



جامعة أبو بكر بلقايد - تلمسان

Université Abou Bakr Belkaïd de Tlemcen

Faculté de Technologie

Département de Génie Biomédical

Laboratoire de Recherche de Génie Biomédical

MEMOIRE DE PROJET DE FIN D'ETUDES

Pour l'obtention du Diplôme de

MASTER en GENIE BIOMEDICAL

Spécialité : Signaux et Images en Médecine

Présenté par : Zeggai Kheira et Zebouchi Aoumria

**Segmentation des images IRM du cerveau
et reconstruction 3D**

Soutenu le 26 mai 2016 devant le Jury

Mme ILES Amel	<i>MCB</i>	Université de Tlemcen	Président
Mme LOUDJEDI Kamila	<i>MCB</i>	Université de Tlemcen	Encadreur
Melle BENSGHIR Sihem	<i>MCB</i>	Université de Tlemcen	Examinatrice

Année universitaire 2015-2016

REMERCIEMENTS

Avant tout nous remercions le bon Dieu le tout puissant de nous avoir donné le courage et la volonté pour réaliser ce modeste travail.

Avec tout le respect, nous tenons à remercier vivement tout le corps enseignant de l'université de Tlemcen AboubekrBelkaid qui nous a suivis tout au long de nos études.

Nous réservons une couronne de remerciements qui restera éternelle à notre encadreur Mme K.LoudjediMaitrede conférences à la faculté de technologie qui nous a aidé à atteindre nos objectifs avec ses fructueuses orientations.

Nous remercions si chaleureusement M.A.Iles ;Docteur à la faculté de technologie, Université de Tlemcen, qui nous a fait l'honneur de présider le jury de notre soutenance.

Nous remercions également Mme S.Bensghir Maitrede conférences à la faculté de technologie, Université de Tlemcen, pour avoir accepté d'examiner ce travail.

Nous tenons à exprimer nos vifs remerciements à l'équipe d'imagerie au sein de l'hôpital Militaire Régional Universitaire d'Oran (HMRUO).

Nous remercions nos parents et nos proches pour l'amour et le soutien constant qu'ils nous ont témoigné tout au long de notre parcours.

Merci à tous nos amis pour leurs encouragements et à toute la promotion Master2 SIM qui nous a accompagné durant toutes les années d'études.

Enfin nous remercions tous ceux qui ont contribué de près ou de loin à l'aboutissement de ce travail.

Dédicaces

A la mémoire de mon cher père

A ma très chère mère

A mon frère : Abdellah

A mes sœurs : Hanane et Rahyle

A mes grands-parents, mes oncles, mes tantes, mes cousins, cousines et toute ma grande famille.

A ma très chère binôme Omria pour sa participation et son aide.

A mes enseignants et surtout madame Loudjedi Kamila qui m'a aidé pendant la durée de ce travail.

A tous mes amis de l'Université et d'ailleurs

A mes meilleurs amis Souad et Amel

A tous ceux qui m'aiment et qui ont cru en moi !

Qu'ils trouvent dans ce modeste travail l'expression de ma Reconnnaissance, mon amour, mon amitié et mon estime.

Zeggai kheira

Dédicaces

A la mémoire de mon cher père

A ma très chère mère

A mes frères

A mes sœurs

A mes oncles, mes tantes, mes cousins, cousines et toutema grande famille.

A matrès chère binôme kheira pour sa participation et son aide.

*A mes enseignants et surtout madame Loudjedi Kamila qui m'a aidé
pendant la durée de cetravail.*

A tous mes amis de l'Université et d'ailleurs

A mes meilleurs amis, Hoda, Souadet Amel

A tous ceux qui m'aiment et qui ont cru en moi !

*Qu'ils trouvent dans ce modeste travail l'expression de ma reconnaissance,
mon amour, mon amitié et mon estime.*

Zebouchi Aoumria

Table des matières

Chapitre I : Contexte médical

I.1.	Introduction.....	1
I.2.	Description macroscopique et microscopique du cerveau.....	1
I.2.1.	Description macroscopique.....	1
I.2.2.	Description microscopique.....	1
I.3.	Anatomie cérébrale.....	2
I.3.1.	L'encéphale.....	2
I.3.2.	Les tissus du cerveau.....	2
I.3.2.a.	La matière grise.....	2
I.3.2.b.	La matière blanche.....	3
I.3.2.c.	Les méninges.....	4
I.3.2.d.	Le liquide céphalo-rachidien.....	4
I.4.	Lésions cérébrales.....	5
I.5.	Tumeur cérébrale.....	6
I.5.1.	Définition.....	6
I.5.2.	Les tumeurs cérébrales bénignes.....	6
I.5.3.	Les tumeurs cérébrales malignes.....	6
I.5.4.	Développement.....	7
I.5.5.	Symptômes des tumeurs cérébrales.....	7
I.5.6.	Les facteurs de risques.....	8
I.5.7.	Types de tumeurs cérébrales.....	8
I.5.8.	Le diagnostic des tumeurs cérébrales.....	9
I.5.8.a.	Examen clinique.....	9
I.5.8.b.	Imagerie médicale.....	9
I.5.8.c.	La biopsie cérébrale.....	10
I.5.8.d.	Examens complémentaires.....	10
I.6.	Imagerie par résonance magnétique.....	10
I.6.1.	Introduction.....	10
I.6.2.	Imageur IRM.....	10
I.6.3.	Principe de l'IRM.....	11
I.6.3.a.	La résonance.....	12
I.6.3.b.	La relaxation.....	13
I.6.3.c.	Formation de l'IRM.....	13
I.6.3.d.	Pondération et séquences des images IRM.....	14

I.6.3.e.	Défauts des images IRM (artefacts).....	16
I.7.	Conclusion	18

Chapitre II : Segmentation des images IRM

II.1.	Introduction	19
II.2.	Les principales méthodes de segmentation.....	19
II.2.1.	Définition	19
II.2.2.	Les différentes approches de segmentation	20
II.2.2.a.	Segmentation orientée contours.....	20
II.2.2.a.1.	Les méthodes « bas niveau »	20
II.2.2.a.2.	Les méthodes par morphologie mathématique	21
II.2.2.a.3.	Les méthodes par modèles déformables	22
II.2.2.b.	Segmentation orientée régions.....	23
II.2.2.b.1.	Seuillage et morphologie mathématique	23
II.2.2.b.2.	Les méthodes par croissance de région	24
II.2.2.b.3.	Algorithme non-paramétrique de type mean-shift.....	25
II.2.2.b.4.	Les méthodes par classification	25
1.	Approches supervisées	25
2.	Approches non supervisées	25
2. a.	Classification par K-Means	26
2. b.	La classification floue	27
2. b.1.	La logique floue	27
2. b.2.	La théorie des sous -ensembles flous	27
2. b.3.	L' algorithme Fuzzy C-means (FCM).....	28
2. b.4.	Solution du problème d'optimisation	29
2. b.5.	Déffuzification	30
2. b.6.	Travaux utilisant la segmentation par FCM.....	30
II.3.	Méthodes d'optimisation méta-heuristiques	31
II.3.1.	Optimisation par essaim particulaire	31
II.4.	méthode hybride, floue optimisation par essaim de particules (FPSO).....	33
II.5.	Conclusion	35

Chapitre III : Application

III.1.	Introduction	36
III.2.1.	Méthodologie	36
III.2.2.	Justification scientifique de notre sujet	38
III.2.3.	Environnement du travail	38
III.3.	Format DICOM	38
III.4.	Base de Données	39

III.4.1.	Interprétation par l'expert.....	40
III.5.	Prétraitement	41
III.5.1.	Filtre médian	41
III.5.2.	Diffusion anisotropie	41
III.5.3.	Tests des filtres de prétraitement.....	43
III.6.	Pré-segmentation.....	45
III.7.	Segmentation.....	47
III.7.1.	Application de la méthode K- moyennes	47
III.7.2.	Application de la méthode FCM	50
III.7.3.	Application de la méthode FPSO	52
III.8.	Comparaison des trois méthodes et l'évaluation des performances	54
III.9.	Détection de la tumeur et les matières grise et blanche	61
III.10.	Reconstruction3D.....	63
III.11.	Reconstruction 3D de la tumeur.....	65
III.12.	Conclusion.....	67

Liste des figures et des tableaux

-figures-

Figure I. 1 - Anatomie du cerveau.....	2
Figure I. 2 - Structure anatomique de la matière grise	3
Figure I. 3 - Les méninges.....	4
Figure I. 4 - Mouvement de l'hydrogène soumis au champ B_0	12
Figure I. 5 - Les composantes de l'aimantation lors de l'excitation	12
Figure I. 6 - Les axes de coupe	13
Figure I. 7- L'angle de basculement	15
Figure I. 8- Différentes modalités d'images cérébrales IRM	16
Figure I. 9- L'inhomogénéité RF	17
Figure II. 1 - Approches duales de la segmentation.....	20
Figure II. 2 - Représentation 3D d'une image 2D.....	21
Figure II. 3- Histogramme à plusieurs vallées	23
Figure II. 4- Stratégie de déplacement dans un essaim particulière	32
Figure III.1- Schéma des différentes étapes du système d'analyse d'images IRM.....	37
Figure III.2- Exemples d'images de notre base.....	39
Figure III.3- Application du filtre de diffusion anisotrope et du filtre médian	42
Figure III.4- (a)Image originale en coupe axiale. (b)Image originale en coupe coronale.....	44
Figure III.5- (a)Image améliorée, (b) Image érodée,(b)Bouchage des trous, (c) Extraction du cerveau	45
Figure III.6- Résultats de segmentation (k-means)..	48
Figure III.7- Résultats de segmentation (FCM)..	50
Figure III.8- Résultats de segmentation (FPSO)..	52
Figure III.9- Comparaisons des trois méthodes avec le critère PSNR pour la segmentation de la tumeur cérébrale	56
Figure III.10-Comparaisons des trois méthodes avec le critère entropie pour la segmentation de la tumeur cérébrale	56
Figure III.11- Comparaisons des trois méthodes en termes des deux critères V_{pc} et V_{pe} pour la segmentation de la tumeur cérébrale	57
Figure III.12 - Minimisation de la fonction objective pour les deux algorithmes FCM (a) et FPSO (b).	57

Figure III.13- Détection et extraction de la matière blanche par FPSO/Reconstruction géodésique	61
Figure III.14- Détection et extraction de la matière grise par FPSO/Reconstruction géodésique	61
Figure III.15- Détection et extraction de la tumeur par FPSO/Reconstruction géodésique.....	61
Figure III.16- Remplissage de la tumeur. Avant (a) après (b)	62
Figure III.17 - Montage des 8 coupes axiales de la tumeur sur les 24 coupes axiales.....	64
Figure III.18 - Reconstruction 3D de la tumeur	65
Figure III.19 - Reconstruction 3D de la MB +tumeur(a), MB(b), MG(c)	65

-Tableau-

Tableau I.1- Tableau récapitulatif tumeurs bénignes/malignes.	7
Tableau III.1- Résultat d'évaluation de la qualité des images filtrées.	43
Tableau III.2- Comparaison des trois méthodes de segmentation	59

Liste des acronymes utilisés

IRM	Imagerie par Résonance Magnétique ou Images de Résonance Magnétique
RMN	Résonance Magnétique Nucléaire
LCR	Liquide Céphalo-Rachidien
MG	Matière Grise
MB	Matière Blanche
SNC	Système Nerveux Central
T1	Séquence T1
P	Séquence densité de protons
T2	Séquence T2
TR	Temps de répétition
TE	Temps d'écho
FCM	c-moyennes floues
PSO	L'optimisation par essaim particulaire
FPSO	floue optimisation par essaim de particules
PSNR	Rapport signal sur bruit
V_{pc}	Coefficient de partition
V_{pe}	Entropie de partition

Introduction générale

Introduction générale

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) a connu un véritable essor ces dernières années. Cette modalité d'imagerie est devenue un outil de plus en plus important en médecine du cerveau ou dans la recherche en neurosciences cognitives.

Pour diagnostiquer certaines maladies liées à des lésions cérébrales internes, le médecin doit analyser des images médicales. Pour étudier l'évolution d'une tumeur, il est nécessaire de connaître avec exactitude les changements survenus sur ces images. L'interprétation visuelle des IRM cérébrales, n'est pas toujours sûre. C'est pour cela que le besoin d'une interprétation automatique qui permet d'assister les médecins dans leur prise de décision s'est fait ressentir.

Ainsi, pour une identification et un diagnostic fiables, dans le domaine médical, la précision est primordiale. En termes d'analyse d'images, il est plus que nécessaire qu'une segmentation soit précise. Les possibilités de traitement automatique de ces images sont pourtant délicates, car des capacités aussi banales pour l'œil humain que la reconnaissance d'un objet posent de réelles difficultés pour l'outil informatique.

De plus, la plupart des images médicales sont affectées, par des artefacts, qui rendent difficile la segmentation. Ces artefacts ont des origines différentes, ils peuvent être dus aux bruits, au patient lui-même à cause de ses mouvements, volontaires ou pas, pendant l'acquisition de l'image. Outre ces types d'artefacts, les Images par Résonance Magnétique

(IRM) sont particulièrement caractérisées par l'effet de volume partiel que l'on retrouve lorsqu'un pixel ayant un certain niveau de gris correspond en réalité à un mélange de deux ou plusieurs tissus ; les pixels sont ici appelés mixels. Cet artefact existe principalement aux frontières entre tissus.

Aujourd'hui, la masse d'informations produites par l'imagerie médicale a considérablement augmenté. Si les acquisitions médicales ont d'abord été 2D elles sont aujourd'hui majoritairement 3D. Ainsi, des examens IRM sont souvent réalisés pour la préparation d'opérations neurochirurgicales ou pour l'étude de pathologies cérébrales (accident vasculaire cérébral, tumeur, sclérose en plaques, etc).

Les motivations

L'objectif visé dans le cadre de ce mémoire est d'étudier différents algorithmes de segmentation et de les tester sur les images cérébrales. Nous nous intéressons en particulier aux tumeurs cérébrales. La question qui se pose est quel algorithme saura préserver le mieux l'information originale tout en permettant d'extraire la tumeur pour pouvoir par la suite, la caractériser et éventuellement la classifier. En effet la plupart des algorithmes utilisent une phase de prétraitement qui peut par exemple atténuer l'irrégularité du contour de la tumeur, ce qui fausserait son classement. Nous n'aborderons pas la phase de classification mais uniquement la phase de segmentation et d'évaluation des différents algorithmes.

Introduction générale

Organisation du travail

Ce mémoire s'articule autour de trois chapitres :

Le premier chapitre est dédié au cadre médical. Il introduit les termes et concepts essentiels pour appréhender l'analyse des images IRM cérébrales. Nous y présentons quelques notions d'anatomie du cerveau, puis introduisons les principes de l'imagerie par résonance magnétique cérébrale.

Nous présentons dans le chapitre deux, les méthodes de segmentation d'images, nous y avons décrit un certain nombre de méthodes classiques de segmentation, soit par approche contour ou par approche région.

Le chapitre trois est consacré à la présentation des résultats par les algorithmes que nous avons implémenté (K-moyenne, FCM et FPSO). Ensuite, nous effectuons une comparaison entre les trois méthodes. Nous exposerons également notre contribution personnelle dans la mise œuvre de l'algorithme globale permettant d'extraire les différentes structures cérébrales en vue d'une reconstruction 3D. Nous terminons ce travail par une conclusion générale.

Chapitre I – Contexte médical

I.1. Introduction

Malgré les avancées technologiques dans le domaine médical, et en particulier en imagerie médicale, l'étude du cerveau humain est un problème difficile et reste un sujet de recherche d'actualité.

Ce chapitre est consacré à la description des images médicales sur lesquelles a porté notre travail de mémoire.

La description proposée est faite tant du point de vue du contenu des images que des différentes caractéristiques liées au processus d'acquisition. Il s'avère en effet très important, en particulier dans le domaine du traitement d'images médicales, de prendre conscience à la fois du sens physique des images liées aux techniques d'acquisition, et des considérations anatomiques liées à la structure étudiée.

Comme les images à traiter sont des images IRM, nous présentons l'imagerie par résonance magnétique, ses caractéristiques ainsi que ses défauts. Mais avant tout, nous évoquons l'imagerie cérébrale et quelques notions d'anatomie et de pathologies cérébrales qui vont nous permettre d'introduire les différentes structures anatomiques qui doivent être localisées et identifiées dans les images.

I.2. Description macroscopique et microscopique du cerveau

I.2.1. Description macroscopique

Le cerveau humain est un organe impair de forme schématiquement ovoïde à grand axe antéropostérieur, dont le volume moyen est de 1100 cm³ chez la femme et de 1400 cm³ chez l'homme. Le poids du cerveau varie de 1400 à 1800 grammes. Il occupe la boîte crânienne, mais il n'est pas en contact direct avec la cavité osseuse. Il baigne dans le liquide cébro-spinal à l'intérieur d'une enceinte liquidienne [1]. Cette enceinte est localisée dans l'enveloppe méningée dure qui s'étend du crâne, ou elle adhère à l'os, à la colonne vertébrale, où elle est à distance du canal osseux, ce qui constitue l'espace épidual.

I.2.2. Description microscopique

D'un point de vue microscopique, le tissu nerveux se compose de cellules nerveuses (neurones) et de cellules gliales (cellules de soutien et de protection) qui dérivent de l'ectoderme. Les vaisseaux et les méninges n'appartiennent pas au tissu nerveux et dérivent du mésoderme. Le neurone est la cellule qui constitue l'unité fonctionnelle du névraxe. Les neurones sont de 10 à 50 fois nombreuses que les cellules gliales. Le système nerveux humain comprend environ 100 milliards de neurones. Les neurones assurent la transmission d'un signal où ce que l'on appelle l'influx nerveux [1].

1.3. Anatomie cérébrale

1.3.1. L'encéphale

L'encéphale est constitué du tronc cérébral, du cervelet et du cerveau. L'ensemble flotte dans un coussin protecteur de liquide céphalo-rachidien (LCR). Le tronc cérébral est situé dans la fosse postérieure du crâne, sous le cerveau. Il représente un carrefour majeur du système nerveux central entre le cerveau, en haut, le cervelet, en arrière et la moelle épinière en bas. Le cervelet est le centre nerveux chargé de la coordination des mouvements. C'est la deuxième plus grosse structure de l'encéphale après le cortex. Il est issu de la partie dorsale du métencéphale et est relié au reste de l'encéphale par les pédoncules cérébelleux. Le cerveau est constitué de deux hémisphères séparés par un profond sillon médian. Les deux hémisphères sont reliés par des faisceaux de fibres appelés commissures (Figure I.1.) [2].

