruction 3D touche à la plupart des applications médicales [Gei93] notamment en orthopédie [AGA01], en gynécologie [YBH⁺01], en cardiologie [BABE04] et en neurologie [BFM99].

1.5.4 Recalage

Pour le recalage (ou l'alignement), les processus de haut niveau visent à rechercher la déformation permettant la superposition spatiale des structures anatomiques ou fonctionnelles qui se correspondent dans deux ou plusieurs images différentes [Mus00]. Les images recalées peuvent correspondre au même organe du patient mais prises ou bien avec différentes modalités d'imagerie médicale (par exemple, IRM/CT [RMPA98] ou 2D/3D [KBV97]), ou bien à des dates successives. Il peut s'agir dans ce cas de recalage rigide ou non-rigide. En effet, les informations produites par les différents capteurs sont évidemment complémentaires, et recalage différentes images peut permettre au praticien d'affiner son diagnostic et de mieux préparer ses traitements. De même, la comparaison des images successives d'un même organe [RHWA00] permet de détecter un signe d'apparition possible de lésions. En plus, l'analyse des modifications de forme au cours du temps permet le suivi de l'évolution de la pathologie et l'analyse du mouvement des organes. Par exemple, il existe un nombre important de situations ou de maladies pouvant être suivies par analyse des modifications de forme (tortuosité) des vaisseaux de la rétine sur des images d'angiographie rétinienne en fluorescence [ABB02]. On peut citer l'artériosclérose, le diabète et la forme SC de la drépanocytose.

Les images recalées peuvent aussi correspondre au même organe pour des patients différents. Il s'agit alors toujours de recalage non-rigide. Dans ce cas, les différences entre les images indiquent des signes pathologiques. En outre, la comparaison des images du même organe de patients différents permet la construction

d'atlas numériques déformables et probabilistes. Ainsi, les recalages inter-patients ou atlas-patient constituent une précieuse aide au clinicien au cours de son diagnostic médical [DC99]. Toutefois, bien que l'imagerie du cerveau soit le champ d'application le plus courant [Tog00], le recalage est appliqué sur divers domaines tels que l'angiographie [KBM⁺99] et les cancers des seins où la comparaison d'une paire de mammographies correspondant au sein droit et gauche d'une même patiente permet de détecter des différences anormales qui indiquent des asymétries suspectes [Ric03]. Cependant, les transformations considérées doivent être d'une dimension suffisamment élevée pour pouvoir estimer les déformations non linéaires et de grandes amplitudes liées à la variabilité morphologiques inter-individus. Ceci couplé à la quantité considérable des données 2D et 3D à traiter fait du recalage un problème qui reste difficile à résoudre.

1.6 Conclusion

Dans ce premier chapitre, nous avons présenté la synoptique générale d'un système standard d'aide au diagnostic basé sur l'analyse des images médicales. En outre, nous avons synthétisé l'état de l'art des différents concepts et techniques utilisés pour la réalisation de chaque module d'un SADIM. En effet, nous avons commencé par la présentation des principales techniques permettant de prendre des images de l'intérieur ou de l'extérieur du corps humain, tout en expliquant les principaux problèmes liés à l'acquisition des images. Ensuite, nous avons passé en revue différents opérateurs de pré-traitements : les opérateurs globaux, les opérateurs ponctuels et les opérateurs locaux. Nous avons aussi étudié diverses techniques de segmentation utilisées dans la littérature pour la détection d'une zone d'intérêt dans une image médicale. Nous avons classifié ces techniques en quatre catégories : détection des contours, détection des régions, classification et l'intelligence artificielle. Enfin, nous avons brièvement présenté quelques applications médicales utilisant des processus de haut niveau dans le contexte d'aide au diagnostic médical.

Dans le chapitre suivant, nous allons présenter notre modèle générique pour les systèmes d'aide au diagnostic basés sur les images médicales (**MGSADIM**). La modélisation proposée se base sur la succession de quatre modules principaux définis, chacun, par un élément d'information : EI Objet-Observation, EI Observation-Observation, EI Observation-Primitive et EI Primitive-Décision. Nous allons présenter la notion d'élément d'information (EI) ainsi que les solutions proposées pour réduire les effets des imperfections de chaque EI.

Chapitre 2

Modèle générique pour les systèmes d'aide au diagnostic basés sur les images médicales

2.1 Introduction

La prise de décision en imagerie médicale est souvent un objectif final. Plusieurs étapes intermédiaires sont nécessaires pour extraire de l'image un ensemble de caractéristiques permettant de séparer les différentes classes de tissus relativement aux objectifs du diagnostic. Ces caractéristiques sont souvent ambiguës et donc les raisonnements mis en oeuvre doivent tenir compte du caractère incertain des informations manipulées. Cette imperfection de l'information peut être réduite en réalisant des traitements supplémentaires et/ou en utilisant plus qu'une source d'informations afin de fusionner les décisions qui en découlent.

La littérature scientifique est très riche en systèmes d'aide au diagnostic, qui tiennent compte de l'imperfection de l'information dans le but d'assister les cliniciens lors de la prise de décision. Toutefois, les systèmes existants sont toujours dédiés à une application et à fortiori non adaptable à d'autres applications. Notre contribution s'inscrit dans ce cadre en cherchant un système générique pouvant s'adapter à plusieurs applications médicales (SGADIM). Dans ce chapitre, nous présentons notre modèle générique pour les systèmes d'aide au diagnostic basés sur les images médicales (**MGSADIM**). La modélisation proposée se base sur la succession de quatre modules principaux définis, chacun, par un élément d'information. Chaque élément est atteint de différentes sources d'imperfection de l'information que nous allons essayer d'en réduire la présence et l'effet. Nous allons présenter dans ce qui suit la notion d'élément d'information (EI) ainsi que les 4 éléments d'information composant notre modèle générique : EI Objet-Observation,

EI Observation-Observation, EI Observation-Primitive et EI Primitive-Décision (FIG 2.2). Ceci sera fait tout en détaillant les solutions proposées pour réduire les effets des imperfections de chaque EI. Nous mettons plus l'accent sur l'élément d'information "*Observation-Primitive*", correspondant au processus de segmentation, vu l'important impact de ses résultats sur le diagnostic final. En effet, pour la réalisation de cet EI, nous avons distingué deux approches selon le cas où la zone d'intérêt, sujet du diagnostic, est composée d'une seule région ou de plusieurs régions.

2.2 Notre modèle générique pour les systèmes d'aide au diagnostic basés sur les images médicales

Nous allons présenter dans cette section la notion d'élément d'information, ainsi que l'architecture générale de notre modèle générique pour les systèmes d'aide au diagnostic basés sur les images médicales.

2.2.1 Élément d'information

Un élément d'information (EI) est défini [DP85] comme étant une application qui associe chaque objet d'un espace de définition à un ou plusieurs objets d'un espace dit espace des contenus informationnels (FIG 2.1). Ces deux espaces ainsi que le modèle physique constituent les trois composantes d'un EI, et l'adjonction de ce dernier représente la différence essentielle entre un EI et le concept de données abstraites. Considérons le concept d'une image numérique. Lorsque cette image est considérée comme un tableau à deux dimensions comportant des niveaux de gris, il s'agit d'un ensemble de données abstraites. L'association du modèle physique du système d'acquisition avec une telle image transforme l'image en véritable EI. Prenons le cas d'une image médicale : la donnée d'un pixel de niveau de gris très élevé ne fournit aucun renseignement concernant le contenu thématique de la cellule associée à ce pixel. La donnée du modèle physique du capteur utilisé permet de réaliser une première interprétation de ce pixel. A titre d'exemple, si l'image est un IRM du cerveau humain, alors le pixel peut représenter une zone tumorale ou une surface lisse (liquide). Cette définition d'un EI nous permet de distinguer les méthodes de traitement classiques (*données abstraites*) des méthodes basées sur l'exploitation des connaissances supplémentaires (*EI*) [Sol01].

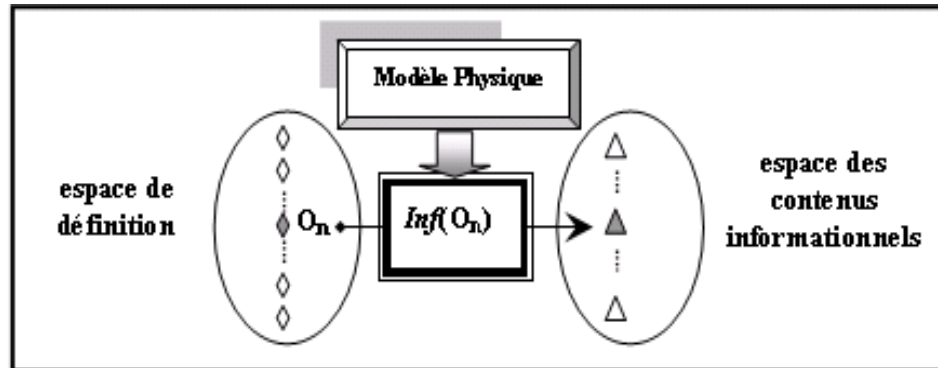


FIG. 2.1 – Structure d'un élément d'information (EI).

2.2.2 Architecture de notre MGSADIM

Le schéma général de notre MGSADIM est une succession de quatre éléments d'information (FIG 2.2) : EI Objet-Observation, EI Observation-Observation, EI Observation-Primitive et EI Primitive-Décision. Nous avons défini pour chaque EI son espace de définition ainsi que son espace des contenus informationnels. En plus, nous avons détaillé pour chaque EI son schéma fonctionnel en définissant son objet d'entrée, son objet de sortie ainsi que le traitement $Inf_{e1 \rightarrow e2}$ permettant d'associer chaque objet de l'espace de définition ($e1$) avec un ou plusieurs objets de l'espace des contenus informationnels ($e2$). En revanche, notre MGSADIM est composé par les quatre EIs suivants [BZ05a] :

1. **EI Objet - Observation** : cet EI fait le lien entre les objets du monde réel et l'espace des observations du capteur utilisé. Il s'agit de passer d'un objet dans un monde physique continu à une forme numérique dans un monde discret. Ce passage impose des simplifications de la représentation et par conséquent, un appauvrissement de l'information. Cet EI correspond au processus d'acquisition de l'image qui est affecté par des imperfections dues à l'aspect partiel et au bruit engendrés par le processus d'acquisition. Ainsi, afin de minimiser ces imperfections, il faut choisir pour chaque application médicale l'outil d'acquisition le plus adéquat à la nature de l'organe étudié et aux objectifs du diagnostic (*c.f.* 1.3.1). Pour cet EI, le traitement $Inf_{obj \rightarrow obs}$ (acquisition) permet d'associer chaque cellule de l'organe sujet du diagnostic à un ou plusieurs pixels de l'image numérique acquise.
2. **EI Observation - Observation** : cet EI cherche à présenter une observation plus adaptée à l'application et plus simple à manipuler. Il essaye donc

de restituer à partir de l'observation issue de l'EI précédent une information de meilleure qualité. Ceci impose une étape de pré-traitement qui revient assez souvent au débruitage de l'image originale afin de produire une image de meilleure qualité (image améliorée). Pour cet EI, le traitement $Inf_{obs \rightarrow obs}$ (pré-traitement) permet d'associer chaque pixel de l'image originale à un pixel de l'image améliorée.

3. **EI Observation - Primitive** : cet EI réduit la dimension de l'espace d'observation tout en maintenant un niveau de représentativité assez élevé. En traitement d'images, cet EI correspond à la segmentation qui consiste à représenter l'image par un ensemble de primitives sous forme de régions et/ou de contours. Le modèle physique associé à cet EI est lié essentiellement aux connaissances exploitées par le processus de segmentation. En imagerie médicale, ces connaissances ramènent le problème de segmentation en un problème d'extraction d'une zone d'intérêt (ZI), représentant la partie du corps sujet du diagnostic. Pour cet EI, le traitement $Inf_{obs \rightarrow pri}$ (segmentation) permet d'associer chaque pixel de l'image améliorée à une primitive.
4. **EI Primitive - Décision** : ce dernier EI associe les primitives aux différentes décisions, ce qui revient à attribuer à ZI une étiquette représentant une décision. Ainsi, on cherche parmi les classes diagnostiques celle qui maximise une fonction de correspondance entre sa propre description et celle de la zone d'intérêt en entrée. Dans ce cas, le traitement $Inf_{pri \rightarrow dec}$ (décision) permet d'associer à ZI une décision reflétant le résultat du diagnostic. Toutefois, dans les cas où la prise de décision à partir de l'observation des primitives est impossible, cet EI doit être subdivisé en deux EIs. Ceci impose l'introduction d'un EI intermédiaire, EI *Primitive - Description*, qui définit chaque primitive par un ensemble de descripteurs, reflétant les critères qui séparent les différentes classes diagnostiques. Ces descripteurs sont transmis à un second EI, EI *Description - Décision*, qui permet la prise de décision. Pour l'EI Primitive-Description, le traitement $Inf_{pri \rightarrow des}$ (extraction des paramètres) permet d'associer à ZI un vecteur descriptif. Ensuite, le traitement $Inf_{des \rightarrow dec}$ (classification) associé à l'EI Description-Décision affecte ce vecteur à l'une des classes diagnostiques.

Nous allons revenir maintenant sur chacun des trois derniers EIs avec plus de précision.

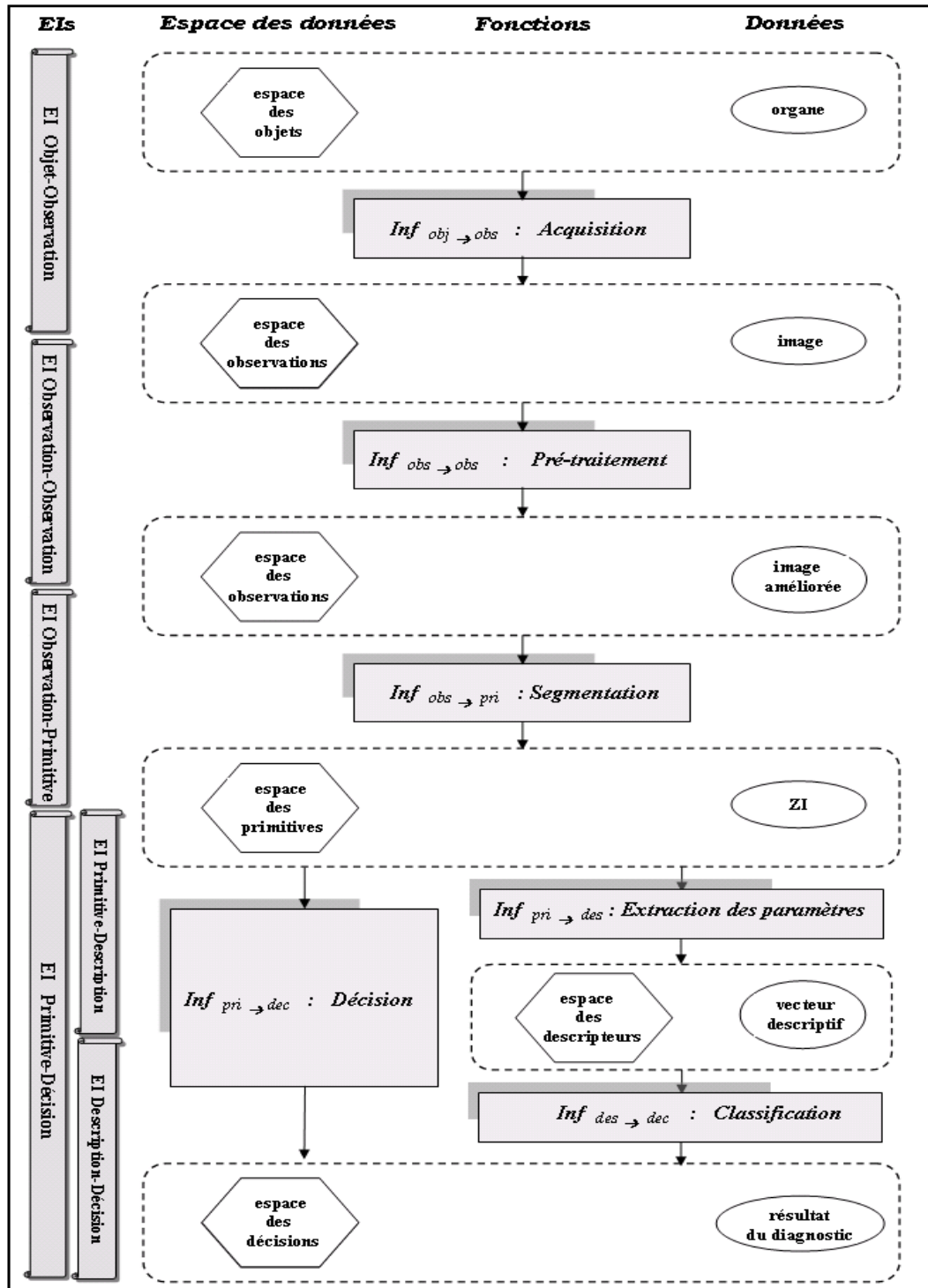


FIG. 2.2 – Schéma général de notre MGSADIM.

2.3 EI Observation - Observation

L'objectif principal de cet EI est de réaliser des pré-traitements afin d'améliorer la qualité de l'image médicale dans le but de faciliter les processus ultérieurs, notamment la segmentation. Pour ce faire, nous avons choisi d'appliquer successivement sur l'image originale deux opérateurs. Le premier opérateur est un filtre médian qui cherche à supprimer les objets indésirables de l'image et qui sont dues essentiellement aux défauts du processus d'acquisition. Le choix de ce filtre est justifié par l'objectif de réduire les artéfacts tout en conservant les bords. Cependant, il faut noter que certains opérateurs supplémentaires de pré-traitement sont parfois nécessaires selon le type de l'image explorée et la nature de l'application étudiée. En d'autres termes, il est possible que le filtrage médian se trouve incapable, seul, de supprimer de l'image originale tous les objets indésirables. Nous verrons dans le chapitre 3 que pour le cas des images dermatologiques de peau poilue, par exemple, il est impossible de supprimer les poils des images par le seul filtrage médian ; ce qui a nécessité l'application de traitements supplémentaires pour la suppression de ces poils. Le deuxième opérateur n'est utilisé que dans le cas d'une image couleur. Il consiste à appliquer la transformée de Karhunen-Loève sur l'image, déjà filtrée avec le filtre médian, dans le but de rehausser la zone d'intérêt. Cette transformée permet de tirer de l'image l'information maximisant le gradient, ce qui permet d'améliorer et de faciliter la distinction de la zone d'intérêt des tissus qui l'entourent.

2.3.1 Débruitage de l'image médicale

Le but principal du filtrage des images médicales est de réduire les artéfacts de réflexion tout en conservant les bords. Les petits objets et structures devraient être enlevés de l'image explorée pour réduire les effets de sur-segmentation. Ces artéfacts sont considérés comme un bruit impulsif qui peut être réduit par un simple filtrage médian [MH80]. Le filtre médian est un filtre non-linéaire qui assigne à chaque pixel de l'image la valeur médiane sur un voisinage d'une dimension donnée (2.1) qui dépend de la résolution de l'image.

$$\forall(i, j), I_{med}(i, j) = median \left\{ I(i - k, j - l), \frac{1 - N_f}{2} \leq k, l \leq \frac{N_f - 1}{2} \right\} \quad (2.1)$$

où, N_f est une valeur impaire (≥ 3) qui indique la taille du filtre médian.

Ce filtre est caractérisé essentiellement par le rejet des valeurs extrêmes signes du bruit, tout en conservant les contours. Il faut noter que la valeur médiane fait souvent partie des valeurs majoritaires du voisinage. Cet aspect est très important

car ce filtre rejette toute information minoritaire par rapport à la taille du filtre et il ne produit aucune action sur un contour non bruité. En effet, un tel contour représente une structure ordonnée autour du point courant (i, j) . En particulier, un contour parfait (type marche) est préservé.

2.3.2 Rehaussement de la zone d'intérêt

Le but de cette étape de pré-traitement est de faciliter le processus de segmentation en rehaussant la zone d'intérêt, notamment les bords, dans l'image. Plusieurs outils permettent de réaliser cette tâche en imagerie médicale. Nous avons opté pour l'utilisation de la *transformation de Karhunen-Loève* (TKL) [Loè98] qui permet de rehausser les bords (sur la première composante principale) tout en mettant le point sur les petits détails contenus dans l'image (sur les autres composantes principales, notamment la dernière). En effet, cette transformation vise à concentrer le maximum d'informations statistiques de l'image en terme de variance sur un même axe. L'étalement des valeurs statistiques sur l'axe rassemblant le maximum d'informations en terme de variance contribue à accentuer la capacité de discrimination des objets de l'image. Les autres informations statistiques données par les autres axes de la transformée de Karhunen-Loève constituent des informations complémentaires. Formellement, la transformation de Karhunen-Loève consiste à déterminer la matrice de covariance Cov de l'image considérée comme un nuage de points V . Ensuite, la symétrie de cette matrice, qui est généralement définie positive, implique qu'elle peut être décomposée (décomposition orthogonale) selon l'équation suivante (2.2) :

$$Cov = B\Lambda B^t \quad (2.2)$$

où, $B = [b_1 \ b_2 \ b_3 \ \dots]$ est une matrice qui contient les vecteurs propres de Cov et Λ est une matrice diagonale formée des valeurs propres correspondants dans un ordre décroissant ($\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \lambda_3 \geq \dots$).

De là, la TKL permet de décorrélérer les données en entrée en utilisant une base orthogonale déterminée via une diagonalisation de la matrice de covariance de l'image. Elle consiste ensuite en une projection de l'image sur les vecteurs propres de sa matrice de covariance. Ainsi, la transformation de Karhunen-Loève est définie par :

$$\forall k, t_k = B (v_k - m_V) \quad (2.3)$$

où, v_k est le k^{eme} vecteur colonne dans V , t_k est la k^{eme} composante principale et m_V est un vecteur représentant la moyenne des lignes de V .

En termes géométriques, la TKL revient à déterminer l'axe d'inertie du "nuage de points", c'est-à-dire la droite affine minimisant la somme des carrés des distances entre elle et l'ensemble de points. Une fois que cette droite représentant la première composante principale est déterminée, on cherche le second axe et ainsi de suite. En effet, vu l'ordre décroissant des valeurs propres, la première composante principale t_1 (PCP) contiendra la variance maximale. Aucune autre transformation linéaire utilisant une base unitaire ne pourrait produire des composantes avec une variance supérieure à λ_1 [HMHL96]. L'information de structure et de texture est contenue essentiellement dans la première composante principale. De là, comme les variations significatives se situent sur les bords entre les régions, nous avons choisi de segmenter uniquement l'image relative à la première composante principale du TKL appliquée sur l'image filtrée. Ainsi, partant d'une image originale, une nouvelle image plus réduite est déterminée en fonction de la direction de la variance maximale. Cette image permet de rehausser les pixels des frontières et de faciliter ensuite la séparation de la zone d'intérêt des tissus qui l'entourent.

2.4 EI Observation - Primitive

Cet EI correspond au processus de segmentation visant à représenter l'image par un ensemble de primitives. Dans le cas de l'imagerie médicale, cette segmentation consiste à extraire, à partir de l'image, une zone d'intérêt (ZI) représentant l'organe ou la partie de l'organe à étudier. Pour ce faire, nous avons choisi d'utiliser les approches de détection des régions vu la richesse de cette primitive. Ceci nous permet de manipuler des graphes d'inclusion ou de voisinage (attributs inter-régions). De plus, les mesures descriptives des régions (géométriques et photométriques) sont très utiles pour la caractérisation et l'évaluation de la zone d'intérêt dans le cadre du diagnostic médical.

Ainsi, pour extraire les régions définissant ZI, nous avons introduit deux méthodes [BZ05b]. La première est utilisée dans le cas où la zone d'intérêt est composée d'une seule région. On parle alors d'une région d'intérêt (RI) qui peut être détectée par un algorithme de croissance de régions. La deuxième approche est appliquée dans le cas où la zone d'intérêt est composée de r régions avec $r > 1$. Elle consiste à réaliser une segmentation plus fine et plus détaillée de l'image. Nous allons détailler dans ce qui suit les approches proposées pour la détection de la zone d'intérêt dans les cas d'une seule région, et d'un ensemble de régions.

2.4.1 Cas d'une seule région d'intérêt

Dans les images médicales où la zone d'intérêt, sujet du diagnostic, est composée d'une seule région (RI), cette dernière apparaît typiquement comme une région relativement dense (une opacité) (FIG 2.3). Dans la littérature, plusieurs travaux se sont intéressés à la segmentation de ce type d'images. La plupart de ces travaux utilisent les techniques de seuillage et les techniques de croissance de régions. Cependant, la majorité des techniques de seuillage ne permettent pas de définir des critères qui permettent de séparer avec précision RI des tissus qui l'entourent. Ceci est principalement dû au faible contraste caractérisant la plupart des images médicales et à la nature floue des frontières de RI dans ces images (*c.f.* 1.4.2.1). En plus, l'application des techniques classiques de croissance de régions pour le détecté de RI ne produit généralement pas des résultats précis. En effet, la nature floue de la transition entre RI et les tissus avoisinants peut provoquer un débordement en dehors de RI lors de l'agrégation des pixels formant cette région (*c.f.* 1.4.2.2).

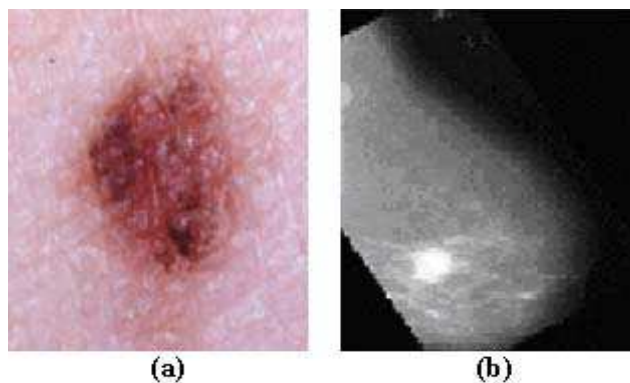


FIG. 2.3 – Exemples d'images médicales dont la zone d'intérêt est composée d'une seule région. a- image d'une lésion de la peau, b- image d'une masse du sein.

Nous développons dans ce qui suit une méthode de croissance de régions après une étape initiale, basée sur les ensembles flous, qui permet de générer, à partir de l'image originale, une image rehaussée. Cette dernière permet de mieux faire apparaître la région d'intérêt en accentuant la différence de contraste entre RI et les tissus qui l'entourent, ce qui permet de diminuer le caractère flou des frontières de RI. L'image rehaussée produite fera ensuite l'objet d'un algorithme de croissance de régions qui, partant d'un pixel germe à l'intérieur de la région à détecter, regroupe itérativement des pixels selon un double critère d'homogénéité et d'adjacence. Ainsi, notre algorithme consiste en l'application des trois étapes suivantes :

1. rehaussement de la région d'intérêt (RI) ;
2. détermination d'un pixel germe à l'intérieur de RI ;
3. agrégation à partir du pixel germe des pixels formant RI.

2.4.1.1 Rehaussement de la région d'intérêt

Nous pouvons rencontrer de l'incertitude et de l'imprécision à tous les niveaux d'un processus de segmentation d'une image. En imagerie médicale, ce genre d'information "incomplète" peut être présente soit au niveau de l'image bidimensionnelle formée à partir de la projection d'une partie du corps réel tridimensionnel, soit au niveau de la précision et de la manipulation des instruments qui sont toujours objets d'erreurs. Avoir un modèle mathématique qui saura appréhender ce genre d'information incertaine et imprécise à un niveau quelconque du processus de la segmentation et qui pourra contrôler sa propagation et en tirer profit aux niveaux suivants semble être alors intéressant. La *logique floue* est une logique multivalente qui considère et manipule ce genre d'information incomplète, et qui est fondée sur l'idée d'appartenance d'un élément à plusieurs classes en même temps [Bra95]. En adoptant ce mode de raisonnement, plusieurs chercheurs ont essayé de créer les moyens nécessaires à l'application de la logique floue en analyse d'images et particulièrement à la segmentation. En ce qui nous concerne, la logique floue peut intervenir pour la génération d'une image (dite *image rehaussée*) permettant de mieux rehausser la région d'intérêt.

En effet, pour une image médicale, l'imprécision peut s'exprimer soit en termes d'ambiguïté d'appartenance d'un pixel à RI, soit au niveau de la non-définition de la forme et de la géométrie de RI, soit au niveau de l'association de ces deux facteurs. Ainsi, le rehaussement de RI peut être accompli en définissant une fonction appropriée qui évalue la ressemblance entre les propriétés d'un pixel considéré et celles de RI. Il s'ensuit qu'une image rehaussée peut être définie en assignant à chaque pixel de l'image originale une valeur qui représente son niveau d'adhésion à la région d'intérêt définie comme étant un sous-ensemble flou de l'image entière. Pour cela, nous définissons une fonction appropriée d'adhésion, μ_{RI} , qui évalue la ressemblance entre les propriétés d'un pixel considéré p , définie par un vecteur v_p , et celles de RI définie par un vecteur v_{RI} . Cette fonction d'adhésion, μ_{RI} , doit vérifier les trois propriétés suivantes :

1. μ_{RI} est symétrique ;
2. μ_{RI} est décroissante de 1 à 0 ;
3. μ_{RI} assigne un degré d'adhésion égal à 1 aux pixels ayant les mêmes propriétés que v_{RI} .

Nous avons étudié plusieurs fonctions, vérifiant les propriétés ci-dessus, et nous avons déduit qu'aucune de ces fonctions n'est capable de produire de bons résultats, concernant le rehaussement de RI, indépendamment de la nature de l'image traitée et de l'application visée. De là, nous avons pensé à combiner les deux fonctions standards d'adhésion, μ_{1RI} et μ_{2RI} (2.4), qui nous ont paru les plus performantes [ZB03a].

$$\mu_{1RI} = 1 - \beta |v_p - v_{RI}| \quad \text{et,} \quad \mu_{2RI} = \frac{1}{1 + \beta |v_p - v_{RI}|} \quad (2.4)$$

Ceci nous a amené à définir la fonction d'adhésion μ_{RI} donnée par l'équation (2.5) et qui permet d'obtenir des résultats meilleurs que ceux produits avec les fonctions μ_{1RI} et μ_{2RI} (FIG 2.4). Le contraste de RI dans l'image résultante dépend fortement de la valeur du paramètre β qui définit l'ouverture de la fonction d'adhésion μ_{RI} . Pour une grande valeur de β , l'ouverture est étroite et le comportement de la fonction est stricte, alors que pour une petite valeur de β , l'ouverture est large et la fonction présente un comportement plus permissif [ZB04] (FIG 2.5).

$$\mu_{RI}(p) = \frac{\mu_{1RI}(p) + \mu_{2RI}(p)}{2} = \frac{1}{2} \left[\frac{2 - \beta^2 |v_p - v_{RI}|^2}{1 + \beta |v_p - v_{RI}|} \right] \quad (2.5)$$

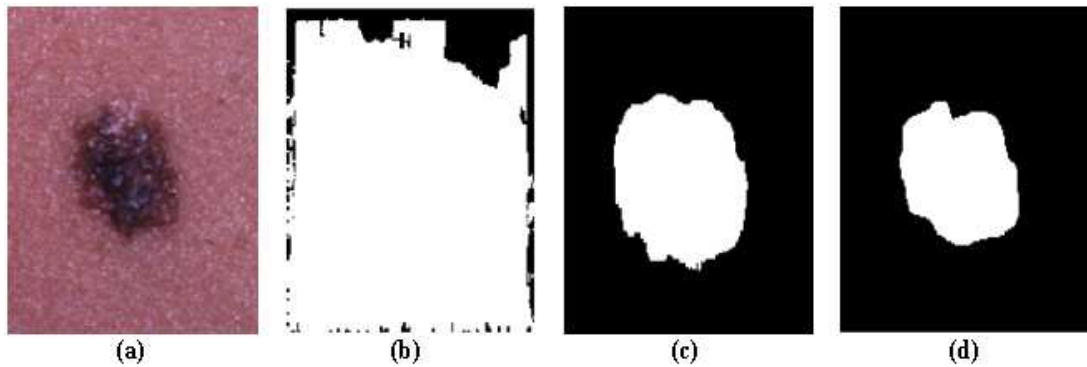


FIG. 2.4 – Comparaison des fonctions d'adhésion. a- image originale d'une lésion (RI) de la peau, b- détection de RI avec la fonction μ_{1RI} , c- détection de RI avec la fonction μ_{2RI} , d- détection de RI avec la fonction μ_{RI} .

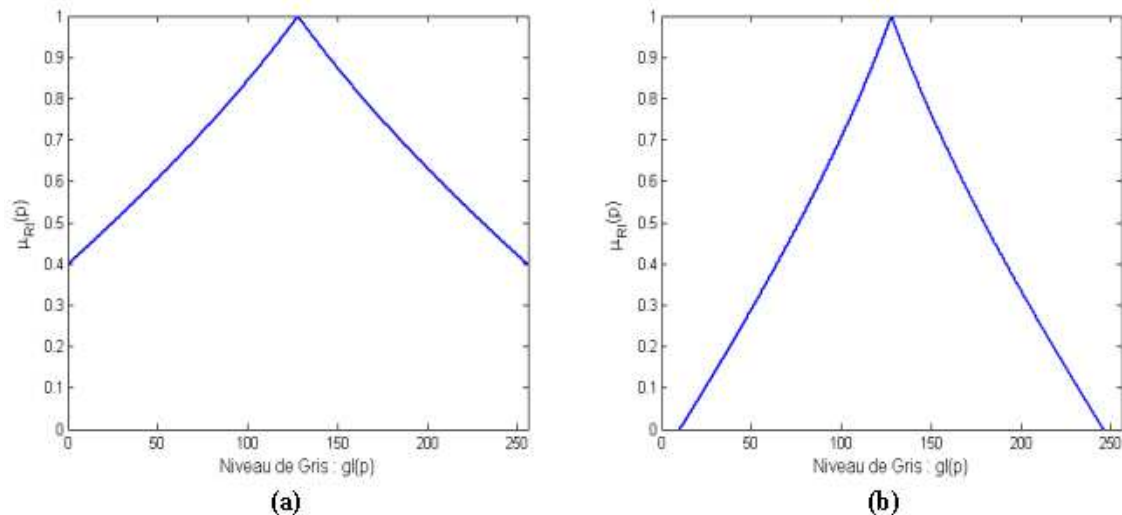


FIG. 2.5 – Comportement de la fonction μ_{RI} relativement à β . a- $\beta = 0.006$, b- $\beta = 0.011$.

Il reste maintenant à définir le vecteur v_{RI} descriptif de la région d'intérêt (RI). Cette région apparaît typiquement comme une région relativement dense dont les propriétés pourraient être caractérisées en utilisant la densité locale, le gradient et d'autres mesures. L'ensemble de telles propriétés locales pourrait être utilisé pour définir le vecteur v_{RI} . Nos expérimentations ont montré que l'utilisation d'autres attributs, autre que l'intensité, complique le processus sans pour autant améliorer les résultats [ZB02] [ZB04]. Ainsi, nous avons considéré l'intensité comme seule composante de v_{RI} et donc un niveau gris gl_{RI} représentatif de RI doit être précisément déterminé.

Pour ce faire, nous avons émis l'hypothèse que le nombre de classes valides correspond en général au nombre de sommets dominants dans l'histogramme des intensités. Donc, nous devons avoir, dans le cas où la zone d'intérêt est restreinte à une RI, un histogramme bimodale, puisque le nombre de classes est deux : *classe1* : RI et *classe2* : les tissus entourants¹. Pour cela, partant de l'histogramme h de l'image produite par l'EI Observation-Observation, nous appliquons une succession d'opérations de lissage (2.6) dans le but d'enlever les "petits" maxima locaux et afin d'obtenir une parfaite courbe bimodale lissée (FIG 2.6).

$$h(i) \leftarrow \frac{1}{3} [h(i-1) + h(i) + h(i+1)] \quad (2.6)$$

¹Dans le cas où les tissus entourants sont répartis sur des plages d'intensité assez différentes, il suffit de sélectionner une sous-image autour de la région d'intérêt pour être segmentée.

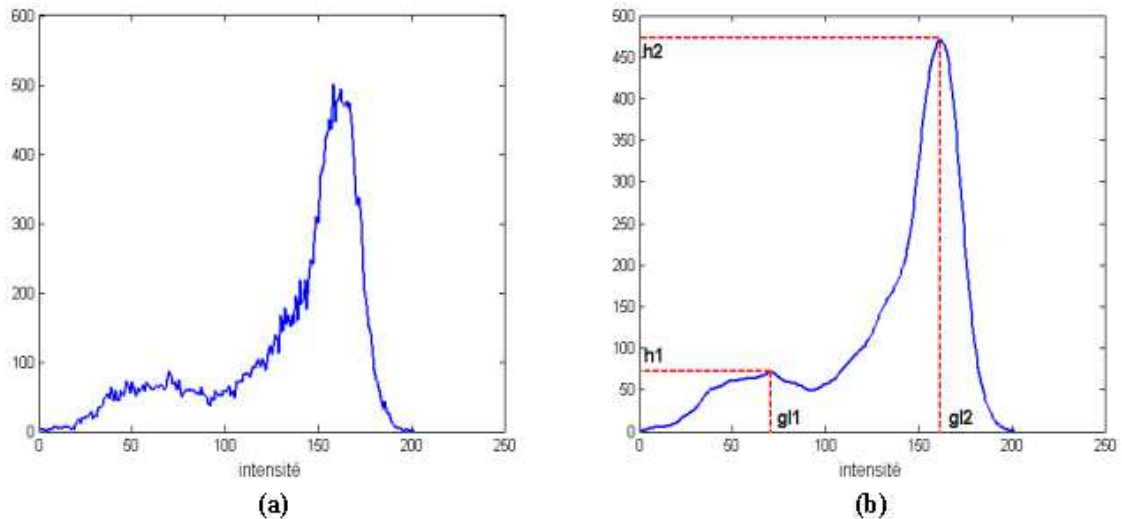


FIG. 2.6 – Lissage de l’histogramme de l’image de la figure (FIG 2.3.a). a- histogramme original, b- histogramme lissé.

Cette courbe est caractérisée par deux pics significatifs h_1 et h_2 correspondant à gl_1 et gl_2 et représentant successivement les intensités des deux classes. Ensuite, sachant la différence de luminances entre RI et les tissus qui l’entourent, il est facile de déterminer, parmi gl_1 et gl_2 ($gl_1 < gl_2$), l’intensité représentative gl_{RI} de RI. En d’autres termes, si RI est plus claire (*resp.* sombre) que les tissus qui l’entourent, alors gl_{RI} est égale à gl_2 (*resp.* gl_1). Notons enfin que dans l’image rehaussée (la matrice des degrés d’adhésion) les valeurs élevées correspondent aux pixels dont les propriétés sont “semblables” à v_{RI} , et les petites valeurs correspondent aux autres pixels (FIG 2.7).

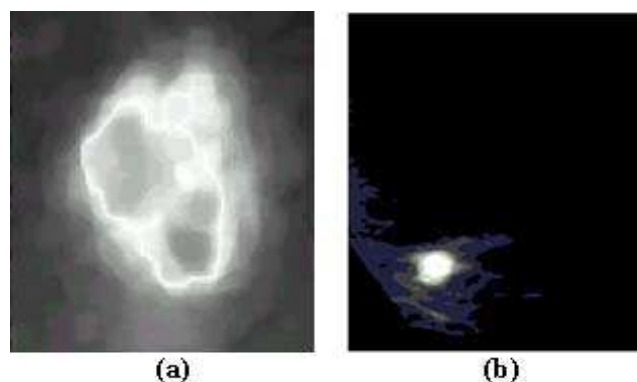


FIG. 2.7 – Génération des images rehaussées des deux images de la figure FIG 2.3 (avec $\beta = 0.007$).

2.4.1.2 Détermination du pixel germe

Le pixel germe doit avoir les mêmes caractéristiques que celles du vecteur descriptif v_{RI} tout en étant le plus proche possible du centre de gravité de la région d'intérêt. Ainsi, connaissant l'ensemble ξ des pixels ayant gl_{RI} comme niveau de gris, nous choisissons comme pixel germe g celle ayant un voisinage le plus homogène possible. Initialement, nous avons défini comme pixel germe un pixel appartenant à ξ tout en minimisant la différence entre son intensité et la moyenne des valeurs des intensités sur un voisinage quasi-homogène $V(g)$ centré autour de ce pixel g (2.7) [ZB03b].

$$g \text{ solution du problme d'optimisation} : \arg \min_{p \in \xi} |gl(p) - m(p)| \quad (2.7)$$

où, $m(p)$ est la moyenne des niveaux de gris sur un voisinage ($V(p)$) centré en p .

En utilisant cette équation (2.7), nous avons rencontré des cas rares où le pixel germe est situé près du bord de RI [FBZ04]. Ceci est dû essentiellement à la petite taille de RI et au fait que certains pixels sur les bords peuvent avoir plusieurs voisins qui sont eux-mêmes sur les bords. Ainsi, l'application de l'équation (2.7) peut produire un pixel du bord (loin du centre de RI) comme pixel germe. Ceci détériore les résultats de détection de RI. Pour palier à ceci, nous avons introduit un nouveau critère pour la sélection automatique du pixel germe à l'intérieur de la région d'intérêt (2.8). En effet, le pixel germe est celui appartenant à ξ et qui minimise le maximum de la différence entre son intensité et ceux des pixels voisins. Ce critère produit toujours un meilleur résultat en sélectionnant très souvent un pixel à l'intérieur de RI comme germe (FIG 2.8).

$$g \text{ solution du problme d'optimisation} : \arg \min_{p \in \xi} \left[\max_{q \in V(p)} |gl(p) - gl(q)| \right] \quad (2.8)$$

2.4.1.3 Agrégation des pixels

Le processus d'agrégation des pixels formant RI est appliqué sur l'image rehaussée produite à l'étape précédente. L'algorithme démarre avec le pixel germe représentant une première approximation de RI. Puis, pour chaque pixel p appartenant à RI, chacun de ces 8-voisins est candidat à l'agrégation. En effet, si le pixel voisin est "suffisamment similaire" à p , alors il sera fusionné à RI ; sinon il sera considéré comme pixel frontière de RI. Pour juger si deux pixels sont "suffisamment similaires", nous utilisons un seuil θ ($\simeq 0$) pour comparer leurs valeurs

correspondantes dans l'image rehaussée. Ce processus continue jusqu'à ce qu'il n'y ait plus de pixel connexe à RI vérifiant le critère d'homogénéité. Ainsi, une image binaire qui sépare RI (1) du reste de l'image (0) est définie à la fin de cet algorithme d'agrégation (FIG 2.9). Notons enfin que la substitution de l'image originale par l'image rehaussée lors de l'agrégation des pixels permet de minimiser l'effet du seuil d'arrêt θ sur le résultat de la détection.

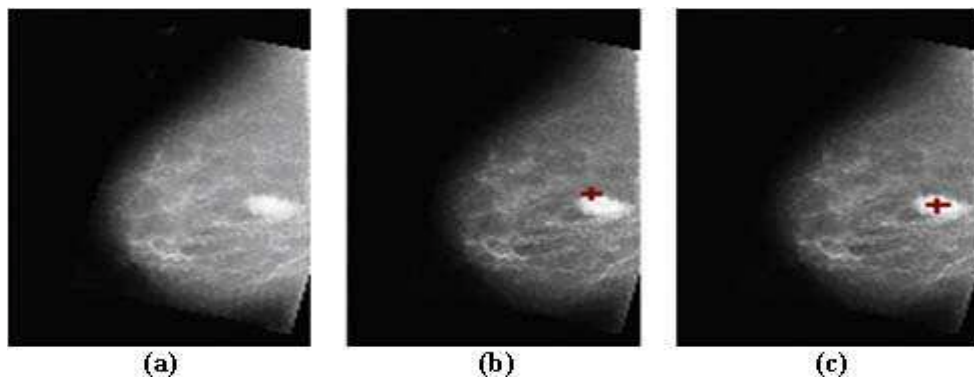


FIG. 2.8 – Détermination du germe dans un mammogramme. a- l'image rehaussée relative au mammogramme, b- localisation du germe avec l'équation (2.7), c- localisation du germe avec l'équation (2.8).



FIG. 2.9 – Génération de l'image binaire qui sépare la masse du sein (FIG 2.8.a) du reste de l'image ($\theta = 0.1$).

Au terme de la réalisation de cette croissance de régions, on dispose d'une représentation de RI par un ensemble homogène de points adjacents. Pour rendre les images segmentées plus exploitables, il est parfois intéressant d'appliquer des

post-traitements au résultat de la segmentation. Ces post-traitements consistent principalement en l'application des opérateurs morphologiques (érosion, dilatation, ouverture, fermeture, etc.). Par exemple, un post-traitement de *dilatation-érosion* est des fois appliqué sur l'image binaire résultat de notre algorithme de croissance de régions afin d'enlever les pixels isolés (0), indiquant la présence de bruit, à l'intérieur de la région d'intérêt (1).