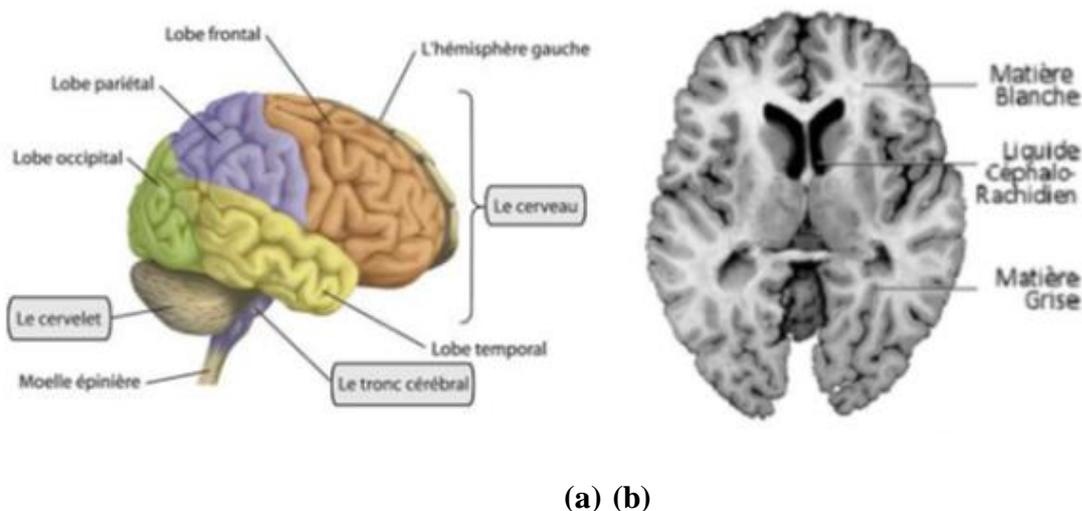


Figure I.1 - Anatomie du cerveau

(a) l'encéphale (cerveau, cervelet, tronc cérébral) ; (b) les trois matières principales de l'encéphale.

1.3.2. Les tissus du cerveau

1.3.2.a. La matière grise

La matière grise est répartie en deux types de structures : le cortex et les noyaux. D'un point de vue topologique, le cortex peut être représenté par une sphère dont l'épaisseur varie de 4 à 5 mm et recouvre une surface totale de plus de 2 m. Afin de pouvoir loger dans la

boîte crânienne, le cortex est replié formant des arêtes (circonvolutions) et des vallées (fissures).

Le cortex cérébral de l'homme contient environ 80% des corps cellulaires de tout le système nerveux.

La forme et la position des plis corticaux sont très variables d'un individu à l'autre. Les noyaux gris sont des regroupements de substance grise, situés à l'intérieur de l'encéphale. Ils sont constitués du noyau caudé, du putamen, du globus pallidus, du corps de Luys (noyau sous-thalamique) et de la substance noire (Figure I.2.) [2].

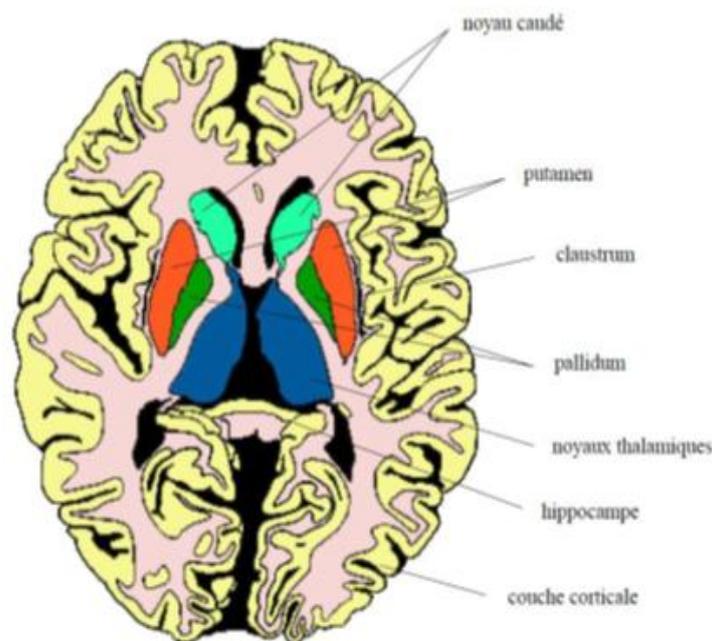


Figure I.2- Structure anatomique de la matière grise.

1.3.2.b. La matière blanche

La substance blanche contient les axones qui sont les prolongements des neurones. Ces prolongements sont entourés d'une gaine de myéline et de cellules de nature non nerveuse participant à la structure du tissu interstitiel neuronal : la névroglie. Le rôle de la substance blanche est d'assurer la conduction de l'influx nerveux [3].

I.3.2.c. Les méninges

Les méninges sont trois **membranes conjonctives** qui entourent la moelle épinière et l'encéphale.

- La **pie-mère** est une fine membrane de tissu conjonctif, très vasculaire, au contact immédiat de l'encéphale et de la moelle épinière et l'encéphale.
- L'**arachnoïde** est un mince membre conjonctif, avasculaire, localisée entre la dure-mère et la pie-mère.
- La **dure-mère** est le feuillet externe des méninges. Elle est constituée de tissu conjonctif dense qui se divise en une couche externe périostée (endostée) et une couche interne, méningée. Cette dernière forme les plis duraux. Les sinus veineux de la dure-mère sont localisés entre les couches périostées et méningées de la dure-mère (Figure I.3)[4].

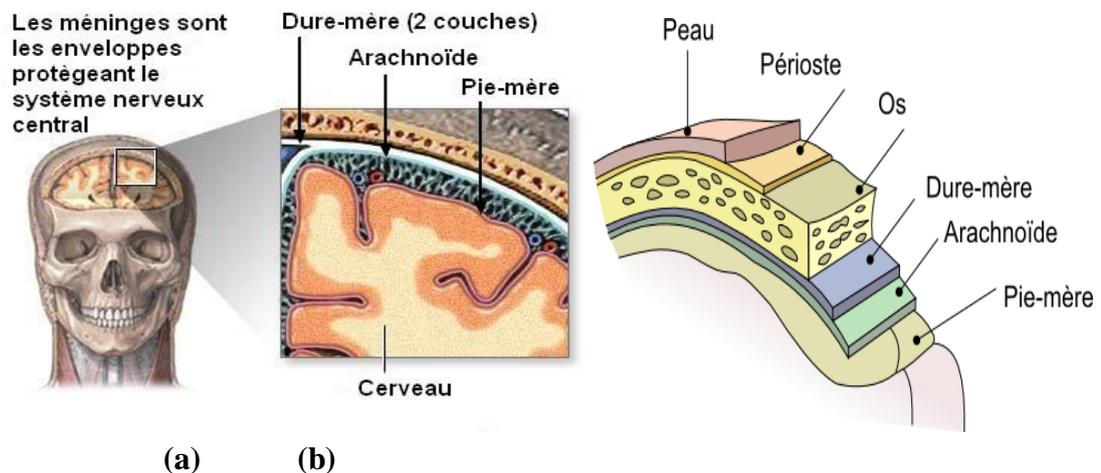


Figure I.3 - Les méninges
(a) la dure mère ; (b) vue en coupe des feuillets des méninges.

I.3.2.d. Le liquide céphalo-rachidien

Le liquide céphalo-rachidien est une substance transparente constituée de 99% d'eau. Il forme un coussin protecteur pour le système nerveux central (SNC) et le nourrit. Le LCR est contenu dans le SNC, dans deux zones anatomiques bien distinctes :

- **Le système interne** est constitué par les ventricules cérébraux, qui sont au nombre de quatre :
 - les ventricules latéraux (un dans chaque hémisphère cérébral),
 - le troisième ventricule se situe entre les deux thalamus
 - le quatrième ventricule se trouve en arrière du tronc cérébral ;

Les ventricules latéraux communiquent avec le troisième ventricule via le trou de Monro, et le quatrième ventricule avec le troisième ventricule par l'intermédiaire de l'aqueduc de Sylvius.

Ce sont les plexus choroïdes contenus dans les ventricules cérébraux qui sécrètent le liquide céphalo-rachidien;

- **Le système externe** appelé également système de résorption : il s'agit des cavités situées en dessous de l'arachnoïde. Cette cavité est plus précisément située entre la pie-mère et l'arachnoïde.

Le compartiment ventriculaire et le compartiment de résorption communiquent entre eux au niveau de la partie inférieure du cervelet par un foramen ventriculaire appelé trou de Magendie[2].

1.4. Lésions cérébrales

Une lésion cérébrale est une lésion qui touche le cerveau. En général, il s'agit d'une destruction plus ou moins étendue du tissu nerveux entraînant un déficit dans la perception, la cognition, la sensibilité ou la motricité en fonction du rôle que jouait la région atteinte dans l'architecture neurocognitive. Cette lésion peut être de nature diverse : ischémique, hémorragique, compressive par un processus extensif de type tumoral ou un hématome [5].

Après l'âge de vingt ans, nous perdons chaque jour des milliers de neurones. Il existe en outre un certain nombre de maladies, tel que la maladie de Parkinson, la maladie d'Alzheimer et les tumeurs du cerveau, qui augmentent cette dégénérescence cellulaire.

Les neurones peuvent aussi être endommagés par une blessure à la tête ou par un problème d'irrigation des tissus cérébraux (attaque ou accident vasculaire cérébral). Enfin, il peut arriver que les chirurgiens soient obligés de retirer une partie des tissus en procédant à l'ablation d'une tumeur cérébrale.

Lorsque des cellules d'une région spécifique sont lésées, les troubles observés correspondent aux fonctions organiques normalement assurées par cette région. Dès que la pathologie est plus diffuse et que des cellules meurent, quelle que soit leur localisation, on constate l'apparition de troubles démentiels (perte des fonctions cérébrales globales), de pertes de la mémoire, troubles de personnalité ou du comportement et du raisonnement. Ces symptômes peuvent entraîner des symptômes psychologiques tels qu'un isolement social, des modifications brusques de l'humeur, de l'anxiété, des oublis et une négligence de soi. Les sujets, victimes de ces troubles, sont généralement conscients, du moins au début ; car, à mesure que les neurones sont détruits.

Dans les cas où un nombre limité de neurones disparaissent dans une région particulière du cerveau, les manifestations sont moins graves. La nature des dysfonctionnements dépend alors de la position exacte des lésions. Toutefois, le cerveau étant un organe très complexe et

aux interconnexions multiples, il n'est pas aisé de désigner une région spécifique comme responsable d'une fonction donnée.

Dans ce qui précède, nous avons présenté des généralités sur les lésions cérébrales. Dans ce qui suit, nous décrivons, les tumeurs du cerveau [6].

1.5 Tumeur cérébrale

1.5.1. Définition

Le cerveau peut être le siège de près d'une dizaine de types de tumeurs qui sont classées selon les cellules qui les composent. Une tumeur est toute masse qui résulte d'une multiplication (division) accrue de cellules anormales. Elle peut être également appelée un néoplasme ou une excroissance (masse).

- Les tumeurs cérébrales dites «primaires» sont celles qui se développent directement à partir des cellules du cerveau et de son enveloppe. Elles peuvent être bénignes ou malignes.
- Les tumeurs cérébrales secondaires (ou métastatiques) sont constituées de cellules provenant d'un autre organe, le plus souvent des poumons, des seins, des reins ou de la peau (mélanome). Les cellules tumorales de ces organes peuvent migrer vers le cerveau en empruntant le plus souvent la voie sanguine.

1.5.2. Les tumeurs cérébrales bénignes

Les tumeurs cérébrales bénignes sont constituées de cellules qui croissent lentement. Bien qu'elles n'envahissent pas les tissus avoisinants, elles peuvent être à l'origine des symptômes importants si elles exercent une pression sur des zones sensibles du cerveau. Si une tumeur bénigne interfère avec des fonctions vitales (parole, mobilité, etc.), ses effets peuvent être aussi dangereux que ceux d'une tumeur maligne.

1.5.3. Les tumeurs cérébrales malignes

Les tumeurs cérébrales malignes contiennent des cellules qui se multiplient rapidement, leurs contours ne sont pas bien définis, elles croissent rapidement et peuvent envahir et endommager des structures cérébrales importantes. Toutes les lésions cérébrales métastatiques sont considérées comme malignes. Le tableau I.1 compare les caractéristiques des tumeurs malignes et bénignes [8].

Tableau I.1- Tableau récapitulatif tumeurs bénignes/malignes.

<i>Tumeurs bénignes</i>	<i>Tumeurs malignes</i>
Bien limitée	Mal limitée
Encapsulée	Non encapsulée
Histologiquement semblable au tissu d'origine (bien différenciée)	Plus ou moins semblable au tissu d'origine
Cellules régulières	Cellules irrégulières (cellules cancéreuses)
Croissance lente	Croissance rapide
Refoulement sans destruction des tissus voisins	Envahissement des tissus voisins
Pas de récurrence locale après exérèse complète	Exérèse complète difficile. Récurrence possible après exérèse supposée complète
PM% Pas de métastase	Métastases

1.5.4. Développement

Les cancers du cerveau se développent à l'intérieur du crâne, dont la structure est rigide. Au fur et à mesure de leur développement, elles augmentent la pression intracrânienne et compriment les zones fonctionnelles du cerveau. Les tumeurs cérébrales interagissent ainsi avec le fonctionnement normal du cerveau, mettant en jeu la vie du patient de manière immédiate.

Les multiples recherches sur les facteurs environnementaux et héréditaires ne permettent pas, à l'heure actuelle, de définir clairement la relation entre ces facteurs et le développement d'une tumeur cérébrale. Par ailleurs, les recherches progressent dans un certain nombre de nouveaux domaines tels que les oncogènes (gènes spécifiques associés au cancer) et la production anormale de facteurs de croissance spécialisés. Les tumeurs cérébrales se développent rarement en relation avec des maladies génétiquement transmises telles que la neurofibromatose, la maladie de Von Hippel Lindau ou la sclérose tubéreuse de Bourneville [9].

1.5.5. Symptômes des tumeurs cérébrales

Les symptômes cliniques sont très variables. Ils dépendent de la localisation de la tumeur, de sa taille et de sa vitesse d'évolution. Ils apparaissent le plus souvent de façon progressive (sur quelques semaines ou quelques mois) mais peuvent être plus soudains. Par exemple, il

peut s'agir de céphalées ou migraines, crises d'épilepsie, vertiges/étourdissements, déficits moteurs ou sensitifs, nausées matinales/vomissements, troubles auditifs, troubles visuels, changement de la personnalité[2].

1.5.6. Les facteurs de risques

Pour la majorité des tumeurs du cerveau, les causes sont inconnues. À de très rares exceptions, ces cancers ne sont pas d'origine génétique. Mais la plupart des types de tumeurs du cerveau et de la moelle épinière apparaissent plus souvent chez l'homme que chez la femme. Seul le méningiome est plus fréquent chez la femme que chez l'homme. Un certain nombre de ces tumeurs se manifestent au cours de l'enfance ; les taux de cancers du cerveau et de la moelle augmentent dans la vingtaine. Les taux ont tendance à être plus bas chez les personnes âgées de 70 ans et plus[6].

Les facteurs de risque sont habituellement classés des plus importants au moins important. Mais dans la plupart des cas, il est impossible de les classer avec une certitude absolue. On peut citer :

- Téléphone cellulaire.
- Exposition à la radiation.
- Troubles héréditaires.
- Antécédents familiaux de tumeurs cérébrales.
- Antécédents personnels de cancer infantile.
- Système immunitaire affaibli.

1.5.7. Types de tumeurs cérébrales

La classification officielle des tumeurs cérébrales de l'Organisation mondiale de la santé (OMS) s'effectue selon des critères d'origine cellulaire et selon leur degré de malignité.

- Les **tumeurs neuroépithéliales** représentent les tumeurs cérébrales primaires les plus fréquentes. Elles prennent pour origine les neurones ou les cellules entourant les neurones (les cellules gliales). Dans ce cas, elles font partie de la famille des gliomes. Certaines tumeurs sont mixtes, c'est-à-dire qu'elles sont composées d'un mélange de neurones et de cellules gliales. Les tumeurs les plus fréquentes sont les tumeurs astrocytaires (astrocytome diffus, astrocytome anaplasique, glioblastome).
- Les **tumeurs des nerfs périphériques** proviennent des gaines des nerfs périphériques, qui sont composées de cellules différentes de celles que l'on trouve dans le cerveau. On trouve ces tumeurs au niveau des nerfs crâniens et des nerfs périphériques de tout le corps. La tumeur la plus fréquente est le schwannome ou neurinome.

- Les **tumeurs des méninges**: le cerveau est recouvert d'une fine toile protectrice qui se nomme méninge et à partir de laquelle peuvent se former des tumeurs. La tumeur la plus fréquente est le méningiome bénin.
- Les **tumeurs germinales** sont des tumeurs rares survenant plutôt chez les enfants et les jeunes adultes, dont l'origine cellulaire est germinale, c'est-à-dire que ce sont les mêmes cellules que l'on retrouve dans les gonades (organes sexuels).
- Les **tumeurs de la région sellaïre**: il s'agit d'une petite région cérébrale bien spécifique qui se situe à la base du crâne et y loge un important centre hormonal appelé l'hypophyse. Cette région peut être à l'origine des tumeurs spécifiques. La tumeur la plus fréquente est l'adénome hypophysaire.
- Les **tumeurs d'origine hématopoïétique** proviennent des cellules sanguines. Elles surviennent soit isolément dans le cerveau soit dans un contexte de maladie du sang plus généralisée.
- Les **métastases** sont les tumeurs cérébrales les plus fréquentes. Elles sont malignes et secondaires à une tumeur d'une autre région du corps (poumon, sein, rein, peau). Des cellules tumorales migrent vers le cerveau en empruntant la voie sanguine le plus souvent. Les métastases les plus fréquentes sont celles du cancer du poumon et du sein.

1.5.8. Le diagnostic des tumeurs cérébrales

1.5.8.a. Examen clinique

Lorsqu'un médecin suspecte une tumeur cérébrale, il va d'abord réaliser un examen clinique complet afin de localiser la zone cérébrale suspecte. En effet, chaque territoire du cerveau étant associé à une fonction spécifique de l'organisme, la détection des symptômes périphériques peut indiquer qu'elle est la zone du cerveau qui est touchée [2].

1.5.8.b. Imagerie médicale

Cet examen sera complété par des techniques d'imagerie tel que le scanner (CT scan ou tomodynamomètre) et l'IRM.

Le scanner est un appareil dans lequel le patient est soumis au balayage d'un faisceau de rayons X (comme pour une radiographie classique). L'émetteur tourne autour du patient en même temps que les récepteurs chargés de mesurer l'intensité des rayons après leur passage dans le corps. L'examen ne dure que quelques secondes. Le scanner affiche une vue très précise des structures et des lésions intracrâniennes [6].

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est basée sur l'observation de tissus soumis à un champ magnétique intense. La précision est plus élevée que celle du scanner, mais l'examen peut durer jusqu'à une heure [6].

1.5.8.c. La biopsie cérébrale

La biopsie consiste à effectuer un prélèvement chirurgical d'un fragment de la tumeur. Cet acte très délicat est réalisé par un chirurgien au bloc opératoire sous anesthésie générale. L'objectif et les risques directs sont par contre bien présents, essentiellement avec le geste chirurgical (infection, hémorragie...) ou ce qui l'entoure (l'anesthésie) [9].

1.5.8.d. Examens complémentaires

En fonction de l'état du patient, d'autres examens peuvent se révéler nécessaires :

- une ponction lombaire qui consiste à prélever un peu de liquide céphalo-rachidien au moyen d'une aiguille,
- une artériographie au cours de laquelle on injecte du produit iodé dans les artères du cerveau de façon à mieux préciser leur trajet [2].

I.6. Imagerie par résonance magnétique

1.6.1. Introduction

Les progrès spectaculaires de l'imagerie médicale sont principalement liés à l'apparition de l'imagerie par résonance magnétique qui a pu être mise en œuvre grâce au développement du traitement informatique des images. Cette technique permettant d'obtenir une vue 2D, 3D, voire 4D (3D+t), d'une partie du corps notamment du cerveau. L'intérêt de cette méthode réside principalement dans le détail des images, en particulier au niveau du tissu mou (sains ou pathologies).

1.6.2. Imageur IRM

Les scanners d'IRM sont considérablement évolués depuis les années 1980. Chaque scanner IRM comporte un aimant, des bobines de gradients, une bobine RF, une table pour le patient et un ordinateur.