2.4.2 Cas de plusieurs régions d'intérêt

Dans le cas où la zone d'intérêt (ZI) est composée d'un ensemble de r ($r > 1$) régions ayant généralement les mêmes apparences et caractéristiques photométriques tout en étant spatialement distantes, l'application de l'approche précédente par croissance de régions ne permet pas de récupérer de bons résultats. En effet, certaines de ces régions sont assez petites et la sélection du germe à l'intérieur de l'une de ces régions devient une tâche très critique. Ainsi, il est très difficile de déterminer automatiquement tous les germes relatifs aux r régions surtout si la valeur de r est élevée. En plus, même dans le cas d'une sélection manuelle des germes par un expert, cette tâche peut être accompagnée d'un degré élevé d'erreurs surtout pour les régions de petite taille. En effet, il se peut que l'expert sélectionne le germe à l'extérieur de la région concernée, ce qui fausse ensuite tout le processus de la détection de la région.

A partir de là, nous avons choisi d'introduire une nouvelle approche, plus fine, pour la détection de l'ensemble de r régions formant la zone d'intérêt. Pour ce faire, nous commençons par une pré-segmentation de l'image en la subdivisant en un ensemble de classes reflétant les différents tissus et matières formant l'image à traiter. Autrement, nous cherchons à séparer la classe contenant la zone d'intérêt des autres classes. Pour ce faire, nous avons réalisé une classification floue afin de partitionner l'image en un ensemble de c classes dont l'une (C_{ZI}) est celle contenant ZI (même tissu). La classification floue est faite par l'algorithme FCM où une étude de ses paramètres et de sa complexité est faite au préalable. Ceci nous a amené à proposer une version améliorée de cet algorithme. Toutefois, cette version améliorée de l'algorithme FCM ne permet pas, à lui tout seul, de détecter les r régions formant ZI puisque la classe C_{ZI} peut contenir des objets autres que les r régions qui nous intéressent. Donc, la classe C_{ZI} doit être segmentée en régions afin d'extraire les r régions formant ZI. Pour cela, nous avons introduit un algorithme hiérarchique de segmentation en régions par seuillage adaptatif [BZG00]. Cet algorithme produit des résultats meilleurs pour les zones uniformes, ce qui est le cas pour le plupart des zones d'intérêt dans les images

médicales, que ceux obtenus à partir des techniques classiques de segmentation en régions [AZ05] telles que celles par croissance de régions [HS85], par division-fusion [Buv93] et par multi-seuillage [ZHJ98].

2.4.2.1 Classification floue

Traditionnellement, la classification floue est assurée par l'algorithme FCM. Dans notre cas, nous avons réalisé une étude des paramètres de l'algorithme FCM. Cette étude nous a permis de définir une nouvelle version de l'algorithme FCM qui permet d'optimiser les résultats de la classification tout en réduisant le temps de calcul qui est l'inconvénient majeur de la version classique de l'algorithme FCM [KS94]. Dans ce qui suit, nous allons présenter la version classique de l'algorithme FCM ainsi qu'une étude de ses paramètres. Ensuite, étant donné cette étude, nous proposerons une version améliorée de l'algorithme FCM.

a) L'algorithme FCM classique

Le "*Fuzzy C-Means*" (FCM) est un algorithme itératif de classification floue non supervisée qui est une généralisation de la classification non supervisée classique dans le domaine des ensembles flous. Les méthodes de classification non supervisée consistent à partitionner un ensemble d'éléments en un nombre donné de classes en optimisant une fonction objective. Chaque classe de la partition possède un centre de gravité (dit *prototype* de la classe). L'avantage de l'utilisation de la notion du flou est la modélisation de l'incertitude et de l'ambiguïté, ce qui permet de retarder la classification tant qu'elle est incertaine. En effet, dans l'approche floue, on calcule itérativement les valeurs d'adhésion de chaque élément à chacune des classes. Ce processus est répété jusqu'à l'optimisation d'un critère d'arrêt. De cette manière, chaque élément peut appartenir à plusieurs classes avec un degré plus ou moins fort, permettant de conserver le plus longtemps possible un volume d'informations important sans avoir à prendre la décision prématurément.

L'algorithme FCM crée une partition floue qui affecte à chaque vecteur pixel un degré d'adhésion flou à chacune des classes. Lors de la prise de décision, chaque pixel sera affecté définitivement à la classe où son degré d'appartenance est maximal. En revanche, ayant une connaissance a priori du nombre c des classes, FCM classe les données de façon à minimiser l'erreur quadratique entre les vecteurs centres des classes (*prototypes*) et les vecteurs pixels. En d'autres termes, FCM minimise la fonction d'énergie $Jm(U, V; X)$ (2.9) en fonction de X afin de résoudre le problème d'optimisation (π) suivant :

$$(\pi) : \begin{cases} \min_{U \in \zeta} \sum_{i=1}^{n_1} \sum_{j=1}^{n_2} \sum_{k=1}^c (u_{i,j}(k))^m \cdot \|X_{i,j} - v_k\|_B^2 \\ \zeta = \{U \in ([0, 1])^{n_1 \times n_2 \times c} / \sum_{k=1}^c u_{i,j}(k) = 1, \forall i, \forall j, \\ \text{et } 0 < \sum_{i=1}^{n_1} \sum_{j=1}^{n_2} u_{i,j}(k) < N, \forall k\} \end{cases} \quad (2.9)$$

où, \mathbf{N} est le nombre des pixels à classifier dans l'image $Im(n_1; n_2)$ ($N = n_1 \times n_2$),

p est le nombre des attributs choisis pour caractériser un pixel,

$\mathbf{X}_{i,j} \in \mathbf{R}^p$ où $1 \leq i \leq n_1, 1 \leq j \leq n_2$: le vecteur représentant le pixel $Im(i, j)$,

$v_k \in \mathbf{R}^p$ où $1 \leq k \leq c$: le vecteur centre (*prototype*) de la classe k ,

$u_{i,j}(k) \in [0, 1]$: le degré d'appartenance du vecteur $\mathbf{X}_{i,j}$ à la classe floue k ,

$m \in]1, +\infty[$: le coefficient (dit *le facteur de flou*) contrôleur du degré de fuzzification dans les classes,

$\mathbf{U} = (u_{i,j}(k))$ où $1 \leq i \leq n_1, 1 \leq j \leq n_2, 1 \leq k \leq c$: la matrice tridimensionnelle floue de la partition,

$\|X_{i,j} - v_k\|_B = (X_{i,j} - v_k)B(X_{i,j} - v_k)^t$: la distance entre $\mathbf{X}_{i,j}$ et v_k selon la norme \mathbf{B} tel que \mathbf{B} est définie positive.

Pour résoudre le problème d'optimisation (π) , l'algorithme FCM, tel qu'il était présenté par [Bez81], se présente comme suit :

- ◇ Initialisations :
- choisir les paramètres : c, m, \mathbf{B} et le paramètre d'arrêt ϵ ;
 - initialiser aléatoirement une matrice $(n_1 \times n_2 \times c)$ d'appartenance $\mathbf{U}^{(t=0)}$.
- ◇ Etape 1 : calculer la matrice $\mathbf{V}^{(t)}$ des centres des classes en fonction de la valeur de $\mathbf{U}^{(t)}$, tels que : $\mathbf{V}^{(t)} = F(\mathbf{U}^{(t)}) = (f_k(\mathbf{U}^{(t)}))_{1 \leq k \leq c}$
- ◇ Etape 2 : calculer la matrice $\mathbf{U}^{(t+1)}$ en fonction de la valeur de $\mathbf{V}^{(t)}$, tels que : $\mathbf{U}^{(t+1)} = G(\mathbf{V}^{(t)}) = (g_{i,j}^k(\mathbf{V}^{(t)}))_{1 \leq i \leq n_1, 1 \leq j \leq n_2, 1 \leq k \leq c}$
- ◇ Etape 3 : **si** $\|\mathbf{U}^{(t+1)} - \mathbf{U}^{(t)}\|_B < \epsilon$ **alors Arrêter,**
sinon $t = t + 1$ et aller à Etape 1.

Dans notre cas, les fonctions f_k et $g_{i,j}^k$ sont définies respectivement par les équations :

$$\forall k, \quad v_k^{(t)} = f_k(\mathbf{U}^{(t)}) = \frac{\sum_{i=1}^{n_1} \sum_{j=1}^{n_2} (u_{i,j}^{(t)}(k))^m \mathbf{X}_{i,j}}{\sum_{i=1}^{n_1} \sum_{j=1}^{n_2} (u_{i,j}^{(t)}(k))^m} \quad (2.10)$$

$$\forall (i, j, k), u_{i,j}^{(t+1)}(k) = g_{i,j}^k(\mathbf{V}^{(t)}) = \begin{cases} \left(\sum_{q=1}^c \left[\frac{\|\mathbf{X}_{i,j} - v_k^{(t)}\|_{\mathbf{B}}}{\|\mathbf{X}_{i,j} - v_q^{(t)}\|_{\mathbf{B}}} \right]^{(2/m-1)} \right)^{-1}, & \text{si } \mathbf{I}_{i,j}^{(t)} = \phi \\ \frac{1}{\text{Card}(\mathbf{I}_{i,j}^{(t)})} \cdot \chi_{\mathbf{I}_{i,j}^{(t)}}(k) & , \text{ sinon} \end{cases} \quad (2.11)$$

où, $\mathbf{I}_{i,j}^{(t)} = \left\{ k / 1 \leq k \leq c \text{ et } \|\mathbf{X}_{i,j} - v_k^{(t)}\|_{\mathbf{B}} = 0 \right\}$, $\chi_{\mathbf{I}}$ est la fonction caractéristique de l'ensemble \mathbf{I} et $\text{Card}(\mathbf{I})$ est le cardinal de \mathbf{I} .

b) La version améliorée de l'algorithme

Les paramètres p et c dépendent essentiellement de la nature de l'image à traiter et des objectifs de l'application du diagnostic. Considérons à titre d'exemple le paramètre c , la valeur de ce paramètre dépend des caractéristiques des tissus composant l'organe sujet du diagnostic. Comme nous le montrerons au chapitre 4, dans le cas des images IRM du cerveau, le paramètre c varie dans l'intervalle $[3, 6]$ puisque le cerveau humain est composé de 3 matières : grise, blanche et CSF. Donc, nous restreindrons notre étude ici au paramètre m qui représente le coefficient contrôleur du degré de fuzzification dans les classes.

En effet, en ce qui concerne ce paramètre, nos expérimentations nous ont montré qu'une "grande" valeur de m rend les frontières des zones plus ambiguës (FIG 2.10). En d'autres termes, une valeur élevée de m retarde la tâche de classification et permet en contrepartie de minimiser le temps de calcul T (FIG 2.11). Afin de mettre en évidence ces remarques, nous avons appliqué l'algorithme FCM pour différentes valeurs de m , et pour chaque valeur de m nous avons déterminé le taux de classification CR (2.12) mettant en jeu le nombre des pixels de l'image qui sont "pratiquement" bien associés à une classe. Nous pouvons conclure que plus la valeur de m est grande, plus la valeur de CR est petite, et par conséquent la décision de la classification est encore incertaine (FIG 2.12).

$$CR = Card(\delta) \quad avec \quad \delta = \left\{ Im(i, j) / \max_{1 \leq k \leq c} u_{i,j}(k) \geq 1 - \varepsilon_0 \right\} \quad (2.12)$$

où, ε_0 est une valeur réelle presque nulle.

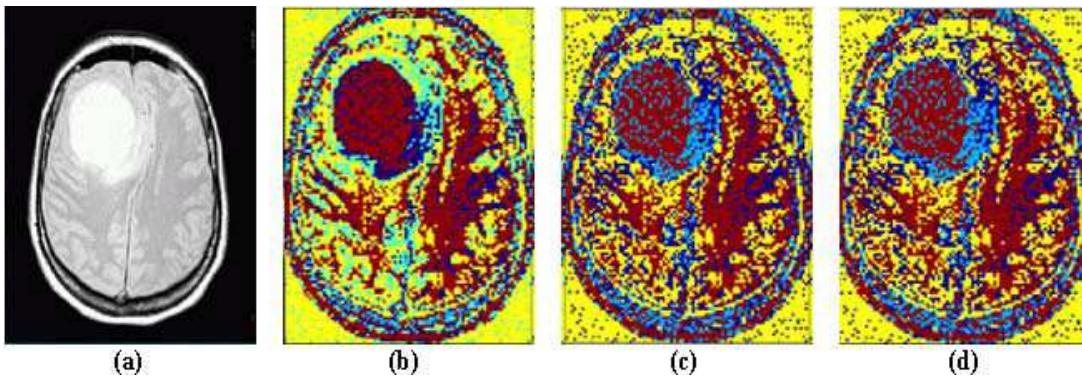


FIG. 2.10 – Classification FCM selon m ($c = 4$, $p = 1$). a- image originale, b- $m = 3.5$, c- $m = 6.5$, d- $m = 8.5$.

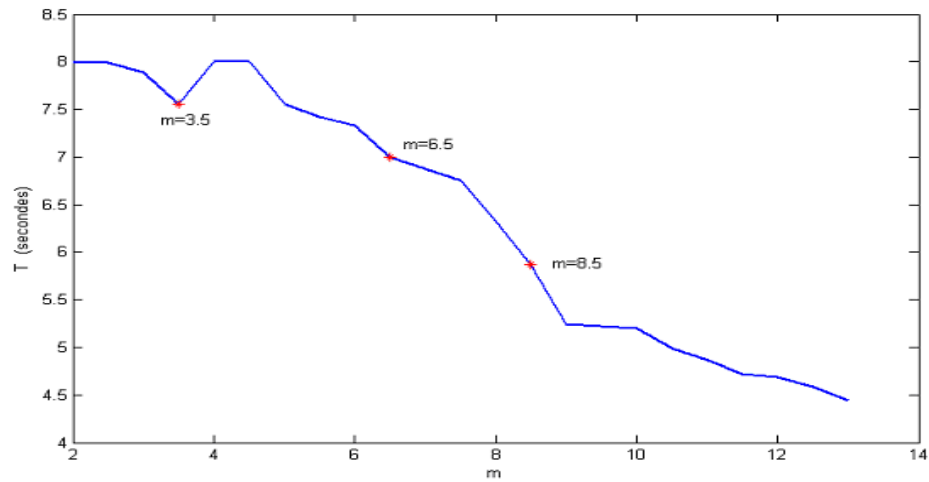


FIG. 2.11 – Variation de m relativement au temps de calcul T .

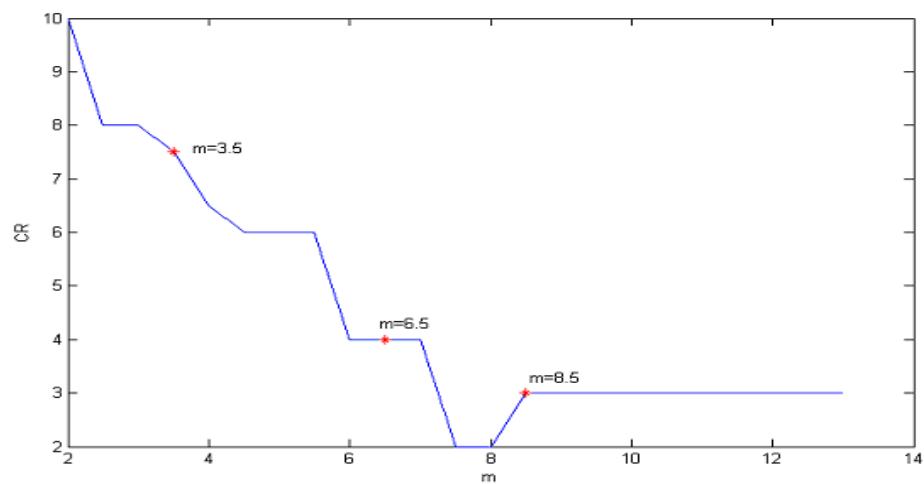


FIG. 2.12 – Variation de m relativement au taux de classification CR .

Par conséquent, nous commençons la classification avec une grande valeur de m et nous la réduisons progressivement en fonction du degré de classification (2.13). Pour ce faire, nous avons choisi une valeur initiale m_0 la plus grande possible tout en assurant un taux initial de classification CR acceptable. Dans le cas des applications envisagées dans le cadre de cette thèse, la valeur $m_0 = 6.5$ permet un taux initial de classification CR d'environ 40% de l'image (FIG 2.12).

Ensuite, pour assurer un bon taux de classification CR tout en réduisant le temps de calcul T , nous avons fait décroître m avec un pas de 0.5 chaque fois que CR est incrémenté d'au moins 10% du nombre total des pixels de l'image (N). Cette adaptation permet de réduire le temps de calcul en moyenne de 10.5% (TAB 2.1) tout en améliorant la qualité de la classification (*i.e.* $CR_{final} \simeq N$).

$$\overline{\text{si } CR \geq \theta_2^{(iter)} \quad \text{alors } m \leftarrow m - \theta_3 \quad \text{et } iter \leftarrow iter + 1.} \quad (2.13)$$

où, $\theta_2^{(iter)} = \frac{(2+iter).N}{10}$ (*i.e.* $\theta_2^{(1)} = 40\%$ de N) et $\theta_3 = 0.5$.

TAB. 2.1 – Comparaison du temps de calcul entre le FCM classique et notre version améliorée (les tests ont été réalisés sur la figure FIG 2.10.a).

valeur initiale de m	6	8	10
temps de calcul du FCM classique (s)	7.46	5.87	5.27
temps de calcul de notre version (s)	5.62	4.35	4.24

En plus, comme l'initialisation aléatoire de la matrice de partition $U^{(t=0)}$ influence fortement le résultat de l'algorithme [JW03] [AP05], nous avons choisi d'initialiser la matrice des prototypes des classes $\mathbf{V}^{(t=0)}$ (2.14) afin que ces prototypes couvrent toute l'intervalle des données en entrée. Ceci permettra de garantir une meilleure distribution des centres des classes et d'accélérer la convergence de l'algorithme. Une fois la matrice $\mathbf{V}^{(t=0)}$ est initialisée, l'algorithme FCM démarre à l'*Étape 2* pour générer la matrice initiale d'appartenance $U^{(t=0)}$.

$$\forall h \in \{1, \dots, p\}, \forall k \in \{1, \dots, c\},$$

$$v_k^{(0)}(h) = k. \left\lfloor \frac{1}{c} (\max_{i,j} \mathbf{X}_{i,j}(h) - \min_{i,j} \mathbf{X}_{i,j}(h)) \right\rfloor \quad (2.14)$$

où, $\lfloor \]$ désigne la partie entière.

Ayant enfin la matrice $\mathbf{U}^{(final)}$, la classification finale sera exacte en affectant chaque pixel $Im(i, j)$ à la classe C_{k^*} ($k^* \in \{1, \dots, c\}$) pour laquelle son degré d'appartenance est maximal (2.15).

$$u_{i,j}^{(final)}(k^*) = \max_{1 \leq k \leq c} u_{i,j}^{(f)}(k) \quad (2.15)$$

2.4.2.2 Segmentation hiérarchique en régions par seuillage adaptatif

L'idée de la segmentation hiérarchique en régions est d'offrir plusieurs niveaux de segmentations aux étapes ultérieures d'un système de traitement d'images. Elle consiste à utiliser plusieurs représentations de la même scène avec des niveaux de détails de plus en plus fins. Ces représentations sont organisées sous la forme d'une pyramide, allant de la segmentation la moins fine jusqu'à la segmentation la plus fine (*coarse-to-fine*). On peut distinguer principalement deux catégories de segmentation hiérarchique. La première concerne *les méthodes descendantes* où les régions sont divisées progressivement [RG91]. La deuxième catégorie concerne *les méthodes ascendantes* où les régions sont fusionnées progressivement. Ces méthodes manipulent aussi bien l'information de luminance que les relations spatiales entre les points de l'image. On procède, par exemple, soit par agrégation de points avec un noyau, soit par fusion des régions issues d'une partition initiale [VSCG89]. Nous avons choisi d'utiliser la méthode descendante en fonction des propriétés suivantes :

1. les calculs initialement globaux deviennent progressivement locaux ;
2. les différences entre les structures de deux arbres de segmentation de deux images différentes, d'un même patient ou de deux patients différents, indiquent les différences entre les images correspondantes ;
3. le recouvrement des deux arbres, relatifs à deux images, facilitera énormément la mise en correspondance des primitives [BZ03] ;
4. cette méthode a l'avantage de s'approcher du fonctionnement du système de vision humain quand celui-ci parcourt une image en cherchant des détails de plus en plus fins.

La méthode que nous introduisons est implémentée selon un schéma récursif qui segmente chaque région divisible moyennant une technique de seuillage appliquée sur l'image gradient. On construit ainsi un arbre de segmentations emboîtées dont la racine est une région composée de l'image toute entière. Chaque noeud est ensuite une région de l'image et ses descendants sont les sous-régions qui la partitionnent. Ainsi, la hiérarchie d'une image I sera représentée par un arbre noté H , dont la racine est l'image toute entière et la partition d'une région R en sous régions $\{R_1, R_2, \dots, R_n\}$ est notée P . La fonction *Hiérarchie* est :

```

Hiérarchie( $I$ )  $\longrightarrow$   $H$ 
début
  tant qu'il existe un noeud  $R$  non traité
     $P = \text{Segmenter}(R) = \{R_1, R_2, \dots, R_n\}$ .
    si Accepter( $P$ ) alors Mise à jour ( $H, P$ ).
    finsi
  fin tant que
fin Hiérarchie.

```

A l'issue de ce premier niveau de raffinement de notre algorithme, se posent les questions suivantes : Quelle méthode faut-il employer pour segmenter une région donnée ? Comment choisir le niveau de la partition suivante ? et, Comment juge-t-on qu'une partition est acceptable ? Les réponses aux deux premières questions reviennent à la définition de la fonction *Segmenter* (§2.4.2.3 et §2.4.2.4), alors que la réponse à la troisième question revient à la définition de la fonction *Accepter* (§2.4.2.5).

2.4.2.3 Principe de la segmentation d'une région

Nous avons considéré la définition suivante d'une région : “*une région est délimitée par des contours fermés*”, et pour obtenir les contours fermés, nous employons des techniques propres à la détection des points de contraste. Pour mesurer le contraste dans l'image, nous utilisons la notion de *gradient* qui est le résultat d'un calcul différentiel de premier ordre en chaque point de l'image. En effet, les points de contraste correspondent aux fortes transitions d'intensité et donc aux maxima du module de gradient MG . En pratique, le calcul de gradient pour les images discrètes est souvent approximé par la convolution de l'image avec des masques. Il existe de nombreux masques permettant d'effectuer ce calcul (*Sobel, Prewitt, Shen-Castan, Canny, ...*) [SC86]. Malgré leurs coûts relativement élevés, nous avons opté pour les opérateurs de Canny qui donnent des résultats plus précis avec des effets d'échantillonnage et une sensibilité au bruit moins importante que les autres opérateurs [Can86].

Ainsi, pour constituer une région, il fallait distinguer deux classes de points. La première classe (C_1) concerne les points internes à la région ; alors que la deuxième classe (C_2) est celle des points frontières de la région. Pour juger qu'un point a un gradient suffisamment fort ou pas, nous utilisons un seuil S de *binarisation*. De ce fait, il est très important de préciser la valeur que nous affectons au seuil de binarisation. Ensuite, la partition d'une région sera l'ensemble des composantes connexes de l'ensemble des points de la première classe C_1 (*labélisation*). Ceci permet d'affecter à chaque nouvelle région une étiquette (label).

Pour constituer la hiérarchie H , nous appliquons², pour chaque région R apparue avec le seuil S_R , une binarisation avec un seuil $S_{sol} \in [0, S_R]$. Autrement dit, pour chaque niveau de la hiérarchie correspondant à un seuil S_R , nous déterminons le niveau suivant via un seuil S_{sol} inférieur à S_R . Notons enfin que vu la décroissance des seuils de segmentation en fonction du raffinement de la hiérarchie, les régions placées au plus haut de la hiérarchie seront celles dont les frontières sont les plus contrastées et à l’opposé, les régions aux frontières mal définies se retrouvent au plus bas de l’arborescence.

2.4.2.4 Choix du seuil de partition d’une région

Pour déterminer le seuil de binarisation d’une région, il est indispensable de tenir compte des remarques suivantes :

1. des “morceaux” de frontières peuvent apparaître à l’intérieur d’une région sans pour autant délimiter une sous-région : il y a alors sous-segmentation ;
2. une binarisation par un seuil trop faible fournit une partition très riche. Dans ce cas, soit le seuil choisi est trop petit et on obtient une meilleure partition en le rehaussant, soit la région à diviser est homogène et donc, quel que soit le seuil, on aura toujours une sur-segmentation. En d’autres termes, si $\{R_1, R_2, \dots, R_p\}$ est la partition d’une région R avec un seuil S et $\{R'_1, R'_2, \dots, R'_q\}$ est la partition de R avec un seuil S' inférieur à S , on a alors : $\bigcup_{i=1}^q R'_i \subset \bigcup_{j=1}^p R_j \subset R$. Ce qui s’explique par le fait que, si on diminue le seuil de binarisation, on obtient nécessairement plus de points frontières ;
3. on ne peut pas stocker une partition dès qu’une nouvelle région apparaît. En effet, le problème des opérateurs différentiels lorsqu’ils sont appliqués à une image se manifeste dans leur sensibilité au bruit, à la texture, etc. On risque alors de stocker une nouvelle partition à chaque formation d’une région factice. C’est pour cette raison que l’algorithme doit assurer des différences suffisamment importantes entre les niveaux de segmentation pour que chaque nouvelle partition intègre des nouvelles régions significatives.

Ainsi, pour chaque région R apparue avec le seuil S_R , nous allons chercher la meilleure partition $P = \{R_i\}_{i=1, \dots, n}$ correspondante au seuil S_{sol} ($0 \leq S_{sol} \leq S_R$). Or segmenter une région revient à diviser celle-ci en sous-régions que l’on espère plus homogènes. Les deux caractéristiques statistiques caractérisant au mieux l’homogénéité d’une région sont sa moyenne et sa variance. De là, nous

²Pour la racine de la hiérarchie (l’image entière), S_R est la valeur du module de gradient le plus élevé ajouté de 1, pour s’assurer que tous les pixels soient classés dans une seule région.

avons défini une fonction permettant de mesurer le degré de partitionnement d'une région en se basant sur ces deux caractéristiques. Pour ce faire, nous nous sommes inspiré de la fonction Ci utilisée dans la méthode des nuées dynamiques [CDG⁺89]. Cette fonction représente le rapport entre l'uniformité moyenne des niveaux de gris des régions et la variance de la moyenne des régions produites par la partition P (2.16).

$$Ci(P) = \frac{Moyenne(Variance(R_i))}{Variance(Moyenne(R_i))} \quad (2.16)$$

Toutefois, Ci n'est pas assez discriminante dans la mesure où de petites régions "indésirables" ont des impacts aussi importants que les régions "significatives". Donc, nous avons rééquilibré les effets de chacune des régions de la partition en les pondérant par leur taille. Ainsi, nous avons défini la fonction d'évaluation F_R de la partition P d'une région R avec le seuil S par (2.17) :

$$F_R(S) = \frac{Variance(R)}{Taille(R)} \cdot \sum_{i \in |P|} Taille(R_i) \cdot Variance(R_i) \quad (2.17)$$

Pour manipuler et comprendre le comportement de cette fonction, nous avons tracé son graphe, relativement à une région R , en fonction d'un ensemble de seuils dans l'intervalle $[0, S_R]$. Ceci nous a permis de déduire que la fonction F_R est monotone [BZG00] et que les variations de F_R correspondent à des paliers plus ou moins prononcés (FIG 2.13). Ces paliers sont dus soit à l'apparition d'une multitude de petites régions qui provoquent un effet de sur-segmentation, soit à la formation de régions significatives plus homogènes que la région dont elles sont issues. En effet, les paliers les mieux marqués correspondent à l'apparition d'une ou de plusieurs régions au sein de la région R à segmenter. Les seuils inférieurs au seuil d'apparition S_R , pour lesquels F_R est pratiquement constante, signifient qu'aucune nouvelle région n'est apparue bien que de nouveaux points se soient binarisés au fur et à mesure que le seuil diminue. Ainsi, pour chaque région divisible, le seuil S_{sol} recherché est le seuil le plus élevé compris entre 0 et S_R où la fonction a un palier significatif, c'est-à-dire supérieur à une amplitude ϱ qui correspond au minimum d'un saut de F_R faisant apparaître au moins une nouvelle région significative (2.18).

$$S_{sol} = Sup \{S \in [0, S_R] / F_R(S) \geq \varrho\} \quad (2.18)$$

En effet, en cherchant le seuil S_{sol} le plus élevé possible, nous ferons apparaître le plus tôt possible des régions dans la hiérarchie et nous obtiendrons ainsi des

frontières plus fiables. Formellement, la recherche de S_{sol} revient à résoudre le problème d'optimisation (τ) suivant :

$$(\tau) : \begin{cases} \max_{[0, S_R]} S \\ \frac{\delta F_R}{\delta S} \geq \varrho \end{cases}$$

Pour se donner un ordre de grandeur de ϱ , nous avons résolu (τ) pour un jeu d'images médicales en testant différentes valeurs de ϱ . Toutefois, il n'est pas nécessaire de calculer toutes les valeurs de F_R pour résoudre (τ) . En effet, nous avons tenu compte de la propriété indiquant que F_R est monotone et nous avons appliqué un algorithme proche de la recherche dichotomique sous une forme récursive pour résoudre (τ) [BZG00].

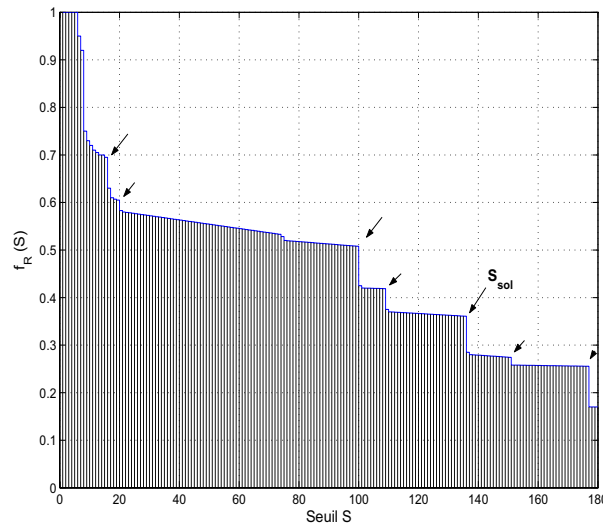


FIG. 2.13 – Courbe représentative de la fonction F_R .

Toutefois, une segmentation dans le cadre des images médicales doit répondre à deux types de contraintes. D'un côté, tout indice visuel extrait doit être fortement corrélé avec la projection sur le plan image d'une région de l'organe sujet du diagnostic. De l'autre côté, la segmentation doit fournir un maximum de primitives nécessaires au processus ultérieurs, tout en minimisant les non significatives. Cependant, dans certaines étapes de la segmentation, on trouve qu'on a déjà violé la première de ces contraintes, bien qu'on ait appliqué notre algorithme

pour choisir le seuil de segmentation. En effet, nous avons souvent rencontré, surtout aux niveaux les plus bas de la hiérarchie, des situations où la partition d'une région produit une sous-région "fortement corrélée" avec sa région mère et toutes les autres descendantes sont "incomparables" à la région mère. Ceci correspond à une étape de sur-segmentation puisque les petites régions violent toutes le premier critère énoncé ci dessus.

Afin de détecter les effets de sur-segmentation lors du raffinement de l'hiérarchie, nous avons besoin de mesurer, chaque fois, le degré de corrélation entre la région mère et toutes ses descendantes. Ainsi, pour évaluer la ressemblance entre deux régions, nous nous sommes basé sur un ensemble Ω de cinq attributs (géométriques, radiométriques et topologiques) qui restent relativement stables par rapport à un faible changement de l'angle de prise de vue³, par projection perspective et par déplacement relatif. Ces attributs sont : la moyenne des niveaux de gris, le taux d'occupation de la région par rapport à son rectangle circonscrit, la compacité, l'excentricité et la position de la région dans l'image [BZ03]. Parmi ces attributs, certains sont plus stables que d'autres et il est très difficile de dégager théoriquement une pondération quantifiant leurs importances et leurs stabilités quant aux défauts de la segmentation. Donc, nous avons choisi de normaliser les degrés de similitude liés à chaque attribut plutôt que de trouver empiriquement un poids associé à chaque attribut. Ainsi, nous avons défini la fonction Cor d'évaluation du degré de corrélation entre deux régions R_1 et R_2 comme suit :

$$Cor(R_1, R_2) = \frac{1}{Card(\Omega)} \sum_{A \in \Omega} f_A(R_1, R_2) \quad (2.19)$$

avec, $\forall A \in \Omega$, $Card(A)$ est le cardinal de A et la fonction f_A est définie par :

$$f_A(R_1, R_2) = \frac{Min(A(R_1), A(R_2))}{Max(A(R_1), A(R_2))} \quad (2.20)$$

Ainsi, nous avons adapté l'algorithme de segmentation en ajoutant après chaque partition d'une région des tests sur la fonction de corrélation de cette région avec ses descendantes. Si on trouve une région fille R_f qui est "fortement corrélée" avec la région mère R_m (*i.e.* $Cor(R_m, R_f) \geq \delta$, avec $\delta \simeq 1$) et évidemment, puisqu'il ne peut pas exister plus d'une sous-région "fortement corrélée" avec la région mère, toutes les autres régions doivent avoir des valeurs de la fonction de corrélation avec la région mère presque nulles : on doit resegmenter la région mère en cherchant un autre seuil dans l'intervalle $[0, S_{sol}]$ qui respecte

³Ceci est très utile pour les applications de recalage et de reconstruction 3D

toutes les conditions de l'algorithme de segmentation et qui donne des résultats plus significatifs.

Il est aussi possible d'utiliser la fonction de corrélation Cor pour l'intégration partielle des deux processus de segmentation et d'appariement dans le cadre d'un ensemble d'images du même patient [BZ03]. L'idée consiste à réaliser la segmentation d'une image en se basant sur l'hierarchie déjà définie d'une autre image. Ayant une segmentation d'une image, nous cherchons à segmenter une autre image tout en effectuant les appariements les plus fiables (couples de base). En effet, nous utilisons la hiérarchie \tilde{h} de la première image pour faciliter la tâche pour la seconde image. Pour chaque région R_2 à segmenter, nous cherchons dans \tilde{h} la région correspondante R_1 (*i.e.* $Cor(R_1, R_2)$ maximale). Une fois que nous avons déterminé la région R_1 correspondante à R_2 dont on connaît le seuil de segmentation S_1 , la recherche dichotomique du seuil de segmentation S_2 de R_2 commence sur l'intervalle $[\min(0, S_1 - |S_{R_2} - S_1|), \min(S_1 + |S_{R_2} - S_1|, S_{R_2})]$ à la place de l'intervalle $[0, S_{R_2}]$. Cette méthode nous permet de gagner en temps de calcul puisque nous essayons de réduire l'intervalle de recherche du seuil⁴. Si de plus, ces deux régions R_1 et R_2 sont "fortement corrélées", alors le couple (R_1, R_2) est un couple de base pour l'appariement des deux images correspondantes. Toutefois, on risque de se confronter au cas où une région est potentiellement homologue à des régions distinctes de l'autre image. Ceci est résolu en validant le couple de base maximisant Cor .

En plus, vu l'importance de cette étape qui nous permet d'avoir des points de départ pour la suite du processus d'appariement, nous avons imposé des contraintes supplémentaires assez sélectives pour garantir un taux de confiance élevé. Cette étape de validation consiste à définir pour chaque couple de base déterminé (R_1, R_2) un vecteur d dont la mesure algébrique évalue la disparité entre les centres de gravité successifs des régions R_1 et R_2 . Ensuite, chaque couple de base dont l'élimination minimise la variance du nuage des points d_i sera invalidé. De plus, nous avons choisi de ne sélectionner comme couples de base que les couples ayant un taux de confiance très élevé ($\delta = 0.95$). Ainsi, le processus de génération des couples de base se réalise au cours de la segmentation de la deuxième image. Ceci apporte à fortiori une information sémantique au processus de segmentation pour valider la segmentation de la première image. Enfin, un processus de propagation de l'appariement à partir des différents éléments d'ancrage (couples de base) permet de définir l'ensemble complet des couples appariés à partir des deux cartes de régions relatives au deux images [BZ03].

⁴Le temps de segmentation (y compris l'appariement des régions de base) de la seconde image est de l'ordre de 81.7% de celui de la première image.

2.4.2.5 Critères d'arrêt de la construction hiérarchique

Maintenant, nous allons mettre en oeuvre une série de règles pour déterminer à quel moment une branche de l'arborescence doit cesser de se ramifier. Une région devient indivisible si on y applique un seuillage provoquant une sursegmentation. Ceci s'explique par une répartition quasi-uniforme des valeurs du module de gradient sur l'ensemble de la région. C'est pourquoi nous avons manipulé l'histogramme H_R (2.21) d'une région R pour estimer la distribution du module de gradient (FIG 2.14). Sur cet histogramme nous distinguons deux formes. La première est unimodale représentant une importante quantité de points dont le module de gradient fluctue autour de faibles valeurs. Ces points constituent le noyau des futures régions à détecter dans la mesure où ils existent des points "frontières" pour les séparer. La deuxième est aplatie et correspond à un ensemble plus restreint de points dont le gradient est supérieur aux valeurs moyennes de l'image. Une partie de ces points servira à construire des frontières pour séparer les nouvelles régions. Formellement, quand S_{sol} est encore "éloigné" des valeurs moyennes S_{moy} (2.22) et des valeurs du pic S_{max} (2.23), les points au-dessus de S_{sol} forment des frontières suffisamment significatives.

$$H_R(S) = \frac{n_R(S)}{\sum_{s=0}^{S_R-1} n_R(s)} \quad (2.21)$$

où, $n_R(s) = Card(\{(i, j) \in I / Label(i, j) = R \text{ et } MG(i, j) = s\})$.

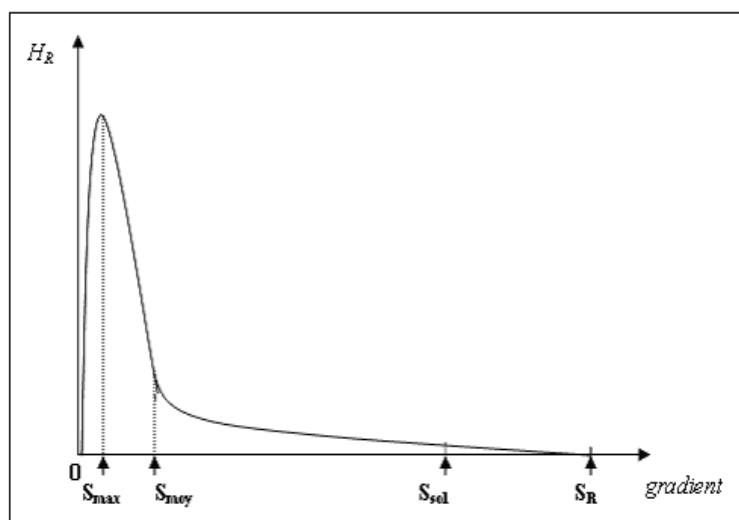


FIG. 2.14 – Histogramme H_R pour S_R élevé.

$$S_{moy} = \sum_{s=0}^{S_R-1} s.H_R(s) \quad (2.22)$$

$$H_R(S_{max}) = \max_{s \in [0, S_R[} H_R(s) \quad (2.23)$$

Cependant, comme notre algorithme segmente avec des valeurs de seuils S_{sol} de plus en plus petites, le mode de H_R s'élargit et la relation précédente fait défaut. Dans la mesure où l'intervalle $[0, S_R]$ devient plus restreint, il faut regarder de plus près la répartition des fréquences dans l'histogramme. La notion classique pour mesurer une distribution est l'entropie, notée E_R (2.24), qui fournit une idée sur la partition des valeurs sur l'histogramme le long de l'axe représentant le module du gradient [BZK94]. Nous l'avons employé en considérant l'hypothèse suivante : lorsque S_{sol} est proche des valeurs faibles de gradient, on s'attend à observer des valeurs du gradient distribuées uniformément le long de l'intervalle $[0, S_{sol}[$ et peu de points sur $[S_{sol}, S_R]$, sinon il se produirait une sur-segmentation.

$$E_R = Entropie(H_R) = - \sum_{s=0}^{S_R-1} H_R(s). \log(H_R(s)) \quad (2.24)$$

En étudiant des régions situées à différents niveaux de la hiérarchie, nous avons cherché un lien entre les attributs de H_R , définis ci-dessus et le résultat de segmentation de ces régions. En effet, pour une région divisible, nous avons observé une forme unimodale de H_R . Si on construit un histogramme H_R^* où toutes les fréquences seraient équiparties sur l'intervalle $[0, S_{sol}[$ et nulles ailleurs, alors on vérifie, toujours pour le même cas de région, que les valeurs de H_R sont plus concentrées sur un petit intervalle que celles de H_R^* . Dans une telle situation, le mode de H_R a pratiquement disparu et devient moins prononcé que celui de H_R^* . Pour comparer la distribution des fréquences de H_R et H_R^* , nous avons calculé leurs entropies. Des situations de sur-segmentation deviennent alors détectables lorsque l'entropie de H_R devient supérieure à celle de H_R^* . De là, nous avons pris comme condition d'arrêt du raffinement d'une branche de la hiérarchie la règle suivante :

si $Entropie(H_R) \geq Entropie(H_R^*)$ (i.e. $E_R \geq \log(S_{sol})$)
alors R est sur-segmentée (i.e. R est indivisible : feuille de l'hiérarchie).

2.4.2.6 Avantages de notre approche de segmentation

Notre approche de segmentation est caractérisée par les avantages suivants :

1. approche multi-primitives : ceci nous permet de coupler les avantages des régions et des contours. En effet, nous avons utilisé une méthode d'extraction de points de contraste pour délimiter les primitives régions, et manipuler leur densité d'information pour contrôler la segmentation ;
2. approche invariante par rotation de l'image : la méthode est indépendante du sens du parcours de l'image ;
3. compensation des effets de sur-segmentation et de sous-segmentation : l'approche permet de fournir au processus de haut niveau, notamment celui d'appariement des images du même patient, des segmentations réalisées à des niveaux différents. De plus, sachant que les méthodes classiques de segmentation en régions utilisent plusieurs seuils dépendant de l'application, il semble plus logique de manipuler différentes segmentations possibles plutôt que d'évaluer la qualité des résultats sur une seule segmentation ;
4. approche hiérarchique descendante : elle permet de regrouper plusieurs segmentations possibles de l'image en divisant progressivement les régions. Ainsi, la segmentation finale de chaque image est obtenue par l'association des arbres de segmentations.

En revanche, outre l'évaluation qualitative de la pertinence des résultats de notre algorithme de segmentation, et qui est basée essentiellement sur l'appréciation visuelle des résultats par des experts [BZG00], des travaux de recherche au sein de notre équipe [AZ05] ont confirmé, par des mesures quantitatives, que notre algorithme produit des résultats meilleurs pour les zones uniformes que ceux obtenus à partir de plusieurs techniques classiques de segmentation. En effet, les auteurs ont proposé une nouvelle métrique d'évaluation des méthodes de segmentation basée sur des cartes régions de références (vérité terrain). Cette étude a démontré la supériorité de notre algorithme hiérarchique de segmentation en régions par seuillage adaptatif par rapport aux six méthodes étudiées dans le cas de la segmentation des zones uniformes (croissance de régions, division-fusion, multiseuillage par partitionnement de l'histogramme selon le critère de *Fisher*, multiseuillage par analyse de la matrice de cooccurrences selon *Chanda* [SS04], classification par FCM et classification par KNN).

Toutefois, cette classification par seuillage nous place en dehors du cadre de la définition standard d'une segmentation en régions [BB82]. En effet, certains pixels, à une étape donnée de la construction de la hiérarchie, n'appartiendront

à aucune des régions. Ces pixels binarisés sans label permettent en particulier de séparer les régions. Leur concentration en bordure d'une région dépend de la stabilité des frontières. Plus ils se cumulent le long d'une frontière de région, plus ils témoignent de l'instabilité de la frontière, ce qui est souvent le cas pour les régions peu contrastées. En plus de la première propriété ($I = \bigcup_{i=1}^n R_i$) de la définition standard d'une segmentation en régions qui n'est plus vérifiée par la définition de la région que nous avons adoptée (*c.f.* 1.4.2), la notion d'adjacence entre deux régions a été adaptée à l'approche hiérarchique. Ainsi, deux régions sont dites adjacentes si elles ne sont séparées que par des pixels non labellisés.

2.5 EI Primitive - Décision

Ce dernier EI associe les primitives aux différentes décisions. C'est l'EI le plus "visible" de notre modèle et qui accumule les effets de toutes les sources d'imperfections de l'ensemble des EIs. Dans notre cas, il consiste à attribuer à chaque région de la zone d'intérêt (ZI) définie par l'EI Observation-Primitive l'étiquette d'une famille diagnostique. Ainsi, on cherche parmi les familles celle qui maximise une fonction de correspondance entre sa propre description et celle de chaque région de ZI. Généralement, cela revient dans la plupart des applications médicales à décider si la région d'intérêt est malade ou non. Cette décision est prise grâce à des connaissances a priori sur l'organe étudié et sur les signes cliniques de la maladie objet de l'étude.

Cet EI ne peut pas être standardisé vu sa dépendance par rapport à l'application médicale étudiée. Dans des cas rares, il est possible de prendre la décision directement à partir de la définition de ZI. Par contre, dans la plupart des applications, la prise de décision à partir de l'observation de ZI est impossible. En effet, l'interprétation visuelle des résultats pour la prise de décision n'est pas une tâche assez simple même pour les cliniciens les plus expérimentés. Ainsi, les radiologues sont de plus en plus intéressés par des systèmes automatiques assistés par ordinateur pour l'interprétation de ces connaissances qui traduisent des signes cliniques de la maladie étudiée. Ceci impose souvent la caractérisation de chaque région de ZI par un ensemble de descripteurs reflétant les critères cliniques séparant les différentes classes diagnostiques. Ensuite, ces descripteurs permettent une prise de décision. Pour cela, nous introduisons un EI intermédiaire dont le rôle est de définir chaque région par un ensemble de descripteurs (*EI Primitive - Description*) puis une *EI Description - Décision* permet la prise de décision.

2.5.1 EI Primitive - Description

Cet EI quantifie les caractéristiques de la zone d'intérêt par un ensemble de paramètres (ou attributs) reflétant les signes de la pathologie objet du diagnostic. Ces paramètres correspondent à des mesures de nature géométrique, photométrique et statistique et ils servent la classification. Plus ces paramètres sont significatifs et discriminants, plus il est facile de séparer les formes en familles homogènes. La plupart des mesures photométriques et statistiques peuvent être réalisées à partir de la zone d'intérêt définie par l'EI *Observation-Primitive*. Par contre, l'évaluation des caractéristiques géométriques et topologiques de ZI (telles que la compacité, l'allongement, l'irrégularité du contour, etc.) nécessite de définir la frontière de chaque région de ZI par un polygone. C'est pourquoi, nous introduisons une nouvelle approche d'approximation polygonale basée sur les algorithmes génétiques.

2.5.1.1 L'approximation polygonale

L'approximation polygonale consiste à transformer une chaîne de points connexes en une suite de segments de droite. Il s'agit de représenter une forme par un polygone, ce qui est très utile pour la description de la forme par des mesures géométriques. En effet, l'approximation polygonale est une étape incontournable si les caractéristiques géométriques des objets doivent être prises en compte, ce qui est souvent le cas pour notre système SGADIM où on est amené à décrire chaque région de ZI par des mesures géométriques modélisant certains indices de malignité. Cette approximation cherche à conserver toutes les caractéristiques et toute l'apparence visuelle de la frontière (courbe) avec le moins de points possibles afin d'occuper le minimum de place mémoire. Il s'agit ainsi d'une compression "optimale" de la frontière par un polygone sur lequel on peut réaliser des mesures géométriques.

D'un point de vue pratique, il y a deux façons de modéliser l'approximation polygonale (**PA**). Compte tenu d'une fonction distance \mathbf{d} mesurant l'erreur entre deux polygones, ces deux modèles sont :

- **premier modèle** : étant donné un seuil ϕ , on cherche le polygone P comportant le plus petit nombre de points et dont la distance par rapport à la courbe initiale ζ ne dépasse pas ϕ (2.25) [BB92b].

$$(\pi_1) : \begin{cases} \mathbf{PA}(\zeta) = P / \text{Card}(P) = \min_{Q \subset \Lambda} \text{Card}(Q) \\ \Lambda = \{Q \subset \zeta / \mathbf{d}(\zeta, Q) \leq \phi\} \end{cases} \quad (2.25)$$

- **deuxième modèle** : étant donné le nombre m de points que doit avoir le polygone approximant P , on cherche un polygone à m points minimisant la distance par rapport à la courbe initiale ζ de cardinal n ($m < n$) (2.26) [SH00].

$$(\pi_2) : \begin{cases} \mathbf{PA}(\zeta) = P / \mathbf{d}(\zeta, P) = \min_{Q \subset \Gamma} \mathbf{d}(\zeta, Q) \\ \Gamma = \{Q \subset \zeta / \text{Card}(Q) = m\} \end{cases} \quad (2.26)$$

Dans le cadre de notre travail, nous nous sommes intéressés au deuxième modèle (π_2) . L'originalité de cette approche réside essentiellement dans la possibilité de contrôler le degré d'estimation qui est défini par le rapport des deux paramètres n et m . Cependant, pour résoudre le problème combinatoire (π_2) , on doit chercher la meilleure solution parmi C_n^m possibilités. Afin de réduire la complexité combinatoire, nous avons utilisé les algorithmes génétiques, ce qui nous a permis de trouver, dans la plupart des cas, une solution optimale ou quasi-optimale. Nous allons présenter dans ce qui suit la technique des algorithmes génétiques ainsi que l'approche proposée pour la réalisation de l'approximation polygonale.

2.5.1.2 Les algorithmes génétiques

Les algorithmes génétiques représentent une famille assez riche d'algorithmes d'optimisation stochastique. Comme leur nom l'indique, ils reposent sur les principes fondamentaux de la génétique humaine. On travaille ainsi sur une population d'individus (*chromosomes*) caractérisés par leur séquençage génétique (l'ensemble de leurs *gènes* qui possèdent plusieurs valeurs). Une population en engendre une autre sur le principe de la sélection naturelle qui suppose que seuls les individus les mieux adaptés à leur environnement vont survivre et engendrer de nouveaux individus par croisement et mutation. Par rapport aux algorithmes dits *classiques*, ces algorithmes génétiques se caractérisent par :

1. la manipulation d'un codage des paramètres du problème, et non pas les paramètres eux-mêmes ;
2. l'utilisation d'une population d'individus, au lieu d'un seul individu ;
3. l'utilisation de la notion de hasard et de probabilité.

En effet, un algorithme génétique est une procédure itérative qui consiste à chercher les extrema d'une fonction définie sur un espace de données, ce qui revient à trouver la ou les solutions d'un problème donné. Pour cela, une population d'individus de taille constante doit être définie de sorte que chaque individu corresponde à un point de l'espace d'état. Une fois, le codage (binaire ou réel) des individus réalisé l'algorithme génétique correspond à la procédure suivante :

Procédure GA

```

t = 0 //génération initiale
initialisation de la population.
évaluation (t).
Répéter

    t ← t + 1 ;
    sélection_des_parents (t) ;
    croisement (t) ;
    mutation (t) ;
    évaluation (t) ;

Jusqu'à (Critères_d'arrêt ← Vrai)

```

D'abord, une population initiale est générée d'une façon aléatoire. Ensuite, à chaque étape évolutionnaire, les individus de la population courante (*génération*) seront évalués et une nouvelle population sera sélectionnée relativement à des critères prédéfinis de qualité (*fonction de fitness*). De nouveaux points dans l'espace de recherche sont aussi générés par les deux opérations de croisement et de mutation. Nous allons détailler dans ce qui suit ces différentes étapes, en expliquant leurs mécanismes à travers des exemples relatifs à notre application.

a) Codage des données

Le codage des données est une étape fondamentale sur laquelle repose tout le traitement ultérieur. Dans notre cas, ayant un polygone ζ défini par n points, nous cherchons à ne conserver qu'un certain nombre (m) de points en éliminant ceux qui sont "non significatifs". Pour ce faire, nous associons à chaque polygone un chromosome dont la taille est déterminée par le nombre de points. Chaque point du polygone sera représenté par un gène dont la valeur binaire 1 ou 0 (dite aussi *allèle*) indique que le point est sélectionné ou non dans une approximation du polygone. La figure suivante (FIG 2.15) illustre le codage des données dans le cas d'un polygone initiale ζ constitué de 5 points anguleux qu'on cherche à

approximer par un polygone ne contenant que 3 points. Ainsi, les chromosomes (X_1, \dots, X_z) que nous utilisons vont comporter 5 gènes et le chromosome X_P associé à l'approximation retenue P comportera 3 gènes avec la valeur 1, indiquant les points anguleux retenus, et 2 gènes avec la valeur 0 indiquant les points considérés comme les moins significatifs et qui n'ont pas été sélectionnés.

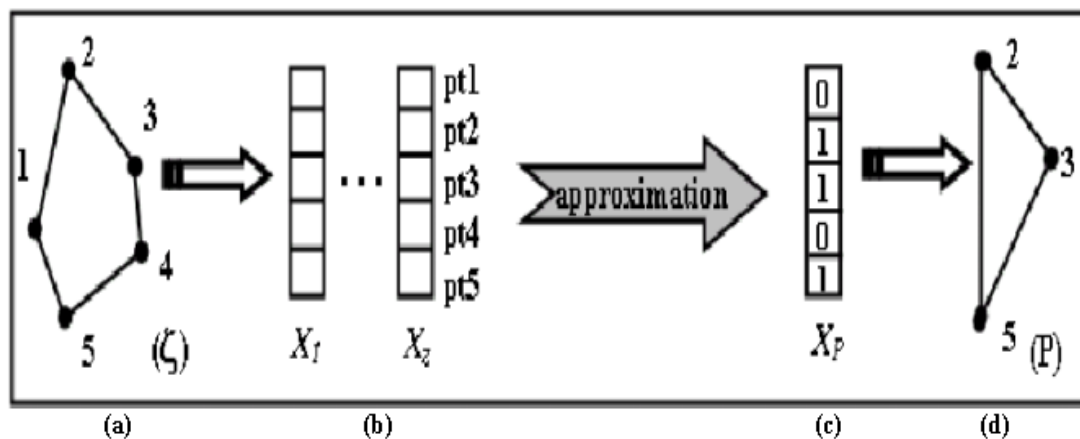


FIG. 2.15 – Illustration du codage des données.

b) Création d'une population

Relativement à un polygone initial ζ constitué de n points, nous créons une population Ω_ζ de z chromosomes ($z \leq C_n^m$) qui vont avoir autant de gènes que le polygone initial. Parmi ces gènes, seul m pourrait valoir 1 et les autres $(n - m)$ vaudront 0. Le nombre n constitue une donnée du problème relative au polygone de départ, alors que z et m constituent des paramètres à déterminer. En effet, plus z est grand plus nous aurons de chance à trouver dans la population un candidat intéressant pour constituer une solution au problème, mais avec un temps de calcul beaucoup plus important. Toutefois, plus m est proche de n , plus le polygone résultat est proche de celui du départ. Mais, c'est d'autant moins intéressant pour la réduction des données.

c) Evolution d'une population

Après avoir généré une première population de chromosomes, nous allons y appliquer différents opérateurs dans le but de créer de nouveaux chromosomes et d'aboutir, après un certain nombre de sélections, à l'individu le mieux adapté qui sera considéré comme solution du problème étudié. Ces opérateurs sont :

1. **la sélection** : cette opération est fondée sur le principe de l'adaptation de chaque individu d'une population à son environnement (*i.e.* au problème donné) suivant la théorie de la sélection naturelle. Ainsi, seuls les individus les plus aptes à répondre à certains critères seront à même de survivre et de se multiplier. Dans le cas des algorithmes génétiques, nous associons au problème une fonction d'évaluation (dite *fonction de fitness*) pour l'adéquation des individus avec la question posée. Nous évaluons cette fonction pour chaque chromosome de la population afin de ne retenir pour la génération suivante que ceux dont la qualité sera suffisante. D'autres individus prendront la place des plus mauvais. Ainsi, la fonction de fitness \mathbf{F} est appliquée sur un chromosome X_P et produit une valeur positive mesurant la similarité entre le polygone P et la courbe de départ ζ [*i.e.* $\mathbf{F}(X_P) = (\mathbf{d}(P, \zeta))^{-1}$].

Nous avons utilisé [BZ02b] une distance \mathbf{d} (2.27) définie par la somme des distances entre les segments de P et les arcs correspondants dans ζ (FIG 2.16).

$$\mathbf{d}(\zeta, X_P) = \sum_{i=1}^m \mathbf{L}_{i,i+1}, \text{ avec } \mathbf{L}_{i,i+1} = \sum_{p_j \in A_{i,i+1}} \delta^2(p_j, [S_i, S_{i+1}]) \quad (2.27)$$

tels que, pour chaque point p_j de l'arc $A_{i,i+1}$, $\delta(p_j, [S_i, S_{i+1}])$ est la distance euclidienne entre le point p_j et sa projection orthogonale sur $[S_i, S_{i+1}]$.

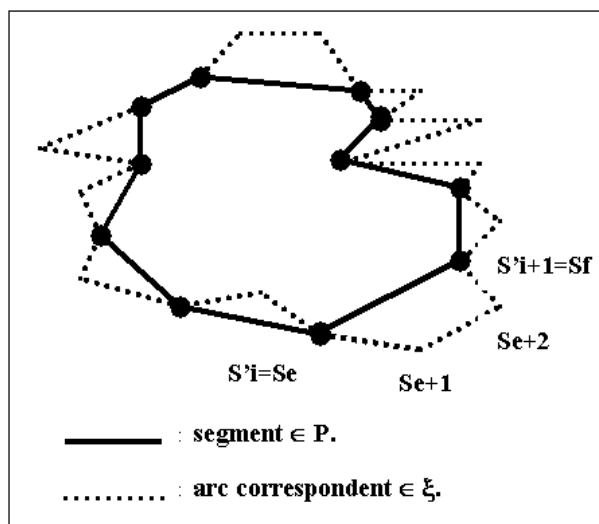


FIG. 2.16 – Illustration de l'approximation polygonale ($n/m = 2$, $n = 30$ points).

Mais, nos expérimentations [BZ02a] nous ont montré que l'utilisation de cette distance élimine quelques points anguleux surtout pour les petites valeurs de m (*i.e.* dans le cas où ZI est composée de plusieurs petites régions). Pour cela, nous avons décidé de mieux caractériser la forme d'une région en utilisant l'attribut surface comme paramètre supplémentaire afin de préserver l'apparence visuelle de la courbe initiale (FIG 2.17). De là, nous avons défini la distance $\mathbf{L}_{i,i+1}$ par :

$$\mathbf{L}_{i,i+1} = \sum_{p_i \in A_{i,i+1}} \delta^2(p_i, [S_i, S_{i+1}]) + \Delta_{i,i+1} \quad (2.28)$$

où, $\Delta_{i,i+1}$ est la surface de la zone limitée par le segment $[S_i, S_{i+1}]$ et l'arc correspondant $A_{i,i+1}$.

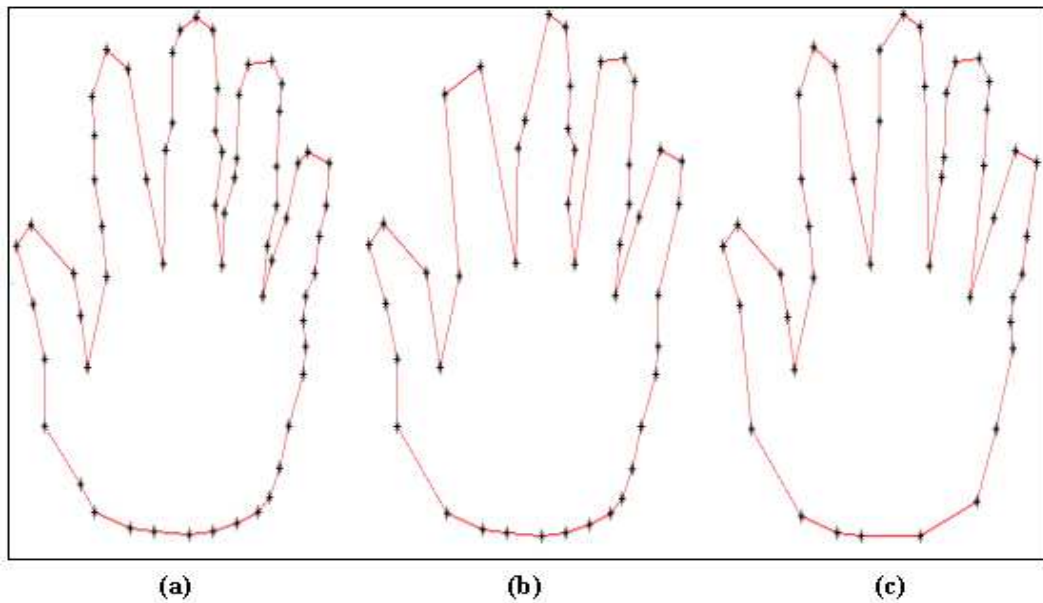


FIG. 2.17 – Comparaison des fonctions de fitness. a- la courbe initiale ζ ($n = 63$), b- le polygone résultat ($m = 44$) de l'approximation avec la fonction de fitness (2.27), c- le polygone résultat ($m = 44$) de l'approximation avec la fonction de fitness (2.28).

Ensuite, parmi tous les individus P_i ($1 \leq i \leq z$) de la génération courante (t), nous sélectionnons les plus adaptés. Pour ce faire, un polygone P_i (*i.e.* la chromosome X_{P_i}) est sélectionné seulement si la probabilité Pr_i (2.29) est supérieure à un nombre généré aléatoirement ($\in [0, 1]$). Ainsi, après

chaque étape de sélection, nous obtenons une génération de quelques chromosomes (les meilleurs), qu'on complète aléatoirement par des nouveaux chromosomes.

$$\mathbf{Pr}_i = \frac{\mathbf{F}(X_{P_i})}{\sum_{j=1}^z \mathbf{F}(X_{P_j})} \quad (2.29)$$

2. **le croisement** : c'est une opération qui se déroule au sein d'une population. Les chromosomes s'associent deux à deux (des couples) et s'échangent éventuellement une partie de leurs gènes pour former deux nouveaux individus qui les remplaceront. Cet échange ne se fait que si les deux chromosomes engendrés sont plus adaptés que leurs parents. Ainsi, après le croisement on est sûr que tous les individus de la population sont meilleurs que leurs prédécesseurs.

Dans notre cas, nous choisissons au hasard $z/2$ couples de chromosomes, ce qui veut dire que tous les individus sont objets de croisement. Ensuite, nous cherchons, aléatoirement, pour chaque couple de chromosomes ($X_P = x_1 x_2 \cdots x_n$, $X_{P'} = x'_1 x'_2 \cdots x'_n$), des positions $i1$ et $i2$ ($i1 < i2$) vérifiant l'équation (2.30). Cela signifie qu'il y a le même nombre de segments dans les polygones P et P' pour approximer l'arc $A_{i1, i2}$. Ainsi, nous pouvons éventuellement échanger les gènes de X_P et $X_{P'}$ entre les positions $i1$ et $i2$ pour obtenir les chromosomes ($X_Q = x_1 \cdots x_{i1-1} x'_{i1} \cdots x'_{i2} x_{i2+1} \cdots x_n$ et $X_{Q'} = x'_1 \cdots x'_{i1-1} x_{i1} \cdots x_{i2} x'_{i2+1} \cdots x'_n$). Enfin, si X_Q (*resp.* $X_{Q'}$) est "meilleure" que X_P (*resp.* $X_{P'}$), nous remplacerons dans la population X_P (*resp.* $X_{P'}$) par X_Q (*resp.* $X_{Q'}$)⁵.

$$\sum_{j=i1}^{i2} x_j = \sum_{j=i1}^{i2} x'_j \quad (2.30)$$

3. **la mutation** : il est possible, grâce à l'opération de mutation, qu'un chromosome évolue spontanément pour donner un nouveau chromosome plus adapté. En général, il existe une probabilité faible qu'un allèle de ce chromosome change d'une génération à une autre. Cette opération n'est réalisée

⁵Éventuellement, on ne remplace un chromosome par un autre que si on est sûr que le nouveau chromosome n'existe pas déjà dans la population courante.

que si un nombre déterminé aléatoirement est inférieur à une probabilité de mutation (fixée dès le début). Ceci permet de diversifier une population.

Dans notre cas, puisque nous voulons conserver le même nombre de 1 dans les chromosomes, nous utilisons un opérateur légèrement modifié. Il consiste à choisir aléatoirement un point anguleux S_l (gène de valeur 1) et nous cherchons les deux points anguleux S_k et S_j (gènes de valeur 1) les plus proches de chaque côté. Ensuite, parmi tous les points compris entre S_k et S_j nous déterminons le point S_t pour lequel l'expression $(L_{k,t} + L_{t,j})$ est minimale. Une fois ce point est déterminé, le gène correspondant est mis à 1 et celui de S_l à 0. Par définition, cet opérateur permet d'obtenir un meilleur chromosome puisqu'il minimise l'écart entre le point S_l et le segment $[S_k, S_j]$.

2.5.1.3 Notre algorithme d'approximation polygonale

L'approximation polygonale doit satisfaire certains critères afin de garantir la préservation de l'apparence visuelle de la forme d'origine. Ces critères sont souvent classés en deux catégories [GG92] : les critères *objectifs* (*invariance*) et les critères *subjectifs*. Les critères objectifs servent à évaluer les performances d'une approximation et ils consistent à pouvoir assurer que les résultats fournis sont "invariants" quel que soit l'ensemble des transformations définies a priori. Les transformations les plus classiques sont le facteur d'échelle, la translation et la rotation. Cependant, les critères subjectifs reposent souvent sur des besoins plus spécifiques liés à une application ou à des données particulières. Ces critères présentent souvent des aspects contradictoires soit entre eux soit avec les critères objectifs. Parmi les critères subjectifs, les plus pertinents, nous avons utilisé le contrôle de l'écart maximal, la préservation des angles et la préservation des droites.

Afin de remplir le critère subjectif de la conservation des droites, nous avons commencé par réaliser, pour chaque ensemble de points frontières d'une région (polygone initiale ζ), une suppression de points inutiles afin de réduire la taille des données. Ceci consiste à ne garder sur un segment que les points extrémités (FIG 2.20.b) (FIG 2.21.b). Ensuite, étant donné le nombre n de points anguleux de ζ , nous fixons une valeur pour m assez proche de n ($65\% \leq m/n \leq 80\%$) afin de conserver au maximum l'apparence visuelle de la forme (FIG 2.20.c) (FIG 2.21.c). Ensuite, pour réaliser l'approximation polygonale, nous commençons par construire aléatoirement la population initiale. Relativement à cette population, nous déterminons le meilleur chromosome maximisant la fonction de fitness \mathbf{F} . Puis, nous effectuons une sélection, un croisement et une mutation afin d'obtenir

une nouvelle population. Ce processus est réitéré sur chaque nouvelle génération jusqu'à la satisfaction des conditions d'arrêt (FIG 2.18). En effet, pour l'arrêt de l'algorithme, deux principaux critères peuvent être utilisés. Le premier consiste à fixer dès le début le nombre de générations qu'on ne doit pas dépasser pour trouver une solution au problème étudié. Le deuxième critère consiste à arrêter l'algorithme lorsque la population n'évolue plus ou évolue très lentement. Nous avons choisi d'utiliser le deuxième critère puisque nous avons trouvé, qu'avec ce critère et dans le cadre de nos applications médicales, une solution optimale ou quasi-optimale est déterminée en un temps CPU acceptable (une moyenne de 9 itérations par région). Ainsi, notre critère d'arrêt est basé sur une constante T définissant le nombre des itérations successives où la solution courante est stable.

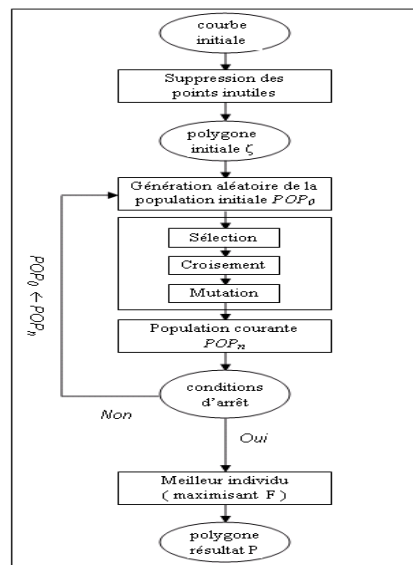


FIG. 2.18 – Notre algorithme d'approximation polygonale.

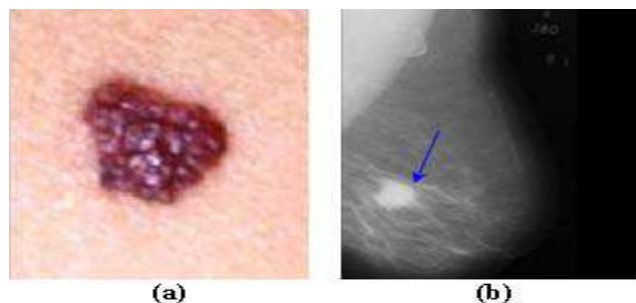


FIG. 2.19 – Images originales. a- lésion de la peau, b- masse mammaire.

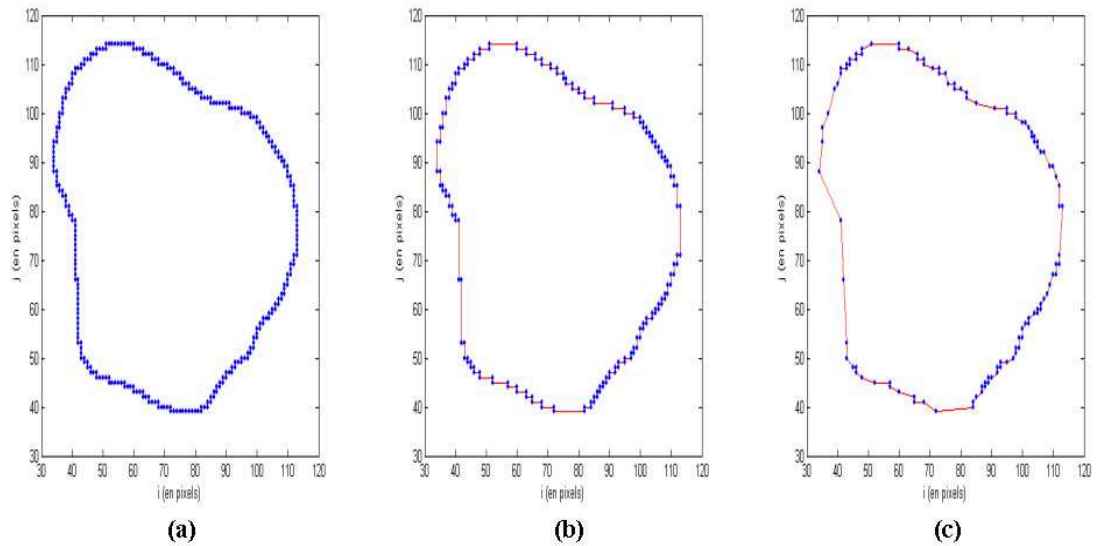


FIG. 2.20 – Approximation polygonale des points frontières de la lésion dermatologique de la figure (FIG 2.19.a). a- courbe ζ initiale (309 points), b- polygone après élimination des points inutiles de ζ (177 points), c- polygone P résultat (110 points : taux de réduction de 63%).

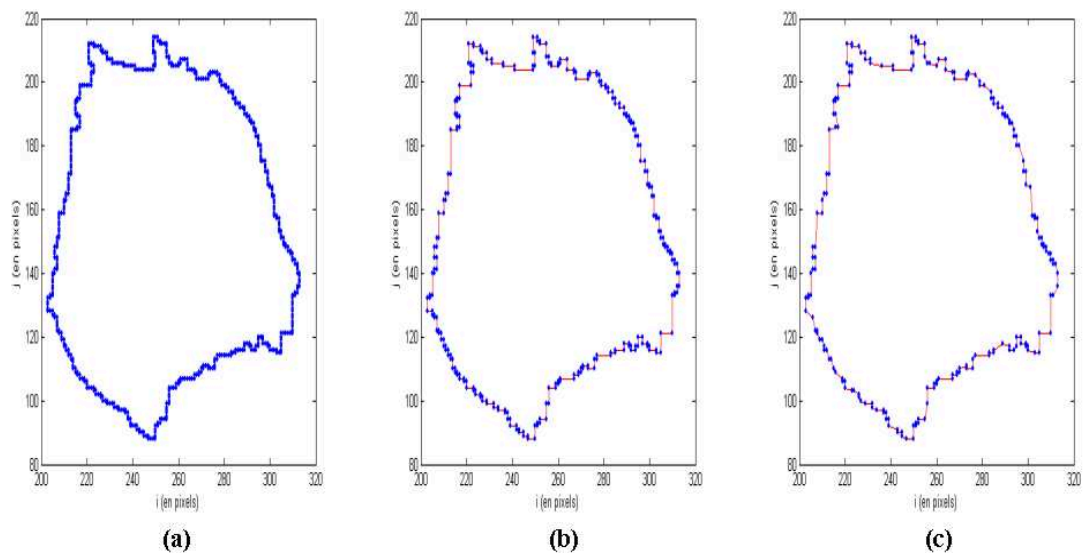


FIG. 2.21 – Approximation polygonale des points frontières de la masse mammo-graphique de la figure (FIG 2.19.b). a- courbe ζ initiale (524 points), b- polygone après élimination des points inutiles de ζ (271 points), c- polygone P résultat (171 points : taux de réduction de 63%).

Enfin, sachant que l'évaluation d'une approximation polygonale est une tâche délicate vu l'aspect contradictoire des critères utilisés dans la littérature, nous avons proposé les critères numériques suivants pour évaluer nos résultats et pour mettre en évidence les avantages de notre algorithme :

1. le degré d'invariance (**RIr**) suivant une rotation d'angle r : c'est le pourcentage de points anguleux qui sont sélectionnés dans le polygone P résultat de l'approximation de ζ avant et après lui avoir appliqué une rotation d'angle r ;
2. la moyenne (**M**) et la variance (**V**) de la distance orthogonale δ entre les points non-sélectionnés de ζ et les segments correspondants dans P ;
3. la surface cumulée (**SC**) entre ζ et P : une petite valeur indique que le polygone résultat de l'approximation colle bien avec la courbe initiale.

L'utilisation de ces mesures numériques est justifiée par le fait que la solution finale produite par les algorithmes génétiques n'est pas forcément optimale. Les figures suivantes illustrent et comparent les moyennes des valeurs mesurées ainsi que la forme de la courbe de chacune des fonctions utilisées (**SC**, **M**, **V**, **RIr**) pour les deux fonctions de fitness utilisées (2.27) et (2.28). Pour ce faire, nous avons réalisé l'approximation polygonale d'un ensemble de 12 régions relatives à 12 lésions dans le cadre d'un système d'aide au diagnostic du mélanome en dermatologie (*c.f.* Chapitre 3). Nous avons pu conclure que la prise en compte de l'erreur sur la surface introduite dans l'équation (2.28) améliore clairement la robustesse de la méthode. En effet, nous obtenons une approximation "plus invariante" par rotation (**RI90** (FIG 2.22), **RI270** (FIG 2.23)) tout en produisant un polygone conservant au mieux les points anguleux les plus significatifs (**M** (FIG 2.24), **V** (FIG 2.25)). De plus, le polygone résultat colle mieux à la courbe initiale (**SC** (FIG 2.26)) et par conséquent il conserve au mieux l'apparence visuelle.

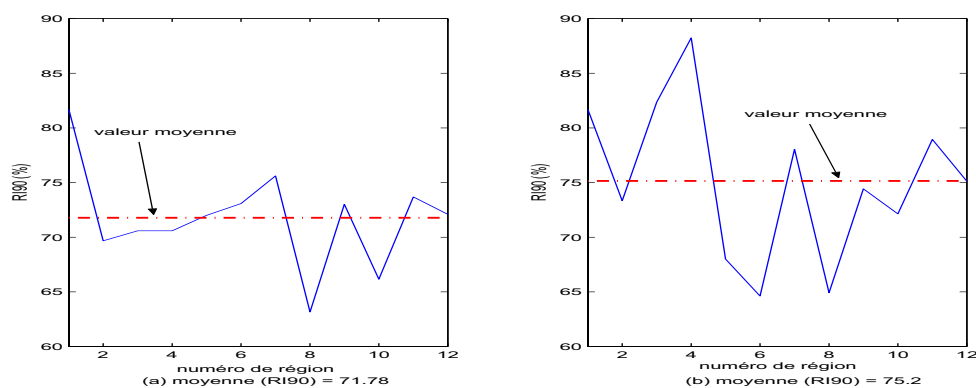


FIG. 2.22 – Comparaison des deux fonctions de fitness basée sur $RI90$. a- avec l'équation (2.27), b- avec l'équation (2.28).

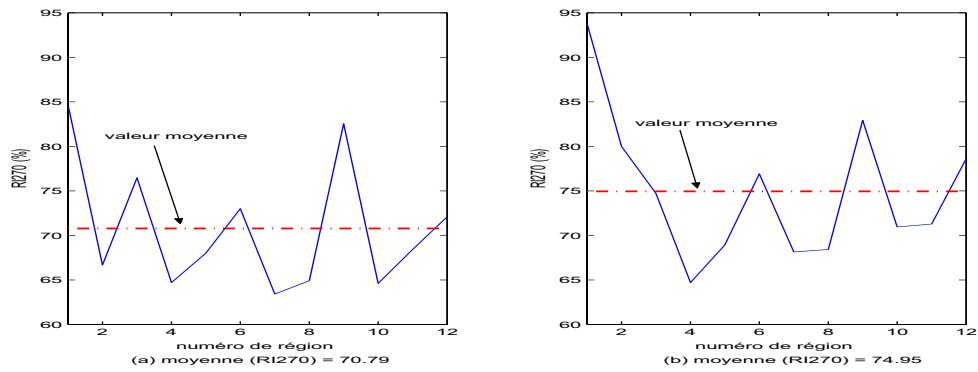


FIG. 2.23 – Comparaison des deux fonctions de fitness basée sur $RI270$. a- avec l'équation (2.27), b- avec l'équation (2.28).

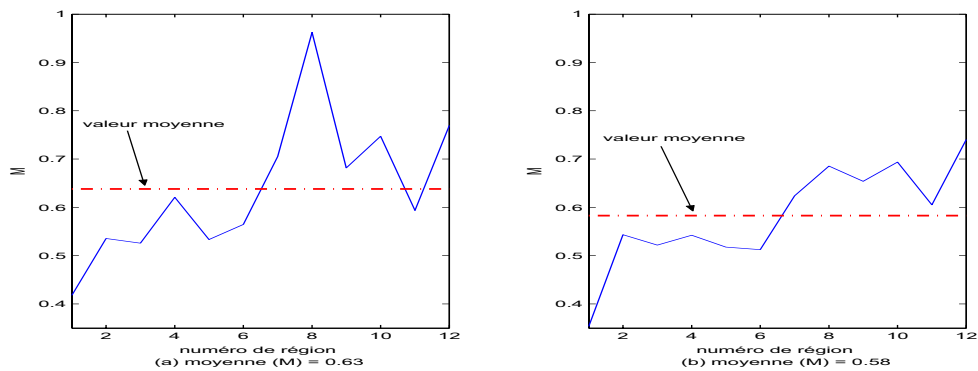


FIG. 2.24 – Comparaison des deux fonctions de fitness basée sur M . a- avec l'équation (2.27), b- avec l'équation (2.28).

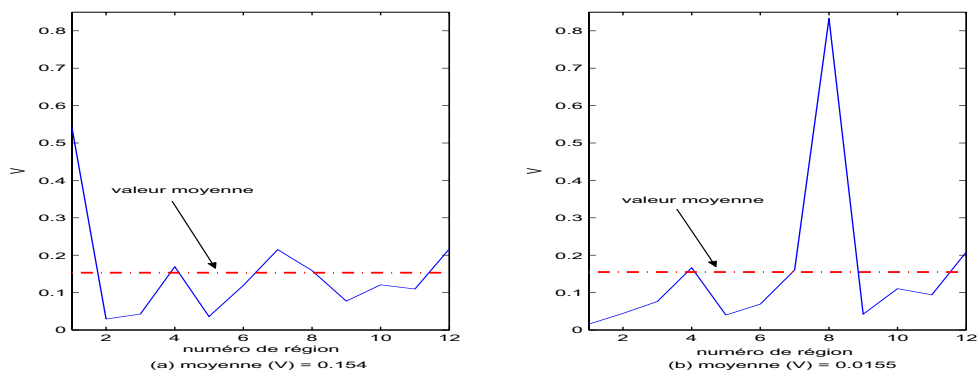


FIG. 2.25 – Comparaison des deux fonctions de fitness basée sur V . a- avec l'équation (2.27), b- avec l'équation (2.28).

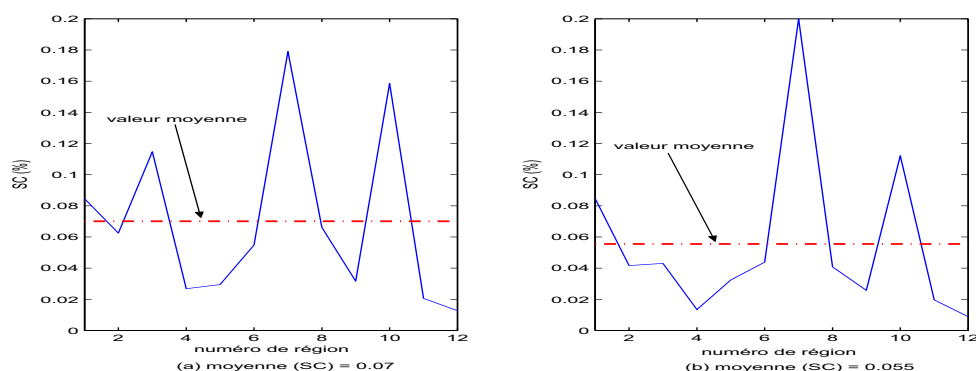


FIG. 2.26 – Comparaison des deux fonctions de fitness basée sur SC . a- avec l'équation (2.27), b- avec l'équation (2.28).

2.5.2 EI Description - Décision

Ce dernier EI associe les régions de ZI, en fonction de leurs vecteurs descriptifs, aux différentes décisions. Cette association est réalisée en deux étapes, à savoir l'apprentissage et la reconnaissance. Le rôle de l'apprentissage est d'éclairer la décision à l'aide des connaissances a priori sur l'organe étudié. En effet, à partir des paramètres spécifiques aux régions, l'apprentissage définit des modèles de référence caractérisant les classes diagnostiques. Quant à la reconnaissance, elle consiste à identifier la classe diagnostique d'une nouvelle région test en fonction des modèles de référence définis par le processus d'apprentissage. Ainsi, on cherche parmi les classes diagnostiques celle qui maximise une fonction de similarité avec la région en entrée. Plusieurs outils de classification ont été utilisés dans la littérature pour servir les applications de diagnostic médical. Parmi les approches les plus utilisées, nous pouvons citer les arbres de décision [AYM⁺02], les approches statistiques [BZSG03], les approches probabilistes [SBE⁺01], la méthode des k plus proches voisins (KNN) [GPR⁺01], la méthode fuzzy c-means (FCM) [CG02], etc.

Toutefois, lors du diagnostic médical, les cliniciens se basent sur leurs connaissances patho-physiologiques et sur leurs expériences. Une telle expérience n'est pas modélisable par un petit ensemble de relations. Ceci limite l'intérêt de la classification automatique par les approches algorithmiques [ECL94]. En effet, il est très difficile de créer une base complète de connaissances symboliques à cause des exceptions qui se produisent dans la pratique. La possibilité d'apprentissage fortement autonome par des exemples fait des réseaux de neurones artificiels (RNA) une solution adaptée pour les applications de diagnostic médical [Bra96]. Les réseaux de neurones fournissent fréquemment, pour le diagnostic médical, des

taux d'erreur réduits comparés à des approches statistiques plus conventionnelles [AW91]. Ceci fait des réseaux de neurones une technique bien adaptée au problème de diagnostic où un ensemble de symptômes, donné par le vecteur descriptif, est associé à un ensemble de classes diagnostiques.

Les réseaux de neurones⁶ [DN93] sont des modèles informatiques inspirés de la structure et des comportements des neurones biologiques. Un réseau de neurones est composé de neurones formels interconnectés où chaque neurone est un automate communiquant avec ses voisins par des poids. Ainsi, les neurones s'auto-activent en fonction des signaux reçus et prennent leurs décisions simultanément en tenant compte de l'évolution de l'état global du réseau. Dans les deux dernières décennies, les réseaux de neurones ont été largement utilisés pour résoudre des problèmes de classification. En effet, l'approche classique de classification est statistique et concerne la modélisation d'une probabilité stationnaire de distribution dans les classes, en tenant compte des connaissances a priori sur les classes, par un ensemble de fonctions simples [Rip96]. L'architecture des réseaux de neurones la plus commune pour une classification supervisée est le *perceptron multicouches*⁷ [RHW88]. Il est caractérisé par sa puissante capacité d'*approximation universelle*, c'est-à-dire, il peut approximer toute fonction donnée avec une précision qui croît en fonction du nombre des neurones cachés. En revanche, [Lip87] a précisé que la force des réseaux de neurones réside dans leur capacité à générer une classe de décision d'une forme quelconque, requise par un algorithme de classification, au prix de l'intégration de couches supplémentaires dans un réseau de type perceptron multicouches avec un apprentissage par rétro-propagation du gradient. Ainsi, nous avons opté dans notre cas pour le perceptron multicouches. Pour faire un lien entre les réseaux de neurones et d'autres types de classifieurs, rappelons les rapports étroits qui existent entre les classifieurs bayésiens et le perceptron. En effet, il a été démontré [Rem02] que pour un problème de classification à p classes, un perceptron multicouches avec p neurones de sorties utilisant la méthode de rétro-propagation du gradient et ayant comme sortie désirée un neurone à 1 indiquant la classe correcte et les autres à 0, réalise une estimation des probabilités a posteriori. Formellement, pour attribuer un vecteur Z à une classe parmi p , un classifieur bayésien estime les probabilités a posteriori $P(C_i|Z)$ pour chaque classe C_i ($1 \leq i \leq p$) et assigne au vecteur Z la classe de probabilité maximale. Contrairement à la méthode bayésienne qui estime les probabilités a posteriori à partir des probabilités a priori, le calcul par un perceptron sera direct sans passer par les probabilités a priori.

Nous allons détailler dans ce qui suit l'architecture du perceptron multicouches

⁶Egalement appelés modèles connexionnistes.

⁷En anglais, Multi Layer Perceptron (MLP).

permettant la classification d'une forme en se basant sur les attributs produits par l'EI Primitive-Description. Ensuite, nous présenterons l'algorithme de rétro-propagation du gradient que nous avons utilisé pour l'apprentissage supervisé afin d'approximer la fonction de classification.

2.5.2.1 Architecture du perceptron

Un perceptron multicouches est composé d'une couche d'entrée⁸ dont les neurones codent l'information présentée au réseau, d'un nombre variable de couches internes dites "cachées" et d'une couche de sortie contenant autant de neurones que de réponses possibles. L'apprentissage de ces réseaux est supervisé et l'algorithme utilisé est connu sous le nom de méthode de rétro-propagation du gradient [RHW86]. Cette méthode minimise l'erreur quadratique entre les sorties réelles du réseau et les sorties désirées. Mais, son inconvénient majeur est le temps de calcul qui est élevé quand la séparation entre les différentes classes de décision est complexe et quand le nombre des couches cachées est grand. En ce qui nous concerne, après de multiples tests avec divers nombres de couches cachées, nous avons décidé d'utiliser un simple perceptron monocouche qui permet d'obtenir des performances satisfaisantes en un temps d'apprentissage minimum. En effet, plusieurs études [Bis95] [Man99] ont démontré qu'un perceptron monocouche peut estimer n'importe quelle fonction dans \mathfrak{R}^n avec une précision arbitraire. Ce perceptron peut être représenté par le diagramme du réseau de la figure (FIG 2.27)⁹.

Un perceptron monocouche est typiquement défini par m neurones cachés ayant des fonctions d'activation sigmoïdales h_j et par p neurones de sortie définis par des fonctions linéaires. La fonction d'activation choisie pour les neurones de la couche cachée est la tangente hyperbolique¹⁰. Ainsi, la sortie d'un neurone j de la couche cachée pour une entrée Y ($= (y_1, y_2, \dots, y_n)$) du perceptron peut être exprimée par (2.31) :

$$\forall j \in \{1, 2, \dots, m\}, \quad h_j(Y) = \tanh \left(\sum_{i=1}^n w_{ji}^I y_i + w_{j0}^I \right) \quad (2.31)$$

où, w_{ji}^I est le poids de la connexion reliant le neurone d'entrée i avec le neurone caché j et w_{j0}^I est le seuil de la fonction d'activation du neurone caché j .

⁸Souvent dite la rétine.

⁹Les neurones d'une même couche ne peuvent pas communiquer entre eux dans le cas des réseaux à couches.

¹⁰Les fonctions d'activation symétriques, comme la tangente hyperbolique, convergent plus rapidement que la fonction sigmoïde.

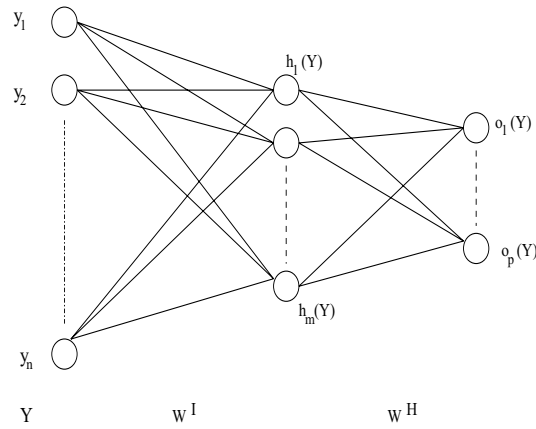


FIG. 2.27 – Architecture d’un perceptron monocouche.

Les sorties des neurones cachés sont ensuite seuillées et additionnées en produisant les sorties suivantes du perceptron (2.32) :

$$\forall k \in \{1, 2, \dots, p\}, \quad o_k(Y) = \sum_{j=1}^m w_{kj}^H h_j(Y) + w_{k0}^H \quad (2.32)$$

où, w_{kj}^H est le poids de la connexion reliant le neurone caché j avec le neurone de sortie k et w_{k0}^H est le seuil de la fonction d’activation du neurone de sortie k .