Un imageur est essentiellement constitué de cinq éléments fondamentaux :

- L'aimant.
- Les génératrices d'onde radiofréquence (RF).
- Les récepteurs d'ondes.
- Les bobines de gradient.
- L'unité de traitement.

L'aimant est le composant le plus coûteux en imagerie par résonance magnétique, il produit le champ B_0 . Les bobines de gradient produisent un gradient de champ B_0 dans les directions X, Y et Z. La bobine RF produit un champ magnétique B_1 nécessaire pour la rotation des spins de 90° à 180° . La bobine RF détecte également le signal des spins dans le corps humain. Le patient est placé à l'intérieur de l'aimant où un ordinateur contrôle la table du patient. La salle d'examen est entourée par un blindage.

1.6.3. Principe de l'IRM

L'IRM se base sur les propriétés magnétiques des atomes composant les molécules du corps humain. Elle se focalise plus précisément sur les molécules d'hydrogène contenues dans l'eau qui compose notre corps à plus de 70 pour cent.

Le noyau d'hydrogène se comporte comme une charge en rotation autour de son axe :

C'est le mouvement de spin. Les protons peuvent alors être assimilés à des dipôles magnétiques. En l'absence de tout champ magnétique, ceux-ci vont s'orienter dans l'espace de façon aléatoire. Ce mouvement confère au noyau un moment cinétique qui dépend de sa masse et un moment magnétique qui dépend de sa charge.

Dans un champ magnétique B_0 , les protons s'orientent alors par rapport à B_0 et décrivent autour de ce champ un mouvement de précession (en forme de cône), de vitesse angulaire constante. L'ensemble des protons s'orientent dans le sens de B_0 formant alors une sous-population de spins $+1/2$; l'ensemble s'oriente dans le sens inverse formant la sous population de spins $-1/2$. La sous population de spins $+1/2$ étant la plus importante, il existe une aimantation résultante M_0 proportionnelle au nombre de protons présents. M_0 ne possède qu'une composante longitudinale, dans le sens de B_0 [10].

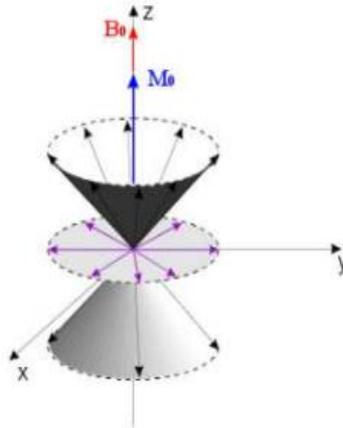


Figure I.4 -Mouvement de l'hydrogène soumis au champ B_0 [11].

1.6.3.a.La résonance

À l'aide des antennes sémetrices de l'IRM, on excite les noyaux d'hydrogène par l'émission d'ondes électromagnétiques de fréquence égale à la fréquence de résonance de ces derniers, perturbant ainsi, l'état d'équilibre du système (M_0 et B_0 ne sont plus alignés) : c'est le phénomène de résonance.

L'aimantation résultante de l'excitation M possède dès lors, deux composantes (une composante longitudinale et une composante transversale)[10].

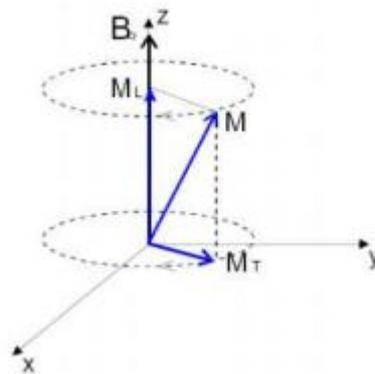


Figure I.5 -Les composantes de l'aimantation lors de l'excitation [11].

1.6.3.b. La relaxation

Le retour à l'état d'équilibre des atomes d'hydrogène après la résonance, appelé aussi relaxation, où M_0 et B_0 sont de nouveau alignés requière un laps de temps qui peut être divisé en deux composantes T_1 et T_2 (une composante longitudinale et une composante transversale) relatives aux composantes du champ magnétique induit par l'excitation. Les valeurs T_1 et T_2 dépendent ainsi du tissu rencontré.

1.6.3.c. Formation de l'IRM

Lors de son passage dans l'appareil IRM, le patient est soumis à un champ magnétique initial B_0 , puis à une onde électromagnétique d'excitation B_1 . Les atomes d'hydrogène entrent alors en résonance avec l'onde de cette dernière. Au terme de la phase d'excitation, les atomes d'hydrogène commencent leur relaxation. Lors de ce retour à l'équilibre ils continuent à émettre un champ appelé « décroissance d'induction libre ».

Ce signal est réceptionné par les capteurs de la machine et transformé en signal électrique qui sera analysé et codé pour constituer une image numérique. La difficulté de constitution de l'image est donc la capacité de distinction des signaux relatifs aux zones examinées. Cette constitution est réalisée en couplant trois gradients :

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

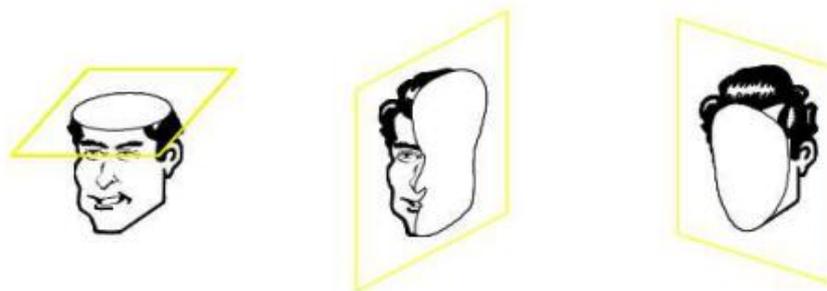


Figure I.6 - Les axes de coupe (de droite à gauche axiale, sagittale et coronaire)[12].

L'image résultante sera donc composée d'un certain nombre de coupes dont l'orientation sera en fonction de la pathologie recherchée, les principales orientations étant l'orientation axiale, l'orientation coronaire et l'orientation sagittale (Figure I.6) [10].

I.6.3.d. Pondération et séquences des images IRM

I.6.3.d.1. Séquences des images IRM [13]

Les paramètres de séquence sont les paramètres que le manipulateur fixe sur la console pour définir la séquence IRM. Ils permettent de contrôler l'influence des différents paramètres tissulaires T_1 , T_2 et densité de proton dans le signal "pondération" et de moduler ainsi le contraste dans l'image.

Temps d'écho

Le signal de précession libre ne peut être enregistré directement après l'excitation (déphasage parasite induit par les gradients). C'est pourquoi il est acquis sous la forme d'un écho de spin ou de gradient. Par définition, le délai entre le milieu de l'impulsion d'excitation et le sommet de l'écho est appelé temps d'écho, il est noté TE . Dans la méthode d'écho de spin, les hétérogénéités de B_0 et les différences d'aimantation des tissus sont compensées, alors qu'elles ne le sont pas en écho de gradient. La courbe de décroissance est donc différente pour ces deux techniques.

Temps de répétition

L'image est constituée à partir de la répétition de la même séquence avec un gradient de phase G_p d'amplitude différente. Le temps qui sépare deux répétitions est appelé temps de répétition et est noté TR . Le TR , comme le TE , est un facteur de contraste. S'il est suffisamment long, l'aimantation repousse tout le signal qui ne dépend pas de la vitesse d'aimantation (donc de T_1), mais essentiellement de la densité protonique. S'il est court, le système atteint après quelques répétitions un régime stationnaire et l'aimantation tend vers une valeur d'équilibre dépendant de la vitesse d'aimantation des tissus, et donc de leur T_1 . L'imagerie révèle ainsi les différences de T_1 entre les tissus.

Angle de basculement

Si B_1 est orthogonal à B_0 , ce qui est généralement le cas, le phénomène de résonance magnétique bascule l'aimantation M selon un axe perpendiculaire au champ principal B_0 . Si M bascule à 90° (excitation par une impulsion $\pi/2$), toute l'aimantation est

dans le plan transversal et ML est nul. En cas de basculement d'un angle inférieur à 90° , seule une partie de l'aimantation est convertie en signal (MT) et il persiste une aimantation ML pouvant être utilisée pour une autre excitation. L'angle de basculement correspond donc à une énergie délivrée par le champ B_1 . Le signal S sera d'autant plus faible que cet angle sera petit. En régime stationnaire, l'angle de bascule α intervient dans le contraste de l'image et gouverne la réserve en aimantation. Pour des angles petits ($\alpha < 20^\circ$), la densité protonique est prépondérante ; Plus α est grand, plus T_1 gouverne le contraste (Figure I.7).

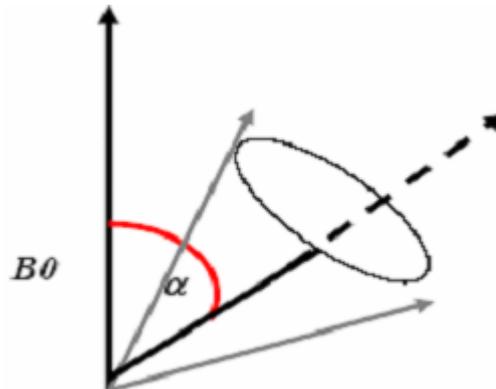


Figure I.7 – L'angle de basculement.

I.6.3.d.2. Les pondérations des images IRM

Les paramètres tissulaires ρ (densité des noyaux d'hydrogène), T_1 (temps de relaxation longitudinale) et T_2 (temps de relaxation transversale), pour chaque petit volume (ou voxel) du tissu biologique étudié, sont à la base de l'IRM. Le contraste entre deux tissus dépend en effet des variations de la valeur de ces paramètres entre les deux tissus (figure I.8).

- **Image pondérée en densité de protons (ρ)**

La séquence en densité de proton (ρ) obtenue avec TR long, TE court fournit de belles images mais n'est pas discriminative de l'ensemble des structures. Les tissus sont ordonnés par niveaux de gris croissants en matière blanche (MB), matière grise (MG) et liquide céphalo-rachidien (LCR).

- **Image pondérée en T_2**

La séquence en T_2 obtenue avec TR et TE longs est moins « agréable à l'œil », mais très informative sur la composition des tissus (teneur hydrique principalement) ; elle aide à la

caractérisation tissulaire. Les tissus sont ordonnés par niveaux de gris croissants MB, MG, LCR.

- **Image pondérée en T_1**

Une séquence en T_1 correspondant à la séquence à TR court. Les images sont à fort contraste mais peu discriminatives entre les tissus. Les tissus sont ordonnés par niveaux de gris croissants LCR, MG, MB.

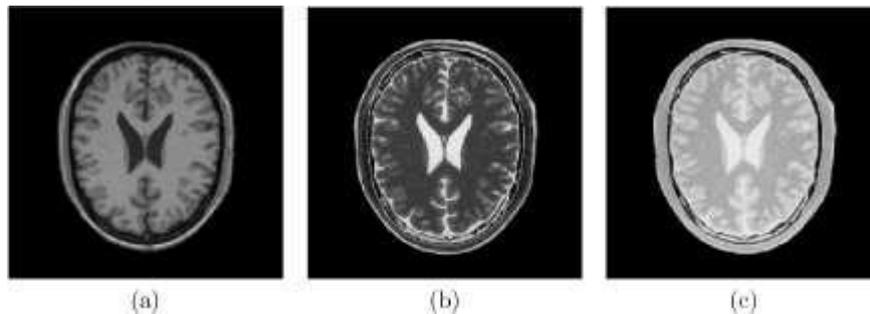


Figure I.8 -Différentes modalités d'images cérébrales IRM.(Images issues de [http : //www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb](http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb)) : (a) pondération T_1 ; (b) pondération T_2 ; (c) pondération en densité de protons.

1.6.3.e. Défauts des images IRM (artefacts)

Outre les trois paramètres principaux qui entrent en jeu dans la formation d'une image de résonance magnétique, un certain nombre d'autres facteurs viennent affecter la qualité des images. Les erreurs (artefacts) d'acquisition en IRM sont de natures différentes de celles observées dans d'autres domaines du traitement d'images. On distingue essentiellement quatre effets: le bruit, le mouvement, les variations de champ et les effets de volume partiel [14].

1.6.3.e.1. Le Bruit

Le bruit a des origines multiples liées en partie au bruit de l'appareillage. Dans les images par résonance magnétique, l'objectif est d'augmenter le contraste entre les tissus tout en conservant une bonne résolution et un rapport signal/bruit élevé. Ces caractéristiques sont cependant contradictoires et il est nécessaire de trouver un bon compromis entre résolution et bruit. Ainsi, on peut doubler la taille des pixels pour multiplier le rapport signal/bruit d'un facteur p , mais la résolution est divisée par deux. Le choix d'acquisition est donc un facteur déterminant[15].

I.6.3.e.2 Mouvement

De manière générale, tout mouvement pendant l'acquisition des signaux provoque l'apparition d'image « fantômes » dans la direction du codage de phase et un aspect de flou dans la direction du mouvement. L'immobilité imparfaite du patient, les mouvements respiratoires, les battements cardiaques et les flux sont les causes les plus fréquentes de dégradation des images et peuvent gêner l'interprétation, en créant de fausses images pathologiques.

La synchronisation cardiaque, la synchronisation respiratoire ou les techniques de compensation de flux, permettent d'améliorer considérablement la qualité des images [4].

I.6.3.e.3 Variations du champ magnétique (inhomogénéité RF)

Les variations de champ ont pour conséquence une variation des intensités d'un même tissu dans une direction quelconque de l'image. Ce phénomène est dû au fait que le champ magnétique n'est pas parfaitement homogène spatialement et temporellement pendant une acquisition (Figure I.9). Il existe de plus des non-linéarités de gradient de champ magnétique.

Des approches ont été proposées pour corriger les inhomogénéités du champ magnétique dans le cadre de prétraitements [16]. Les distorsions de champ sont également analysées en détail et corrigées dans [17].

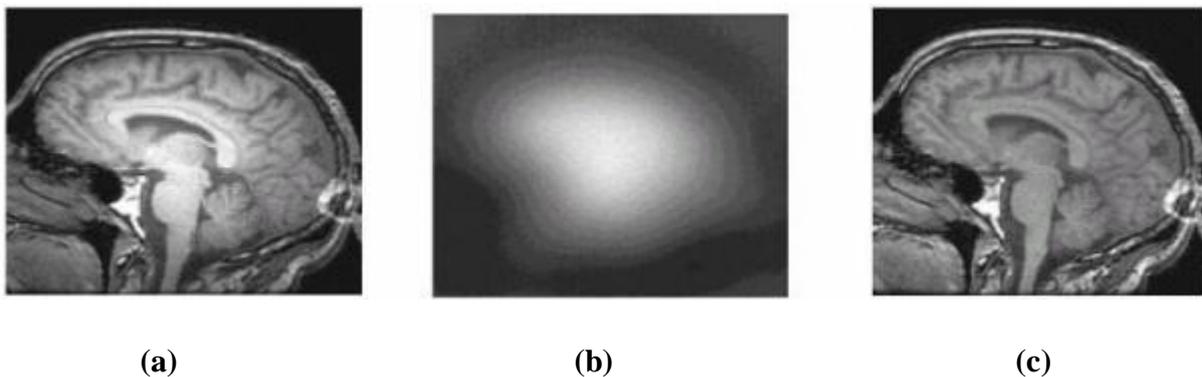


Figure I.9 -L'inhomogénéité RF.
(a) Image affectée par une inhomogénéité RF, (b) : L'artefact RF isolé, (c) : Image sans artefact.

1.6.3.e.4 Effets de volume partiel

La notion de volume partiel n'est pas propre à l'IRM. Elle concerne toutes les techniques d'imagerie. Ces artefacts sont liés à la résolution des images. Ainsi, au niveau d'une interface entre deux tissus dans la direction de la sélection de coupe, l'utilisation de coupe fine permet de bien séparer les tissus. En revanche, une coupe plus épaisse contient à la fois les deux tissus. Le signal résultant sera alors une moyenne du signal des tissus, d'où une perte d'information en termes de contraste. Il en résulte également une perte de la résolution spatiale, puisque le signal des petites structures va être moyenné avec celui des structures adjacentes, ce qui peut les rendre invisibles ou peu distinctes (Scherrer, 2008).

1.7. Conclusion

Nous avons présenté dans ce chapitre les notions essentielles liées à l'anatomie du cerveau et les principales régions cérébrales qui ont une importance dans l'examen et le diagnostic cliniques. Nous avons présenté également les principes d'acquisition des images médicales et les différentes modalités d'acquisitions avec leurs technologies spécifiques.

Le traitement et la segmentation des images médicales issues de ces différentes modalités apportent une aide consistante en termes de diagnostic précoce et de caractérisation des tissus cérébraux. Nous avons remarqué que l'imagerie à Résonance Magnétique est une technique d'imagerie médicale très utile pour l'observation du cerveau. Car c'est la méthode d'imagerie qui, dans la plupart des cas, donne les informations les plus riches (la résolution spatiale habituelle est de l'ordre du millimètre).

La segmentation des structures cérébrales permet non seulement de mieux caractériser leur rôle mais aussi d'isoler des marqueurs de certaines pathologies pour aider le médecin dans son diagnostic.

Chapitre II – Segmentation des images IRM

II.1. Introduction

La segmentation d'images est au cœur de nombreux problèmes en imagerie médicale, puisque bien souvent elle constitue la première étape d'un véritable flux de traitements d'images[18].

Selon la suite à donner à ces images, certaines méthodes se révèlent plus probantes et le choix à effectuer n'est pas chose aisée. Nous nous proposons ici de dresser un état de l'art de quelques méthodes existantes pour la segmentation d'images cérébrales. Après un bref rappel de la définition d'une segmentation, nous exposons quelques techniques existantes, classés selon leurs approches. Pour chacune de ces approches, nous avons ensuite expliqué et illustré leurs méthodes les plus remarquables.

II.2. Les principales méthodes de segmentation

II.2.1. Définition

Il n'est pas aisé de trouver une seule définition de la segmentation car cette tâche est souvent confondue avec la classification ou l'étiquetage, on peut néanmoins essayer d'en trouver une. Segmenter une image signifie trouver ses régions homogènes et ses contours. Ces régions et contours sont supposées être pertinents, c'est-à-dire que les régions doivent correspondre aux parties significatives des objets du monde réel, et les contours leurs contours apparents.

Une définition formelle d'un algorithme de segmentation a été donnée par Horowitz et Pavlidis[19,20], en 1975, et est comme suit :

Soit X le domaine de l'image et f la fonction qui associe chaque pixel une valeur $f(x, y)$. Si nous définissons un prédicat P sur l'ensemble des parties de X , la segmentation de X est définie comme une partition de X en n sous-ensemble $\{R_1, \dots, R_n\}$ tels que :

1. $X = \bigcup_{i=1}^n R_i$
2. $\forall i \in \{1, \dots, n\} R_i$ est connexe
3. $\forall i \in \{1, \dots, n\} P(R_i) = \text{vrai}$
4. $\forall i, j \in \{1, \dots, n\}^2 R_i$ est adjacent R_j et $i \neq j \Rightarrow P(R_i \cup R_j) = \text{faux}$

Le prédicat P est utilisé pour tester l'homogénéité des ensembles R_i . Ces sous-ensembles constituent les régions de l'image. Une segmentation de l'image est donc sa décomposition en un ensemble de régions homogène, le critère d'homogénéité P restant à déterminer.

Alors, le but de la segmentation est de partitionner une image en des régions connexes et homogènes telles que des pixels voisins doivent appartenir à la même région. C'est un problème de classification très difficile à résoudre, car l'espace des configurations possibles est très vaste.