Dans notre cas, l’architecture du réseau est définie par n neurones d’entrée représentant les n attributs sélectionnés pour décrire les symptômes de malignité d’une région (n est la taille du vecteur descriptif produit par l’EI Primitive-Description), m neurones cachés et p neurones de sortie, où p est le nombre des classes diagnostiques de l’application médicale¹¹.

2.5.2.2 Algorithme d’apprentissage

L’apprentissage supervisé du réseau se fait moyennant l’algorithme standard [RHW86] de rétro-propagation du gradient. Etant donné une base d’apprentissage, cet algorithme permet au perceptron d’approximer la fonction de la classification. Ceci revient à adapter les paramètres non-fixés du perceptron (poids et seuils) à travers un processus de simulation supervisé. Fondamentalement, l’algorithme d’apprentissage par rétro-propagation consiste à réaliser deux passages à travers les différentes couches du réseau : un passage en avant et un passage en

¹¹Le plus souvent, p admet la valeur 2 correspondant à la classe des formes malignes et celle des formes bénignes.

arrière. Dans le passage en avant, un vecteur d'entrée est appliqué au réseau. Puis, son effet se propage, couche par couche, à travers les couches du réseau. Ainsi, un ensemble de sorties est produit pour donner la réponse courante du perceptron. Les poids du réseau sont tous fixés pendant le passage en avant. Le passage en arrière permet de rétro-propager les signaux d'erreurs dans le perceptron en calculant récursivement le gradient local pour chaque neurone. Ceci permet d'ajuster tous les poids du perceptron conformément à une *règle de correction des erreurs* [Hay99]. Dans notre cas, pour approximer la fonction de classification d'une forme dans une des p classes diagnostiques, l'algorithme de rétro-propagation minimise l'erreur quadratique ε_r entre les sorties courantes du réseau et les sorties correspondant aux exemples de la base d'apprentissage. Enfin, l'apprentissage continue jusqu'à ce que l'erreur ε_r soit inférieure à 0.1 ou un nombre de 10,000 itérations soit atteint.

En outre, il y a plusieurs paramètres arbitraires dont les valeurs doivent être définies avec soin afin que le perceptron soit capable de fournir de bonnes performances. En particulier, le nombre m de neurones cachés influence largement la capacité du perceptron à déterminer les propriétés des données n'appartenant pas à la base d'apprentissage [BCHH93]. En effet, la distance entre l'approximation obtenue par le réseau de neurones et la fonction de classification recherchée est inversement proportionnelle au nombre m des neurones cachés [Bar93]. Malheureusement, ce résultat n'est pas constructif, dans le sens qu'il ne peut donner que des appréciations vagues sur le nombre nécessaire de neurones cachés. En plus, les heuristiques existantes pour déterminer le nombre de neurones dans une couche cachée restent toujours approximatives¹². Ainsi, il n'existe pas à présent de solutions théoriques pour déterminer le nombre de neurones cachés [Dre02]. Dans notre cas, nous avons choisi de faire varier, pour chaque application de diagnostic, le nombre de neurones cachés jusqu'à l'obtention des performances optimales sur la base d'apprentissage.

2.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté notre modèle générique pour les systèmes d'aide au diagnostic basés sur les images médicales (**MGSADIM**). La modélisation proposée se base sur la succession de quatre éléments d'information : EI Objet-Observation, EI Observation-Observation, EI Observation-Primitive et EI Primitive-Décision.

D'abord, l'EI Objet-Observation permet l'acquisition de l'image en associant

¹²Par exemple, [Ben02] a opté pour une valeur optimale de m égale à $\frac{n+p}{2} + 1$ et une valeur maximale de m égale à $2n + 2$.

chaque cellule de l'organe sujet du diagnostic à un ou plusieurs pixels de l'image.

Puis, l'EI Observation-Observation cherche à restituer à partir de l'observation bruitée une image de meilleure qualité. Il consiste à supprimer les objets indésirables de l'image acquise en y appliquant un filtre médian. Toutefois, certains opérateurs supplémentaires de pré-traitement sont parfois nécessaires. En plus, dans le cas d'une image couleur, nous appliquons la transformée de Karhunen-Loève sur l'image filtrée afin de rehausser la zone d'intérêt (ZI) tout en réduisant la dimensionnalité du problème.

Ensuite, l'EI Observation-Primitive permet l'extraction de l'ensemble de régions formant ZI. Pour la réalisation de cet EI, nous avons distingué deux approches selon le cas où ZI est composée d'une seule région ou de plusieurs régions. Dans le cas où ZI est composée d'une seule région d'intérêt, nous avons développé une méthode automatique de segmentation par croissance des régions. Dans le cas où ZI est composée de plusieurs régions, l'application de la croissance des régions ne donne pas des bons résultats. Pour cela, nous avons introduit une autre approche de détection des régions formant ZI. Pour ce faire, nous avons classifié les pixels de l'image en utilisant une version améliorée de l'algorithme FCM. Puis, nous avons segmenté la classe contenant ZI en régions par un algorithme hiérarchique de segmentation par seuillage adaptatif. Ceci permet de détecter les régions formant ZI.

Enfin, l'EI Primitive-Décision permet d'associer chaque région de ZI à une classe diagnostique. Toutefois, dans les cas où la prise de décision à partir de l'observation de ZI est impossible, cet EI doit être subdivisé en deux EIs. Ceci impose l'introduction d'un EI intermédiaire (EI Primitive-Description) qui quantifie les caractéristiques de la zone d'intérêt par un ensemble de descripteurs reflétant les signes cliniques de la pathologie. Pour évaluer les caractéristiques géométriques et topologiques des régions, une méthode d'approximation polygonale basée sur les algorithmes génétiques a été envisagée. Les descripteurs produits par l'EI Primitive-Description sont ensuite transmis à l'EI Description-Décision, qui permet d'associer les régions de ZI aux différentes classes diagnostiques. Pour ce faire, nous avons utilisé un réseau de neurones de type perceptron monocouche.

Dans les deux chapitres suivants, nous allons présenter des illustrations de notre MGSADIM par deux applications réelles. La première application illustre le cas d'une seule région d'intérêt. Elle consiste à réaliser un système d'aide au diagnostic pour les dermatologues dans le cadre du dépistage du mélanome. La deuxième application illustre le cas de plusieurs régions d'intérêt. Elle permet la détection des zones tumorales dans les images IRM du cerveau humain.

Chapitre 3

Cas d'une seule région d'intérêt : Application en diagnostic du mélanome

3.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous allons présenter une première illustration de notre modèle générique des systèmes d'aide au diagnostic basé sur les images médicales (*MGSADIM*) en le mettant en oeuvre dans le cadre d'une application représentative dans le domaine médical. Il s'agit de la réalisation d'un système de dépistage du mélanome permettant l'aide au diagnostic pour les dermatologues. Ce système présente bien une application de la première approche de segmentation puisque dans le cas du mélanome la zone d'intérêt est composée d'une seule région.

3.2 Présentation du cadre de l'application

Nous allons présenter dans cette section la maladie du mélanome, sujet de l'application abordée dans ce chapitre et nous montrerons l'intérêt de l'utilisation des systèmes assistés par ordinateur pour la réalisation du dépistage du mélanome.

3.2.1 La maladie du mélanome

Le mélanome est l'une des deux formes prises par les naevi qui proviennent d'une malformation embryonnaire de la peau. Si cette malformation se présente sous la forme d'une tache, il s'agit alors d'une lésion bénigne. Si elle se présente sous la forme d'une tumeur, c'est une lésion maligne appelée mélanome. Le

mélanome est donc une tumeur cancéreuse développée à partir des cellules pigmentaires de la peau et qui peut développer des métastases et envahir d'autres parties du corps.

Les personnes ayant des mélanomes sont principalement des gens à peau claire avec un grand nombre de grains de beauté (lésions nœviques). Deux facteurs de risque ont été identifiés pour le mélanome : un facteur individuel et constitutif (nombreux nœvus, nœvus atypiques, antécédents atteints) et un facteur comportemental qui est l'abus d'exposition aux ultraviolets solaires et artificiels. Cela revient à dire que tout le monde est concerné par cette forme de cancer (aucune tranche d'âge n'est épargnée), d'autant plus que ce phénomène s'amplifie avec la mode actuelle du bronzage parfait. En revanche, de plus en plus de personnes sont touchées par le mélanome. C'est la maladie la plus mortelle de tous les cancers de peau et elle occupe actuellement le premier rang des cancers en terme d'augmentation de fréquences dans les pays occidentaux. Il voit son incidence doubler tous les dix ans depuis 50 ans. Aux États-Unis, la fréquence du mélanome augmente plus rapidement que toute autre forme de cancer : depuis les années 1970, le mélanome y a augmenté de 126% [NIS01]. En Europe, la fréquence du mélanome augmente de 5 % chaque année et il devient le responsable de 91 % du cancer de peau mortel [SBE⁺01]. Ce cancer est caractérisé par une prédominance féminine (2 femmes / 1 homme). Il est le cancer le plus répandu chez les femmes de 25 à 29 ans et il est la deuxième forme de cancer touchant les femmes de 30 à 34 ans [SS02].

La prévention primaire du mélanome consiste en la réduction de l'exposition aux ultraviolets. Quant à la prévention secondaire, elle repose sur le diagnostic précoce du mélanome à un stade curable. Aucune thérapie n'a encore été trouvée pour le mélanome. Seul l'enlèvement précoce des lésions nœviques malignes (mélanomes) permet une guérison. En effet, ce cancer est facilement curable s'il est enlevé tôt mais mortel s'il est négligé. Les investigations ont prouvé que le taux de curabilité du mélanome est de 100% s'il est diagnostiqué tôt et traité chirurgicalement [PSW87], ce qui a permis de baisser le taux de mortalité par le mélanome de 70% dans les années soixante [WP85] à 21% en 2002 [SS02]. Par conséquent, le diagnostic anticipé du mélanome est une question cruciale pour les dermatologues. Comme l'une des solutions suggérées pour améliorer l'interprétation anticipée, plusieurs listes diagnostiques de contrôle ont été proposées, y compris "*Seven Point Checklist*" [HBGB94] (ROYAUME-UNI), "*ABCD*" [SBFB⁺94] et "*ABCDE*" [FR88] (USA). Ces listes spécifient des traits visuels associés aux symptômes de malignité des lésions. Cependant, l'interprétation visuelle de ces caractéristiques n'est pas une tâche simple. En effet, l'identification du mélanome

est difficile à l'oeil nu car la différence entre une lésion bénigne (nævus) et une lésion maligne (mélanome) est rendue confuse à cause des naevi dits atypiques. C'est pour cette raison que les dermatologues sont de plus en plus intéressés par des systèmes assistés par ordinateur pour un diagnostic clinique. Ces systèmes permettent la découverte de la limite de la lésion, la quantification de traits diagnostiques, la classification des lésions en malignes ou bénignes, la visualisation, etc.

3.2.2 Intérêt d'un système d'aide au diagnostic

La prévention du mélanome paraît comme une tâche "aisée" puisqu'il suffit de consulter un dermatologue dès que l'on a un doute. Mais, ceci n'est pas une tâche facile pour les dermatologues. Une étude à l'hôpital "Karolinske" de Stockholm (Suède), a montré qu'un jeune dermatologue, avec moins d'une année d'expérience, ne peut détecter que 31% des cas du mélanome qui lui sont présentés. Un dermatologue avec plus de 10 années d'expérience n'est aussi capable de détecter que 63% des cas présentés [FSG96]. Plus récemment, [Lee01] a indiqué que le taux d'un dépistage correct est approximativement de 65% au mieux. Ainsi, il est difficile d'interpréter visuellement, même pour les dermatologues les plus expérimentés, les traits caractéristiques du mélanome et de le distinguer des autres lésions pigmentées de la peau, telles que les lésions typiques et atypiques qui sont généralement bénignes.

Vu la gravité de la présence d'un mélanome et du doute qui règne quant à son diagnostic, certains dermatologues pratiquent une exérèse qui consiste à prélever une partie de la lésion du patient, pour en faire ensuite une analyse histologique (biopsie). Cette analyse permet d'avoir un résultat fiable sur la nature de la lésion. Le problème est que seulement 10% des exérèses révèlent une pathologie cancéreuse. Cela veut dire que 90% des personnes subissent une intervention chirurgicale qui n'a pas lieu d'être. De plus, cette opération est coûteuse, et elle a des retombées humaines, psychologiques et physiques (anesthésie) sur le patient. Pour cela, les systèmes informatiques d'aide au diagnostic paraissent comme la solution la plus adaptée pour assister le dermatologue lors de son diagnostic sans utiliser la biopsie. L'outil informatique a un avantage certain sur l'oeil humain : une perception plus grande des couleurs (*c.f.* 1.3.1). En effet, le dermatologue fait son diagnostic d'après plusieurs critères dont la couleur. De plus, avec l'informatique, on peut effectuer des analyses géométriques et colorimétriques plus approfondies sur la lésion objet du diagnostic, et ce grâce aux changements de variables colorimétriques et aux calculs de volume et de compacité [Tao95].

3.3 Notre solution

Dans ce qui suit nous présentons l'application de notre MGSADIM, présenté dans le chapitre précédent, au dépistage du mélanome en dermatologie. Il s'agit de réaliser un système automatique complet pour le diagnostic du mélanome à partir d'une image dermatoscopique couleur. Nous décrivons ainsi les quatre EIs formant notre système. En particulier, pour l'Ei Observation-Primitive on est bien dans le cas où la zone d'intérêt (ZI) est composée d'une seule région (RI) : c'est la lésion en question. En premier lieu, l'Ei Objet-Observation permet l'acquisition d'une image dermatoscopique couleur de la lésion à dépister. Cette image couleur est traitée par l'Ei Observation-Observation afin d'améliorer sa qualité. Puis, l'Ei Observation-Primitive s'occupe de l'extraction de la lésion de la peau saine environnante à partir de l'image améliorée produite par l'Ei précédent. Toutefois, l'extraction de la lésion ne permet pas de déduire si elle est bénigne ou maligne. C'est-à-dire, un Ei Primitive-Décision est indéfini. Ainsi, la lésion doit être décrite par un ensemble optimal d'attributs (photométriques et géométriques) qui modélisent les signes cliniques de la malignité d'une lésion de la peau. Ceci fera l'objet de l'Ei Primitive-Description. Enfin, un Ei Description-Décision réalise la classification pour déterminer le type de la lésion (maligne ou bénigne) en fonction de l'ensemble des attributs descriptifs déjà déterminés. Un tel système permettra ainsi de diminuer le taux de fausses alarmes en identifiant mieux les lésions ce qui réduira probablement le taux de non-détection. La finalité d'un tel système est de pouvoir mettre à la disposition des dermatologues un outil d'acquisition, de traitement et d'analyse des images couleurs des mélanomes (FIG 3.1). Nous détaillons dans la suite de ce chapitre les différents éléments d'informations de notre système automatique d'aide au diagnostic du mélanome tout en discutant les résultats produits par chacun des EIs.

3.4 Ei Objet - Observation

Le dermatologue prend automatiquement une photographie, sous forme de diapositive, de la lésion d'un patient ausculté. Ceci lui permet d'étudier d'éventuelles évolutions de la lésion mais cela alimente aussi sa banque de données des lésions rencontrées. La numérisation de ces diapositives est effectuée à l'aide d'un scanner 35 mm à diapositive de type "Nikon-CoolScan" (LS-10E Standard model) avec une densité de 2700 *dpi*. Ce scanner, grâce à un capteur de ligne CCD à 2592 éléments, permet une résolution de 2393×3648 pixels. Le balayage est assuré par une platine porte-film entraînée par un moteur pas à pas. La densité de pixels est d'environ 106 *pixels/mm* sur le film. La source d'éclairage est une diode électroluminescente trois couleurs RVB et la séparation des couleurs se fait par trois filtres séparément. On peut régler la luminosité et agir séparément sur

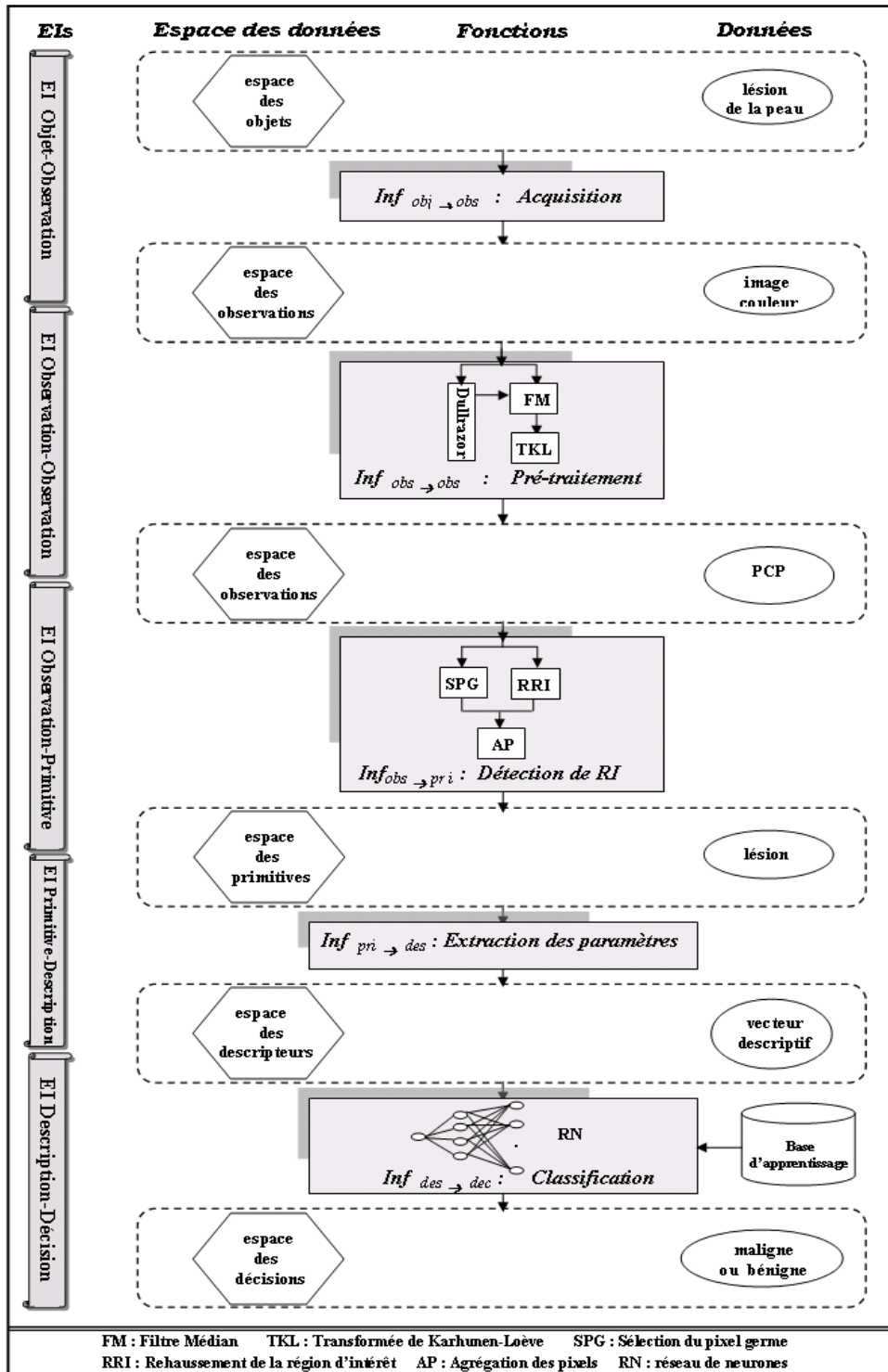


FIG. 3.1 – Architecture globale du système proposé.

la sensibilité des trois plans couleur. On peut également modifier les courbes de réponse rouge, vert et bleu fournies par le scanner. Le temps de numérisation d'une diapositive dépend du réglage de la résolution et de la densité du film. Il est d'environ 170s pour trois plans couleurs dans une plage de 1000×1000 pixels avec un film standard.

Ainsi, nous obtenons une image couleur au format BMP codée sur trois plans : le rouge (R), le vert (V) et le bleu (B). Chaque image est composée de $150 \times 150 \times 3$ pixels et enregistrée sur 67KBytes, avec une résolution spatiale de $0.0264 \text{ cm} \times 0.0264 \text{ cm}$ par pixel. Chacun de ces pixels est codée sur 24 bits selon les trois plans, soit un octet par plan de couleur. Chaque image a une ou plusieurs lésions localisées près du centre et ces lésions sont entourées par la peau normale ayant une teinte différente de celle des lésions. Les lésions varient en dimension, couleur et saturation. La figure suivante (FIG 3.2) présente les images de 4 lésions différentes. Les 2 lésions *a* et *b* sont des nævus bénins, cependant, les lésions *c* et *d* sont des mélanomes malins.

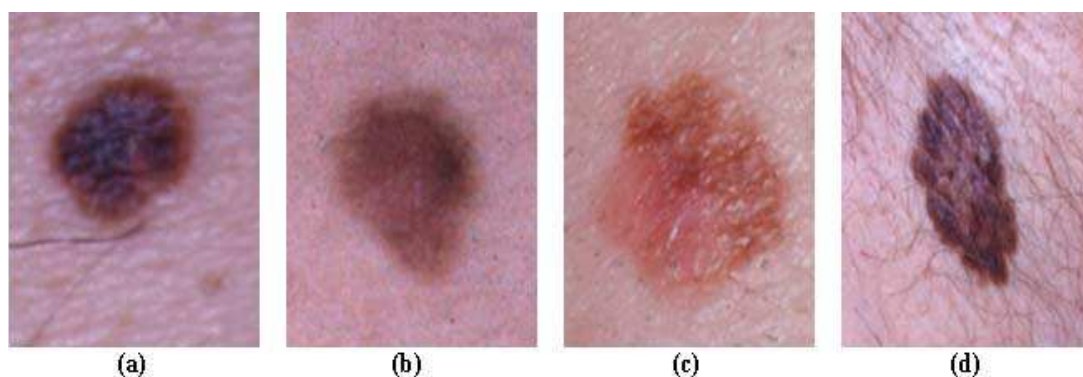


FIG. 3.2 – Images couleur des lésions de la peau. a et b : nævus bénins ; c et d : mélanomes.

3.5 EI Observation - Observation

A part les lésions, les images couleurs acquises par l'EI Objet-Observation peuvent contenir d'autres éléments tels que des poils et des pigments. Ainsi, une étape de prétraitement est nécessaire pour améliorer la qualité des images. Elle consiste à réduire le bruit, fortement présent dans les images dermatoscopiques, et à rehausser les bords de la lésion afin de faciliter sa séparation de la peau environnante. Pour cela, nous avons appliqué un filtrage médian pour minimiser l'influence des petites structures (les poils minces) sur le résultat de la segmentation et pour isoler les petites régions parasites (petites bulles d'air). Toutefois,

certaines images contiennent des poils épais (d'autres en sont complètement couvertes) avec une teinte de couleur semblable à la lésion (FIG 3.2.d). Les poils épais dans ces images ne peuvent pas être supprimés par le filtrage médian. Dans ce cas, une étape supplémentaire de déménagement des poils doit être effectuée. La dernière étape de prétraitement de cet EI est l'application de la transformation de Karhunen-Loève afin de permettre le rehaussement des bords dans l'image tout en réduisant la dimensionnalité du problème.

3.5.1 Débruitage de l'image médicale

Cette étape consiste à réduire le bruit moyennant un filtrage médian. Le but principal du filtrage des images dermatologiques est de réduire les artéfacts de réflexion localisés tout en conservant les bords. Des petits objets devraient être enlevés de l'image de la peau pour réduire les effets de sur-segmentation [HMHL96]. Pour chaque composante couleur $I \in \{R, V, B\}$, le filtre médian remplace l'intensité d'un pixel par une valeur médiane résultat d'un tri des niveaux de gris des pixels voisins (3.1). Dans cette application, un voisinage 5×5 ($N_f=5$) a été utilisé et cette valeur est conservée même si les lésions varient en dimension (FIG 3.3).

$$\forall I \in \{R, V, B\}, \forall 1 \leq i \leq x, 1 \leq j \leq y, I_{med}(i, j) = \text{median} \left\{ I(i-k, j-l), \frac{1-N_f}{2} \leq k, l \leq \frac{N_f-1}{2} \right\} \quad (3.1)$$

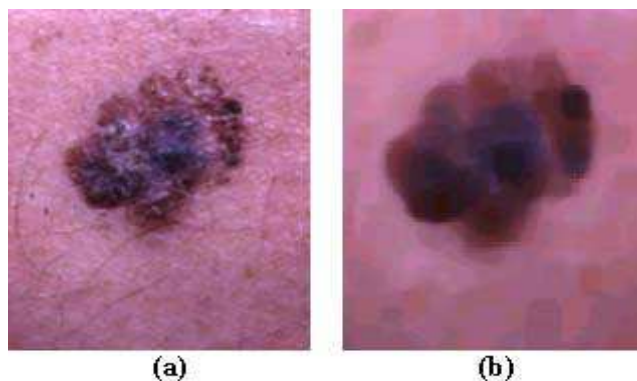


FIG. 3.3 – Filtrage Médian. a- image originale, b- résultat du filtrage médian : élimination des petites structures et des poils minces.

3.5.2 Suppression des poils

Ce processus n'est nécessaire que pour les images couvertes par des poils épais ayant une teinte de couleur semblable à celle de la lésion. Nos expérimentations ont montré que le filtrage médian est insuffisant pour la suppression des poils épais de ces images, alors que les poils minces sont enlevés avec ce filtrage. En effet, pour les images couvertes par des poils, le nombre de pixels poils à l'intérieur du voisinage pourrait être supérieur à la moitié du nombre des pixels du voisinage. En d'autres termes, la valeur médiane peut être représentative d'un poil épais. Ainsi, le filtrage médian n'améliore pas ces images et il peut même les dégrader en intensifiant leur présence (FIG 3.4).

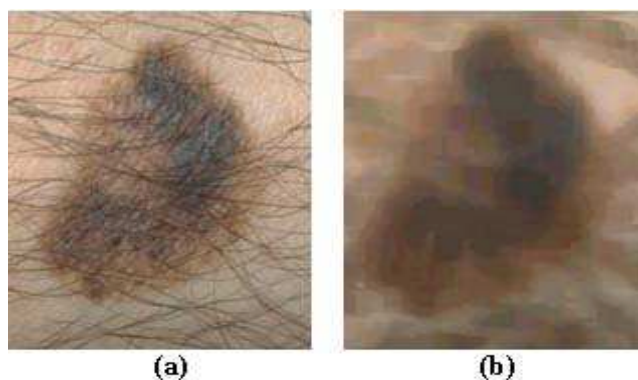


FIG. 3.4 – Insuffisance du filtrage médian pour la suppression des poils épais. a- image originale, b- filtrage médian.

Evidemment, le fait de raser les poils avant l'acquisition des images est une solution possible [APDB95]. Cependant, cette solution n'est pas seulement coûteuse en temps, mais elle est aussi peu pratique surtout dans le cas de plusieurs lésions réparties sur tout le corps. De là, nous avons choisi d'implémenter l'approche *Dullrazor* [LGCM97] pour supprimer les poils épais. Ceci consiste à réaliser les trois étapes suivantes :

1. **identification des poils** : cette étape consiste à identifier l'emplacement des poils par une fermeture morphologique appliquée séparément sur chacune des trois composantes couleur afin de localiser les poils sombres. Pour chaque composante couleur C_k ($k \in \{R, V, B\}$), cette opération extrait les petites valeurs d'intensité (*i.e.* pixels appartenant aux poils épais) le long de 4 éléments de structure (e_0 , e_{45} , e_{135} et e_{90}) dans les directions horizontale, diagonales et verticale (FIG 3.5).

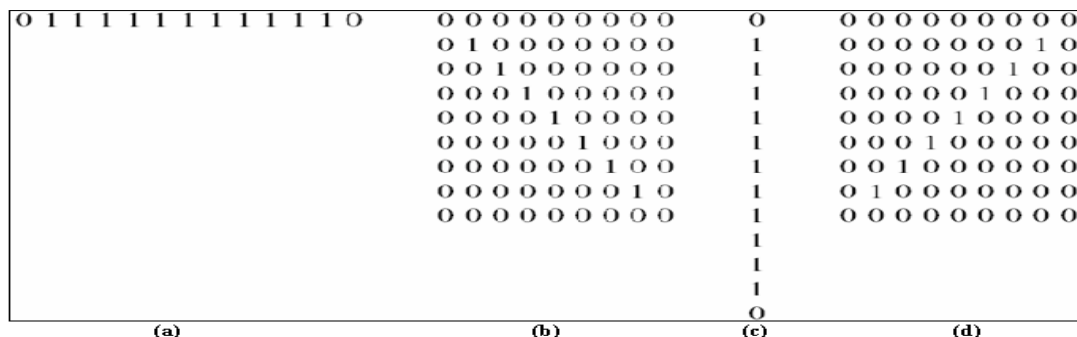


FIG. 3.5 – Eléments de structure pour l’opération généralisée de fermeture morphologique. a- e_0 , b- e_{45} , c- e_{90} , d- e_{135} .

Pour chaque composante couleur, l’image résultat G_k est obtenue en prenant la réponse maximale des opérations de la fermeture individuelle pour chaque direction (3.2). Ensuite, pour chaque composante couleur, un seuillage de l’image G_k permet de déduire la masque binaire des poils H_k . Ce masque divise l’image en des zones disjointes représentant les régions poils et les régions non-poils. Enfin, le masque binaire global des poils (H) est l’union \oplus des trois masques binaires correspondant aux trois composantes couleurs $H = H_R \oplus H_V \oplus H_B$ (FIG 3.6).

$$\forall k \in \{R, V, B\}, \forall p, G_k(p) = |C_k(p) - \max(\mathbf{c}_p)|,$$

$$\text{avec } \mathbf{c}_p = \{[C_k \bullet e_0](p), [C_k \bullet e_{45}](p), [C_k \bullet e_{90}](p), [C_k \bullet e_{135}](p)\} \quad (3.2)$$

où, \bullet représente l’opération de fermeture morphologique.

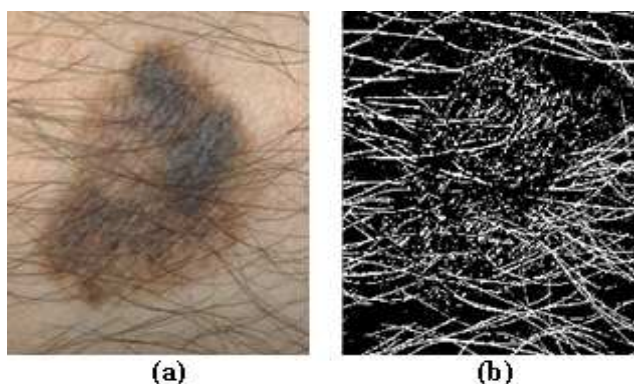


FIG. 3.6 – Détection des poils. a- image originale, b- masque binaire H .

2. **vérification des poils** : cette étape consiste à caractériser les poils par leurs formes pour les distinguer du bruit causé par le processus d'acquisition. En effet, avant que l'étape de remplacement ne soit exécutée, chaque pixel dans le masque H doit être localisé dans une structure mince et longue (*i.e.* structure de poils) ; autrement, le pixel est considéré comme un bruit. Ainsi, pour chaque pixel appartenant à l'une des régions poils dans H , des segments sont tracés dans 8 directions (haut, bas, droite, gauche et les 4 diagonales) en partant du pixel concerné et jusqu'à ce que chacune des lignes atteigne une région non-poils. Ces 8 segments forment 4 lignes droites, centrées sur le pixel concerné. Dans notre cas, pour confirmer que le pixel appartient à un poil, la ligne la plus longue doit contenir plus que 75 pixels et les autres lignes ne doivent pas dépasser, pour chacune, la longueur de 35 pixels. Enfin, nous obtenons un masque lissé H' représentant les pixels poils seulement (FIG 3.7).

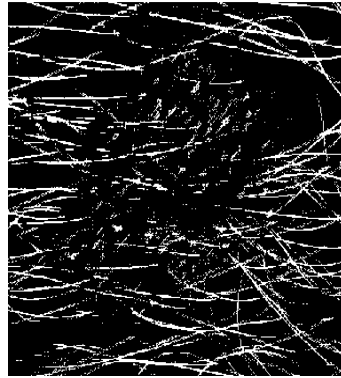


FIG. 3.7 – Vérification des poils : le masque filtré H' .

3. **remplacement des pixels poils** : lors de cette dernière étape, chaque pixel $Im(i, j)$ appartenant à l'intérieur d'une structure de poils ($H'(i, j) = 1$) est remplacé par le résultat de l'interpolation bilinéaire $In(i, j)$ des deux pixels non-poils les plus proches $Im(i_1, j_1)$ et $Im(i_2, j_2)$ (avec $H'(i_1, j_1) = H'(i_2, j_2) = 0$) le long de la ligne la plus courte (3.3) (FIG 3.8).

$$In(i, j) = Im(i_1, j_1) * \frac{d_2((i, j), (i_2, j_2))}{d_2((i, j), (i_1, j_1))} + Im(i_2, j_2) * \frac{d_2((i, j), (i_1, j_1))}{d_2((i, j), (i_2, j_2))} \quad (3.3)$$

où, d_2 est la distance euclidienne définie par :

$$d_2((i_1, j_1), (i_2, j_2)) = \sqrt{|i_2 - i_1|^2 + |j_2 - j_1|^2} \quad (3.4)$$



FIG. 3.8 – Image de la figure (FIG 3.6.a) après suppression des poils.

3.5.3 Rehaussement de la zone d'intérêt

Le but de cette étape de prétraitement est de faciliter le processus de segmentation en rehaussant les bords de la lésion dans l'image par application de la transformation de Karhunen-Loève. En effet, Fisher et al., [FSG96] ont montré que la transformation de Karhunen-Loève est la plus adaptée pour la segmentation des images dermatologiques. Cette transformation permet de décorréler les données en entrée en utilisant une base orthogonale déterminée via une diagonalisation de la matrice de covariance de l'image. Dans notre cas, elle consiste en la projection des trois composantes couleur sur les vecteurs propres de leur matrice de covariance. La matrice de covariance Cov est déterminée par l'équation suivante :

$$Cov = \frac{V.V^t - m_V.m_V^t}{x.y} = B\Lambda B^t \quad (3.5)$$

où, $x.y$ est la taille de l'image, V est une matrice $3 \times xy$ englobant les trois vecteurs couleur de l'image dermatoscopique (3.6), m_V est une matrice 3×1 représentant la moyenne des trois composantes couleur (3.7), $B = [b_1 \ b_2 \ b_3]$ est une matrice dont les 3 colonnes contiennent les trois vecteurs propres de Cov et Λ est une matrice diagonale qui contient les valeurs propres de Cov dans un ordre décroissant : $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \lambda_3$.

$$V = \begin{pmatrix} r(1,1) & r(1,2) & \cdots & r(1,y) & r(2,1) & \cdots & r(x,y) \\ g(1,1) & g(1,2) & \cdots & g(1,y) & g(2,1) & \cdots & g(x,y) \\ b(1,1) & b(1,2) & \cdots & b(1,y) & b(2,1) & \cdots & b(x,y) \end{pmatrix} \quad (3.6)$$

$$m_V = \frac{1}{x.y} \cdot \sum_{i=1}^x \sum_{j=1}^y \begin{pmatrix} r(i, j) \\ g(i, j) \\ b(i, j) \end{pmatrix} \quad (3.7)$$

La transformation de Karhunen-Loève est définie par (3.8) :

$$\forall k \in \{1, 2, \dots, xy\}, z_k = B^t (v_k - m_V)$$

$$\text{et, } T = (z_1 \ z_2 \ \dots \ z_{xy}) = \begin{pmatrix} t_1 \\ t_2 \\ t_3 \end{pmatrix} \quad (3.8)$$

où, v_k est le k^{eme} vecteur colonne dans V et la k^{eme} ($k \in \{1, 2, 3\}$) ligne de T , notée t_k , représente la k^{eme} composante principale.

Vu l'ordre décroissant des valeurs propres ($\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$), la première composante principale t_1 (PCP) contiendra la variance maximale. Aucune autre transformation linéaire utilisant une base unitaire ne pourrait produire des composantes avec une variance supérieure à λ_1 [HMHL96]. Ainsi, la plus grande partie de la texture et de l'information de structure est contenue dans la première composante principale qui peut être utilisée donc comme une approximation à deux dimensions de l'image RVB originale. En effet, pour les images dermatologiques, la première composante principale représente plus de 92% de la variance totale [HM98] (FIG 3.9). Et comme la quasi-totalité de la variation est produite sur les bords entre les régions, nous avons choisi de segmenter uniquement l'image relative à la première composante principale. Partant d'une image couleur, une nouvelle image $2D$ est déterminée en fonction de la direction de la variance maximale. Cette nouvelle image rehausse les pixels des frontières et facilite donc la séparation entre la lésion et la peau environnante.

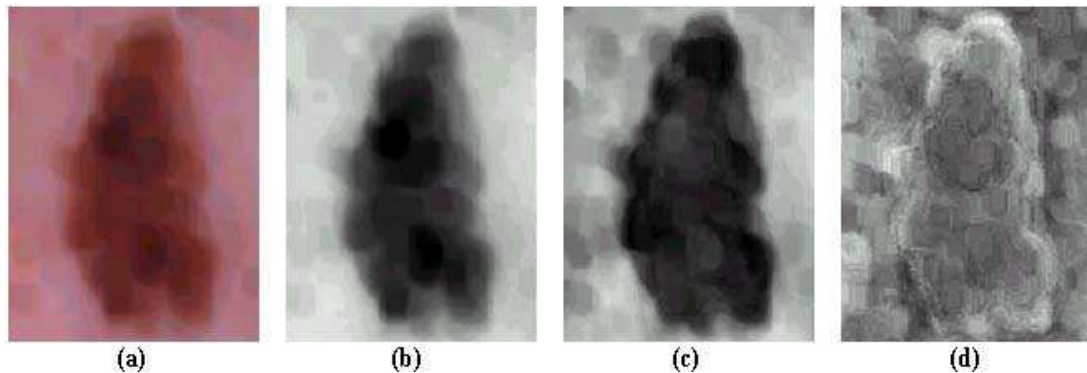


FIG. 3.9 – Résultats de la transformation de Karhunen-Loève : a- image filtrée, b- la première composante principale contenant 92.29% de la variance totale, c- la deuxième composante principale (7.63%), d- la troisième composante principale (0.08%).

3.5.4 Discussion des résultats

Pour l’EI Observation-Observation, nous avons appliqué trois opérateurs de pré-traitements afin d’améliorer la qualité des images.

Le premier opérateur consiste à appliquer un filtrage médian qui permet d’éliminer les petites structures et les poils minces des images originales tout en conservant les bords de la lésion (FIG 4.3).

Le deuxième opérateur ne concerne que les images contenant des poils épais que le filtre médian se trouve incapable de les supprimer. Cet opérateur revient à l’application de l’approche *Dullrazor* dans le but de déménager ces poils épais. Cette approche robuste permet de supprimer le maximum de poils épais tout en conservant l’apparence visuelle de la lésion de la peau (FIG 3.8).

Le dernier opérateur de prétraitement de cet EI est l’application de la transformation de Karhunen-Loève afin de permettre le rehaussement des bords dans l’image. Partant d’une image couleur, cette transformation permet de générer une nouvelle image (PCP) en niveaux de gris en fonction de la direction de la variance maximale. Cette nouvelle image permet ainsi de réduire énormément la quantité des données (de 33%) et par la suite d’accélérer les processus ultérieurs. En plus, la manipulation de la PCP permet de faciliter considérablement la séparation entre la lésion et la peau environnante (FIG 3.9) puisque la quasi-totalité de la variation est produite sur les bords entre les régions.

3.6 EI Observation - Primitive

L'EI Observation-Primitive réalise la segmentation qui est une étape critique dans notre système d'aide au diagnostic pour les dermatologues. Dans la littérature scientifique, plusieurs travaux ont été consacrés au problème de la segmentation des images dermatoscopiques, notamment les techniques de seuillage d'histogrammes [KKT⁺02]. La plupart de ces techniques sont incapables de définir un critère permettant de séparer avec précision la lésion pigmentée de la peau saine avoisinante. En effet, la plupart de ces lésions présentent une zone floue sur leurs bordures caractérisée par une transition lente entre une région dense (noyau) et les tissus environnants.

En ce qui nous concerne, on est bien dans le cas où la zone d'intérêt est composée d'une seule région qui est la lésion. Ainsi, pour extraire la lésion de l'image prétraitée, nous allons utiliser notre algorithme de segmentation par croissance des régions. En effet, partant d'un pixel germe l'algorithme regroupe itérativement les pixels adjacents de l'image rehaussée selon un critère d'homogénéité.

3.6.1 Rehaussement de la région d'intérêt

L'objectif de cette étape est de générer une image (dite image rehaussée) qui permet le rehaussement de la lésion. Ceci permet d'accentuer la différence de contraste entre la lésion et les tissus qui l'entourent, ce qui permet aussi de diminuer le caractère flou au niveau des frontières de la lésion. Le rehaussement de la région d'intérêt RI (la lésion) est accompli en utilisant la fonction d'adhésion μ_{RI} (définie dans la section 2.4.1.1). Cette fonction évalue la ressemblance entre les propriétés d'un pixel considéré et ceux de RI. Comme on s'est limité à l'intensité (gl) pour la description d'un pixel p ($gl(p)$) et de la lésion L (gl_L), la fonction d'adhésion est définie par l'équation (3.9).

$$\mu_{RI}(p) = \frac{1}{2} \left[\frac{2 - \beta^2 |gl(p) - gl_L|^2}{1 + \beta |gl(p) - gl_L|} \right] \quad (3.9)$$

Ainsi, une image rehaussée est définie en assignant à chaque pixel p de l'image originale une valeur $\mu_{RI}(p)$ qui représente son niveau d'adhésion dans l'ensemble flou définissant la lésion. Ceci est accompli en évaluant la ressemblance entre l'intensité d'un pixel donné et celle de la lésion donnée par gl_L . En revanche, la première composante principale d'une image dermatoscopique filtrée par un filtrage médian est formée d'un fond très clair (peau saine avoisinante) et une lésion sombre avec parfois des régions plus sombres à l'intérieur de la lésion elle-même. Ainsi, l'application d'une succession d'opérations de lissage (2.6) sur l'histogramme h des intensités de la première composante principale t_1 de l'image filtrée permet

d'obtenir une parfaite courbe bimodale lissée (FIG 3.10). Cette courbe est caractérisée par deux sommets significatifs h_1 et h_2 d'intensités correspondantes gl_1 et gl_2 , représentant les deux classes (*classe1 : la lésion, classe2 : la peau saine avoisinante*). Vu que la lésion est souvent plus sombre que la peau avoisinante, son intensité gl_L doit être plus petite, c'est-à-dire le minimum entre gl_1 et gl_2 .

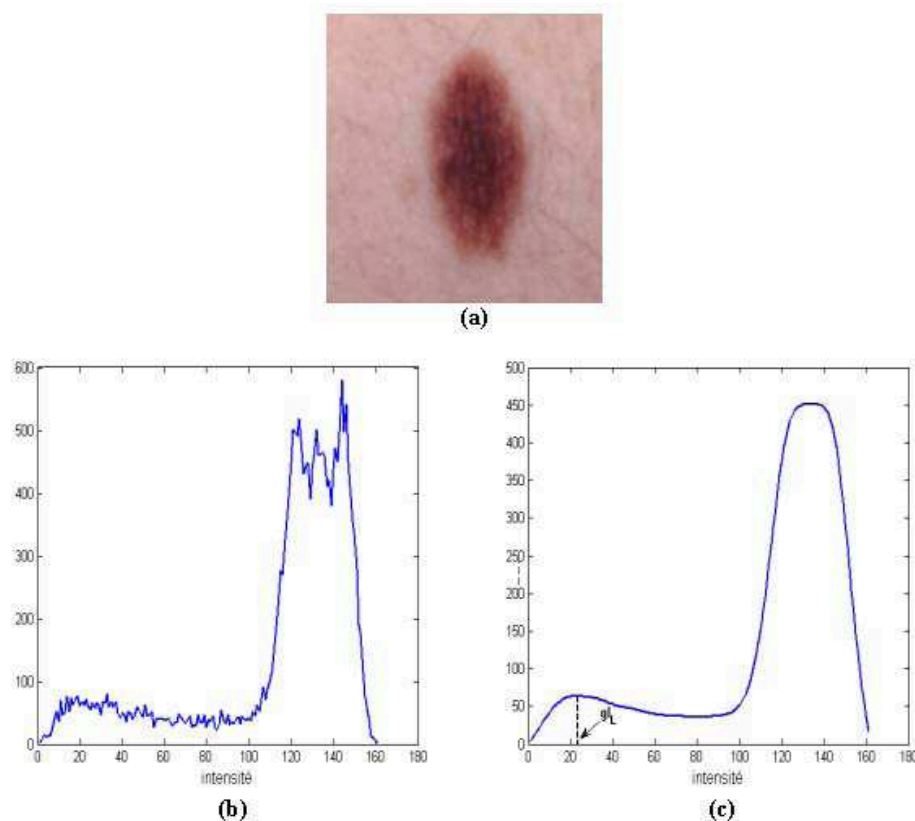


FIG. 3.10 – Lissage de l'histogramme des intensités. a- image originale, b- histogramme original bruité, c- histogramme lissé.

Rappelons enfin que le paramètre β de la fonction d'adhésion μ_{RI} définit l'ouverture de cette fonction. En effet, le contraste de RI dans l'image rehaussée dépend fortement de la valeur de β . Pour une grande valeur de β , l'ouverture est étroite et le comportement de la fonction est stricte, alors que pour une petite valeur de β , l'ouverture est large et la fonction présente un comportement plus permissif (FIG 3.11)¹.

¹Toutes ces images rehaussées ont été étalées sur l'intervalle $[0,255]$ afin d'améliorer leurs qualités visuelles.

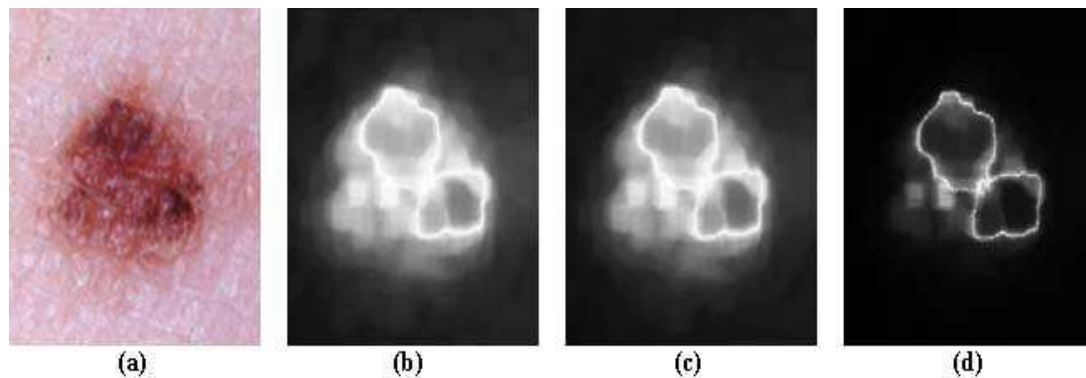


FIG. 3.11 – Rehaussement de la lésion avec différentes valeurs de β . a- image originale, b- $\beta = 0.007$, c- $\beta = 0.012$, d- $\beta = 0.16$.

3.6.2 Détermination du pixel germe

L'objectif de cette étape est de sélectionner automatiquement un pixel germe à l'intérieur de la lésion. Ce pixel sera ensuite considéré comme le pixel de départ pour le processus d'agrégation. Nous choisissons comme pixel germe g celui appartenant à ξ (l'ensemble des pixels ayant gl_L comme niveau de gris) et minimisant la différence d'intensités avec ces 5×5 voisins (2.8). L'objectif de ce choix est de garantir que le pixel germe, qui représente une première approximation de RI, soit au centre de la lésion (FIG 3.12).

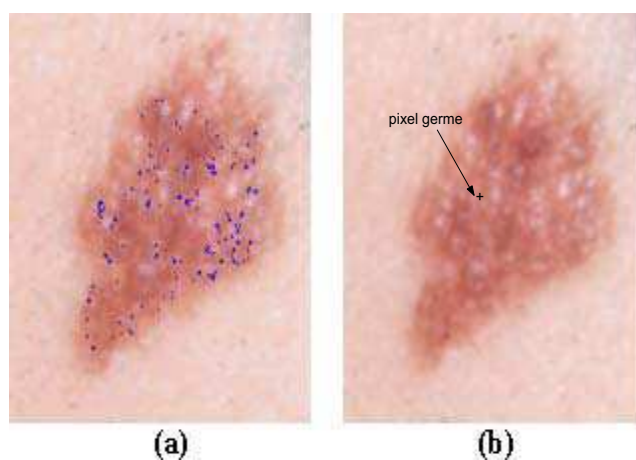


FIG. 3.12 – Détermination du pixel germe. a- l'ensemble ξ , b- le pixel germe.

3.6.3 Agrégation des pixels

Cette étape consiste à regrouper itérativement des points connexes selon des critères d'homogénéité. Les mesures statistiques apparaissent comme des outils fiables pour définir l'homogénéité des régions. La qualité des résultats de cette étape est directement associée au choix de ces mesures et d'un seuil d'arrêt θ du processus d'agrégation. Dans la littérature, plusieurs algorithmes [CLF98] utilisent la moyenne et la variance des niveaux de gris pour contrôler la croissance des régions. Cependant, ces mesures sont fortement influencées par la présence des pixels isolés.

Dans notre cas, l'algorithme démarre avec le pixel germe représentant une première approximation de RI. Puis, pour chaque pixel p appartenant à RI, chacun de ces 8-voisins est candidat à l'agrégation à RI. En effet, si le pixel voisin q est "suffisamment similaire" à p (*i.e.* $|\mu_{RI}(p) - \mu_{RI}(q)| \simeq 0$), il sera fusionné avec RI. Ce processus récursif continue tant qu'il y a des pixels connectés vérifiant ce dernier critère. Ensuite, un post-traitement de *Dilatation-Erosion* est appliqué afin d'enlever les éventuels pixels isolés (bruit) (FIG 3.13). Enfin, une image binaire qui sépare la lésion (1) de la peau saine environnante (0) est obtenue et traitée ensuite par un processus de suivi des frontières [BZ02a]. Ce processus permet la définition de la frontière C de la lésion extraite L (*c.f.* 2.5.1.3) (FIG 3.14).

Notons enfin que les paramètres utilisés dans cet algorithme de segmentation (β et θ) doivent être soigneusement sélectionnés pour arrêter la croissance des régions sur des limites nettes de la lésion (FIG 3.15, FIG 3.16). Dans notre étude, les résultats optimaux sont obtenus avec les valeurs $\beta = 0.007$ et $\theta = 0.1$.

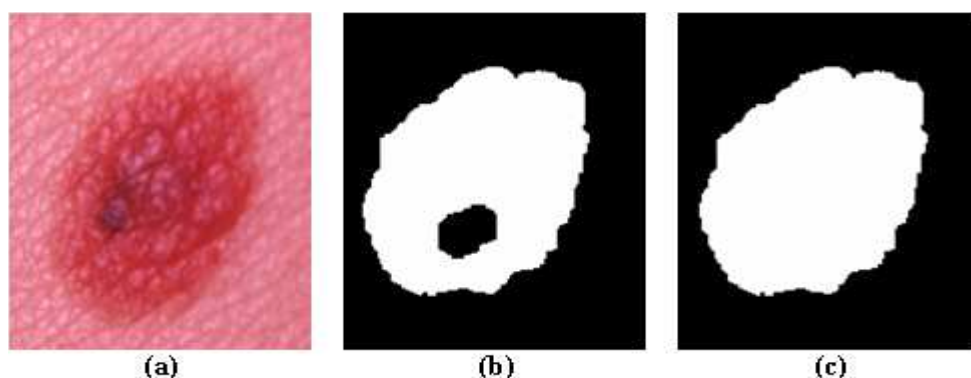


FIG. 3.13 – Détection de la lésion par croissance des régions. a- image originale, b- détection de RI, c- masque binaire après *Dilatation-Erosion*.

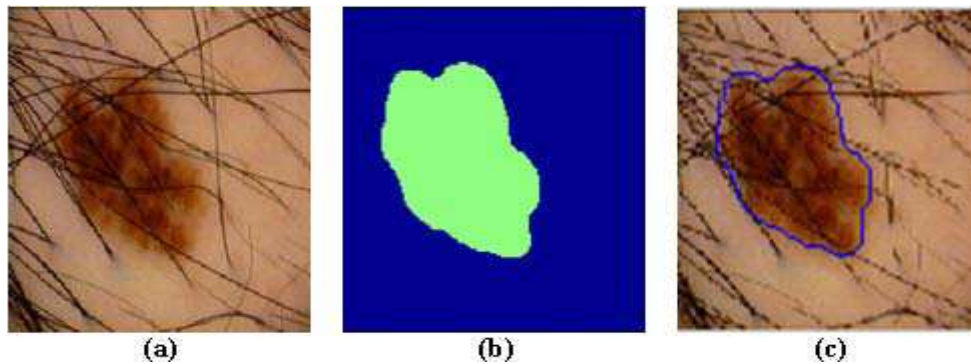


FIG. 3.14 – Résultats de la segmentation. a- image originale, b- lésion extraite L , c- frontière C de la lésion dans l'image originale.

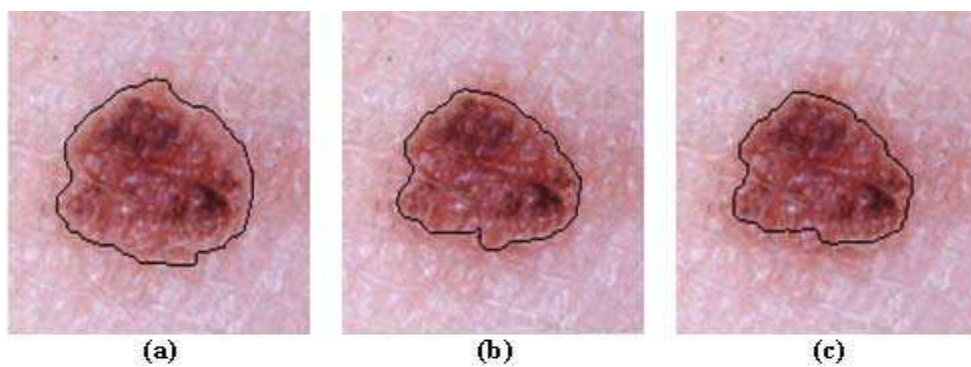


FIG. 3.15 – Frontière C de la lésion pour différentes valeurs de β . a- $\beta = 0.007$, b- $\beta = 0.012$, c- $\beta = 0.016$.

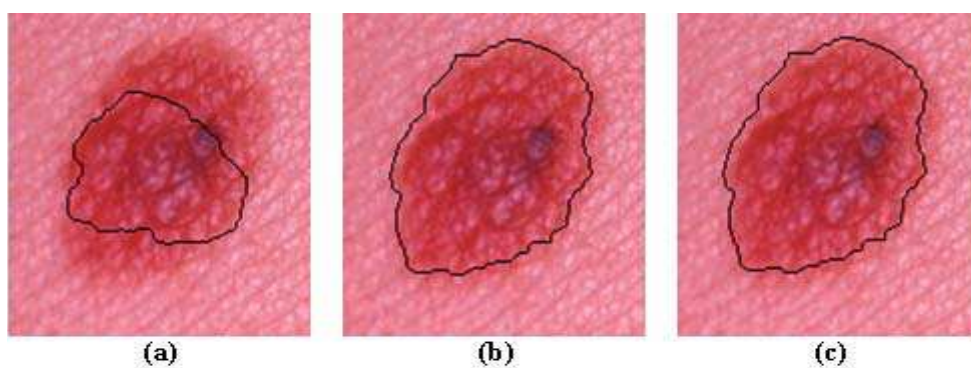


FIG. 3.16 – Frontière C de la lésion pour différentes valeurs de θ . a- $\theta = 0.25$, b- $\theta = 0.15$, c- $\theta = 0.05$.

3.6.4 Discussion des résultats

L'algorithme de segmentation produit une image binaire qui sépare la lésion de la peau saine qui l'entoure. Cette image binaire est traitée par un processus de suivi des pixels frontières pour obtenir une première approximation du contour de la lésion (FIG 3.14).

L'originalité de cet EI réside dans sa description de la lésion par une région connexe délimitée par un contour fermé. Cette région et ce contour feront l'entrée des étapes ultérieures du système de diagnostic du mélanome. L'approche de segmentation a été évaluée sur 200 images, parmi lesquelles 192 images (96%) ont été segmentées correctement et 8 images ont présenté quelques défauts de localisation. La validation des résultats de notre algorithme de segmentation a été réalisée par le Professeur *Mohamed Denguezli*², Chef du Service de Dermatologie, CHU Farhat Hached, Sousse (Tunisie). En plus, en comparant nos résultats à ceux produits par [VCd99]³, nous avons remarqué que notre approche est plus robuste en termes de précision (FIG 3.17) et de temps de calcul.

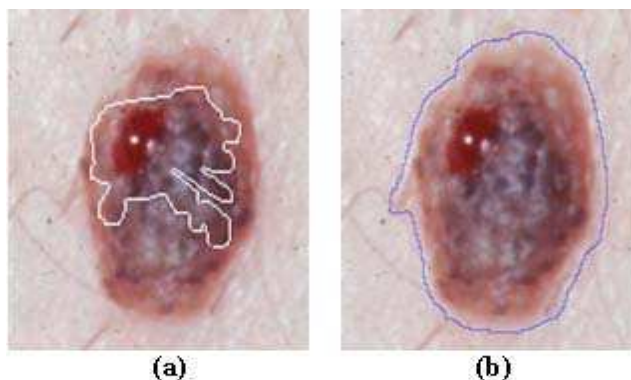


FIG. 3.17 – Comparaison de notre approche de segmentation avec celui de [VCd99]. Détection du contour de la lésion a- par l'approche de [VCd99], b- par notre approche.

3.7 EI Primitive - Décision

Pour le dépistage du mélanome, l'automatisation de la prise de décision à partir de l'observation de RI est impossible. L'interprétation visuelle des connais-

²Monsieur Mohamed Denguezli est aussi le Secrétaire Général de l'Association des Dermatologues Tunisiens (<http://denguezli.tripod.com>).

³Dans [VCd99], les auteurs ont utilisé la théorie de l'évidence pour la segmentation des mêmes images que nous utilisons.

sances a priori relatives à la lésion n'est pas une tâche assez simple même pour les cliniciens les plus expérimentés [FSG96]. De là, les radiologues sont de plus en plus intéressés par des systèmes automatiques assistés par ordinateur pour l'interprétation de ces connaissances. Ceci impose souvent la caractérisation de ZI par un ensemble de descripteurs reflétant les critères cliniques permettant de séparer les différentes classes de décision relatives aux lésions (malignes ou bénignes). Ceci fera l'objet de l'EI Primitive-Description. Ensuite, cet ensemble de descripteurs est présenté à l'EI Description-Décision pour prendre la décision relative à chaque lésion, en la caractérisant de maligne ou bénigne.

3.7.1 EI Primitive - Description

La difficulté essentielle dans les systèmes de diagnostic du mélanome est de concevoir un ensemble de paramètres pertinents décrivant les lésions. Ces paramètres doivent pouvoir séparer avec robustesse les mélanomes des lésions bénignes, en particulier les lésions bénignes atypiques qui peuvent être prises cliniquement, par erreur, pour des mélanomes. Cette tâche fait l'objet de l'EI Primitive-Description qui vise la quantification des caractéristiques de la lésion en produisant un vecteur descriptif de la lésion (VDL). En effet, pour caractériser les différents types de lésions, nous avons opté pour une approche paramétrique qui consiste à décrire les caractéristiques des lésions par des paramètres quantitatifs dans le but de les classifier. Ces caractéristiques modélisent les signes cliniques utilisés par les dermatologues et elles peuvent être regroupées selon différentes formulations universelles (ABCD, ABCDE, 3C, Seven point checklist, ...). Nous avons utilisé la règle mnémorique ABCD [NSMP94] qui décrit plusieurs caractéristiques aidant à la distinction des mélanomes des lésions non cancéreuses. Le choix de la formulation ABCD est basé principalement sur le fait que les dermatologues tunisiens, avec lesquels nous avons travaillé, utilisent cette règle. Ceci est dit, il est nécessaire de noter que certaines études ont montré que la règle ABCD ne permet pas toujours de produire la meilleure performance comparativement aux stratégies alternatives telles que les méthodes de stratification [LWKS00]. En outre, les performances du diagnostic dépendent plus des attributs choisis pour représenter les critères de la règle que de la règle utilisée elle-même [ZB04]. Ainsi, l'identification d'un ensemble d'attributs pertinents, modélisant les caractéristiques utilisées par la règle ABCD, est une étape critique qui doit être réalisée avec le maximum de délicatesse.

Les différentes lettres de la règle ABCD utilisée représentent les critères suivants :

1. l'**A**symétrie (**A**) : dans la moitié des cas, un mélanome se développe dans une môle existante ; dans les autres cas, il survient comme une nouvelle

lésion qui peut ressembler à une môle ordinaire. Une môle non cancéreuse est généralement symétrique et de forme circulaire, alors qu'un mélanome grandit habituellement d'une façon irrégulière et asymétrique.

2. l'irrégularité du **Bord (B)** : les lésions bénignes sont souvent caractérisées par des frontières qui marquent clairement les limites entre la môle et la peau. Par contre, un mélanome est souvent caractérisé par des frontières encochées et indistinctes qui peuvent signaler l'augmentation progressive et la dispersion du cancer.
3. la variation de la **Couleur (C)** : un des signes les plus distinctifs du mélanome est l'apparition de plusieurs couleurs dans la lésion. Puisque les mélanomes surviennent dans des cellules de forme pigmentée, ils sont souvent formés de plusieurs couleurs (bronze, marron, noire, rouge, etc.) reflétant la production des pigments de la mélanine à profondeurs différentes dans la peau.
4. le **Diamètre (D)** : les mélanomes ont tendance à devenir plus grand que les môles communes. Généralement, un mélanome a approximativement 6mm de diamètre.

Cette formulation ABCD montre la faiblesse de l'analyse faite par les dermatologues puisque chacun de ces 4 critères a un nombre fini d'états et il est évalué subjectivement [SSGT03]. Il n'y a aucune limite définie entre les différents états. Donc, l'extraction des caractéristiques dépend fortement de l'expérience du dermatologue. Par conséquent, il est important de concevoir un schéma d'extraction de paramètres qui met en jeu des critères objectifs. Dans la littérature, beaucoup d'attributs ont été utilisés pour décrire ces paramètres. Nous avons effectué l'étude d'un ensemble d'attributs en fonction de la surface de la lésion. Nous avons calculé les moyennes de ces attributs par intervalle de surfaces sur un échantillon d'images de lésions malignes et bénignes. La figure (FIG 3.18) illustre les courbes décrivant la variation de quelques attributs en fonction de la surface de la lésion. Nous avons déduit qu'il y a une forte corrélation entre chacun de ces attributs et le diagnostic du mélanome. Cependant, les deux types de lésions diffèrent trop peu vis-à-vis de leurs caractéristiques (attributs). Ainsi, chacun des attributs, seul, n'est pas suffisant pour diagnostiquer une lésion. Citons à titre d'exemple, l'attribut homogénéité de la couleur qui est théoriquement plus élevé pour les lésions bénignes que pour les mélanomes, mais, certaines lésions bénignes peuvent avoir des valeurs plus réduites que ceux des mélanomes (FIG 3.18.a). De même, certaines lésions bénignes ont un indice d'asymétrie plus élevé que celui

d'un mélanome (FIG 3.18.f). Il est donc impossible de séparer linéairement les deux types de lésions en utilisant chaque attribut seul. Ainsi, une combinaison d'un ensemble de p ($p > 1$ en général) attributs pertinents est nécessaire pour la quantification de chaque caractéristique.

3.7.1.1 Sélection des attributs

Nous avons commencé par sélectionner un ensemble de 15 attributs associés aux critères de la règle ABCD. Cette sélection a été guidée essentiellement par la littérature et par des discussions avec des dermatologues expérimentés. Ces attributs ont été répartis en deux catégories : attributs géométriques et attributs photométriques. Les attributs géométriques sont invariants par similitude et sont calculés à partir du masque binaire de la lésion et de son contour défini par un polygone produit par l'approximation polygonale (*c.f.* 2.5.1.3). Les attributs photométriques décrivent la texture et la teinte et ils sont calculés à partir de la première composante principale de l'image filtrée ou directement à partir de l'image originale. Ils sont très pertinents pour le diagnostic médical et ils sont difficilement décrits par les dermatologues. Ils décrivent quantitativement la présence et la distribution des couleurs ainsi que l'irrégularité de la pigmentation sur le contour.

Cet ensemble de 15 attributs permet la quantification des caractéristiques de chaque lésion. Ils sont regroupés en un vecteur descriptif de la lésion (VDL) qui est présenté à un réseau de neurones de type perceptron monocouche afin de classifier la lésion en maligne ou bénigne (*c.f.* 2.5.2). Un taux moyen de bon diagnostic de 82.6% a été atteint moyennant un corpus d'apprentissage aléatoire de 200 images. Cependant, nous avons remarqué que l'inconvénient majeur de ce système réside essentiellement dans le temps d'exécution qui est assez élevé. En effet, le temps d'apprentissage du réseau de neurones varie entre 40 et 50 minutes, en plus, le temps de dépistage d'une lésion est de l'ordre de 5 minutes (temps de calcul des 15 attributs + temps de classification). Ceci est dû principalement au nombre élevé des attributs à calculer pour dépister une lésion. C'est pourquoi, nous avons cherché à utiliser un nombre réduit d'attributs pertinents qui permettent d'obtenir un taux assez élevé de bon diagnostic tout en réduisant le temps CPU.

En revanche, la réduction de l'ensemble des attributs revient à la sélection d'un sous-ensemble en supprimant l'information redondante tout en conservant le pouvoir discriminatoire. Vu qu'il n'existe pas une théorie générale permettant la détermination exacte de cet ensemble réduit d'attributs [GRP⁺98], plusieurs algorithmes ont été utilisés pour la sélection automatique d'un sous-ensemble pertinent. Mais, tous ces algorithmes sont quasi-optimaux [RGPB98]. Toutefois, le

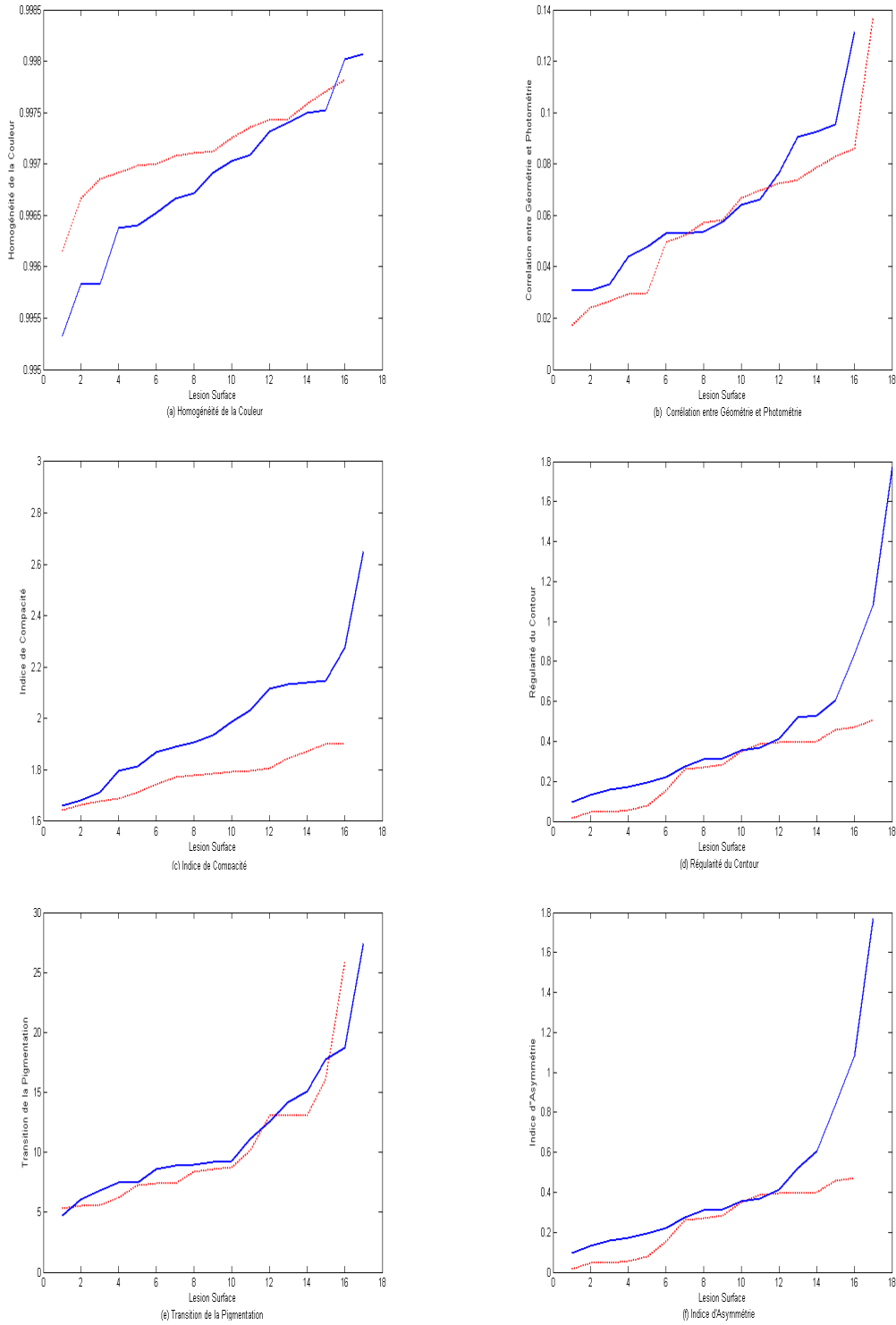


FIG. 3.18 – Distribution de quelques attributs relativement aux lésions malignes ‘-’ et aux lésions bénignes ‘..’.

pouvoir discriminatoire des sous-ensembles sélectionnés peut être mesuré par le taux de bon diagnostic (classification réussie). Les multiples discussions avec des dermatologues appuyées par des expérimentations nous ont amené à conserver, à partir de l'ensemble des 15 attributs caractéristiques d'une lésion, uniquement un sous-ensemble de taille réduite.

Pour cela, nous avons utilisé un perceptron afin de classifier un ensemble de 100 lésions en se basant, chaque fois, sur un des 15 attributs. Pour des raisons de simplicité, nous avons choisi une base d'apprentissage, composée de 50 mélanomes typiques et 50 lésions bénignes typiques⁴. Puis, nous avons mesuré pour chaque attribut S_k ($1 \leq k \leq 15$) le taux de classification réussie TCR_k relativement à la base d'apprentissage choisie. Ce taux reflète l'aptitude de l'attribut correspondant à séparer les deux classes de lésions. Enfin, nous n'avons conservé que les attributs ayant un taux de classification réussie au dessus de la moyenne m_{TCR} des taux des 15 attributs. En d'autres termes, nous n'avons pas gardé les attributs qui peuvent dégrader la qualité du diagnostic. En outre, nous avons décidé de ne pas utiliser l'attribut diamètre puisqu'il est indirectement intégré dans les autres attributs sélectionnés. Ainsi, uniquement neuf attributs ont été retenus (FIG 3.19) comme composantes du vecteur VDL. Ceci permettra de réduire le temps de calcul et d'obtenir un bon taux de classification réussie (79.1%). La diminution de la taille de l'ensemble des attributs de 15 à 9 nous a permis de réduire le temps CPU de 46% pour le calcul des attributs, de 34% pour l'apprentissage et de 43% pour la reconnaissance.

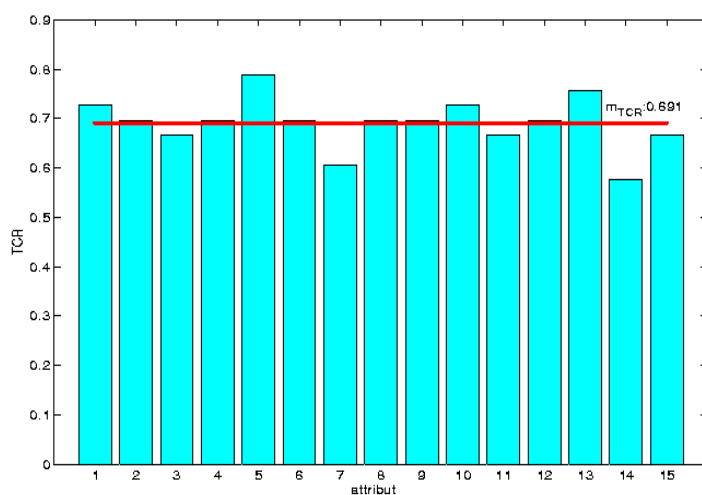


FIG. 3.19 – Etude statistique des taux de classifications correctes pour les 15 attributs.

⁴Ceci explique les taux élevés enregistrés pour certains attributs.

Pour chaque caractéristique (lettre) de la règle ABCD, nous donnons dans ce qui suit les attributs sélectionnés.

3.7.1.2 Quantification de l'asymétrie (A)

L'asymétrie est un signe important utilisé par les dermatologues pour le diagnostic du mélanome. Pour évaluer l'asymétrie, nous avons utilisé les moments d'inertie d'ordre 2 qui permettent de décrire les propriétés géométriques d'un objet ou d'une région dans une image. En effet, pour une image numérique, $Im(i, j)$, le moment d'ordre $p + q$ est donné par (3.10) [Hu62] :

$$m_{pq} = \sum_{i=1}^x \sum_{j=1}^y i^p j^q Im(i, j). \quad (3.10)$$

Dans notre cas, $Im(i, j)$ est binaire et représente la lésion L ($Im(i, j) = 1$ si $(i, j) \in L$). Les moments invariants par translation sont obtenus en considérant les *moments centrés* m_{pq}^c (3.11).

$$m_{pq}^c = \sum_{i=1}^x \sum_{j=1}^y (i - i_c)^p (j - j_c)^q Im(i, j). \quad (3.11)$$

où, i_c et j_c sont les coordonnées du centre G_L défini par : $i_c = \frac{m_{10}}{m_{00}}$ et $j_c = \frac{m_{01}}{m_{00}}$.

Nous avons utilisé les moments d'ordre 2 pour calculer deux attributs quantifiant l'asymétrie d'une lésion. Ces attributs sont l'indice d'asymétrie AI et l'indice d'allongement \hat{A} .

a) Indice d'asymétrie

Pour caractériser l'asymétrie, nous déterminons les axes principaux de la lésion. Pour ce faire, le centre G_L de la lésion est pris comme origine du repère cartésien local de la lésion. Puis, relativement à chaque droite Δ passant par G_L et faisant un angle φ avec l'axe horizontal, nous calculons le moment centré μ_Δ d'ordre 2 de la lésion relative à la droite Δ par (3.12) :

$$\mu_{\Delta}(\varphi) = \sum_{(i,j) \in L} D_{\varphi}^2(i,j) = \sum_{(i,j) \in L} \left[-i \sin \varphi + j \cos \varphi \right]^2 \quad (3.12)$$

où, $D_{\varphi}(i,j)$ est la distance entre un pixel (i,j) de la lésion et sa projection orthogonale sur Δ (FIG 3.20).

L'axe principal majeur est ensuite associé au plus petit moment d'inertie de L et produit une direction longitudinale φ_0 de L . Cet axe est défini en calculant la valeur de φ_0 qui annule la dérivée de l'équation (3.13) :

$$\frac{\partial \mu_{\Delta}(\varphi)}{\partial \varphi} = 0 \Rightarrow \varphi_0 = \frac{1}{2} \tan^{-1} \left[\frac{2m_{11}^c}{m_{20}^c - m_{02}^c} \right]. \quad (3.13)$$

Ensuite, l'axe principal mineur de L est associé à la direction $\varphi_0 + \pi/2$ qui correspond au plus grand moment d'inertie de L . Ces deux axes, longitudinal et transversal, de L sont ensuite utilisés pour calculer l'indice d'asymétrie de la lésion. Ceci est fait en pliant la lésion autour de chacun de ces 2 axes et en mesurant les surfaces non-recouvertes ΔA_1 et ΔA_2 par rapport à la surface totale de la lésion $A_L (= m_{00}^c)$ (3.14). Cette mesure vaut 0 pour une forme complètement symétrique et 1 pour une forme complètement asymétrique (FIG 3.21).

$$AI = \frac{1}{2} \sum_{k=1}^2 \frac{\Delta A_k}{A_L}. \quad (3.14)$$

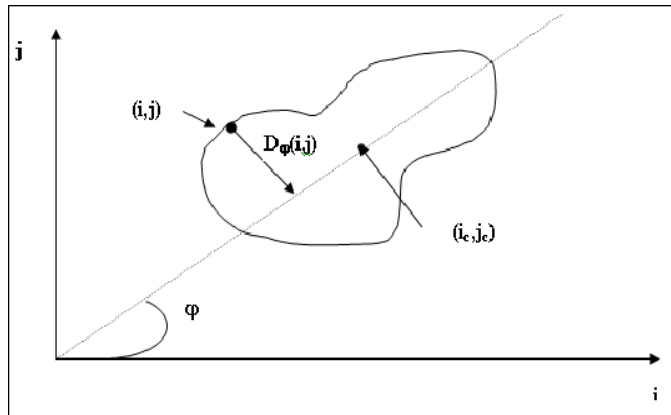


FIG. 3.20 – L'angle d'orientation φ d'une forme.

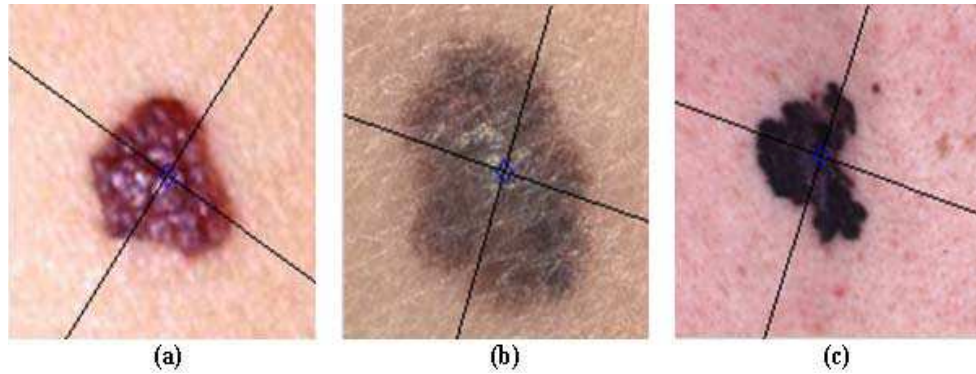


FIG. 3.21 – Axes principaux et indice d’asymétrie. a- $AI = 0.3528$, b- $AI = 0.1796$, c- $AI = 0.4106$.

b) Allongement

Une forme est dite allongée si elle n’est pas isotrope, c’est-à-dire qu’elle est plus étalée suivant une direction que suivant une autre. L’allongement d’une lésion \hat{A} (3.15) est définie en fonction des valeurs propres λ' et λ'' de la matrice tenseur d’inertie. Elle vaut le ratio du moment d’inertie λ' le long de l’axe majeur (*i.e.* la plus petite longueur) par le moment d’inertie λ'' le long de l’axe mineur (*i.e.* la plus grande longueur) [PR92].

$$\left\{ \begin{array}{l} \hat{A} = \frac{\lambda'}{\lambda''} \text{ avec,} \\ \lambda' = \left[\frac{2 \left(m_{20}^c + m_{02}^c - \sqrt{(m_{20}^c - m_{02}^c)^2 + 4(m_{11}^c)^2} \right)}{m_{00}^c} \right]^{1/2} \\ \lambda'' = \left[\frac{2 \left(m_{20}^c + m_{02}^c + \sqrt{(m_{20}^c - m_{02}^c)^2 + 4(m_{11}^c)^2} \right)}{m_{00}^c} \right]^{1/2} \end{array} \right. \quad (3.15)$$

3.7.1.3 Quantification de l’irrégularité du bord (B)

Parce que l’irrégularité du bord d’une lésion a une corrélation forte avec la stabilité génétique des mélanocytes, la plupart des systèmes de diagnostic du mélanome ont tendance à mesurer la forme du bord. En effet, l’irrégularité du bord d’une lésion a été définie comme le facteur diagnostique le plus significatif

[KDW90]. Un contour C est régulier s'il ne présente aucune distorsion ni encoche. Cependant, ce critère est difficilement décrit par les cliniciens même les plus expérimentés [CHKA92]. Par exemple, si un contour subit une rotation, il sera jugé avec un degré d'irrégularité différent de celui qui précède la rotation. De plus, il n'y a aucun algorithme standard pour évaluer une telle mesure, bien que plusieurs méthodes ont été expérimentées. Dans nos travaux, nous avons utilisé quatre attributs pour évaluer l'irrégularité du bord d'une lésion de la peau. Ces attributs sont : l'indice de compacité CI , la dimension fractale fd , la régularité du bord Cr et la transition de la pigmentation (m_e, v_e) .

a) Indice de compacité

L'indice de compacité (CI) (3.16) est la mesure de forme la plus populaire qui évalue la rondeur d'un objet 2D, en mesurant son écart par rapport à une forme circulaire [Tou87]. En revanche, comme les cercles sont les objets 2D les plus compacts, ils ont le plus petit indice ($= 1$) et tous les autres objets 2D ont un indice plus grand que 1.

$$CI = \frac{P_L^2}{4\pi A_L} \quad (3.16)$$

où, P_L est le périmètre de la lésion L .

Cette mesure est simple à calculer, mais elle est très sensible au bruit le long de la frontière [Lee01]. En outre, CI ne peut pas détecter, seul, l'irrégularité puisque des objets avec des formes différentes peuvent avoir le même indice.

b) La dimension fractale

Le terme "fractale" (du latin fractus, "brisé") a été inventé par Mandelbrot pour désigner un type d'objets dont l'irrégularité les distingue des objets géométriques euclidiens tels que les droites, les cercles ou les sphères. La dimension fractale⁵ est une caractéristique de la partition des points qui permet de décrire la façon avec laquelle un objet occupe l'espace. C'est une élégante méthode qui a montré une forte corrélation avec la notion intuitive de l'être humain sur la rugosité des courbes [Pen84]. Benoît Mandelbrot dans son livre [Man82] propose plusieurs définitions de cette notion de dimension fractale. Elles sont toutes basées sur l'étude de l'évolution, en fonction de l'échelle, d'une propriété mesurable d'un nuage de points. En effet, la longueur d'une ligne fractale dépend de la règle avec laquelle on fait la mesure : plus elle est petite, plus la longueur trouvée

⁵Souvent dite distance de Hausdorff ou de Hausdorff-Besicovitch.

est grande. Dans le cas des courbes de la géométrie classique, plus on agrandit, plus la courbe a l'air de s'aplatir localement et mieux on peut la suivre en lui appliquant une petite règle. Par contre, dans le cas d'une courbe fractale, la courbe agrandie est toujours aussi échancrée et la règle s'applique toujours mal, quel que soit l'agrandissement, et quelle que soit la taille de la règle. En d'autres termes, dans le cas des courbes classiques, le résultat se stabilise très vite, et on obtient ainsi la longueur de la courbe. Par contre, dans le cas des courbes fractales, cette longueur⁶ augmente vers l'infini. En d'autres termes, le concept du fractal est basé sur le fait que des résultats contradictoires sont obtenus quand des objets géométriques (classiques) et des objets fractales (naturels) sont mesurés en utilisant des règles de longueurs différentes. Pour un objet géométrique, la longueur mesurée ℓ converge à sa vraie valeur tant que la dimension de la règle r décroît (3.17). Cependant, pour les objets naturels, la longueur mesurée ℓ croît tant que la dimension de l'unité de la mesure r décroît. Ce rapport inverse entre ℓ et r est dû au fait que beaucoup de baies et indentations, qui sont plus petits que la dimension de la règle r , sont inaperçus et omis lors de la mesure de la longueur de ℓ ; ils deviennent notables si la dimension de l'unité de mesure r décroît.

$$\ell = N(r)r = \lambda r^{1-fd} \quad (3.17)$$

où, $N(r)$ est le nombre de règles de dimension r nécessaires pour couvrir ℓ , λ est une constante d'échelle (*scale*) et fd est la caractéristique de la courbure de ℓ connue sous le nom de la dimension fractale. La valeur de fd est un nombre fractionnaire qui est plus grand ou égal à la dimension euclidienne de l'objet. Elle mesure la façon avec laquelle la fractale occupe l'espace.

Dans le cas des images des mélanomes, le contour d'une lésion peut être modélisé comme une courbe fractale [NC93] dont on peut caractériser sa régularité par la dimension fractale [NL96] [CHKA92]. Cette dimension a montré une corrélation de 98 % avec la notion intuitive des cliniciens sur la rugosité des courbes [Pen84] tout en caractérisant avec précision l'irrégularité d'une forme. Ainsi, la probabilité de malignité d'une lésion est relativement proportionnelle à la croissance de la dimension fractale de son contour C . En outre, [CMH98] ont déduit que la dimension fractale est une mesure de l'irrégularité du contour d'une lésion qui est bien en accord avec l'estimation d'un groupe d'experts dermatologues. Toutefois, [Lee01] a montré que fd est insensible aux paramètres de la structure et par conséquent, il est incapable, seul, de mesurer l'irrégularité d'un contour

⁶Souvent dite longueur polygonale puisque quand on "trace" une fractale à l'écran ou à l'imprimante, ce qu'on trace en réalité est plutôt une approximation polygonale dont le côté correspond à la distance entre deux pixels.

d'une lésion. Ceci a été démontré en calculant fd pour 2 fantômes (ph_1 et ph_2) et 2 contours des lésions (l_1 et l_2) (FIG 3.22). Le fantôme ph_1 a plus d'indentation que ph_2 , mais ils ont le même fd . Par ailleurs, le contour de l_1 a une fd supérieure à celle du contour de l_2 , bien que l_2 est caractérisé par une indentation très apparente. Ceci s'explique par le fait que la texture de l_1 est plus irrégulière que celle de l_2 [Lee01].

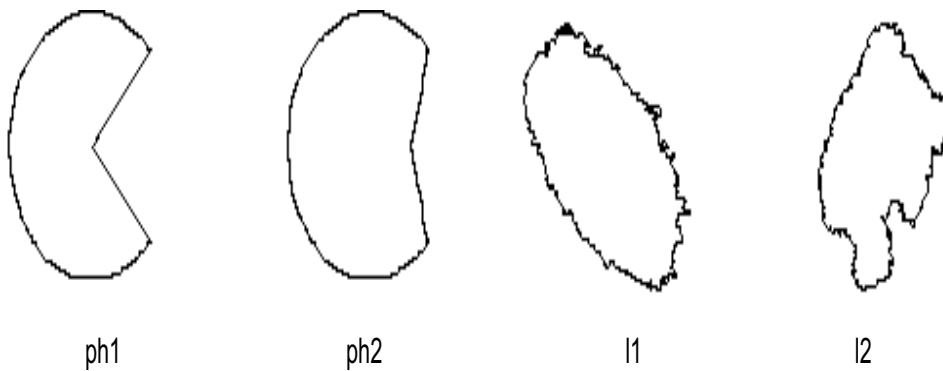


FIG. 3.22 – Insensibilité de la dimension fractale : $fd(ph_1) = fd(ph_2) = 1.02$, $fd(l_1) = 1.16$ et $fd(l_2) = 1.12$ (de [Lee01] avec autorisation).

La *méthode des boîtes* est l'une des techniques les plus performantes et les plus utilisées pour estimer la dimension fractale d'une courbe ℓ donnée. Elle consiste à recouvrir cette courbe par des grilles de mailles de plus en plus petites. On compte chaque fois le nombre de carrés ayant une intersection avec la courbe. Autrement dit, la fd de la courbe ℓ est une fonction du nombre minimal de boîtes en intersection avec ℓ . En effet, le nombre de boîtes $N(r)$ de dimension r qui sont exigés pour couvrir ℓ suit la relation suivante (3.18) :

$$N(r) \propto \frac{1}{r^{fd}} \quad (3.18)$$

Ainsi, nous avons utilisé une grille carrée divisant l'image de la lésion en un ensemble de boîtes de dimension $r \times r$ (FIG 3.23). Ensuite, $N(r)$ est évalué comme étant le nombre de grilles qui contiennent un morceau du contour de la lésion dans l'image. Différentes valeurs de r ont été utilisées pour obtenir les nombres $N(r)$ correspondants. Enfin, en appliquant l'équation précédente (3.18), la dimension fractale fd a été définie par la pente de la ligne de régression de $\log(N(r))$ vs. $\log(r)$ (3.19) (FIG 3.24).

$$fd = \lim_{r \rightarrow 0} \frac{\log(N(r))}{\log(1/r)} \tag{3.19}$$

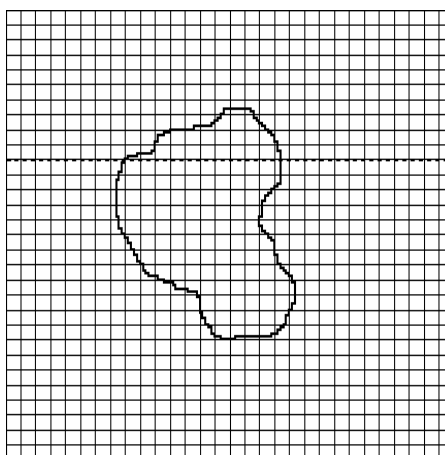


FIG. 3.23 – Calcul de la dimension fractale du contour d’une lésion par la méthode des boîtes.