II.2.2. Les différentes approches de segmentation

La segmentation d'images dépend fortement de l'application et c'est pour cette raison qu'il n'existe pas de solution générale à ce problème, mais plutôt un ensemble de méthodes et d'approches que l'on peut utiliser ou combiner pour résoudre des problèmes spécifiques.

On peut considérer deux types d'approches duales de la segmentation : l'approche orientée contours et l'approche orientée régions (Figure II.1.) [21].

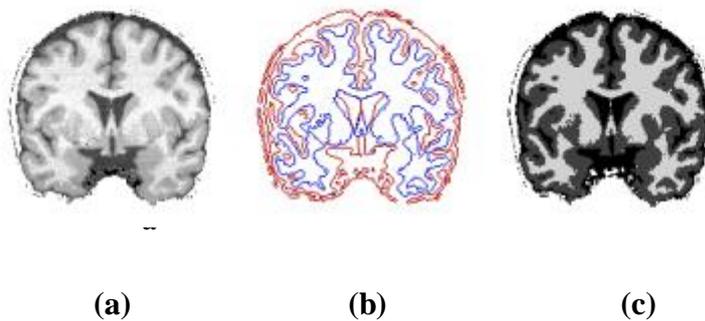


Figure II.1 - Approches duales de la segmentation - image originale (a), modèles orientés régions (c) ou contours (b).

Dans ce qui suit, nous allons essayer de décrire les différentes méthodes de segmentation ainsi que leurs avantages et inconvénients.

II.2.2.a. Segmentation orientée contours

La segmentation orientée contours vise à délimiter les objets selon leurs contours. Ces approches ne se basent généralement pas sur les intensités, mais sur les variations d'intensité dans l'image, significatives aux frontières entre régions.

II.2.2.a.1. Les méthodes « bas niveau »

Certaines méthodes dites de « bas niveau » s'attachent seulement à mettre en évidence les contours. Des opérateurs différentiels peuvent être appliqués dans les images afin de

caractériser des points, lignes, ou surfaces singulières. Par exemple les zones où la norme du gradient est maximale localement (zones de plus forte pente) correspondent à des contours. Ce concept est bien illustré par la vision 3D d'une image (Figure II.2.) dans laquelle les frontières entre régions sont représentées par les « arêtes » du gradient. Des opérateurs différentiels plus complexes permettent aussi de calculer localement des lignes de crête sur des surfaces d'iso-intensité. Ces approches bas niveau n'intègrent aucune connaissance sémantique ni topologique. Elles ne sont pas adaptées en présence du bruit ou de contraste faible. Elles interviennent par contre dans de nombreuses approches.

II.2.2.a.2. Les méthodes par morphologie mathématique

D'autres approches permettent de détecter les contours via des opérations de morphologie mathématique. Ces opérateurs permettent d'étudier les caractéristiques morphologiques des objets inconnus dans l'image (forme, taille...) grâce à un ensemble de formes connues, les éléments structurants, basées sur des concepts simples (dilatation, érosion), elles permettent la construction d'opérateurs plus complexes (ouverture, fermeture) jusqu'à des outils de haut niveau. Par exemple le gradient morphologique, qui est la différence symétrique entre l'image dilatée et l'image érodée, est un opérateur de détection de contours. La ligne de partage des eaux est un algorithme plus avancé, mais qui traduit une idée simple d'immersion de l'image vue comme un relief (Figure II.2.) dans l'eau. Ces algorithmes sont généralement très sensibles au bruit, menant à une sur segmentation.

Ils nécessitent une étape de réduction du bruit ainsi que d'autres traitements spécifiques. En particulier, l'algorithme de ligne de partage des eaux requiert une étape de fusion des régions pour les données bruitées. Les méthodes par morphologie mathématique, combinées avec d'autres méthodes de segmentation, permettent cependant d'intégrer des connaissances pertinentes sur la morphologie des objets (approches « hybrides »).

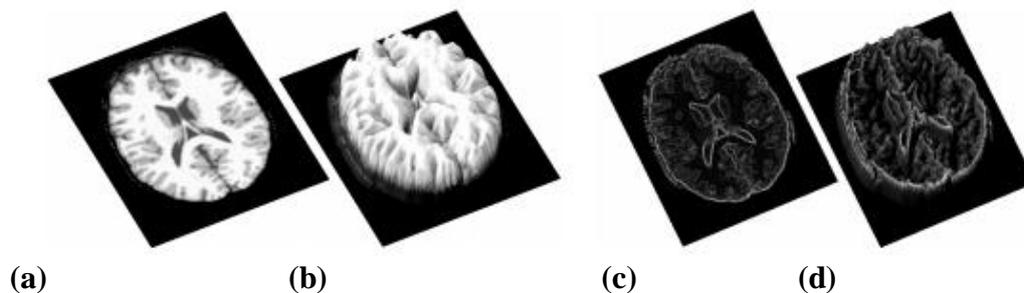


Figure II.2 - Représentation 3D d'une image 2D - une image 2D en niveaux de gris (a) peut être vue comme un relief en associant le niveau de gris à une altitude (b). L'image (c) illustre cette notion sur une image d'intensité, et l'image (d) sur le gradient de l'image.

II.2.2.a.3. Les méthodes par modèles déformables

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

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

- l'énergie à minimiser dépend de la paramétrisation du contour.
- les changements topologiques simples du contour, comme la fusion ou la séparation, sont difficiles à réaliser.

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

Les approches de segmentation orientées contours mettent donc en jeu un nombre important de paramètres : vitesse d'évolution, méthode pour obtenir le contour initial, paramètres de rigidité et d'élasticité, paramètre de débruitage, paramètres de rehaussement des contours, paramètres dans le terme d'attache aux données. Toutefois, sans introduction d'information a priori, leur sensibilité au contraste et au bruit en fait un outil plus délicat à mettre en œuvre pour la segmentation entièrement automatique de certaines structures.

II.2.2.b.Segmentation orientée régions

La segmentation orientée régions se focalise sur l'extraction de régions en considérant leur homogénéité vis-à-vis des caractéristiques pertinentes (intensité, texture, ...) au niveau des voxels[21].

Différentes approches ont été proposées dans la littérature comme celles basées sur le seuillage, la croissance de régions, la classification, ... [22].

II.2.2.b.1.Seuillage et morphologie mathématique

Une des méthodes les plus simples est la segmentation par seuillage. Cette approche considère que les objets sont uniquement caractérisés par leur intensité. Le choix de deux niveaux de gris (fenêtre) est alors mis en œuvre pour isoler la structure. Généralement, des opérations de morphologie mathématique permettent ensuite de raffiner la segmentation : érosion, dilatation, ouverture, fermeture, extraction de composantes connexes... Ce type d'approche est parfois suffisant pour la segmentation d'objets fortement contrastés, mais nécessite généralement une interaction avec l'utilisateur.

Nous présentons ci-dessous quelques types de seuillage par histogramme [23].

- **Seuillage par détection de vallées**

Cette technique est la plus intuitive. On suppose que chaque classe correspond à une gamme distincte de niveaux de gris. L'historgramme est alors m -modal. La position des minima de l'historgramme H permet de fixer les $(m - 1)$ seuils nécessaires pour séparer les m classes (figure III.3).

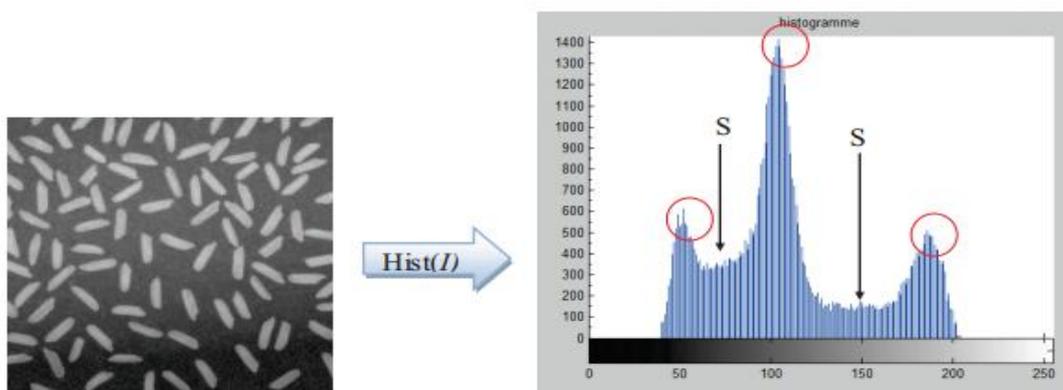


Figure II.3-Histogramme à plusieurs vallées.

Malgré le développement de techniques robustes visant à faciliter la détection des vallées, cette méthode, bien que simple, est très peu appliquée car les histogrammes traités sont le plus souvent bruités et unimodaux.

- **Seuillage global**

Le seuillage global calcule un seul seuil pour toute l'image. Les pixels ayant un niveau de gris inférieur au seuil sont mis à noir et les autres à blanc et la valeur du seuil est déterminée à partir de l'histogramme [24].

- **Seuillage local**

Le seuillage local calcule un seuil pour chaque pixel en fonction de l'information contenue dans son voisinage. Si un point a un voisinage d'intensité supérieure au seuil (voisinage 4-connexes ou voisinage 8-connexes), on lui applique une intensité à 1 [24].

- **Seuillage par hystérésis**

Dans le seuillage par hystérésis nous devons déterminer 2 seuils : un seuil haut th et un seuil bas tb . On sélectionne d'abord les points au-dessus de th , puis on applique le seuil tb en regardant que les composantes connexes qui contiennent au moins un point au-dessus de th .

Les méthodes de segmentation par seuillage sont relativement simples et fonctionnent également assez bien, cependant, elles ne sont valables que dans un nombre limité de cas. De plus, leur application produit un ensemble de points connexes qui se rapprochent globalement, des objets de l'image que l'on veut récupérer mais ne définissent pas un objet en tant que tel. Une autre méthode de segmentation par régions prend soin de son côté, de réussir là où la segmentation par seuillage échoue, c'est la segmentation par croissance de régions.

II.2.2.b.2. Les méthodes par croissance de régions

Les méthodes par croissance de régions consistent à étiqueter un objet en faisant croître une région à partir d'un ou de plusieurs germes constituant un sous-ensemble de la zone recherchée. Le critère de propagation peut être basé sur les intensités mais aussi sur des critères géométriques et topologiques.

La pertinence de ce critère ainsi que le choix des germes conditionnent en grande partie la qualité de la segmentation obtenue. Les méthodes par croissance de régions sont en général combinées avec d'autres méthodes de segmentation comme par exemple les opérateurs de morphologie mathématique.

II.2.2.b.3. Algorithme non-paramétrique du type meanshift

À l'origine l'algorithme meanshift proposé par Fukunaga et Hostetler en 1975, est une méthode non-paramétrique pour estimer les modes (maxima locaux) d'une densité de probabilité associée à une distribution de points. Cette méthode est basée sur l'estimation du gradient de la densité de probabilité, celui-ci étant nul pour un mode. Elle a l'avantage de ne pas définir a priori le nombre de classes et de ne pas contraindre la forme des distributions des classes. Il est cependant lourd en calculs.

II.2.2.b.4. Les méthodes par classification

De nos jours, la classification est une démarche qui est appliquée dans d'innombrables domaines, notamment dans la segmentation d'images IRM. Les méthodes par classification consistent à partitionner l'image en un nombre fini et connu de classes. Elles sont généralement liées à l'analyse semi-automatique de l'histogramme de niveaux de gris [21]. Rappelons que les méthodes de classification automatique sont supervisées ou non supervisées.

1. Approches supervisées [22]

Les approches supervisées nécessitent une étape d'apprentissage sur un échantillon avant de pouvoir être appliquées sur de nouvelles données. On répertorie, entre autres, dans ce type d'approche : les réseaux de neurones, les Support Vector Machine (SVM), et les K-plus proche voisins.

Ces méthodes sont peu adaptées à la segmentation automatique des IRM cérébrales car les caractéristiques des images peuvent changer d'un imageur à l'autre, d'un patient à l'autre ou d'un jour d'acquisition à l'autre. Les approches supervisées nécessitent généralement une interaction avec l'utilisateur pour le choix de l'échantillon d'apprentissage, source de variabilité et de non-reproductibilité des résultats. Ce type de méthodes est cependant intégré dans des approches combinées.

2. Approches non supervisées

Quant aux méthodes non supervisées, elles ne nécessitent aucune base d'apprentissage et aucune tâche préalable d'étiquetage manuel. La seule intervention de l'expert se situe à la fin du processus pour identifier les classes trouvées. Parmi ces méthodes, on peut citer

l'algorithme des K-moyennes(K-Means), l'algorithme des C-moyennes floues et les approches probabilistes[22].

2. a. Classification par K-Means[25]

L'algorithme des K-moyennes est un des algorithmes les plus utilisés, qui optimise un critère d'erreur quadratique de manière itérative. Le but de cet algorithme est d'initialiser K classes et d'assigner à chaque classe un groupe de voxels qui ont une intensité proche du centre de la classe.

Cet algorithme est idéal dans ce cas, car il nous permet de choisir le nombre exact de classes que l'on veut lors de notre classification. Ceci nous permettra alors de créer une classe pour le fond noir de l'image, une classe pour le liquide céphalo-rachidien, une classe pour la matière blanche et une classe pour la matière grise [26].

Les étapes à suivre sont :

1.Initialisation : Choix des centres initiaux m_j arbitraires.

2.Affectation : Chaque échantillon est classé selon la règle des centres plus proches à sa valeur d'intensité. À l'itération i , x est affecté à w_j si :

$$\|x - m_j(i)\| = \min_{l=1}^k \|x - m_l(i)\| \text{ (II.1.)}$$

3.Mise à jour des centres : Calcul des nouveaux centres m_{i+1} pour minimiser l'erreur quadratique :

$$J_j = \sum_{x \in w_j} \|x - m_j(i+1)\|^2 \text{ (II.2.)}$$

En annulant la dérivée de cette expression par rapport à m_j , on obtient :

$$\frac{\partial J_j}{\partial m_j} = -2 \sum_{x \in w_j} (x - m_j) = 0 \text{ (II.3.)}$$

D'où la valeur optimale de m_j pour l'itération $(i+1)$

$$m_j(i+1) = \frac{1}{n_j} \sum_{x \in w_j} (x) \text{ (II.4.)}$$

4.Test de convergence : Si $m_j(i+1) = m_j$ fin, sinon, retour à recalculer les centres.

Dans la littérature Lachman et coll. [27] ont proposé d'utiliser les statistiques de concurrence dans l'algorithme des k-means pour segmenter les tissus cérébraux. Une version adaptative de cet algorithme a été utilisée par Yan et coll. [28] pour segmenter le cerveau avec des résultats plus au moins satisfaisants.

En 2002 Bustillo [29] a appliqué les k-means sur une séquence coronale pondérée en T2 pour calculer la variation de volume des noyaux caudés chez des patients atteints de schizophrénie.

Cet algorithme est parmi les algorithmes de segmentations les plus populaires parce qu'il est extrêmement rapide en pratique. En termes de performance, cet algorithme ne garantit pas un optimum global. La qualité de la solution dépend grandement des ensembles initiaux et peut, en pratique, être bien en deçà de l'optimum global. Comme l'algorithme est très rapide, une méthode courante est de le lancer plusieurs fois et de retourner la meilleure partition [30] en plus l'intervention d'un expert est généralement nécessaire pour fixer le nombre K de classes. Cela n'était pas réellement handicapant dans le cas de la segmentation cérébrale puisque le nombre de classes est, le plus souvent, connu. Cependant, pour pallier ces limites, une méthode reposant sur les sous-ensembles flous est introduite par Laguel en 2010.

2. b. La classification floue [31]

Le principe de la classification floue est d'affecter un élément à classer non pas à une classe comme dans les approches classiques (dont fait partie la méthode des k-means), mais à toutes les classes avec un certain degré. Ce principe découle de ce qu'on appelle la logique floue, qui est venue compléter la logique classique.

2. b.1. La logique floue [31]

Dans la vie de tous les jours, nous nous trouvons dans des situations où les informations dont nous disposons ne sont pas toujours précises. Dans le domaine de la science aussi, des imprécisions peuvent être vues ; par exemple lorsqu'on veut établir une valeur qui caractérise le degré de similarité de deux formes. L'être humain est habitué à utiliser des informations entachées d'incertitudes et d'imprécision, il utilise ces informations incomplètes, raisonne avec elles et prend des décisions. Dans le domaine scientifique, il a été nécessaire de créer une logique qui admette des valeurs de vérité en dehors de l'ensemble {vrai, faux} pour pouvoir tenir compte et manipuler ce genre d'information incomplète.

Lukasiewicz propose en 1920 une logique ayant les trois valeurs de vérité suivantes : "vrai", "faux" et "doute". Ces valeurs ont été représentées par l'ensemble $\{0, 1, 0.5\}$, et ont été ensuite étendues à l'intervalle $[0, 1]$.

Néanmoins c'est Zadeh, qui à partir de l'idée d'appartenance partielle d'un élément à plusieurs classes, a formellement introduit la logique floue.

2. b.2. La théorie des sous-ensembles flous

La théorie des sous-ensembles flous et les outils de raisonnement qui en découlent, proposent un cadre formel qui permet de modéliser le langage naturel et de gérer l'imprécision et l'incertain.

Cette théorie est basée sur la notion de degré d'appartenance. Ces degrés sont des valeurs qui expriment l'appartenance incertaine d'un pixel à une région. Le degré d'appartenance se situe dans l'intervalle $[0,1]$ et les classes obtenues ne sont pas forcément disjointes. Dans ce cas, les données x_j ne sont plus assignées à une classe unique, mais à plusieurs par l'intermédiaire de degrés d'appartenance u_{ij} du vecteur s_{x_j} à la classe i .

2. b.3. L' algorithme Fuzzy C-means (FCM)

L'algorithme des c-moyennes floues ou Fuzzy C-Means (FCM) repose sur la recherche des valeurs prises par les centroïdes des classes et par les degrés d'appartenance des voxels à ces classes, qui en respectant les contraintes, minimisent la fonction objective suivante :

$$J = \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n U_{ik}^m d^2(x_k, v_i) \quad (\text{II.5.})$$

Avec :

- c : le nombre de classes, connu a priori.
- n : la taille du vecteur de données (nombre de pixels à classer).
- u_{ik} : le degré d'appartenance du pixel x_k à la classe i connue par son centroïde v_i .
- d : le degré de similitude, il peut être la distance Euclidienne.
- m : un réel >1 appelé degré de flou. Plus m tend vers 1, plus la classification devient dure et u_{ik} se rapproche de 0 ou de 1. Inversement quand m devient trop grand il y a moins de tolérance au bruit, et la distribution des degrés d'appartenance tend à se concentrer autour de $1/c$.

Notation

Soit $X = x_k, k = 1, \dots, n$ un sous-ensemble d'un espace E , de dimension n . Nous cherchons à segmenter X en c classes suivant une classification floue. Chaque classe C est caractérisée par son prototype v_i , et $V = v_i, i = 1, \dots, c$ l'ensemble des prototypes des classes.

L'algorithme de la FCM tente de minimiser la fonction *objective*, par rapport à chaque degré d'appartenance flou u_{ik} et chaque prototype v_i .

Le rôle de l'indice de flou m est de contrôler la contribution du bruit présent dans les données.

2. b.4. Solution du problème d'optimisation

De la même façon que pour la classification dure, l'optimisation se fait de manière itérative. Les degrés d'appartenance ou les prototypes sont d'abord initialisés, puis à chaque itération du processus, les appartenances et les prototypes sont mis à jour, et les vecteurs de données se déplacent d'une classe à une autre en vue de minimiser la fonction objective jusqu'à stabilisation. Les degrés d'appartenance doivent satisfaire les conditions suivantes :

$$0 \leq u_{ik} \leq 1 \forall i \in [1, c], \forall k \in [1, n] \text{ (II.6.)}$$

$$\sum_{i=1}^c U_{ik} \forall k \in [1, n] \text{ Relation de fermeture (II.7.)}$$

$$0 < \sum_{k=1}^n U_{ik} < n \forall i \in [1, c] \text{ Aucune classe vide} \quad \text{(II.8.)}$$

Les degrés d'appartenance u_{ik} et le centroïde v_i s'expriment comme suit :

$$u_{ik} = \frac{(d(x_k, v_i))^{m-1}}{\sum_{j=1}^c d(x_k, v_j)^{m-1}} \quad \text{(II.9.)}$$

$$V_i = \frac{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m x_k}{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m} \quad \text{(II.10.)}$$

La procédure de mise à jour est itérée jusqu'à ce que la variation maximale des degrés d'appartenance (ou des prototypes) soit en dessous d'un seuil ε (typiquement égal à 0.01).

Les valeurs d'appartenance constituent une matrice à c lignes (une ligne par classe à former) et n colonnes (une colonne par individu à classifier) :

$$U = [u_{ik}]_{i=1, \dots, n}$$

Pour chaque individu, la colonne correspondante de U représente un vecteur d'appartenance, chaque ligne de ce vecteur contenant la valeur d'appartenance de l'individu pour la classe correspondante. U est dite matrice de la c -partition floue.

Les valeurs des prototypes constituent un vecteur de taille c , chaque élément représente un centroïde d'une classe :

$$V = [u_i]_{i=1,\dots,n}$$

Dans ce qui suit nous présentons l'algorithme de la FCM :

1. Fixer les paramètres ;

- c : nombre de classes ;
- ε : seuil représentant l'erreur de convergence (par exemple : = 0.001) ;
- m : degré de flou, généralement pris égal à 2.

2. Initialiser la matrice degrés d'appartenances U par des valeurs aléatoires dans l'intervalle $[0, 1]$.

3. Mettre à jour la matrice prototype V par la relation (II. 10.).

4. Mettre à jour la matrice degrés d'appartenances par la relation (II. 9.).

Répéter les étapes 3 à 4 jusqu'à satisfaction du critère d'arrêt qui est :

$$\|U^{ancien} - U^{nouveau}\| < \varepsilon$$

2. b.5. Défuzzification

Enfin, une ultime étape est nécessaire lorsque le résultat souhaité est une classification non floue. On parle alors de « défuzzification ». Lorsque l'on ne souhaite pas mettre en évidence les pixels où les degrés d'appartenance sont approximativement les mêmes pour chaque classe, une façon naturelle de procéder est de considérer que la classe finale d'un pixel est celle pour laquelle le degré d'appartenance est maximal :

$$\forall k \in [1, n] x_k \in C_j \Leftrightarrow (u_{jk} < u_{ik} \forall i \neq j \in [1, c]) \quad (\text{II. 11.})$$

L'étape de la défuzzification se fait après la dernière itération de l'algorithme des moyennes floues.

2. b.6. Travaux utilisant la segmentation par FCM[31]

L'algorithme FCM a été largement utilisé pour la segmentation des images du cerveau, quels que soient la modalité et le type d'acquisition (mono ou multimodal). De nombreux travaux ont notamment été effectués en imagerie par résonance magnétique[32]. Citons l'application de la FCM pour segmenter les régions activées

(simulation et airesmotrices) du cerveau ; son application pour initialiser un système expert pour segmenter des volumes de tumeur ou d'œdèmes des IRM cérébrales.

Cependant, les algorithmes FCM souffrent du manque de prise en compte d'informations contextuelles et fournissent des classifications moins efficaces en présence du bruit. Pour corriger ce défaut, une segmentation floue-Markovienne, floue-systèmes à base de règles ou bien floue-PCM (C-means possibilistes) est proposée [33, 34, 35, 36, 37] dans la segmentation des IRM cérébrales.

Le grand avantage de ces méthodes par rapport aux classifications pures est de graduer l'appartenance des points aux différentes classes. Cependant leurs principaux inconvénients sont la forte dépendance de leurs résultats à leur configuration initiale et leur convergence prématurée vers des optimums locaux, pas toujours satisfaisant. Pour résoudre ces problèmes, des méta-heuristiques telles que l'algorithme d'optimisation par essaim de particules PSO, ont été utilisés [38]. Ce dernier est connu pour avoir des résultats meilleurs que ceux des algorithmes classiques de classification.

II.3. Méthodes d'optimisation méta-heuristiques

La convergence vers une solution optimale de qualité dans un temps raisonnable n'est souvent pas une tâche aisée. Ceci constitue d'ailleurs un constat pour toutes les méthodes d'optimisation classiques ou avancées qui partagent le même souci à savoir la recherche d'un compromis entre la qualité des solutions obtenues et le temps de calcul utilisé. C'est dans ce sens que sont introduites les méthodes d'optimisation dites méta-heuristiques [39].

Les méta-heuristiques (terme inventé par Glover en 1986 lors de la conception de la recherche taboue [40]) sont des algorithmes d'optimisation stochastiques destinés plus particulièrement à résoudre des problèmes d'optimisation difficiles. Ils se basent sur des mécanismes itératifs où une ou plusieurs solutions sont manipulées à la recherche de l'optimum. Plusieurs algorithmes méta-heuristiques simples, parallèlement combinés ou encore hybrides ont été implémentés dans des études très récentes pour résoudre le problème d'extraction automatique de systèmes à base de règles floues.

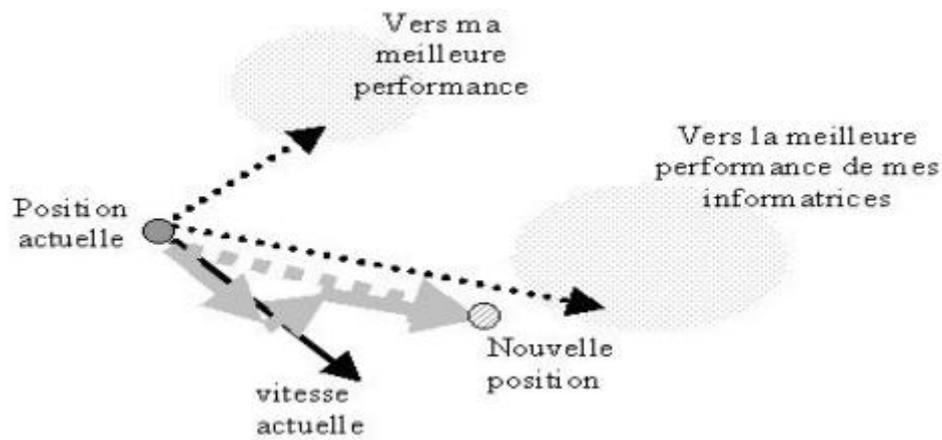
II.3.1. Optimisation par essaim particulaire

L'optimisation par essaim particulaire «Particle Swarm Optimisation (PSO)», est un algorithme révolutionnaire qui utilise une population de solutions candidates pour développer une solution optimale au problème. Cet algorithme a été proposé par Russel Eberhart et James Kennedy en 1995 [41]. Il s'inspire du comportement social des animaux évoluant en essaim, tels que les bancs de poissons et les vols groupés d'oiseaux.

L'essaim de particules correspond à une population d'individus appelée particules. Chaque particule (solution potentielle) possède une position et une vitesse. À chaque particule on associe une mémoire lui permettant de se souvenir de sa meilleure performance (en position et en vitesse) et de la meilleure performance atteinte par les autres particules voisines (informatrices).

Le déplacement d'une particule est illustré dans la figure II.4. Il est influencé par trois composantes : une composante d'inertie, une composante cognitive et une composante sociale.

Une particule i de l'essaim est modélisée par son vecteur position $x_i =$



$(x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{in})$ et son vecteur vitesse $v_i = (v_{i1}, v_{i2}, \dots, v_{in})$. Désignons par $p_i = (p_{i1}, p_{i2}, \dots, p_{in})$ la meilleure position atteinte par la particule i , et par $p_g = (p_{g1}, p_{g2}, \dots, p_{gn})$ la meilleure position atteinte par toutes les particules de l'essaim.

Figure II.4 - Stratégie de déplacement dans un essaim particulaire.

La vitesse et la position de chacune des particules évoluent itérativement selon les équations suivantes :

$$v_{ij}(t+1) = v_{ij}(t) + c_1 r_1 (p_{ij}(t) - x_{ij}(t)) + c_2 r_2 (p_{gj}(t) - x_{ij}(t)) \quad (\text{II. 12.})$$

$$x_i(t+1) = x_i(t) + v_i(t+1) \quad i = 1, \dots, N, j = 1 \dots N \quad (\text{II. 13.})$$

Où c_1 et c_2 sont deux constantes, appelées coefficients d'accélération, r_1 et r_2 sont deux nombres aléatoires dans $[0,1]$ et N la taille de la population.

La structure algorithmique de la méthode PSO est représentée ci-dessous, le critère d'arrêt peut être défini comme étant une « erreur d'approximation », comme il peut correspondre à un nombre maximum d'itérations ou un nombre maximum d'évaluations de la fonction objectif f .

1. **Initialiser** aléatoirement une population de N particules : position et vitesse ;
2. **Evaluer** les positions et les vitesses des particules selon les équations (II. 12.) et (II. 13.).
3. **Répéter**
4. **Pour** $i = 1, \dots, N$
Déplacer les particules selon (II. 12.) et (II. 13.).
Si $f(x_i) < f(p_i)$
$$p_i = x_i ;$$

Si $f(x_i) < f(p_g)$
$$p_g = x_i ;$$
5. **Jusqu'à atteindre le critère d'arrêt**

Les applications de l'algorithme PSO sont nombreuses et diversifiées notamment dans le domaine de la classification de données[42].

II.4.méthode hybride, floue optimisation par essaim de particules (FPSO)[43]

Dans la classification floue, une seule particule représente un vecteur central de classification. En d'autres termes, chaque particule *partie l* est construite comme suit: $partie\ l = (V_1, V_2, \dots, V_i, \dots, V_c)$

Où: l représente la particule de l – ème et $l = 1, 2, \dots, n_particule$ et V_i est i – ème centre de classe.

Par conséquent, un essaim représente un nombre de candidats de classification pour le vecteur de données en cours. Chaque point où vecteur de données appartient à chaque groupe en fonction de sa fonction d'appartenance et donc une appartenance floue est affectée à chaque point où vecteur de données. Chaque classe dispose d'un centre de classe et à chaque itération, il présente une solution qui donne un vecteur de centre de classe. Nous déterminons la position du vecteur *Partl* pour chaque particule, mettre à jour, puis changer la position des centres de classe basée sur les particules.

Nous allons utiliser la notation suivante:

- n : nombre de points de données.
- c : Nombre de centres de classe.
- $V_l^{(t)}$: Position de la l – ième particule à l'instant t .
- $Vel_l^{(t)}$: Vitesse de la l – ième particule à l'instant t .
- x_k : Vecteur de données, où $k = 1, 2, \dots, n$.
- $P_l^{(t)}$: Meilleure position trouvée par la l – ième particule à l'instant t .
- $P_g^{(t)}$: Meilleure position trouvée par toutes les particules à l'instant t .
- $P^{(t)}$: partition Fuzzy Pseudo à l'instant t .
- $u_{ik}^{(t)}$: La fonction d'appartenance du k – ème point de données k -ème par rapport à la i – ème classe à l'instant t .

L'ajustement est mesuré par l'équation suivante :

$$J_{(P)} = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c [\mu_{ik}]^m \|x_k - V_i\|^2 \quad (11.14.)$$

L'algorithme de c-means tend à converger plus rapidement que l'algorithme proposé FPSO, mais avec une moins précise qualité de classification.

Dans cette section, nous proposons une amélioration des performances de l'algorithme de classification PSO en ensemencant l'essaim initial avec le résultat de l'algorithme c-means.

Au stade initial, l'algorithme FPSO exécute l'algorithme c-moyens une seule fois. Cette étape est terminée selon l'un des deux critères d'arrêt:

- Le nombre maximum d'itérations
- $|P^{(t+1)} - P^{(t)}| \leq \varepsilon$

Le résultat est alors considéré comme une particule dans l'essaim; les autres particules sont initialisées de façon aléatoire.

L'algorithme suivant est maintenant utilisé pour trouver la classe pour chaque vecteur de données.

1. Soit $t = 0$. Sélectionnez les paramètres initiaux, tels que le nombre de centres de classe C , la vitesse initiale des particules, $C1, C2, W, \chi$, un nombre réel $m \in (1, \infty)$, et un petit nombre positif ε pour le critère d'arrêt. La position initiale des particules est celle obtenue par FCM.

2. Calculer $u_{ik}^{(t)}$ pour toutes les particules ($i = 1, 2, \dots, c$ et $k = 1, 2, \dots, n$) par l'équation (II.15.) et mettre à jour $P^{(t+1)}$.

$$\mu_{ik}^{(t+1)} = \left[\sum_{j=1}^c \left(\frac{\|x_k - V_i^{(t)}\|^2}{\|x_k - V_j^{(t)}\|^2} \right)^{\frac{1}{m-1}} \right]^{-1} \quad (\text{II. 15.})$$

3. Pour chaque particule, calculer la bonté de remise en forme en utilisant l'équation (II.14.).

4. Mettre à jour le global et les meilleures positions locales.

5. Mise à jour $Vel_i^{(t)}$ et $V_i^{(t)}$ ($l = 1, 2, \dots, n_particule$) est donnée par l'équation. (II. 15.) et (II. 16.)

$$Vel_{id}(t+1) = x \left\{ wVel_{id}(t) + c_1 \phi_1(p_{id}(t) - x_{id}(t)) + c_2 \phi_2(p_{gd}(t) - x_{id}(t)) \right\} \quad (\text{II. 15.})$$

$$x_{id}(t+1) = x_{id}(t) + Vel_{id}(t+1) \quad d = 1, 2, \dots, D, i = 1, 2, \dots, n. \quad (\text{II. 16.})$$

6. Passez à l'étape 2. Comparer $P^{(t)}$ et $P^{(t+1)}$ Si $|P^{(t+1)} - P^{(t)}| \leq \varepsilon$ puis arrêter; sinon, passez à l'étape 3.

II.5. Conclusion

À travers ce chapitre, nous avons présenté un état de l'art sur les différentes techniques de segmentation des images cérébrales.

La revue des méthodes réalisées n'est pas exhaustive. Nous avons essayé de mettre en évidence les méthodes les plus pertinentes. Cependant, chacune d'entre elles a ses qualités et ses défauts, et c'est sur cette base que doit se faire le choix de l'emploi de l'une ou l'autre de ces techniques.

Dans le chapitre suivant nous testerons certaines de ces méthodes pour extraire les tissus mous et les tumeurs des cerveaux à partir d'IRM cérébrales.

Chapitre III – Application

III.1. Introduction

L'imagerie cérébrale a beaucoup compté dans l'essor qu'ont connu les neurosciences au cours de ces dernières décennies. Dans l'optique de pallier les faiblesses intrinsèques des techniques d'observation, les outils de traitement automatique des images, et particulièrement la segmentation, se sont eux-mêmes perfectionnés en parallèle et c'est ainsi que sont apparues des collections de méthodes de prétraitement, de segmentation. Chaque technique présente des atouts comme des inconvénients [13].

Ce chapitre est consacré à l'application des approches choisies sur des IRM cérébrales réelles comportant une tumeur. Sa détection de manière précise et juste orientera efficacement le diagnostic (malignité/bénignité, stade d'évolution). Cette même détection peut être entreprise en cours de thérapie pour évaluer son stade de régression.

Nous avons choisi les algorithmes de segmentation, spécialisés en classification à savoir K-means, FCM et FPSO. Nous comparerons les résultats obtenus par les différents algorithmes, ce qui aboutit au choix d'un algorithme qui sera exploité dans la phase d'extraction et de reconstruction 3D.

III.2.1. Justification scientifique de notre sujet

Une segmentation fiable et précise des images anatomiques cérébrales, normales ou pathologiques, reste un objectif premier en analyse d'images médicale car elle constitue un préalable incontournable pour :

- l'étude des tumeurs cérébrales en utilisant les différentes méthodes d'analyse.
- la mesure de la charge lésionnelle dans la pathologie cérébrale.
- ou encore la visualisation surfacique 3D, et la reconstruction 3D.

III.2.2. Environnement du travail

Pour ce travail, nous avons utilisé l'environnement MATLAB. C'est un outil de simulation largement diffusé, il effectue une présentation claire et concise des techniques. MATLAB offre une très grande capacité de traitement et une souplesse remarquable par rapport à d'autres moyens de simulation. Il permet de programmer, de manière très rapide, différents calculs scientifiques et notamment ceux qui font appel à la manipulation des matrices ; il supporte la vectorisation de la plupart des algorithmes de traitement d'images.

III.2.3.Méthodologie

La segmentation des tissus cérébraux de sujets sains ou pathologiques est l'un des principaux objectifs de la neuro-imagerie. La grande variation de ces tissus cérébraux nécessite la mise en œuvre de techniques de segmentations spécifiques, souvent abordées par le biais de l'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM). Notre objectif dans ce mémoire est de segmenter des images IRM axiales par la détection des différentes structures. Le schéma de la figure suivante, figure III.1., illustre la mise en œuvre de notre approche, avec ses différentes étapes :

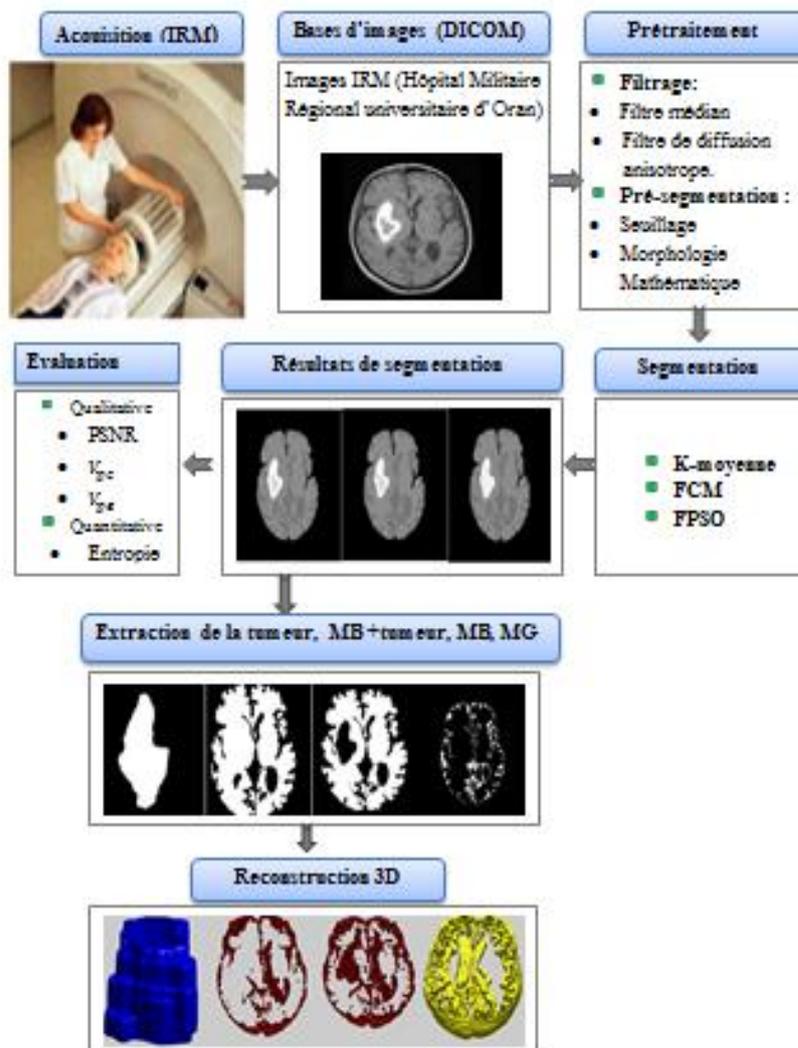


Figure III.1. - Schéma des différentes étapes du système d'analyse d'images IRM.