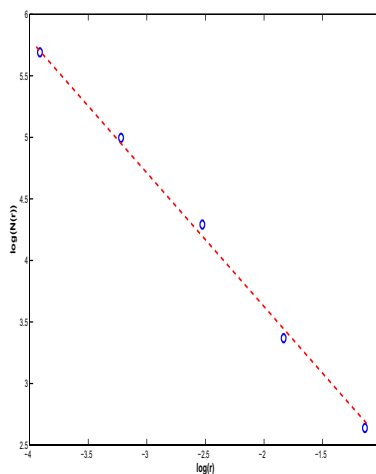


FIG. 3.24 – Estimation de la dimension fractale par la pente de la ligne de régression de $\log(N(r))$ vs. $\log(r)$.

c) Régularité du contour

Une lésion avec un bord irrégulier possède une large variance de la distance radiale (*i. e.* la distance entre le centre G_L et le contour C). De là, plusieurs auteurs ont estimé l'irrégularité Cr du bord d'une lésion en analysant la variance de la distribution de la distance radiale des pixels de bord (3.20) [GKESK97]. En effet, Cr est d'autant plus petit que le contour est plus régulier.

$$Cr = \frac{\frac{1}{P_L} \sum_{p \in C} (d_2(p, G_L) - \bar{d})^2}{\bar{d}^2} \quad (3.20)$$

où, \bar{d} est la moyenne des distances euclidiennes entre les pixels frontières de la lésion et le centre G_L .

d) Transition de la pigmentation

Cet attribut décrit la progression de la pigmentation entre la lésion et la peau environnante. Un bord brusque indique une malignité, tandis qu'un bord progressif représente une lésion bénigne [HM98]. Pour caractériser la transition de la pigmentation, nous avons considéré la composante de luminance $lum(i, j)$ (3.21) comme étant tout simplement la somme normalisée des trois composantes couleurs R, V et B. Ensuite, nous estimons, moyennant un masque de Sobel, le module du gradient de la composante lum le long du contour de la lésion. Nous obtenons un ensemble de valeurs $e(k)$ ($1 \leq k \leq P_L$) décrivant la transition locale entre la lésion et la peau qui l'entoure au niveau de chaque pixel du contour C . Enfin, pour décrire plus globalement la transition, nous avons utilisé la moyenne m_e et la variance v_e (3.21) des valeurs $e(k)$. Ce dernier paramètre v_e est d'autant plus petit que le contour est plus régulier.

$$\left\{ \begin{array}{l} lum(m, n) = \frac{1}{3} [r(m, n) + g(m, n) + b(m, n)] \\ m_e = \frac{1}{P_L} \sum_{k=1}^{P_L} e(k) \\ v_e = \frac{1}{P_L} \sum_{k=1}^{P_L} (e(k) - m_e)^2 \end{array} \right. \quad (3.21)$$

3.7.1.4 Quantification de la variation de la couleur (C)

Les attributs quantifiant la variation de la couleur sont très pertinents pour le diagnostic du mélanome et ils sont difficilement décrits par les dermatologues. Ils décrivent quantitativement la présence et la distribution des couleurs. En effet, la pigmentation d'une lésion n'est pas uniforme et la présence de plusieurs couleurs est l'une des caractéristiques prédictives d'un mélanome malin. La variation de la couleur dans une lésion est décrite ici par l'homogénéité de la couleur C_h et la corrélation entre la géométrie et la photométrie C_{gp} .

a) Homogénéité de la couleur

Pour quantifier l'homogénéité de la couleur, l'histogramme de luminance (lum) de la lésion est divisé en trois intervalles de longueurs égales. Le premier (resp. troisième) intervalle correspond aux plus petites (resp. grandes) valeurs de luminance et définit la zone sombre (resp. claire) de la lésion (FIG 3.25). L'intervalle intermédiaire ne participe pas à la quantification de l'homogénéité de la couleur. Ensuite, l'homogénéité de la couleur C_h est évaluée en comptant le nombre de transitions "zone claire - zone sombre" et "zone sombre - zone claire" en parcourant la lésion horizontalement et verticalement [TBK02]. Ce nombre est faible pour les lésions bénignes (couleurs relativement homogènes) et élevé pour les lésions malignes (couleurs hétérogènes).

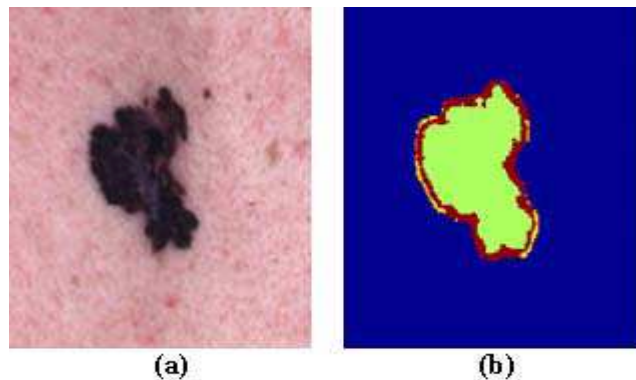


FIG. 3.25 – Evaluation de l'homogénéité de la couleur. a- image initiale, b- les 3 zones de couleurs utilisées (la zone verte représente l'intervalle intermédiaire).

b) Corrélation entre la géométrie et la photométrie

La valeur de cette corrélation est exprimée par la mesure C_{gp} (3.22) qui évalue la distribution de la couleur de la lésion. Elle consiste à évaluer l'évolution du

niveau de couleur à partir du centre de la lésion vers ses frontières. Cette mesure est élevée pour les lésions bénignes, puisqu'elles ont un aspect "en cible", c'est-à-dire, plus on s'éloigne du centre de la lésion, plus la couleur s'éclaircit. Cependant, les faibles valeurs de C_{gp} sont signes de malignité.

$$C_{gp} = \frac{1}{A_L \cdot v_{lum} \cdot v_d} \cdot \sum_{p \in L} (d_2(p, G_L) - \bar{d}) \cdot (lum(p) - \overline{lum}) \quad (3.22)$$

où, \bar{d} et v_d (*resp.* \overline{lum} et v_{lum}) sont successivement la moyenne et la variance des distances (*resp.* luminances) des points du contour par rapport au centre G_L .

3.7.2 EI Description - Décision

Après la définition des attributs permettant de distinguer le mélanome des autres types de lésions de la peau, un processus de classification utilise ces attributs afin de classifier une lésion en maligne ou bénigne de telle sorte que la classe bénigne englobe les lésions atypiques. Dans un premier temps, nous avons utilisé la théorie de *Dempster-Shafer*⁷ (*c.f.* Annexe A.) pour réaliser la classification d'une lésion en fonction de l'ensemble d'attributs caractérisant sa malignité. En effet, la théorie de Dempster-Shafer est une technique performante de fusion de l'information multi-sources afin d'accéder à une information plus fiable [BZSG03]. Ainsi, chaque attribut k sera considéré comme une source "incertaine" S_k sur la malignité de la lésion. Un jeu de masses m^{S_k} modélise le degré d'appartenance de la lésion L à la classe maligne (1) et à celle bénigne (0) selon l'attribut k . Si C_{out}^k ($\in \{0, 1\}$) est la classe déterminée par l'attribut k suite à la présentation de L à un réseau de neurones de type perceptron monocouche (*c.f.* 2.5.2) et χ_k est la fonction caractéristique du singleton C_{out}^k , alors nous avons défini m^{S_k} par :

$$\forall x \in \{0, 1\}, \quad m^{S_k}(x) = (2 \cdot TCR_k - 1) \cdot \chi_k(x) + (1 - TCR_k) \quad (3.23)$$

avec, TCR_k ($\in [0, 1]$) est le taux de classification réussie par l'attribut k seul, sur une base d'apprentissage de 100 lésions. Ce taux reflète l'aptitude de l'attribut k à séparer les deux classes de lésions. Ensuite, les jeux de masses de tous les attributs ont été combinés par la loi de combinaison de Dempster (*c.f.* Annexe A.) et la classe de chaque lésion est celle qui maximise la croyance globale.

Ce processus de classification basée sur la théorie de l'évidence n'a pas permis d'obtenir de bons taux de classification réussie [BZSG03]. Toutefois, la possibilité

⁷Aussi dite théorie de l'évidence ou théorie des croyances.

d'apprentissage fortement autonome par des exemples fait des réseaux de neurones artificiels (RNA) une solution adaptée pour la classification d'une lésion. En revanche, les réseaux de neurones fournissent fréquemment une erreur réduite pour la classification des lésions de la peau comparativement aux approches algorithmiques classiques [ZB04] [BSS⁺94]. Nous allons détailler dans ce qui suit l'architecture du réseau de neurones permettant la classification d'une lésion en utilisant les attributs décrits ci-dessus. Ensuite, nous illustrerons la robustesse de notre approche de classification par un certain nombre d'expérimentations et de résultats.

3.7.2.1 Implémentation du réseau de neurones

Nous avons choisi le perceptron monocouche pour la réalisation de la classification supervisée dans le cadre de notre MGSADIM. Dans notre cas, le perceptron est défini par 9 neurones d'entrée représentant les 9 attributs sélectionnés pour décrire les symptômes de malignité d'une lésion de la peau (Ai , \hat{A} , CI , fd , Cr , m_e , v_e , C_h et C_{gp}), m neurones cachés et un neurone linéaire de sortie (fonction de seuillage) produisant un résultat binaire (1 pour une lésion maligne et 0 pour une lésion bénigne). Nous avons fait varier le nombre de neurones cachés jusqu'à l'obtention des performances optimales. L'apprentissage est réalisé moyennant l'algorithme standard de rétro-propagation du gradient [RHW86]. Cet algorithme minimise l'erreur quadratique ε_r entre les sorties courantes du réseau et les sorties données par les exemples de la base d'apprentissage (sorties désirées). L'apprentissage s'arrête quand l'erreur ε_r devient inférieure à 0.1 ou quand on atteint 10000 itérations.

Notons enfin que lors de l'apprentissage, nous n'avons pas pris comme entrée du perceptron les valeurs des attributs mais leurs z -scores [KR90] afin d'obtenir des valeurs normalisées (*c.f.* 3.5.1.1). En effet, ces attributs ont des unités physiques différentes (hétérogénéité de la nature et de la taille des images). Ainsi, étant donné un attribut j et l'ensemble des q valeurs de cet attribut pour les q lésions de la base d'apprentissage, la i^{eme} ($1 \leq i \leq q$) valeur de l'attribut j (X_{ij}) est remplacée par la valeur Y_{ij} selon l'équation :

$$Y_{ij} = \frac{X_{ij} - \overline{m_j}}{\sigma_j} \quad (3.24)$$

où, $\overline{m_j}$ est la moyenne des q valeurs de l'attribut j et σ_j est leur écart type.

3.7.2.2 Expérimentations et résultats

Pour nos expérimentations, nous avons utilisé une base d'images qui nous a été fournie par le laboratoire *Perception-Systèmes-Information (PSI, FRE 2645 CNRS)* à la faculté des sciences de l'université de Rouen (France). Cette base contient 200 images judicieusement présélectionnées pour couvrir les différentes formes connues des lésions. Cette base est répartie en 75 lésions malignes et 125 lésions bénignes⁸ [ZB05].

Pour évaluer la performance du classifieur, nous avons utilisé la méthode “*hold-out*” [Hub94]. Elle consiste à séparer l'ensemble des images disponibles en deux bases disjointes, statiquement indépendantes, à savoir une base d'apprentissage **T1** et une base de test **T2**. L'approximation de la fonction de classification se base uniquement sur la base d'apprentissage. Ensuite, cette fonction permet de déterminer les valeurs de sortie pour les exemples de la base de test. Les erreurs que la fonction produit pour l'ensemble de ces exemples seront accumulées pour définir la moyenne d'erreur absolue servant à évaluer la performance du classifieur. L'évaluation peut dépendre fortement des images qui ont été sélectionnées pour former la base d'apprentissage et des autres images formant la base de test. En d'autres termes, l'évaluation de la performance du perceptron dépend fortement de la façon dont la division des images disponibles a été faite entre les deux bases. D'un côté, la dimension de la base d'apprentissage devrait être maximisée afin d'assurer un bon taux de classification. De l'autre côté, la dimension de la base de test devrait être aussi maximisée afin d'augmenter la confiance dans les résultats du classifieur. Ainsi, plusieurs répartitions “*Apprentissage/Test*” avec des dimensions semblables, ont été testées dans notre étude. Pour la suite, les résultats ont été obtenus avec les trois distributions (κ) des images entre les deux bases *Apprentissage/Test* suivantes : 40/60, 50/50 et 60/40.

Les résultats obtenus sont donnés dans (TAB 3.1) pour différents nombres de neurones cachés (n) de telle sorte que l'effet de l'architecture du réseau sur la performance du classifieur peut être évalué⁹. Ce tableau illustre les taux des classifications correctes relativement à la base d'apprentissage **T1** (TCR_1) et à la base de test **T2** (TCR_2). En plus, l'exactitude de la classification sur la base de test est évaluée en termes de sensibilité sn_2 (pourcentage de lésions malignes correctement classifiées)¹⁰ et de spécificité sp_2 (pourcentage de lésions bénignes correctement classifiées)¹¹. Pour chaque couple (κ, n), les poids du réseau ont été

⁸Ces images ont été classifiées par biopsie clinique.

⁹Le choix des valeurs de n aux alentours de 4 a été basé sur le fait que la couche cachée cherche à modéliser les 4 lettres de la règle ABCD représentant les signes cliniques de malignité.

¹⁰Dite aussi taux des vrais-positifs.

¹¹Dite aussi taux des vrais-négatifs.

initialisés aléatoirement dans l'intervalle $[-1, 1]$ et le résultat final donné dans (TAB 3.1) est calculé comme étant la moyenne sur un ensemble de 10 exécutions aléatoires. Les poids optimaux sont déterminés en minimisant l'erreur de validation ε_r (FIG 3.26)¹².

Quand nous comparons les taux de classification (TCR_1 et TCR_2) pour les trois distributions (κ) "Apprentissage/Test" étudiées, nous pouvons conclure que les meilleurs résultats sont enregistrés pour $\kappa = 60/40$. Indépendamment du nombre des neurones cachés, cette dernière distribution produit la moyenne de classification correcte la plus élevée, pour les deux bases d'apprentissage et de test (86.53%, 74.55%), comparativement aux autres distributions : $\kappa = 50/50$ (79.8%, 70.08%) et $\kappa = 40/60$ (79.48%, 72.15%). Cela peut être expliqué par le fait que la base d'images disponible n'est pas suffisamment grande de sorte qu'il paraît plus approprié d'exploiter le maximum des images pour l'étape d'apprentissage afin de mieux généraliser la décision du réseau. Ainsi, un total de 120 (resp. 80) lésions ont été utilisées dans la base d'apprentissage (resp. test), contenant 45 (resp. 30) mélanomes. Ayant figé la distribution "Apprentissage/Test" à 60/40, l'architecture du perceptron ayant 4 neurones cachés produit la performance optimale, pour les deux bases d'apprentissage et de test (72.14% et 67.05%) comparativement à celle donnée avec une architecture ayant 3 (89.6% et 74.7%), 5 (80.51% et 72.35%) et 6 (85.47% et 74.94%) neurones cachés.

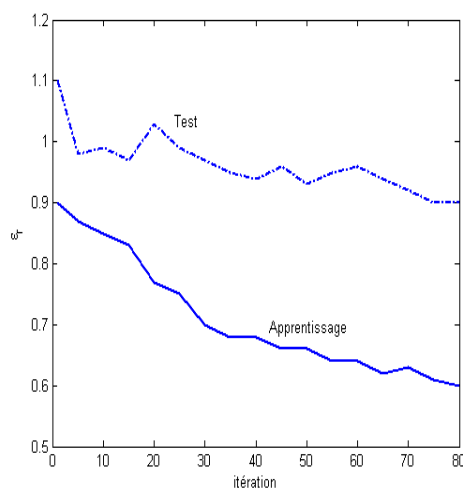


FIG. 3.26 – Résultats d'une exécution typique.

¹²L'erreur de classification décroît aussi durant le test.

TAB. 3.1 – Résultats du diagnostic par le perceptron monocouche proposé.

κ	n	TCR_1	sn_2	sp_2	TCR_2
40/60	3	69.9	56.0	73.2	64.6
40/60	4	85.7	68.3	77.1	72.7
40/60	5	81.3	66.5	80.3	73.4
40/60	6	81.0	76.6	79.2	77.9
50/50	3	74.7	63.6	70.9	67.25
50/50	4	88.6	69.5	75.1	72.3
50/50	5	74.2	67.0	76.4	71.7
50/50	6	81.7	61.3	76.8	69.05
60/40	3	71.8	61.2	77.4	69.3
60/40	4	94.5	75.1	83.1	79.1
60/40	5	86.1	67.4	76.5	71.95
60/40	6	93.7	74.5	81.2	77.85

En conclusion, ayant la base disponible de 200 images (120 pour l'apprentissage et 80 pour le test), le perceptron avec une couche cachée de quatre unités produit les meilleurs résultats avec un taux de classification correcte (TCR_2) de 79.1%, une sensibilité (sn_2) de 75.1% et une spécificité (sp_2) de 83.1%. Ces résultats sont comparables aux taux de diagnostic réalisés avec des dermatologues très expérimentés. Toutefois, le taux de spécificité relativement élevé comparativement au taux de sensibilité est la conséquence du nombre élevé des lésions bénignes par rapport à celui des mélanomes (5/3). Notons enfin que le temps d'apprentissage varie entre 27 et 33 minutes pour une moyenne de 240 itérations d'adéquation. Le temps de dépistage d'une lésion est de l'ordre de 2,5 minutes y compris le pré-traitement, la détection de la lésion, le calcul des 9 attributs descriptifs et la décision finale¹³.

3.8 Conclusion

Nous avons mis en oeuvre notre modèle générique dans le cadre de la réalisation d'un système complet de dépistage du mélanome permettant l'aide au diagnostic pour les dermatologues. En particulier, pour l'EI Observation-Primitive on est bien dans le cas où la zone d'intérêt (ZI) est composée d'une seule ré-

¹³Notons que le codage de tous les algorithmes de cette thèse a été réalisé avec **MATLAB 5.2** sur une machine équipée d'un processeur **PENTIUM III** et de 256 Mo de RAM.

gion (RI). Ce système produit un taux de classification correcte de 79.1%, avec une sensibilité de 75.1% et une spécificité de 83.1%, pour une base de 200 images. Un tel système permettra ainsi de diminuer le taux de fausses alarmes en identifiant mieux les lésions ce qui réduira probablement le taux de non-détection.

Le chapitre suivant sera consacré à une deuxième application du modèle générique proposé. Cette application illustre bien la deuxième approche de segmentation relative au cas où la zone d'intérêt est composée de plusieurs régions. Il s'agit de la détection d'une zone tumorale, définie par un ensemble de régions, à partir d'une image IRM du cerveau humain.

Chapitre 4

Cas de plusieurs régions d'intérêt : Application au cancer du cerveau

4.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous allons présenter la deuxième application du modèle générique *MGSADIM*. Il s'agit de la réalisation d'un système complet de détection d'une zone tumorale à partir d'une image IRM du cerveau humain. Ce système présente une application de la deuxième approche de segmentation puisque dans le cas du cerveau la zone d'intérêt est composée de plusieurs régions.

4.2 Présentation du cadre de l'application

Dans la grande majorité des cas, la cause des tumeurs cérébrales est inconnue. L'hypothèse est que ces tumeurs résultent de la prolifération non contrôlée de certaines cellules. Elles peuvent être "primitives", c'est-à-dire qu'elles se développent à partir des cellules du cerveau (astrocytes, oligodendrocytes) ou "secondaires" ayant pour origine une tumeur située ailleurs dans l'organisme (poumon, sein, rein, ...). Le mécanisme exact à l'origine des altérations des cellules cérébrales n'a pas encore été élucidé. A de très rares exceptions près, les tumeurs cérébrales ne sont pas héréditaires. De même, il n'a pas été établi à ce jour de relation entre tumeurs cérébrales et facteurs environnementaux (en particulier lignes à haute tension, téléphone portable, pesticides, ...) [KBPS93]. Toutefois, il n'existe aucun moyen, à l'heure actuelle, permettant d'anticiper ou d'empêcher l'apparition des tumeurs cérébrales. Ces dernières sont assez fréquentes chez les enfants et viennent en deuxième position après les tumeurs du sang. Chez les adultes, les tumeurs cérébrales sont plus rares. On estime par exemple qu'environ 2500-3000 nouveaux patients développent un gliome chaque année en France [APLRSLTC02].

Les tumeurs cérébrales sont des tumeurs denses, bien limitées, souvent kystiques et calcifiées, habituellement nettement rehaussées. Leur détection dans les images cérébrales est au centre de multiples enjeux et sert de base à de nombreuses applications prises par les médecins : aide au diagnostic par visualisation 3D, simulation ou contrôle d'opérations chirurgicales, identification et localisation des zones malades, etc. A l'origine, l'étape de détection des tumeurs s'effectuait manuellement par des médecins qui devaient suivre leurs contours sur l'image. Ce travail long et délicat n'est évidemment pas extensible à grande échelle, et c'est pourquoi il a été souvent fait appel à des informaticiens dans le but d'automatiser cette tâche. Ainsi, la recherche d'un algorithme de détection entièrement automatique fait l'objet de nombreuses études. La difficulté essentielle tient bien des erreurs contenues dans l'image elle-même, qu'à la nature sous contrainte du problème. Notons enfin qu'il n'existe actuellement, à notre connaissance, aucune méthode entièrement automatique. D'où la tendance actuelle à proposer des outils interactifs "presque" totalement automatisés. Toutefois, des segmentations acceptables sont obtenues grâce à la combinaison de plusieurs techniques [GDTG00] [AYM⁺02].

4.3 Notre solution

Dans ce qui suit nous présentons l'application de notre MGSADIM, présenté dans le deuxième chapitre, au diagnostic des pathologies tumorales du cerveau en neurologie. Il s'agit de réaliser un système qui permet d'extraire la zone tumorale à partir d'une image par résonance magnétique (IRM) d'un cerveau humain pathologique. Nous décrivons ainsi les quatre EIs formant notre système (FIG 4.1). En particulier, pour l'Ei Observation-Primitive on est bien dans le cas où la zone d'intérêt (ZI) est composée de plusieurs régions formant la zone tumorale. En premier lieu, l'Ei Objet-Observation permet l'acquisition de l'IRM du cerveau, qui sera ensuite traitée par l'Ei Observation-Observation afin d'améliorer sa qualité. Puis, l'Ei Observation-Primitive cherche à extraire la zone tumorale à partir de l'image du cerveau. L'extraction de la zone d'intérêt des tissus cérébraux qui l'entourent permet, seule, de déduire que cette zone est maligne. C'est-à-dire, un Ei Primitive-Décision est défini sans avoir besoin d'un Ei Primitive-Description intermédiaire puisque la zone tumorale, si elle existe, est obligatoirement maligne. La finalité d'un tel système est de pouvoir mettre à la disposition des neurologues un outil d'acquisition, de traitement et d'analyse des images IRM du cerveau qui permet une aide considérable lors du diagnostic.

Nous allons maintenant présenter notre système en mettant l'accent sur l'Ei

Observation-Primitive. Cet EI fait coopérer un algorithme de classification floue et un algorithme de segmentation en régions. D'un côté, la classification floue est faite par l'algorithme FCM amélioré suite à l'étude de ses différents paramètres. De l'autre côté, la segmentation en régions est réalisée par notre algorithme de segmentation hiérarchique en régions par seuillage adaptatif.

4.4 EI Objet - Observation

Les images utilisées dans ce chapitre sont des images IRM. En effet, l'imagerie par résonance magnétique dérive d'une application de la technique d'analyse chimique par résonance magnétique nucléaire (RMN). L'appareil ressemble à un scanner, à la différence près que ce n'est pas un bloc d'irradiation mais de résonance qui est utilisé, où l'on peut introduire l'organisme entier. A l'intérieur se trouvent un aimant, qui produit un champ magnétique, et une bobine émettant une onde radio d'une fréquence précise. Le principe de l'IRM repose sur le fait que certains atomes peuvent entrer en résonance dans certaines conditions : c'est le cas de l'atome d'hydrogène, qui, étant l'un des éléments de la molécule d'eau, est présent en grande quantité dans le corps humain. Quand les atomes d'hydrogène entrent en résonance, ils absorbent de l'énergie : plus il y a d'hydrogène, plus il y a absorption d'énergie [DR95]. A l'arrêt du phénomène de résonance, l'énergie est restituée, puis récupérée sous forme d'informations. Par la suite, des logiciels informatiques très sophistiqués permettent de reconstruire, à partir des informations récupérées, d'excellentes images avec une très grande précision. Ainsi, sachant que la quantité d'eau varie d'un tissu à un autre, mais aussi à l'intérieur d'un même tissu selon son état physiologique, la capacité de l'IRM à différencier les tissus mous, tels que les tumeurs, est mise à profit pour l'observation du cerveau. En plus, l'IRM permet d'explorer tout un volume en autorisant non seulement les coupes axiales transverses, mais aussi frontales, sagittales et obliques, et ce avec une définition identique quelle que soit la direction dans l'espace. De là, l'IRM est devenu un procédé de tout premier choix pour analyser le système nerveux supérieur au scanner par sa précision en ce qui concerne la différenciation des tissus, et par la possibilité qu'il offre d'effectuer des coupes dans divers plans et en trois dimensions.

Les images IRM que nous avons utilisées dans le cadre de cette étude nous ont été fournies par le professeur Yevgeniy Kuznetsov, Neurological Institute and Hospital, Montreal (Canada). Après la numérisation, ces images sont au format GIF. Chaque image est composée de 701×764 pixels et elle est enregistrée sur 44KBytes, avec une résolution spatiale de $0.0730 \text{ cm} \times 0.0796 \text{ cm}$ par pixel. Elle est caractérisée par la présence d'une ou de plusieurs tumeurs de couleur très

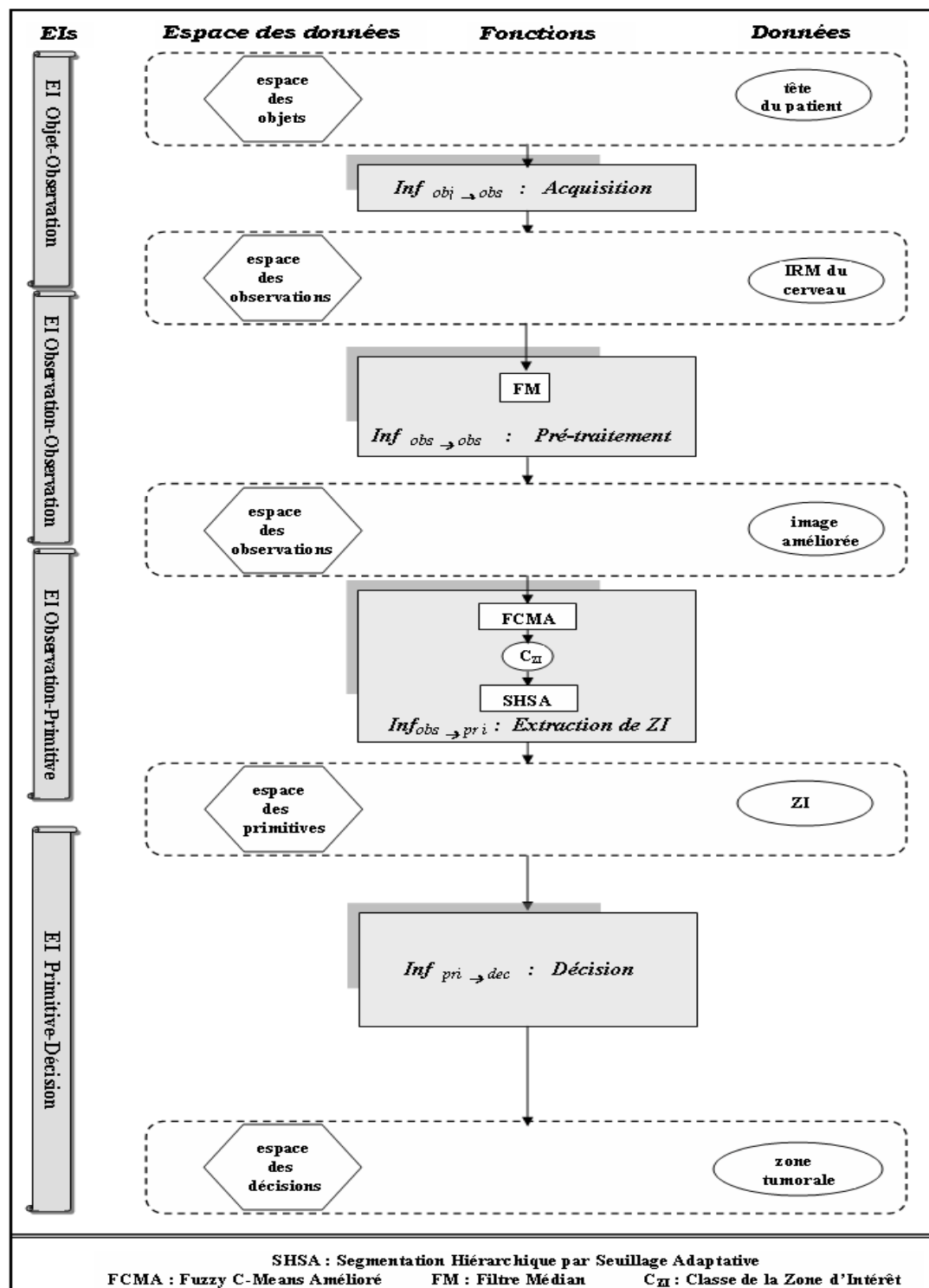


FIG. 4.1 – Architecture globale du système proposé.

claire et qui varient en dimension et en saturation. La figure suivante (FIG 4.2) présente deux images IRM des cerveaux atteints par des pathologies tumorales.

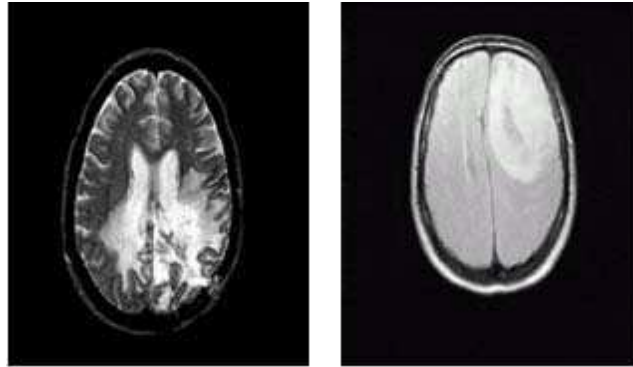


FIG. 4.2 – Deux images IRM de cerveaux humains pathologiques.

4.5 EI Observation - Observation

Les images produites par l'EI Objet-Observation sont souvent atteintes par un bruit dû soit au processus d'acquisition, soit aux erreurs contenues dans les images mêmes. Ainsi, une étape de prétraitement est nécessaire pour améliorer la qualité des images vu la variabilité du cerveau humain et la complexité des images. Elle consiste à réduire le bruit et à rehausser les bords des tumeurs afin de faciliter leurs délimitations. Pour cela, nous avons appliqué le filtrage médian pour minimiser l'influence du bruit sur le résultat de la détection des tumeurs [MH80]. En effet, le but principal du filtrage des IRM du cerveau est de réduire les artéfacts de réflexion localisés. Ceci réduit les effets de sur-segmentation tout en conservant les bords dans l'image (FIG 4.3).

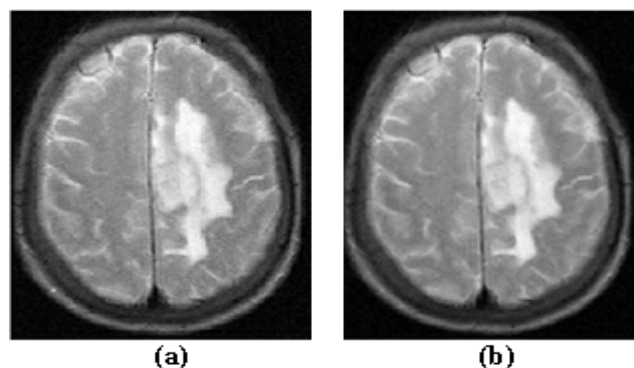


FIG. 4.3 – Filtrage médian. a- image originale, b- résultat du filtrage médian.

4.6 EI Observation - Primitive

L'EI Observation-Primitive cherche à extraire la zone tumorale qui est une étape critique dans tout système d'aide au diagnostic du cancer du cerveau. Plusieurs travaux se sont intéressés à la détection des tumeurs à partir des images IRM du cerveau. Parmi ces travaux, il y a des approches qui visent la segmentation de l'image [JM93] [MBR⁺93] et d'autres approches qui cherchent à classifier l'image en différentes matières [ACCA94] [VGB⁺95].

En ce qui nous concerne, nous allons utiliser notre approche, qui est caractérisée par l'intégration de deux méthodes, réalisant des tâches différentes mais complémentaires, pour extraire la zone tumorale (*c.f.* 2.4.2). En effet, nous faisons coopérer une classification en ensembles flous et une segmentation hiérarchique en régions. La classification floue est assurée par l'algorithme FCM amélioré qui partitionne l'image en un ensemble de classes formant les trois matières (Grise, Blanche et Autres) afin de définir la classe C_{ZI} de la zone malade. Ensuite, la segmentation hiérarchique permet d'extraire les régions appartenant à la classe C_{ZI} de la zone malade.

4.6.1 Classification floue

Pour la réalisation de la classification floue, nous nous sommes basés sur l'algorithme "*Fuzzy C-Means* (FCM)" (*c.f.* 2.4.2.1). Nous avons étudié chacun des paramètres de l'algorithme FCM dans le but d'optimiser ses résultats et de réduire le temps de calcul qui est l'inconvénient majeur de l'algorithme FCM. Les paramètres que nous avons étudiés sont les suivants :

1. le paramètre p qui désigne le nombre des attributs choisis pour caractériser un pixel ;
2. le paramètre c qui indique le nombre des classes formant l'image ;
3. la matrice B qui définit la norme utilisée lors des calculs des distances ;
4. le paramètre m qui représente le coefficient contrôleur du degré de fuzzification dans les classes.

4.6.1.1 Les composantes des vecteurs descriptifs

Plusieurs caractéristiques locales relatives aux pixels peuvent être utilisées comme composantes des vecteurs descriptifs $\mathbf{X}_{i,j}$. Parmi lesquelles, nous pouvons citer l'intensité du pixel (le niveau de gris : gl), les coordonnées spatiales du pixel (localisation spatiale), la moyenne et la variance des intensités sur un voisinage

centré sur le pixel à classifier, etc. Pour les zones homogènes, la mesure de la variance, par exemple, produit des valeurs assez élevées pour les pixels proches de la frontière de la zone, par rapport aux pixels de l'intérieur de la zone. Par conséquent, cette zone homogène va être divisée en deux classes distinctes. Ainsi, la variance peut être jugée comme étant peu discriminante. En plus, nos expérimentations ont montré que l'utilisation de la moyenne et de la localisation spatiale des pixels n'améliorent pas, et même dégradent dans certains cas les résultats [ZB02] (FIG 4.4). De là, nous avons décidé d'utiliser seulement l'intensité ($p = 1$) comme unique composante des vecteurs descriptifs $\mathbf{X}_{i,j}$. Ainsi, la classification d'un pixel dépend uniquement de son niveau de gris [$\mathbf{X}_{i,j} = gl(Im(i, j))$].

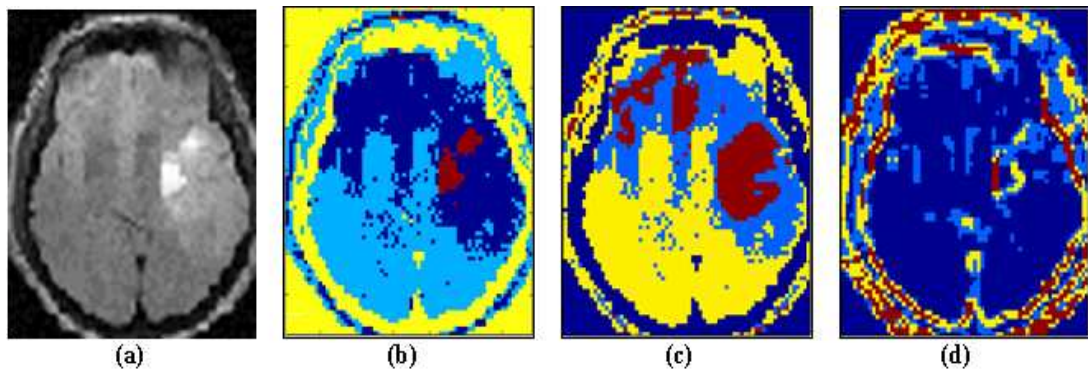


FIG. 4.4 – Classification FCM selon p ($c = 4$, $m = 3.5$). a- image originale, résultats avec : b- $p = 1$ (niveau de gris), c- $p = 2$ (niveau de gris + moyenne), d- $p = 3$ (niveau de gris + moyenne + variance).

4.6.1.2 Le nombre de classes

Sachant que le nombre de classes est un paramètre important de l'algorithme de classification, sa valeur doit être déterminée avec délicatesse. Dans la littérature, plusieurs méthodes ont proposé de déterminer dynamiquement une valeur optimale de c [GG89] [YF94] mais sans arriver à des résultats convaincants pour les images IRM des cerveaux tumoraux [BZ01a]. Dans notre cas, l'objectif est de séparer l'image IRM du cerveau en trois matières : *Grise*, *Blanche* et *Autres*. Ainsi, le nombre de classes doit être 3 au minimum. Cependant, vu les distributions des intensités des trois matières dans les coupes du cerveau humain, le nombre minimal des classes est pratiquement 4. En effet, la matière du fluide cérébral vertébral (CSF), qui fait partie de la matière *Blanche*, a généralement une intensité plus élevée, dans les images IRM, que celle de la matière *Blanche*. Toutefois, il est aussi possible de réaliser la classification floue avec une valeur élevée de c et d'interpréter un ensemble de plusieurs classes comme étant une

seule matière. Par exemple, dans le cas où $c = 4$, nous avons ordonné les classes relativement aux valeurs des vecteurs centres (prototypes). En effet, si on note par c_1 (*resp.* c_4) la classe dont le prototype admet la valeur la moins (*resp.* la plus) élevée, alors les résultats s'interprètent comme suit :

1. c_1 et c_4 ont été associées à la matière "Autres";
2. c_2 a été associée à la matière "Grise";
3. c_3 a été associée à la matière "Blanche".

Comme il est difficile d'affirmer qu'il existe une grande valeur de c pour laquelle une interprétation peut produire des résultats meilleurs que ceux enregistrés avec $c = 4$ (FIG 4.5), nous avons donc fixé le nombre de classes c à 4. En effet, cette valeur nous a permis d'enregistrer de bons résultats en un minimum de temps de calcul.

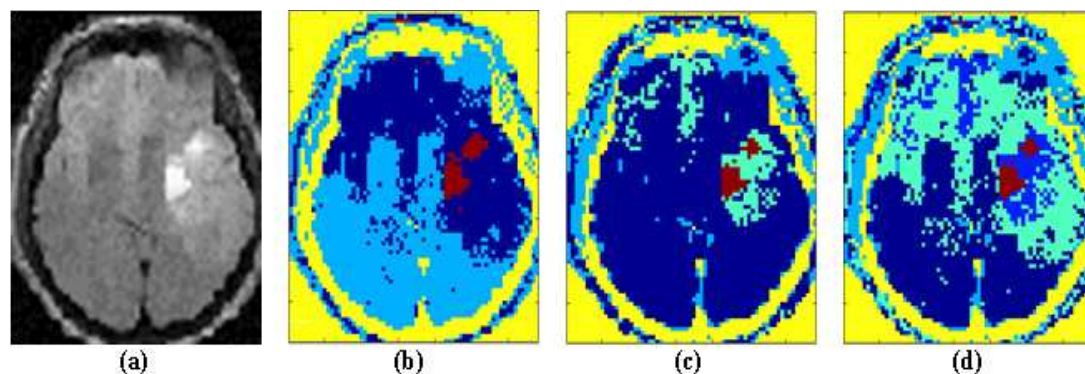


FIG. 4.5 – Classification FCM selon c ($p = 1$, $m = 3.5$). a- image originale, résultats avec : b- $c = 4$, c- $c = 5$, d- $c = 6$.

4.6.1.3 La norme de la distance

La matrice B (définie positive) définit la norme utilisée lors des calculs des distances (*c.f.* 2.4.2.1). Les trois distances les plus utilisées sont la distance euclidienne, la distance diagonale et le Mahalanobis [BZ01b]. La dernière est la plus fréquemment utilisée grâce à sa prise en considération de la distribution des données [DE03]. Nous avons ainsi utilisé la norme Mahalanobis, pour le calcul des distances entre les vecteurs pixels, malgré l'augmentation du coût de calcul [IA02].

4.6.1.4 Le facteur de floue

Concernant le paramètre m , qui représente le coefficient contrôleur du degré de fuzzification dans les classes, nous l'avons déjà étudié dans le chapitre 2 (*c.f.* 2.4.2.1). Rappelons que nous avons choisi de commencer la classification floue avec une grande valeur de m ($m_0 = 6.5$) que nous réduisons progressivement en fonction du degré de classification. En effet, pour assurer un bon taux de classification CR tout en réduisant le temps de calcul, nous avons fait décroître m avec un pas de 0.5 chaque fois que CR est augmenté d'au moins 10% du nombre total des pixels de l'image.

En conclusion, afin d'extraire la classe C_{ZI} qui contient la zone malade, nous avons appliqué notre version améliorée de l'algorithme FCM avec les paramètres suivants : $p = 1$ (intensité), $c = 4$ et $m_0 = 6.5$. Ensuite, vu que la zone tumorale dans une IRM du cerveau est toujours plus claire que le reste de l'image, le vecteur centre (prototype) de C_{ZI} (noté v_{ZI}) est celui maximisant l'intensité (4.1), parmi les 4 classes (FIG 4.6).

$$gl(v_{ZI}) = \max_{1 \leq k \leq c} gl(v_k) \quad (4.1)$$

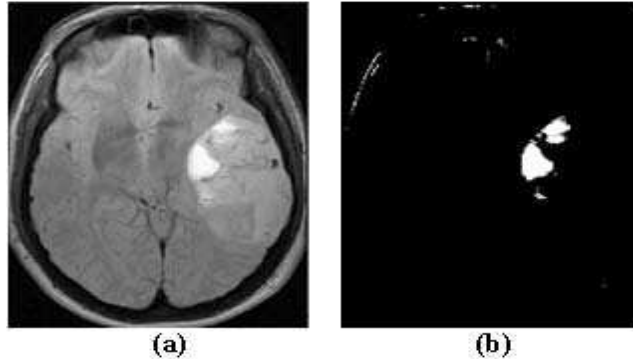


FIG. 4.6 – Extraction de la classe C_{ZI} de la zone malade. a- image originale, b- image binaire associée à C_{ZI} .

4.6.2 Segmentation en régions

Pour segmenter l'image IRM, nous avons utilisé notre algorithme de segmentation hiérarchique en régions par seuillage adaptatif [BZG00] (*c.f.* 2.4.2.2.). Nos expérimentations ont montré que la zone malade Z_{mal} , quand elle existe, est

représentée par un ensemble de régions (FIG 4.7), appartenant à la même classe de matière (C_{ZI}), déterminée par l'équation :

$$Z_{mal} = \{R_t \ / \ R_t \subset (\mathbf{F}_S(Im) \cap C_{ZI})\} \quad (4.2)$$

où, \mathbf{F}_S est la fonction de segmentation de l'image Im et qui vérifie $\mathbf{F}_S(Im) = \{R_1, R_2, \dots, R_r\}$ avec $\bigcup_{i=1}^r R_i \subset Im$,

\mathbf{F}_C est la fonction de classification qui vérifie $\mathbf{F}_C(Im) = \{C_1, C_2, \dots, C_c\}$ avec $\bigcup_{i=1}^c C_i = Im$.

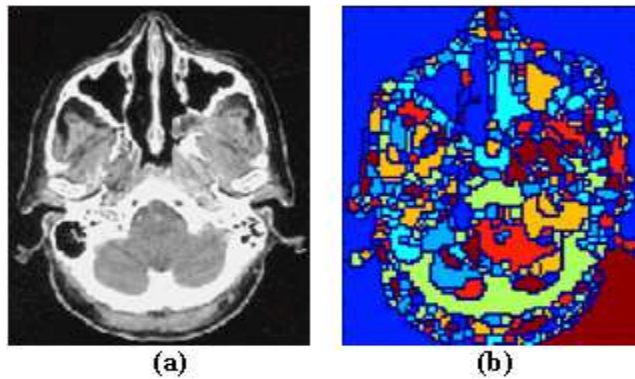


FIG. 4.7 – Segmentation en régions. a- image originale, b- image segmentée.

4.7 EI Primitive - Décision

Comme nous l'avons signalé auparavant, l'extraction de la zone d'intérêt des tissus qui l'entourent, par l'EI Observation-Primitive, permet seule, de déduire que cette zone est maligne¹. Cependant, nos expérimentations ont montré que certaines régions appartiennent à C_{ZI} sans pour autant représenter des régions de la zone atteinte (FIG 4.6). Ces régions, qui ne représentent pas un effet de sur-segmentation et qui sont souvent relativement "loin" de la zone tumorale, peuvent être exclues en limitant la recherche sur une fenêtre \mathbf{V} sélectionnée par un expert autour de ZI (FIG 4.8) (FIG 4.9).

¹Excepté des cas très rares comme il nous a été confirmé par le professeur Jean-Yves Dellatre, Federation of Neurology, Division Mazarin, Groupe Hospitalier Pitié-Salpêtrière, Paris (France).

La figure (FIG 4.8) illustre les étapes successives de l'application de notre approche sur une image IRM d'un cerveau tumorale ($p = 1, c = 4, m_0 = 6.5$). L'application de l'algorithme FCM permet de déterminer la classe de la tumeur C_{ZI} qui peut être considérée comme une première approximation de la zone malade. Cette classe est localisée dans une partie de l'image ($C_{ZI} \subset \mathbf{V}$). Ainsi, la superposition de C_{ZI} avec la carte des régions permet de détecter précisément les 3 régions composant la zone malade. Par contre, la figure (FIG 4.9) illustre les résultats dans le cas d'un autre type de tumeur qui est plus difficile à détecter. Dans ce cas, la classe C_{ZI} est dispersée dans plusieurs parties de l'image ($C_{ZI} \not\subset \mathbf{V}$) (FIG 4.9.b). Ainsi, la sélection de la fenêtre \mathbf{V} est nécessaire afin de pouvoir mettre les régions non réellement malades en dehors de la zone de recherche.