III.3. Format DICOM

Le format DICOM (Digital Imaging and Communication in Medicine) est un fichier utilisé par la plupart des fabricants de matériel de l'imagerie médicale; cette norme a été mise par l'ACR (American College of Radiologie) en association avec la NEMA (National Electrical Manufacturers Association).

Le format DICOM est un dossier qui contient l'image et des données du patient compressées (nom du patient, type d'examen, hôpital, date d'examen, type d'acquisition etc.).

Pour valider nos algorithmes de segmentation, nous utilisons une base de données réelle. Ces images sont codées dans le format DICOM de dimension 512x512 pixels. Ces images sont regroupées en 24 coupes. Elles sont obtenues par un examen d'IRM.

Nous avons regroupé toutes les informations pour chaque image en utilisant le logiciel MATLAB pour rassembler ces informations.

```
Format : 'DICOM '  
Color Type : 'grayscale'  
Width: 512  
Height: 512  
Modality : 'MR'  
Manufacturer: 'GE MEDICAL SYSTEMS'  
Institution Name: 'HOPITAL MILITAIRE ORAN'  
Study Description: 'CEREBRAL'  
Series Description: 'AX FSE T1'  
Slice Thickness: 5  
Repetition time: 500  
Magnetic Field Strength: 15000  
Echo Time: 7.7360  
Spacing Between Slices: 6.5000  
Spatial Resolution: 1.2500  
Flip Angle: 90  
Pixel Spacing: [2x1 double]  
PatientSex: 'M'  
PatientAge: '057Y'  
PatientWeight: 66  
PatientPosition: 'HFS'
```

III.4. Base de Données

La première étape de notre travail de PFE fut l'acquisition de la base d'images IRM à l'hôpital Militaire Régional Universitaire d'Oran (HMRUO). Les images à traiter sont sous la forme de coupes axiales du cerveau d'un sujet pathologique pondérées en T1 de taille (512 × 512), Les images sont en format DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine). La base de données de sujet pathologique contient 24 coupes axiales [voir l'annexe A]. Sur ces coupes la tumeur apparaît comme une tache blanche se situant dans la partie droite du cerveau. Les différentes tumeurs offrent une très grande variété dans leur taille, forme et couleur, ce qui explique que le diagnostic est parfois difficile. Dans cette base de données, la tumeur se situe entre la 8^{ème} et la 16^{ème} coupe.

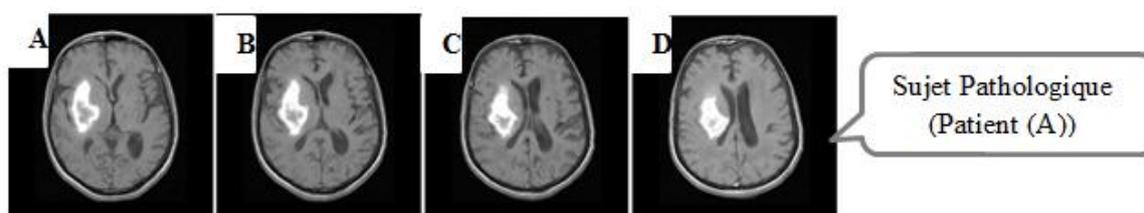


Figure III.2. - Exemples d'images de notre base.

La maladie de notre sujet pathologique a été interprétée par un expert (Neurologue) comme suit, section III.4.1.

III.4.1. Interprétation par l'expert

IRM cérébrale, les quatre images (A,B,C,D) correspondent aux différents niveaux de coupes axiales sur deux séquences:

- Une séquence pondérée en T1.
- Une séquence Contrastée en T1 après injection de Gadolinium.

"On retrouve une image (corps) de contour irrégulier développée dans le lobe frontal, hétérogène en T1. Après injection, un important rehaussement du contraste de l'image permettant de distinguer l'œdème. Effet de masse sur le ventricule latéral droit (très claire sur

l'image D) : toutes ces caractéristiques sont très évocatrices d'une tumeur cérébrale entourée par œdème d'allure maligne", « Dr. Koubsi Saleh » Maître encadreur à l'hôpital militaire-Oran'.

III.5. Prétraitement

Avant d'entamer la phase de segmentation, nous faisons d'abord subir à ces images des prétraitements qui consistent au filtrage pour éliminer les bruits et les défauts surchargeant l'image dus aux artefacts de l'IRM. Ce filtrage permet de ne garder que les pixels dont les propriétés quantitatives sont dans un intervalle donné. Il permet d'éliminer les bruits et les défauts qui surchargent l'image dus à l'éclairage et au processus d'acquisition. Cela doit se faire sans perte d'information utile.

Sans cette opération de prétraitement, toutes les étapes du traitement de l'image qui suivent, comme la segmentation, risquent d'être difficiles, voire même impossibles.

III.5.1. Filtre médian

Le principe du filtre médian est de remplacer le pixel central par la valeur médiane des pixels de son voisinage. Ce filtre a l'avantage de ne pas introduire de nouvelle valeur d'intensité et de réduire la variance de celle-ci. Il permet de supprimer les oscillations d'intensité inférieures à la taille de la fenêtre de lissage ainsi que le bruit.

L'algorithme ci-dessous montre le principe du filtre médian :

Pour chaque pixel P_{xy} de l'image faire
 $P_{xy} \leftarrow \text{Median}$
 (voisins(P_{xy}))

III.5.2. Diffusion anisotropique

Afin de préserver les discontinuités utiles, tout en continuant à réduire le bruit, il est apparu nécessaire d'adapter l'intensité de la diffusion selon la zone considérée en introduisant un coefficient de diffusion $c(x, y; t)$ dépendant à la fois de l'espace et du temps (c'est-à-dire de l'itération). Pour que le filtrage soit intra-régions, il est nécessaire de connaître les frontières à toutes les échelles. Il est évident que cette information n'est pas disponible a priori ; il faut donc utiliser un détecteur de contours. Dans leur modèle (Perona et Malik., 1990), ils utilisent un simple gradient de l'intensité de l'image, aboutissant néanmoins à des résultats appréciables. La diffusion non linéaire qui en découle s'écrit :

$$\partial_t I(x, y; t) = \text{div}(c(|\nabla I(x, y; t)|) \cdot \nabla I(x, y; t)) \quad (\text{III.1.})$$

Où c est un coefficient de diffusion adaptatif, strictement décroissant et positif, avec :

$$* c(0) = 1 ;$$

$$* \lim_{x \rightarrow \infty} c(x)$$

Perona et Malik proposent deux fonctions de diffusion c répondant à ces critères :

$$C(x) = e^{-\left(\frac{x}{\sigma}\right)^2} \text{ (fonction gaussienne)} \quad (\text{III.2.})$$

$$C(x) = \frac{1}{1+\left(\frac{x}{\sigma}\right)^2} \text{ (fonction lorentzienne)} \quad (\text{III.3.})$$

où $\nabla I(x, y; t)$ représente la différence d'intensité (dNord, dSud, d'Est, d'Ouest). Et σ (ou $\kappa = \sigma$) contrôle la conduction comme la fonction du gradient.

Le filtrage anisotropique est un processus itératif. À chaque itération, les contours sont détectés par calcul du gradient de l'image, et pour chaque pixel, un coefficient de diffusion dépendant de la valeur du gradient est calculé. Pour de faibles valeurs de gradient, on considère que l'on est dans une zone homogène de l'image. On autorise alors la diffusion avec un coefficient de diffusion élevé. Sur un contour caractérisé par un fort gradient, la diffusion est limitée par un coefficient faible. La nouvelle valeur du pixel est calculée en ajoutant la somme des propagations à la valeur actuelle.

$$NewVal_{x,y} = Val_{x,y} + \delta * \sum_{ij} f(P_{x+i,y+j} - P_{x,y}) \quad (\text{III.4.})$$

Où δ contrôle la vitesse de diffusion.

Algorithme (image IRM, NB_Iterations, δ , Kappa)

I = image IRM

Pour $x = 0$ à Nb_Iteration faire

 Pour chaque pixel de l'image faire

$$dNord(I_{ij}) = I_{i-1j} - I_{ij}$$

$$dSud(I_{ij}) = I_{i+1j} - I_{ij}$$

$$dEst(I_{ij}) = I_{ij+1} - I_{ij}$$

$$dWest(I_{ij}) = I_{ij-1} - I_{ij}$$

$$gNord = f(dNord, Kappa)$$

$$gSud$$

$$= f(dSud, Kappa)$$

$$gEst = f(dEst, Kappa)$$

$$gWest$$

$$= f(dWest, Kappa)$$

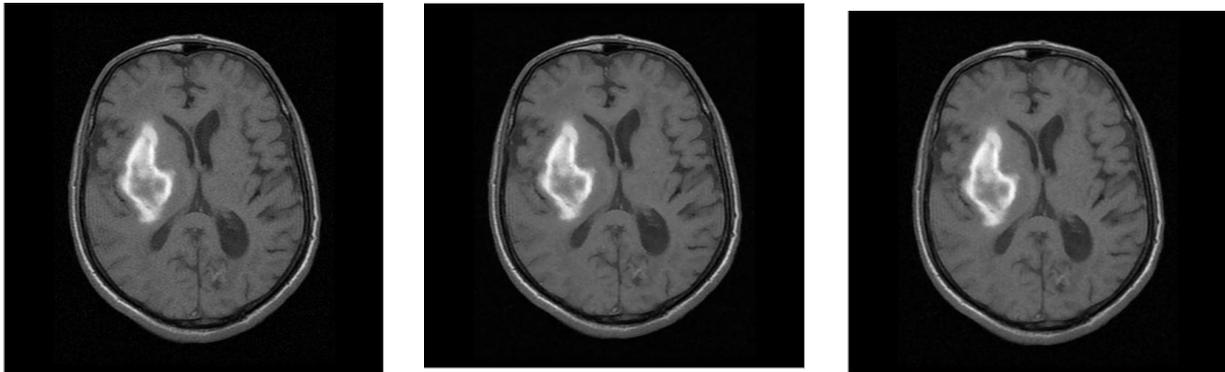
$$I_{ij} = I_{ij} + \delta * (gNord * dNord + gSud * dSud + gEst * dEst + gWest * dWest)$$

Fin Pour

Fin Pour

III.5.3.1 est des filtres de prétraitement

La figure III.3 montre l'effet du filtre médian et du filtre anisotrope sur une image bruitée. Cette figure présente une coupe axiale d'une image IRM d'un patient dont la résolution est de 512 x 512 x 24.



(a) IRM d'origine (b) Image filtrée par le filtre de diffusion anisotrope. (c) Image filtrée par le filtre médian.

Figure III.3 – Application du filtre de diffusion anisotrope et du filtre médian.

D'après les résultats obtenus, on remarque que les deux filtres donnent de bons résultats. Mais, celui de la diffusion anisotrope est meilleur en plus de sa caractéristique à préserver les contours. Mais, le filtre médian a l'avantage d'avoir un temps d'exécution court par rapport à la diffusion anisotrope.

Ensuite, nous avons comparé l'image filtrée avec l'image originale pour déterminer les dégradations et le rapport de ressemblance. En a considéré le critère qualitatif le plus utilisé, basé sur la mesure de l'erreur quadratique moyenne (MSE) calculée entre les pixels originaux et filtrés [20]:

$$MSE = \frac{1}{N} \sum_{p \in P} (I_p - \bar{I}_p)^2$$

Où P désigne l'ensemble des pixels de l'image I_p , et \bar{I}_p qui sont respectivement, les amplitudes de pixel sur les images originales et filtrées. L'utilisation de cette mesure d'erreur est préférée dans le filtrage des images. Cependant les distorsions introduites par le filtrage sont parfois mesurées par d'autres valeurs, comme l'erreur absolue maximale. Cette dernière semble plutôt trop sensible aux imperfections occasionnelles. Il est, aussi, vraisemblable que l'œil tient beaucoup plus compte des erreurs à grandes amplitudes, ce qui favorise la mesure quadratique. Ceci est traduit dans un cadre général par le rapport crête signal sur bruit (Peak Signal to Noise

Ratio, PSNR). Au lieu de mesurer la distorsion, cette valeur mesure l'effet du filtrage, puisqu'elle est proportionnelle à la qualité. Tout de même, le PSNR est une fonction de MSE ; sa définition et son utilisation proviennent du domaine du traitement de signal.

$$PSNR = 10 \log_{10} \left(\frac{I_{max}^2}{MSE} \right)$$

Pour une image adonnée, I_{max} désigne la luminance maximale possible.

Une valeur de $PSNR$ égale à ∞ , correspond à une image non dégradée, et elle décroît en fonction de la dégradation [20].

Les filtres	Filtre médian	Filtre de diffusion anisotrope
<i>MSE</i>	0.0035292	0.002974
<i>PSNR</i>	32.5865	34.4431

Tableau.III.1-Résultat d'évaluation de la qualité des images filtrées.

Nous avons constaté qu'une valeur élevée de PSNR semble suffisante pour accepter qualitativement une image (Tableau.III.1.).

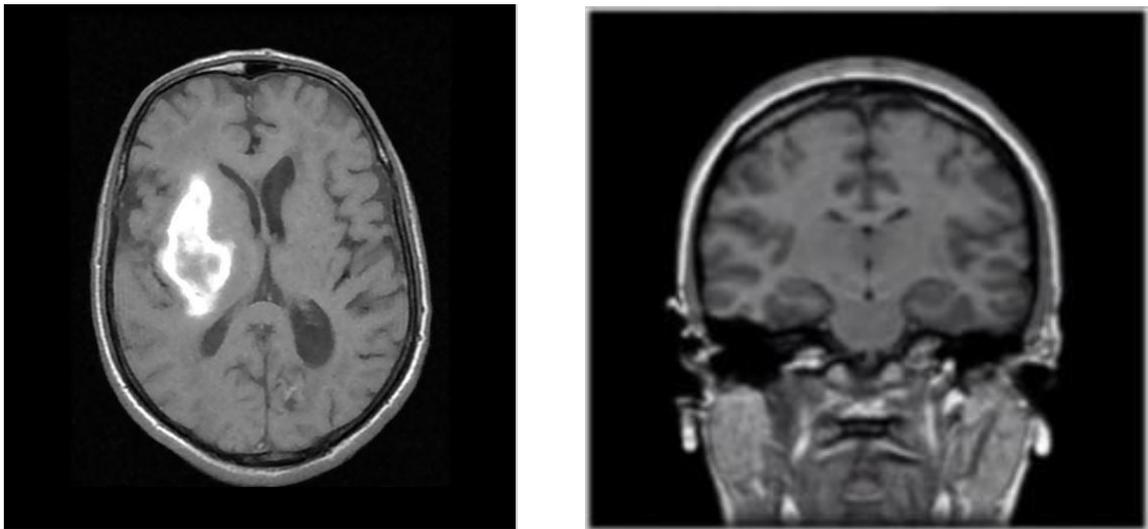
Par conséquent, nous avons utilisé de diffusion anisotrope pour deux importantes raisons :

1. La valeur de PSNR est élevée (filtrage de bonne qualité).
2. Le filtre de diffusion anisotrope permet d'atténuer les différences à l'intérieur des régions présentes dans l'image et de renforcer les différentes frontières entre régions. Dans notre cas, cette atténuation des différentes intensités (précisément les intensités des tissus en dehors du cerveau) permet ensuite d'obtenir un meilleur résultat pour la pré-segmentation.

III.6.Pré-segmentation

La majorité des méthodes de segmentation ne considère que l'encéphale (cerveau). Elles requièrent donc de l'avoir précédemment isolé du reste de l'image. On exclut volontairement les autres tissus (peau, yeux, os...) qui peuvent perturber l'analyse.

La pré-segmentation du cerveau est un prétraitement nécessaire à une segmentation efficace et rapide des tumeurs cérébrales. Il s'agit donc d'éliminer toutes les parties qui n'ont pas d'intérêt pour l'analyse par les médecins. Dans le cas d'une image en vue axiale, les éléments à éliminer sont placés autour du cerveau (la peau de la tête et le crâne). D'autre part, dans les images sagittales ou coronales il faut éliminer la peau, le crâne autour du cerveau ainsi que la partie inférieure de la tête (mâchoires...) (figure III.4).



(a)(b)

Figure III.4-(a)Image originale en coupe axiale. (b)Image originale en coupe coronale.

On a besoin de séparer le cerveau des autres structures de l'image. Pour cela, il est possible d'exploiter les différences entre les niveaux de gris, les textures et la connexité entre différentes parties du cerveau, entre autres. On peut utiliser par exemple des outils de morphologie mathématique, combinés avec des opérations sur les pixels (seuillages, inversions).

La segmentation par morphologie mathématique peut être réalisée en réalisant tout d'abord une binarisation : à l'aide d'un seuillage bas, il est possible de séparer en deux grandes parties le cerveau du reste de l'image en éliminant le fond, le liquide céphalo-rachidien et le crâne ; un seuillage haut permet de plus d'éliminer l'hyper-signal lié au système vasculaire et à la graisse contenue sous la peau et dans les globes oculaires, ce qui augmente l'efficacité des étapes ultérieures du traitement. Ces deux seuils sont déterminés à partir de l'histogramme de l'image.

Pour accomplir un bon travail, nous avons jugé nécessaire l'utilisation d'une ouverture morphologique pour assurer la déconnexion entre l'objet et la peau, et éliminer des régions de trop petites tailles dans l'image binaire (les petites tâches) via l'emploi de la commande "imopen" (Note: "imopen" est équivalent à une érosion suivie par une dilatation).

Érosion :

Afin de déconnecter le cerveau de la peau, nous exécutons une érosion. Cette étape permettra de diminuer le volume du cerveau et d'élargir les trous apparus lors de la binarisation.

Dilatation :

Afin de reboucher les trous apparus à cause de l'érosion et de retrouver le volume original de l'encéphale, une dilatation s'impose.

Nous remarquons du noir à l'intérieur de l'image obtenue (Figure III.5.). Alors, pour éviter cet inconvénient nous avons introduit une fonction morphologique qui nous a permis de combler les trous 'imfill' (Figure III.5.).