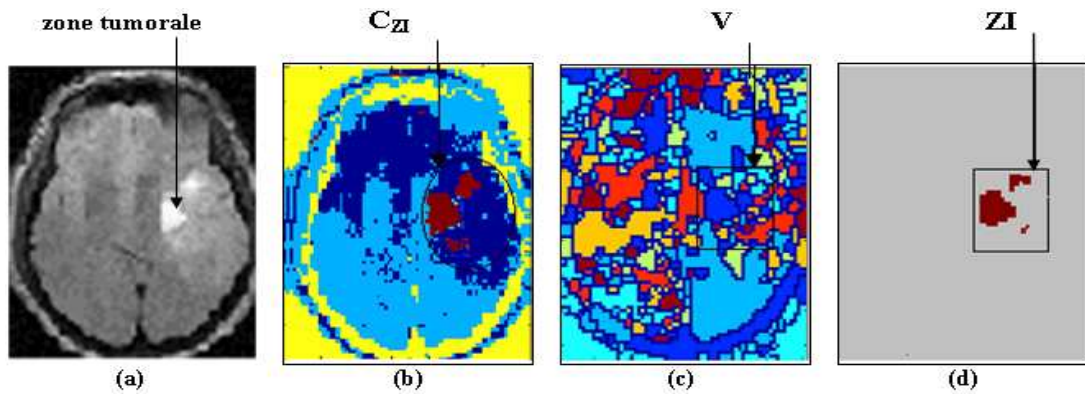


FIG. 4.8 – Détection de la zone tumorale dans une IRM du cerveau. a- image originale, b- image classifiée, c- image segmentée en régions, d- résultat final.

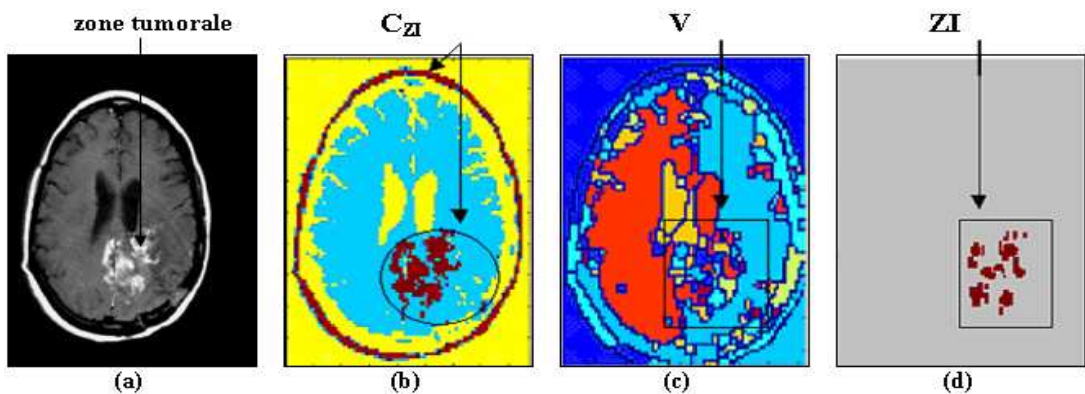


FIG. 4.9 – Détection de la zone tumorale dans une IRM du cerveau. a- image originale, b- image classifiée, c- image segmentée en régions, d- résultat final.

4.8 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons mis en oeuvre le modèle générique proposé dans le cadre de la détection d'une zone tumorale, définie par un ensemble de régions, à partir d'une image à résonance magnétique du cerveau humain. En particulier, pour l'EI Observation-Primitive on est bien dans le cas où la zone d'intérêt (ZI) est composée de plusieurs régions composant la zone tumorale. En effet, la coopération des deux algorithmes, fournissant des informations complémentaires, de segmentation en régions et de classification floue nous a conduit à développer un système robuste de détection des tumeurs dans des images IRM du cerveau. En effet, notre algorithme de classification est une amélioration de l'algorithme classique FCM, permettant de réduire son temps d'exécution. De plus, notre algorithme de segmentation produit des résultats meilleurs que les méthodes traditionnelles [BZG00] [AZ05]. En effet, les résultats de notre approche de détection de la zone tumorale dans les images IRM cérébrales sont bien en accord avec le diagnostic d'un groupe d'experts radiologues. L'évaluation des résultats de notre algorithme de segmentation a été réalisée par le Docteur *Sami Said*, Radiologue et Directeur du Centre d'Imagerie Médicale de l'Ariana (CIMA), Tunisie. La finalité d'un tel système est de pouvoir mettre à la disposition des neurologues un outil d'acquisition, de traitement et d'analyse des images IRM du cerveau qui permet une aide considérable au diagnostic des cancers du cerveau.

Conclusion générale

L'objectif d'un système d'aide au diagnostic basé sur le traitement et l'analyse des images médicales (SADIM) est d'extraire à partir des images les informations nécessaires afin d'assister les praticiens lors de leur exercice clinique pour le plus grand bénéfice des patients. Cependant, chacun des SADIMs existants est dédié à une application médicale relative à un secteur médical particulier et à une pathologie bien déterminée. De plus, certains systèmes existants sont adaptés uniquement à des modalités d'imagerie médicale bien particulières. A notre connaissance, il n'existe pas un SADIM pouvant s'adapter à des applications médicales différentes.

Dans ce manuscrit, nous avons introduit un modèle générique pour les systèmes d'aide au diagnostic basés sur les images médicales (MGSADIM). La modélisation proposée se base sur l'introduction de quatre éléments d'information : EI Objet-Observation, EI Observation-Observation, EI Observation-Primitive et EI Primitive-Décision. L'EI Objet-Observation permet l'acquisition de l'image médicale qui est ensuite améliorée par l'EI Observation-Observation en supprimant les objets indésirables. Ensuite, l'EI Observation-Primitive détecte l'ensemble de régions formant la zone d'intérêt (ZI). Pour ce faire, nous avons introduit deux approches, complètement automatiques, selon le cas où cette zone est composée d'une ou de plusieurs régions. Enfin, l'EI Primitive-Décision permet d'associer chaque région de la zone d'intérêt à une classe diagnostique. Toutefois, dans les cas où la prise de décision à partir de l'observation de ZI est impossible, un EI intermédiaire (EI Primitive-Description) quantifie les caractéristiques de la zone d'intérêt par un ensemble de descripteurs reflétant les signes cliniques de la pathologie. Pour évaluer les caractéristiques géométriques des régions, nous avons envisagé une nouvelle approche d'approximation polygonale basée sur les algorithmes génétiques. Les descripteurs produits par l'EI Primitive-Description sont ensuite transmis à l'EI Description-Décision, qui permet d'associer les régions de ZI aux différentes classes diagnostiques. Pour cela, nous avons mis en oeuvre un réseau de neurones de type perceptron monocouche, qui donne des taux d'erreurs réduits par rapport aux approches statistiques. La possibilité d'apprentissage fortement autonome fait du perceptron une solution adaptée pour les

applications de diagnostic médical où un ensemble de symptômes, donné par les descripteurs, est associé à un ensemble de classes diagnostiques.

En plus de son aspect générique, notre système propose une méthode pour la détection de la zone d'intérêt, qui s'avère plus efficace que les méthodes classiques synthétisées dans le premier chapitre. En effet, elle est moins complexe, plus automatique et moins dépendante des paramètres d'entrée que les méthodes existantes [BZ05b]. En outre, notre méthode assure un taux élevé de bonne détection des régions formant la zone d'intérêt. En d'autres termes, elle détecte correctement le maximum de régions de la zone d'intérêt tout en minimisant le nombre de régions détectées et qui ne font pas réellement partie de la zone malade.

En termes d'application, nous avons pu montrer le caractère générique de notre modèle en le mettant en oeuvre dans le cadre de deux applications représentatives. La première application consiste à réaliser un système d'aide au diagnostic pour les dermatologues dans le cadre du dépistage du mélanome (cas où la zone d'intérêt est composée d'une seule région). La deuxième application concerne la détection des zones tumorales dans les images IRM du cerveau humain (cas où plusieurs régions composent la zone d'intérêt).

Pour le dépistage du mélanome, notre système produit un taux de classification correcte de 79.1%, avec une sensibilité de 75.1% et une spécificité de 83.1%, pour une base de 200 images. Ce résultat est supérieur aux taux de diagnostic réalisés par des dermatologues très expérimentés.

Concernant l'application en neurologie, notre système produit des résultats meilleurs que les méthodes traditionnelles [AZ05] [BZG00] en un temps d'exécution plus réduit.

Néanmoins, notre modèle présente des imperfections dont l'amélioration peut faire l'objet des perspectives à envisager. Par exemple, nous avons remarqué que dans le cas où la prise de décision à partir de l'observation de la zone d'intérêt est impossible, l'inconvénient majeur du modèle proposé réside essentiellement dans le temps d'exécution qui est assez élevé. Ceci est dû principalement au calcul d'un nombre élevé d'attributs ² pour la caractérisation de chaque région de ZI par un ensemble de descripteurs reflétant les critères cliniques séparant les différentes classes diagnostiques (EI Primitive-Description). C'est pourquoi, il paraît très logique de sélectionner un nombre réduit d'attributs pertinents qui permettent

²Ce qui incrémente par la suite la complexité du classifieur.

d'obtenir un taux assez élevé de bon diagnostic tout en réduisant le temps de calcul. Cette réduction de l'ensemble des attributs consiste à la sélection d'un sous ensemble en supprimant l'information redondante tout en restant discriminant. Ceci revient à l'introduction d'un *EI Description-Description* intermédiaire (FIG 4.10) qui s'occupe de l'investigation des sous ensemble du groupe initial d'attributs afin de dériver une combinaison des attributs importants modélisant les signes cliniques. Ce processus de sélection est basé sur une mesure du pouvoir discriminatoire des sous-ensembles en se basant sur un critère de séparabilité. Pour ce faire, l'EI Description-Description fera appel au traitement $Inf_{des \rightarrow dec}$ et à une base d'apprentissage. En effet, l'EI Description-Description peut utiliser le taux de classification correcte enregistré sur un base d'apprentissage comme critère de séparabilité.

Notons toutefois, qu'il n'existe pas une théorie générale permettant la détermination exacte de cet ensemble réduit d'attributs [GRP⁺98]. Dans la littérature, plusieurs algorithmes sont utilisés pour la sélection automatique d'un sous-ensemble pertinent. Vu la croissance exponentielle de la complexité de l'algorithme en fonction de la taille de l'ensemble initial des attributs [RGPB98], il n'est pas possible de dériver la performance optimale par recherche exhaustive. Par conséquent, tous ces algorithmes sont quasi-optimaux. D'après Jain et Zongker [JZ97], les techniques de sélection les plus efficaces sont les méthodes de recherche séquentielle (*SFSM : Sequential Floating Search Methods*) [PNK94]. Sachant la taille n de l'ensemble initial d'attributs, ces méthodes cherchent le sous-ensemble de taille m , fixée dès le départ, le plus performant en termes d'une fonction d'évaluation qui est généralement liée au processus de la classification basée sur ces attributs. Les deux catégories principales de recherche séquentielle sont les méthodes : en avant (SFFS : Sequential Floating Forward Methods) et en arrière (SFBS : Sequential Floating Backward Methods). Par ailleurs, il faut tester plusieurs valeurs de m afin de converger vers la solution la plus optimale.

En plus, nous pouvons souligner plusieurs autres points en guise de perspectives. En effet, il serait intéressant d'automatiser la détermination de la composition de la zone d'intérêt d'une seule ou de plusieurs régions. Ceci peut être fait, par exemple, en se basant sur une étude fine de l'histogramme de l'image.

Il serait aussi intéressant d'intégrer des connaissances a priori, relatives à l'application médicale étudiée, au niveau de chaque EI de notre système. Ceci peut être fait tout en respectant la modélisation proposée.

D'autre part, nous pensons tester notre modèle générique dans d'autres domaines médicaux tels qu'en mammographie, en cardiologie et en ORL. En effet, un sujet de maîtrise, traitant de l'application de notre modèle générique en

dépistage du cancer des seins, est en cours de réalisation et produit déjà des résultats préliminaires très intéressants [FBZ04].

Enfin, nous nous sommes limités dans cette étude à des images bidimensionnelles, mais l'extension de notre étude à des données volumiques est tout à fait possible et enrichirait la palette des applications que nous pouvons traiter.

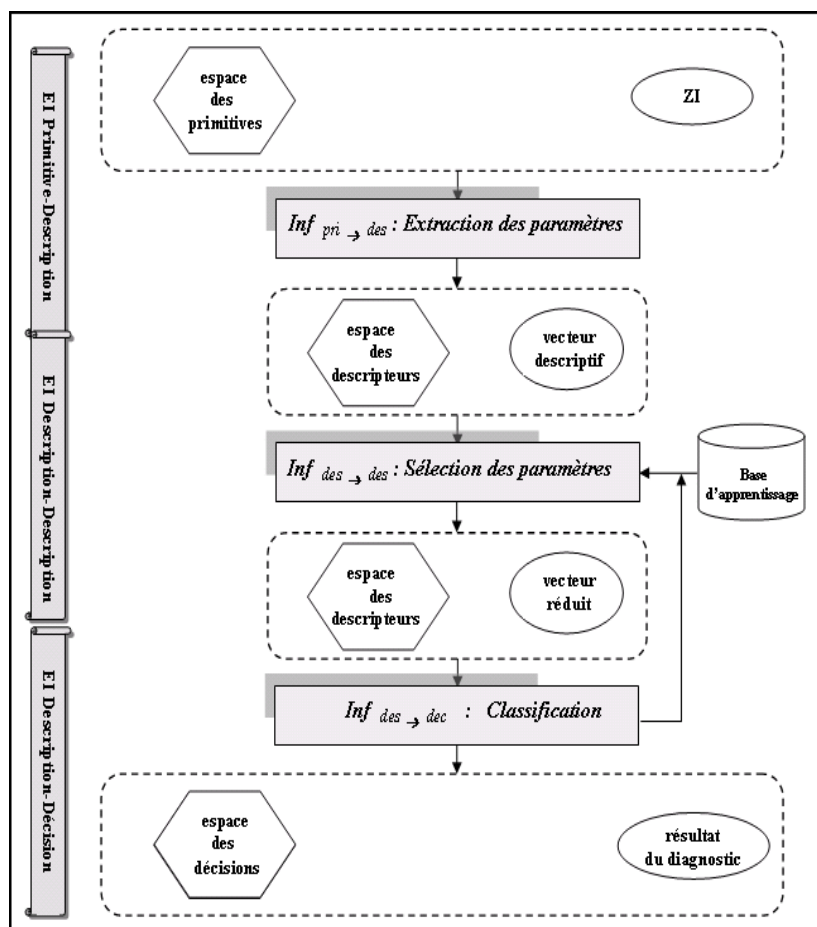


FIG. 4.10 – Extension proposé pour notre modèle MGSADIM au niveau du EI Primitive-Décision.

Principes de base de la théorie de l'évidence

Annexe A

Principes de base de la théorie de l'évidence

A.1 Introduction

La *théorie de l'évidence*¹, introduite en 1967 par Dempster [Dem67], fut reprise sous un formalisme mathématique plus précis par Shafer [Sha76]. Cette théorie est souvent décrite comme la généralisation de l'inférence bayésienne au traitement de l'incertain, en ce sens qu'elle permet de manipuler des événements non nécessairement exclusifs. Cette capacité lui confère l'avantage de pouvoir représenter explicitement l'incertitude vis-à-vis d'un événement. En effet, le problème général consiste à identifier un objet ou une situation, désigné par la variable générique x , parmi un ensemble d'hypothèses H_i dont l'une d'elles est susceptible d'être la solution. Il peut s'agir, par exemple, d'identifier la maladie d'un patient, de connaître la nature d'une tumeur ou de déterminer la classe diagnostique d'une région. La théorie de l'évidence permet alors d'évaluer la véracité de propositions, aussi bien simples² que composites³. Pour ce faire, la théorie de l'évidence se fonde sur des degrés de croyance permettant de représenter l'incertitude présente sur les différentes propositions (simples et composites). Cette évaluation réalisée est de nature subjective, dans le sens qu'elle s'établit selon l'état des connaissances issues d'une ou de plusieurs sources d'informations. Ces derniers peuvent refléter un groupe d'experts donnant leur avis sur le problème traité, ou encore, un ensemble de paramètres indiquant des avis complémentaires sur le problème étudié.

Nous allons définir dans la section suivante les concepts de base de la théorie

¹Egalement connue dans la littérature sous le nom de *théorie des croyances*, *théorie des plausibilités* et surtout *théorie de Dempster-Shafer* (DS).

²Exemple : p1="x est H_i ".

³Exemple : p1="x est H_i ou H_j ".

de l'évidence qui fournit des outils souples permettant la représentation d'une information incertaine ou partielle voire même une situation d'ignorance totale. Ensuite, nous présenterons la règle de combinaison offerte par cette théorie, qui est un outil particulièrement efficace et adapté à la fusion des informations imparfaites.

A.2 Concepts de base

La théorie de l'évidence suppose la définition d'un ensemble θ de N hypothèses, appelé *cadre de discernement* ou *cadre d'intérêt*. Ces hypothèses, qui sont exhaustives et exclusives, correspondent aux différents états d'un système donné. En d'autres termes, l'une de ces hypothèses est susceptible d'être la solution du problème posé (*exhaustives*) sachant que cette solution est unique (*exclusives*). Le principe fondateur de la théorie de l'évidence est la possibilité d'affecter une probabilité basique, non seulement aux différentes hypothèses prises séparément, mais aussi aux hypothèses composées. La masse affectée à une disjonction d'hypothèses est considérée comme toute la masse susceptible d'être transférée ultérieurement, sous réserve d'apport d'informations supplémentaires, à un sous-ensemble plus réduit de cette disjonction. En d'autres termes, elle représente la partie de croyance placée exactement sur la disjonction d'hypothèses et qui n'a pas pu, compte tenu de l'état actuel de la connaissance, être affectée à un sous-ensemble plus spécifique. Ainsi, on définit sur l'ensemble 2^θ des sous-ensembles de θ , le jeu de masses⁴ m^{S_j} ($\in [0, 1]$) caractérisant la véracité d'une proposition H_i ($\in 2^\theta$) relativement à la source d'informations S_j . Ce jeu de masses vérifie les propriétés suivantes :

$$m^{S_j}(\emptyset) = 0 \quad \text{et} \quad \sum_{H_i \in 2^\theta} m^{S_j}(H_i) = 1. \quad (\text{A.1})$$

L'apport du modèle de la théorie de l'évidence par rapport à l'approche probabiliste réside dans le fait que l'on est pas obligé à répartir la masse totale de probabilités sur des singletons, ce qui permet d'avoir une attitude moins arbitraire [Jan96]. Ainsi, lorsque l'on affecte une masse à une proposition A différente d'une hypothèse singleton, on exprime le fait que l'ensemble des hypothèses de A nous paraît quelque peu crédible mais sans pour autant prendre parti particulièrement pour l'une d'entre elles. Cette souplesse de la méthode permet de représenter facilement l'ignorance totale, par un jeu de masses simple (A.2), contrairement à la théorie des probabilités qui ne permet pas de traiter si facilement le concept de

⁴En anglais, Basic Belief Assignment (BBA).

l'ignorance puisqu'elle ne peut pas distinguer entre la non croyance et l'ignorance [Sme78].

$$m^{S_j}(\theta) = 1 \text{ et } m^{S_j}(A) = 0, \quad \forall A \neq \theta. \quad (\text{A.2})$$

En outre, pour exprimer de manière plus explicite notre connaissance du problème traité, deux fonctions dérivées de m ont été établies. Ce sont les fonctions de *crédibilité* Cr (A.3) et de *plausibilité* Pl (A.4) donnant successivement les tendances minimale et maximale à la proposition H_i . En effet, $Cr^{S_j}(H_i)$ (FIG A.1) (resp. $Pl^{S_j}(H_i)$ (FIG A.2)) mesure à quel point les informations données par une source S_j soutiennent (resp. ne contredisent pas) la proposition H_i .

$$Cr^{S_j}(H_i) = \sum_{A \subseteq H_i} m^{S_j}(A). \quad (\text{A.3})$$

$$Pl^{S_j}(H_i) = \sum_{A \cap H_i \neq \emptyset} m^{S_j}(A). \quad (\text{A.4})$$

Pour la prise de décision, les conditions d'utilisation d'une règle décisionnelle idéale sont difficilement remplies, ce qui provoque une ambiguïté lors de la décision. La théorie de l'évidence définit principalement trois lois permettant la prise de décision sans ambiguïté, mais au prix d'une perte d'informations. Ces lois consistent à retenir l'hypothèse maximisant la crédibilité, la plausibilité ou la probabilité pignistique Pp (A.5).

$$Pp^{S_j}(H_i) = \sum_{H_i \subseteq A \subseteq 2^\theta} \frac{m^{S_j}(A)}{|A|}. \quad (\text{A.5})$$

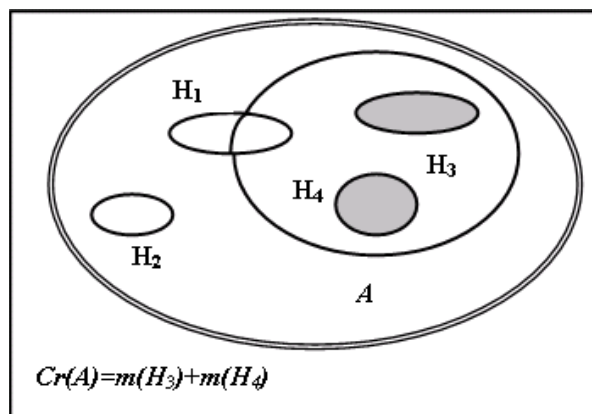


FIG. A.1 – Représentation ensembliste de la notion de crédibilité.

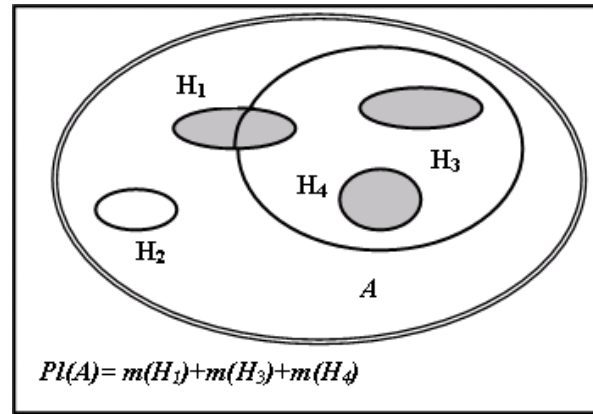


FIG. A.2 – Représentation ensembliste de la notion de plausibilité.

A.3 Combinaison des sources

En présence d'informations imparfaites, la fusion multi-sources est une solution intéressante permettant d'accéder à une information plus fiable. L'intérêt majeur de la théorie de l'évidence repose sur la possibilité de construire une fonction de masse unique par combinaison de plusieurs fonctions de masses issues de plusieurs sources d'information distinctes et indépendantes. Supposons que l'on a deux sources (S_1, S_2) d'informations sur le même cadre de discernement, la règle de sommation orthogonale de Dempster (A.6) (notée \oplus) permet de combiner les jeux de masses correspondants et fournit un jeu de masses résultat synthétisant la connaissance globale des deux sources. Notons enfin que cette opération de combinaison est commutative et associative.

$$m^{S_1} \oplus m^{S_2} = \frac{1}{1-K} \sum_{A \cap B = H} m^{S_1}(A) \cdot m^{S_2}(B). \quad (\text{A.6})$$

Avec, K (A.7) est la masse totale correspondante aux cases dont la conjonction des éléments focaux⁵ de chaque source est égale à l'ensemble vide. Ce coefficient traduit l'incohérence de la combinaison. Il est donc significatif de l'aspect conflictuel existant entre les deux sources d'informations.

$$K = \sum_{A \cap B = \emptyset} m^{S_1}(A) \cdot m^{S_2}(B). \quad (\text{A.7})$$

⁵Ce sont les éléments de 2^θ dont les masses $m_{S_i}(\theta)$ sont non nulles.

Glossaire

3C	: Changement de Couleur et de Contour.
ABCD	: Asymétrie, Bords, Couleurs et Diamètre.
ABCDE	: Asymétrie, Bords, Couleurs, Dimension et Evolution.
ACP	: Analyse en Composantes Principales.
AG	: Algorithmes Génétiques.
AP	: Approximation Polygonale.
BBA	: Basic Belief Assignment.
BMP	: BitMaP.
CCD	: Charge Couple Device.
CHU	: Centre Hospitalier Universitaire.
CNN	: Convolution Neural Network.
CPU	: Central Processing Unit.
CSF	: Cerebral Spinal Fluid.
CT	: Computed Tomography.
DA	: Diffusion Anisotrope.
DS	: Théorie de Dempster-Shafer.
EDP	: Equations aux Derivées Partielles.
EI	: Élément d'Information.
EM	: Algorithme d'Expectation Maximisation.
FCM	: Fuzzy C-Means.
FM	: Filtrage Médian.
GIF	: Graphics Interchange Format.
IHM	: Interface Homme Machine.
IRM	: Imagerie par Résonance Magnétique.
ITS	: Intensité, Teinte et Saturation.
KNN	: K-Nearest Neighbors.
LPE	: Ligne de Partage des Eaux.
LVQ	: Learning Vector Quantization.
MFCM	: Modified Fuzzy C-Means.
MGSADIM	: Modèle Générique pour les Systèmes d'Aide au Diagnostic basés sur les Images Médicales.
MLO	: Medio-Lateral-Oblic.

MLP	: Multi Layer Perceptron.
MRF	: Markov Random Fields.
ORL	: Oto-Rhino-Laryngologie.
PCP	: Première Composante Principale.
PSC	: Problèmes de Satisfaction des Contraintes.
PSF	: Point Spread Function.
RI	: Région d'Intrêt.
RMN	: Résonance Magnétique Nucléaire.
RNA	: Réseau de Neurones Artificiels.
RVB	: Rouge, Vert et Bleu.
SFBS	: Sequential Floating Backward Methods.
SFFS	: Sequential Floating Forward Methods.
SFSM	: Sequential Floating Search Methods.
SAD	: Système d'Aide au Diagnostic.
SADIM	: Système d'Aide au Diagnostic basé sur les Images Médicales.
SC	: Surface Cumulée.
SGADIM	: Système Générique d'Aide au Diagnostic basé sur les Images Médicales.
SMF	: Selective Median Filter.
SOM	: Self-Organizing Maps.
SVH	: Système Visuel Humain.
TCR	: Taux de Classification Réussie.
TEP	: Tomographie à Emission de Positons.
TKL	: Transformation de Karhunen-Loève.
TLS	: Teinte, Luminance et Saturation.
VDL	: Vecteur Descriptif d'une Lésion.
WTH	: White Top-Hat transform.
ZI	: Zone d'Intérêt.

Bibliographie

- [ABAPC05] W. ATTIAOUI, M. BEN AHMED, P. PUCHERAL et B. CHETALI : Conception of data base management system in usb smart card flash memory : Application for the cancer pathology of medical information systems. *In Conférence Internationale Sciences Electroniques, Techniques de l'Information et des Télécommunications, SETIT (IEEE)*, Sousse, Tunisie, 2005.
- [ABB02] K. ASSOGBA, Y. BOUANOUNE et P. BUNEL : Classification par division/fusion pour la détection des rétinopathies vasculaires en angiographie rétinienne en fluorescence. *ARIMA*, 1:1–13, 2002.
- [ACCA94] S. ALYWARD, J. COGGINS, T. CIZALDO et N. ANDEREASEN : The effects of magnetic resonance image inhomogeneities on automated tissue classification. RT 94-021, Université de North Carolina, Chapel Hill, 1994.
- [AGA01] P. ABELLARD, P. GRALL et A. ABELLARD : Reconstruction 3d des membres inférieurs pour une application en orthopédie. *In 11^{eme} Forum des jeunes chercheurs en GBM*, pages 103–104, Compiègne, France, 2001.
- [AM98] M.S. ATKINS et B.T. MACKIEWICH : Fully automatic segmentation of the brain in mri. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(1):98–107, 1998.
- [AP05] D.M. ALEXIUK et N.J. PIZZI : Robust centroids using fuzzy clustering with features partitions. *Pattern Recognition Letters*, 26(1):1039–1046, 2005.
- [APDB95] L. ANDREASSI, R. PEROTTI, G. DELLEVA et M. BIAGIOLI : Computerized image analysis of pigmented lesions. *Chronica Dermatologica*, 5(1):11–24, 1995.
- [APLRSLTC02] <http://www.artc.asso.fr/> ASSOCIATION POUR LA RECHERCHE SUR LES TUMEURS CÉRÉBRALES : *Statistiques*, 2002.
- [AS95] I.E. ALGUINDIGUE et S.A. SMULLEN : Segmenting mri images using self-organizing maps. *In International Conference*

- on Computer Applications in Engineering and Medicine*, pages 15–17, Indianapolis, USA, 1995.
- [AW91] M.L. ASTION et P. WILDING : Application of neural networks to the interpretation of laboratory data in cancer diagnosis. *Clinical chemistry*, 38(2):34–38, 1991.
- [Aya98] N. AYACHE : L'analyse automatique des images médicales : état de l'art et perspectives. Rapport de Recherche 3364, INRIA, 1998.
- [AYM⁺02] M. AHMED, S.M. YAMANY, N. MOHAMED, A. FARAG et T. MORIARTY : A modified fuzzy c-means algorithm for bias field estimation and segmentation of mri data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 21(3):193–199, 2002.
- [AZ05] S. AMRI et E. ZAGROUBA : Evaluation et fusion de méthodes pour la segmentation d'images en régions. In *4^{ème} workshop Traitements et Analyse d'Informations : Méthodes et Applications (TAIMA2005)*, pages 177–182, Hammamet, Tunisie, 2005.
- [AZG⁺98] M. ASHTARI, J.L. ZITO, B.I. GOLD, J.A. LIEBERMAN et B.G. HERMAN : Computerized volume measurement of brain structure. *Invest Radiology*, 25:798–805, 1998.
- [BA01] F. BENZARTI et H. AMIRI : Image restoration by iterative blind deconvolution. In *Journées Scientifiques*, Tunisie, 2001.
- [BABE04] A. BEN ABDALLAH, M.H. BEDOUI et H. ESSABBAH : Coronographic results and myocardic scintigraphy data relationship : Towards coronary artery disease. In *IEEE International Conference on Information and Communication Technologies : from Theory to Applications*, Damas, Syrie, 2004.
- [BACA01] K. BEN ABDALLAH, M. CHARFI et H. AMIRI : Segmentation d'images en utilisant les algorithmes génétiques : Application à l'analyse des clichés radiographiques du rachis. In *Traitements et Analyse d'images : Méthodes et Applications (TAIMA'01)*, pages 353–358, 2001.
- [Bar93] A. BARRON : Universal approximation bounds for superposition of a sigmoidal function. *IEEE Trans on Information Theory*, 39:930–945, 1993.
- [BB82] D.D. BALLARD et C.M. BROWN : *Computer vision*. Prentice Hall Incorporation, 1982.
- [BB92a] A. BELAID et Y. BELAID : *Reconnaissance des formes*. InterEditions, 1992.

- [BB92b] J. BENOIS et D. BARDA : Image segmentation by region contour cooperation as a basis for efficient coding scheme. *In SPIE 29*, volume 1818, pages 1218–1229, USA, 1992.
- [BCHH93] R.T. BOSTOCK, E. CLARIDGE, A.J. HARGET et P.N. HALL : Towards a neural network based system for skin cancer diagnosis. *In International Conference on Artificial Neural Networks*, volume 372, pages 215–219, 1993.
- [BDP03] K. BENHAJEL, E. DELÉCHELLE et E. PETIT : Mesures de déformations cardiaques par la méthode des ensembles de niveaux. *In 3^{ème} workshop Traitements et Analyse d'Informations : Méthodes et Applications (TAIMA2003)*, pages 167–172, Hammamet, Tunisie, 2003.
- [Ben02] N. BENAHMED : *Optimisation de réseaux de neurones pour la reconnaissance de chiffres manuscrits isolés : sélection et pondération des primitives par algorithmes génétiques*. Thèse de doctorat, École de Technologie Supérieure, Université de Québec, Canada, 2002.
- [Bez81] J.C. BEZDEK : *Pattern recognition with fuzzy objective function Algorithms*. Plenum Press, New York, USA, 1981.
- [BFM99] N.J. BONNIE, M.B. FUKUI et C.C. MELTZER : Brain tumor volume measurement : Comparaison of manual and semiautomated methods. *Radiology*, 212:811–816, 1999.
- [BGN⁺01] M. BRUIJNE, B. GINNEKEN, W.J. NIESSEN, J.B. MAINTZ et M. VIERGEVER : Active shape models exploiting slic-to-slice correlation segmentation fo cta aaa images. Rapport Technique 2001-61, Information and Computing Sciences : Utrecht University, 2001.
- [Bis95] C.M. BISHOP : *Neural networks for pattern recognition*. Birmingham : Clarendon press Oxford, 1995.
- [BLB90] D. BRZAKOVIC, X.M. LUO et P. BRZAKOVIC : An approach to automated detection of tumors in mammograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 9(3):233–241, 1990.
- [BPC02] E. BERTIN, F. PARAZZA et J.M. CHASSERY : Segmentation and measurement based on 3d vornoi diagram : Application to confocal microscopy. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 17:175–182, 2002.
- [Bra95] G. BRAVIANO : *Logique floue en segmentation d'images : Seuillage par entropie et structures pyramidales irrégulières*. Thèse de doctorat, Université de Joseph Fourier, Grenoble 1, 1995.

- [Bra96] R. BRAHAM : Neural networks with long-range feedback : Design for stable dynamics. *In ICTAI 1996*, pages 272–275, 1996.
- [BSS+94] M. BINDER, A. STEINER, M. SCHWARZ, S. KNOLLMAYER, K. WOLFF et H. PEHAMBERGER : Application of an artificial neural network in epiluminescence microscopy pattern analysis of pigmented skin lesions : A pilot study. *British Journal of Dermatology*, 130(4):460–465, 1994.
- [Buv93] M. BUVRY : *Un système de vision stéréoscopique : Segmentation - Appariement de composantes connexes - Description surfacique*. Thèse de doctorat, INP-Toulouse, 1993.
- [BZ01a] W. BARHOUMI et E. ZAGROUBA : Détection semi-automatique des tumeurs dans des images irm. *In 2^{eme} workshop Traitements et Analyse d'Images : Méthodes et Applications (TAIMA'02)*, pages 335–340, Hammamet, Tunisie, 2001.
- [BZ01b] W. BARHOUMI et E. ZAGROUBA : Semiautomatic detection of tumoral zones. *In Image Analysis and Stereology, 20(2), Supp 1 et proceeding du 8th European Conference on Stereology and Image Analysis*, pages 578–583, Bordeaux, France, 2001.
- [BZ02a] W. BARHOUMI et E. ZAGROUBA : *Boundaries detection based on polygonal approximation by genetic algorithms*, volume 82 (part2) de *Frontiers in artificial intelligence and applications*, chapitre Dans Knowledge-Based Intelligent Information Engineering Systems and Allied Technologies (KES 2002), pages 621–627. IOS Press, 2002.
- [BZ02b] W. BARHOUMI et E. ZAGROUBA : Region's boundaries estimation using gentic algorithms in indoor scenes. *In 2^{eme} Conférence Internationale JTEA (IEEE)*, pages 144–151, Sousse, Tunisie, 2002.
- [BZ03] W. BARHOUMI et E. ZAGROUBA : Segmentation en régions guidée par l'appariement pour un couple stéréoscopique non calibré. *In 3^{eme} workshop Traitements et Analyse d'Informations : Méthodes et Applications (TAIMA2003)*, pages 287–292, Hammamet, Tunisie, 2003.
- [BZ05a] W. BARHOUMI et E. ZAGROUBA : A prototype of a generic computer-aided diagnosis system based on medical images. *In EOS Conference on Industrial Imaging and Machine Vision*, Munich, Allemagne, 2005.
- [BZ05b] W. BARHOUMI et E. ZAGROUBA : Towards a standard approach for medical images segmentation. *In IEEE/ACS Interna-*

- tional Conference on Computer Systems and Applications*, Caire, Egypte, 2005.
- [BZG00] W. BARHOUMI, E. ZAGROUBA et F. GHORBEL : Hierarchical region segmentation and matching for stereoscopic images. *In World MultiConference on Systemics, Cybernetics and Informatics*, volume V, pages 16–20, Orlando, USA, 2000.
- [BZK94] M. BUVRY, E. ZAGROUBA et C. KREY : A rule based system for region segmentation improvement in stereovision. *In IS&T-SPIE*, volume 2183, pages 357–367, San Jose, USA, 1994.
- [BZSG03] W. BARHOUMI, E. ZAGROUBA, B. SOLAIMAN et F. GHORBEL : Fusion de l'information par la théorie de l'évidence : application en diagnostic du mélanome. *In Conférence Internationale Sciences Electroniques, Techniques de l'Information et des Télécommunications, SETIT (IEEE)*, Sousse, Tunisie, 2003.
- [Can86] J. CANNY : A computational approach to edge detection. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 8(6):679–698, 1986.
- [CCR⁺93] S. CAGNONI, G. COPPINI, M. RUCCI, D. CARAMELLA et G. VALLI : Neural network segmentation of magnetic resonance spin echo images of the brain. *Journal of Biomedical Engineering*, 15(9):355–362, 1993.
- [CDG⁺89] G. CELEUX, E. DIDAY, G. GOVARET, Y. LECHEVALIER et H. RALAMBANCHAINY : *Classification automatique des données*. Dunod, Paris, 1989.
- [CDSd98] O. COLOT, R. DEVINOY, A. SOMBO et D. DEBRUCQ : A colour image processing method for melanoma detection. *In The first International Medical Imaging Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 562–569, Cambridge, MA, 1998.
- [CDYP94] S. CAGNONIM, A.B. DOBRZENIECKI, J.C. YANCH et R. POLI : Interactive segmentation of multi-dimensional medical data with contour-based application of genetic algorithms. *In IEEE First International Conference on Image Processing*, pages 716–720, Austin, 1994.
- [CF92] H. CHANG et J.M. FITZPATRICK : A technique for accurate magnetic resonance imaging in the presence of field inhomogeneities. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 11(3):319–329, 1992.
- [CG02] R. CUCCHIARA et C. GRANA : *Using the topological tree for skin lesion structure description*, volume 82 de *Frontiers in artificial intelligence and applications*, chapitre Dans Knowledge-

- Based Intelligent Information Engineering Systems and Allied Technologies, pages 166–170. IOS Press, 2002.
- [CGSG01] M. CHAKCHOUK, S. GHALILA-SEVESTRE et F. GHORBEL : Reconstruction 3d projective du réseau vasculaire à partir d'une séquence d'images d'angiographie rotative par rayons x non-soustraites et non-calibrées. *In 2^{eme} workshop Traitements et Analyse d'Images : Méthodes et Applications (TAIMA2001)*, pages 397–403, Hammamet, Tunisie, 2001.
- [CHKA92] E. CLARIDGE, P.N. HALL, M. KEEFE et J. ALLEN : Shape analysis for classification of malignant melanoma. *Journal of Biomedical Engineering*, 14:229–234, 1992.
- [CHS03] N. COLL, F. HURTADO et J.A. SELLARES : Approximating planar subdivisions and generalized voronoi diagrams for random sections. *In 19th European Workshop on Computational Geometry*, pages 27–30, 2003.
- [CJ93] Z.M. CHO et J.P. JONES : *Foundations of medical imaging*. John Wiley & Sons, USA, 1993.
- [CLD96] M.L. COMER, S. LIU et E.J. DELP : statistical segmentation of mammograms. *In The 3rd International Workshop on Digital Mammography*, pages 475–478, Chicago, USA, 1996.
- [CLF98] H.D. CHENG, Y.M. LUI et R.I. FREIMANIS : A novel approach to microcalcification detection using fuzzy logic technique. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(3):442–450, 1998.
- [CLS+95] H.P. CHAN, S.B. LO, B. SAHINER, K.L. LAM et M.A. HELVIE : Computer aided detection of mammographic microcalcifications : Pattern recognition with an artificial neural network. *Medical Physics*, 22(10):1555–1567, 1995.
- [CMH98] E. CLARIDGE, J.D. MORRIS et P.N. HALL : Evaluation of border irregularity in pigmented skin lesions against a consensus of expert clinicians. *In Medical Image Understanding and Analysis*, pages 85–88, UK, 1998.
- [CMS95] P. CAMPEDALLI, D. MEDICI et R. SCHETTINI : Using hopfield networks to segment color images. *In 8th International Conference on Image Analysis and Processing*, pages 13–15, Sanremo, Italie, 1995.
- [Coh92] I. COHEN : *Modèles déformables 2-D et 3-D : Application à la segmentation d'images médicales*. Thèse de doctorat, U.F.R., Mathématiques de la décision, France, 1992.

- [CP95] J.P. COCQUEREZ et S. PHILIPP : *Analyse d'images : filtrage et segmentation*. Masson, Paris, 1995.
- [DC99] M.L. DUPLAQUET et H. CANTALLOUBE : Une méthode globale de recalage inter-images. *In 14^{eme} Colloque GRETSI sur le traitement du signal et des images*, Juan-les-Pins, France, 1999.
- [DCKBM96] A.P. DHAWAN, Y. CHITRE, C. KAISER-BONASSO et M. MOSKOWITZ : Analysis of mammographic microcalcifications using gray-level image structure features. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(3):246–259, 1996.
- [DE03] P.J. DEER et P.W. EKLUND : A study of parameter values for a mahalanobis distance fuzzy classifier. *Data Analysis Journal*, 137(2):191–213, 2003.
- [Deb99] O. DEBEIR : Aide au diagnostic par l'analyse d'images - segmentation par régions et extension de la classification. Rapport de Recherche 6, Université Libre de Bruxelles, 1999.
- [Dem67] A.P. DEMPSTER : Upper and lower probabilities induced by a multi-valued mapping. *Annals of Mathematical Statistics*, 38, 1967.
- [DK82] P. DEVIJVER et J. KITTLER : *Pattern recognition : A statical approach*. Prentice Hall, New York, 1982.
- [DN93] E. DAVALO et P. NAIM : *Des réseaux de neurones*. Eyrolles, Paris, 1993.
- [DOMK⁺01] S. DREISEITI, P. OHNO-MACHADDS, H. KITTLER, S. VINTERBO, H. BILLHARD et M. BINDER : A comparison of machine learning methods for the diagnosis of pigmented skin lesions. *Biomedical Information*, 34(1):28–36, 2001.
- [DP85] D. DUBOIS et H. PRADE : *Théorie des possibilités : Applications à la représentation des connaissances en informatique*. Editions Masson, 1985.
- [DR95] P. DURIEUX et Ph. RAVAUD : Evaluation des pratiques médicales en radiologie. *Journal of Radiology*, 76:1009–1012, 1995.
- [Dre02] G. DREYFUS : *Les réseaux de neurones : pourquoi et pour quoi faire*. Eds Eyrolles, 2002.
- [Duc01] E. DUCHESNAY : *Agents situés dans l'image et organisés en pyramide irrégulière*. Thèse de doctorat, Université de Rennes 1, 2001.
- [ECL94] F. ERCAL, A. CHAWLA et H.C. LEE : Neural network diagnosis of malignant melanoma from color images. *IEEE Trans on biomedical engineering*, 41(9):837–845, 1994.

- [FBZ04] S. FAKER, W. BARHOUMI et E. ZAGROUBA : Unified approach for masses and microcalcifications detection in mammograms. *In IEEE International Conference on Information and Communication Technologies : from Theory to Applications*, Damas, Syrie, 2004.
- [FNH⁺99] A. FRANGI, W. NIESSEN, R. HOOGEVEEN, T. VANWALSUM et M. VIERGEVER : Model-based quantitation of 3-d magnetic resonance angiographic images. *IEEE Transactions on Medical imaging*, 18(10):946–956, 1999.
- [FR88] T.B. FITZPATRICK et A.J RHODES : Primary malignant melanoma of the skin : the call for action to identify persons at risk ; to discover precursor lesions ; to detect early melanomas. *Pigment Cell*, 9(1):110–117, 1988.
- [FSG96] S. FISHER, P. SCHMID et J. GUILLOD : Analysis of skin lesions with pigmented networks. *In International Conference on Image Processing*, volume 1, pages 323–326, 1996.
- [FUS98] A.X. FALCAO, J.K. UDUPA et S. SHARMA : User-steered image segmentation paradigms : Live wire and live lane. *In Graphical models and Image processing*, pages 233–260, 1998.
- [GDTG00] L. GERMOND, M. DOJAT, C. TAYLOR et C. GARBAY : A cooperative framework for segmentation of mri brain scans. *Artificial Intelligence in Medicine*, 20(1):77–93, 2000.
- [Gei93] B. GEIGER : Three-dimensional modeling of human organs and its application to diagnosis and surgical planning. RT 2015, INRIA, 1993.
- [GG89] I. GATH et B. GEVA : Unsupervised optimal fuzzy clustering. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2(7):773–781, 1989.
- [GG92] P. GARNESON et G. GIRAUDON : L’approximation polygonal : bilans et perspectives. Rapport Technique 1621, INRIA, PASTIS, 1992.
- [GJ95] C. GLASBEY et R. JONES : Fast computation of moving average filters in polygonal window. *Digital Image Computing : Techniques and Applications*, 13:198–203, 1995.
- [GKESK97] D. GUTHOWICZ-KRUSIN, M. ELBAUM, P. SZWAYKOWSKI et A.W. KOPF : Can early malignant melanoma be differentiated from atypical melanocytic nevus by in vivo techniques. *Automatic machine vision classification. Skin Research and Technology*, 3(2):15–22, 1997.