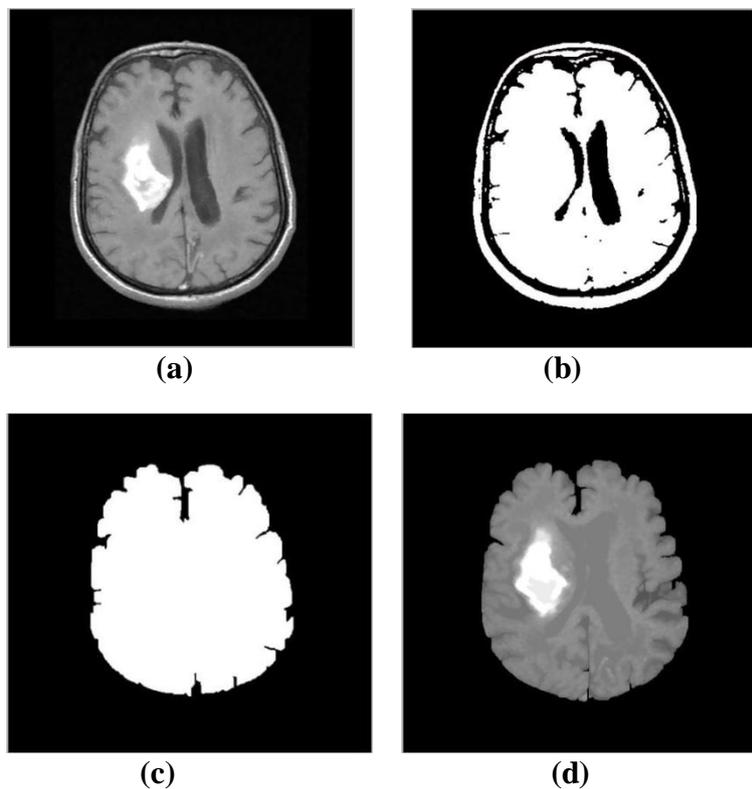


Figure III.5-(a)Image améliorée,(b)Image érodée, (c)Bouchage des trous, (d) Extraction du cerveau.

Remarque :

L'étape de l'extraction de l'encéphale ne fait qu'isoler le cerveau et éliminer les pixels des tissus environnants. Les différentes méthodes appliquées durant cette étape n'ont aucune incidence sur les pixels initiaux du cerveau et l'image qu'on segmentera par la suite gardera les informations initiales.

Résultats de pré-segmentation

Cette méthode a été testée sur l'ensemble des images de notre base de données. De manière générale, la méthode proposée permet d'extraire correctement l'objet « cerveau ». Sur l'ensemble de ces images, le contour obtenu par notre méthode de pré-segmentation est surimposé, en blanc, sur les coupes originales. Même s'il est difficile de valider, sans connaissance de la vérité terrain, les résultats obtenus sur ces volumes, nous pouvons visuellement constater l'adéquation entre le contour estimé et le contour apparent du cerveau.

L'originalité de cette méthode repose essentiellement, d'une part sur le mode d'estimation des seuils, et d'autre part, sur la possibilité d'adapter ces seuils en présence d'une tumeur périphérique.

Les résultats obtenus ont montré, d'une part, la robustesse de l'estimation des seuils et, d'autre part, la pertinence de l'adaptation des seuils. Visuellement très corrects, ces résultats permettent d'aborder la phase de segmentation des différentes structures cérébrales et des tumeurs dans des bonnes conditions.

III.7.Segmentation

Après avoir prétraité les images de notre base, l'étape suivante est l'implémentation des trois techniques de segmentation citées précédemment pour détecter les différentes structures cérébrales sur des sujets pathologiques. Par la suite nous allons détailler les résultats obtenus après application de ces techniques sur la base d'image en commençant par la méthode k-moyennes.

III.7.1.Application de la méthode K- moyennes

L'algorithme classique de k-means laisse un paramètre libre : le nombre de classes, ce qui dans le cas de la segmentation d'images correspond au nombre d'intensités utilisées pour représenter l'image. Généralement le choix de k est fait empiriquement en sélectionnant la valeur de k qui minimise l'énergie. Différents critères permettent d'estimer le nombre de classes en minimisant la distance intra-classes et à maximiser la distance inter-classes.

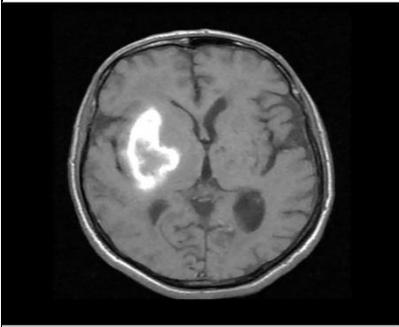
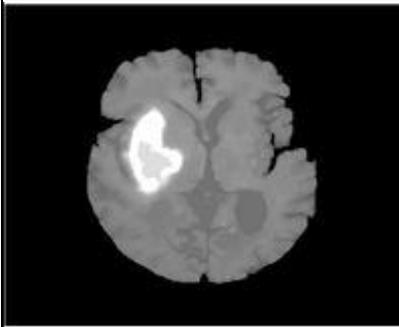
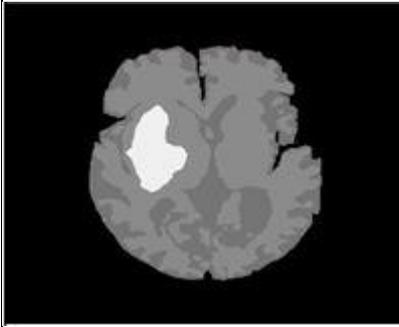
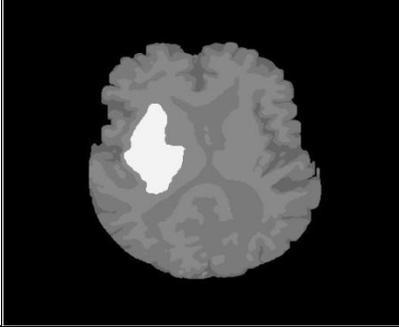
Cet algorithme est faible selon l'initialisation de ses centres, car le niveau de gris entre images peut varier beaucoup. Cependant, on résout cet inconvénient avec le prétraitement précédent.

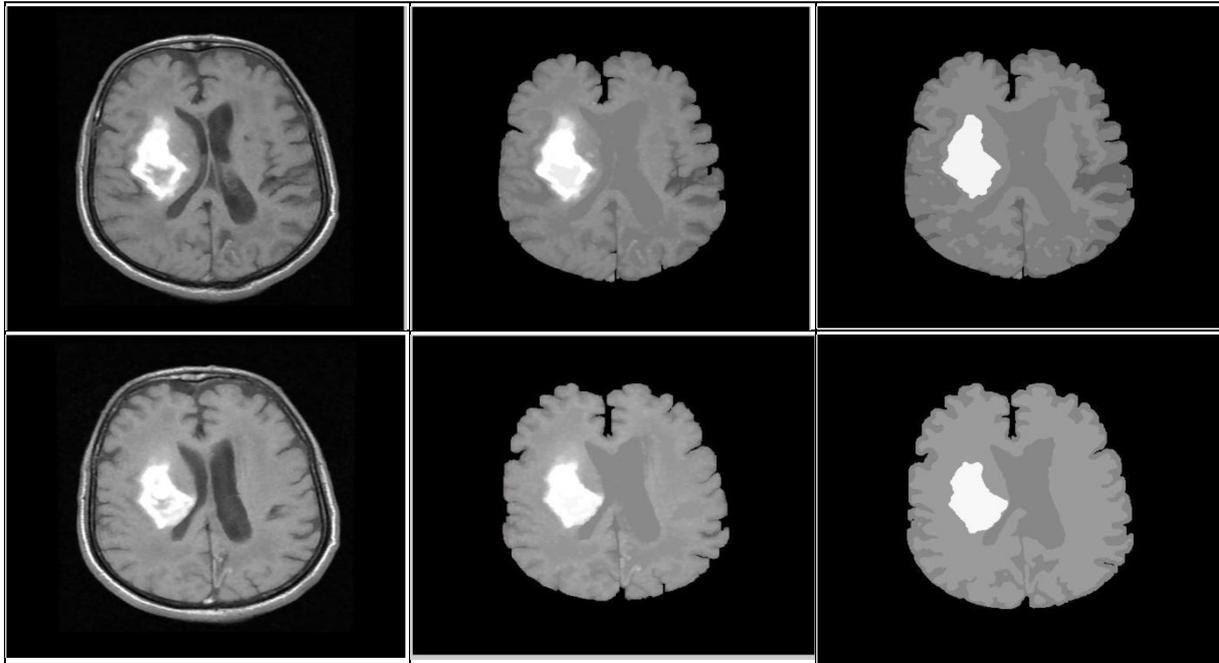
On a codé un K moyennes avec cinq classes, la classe 1 étant le fond ou le noir de l'image, la classe 2 la matière grise, la classe 3 la matière blanche, la classe 4 le liquide céphalo-rachidien, et la classe 5 la tumeur.

L'initialisation qu'on a utilisée a toujours les mêmes valeurs, mais grâce au calcul des centres, les valeurs changeront selon l'image d'entrée. Il faut spécifier que les valeurs de nos centres sont déjà normalisées entre [0 1].

Comme on a plusieurs images et chacune a un histogramme différent, il sera donc naturel que dans chaque image les centres soient différents après l'application de l'algorithme.

Les centres finaux ne sont pas les mêmes qu'on a initialisés grâce à l'étape de mise à jour des centres qui se calculent de manière itérative jusqu'à la convergence.

Image à segmenter	Image prétraitée	Image segmentée
		
		



(a) (b) (c)

Figure III.6. - Résultats de segmentation (k-means). (a) coupe axiale de l'image originale. (b) Image prétraitée (c) Segmentation par K-means.

Analyse des résultats

La méthode K- moyennes est rapide et simple à mettre en œuvre, mais elle a quelques inconvénients, dans ce qui suit nous discutons les résultats obtenus sur des IRM pathologique.

Maintenant nous discutons les résultats de notre application pour la détection de la tumeur et des structures cérébrales (MG, MB, ventricules) sur des IRM d'un patient malade.

Nous remarquons que la segmentation des ventricules est satisfaisante (malgré l'existence des petits trous) et on voit bien la tumeur sur le fond du ventricule latéral droit.

La segmentation de la tumeur est plus ou moins satisfaisante car la forme générale est détectée mais il manque quelques détails à cause de l'hétérogénéité de la tumeur. Enfin la segmentation des deux matières blanche et grise est très difficile car leurs limites sont imprécises à cause de l'effet de l'œdème sur la MB et par conséquent les deux matières ne sont pas bien limitées.

Après avoir constaté les résultats de segmentation d'images de notre base par la méthode de K-moyenne, nous passons à une autre méthode de segmentation qui appartient à une autre famille des méthodes de segmentation basées sur les sous-ensembles et la logique floue. Cette méthode s'appelle Fuzzy C-means (FCM).

III.7.2. Application de la méthode FCM

La méthode FCM a été largement utilisée pour la segmentation des images du cerveau que ce soit pour les régions actives (tumeurs...) ou pour détecter les zones effectivement actives qui restaient silencieuses.

Nous procédons à la segmentation par classification en utilisant la méthode FCM, pour cela, il nous faut définir les différents paramètres gouvernant cette méthode, à savoir les valeurs de m, c et $\varepsilon = 0.001$.

La méthode FCM constitue une excellente manière d'initialiser les données puisqu'elle donne accès à une première estimation de U (la matrice degré d'appartenances). Le paramètre m contrôle le degré de flou de la partition floue. Si m est proche de 1, la partition résultante est quasiment non floue.

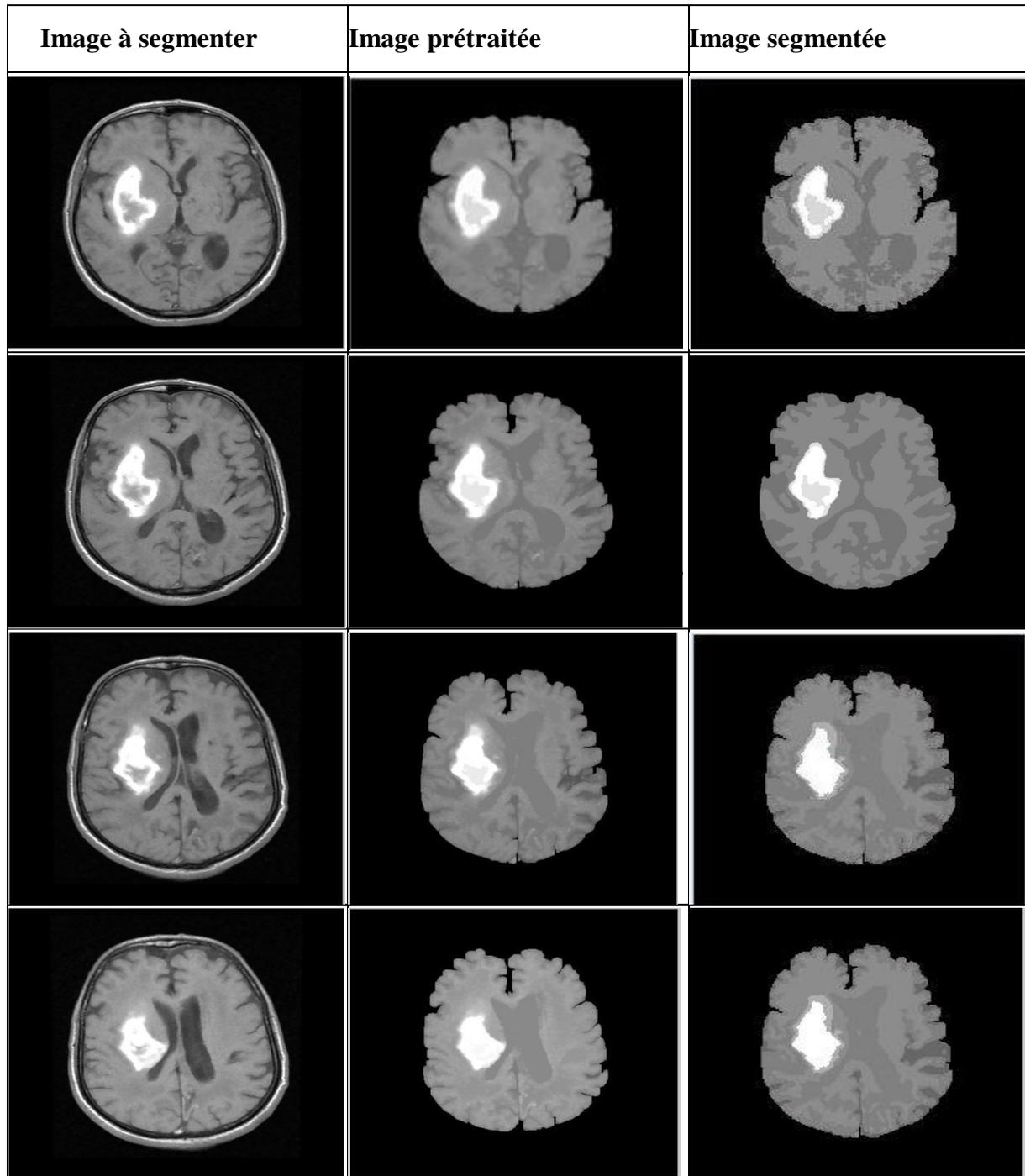
Chaque vecteur x_j est assigné à une classe i et une seule avec un degré d'appartenance $u_{ij} = 1$ et, inversement, les degrés d'appartenance de x_j à chacune des c classes sont égaux à $1/c$ lorsque m tend vers l'infini. Pour cela, une valeur comprise dans l'intervalle $[1.5, 3]$ est généralement acceptée afin d'assurer la convergence de l'algorithme.

Influence du facteur de flou sur le degré d'appartenance

Le bruit est l'autre défaut caractérisant les images RMN. Son effet peut être modélisé par la FCM, mais cette modélisation dépend fortement de l'indice de flou m . Les études réalisées sur des images IRM ont révélé les constats suivants :

- Pour $m=1.1$, l'effet de bruit n'est pas pris en compte, l'algorithme des FCM se comporte comme celui des K-means, les appartenances sont très proches de 0 ou de 1.
- Pour $m = 10$, on voit que les différentes valeurs d'appartenance sont du même ordre de grandeur, sauf pour les radiométries proches du centre d'une classe qui ont une valeur d'appartenance élevée relativement aux autres classes.
- Cependant, pour m compris entre 2 et 5, on ne rencontre pas les mêmes problèmes que pour les deux premières configurations. On constate que lorsque m augmente (de 2 à 5) les valeurs s'éloignent de 1 et de 0, il y a plus de tolérance au bruit dans le résultat de la segmentation.

Nous prenons donc pour notre application $m = 2$. En ce qui concerne le paramètre nombre de classes c , il est choisi selon les images à segmenter (le nombre des tissus qu'elle contient ainsi que les classes de la pathologie). Dans notre cas nous avons codé l'algorithme FCM sur 5 classes pour les sujets pathologiques.



(a) (b)(c)

Figure III.7.- Résultats de segmentation(FCM). (a) Une coupe axiale de l'image originale.(b)image prétraitée. (c) Segmentation par FCM.

Analyse des résultats

La figure III.7. illustre les résultats de la segmentation avec FCM. Nous observons que la segmentation des ventricules est satisfaisante, car les régions obtenues épousent assez bien la forme des ventricules. La même chose peut être dite pour le thalamus et les noyaux caudés. De même nous constatons que la tumeur est correctement segmentée.

Par contre, le résultat de segmentation de la MG (juste le contour externe) est moins satisfaisant à cause de la nature du contour de cette dernière (contour irrégulier), nous pouvons lever cet inconvénient par l'augmentation du nombre d'itérations.

Donc on peut conclure que la méthode (FCM) permet de détecter les différentes classes avec un certain degré d'appartenance et ceci grâce à la fonction *distance* suivie d'un processus itératif qui permet de minimiser cette dernière.

Cette méthode non supervisée donne de très bons résultats pour l'extraction des différentes parties du cerveau.

III.7.3. Application de la méthode FPSO

L'algorithme flou c-moyen est sensible à l'initialisation et est facilement piégé dans les optima locaux. Une optimisation est donc envisagée et ceci par le biais de l'algorithme d'optimisation par essaim de particules PSO. Nous l'avons donc implémenté afin de surmonter les lacunes de c-moyens.

La méthode proposée supprime l'indétermination et donne ainsi une bonne performance de la classe désirée. Au lieu de ne tenir compte que de la valeur d'appartenance de chaque objet "classe", l'approche proposée prend en compte la valeur indéterministe comme un important facteur dans le cas d'incomplétude dans la classification de l'ensemble de données.

Les résultats expérimentaux basés sur cet algorithme ont permis d'obtenir les meilleurs résultats avec les paramètres suivants : 10 particules, $w = 0.8$, $c1 = c2 = 1.9$, $m = 2$, $\varepsilon = 0,001$ et au maximum 100 itérations.

Nous avons appliqué FPSO à notre base de données d'un sujet ayant une tumeur cérébrale, avec les paramètres cités ci-dessous et on obtient les résultats illustrés dans la figure III.8.