- [GKKJ92] G. GERIG, R. KIKINIS, O. KUBLER et F.A. JOLESZ : Nonlinear anisotropic filtering of mri data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 11(2):221–232, 1992.
- [GMKK97] N.P. GALATSANOS, V.Z. MESAROVIC, M.G. KANG et A.K. KATSAGGELOS : On image restoration techniques for medical imaging. In *Medical Imaging Systems Techniques and Applications*, pages 1–68, 1997.
- [GPR⁺01] H. GANSTER, A. PINZ, E. ROHRER, E. WILDLING, M. BINDER et H. KITTLER : Automated melanoma recognition. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(3):233–239, 2001.
- [GRC⁺03] D. GULIATO, R.M. RANGAYYAN, W.A. CARNIELLI, J.A. ZUFFO et J.E. DESAUTELS : Segmentation of breast tumors in mammograms using fuzzy sets. *Journal of Electronic Imaging*, 12(3):369–378, 2003.
- [GRP⁺98] H. GANSTER, R. ROHRER, L. PALETTA, T. EBNER, A. PINZ et M. BINDER : Comparison of neural networks and statistical methods in melanoma classification. In *22nd OAGM/AAPR Workshop*, Illmitz, Autriche, 1998.
- [GY91] D. GEIGER et A. YUILLE : A common framework for image segmentation. *International Journal of Computer Vision*, 6(3):227–243, 1991.
- [HA03] M. HAMDİ et H. AMRI : Détection des microcalcifications sur les images mammographiques : Application des algorithmes rhmax-ima et ligne de partage des eaux. In *Traitements et Analyse d'Informations : Méthodes et Applications*, pages 375–380, Hammamet, Tunisie, 2003.
- [Ham01] G. HAMARNEH : *Towards intelligent deformable models for medical image analysis*. Thèse de doctorat, School of Electrical and Computer Engineering, Chalmers University of Technology, Suède, 2001.
- [Hay99] S. HAYKIN : *Neural networks : A comprehensive foundation*. Upper Saddle River : Prentice Hall, New Jersey, USA, 1999.
- [HB03] A.E. HASSANIEN et A. BADR : A comparative study on digital mamography enhancement algorithms based on fuzzy theory. *Studies in Informatics and Control*, 12(1):77–93, 2003.
- [HBC⁺92] L.O. HALL, A.M. BENSALD, L.P. CLARK, R.P. VELTHUIZEN, M.S. SILBIGER et J.C. BEZDEK : A comparaison of neural network and fuzzy clustering techniques in segmenting magnetic

- resonance images of brain. *IEEE Transactions on Neural Networks*, 3(5):672–682, 1992.
- [HBGB94] M.F. HEALSMITH, J.E. BOURKE et R.C. GRAHAM-BROWN : An evaluation of the revised seven-point checklist for the early diagnosis of cutaneous malignant melanoma. *British Journal of Dermatology*, 130:48–50, 1994.
- [HGV⁺95] Z. HUO, M.L. GIGER, C.J. VYBORNY, U. BICK, P. LU, D.E. WOLVERTON et R.A. SCHMIDT : Analysis of spiculation in the computerized classification of mammographic masses. *Medical Physics*, 22(10):1569–1579, 1995.
- [HM98] M. HINTZ-MADSEN : *A probabilistic frame-work for classification of dermatoscopic images*. Thèse de doctorat, IMM, Danemark, 1998.
- [HMHL96] M. HINTZ-MADSEN, L.K. HANSEN et J. LARSEN : Detection of malignant melanoma using neural classifiers. *In International Conference on Engineering Applications Using Neural Networks (EANN)*, Angleterre, 1996.
- [HO97] W.E. HIGGINS et E.J. OJARD : Interactive morphological watershed analysis for 3d medical images. *Comp Med Imaging Graphics, Special Issue on 3D Advanced Processing in Medicine*, 17(5):387–395, 1997.
- [Hop84] J.J. HOPFIELD : Neurons with graded response have collective computational properties like those of the two-states neurons. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 81:3088–3092, 1984.
- [HRSC97] L. HUAI, K.J. RAY et B.L. SHIH-CHUNG : Fractal modeling and segmentation for the enhancement of microcalcifications in digital mammograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16:785–798, 1997.
- [HS85] R.M. HARALICK et L.G. SHAPIRO : Image segmentation techniques. *In CVGIP, 29-1*, pages 100–132, 1985.
- [Hu62] M. HU : Visual pattern recognition by moment invariant. *IRE Trans Inform Theory*, 8(1):179–187, 1962.
- [Hua92] C.L. HUANG : Parallel image segmentation using modified hopfield model. *Pattern Recognition Letters*, 13(5):345–353, 1992.
- [Hub94] C.J. HUBERTY : *Applied discriminant analysis*. John Wiley and Sons, Inc, New York, USA, 1994.
- [IA02] M. IDRISSE et M. ACHEROY : An iterative fuzzy c-means algorithm : Application to landcover classification. *In Multiconfer-*

- ence on Systemics, cybernetics and Informatics*, pages 224–226, Orlando, USA, 2002.
- [Jan96] F. JANEZ : *Fusion des sources d'information définies sur des référentiels non exhaustifs différents. Solutions proposées sous le formalisme de la théorie de l'évidence*. Thèse de doctorat, Université d'Angers, France, 1996.
- [JHP02] B. JACOB, J.C. HACHE et F. PASQUIER : Dysfunction of the magnocellular pathway in alzheimer's disease. *Revue Neurologie*, 158(5):555–564, 2002.
- [JM93] M. JOLIOT et B.M. MAZOYER : 3d segmentation and interpolation of magnetic resonance brain images. *IEEE Transactions on medical imaging*, 12(2):269–277, 1993.
- [JW03] L. JIANG et Y. WENHUI : A modified fuzzy c-means algorithm for segmentation of magnetic resonance images. In *VIIth Digital Image Computing : Techniques and Applications*, pages 225–231, Sydney, Australie, 2003.
- [JZ97] A.K. JAIN et D. ZARGKER : Feature selection : Evaluation, application and small sample performance. *IEEE Trans on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 19(2):153–158, 1997.
- [KBM+99] E. KERRIEN, M.O. BERGER, E. MAURINCOMME, L. LAURAY et R. VAILLANT : Recalage automatique d'images d'angiographie. In *Journées ORASSIS'1999*, Aussois, France, 1999.
- [KBPS93] P. KLEIHUES, C. BURGER-PETER et B.W. SCHEITHAUER : The new who classification of brain tumours. *Brain Pathology Journal*, pages 255–268, 1993.
- [KBV97] E. KERRIEN, M.O. BERGER et R. VAILLANT : Etude de la précision de la machine pour le recalage 2d/3d d'images d'angiographie soustraite. In *Journées ORASSIS'1997*, pages 39–48, La Col sur Loup, France, 1997.
- [KDW90] M. KEEFFE, D. DICK et R. WAKKEL : A study of the value of the seven-point checklist in distinguishing benign pigmented lesions from melanoma. *Clinical and Experimental Dermatology*, 15:167–171, 1990.
- [Keg99] W.P. KEGELMEYER : Computer detection of satellite lesions in mammograms. In *SPIE Conference on Biomedical Image Processing and Three-Dimensional Microscopy*, pages 446–454, San Jose, CA, 1999.
- [KFB94] R. KARA-FALAH et P. BOLON : A region-region and region-edge cooperative approach for image segmentation. In *Fisrt IEEE*

- International Conference on Image Processing, Vol III*, pages 470–474, Texas, USA, 1994.
- [KG98] M.A. KUPINSKI et M.L. GIGER : Automated seeded lesion segmentation on digital mammograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(4):510–517, 1998.
- [KGWK95] T. KAPUR, W.E. GRIMSON, Wells W.M. et R. KIKINIS : Segmentation of brain tissue from magnetic resonance images. Rapport Technique ATIR-1566, Oxford Univeristy Press, 1995.
- [KKT⁺02] I. KHANFIR, A. KALLEL, K. TAOUIL, M.S. BOUHLEL et L. KAMMOUN : Segmentation d'images par seuillage d'histogrammes : Application à l'analyse de mélanome. In *2^{ème} Conférence JTEA'2002*, Sousse, Tunisie, 2002.
- [KMA96] K. KRISSIAN, G. MALANDAIN et G. AYACHE : Directional anisotropic diffusion applied to segmentation of vessels in 3d images. Rapport Technique RR3064, INRIA, France, 1996.
- [Koh81] R. KOHLER : A segmentation system based on thresholding. *Computer Graphics and Image Processing*, 15:319–338, 1981.
- [Koh90] T. KOHONEN : The self-organizing map. *IEEE*, 78:1468–1480, 1990.
- [KR90] L. KAUFMAN et P.J. ROUSSEEUW : *Founding groups in data*. Wiley, 1990.
- [KS94] M.S. KAMEL et S.Z. SELIM : New algorithms for solving the fuzzy clustering problem. *Pattern Recognition*, 27(3):421–428, 1994.
- [KWT88] M. KASS, A. WITKE et M. TERZOPOULOS : Snakes : Active contour models. *International Journal of Computer Vision*, 1: 321–331, 1988.
- [LCV99] E. LEFEVRE, O. COLOT et P. VANNOORENBERGHE : A classification method based on the dempster-shafer's theory and information criteria. In *FUSION'99, Fan Francisco, California, USA*, 1999.
- [Lee01] K.T. LEE : *Measuring border irregularity and shape of cutaneous melanocytic lesions*. Thèse de doctorat, Simon Fraser University, Canada, 2001.
- [LGCM97] K.T. LEE, R. GALLAGHER, A. COLDMAN et D. MCLEAN : Dull-razor : A software approach to hair removal from images. *Computer in Biology and Medicine*, 27:533–543, 1997.

- [LH87] W.E. LOREN et Cline H.E. : Marching cubes : A high resolution 3d surface reconstruction algorithm. *Computer Graphics*, 21(4), 1987.
- [Lip87] R.P. LIPPMANN : An introduction to computing with neural nets. *IEEE ASSP Magazine*, 17(3):94–98, 1987.
- [LKC⁺95] H.D. LI, M. KALLERGI, L.P. CLARKE, V.K. JAIN et R.A. CLARK : Markov random field for tumor detection in digital mammography. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(3):565–576, 1995.
- [LM96] J. LACHAUD et A. MONTAMVERT : Segmentation tridimensionnelle hiérarchique par triangulation de surface. *Traitement du signal*, 13(6):619–634, 1996.
- [Loè98] M. LOÈVE : *Fonctions aléatoires de second ordre*. Processus Stochastiques et Mouvement Brownien. P. Levy editor, Hermann, 1998.
- [LTaS⁺99] V. LETHUC, A. TALEB-AHMED, T. SAINTMICHEL, M. AYACHI et J.P. PRUVO : Contribution à la segmentation automatique de l'encéphale à partir des coupes irm. In *Vision Interface'99*, pages 320–327, Trois-Rivières, Canada, 1999.
- [LWKS00] H. LORENTZEN, K. WIESMANN, R.O. KENET et L. SECHER : Comparaison of dermatoscopic abcd rule and risk stratification in the diagnosis of malignant melanoma. *Acta Derm Venereol*, 80(2):122–126, 2000.
- [MAF99] N.A. MOHAMED, M.N. AHMED et A. FARAG : Modified fuzzy c-mean in medical image segmentation. In *IEEE Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing*, pages 3429–3432, New Jersey, USA, 1999.
- [Mal92] G. MALANDAIN : *Filtrage, topologie et mise en correspondance d'images médicales multidimensionnelles*. Thèse de doctorat, Ecole Centrale de Paris, France, 1992.
- [Ma199] S. MALLAT : A wavelet tour of signal processing. *Academic Press*, 1999.
- [Man82] B.B. MANDELBORT : *The fractal geometry of nature*. W.H. Freeman and Co, New York, USA, 1982.
- [Man99] D. MANGALAGIU : *Accélération de l'Algorithme des K plus proches voisins par réorganisation*. Thèse de doctorat, École Polytechnique de Toulouse, France, 1999.

- [MBR⁺93] E. MARIJIN, T. BRUMMER, M. RUSSEL, F. MERSEREAU, L. ROBERT, R. EINSNER-RICHARD et J. LEWINE : Automatic detection of brain contours in mri data sets. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 12(2):153–165, 1993.
- [MCF99] J.F. MANGIN, O. COULON et V. FROUIN : Robust brain segmentation using histogram scale-space analysis. *Lecture Notes in Computer Sciences*, 1496:1230–1239, 1999.
- [MD91] O. MONGA et R. DERICHE : 3d edge detection using recursive filtering : Applications to scanner images. *CVGIP : Image Understanding*, 35(5):76–87, 1991.
- [Mel01] M. MELLOUL : *Segmentation of microcalcification in X-ray mammogram using entropy thresholding*. Thèse de doctorat, School of Computer Science and Engineering, Jerusalem, 2001.
- [MH80] D. MARR et E. HILDRETH : Theory of edge detection. *Proc. Soc. Lond.*, B207:187–217, 1980.
- [Mon99] J. MONTAGNAT : *Modèles déformables pour la segmentation et la modélisation d'images médicales 3D et 4D*. Thèse de doctorat, Université de Nice-Sophia Antipolis, France, 1999.
- [MPM⁺03] L. MONTESINOS, J. PUENTES, A. MADRID, A. PARRA, B. SOLAIMAN et C. ROUX : Integrated telediagnostic and epidemiological system to reduce cervical cancer incidence in mexico. *In IEEE EMBS 2003 : 25th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, Cancun, Mexique, 2003.
- [MSVD96] D. MEERSMAN, P. SCHEUNDERS et D. VAN DYCK : Detection of microcalcifications using neural networks. *In Proc. Third Intern. Workshop on Digital Mammography*, pages 9–12, Chicago, USA, 1996.
- [MT96] T. MCINERNEY et D. TERZOPOULOS : Deformable models in medical images analysis : A survey. *Medical Image Analysis*, 1(2):91–108, 1996.
- [MT97] T. MCINERNEY et D. TERZOPOULOS : Medical image segmentation using topologically adaptable surfaces. *In CVRMed'97*, Grenoble, France, 1997.
- [Mus00] O. MUSSE : *Contribution à la mise en correspondance non rigide des images médicales : Une approche paramétrique hiérarchique sous contraintes topologiques*. Thèse de doctorat, Université de Strasbourg 1, 2000.

- [NC93] V. NG et A. COLDMAN : Diagnosis of melanoma with fractal dimensions. In *IEEE TenCom'93*, pages 514–517, Beijing, Chine, 1993.
- [NGDS95] R.M. NISHIKAWA, M.L. GIGER, K. DOI et R.A. SCHMIDT : Computer-aided detection of clustered microcalcifications in digital mammograms. *Medical and Biological Engineering and Computing*, 33(2):174–178, 1995.
- [NIS01] <http://www.ucdmc.ucdavis.edu/>. NIDUS INFORMATION SERVICE : *What are the risk for melanoma*, 2001.
- [NL96] V. NG et T. LEE : Measuring border irregularities of skin lesions using fractal dimensions. In *SPIE Photonics China, Electronic Imaging and Multimedia Systems*, pages 64–72, Beijing, Chine, 1996.
- [NNPD98] R.H. NAGEL, R.M. NISHIKAWA, J. PAPAIOANNOU et K. DOI : Analysis of methods for reducing false positives in automated detection of clustered microcalcifications in mammograms. *Medical Physics*, 25(8):1502–1506, 1998.
- [NS94] Y. NAKAZAWA et T. SAITO : Region extraction with standard brain atlas for mri brain images. In *IEEE International Conference on Image Processing, ICIP'94*, pages 387–391, 1994.
- [NSMP94] F. NACHBAR, W. STOLZ, T. MERHLE et G. PLEWING : The abcd rule for dermatoscopy : High perspective value in the diagnosis of doubtful melanocytic skin lesion. *Am. Acad. Dermatol.*, 30:551–559, 1994.
- [OS01] S.D. OLABARRIAGA et A.W. SMEULDERS : Interaction in the segmentation of medical images : A survey. *Medical Image Analysis*, 5(2):127–142, 2001.
- [PCSW96] N. PETRICK, H.P. CHAN, B. SAHINER et D. WEI : An adaptive density-weighted contrast enhancement filter for mammographic breast mass detection. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(1):59–67, 1996.
- [Pen84] A. PENTLAND : Fractals : A model for both texture and shading. In *Annual Meeting of the Optical Society of America*. Hoffman (Eds), MIT, 1984.
- [PM90] P. PERONA et J. MALIK : Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(7):629–639, 1990.

- [PNK94] P. PUDIL, J. NOVOTNÁ et J. KITTLER : Floating search methods in feature selection. *Pattern recognition letters*, 15: 1119–1125, 1994.
- [PR92] R.J. PROKOP et P. REEVES : A survey of moment-based techniques for unoccluded object representation and recognition. *Graphical Models and Image Processing*, 54(5):438–460, 1992.
- [PSW87] H. PEHAMBERGER, A. STEINER et K. WOLFF : In vivo epiluminescence microscopy of pigmented skin lesions. *Pattern analysis of pigmented skin lesions*, 17(4):571–583, 1987.
- [PT01] R. POHLE et K.D. TOENNIES : A new approach for model-based adaptive region growing in medical image analysis. *Lecture Notes in Computer Science*, 2124:238–248, 2001.
- [QCC94] W. QIAN, L. CLARKE et R. CLARK : Tree-structured nonlinear filters in digital mammography. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 13(1):25–36, 1994.
- [RAH01] B.W. REUTTER, V.R. ALGAZI et R.H. HEURSMAN : Non linear edge preserving smoothing and segmentation of 4d medical images via scale-space fingerprint analysis. *In IPMI2001*, pages 431–437, 2001.
- [RDF97] A.J. ROUND, W.G. DULLER et P.J. FISH : Colour segmentation for lesion classification. *In Proc of 19th International Conference - IEEE/EMBS*, pages 582–585, Chicago, USA, 1997.
- [RDG01] N. RICHARD, M. DOJAT et C. GARBAY : Dynamic adaptation of cooperative agents for mri brain scans segmentation. *Source Lecture Notes In Computer Science*, 2101:349–358, 2001.
- [Rem02] J.F. REMM : Probabilités et réseaux de neurones. RR 2909, INRIA, 2002.
- [Rey02] D. REY : *Détection et quantification automatiques de processus évolutifs dans des images évolutifs dans des images médicales tridimensionnelles : Application à la sclérose en plaques*. Thèse de doctorat, Université de Nice - Sophia Antipolis, 2002.
- [RG91] Y. RANDIAMASKY et A. GAGALOWICZ : Segmentation descendante adaptée à la mise en correspondance des régions. *In 8^{eme} Congrès AFCET, Tome 3*, Villeurbanne, France, 1991.
- [RGPB98] R. ROHRE, H. GANSTER, A. PINZ et M. BINDER : Feature selection in melanoma recognition. *In ICPR'98, Vol 2*, pages 1668–1670, 1998.

- [RHW86] D.E. RUMELHART, G.E. HINTON et R.J. WILLIAMS : Learning representations by back-propagating errors. *Nature*, 323:533–536, 1986.
- [RHW88] D.E. RUMELHART, G.E. HINTON et R.J. WILLIAMS : Learning internal representations by error propagation. *In parallel distributed processing - explorations in the microstructure of cognition*, 1:318–362, 1988.
- [RHWA00] K. RODENACKER, K. HAHN, G. WINKLER et D.P. AUER : Spatio-temporal data analysis with non-linear filters : Brain mapping with fmri data. *Image Analysis and stereology Journal*, 19(1):189–194, 2000.
- [Ric00] F.J.P. RICHARD : *Modèles élastiques d'ajustement d'images et applications aux paires bilatérales et temporelles de mammographies*. Thèse de doctorat, Université René Descartes, Paris V, 2000.
- [Ric03] F.J.P. RICHARD : Recalage non-rigide de mammographies simulées à l'aide de modèles synthétique de seins soumis à différentes compressions. *In 3^{eme} workshop Traitements et Analyse d'Informations : Méthodes et Applications (TAIMA2003)*, pages 15–21, Hammamet, Tunisie, 2003.
- [Rip96] B.B. RIPLEY : *Pattern recognition and neural networks*. Cambridge University Press, 1996.
- [RMPA98] A. ROCHE, G. MALANDAIN, X. PENNEC et N. AYACHE : The correlation ratio as a new similarity measure for multimodal image registration. *In 1st International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'98)*, pages 115–1124, Boston, USA, 1998.
- [SBE⁺01] A. SBONER, E. BLANZIERI, C. ECCHER, P. BAUER, M. CRISTOFOLINI, G. ZUMIANI et S. FORTI : A knowledge based system for early melanoma support. *Intelligent Data Analysis in Medicine and Pharmacology*, 2001.
- [SBFB⁺94] W. STOLZ, O. BRAUN-FALCO, P. BILEK, M. LANDTHALER et A.B. COGNETTA : *Color atlas of dermatoscopy*. Blackwell, 1994.
- [SC86] J. SHEN et S. CASTAN : An optimal linear operator for edge detection. *In Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 109–114, Florida, USA, 1986.
- [SFF91] M. STYTZ, G. FRIEDER et O. FRIEDER : Three-dimensional medical imaging : Algorithms and computer systems. *ACM Computing Surveys*, 23(4), 1991.

- [SH93] R.N. STRICKLAND et H.I. HAHN : Wavelet transforms for detecting microcalcifications in mammograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(2):218–229, 1993.
- [SH00] Y.N. SUN et S.C. HUANG : Genetic algorithms for error-bounded polygonal approximation. *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 14:297–314, 2000.
- [Sha76] G. SHAFER : *A mathematical theory of evidence*. Princeton Press, 1976.
- [SJ01] M. SZUMMER et T. JAAKHOLE : Partially labeled classification with markov random walks. *NIPS*, 14, 2001.
- [SKGC00] M.F. SALFITY, G.H. KAUFMANN, P. GRANITTO et A. CECATTO : A computer-aided diagnosis method for automated detection and classification of clustered microcalcifications in mammograms. In *29th International Conference of Clustered Argentina Computer Science and Operational Research Society*, Tandil, Argentine, 2000.
- [SL98] B. SIERRA et P. LARRANAGA : Predicting the survival in malignant skin melanoma using bayesian networks automatically induced by genetic algorithms. *Artificial Intelligence in Medicine*, 14(2):215–230, 1998.
- [SLS⁺91] W. SNYDER, A. LOGENTHIRAN, P. SANTAGO, K. LINK, G. BILBRO et S. RAJALA : Segmentation of magnetic resonance images using mean field annealing. In *12th International Conference on Information Processing in Medical Imaging (IPMI'91)*, pages 218–226, Wye, UK, 1991.
- [Sme78] P. SMETS : *Un modèle mathématico-statistique simulant le processus du diagnostic médical*. Thèse de doctorat, Université Libre de Bruxelles, Faculté de Médecine, 1978.
- [Sol01] B. SOLAIMAN : Fusion de l'information : concepts et applications en imagerie. In *2^{eme} workshop Traitements et Analyse d'Informations : Méthodes et Applications*, pages 155–162, Hammamet, Tunisie, 2001.
- [SS02] N. SOUFIR et N. SEGUIN : Skin carcinogenesis. *Rev Prat* 2002, 49(8):813–817, 2002.
- [SS04] J. SEZGIN et B. SANKUR : Survey over image thresholding techniques and quantitative performance evaluation. *Journal of Electronic Imaging*, 13(1):146–165, 2004.

- [SSGT03] P. SCHMID-SAUGEON, J. GUILLOD et J.P. THIRAN : Towards a computer-aided diagnosis system for pigmented skin lesions. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 27:65–78, 2003.
- [Tao95] K. TAOUIL : *Faisabilité en détection des mélanomes*. Thèse de doctorat, Université de Rouen, France, 1995.
- [TBEK02] K. TAOUIL, M.S. BOUHLEL, M. ELLOUMI et L. KAMMOUN : Quantification des caractéristiques de mélanomes en vue d'une classification. In *2^{ème} Conférence Internationale JTEA*, pages 179–185, Sousse, Tunisie, 2002.
- [Tog00] A. TOGA : *Brain mapping*. Academic Press, 2000.
- [Tou87] J.J. TOUMAZET : *Traitement de l'image sur micro-ordinateur*. Sybex, 1987.
- [VCd99] P. VANNOORENBERGHE, O. COLOT et D. DEBRUCQ : Dempster-shafer's theory as an aid to color information processing : Application to melanoma detection in dermatology. In *10th International Conference on Image Analysis and Processing*, Italie, 1999.
- [VGB⁺95] S. VINITSKI, C. GONZALEZ, C. BURNETT, S. SESHAGIRI, F. MOHAMED, H. ORTEGA et S. FARO : Tissue segmentation in mri as an informative indicator of disease activity in the brain. In *8th ICIAP*, 1995.
- [VGMR98] A. VILARRASA, V. GIMENEZ, D. MANRIQUE et J. RIOS : A new algorithm for computerized detection of microcalcifications in digital mammograms. In *CAR'98*, pages 224–229, 1998.
- [VLM⁺00] G.C. VALLS, A.S. LOPEZ, J. MODIA, J.D. GUERRERO et J.V. VILLORA : Medical images restoration by isolated noise sequences identification. In *6th Internet World Congress for Biomedical Sciences, Poster 62*, 2000.
- [VMRT97] R. VARIN, P. MULDER, V. RICHARD et C. THUILLEZ : Endothelial dysfunction in cardial failure : Potential mechanisms. *Archives des maladies du coeur et des vaisseaux*, 90(6):29–34, 1997.
- [VSCG89] L. VINET, P.T. SANDER, L. COHEN et A. GAGALOWICZ : Co-operative segmentation and stereo matching. In *Topical Meeting on Image Understanding and Machine Vision*, North Falmouth, USA, 1989.
- [WCY03] A. WEE-CHUNG et H. YAN : An adaptive spatial fuzzy clustering algorithm for 3d mr medical image segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 32(9):272–277, 2003.

- [WP85] K. WOLFF et H. PEHAMBERGHER : Malignes melanoma : Fuherkennung und prognose. *Wiener klinische wochenschrift*, 97(10):451–455, 1985.
- [WS03] M.A. WIRTH et A. STAPINSKI : Segmentation in the breast region in mammogram using active contours. *In Visual Communications and Image Processing*, pages 1995–2006, Lugaro, Suisse, 2003.
- [YBH⁺01] M. YAM, M. BRADY, R. HIGHNAM, R. ENGLISH et Y. KITA : Three dimensional reconstruction of microcalcification clusters from 2 mammographic views. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(6):479–489, 2001.
- [YF94] R.R. YAGER et D.P. FILEV : Approximate clustering via the mountain method. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, 24(8):1279–1389, 1994.
- [YMZC94] H. YAN, J. MAO, Y. ZHU et B. CHEN : Magnetic resonance image segmentation using optimized nearest neighbor classifiers. *In IEEE International Conference on Image Processing (ICIP'94)*, pages 49–52, 1994.
- [YPS⁺02] S. YU, D. PHAM, D. SHEN, E.H. HERSKOVITS, S.M. RESNICK et C. DAVATJIKO : Automatic segmentation of white matter lesions in t1-weighted brain mr images. *In International Symposium on Biomedical Imaging : From Nano to Macro*, Arlington, USA, 2002.
- [ZB02] E. ZAGROUBA et W. BARHOUMI : Semiautomatic detection of tumoral zone. *Image Analysis and Stereology Journal*, 21(1):13–18, 2002.
- [ZB03a] E. ZAGROUBA et W. BARHOUMI : Objective and cost-efficient approach for skin lesions classification. *In IEEE/ACS International Conference on Computer Systems and Applications*, Gammarth, Tunisie, 2003.
- [ZB03b] E. ZAGROUBA et W. BARHOUMI : Système d'aide au diagnostic du mélanome pour les dermatologues. *In Conférence en Gestion et Ingénierie des Systèmes Hospitaliers*, pages 616–625, Lyon, France, 2003.
- [ZB04] E. ZAGROUBA et W. BARHOUMI : A preliminary approach for the automated recognition of malignant melanoma. *Image Analysis and Stereology Journal*, 23(2):121–135, 2004.

- [ZB05] E. ZAGROUBA et W. BARHOUMI : An accelerated system for melanoma diagnosis based on subset feature selection. *Journal of Computing and Information Technology*, 13(1):69–82, 2005.
- [ZCM03] F. ZRIBI, M. CHARFI et O. MARRAKCHI : Optimisation des contours par une méthode interactive : Applications aux images de radiographie du rachis. In *3^{eme} workshop Traitements et Analyse d'Informations : Méthodes et Applications (TAIMA2003)*, pages 403–408, Hammamet, Tunisie, 2003.
- [ZHJ98] E. ZAGROUBA, T. HEDIDAR et A. JAOUA : A robust and unified algorithm for indoor and outdoor scenes on region segmentation. In *The 12th IEA-AIE*, pages 570–579, Caire, Egypte, 1998.

Table des figures

1.1	Synoptique générale d'un SADIM standard.	14
1.2	Image mammographique du sein (Scanner X).	16
1.3	Image échographique d'une femme enceinte	17
1.4	Une image IRM de la tête.	18
1.5	Des images médicales couleurs	18
1.6	Suppression du muscle pectoral d'une image <i>CT</i> mammographique (MLO)	20
1.7	Isolation du cerveau dans une image IRM par les contours actifs .	20
1.8	Bruit de mesure d'une image IRM du cerveau	21
1.9	Bruit de mouvement dans une image IRM du cerveau	21
1.10	Images IRM bruitées de patients atteints d'une maladie	22
1.11	Expansion de la dynamique d'une IRM cérébrale	25
1.12	Egalisation d'histogramme d'une <i>CT</i> mammographique	25
1.13	Amélioration du contraste par hyperbolization de l'histogramme flou	26
1.14	Correction photométrique des images couleur du mélanome.	28
1.15	Les 8 masques linéaires et courbés utilisés par le CWMF.	29
1.16	Pré-traitement d'une image couleur d'une lésion de la peau	29
1.17	Amélioration du contraste par hyperbolization de l'histogramme flou	30
1.18	Filtrage d'une image mammographique par les filtres en ondelettes	31
1.19	Détection des contours par la méthode de rh-maxima	33
1.20	Détection des contours par la méthode de zéro-crossing	34
1.21	Détection du contour d'une lésion de la peau par les contours actifs	35
1.22	Détection des microcalcifications des seins par croissance de régions	38
1.23	Segmentation d'une image IRM du cerveau par croissance de régions	39
1.24	Principe de la ligne de partage des eaux.	40
1.25	Segmentation d'une image IRM du cerveau par LPE	41
1.26	Segmentation d'une image IRM du cerveau par division-fusion . . .	42
1.27	Segmentation d'un mammogramme du sein par l'algorithme FCM	44
1.28	Segmentation par fusion floue de plusieurs approches classiques . . .	49
2.1	Structure d'un élément d'information (EI).	55
2.2	Schéma général de notre MGSADIM.	57

2.3	Images médicales dont la zone d'intérêt est une région.	61
2.4	Comparaison des fonctions d'adhésion	63
2.5	Comportement de la fonction μ_{RI} relativement à β	64
2.6	Lissage de l'histogramme	65
2.7	Génération des images rehaussées	65
2.8	Détermination du germe dans un mammogramme	67
2.9	Génération des images rehaussées	67
2.10	Classification FCM avec divers valeurs de m	72
2.11	Variation de m relativement au temps de calcul T	73
2.12	Variation de m relativement au taux de classification CR	73
2.13	Courbe représentative de la fonction F_R	79
2.14	Histogramme H_R pour S_R élevé.	82
2.15	Illustration du codage des données.	89
2.16	Illustration de l'approximation polygonale	90
2.17	Comparaison des fonctions de fitness	91
2.18	Notre algorithme d'approximation polygonale	94
2.19	Images originales	94
2.20	Approximation polygonale des points frontières d'une lésion de la peau	95
2.21	Approximation polygonale des points frontières d'une masse mam- mographique	95
2.22	Comparaison des deux fonctions de fitness basée sur $RI90$	96
2.23	Comparaison des deux fonctions de fitness basée sur $RI270$	97
2.24	Comparaison des deux fonctions de fitness basée sur M	97
2.25	Comparaison des deux fonctions de fitness basée sur V	97
2.26	Comparaison des deux fonctions de fitness basée sur SC	98
2.27	Architecture d'un perceptron monocouche.	101
3.1	Architecture globale du système proposé.	109
3.2	Images couleurs des lésions de la peau	110
3.3	Filtrage Médian	111
3.4	Insuffisance du filtrage médian pour la suppression des poils épais	112
3.5	Éléments de structure pour l'opération généralisée de fermeture	113
3.6	Détection des poils	113
3.7	Vérification des poils	114
3.8	Image après suppression des poils	115
3.9	Résultats de la transformation de Karhunen-Loève	117
3.10	Lissage de l'histogramme des intensités	119
3.11	Rehaussement de la lésion avec différentes valeurs de β	120
3.12	Détermination du pixel germe	120
3.13	Détection de la lésion par croissance des régions	121

3.14	Résultats de la segmentation	122
3.15	Dépendance des résultats de la valeur de β	122
3.16	Dépendance des résultats de la valeur de θ	122
3.17	Comparaison de notre approche de segmentation avec celui de [VCd99]	123
3.18	Distribution des attributs relativement aux lésions malignes et bénignes	127
3.19	Etude statistique des taux de classification de 15 attributs	128
3.20	L'angle d'orientation φ d'une forme.	130
3.21	Calcul de l'indice d'asymétrie d'une lésion	131
3.22	Insensibilité de la dimension fractale.	134
3.23	Calcul de la dimension fractal par la méthode des boîtes	135
3.24	Estimation de la dimension fractale du contour d'une lésion	135
3.25	Evaluation de l'homogénéité de la couleur	137
3.26	Une exécution typique de la reconnaissance du type d'une lésion	141
4.1	Architecture globale du système proposé.	148
4.2	Deux images IRM de cerveaux humains pathologiques.	149
4.3	Filtrage médian	149
4.4	Classification FCM selon p	151
4.5	Classification FCM selon c	152
4.6	Extraction de la classe malade	153
4.7	Segmentation en régions	154
4.8	Détection de la zone tumorale dans une IRM du cerveau	155
4.9	Détection de la zone tumorale dans une IRM du cerveau	155
4.10	Extension proposé pour notre modèle MGSADIM.	160
A.1	Représentation ensembliste de la notion de crédibilité.	163
A.2	Représentation ensembliste de la notion de plausibilité.	164

Liste des tableaux

2.1	Comparaison du temps de calcul entre le FCM classique et notre version améliorée.	74
3.1	Résultats du diagnostic par le perceptron monocouche proposé. . .	142

Index

A

Algorithme du rh-maxima, 33
Algorithme de rétro-propagation du gradient, 99–101, 139
Algorithmes génétiques, 46, 87
Allongement, 131
Allèle, 88, 92
Angiographie, 52
Apparence visuelle d'une courbe, 91
Appariement, 81, 84
Approximation polygonale, 86
Approximation universelle, 99
Arbre de décision, 98
Architecture, 100, 140
Atlas, 35, 51

B

Base orthogonale, 24, 115
Basic Belief Assignment, 162
Binarisation, 76
Biopsie, 107, 139
BMP, 110

C

Cadre de discernement, 162
Cancer, 9, 50, 52, 106, 125, 150
Cardiologie, 17, 50, 51
Carte auto-organisatrice de Kohonen, 47
CCD, 108
Central weighted median filter, 29
Cerveau, 145
Champs de Markov, 45
Chromosomes, 87

Classe diagnostique, 98
Classification floue, 43, 69, 150
Coarse-to-Fine, 75
Codage des données, 88
Connaissance a priori, 85
Contours déformables, 34
Contrôle de l'écart maximal, 93
Convolution Neural Networks, 47
Corrélation entre la géométrie et la photométrie, 137
Couple de base, 81
CPU, 94, 126, 128
Crédibilité, 163
Croisement, 92
Croissance de régions, 37, 61
CSF, 47, 151
CT, 51

D

Déconvolution aveugle, 23
Dépistage, 50, 105
Degré d'invariance, 96
Dermatologie, 105
Diamètre, 125
Diffusion anisotrope, 30
Dilatation, 30, 68
Dimension fractale, 132
Distance euclidienne, 114
Distance orthogonale, 96
Dullrazor, 112

E

Echographie, 16
Egalisation d'histogramme, 25

- Élément d'Information, 54
 Description-Décision, 98, 138
 Objet-Observation, 55, 108, 147
 Observation-Observation, 55, 58, 110, 149
 Observation-Primitive, 56, 60, 118, 150
 Primitive-Décision, 56, 85, 154
 Primitive-Description, 86, 124
 Élément de structure, 112
 Entropie, 83
 Erosion, 30, 68
 Erreur de validation, 140
 Expectation Maximisation, 45
 Expert, 68, 133, 154
- F**
- Facteur d'échelle, 93
 FCM, 43, 69, 150
 Fenêtre, 155
 Fermeture, 30
 Filtre, 28
 Daubechies, 31
 de Wiener, 28
 linéaire, 28
 médian, 28, 58, 111, 149
 non-linéaire, 28
 Fonction d'étalement de point, 23
 Fonction d'évaluation d'une partition, 78
 Fonction d'adhésion, 62
 Fonction de fitness, 46, 90
- G**
- Génération, 88
 Gammagraphie, 16
 Gibbs ringing, 22
 GIF, 147
 Gradient, 76, 77, 82, 83, 102, 136
 Gynécologie, 51
- H**
- Histogramme, 64, 119
 Holdout, 140
 Homogénéité de la couleur, 137
 Hotelling Transformation, 23
- I**
- Image binaire, 121
 Indice d'asymétrie, 129
 Indice de compacité, 132
 Inférence bayésienne, 161
 IRM, 17, 51, 147
 ITS, 27
- J**
- Jeu de masses, 138, 162
- K**
- KNN, 47, 98
- L**
- Labélisation, 76
 Laplacien, 33
 Learning Vector Quantization, 47
 Ligne de partage des eaux, 40
 Live Lane, 34
 Live Wire, 34
 Logique floue, 62
- M**
- Mélanome, 105
 Méthode d'expansion de dynamique, 24
 Méthode statistique bayésienne, 44
 Mahalanobis, 152
 Mammogramme, 19
 Masque, 76
 de Canny, 76
 de Prewitt, 76
 de Sobel, 76
 Matrice de cooccurrences, 84
 Matrice de covariance, 59, 115
 MGSADIM, 53, 102

- Modified FCM, 44
 Moments d'inertie, 129
 Morphologie mathématique, 40
 Muscle pectoral, 19
 Mutation, 92
 Méthode des boîtes, 134
 Méthode des nuées dynamiques, 78
- N**
- Neurologie, 145
 Neurone, 99, 103
- O**
- Ondelettes, 31
 Opérateurs, 22
 - différentiels, 33
 - globaux, 23
 - locaux, 28
 - ponctuels, 24
 Opacité, 61
 Optimisation stochastique, 87
 ORL, 18
 Orthopédie, 51
 Ouverture, 30
- P**
- Peau étalon, 27
 Perceptron, 100
 Pixel germe, 66, 120
 Plausibilité, 163
 Poids, 80, 140
 Population, 88
 Pouvoir discriminatoire, 126
 Pré-dépistage, 50
 Première composante principale, 24, 60
 Probabilité pignistique, 163
 Problème combinatoire, 87
 Problème de Satisfaction des Contraintes, 45
 Processus de haut niveau, 14, 49
 Prototype, 69, 152, 153
- Préservation des angles, 93
 Préservation des droites, 93
- Q**
- Quadtree, 42
- R**
- Répartition "Apprentissage/Test", 140
 Réseau de neurones, 46, 99
 Radiologie, 16
 Rayons X, 51
 Recalage, 51
 - non-rigide, 51
 - photométrique, 27
 - rigide, 51
 Recherche dichotomique, 79
 Reconstruction 3D, 50, 51
 Restauration des images, 23
 Rotation, 93
 RVB, 27
 Règle ABCD, 106, 124
 Règle de sommation orthogonale de Dempster, 164
 Régularité du contour, 136
- S**
- Sélection, 89
 Scanner, 16
 Scintigraphie, 16
 Segmentation, 32
 - en contours, 32
 - en régions, 36
 - hiérarchique, 75, 150, 153
 - ascendante, 75
 - descendante, 75
 Selective Median Filter, 28
 Sensibilité, 140
 Sequential Floating, 159
 - Backward Methods, 159
 - Forward Methods, 159
 - Search Methods, 159
 Seuillage, 37, 75, 113, 118

Seven Point Checklist, 106
SGADIM, 53
Sigmoides, 100
Sous-segmentation, 77, 84
Spécificité, 140
Structure de Delaunay, 42
Structure de Vornoi, 42
Sur-segmentation, 77, 83, 84, 149, 154
Surface cumulée, 96
Système visuel humain, 26

T

Tangente hyperbolique, 100
Taux de classification réussie, 128
Théorie de Dempster-Shafer, 138, 161
Théorie de l'évidence, 161
TLS, 27
Tomodensitométrie, 16
Transformée de Karhunen-Loève, 23, 59
Transformation de chapeau haut de forme, 30
Transformée de Hough, 19
Transition de la pigmentation, 136
Translation, 93
Télémédecine, 49

U

Ultrason, 16, 22
Ultraviolet, 106
Union, 113

V

Valeurs propres, 24
Variance, 24, 37, 59, 60, 77, 78, 96, 151
Vecteur descriptif, 124
Vecteurs propres, 24

W

White Top-Hat Transform, 30

Z

Zero-crossing, 33
Zone d'intérêt, 60

Résumé

Ce mémoire présente un modèle générique pour les systèmes d'aide au diagnostic basés sur les images médicales. La modélisation proposée se base sur l'introduction de quatre éléments d'information (EI). Un EI Objet-Observation permet l'acquisition de l'image médicale qui est ensuite améliorée par un EI Observation-Observation (pré-traitement). Puis, un EI Observation-Primitive détecte l'ensemble de régions formant la zone d'intérêt (ZI). Pour ce faire, nous avons introduit deux méthodes selon que cette zone est composée d'une ou de plusieurs régions. Pour le premier cas, nous avons développé une méthode de croissance de régions basée sur deux étapes principales : le rehaussement de la région d'intérêt en introduisant une nouvelle fonction d'adhésion et la détection automatique du germe. Pour le deuxième cas, nous avons proposé une version améliorée de l'algorithme FCM permettant d'isoler la classe contenant ZI. Ensuite, pour extraire la zone d'intérêt, nous avons développé un algorithme de segmentation hiérarchique en régions par seuillage adaptatif. Enfin, un EI Primitive-Décision met en oeuvre un réseau de neurones de type perceptron pour associer chaque région de la zone d'intérêt à une classe diagnostique. Toutefois, dans les cas où la prise de décision à partir de l'observation de ZI est impossible, un EI Primitive-Description intermédiaire quantifie les caractéristiques de ZI par un ensemble de descripteurs reflétant les signes cliniques de la pathologie. En ce qui concerne le calcul des caractéristiques géométriques, une méthode d'approximation polygonale basée sur les algorithmes génétiques a été envisagée. En termes d'applications, nous avons mis en oeuvre ce modèle générique dans le cadre de deux applications représentatives : la première consiste à réaliser un système de dépistage du mélanome (cas où la zone d'intérêt est composée d'une seule région) et la deuxième concerne la détection des zones tumorales dans les images IRM du cerveau humain (cas où plusieurs régions composent la zone d'intérêt).

Mots-Clés : Aide au diagnostic médical, Segmentation, Classification, Élément d'information, Réseaux de neurones, Algorithmes génétiques, Mélanome, Cerveau.

Abstract

This report describes a generic model for computer-aided diagnosis systems based on medical images. The proposed modelling is based on the introduction of four elements of information (EI). An EI Object-Observation allows the medical image's acquirement. This image is then improved by an EI Observation-Observation that eliminates the undesirable objects (pre-treatment). Then, an EI Observation-Primitive detects the set of the regions forming the zone of interest (ZI). To realize it, we introduced two methods depending on whether this zone is composed of one or several regions. For the first case, we developed a regions growing method based on two principal steps : the rehaussement of the region of interest while introducing a new function of adherence and the automatic detection of the germ. For the second case, we proposed an ameliorated version of the FCM algorithm that permits the isolation of the class containing ZI. Then, to extract the zone of interest, we developed an hierarchical algorithm of segmentation in regions by adaptive thresholding. Finally, an EI Primitive-Decision uses a perceptron neural network in order to associate every region of ZI with a diagnostic class. However, when the decision making from the observation of ZI is impossible, an intermediate EI Primitive-Description quantifies the characteristics of ZI by a set of features reflecting clinic signs of the pathology. Concerning the geometric features calculation, a polygonal approximation method based on the genetic algorithms has been considered. In terms of applications, we put in work this generic model in the setting of two representative applications: the first consists in achieving a system of melanoma tracking (case where the zone of interest is composed of only one region) and the second concerns the detection of tumoral zones in MRI images of human brain (case where several regions compose the zone of interest).

Key-Words : Computer-aided diagnosis, Segmentation, Classification, Element of information, Neural networks, Genetic algorithms, Melanoma, Brain.