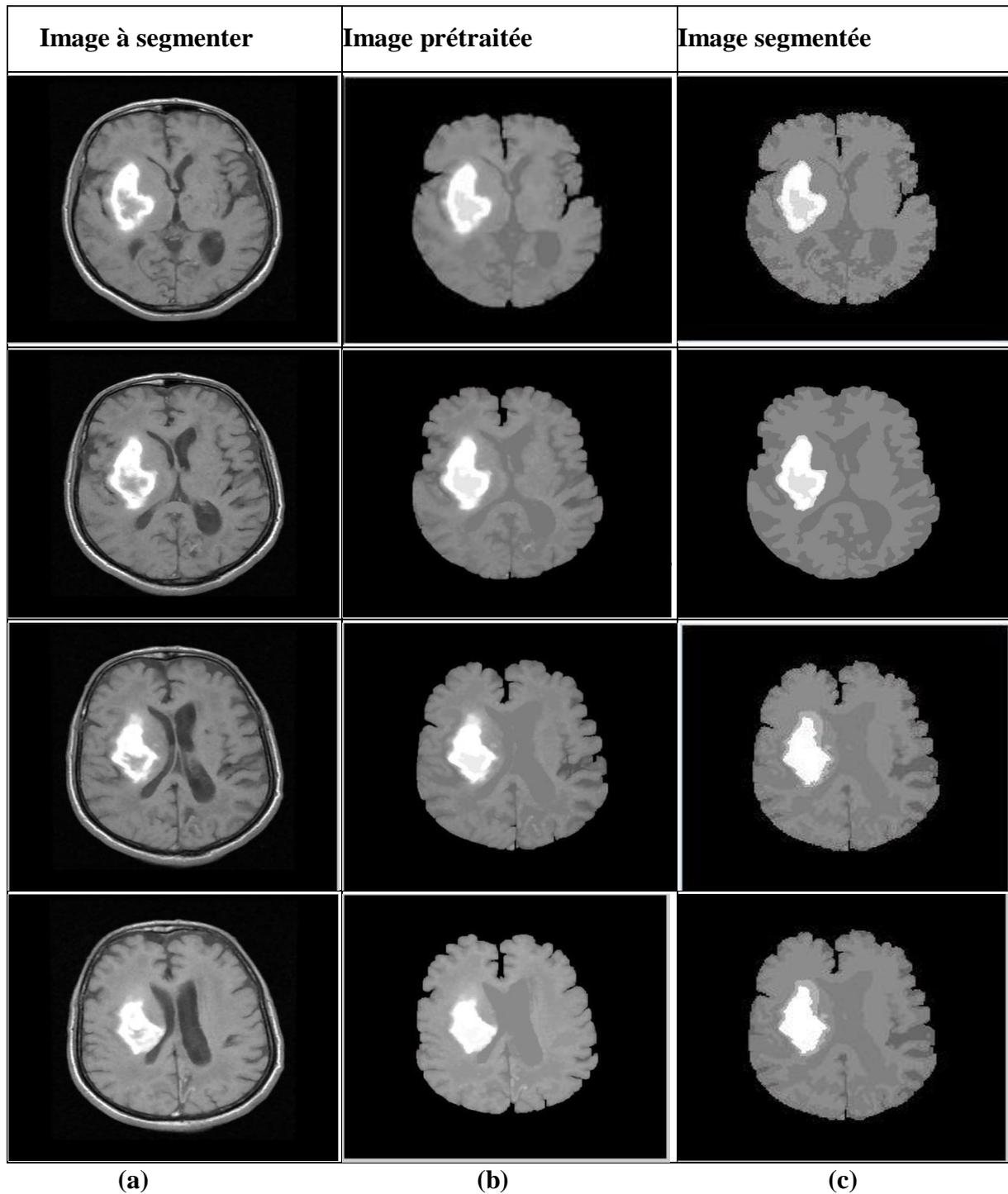


Figure III.8. -Résultats de segmentation(FPSO). (a) Coupe axiale de l'image originale.(b)image prétraitée(c) Segmentation par FPSO.

Analyse des résultats

Nous remarquons que la segmentation des différents tissus mous est satisfaisante, en particulier la tumeur est bien détectée ainsi que les ventricules le thalamus et les noyaux caudés. La segmentation de la matière blanche et de la matière grise est un peu floue.

III.8. Comparaison des trois méthodes et l'évaluation des performances

Caractériser les performances des méthodes de segmentation d'images est une tâche importante à réaliser dans le traitement d'images. Une difficulté importante à laquelle on doit faire face dans le développement d'une méthode de segmentation est l'absence d'un normestandard pour leur évaluation. La précision d'une technique de segmentation fait référence au degré auquel les résultats de segmentation sont en accord avec la vraie segmentation.

La segmentation manuelle des objets souhaités par les experts du domaine peut être considérée comme une référence acceptable. Mais, elle souffre encore de la variabilité inter et intra expert. Le résultat d'une méthode automatisée est ensuite comparé à l'objet segmenté manuellement par un expert ou un groupe d'experts. Si l'algorithme génère une segmentation suffisamment similaire à ceux fournis par les experts, elle est acceptée.

Dans notre cas nous n'avons pas de segmentation d'expert, nous allons donc utiliser d'autres critères d'évaluation qui sont le PSNR, l'Entropie, le V_{pc} et le V_{pe} .

Rapport signal sur bruit

Le rapport crête signal sur bruit (Peak Signal to Noise Ratio, PSNR) permet de quantifier la distorsion qui existe entre deux images, puisqu'il est proportionnel à la qualité. Tout de même, le PSNR est une fonction de MSE ; sa définition et son utilisation proviennent du domaine du traitement de signal [20].

$$PSNR = 10 \log_{10} \left(\frac{I_{max}^2}{MSE} \right)$$

Pour une image donnée, I_{max} désigne la luminance maximale possible.

Une valeur de $PSNR$ égale à ∞ , correspond à une image non dégradée, et elle décroît en fonction de la dégradation [20].

Entropie

Elle mesure la quantité d'informations est défini par :

$$H = - \sum_i \sum_j P_{ij} \log(P_{ij})$$

Les fonctions de validation des classes obtenues du partitionnement flou sont souvent utilisées pour évaluer les performances des différentes méthodes de classification. Ces fonctions sont la fonction de coefficient de partition V_{pc} [44] et la fonction d'entropie de partition V_{pe} [45]. Elles sont définies comme suit :

Coefficient de partition V_{pc}

Pour notre étude nous utilisons l'indice de validité V_{pc} proposée par Berzdek et al. [34]. Cet indice appartient à la catégorie des indices de validité dédiés à la segmentation floue qui utilisent les propriétés des degrés d'appartenance pour évaluer une partition. Il est défini comme suit :

$$V_{pc}(U) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^c u_{ik}^2$$

- n : représente le nombre de valeur d'un attribut donnée
- c : représente le nombre de groupes.
- u_{ik} : représente le degré d'appartenance de l'élément k au groupe i .

Sous la contrainte que $\forall i \ u_{ik} \in [0,1] \ \sum_{k=1}^c u_{ik} = 1$

on a donc $:\frac{1}{c} \leq V_{pc} \leq 1$

Si la valeur de V_{pc} tend vers son maximum 1, pour un certain nombre de clusters c , on aura une partition qui est constituée de clusters bien séparés. Si la partition en question ne contient aucune structure de clusters, V_{pc} atteint sa valeur minimale $\frac{1}{c}$. Il est clair que le nombre de clusters c qui maximise V_{pc} indique le nombre optimal de clusters.

Entropie de partition V_{pe}

$$V_{pe}(U) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^c u_{ik} \log_a(u_{ij})$$

Où $a \in (1, \infty)$ représente la base logarithmique.

On a :

$$0 \leq V_{pe} \leq \log_a(c)$$

Berzdek a démontré la relation qui lie les deux indices V_{pe} et V_{pc} , elle est définie comme suit :

$$0 \leq 1 - V_{pc}(U) \leq V_{pe}(U)$$

C'est -à-dire :

$$V_{pc}(U) = 1 \Leftrightarrow V_{pe}(U) = 0$$

On peut déduire que si la valeur de V_{pe} tend vers son minimum 0, on aura une partition constituée de clusters bien séparés. Et s'il atteint sa valeur maximale $\log_a(c)$ la partition en question n'a aucune structure de clusters.

L'idée de la validité de ces fonctions est que la partition avec moins de flou signifie de meilleures performances. En conséquence, le meilleur regroupement est atteint lorsque la valeur V_{pc} est maximale et V_{pe} est minimale.

Afin d'évaluer au mieux la fiabilité des résultats, il est également préférable d'utiliser les mesures de dispersion qui améliorent la description des données en quantifiant leur étalement, variabilité et homogénéité.

Ecart-type s' :

La description de l'étalement d'une distribution peut être affinée. Pour ce faire, on utilise l'écart-type qui tient compte de l'ensemble des données. Plus l'écart-type est faible, plus les données sont dispersées autour de la moyenne. Inversement, plus l'écart-type est élevé, plus les données sont dispersées loin de la moyenne.

$$\sigma' = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})^2}{n}}$$

Lors du test des trois méthodes: K-means, FCM et FPSO, nous avons relevé les valeurs des quatre critères (*PSNR*, *Entropie*, V_{pc} et V_{pe}). Pour bien visualiser les résultats, nous avons choisi le mode histogramme. Le premier histogramme correspond aux PSNR (Figure III.9.), le deuxième à l'entropie (Figure III.10.) et le troisième aux V_{pc} et V_{pe} (Figure III.11.)

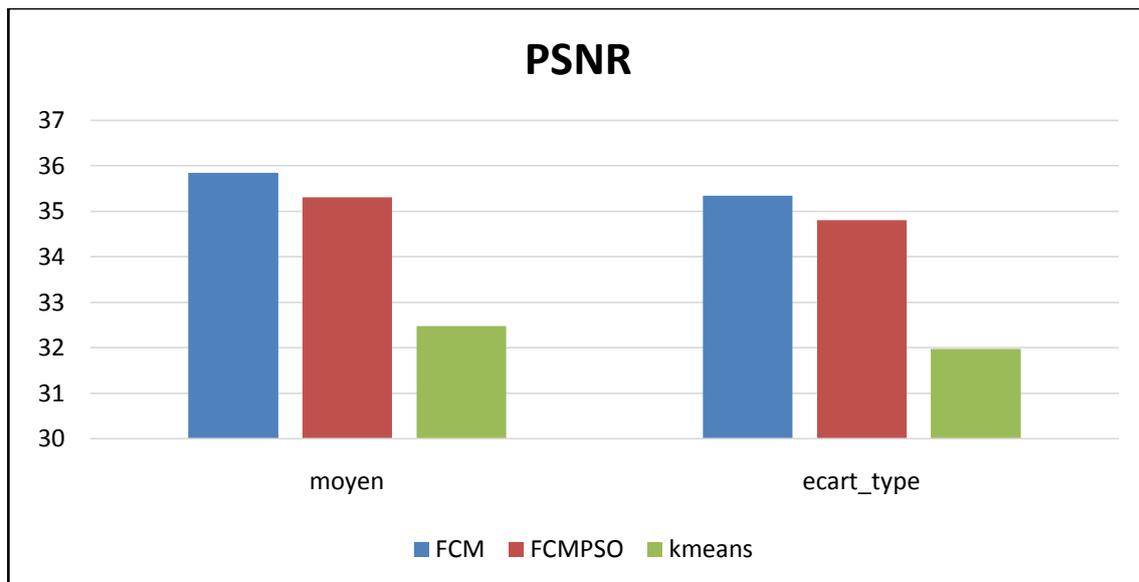


Figure III.9.- Comparaisons des trois méthodes avec le critère PSNR pour la segmentation de la tumeur cérébrale.

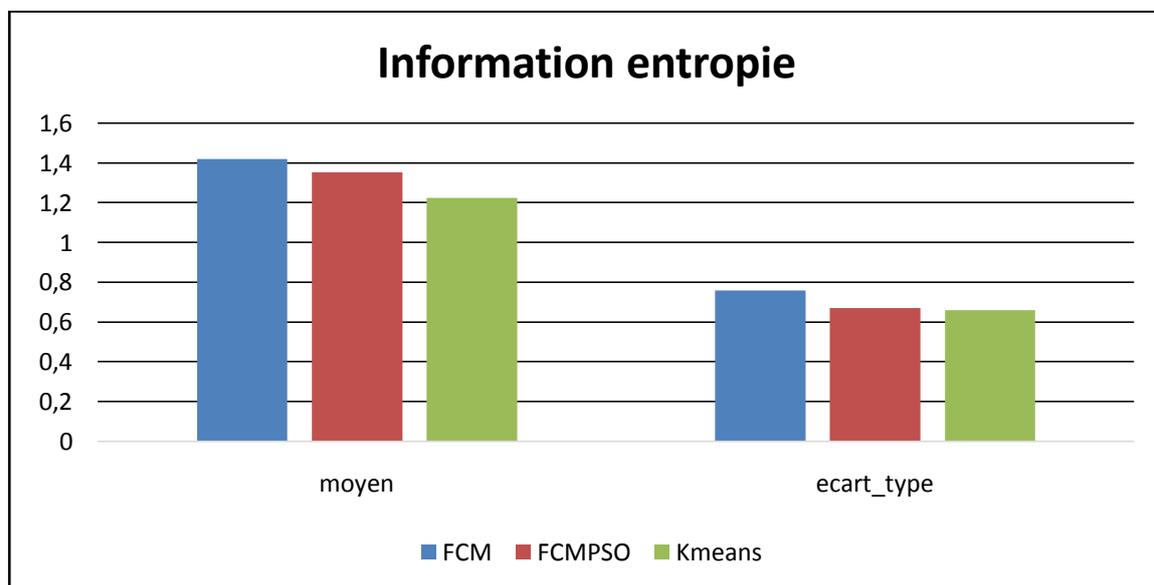


Figure III.10. - Comparaisons des trois méthodes avec le critère entropie pour la segmentation de la tumeur cérébrale.

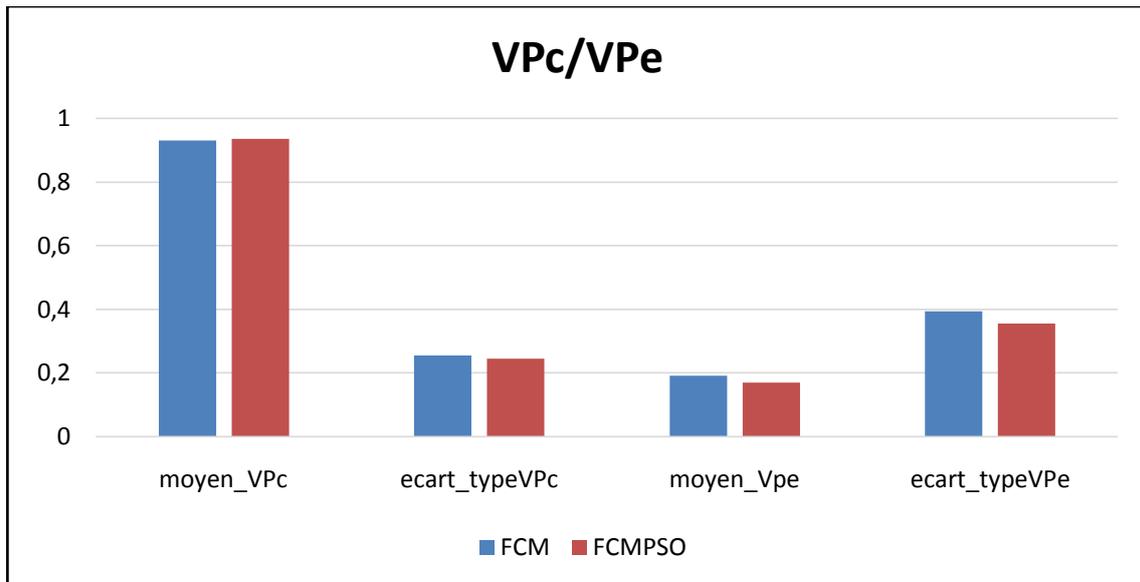
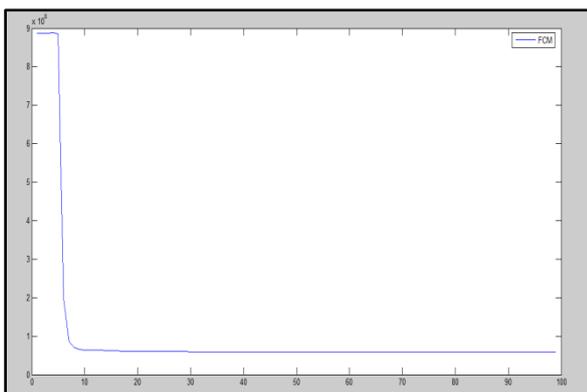
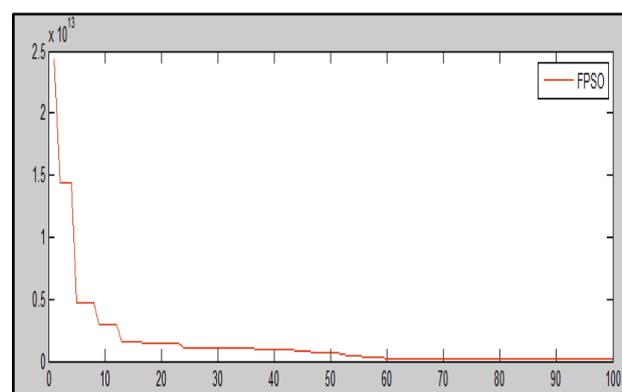


Figure III.11. - Comparaisons des trois méthodes en termes des deux critères V_{pc} et V_{pe} pour la segmentation de la tumeur cérébrale.

Nous avons également tracé la courbe qui représente la fonction objective pour les deux algorithmes FCM et FPSO, les résultats sont donnés par la figure III.12.



(a)



(b)

Figure III.12–Minimisation de la fonction objective pour les deux algorithmes FCM (a) et FPSO (b).

Discussion des résultats

L'objectif principal de cette étude est d'évaluer la performance relative de la méthode proposée FPSO par rapport à FCM et K-moyenne.

D'après les résultats exposés dans la figure III.9 pour la segmentation de la tumeur, nous remarquons que l'algorithme de FCM est le meilleur relativement au taux moyen de PSNR (PSNR=35.84) puis on trouve l'algorithme FPSO qui est classé en 2^{ème} place avec un taux de (PSNR=35.30) et enfin on trouve l'algorithme de K-moyenne en dernière position avec un taux de (PSNR=32.48). Ceci s'explique par la grande sensibilité de l'algorithme K-moyenne au bruit par rapport aux deux autres méthodes de classification, nous pouvons également justifier le taux élevé du critère PSNR du FCM par sa convergence rapide donc il est moins contaminé par les bruits contrairement au FPSO.

D'autre part, l'écart-type des valeurs de ce critère dans FPSO est faible par rapport au FCM, ceci indique qu'ils sont plus dispersés autour de la moyenne que dans le cas du FCM.

D'après la figure III.10 nous remarquons que le taux moyen d'entropie est très faible dans le cas de segmentation par K-moyenne car celle-ci est moins satisfaisante donc elle vise à diminuer la quantité d'informations que contient l'image originale, tandis que le taux moyen d'entropie dans le cas de FCM est un peu plus élevé que celui de FPSO car les résultats de segmentation par cette approche ne contiennent pas uniquement des lésions mais aussi le bruit et les artéfacts ce qui augmente la quantité d'informations. Par contre dans les résultats FPSO, les lésions sont nettement détectées.

En ce qui concerne les fonctions de validité des classes (figure III.11.) nous constatons que la fonction de coefficient de partition V_{pc} est maximale et la fonction d'entropie de partition V_{pe} est minimale en appliquant l'algorithme FPSO. Ce qui signifie que le meilleur regroupement est atteint. Ceci montre que cet algorithme donne des résultats meilleurs que l'algorithme FCM standard.

La figure III.12. , montre l'évolution de la courbe d'optimisation de la fonction objective en fonction du nombre d'itérations, on remarque bien que L'algorithme de FCM converge plus rapidement que l'algorithme FPSO.

Comparaison globale

Comme on vient de le voir, chaque algorithme présente un paramètre plus ou moins bon par rapport aux autres, il est donc nécessaire d'avoir une appréciation globale pour bien choisir le meilleur candidat.

L'algorithme FPSO obtient en général les meilleurs résultats pour la segmentation des structures avec formes régulières homogènes comme les ventricules ou régulières hétérogènes comme les tumeurs par rapport aux deux autres algorithmes. Visuellement dans les images données par FCM de la figure III.7. , on ne trouve pas uniquement les lésions, mais aussi le

bruit et les artéfacts. Par contre dans les résultats FPSO, les lésions sont nettement détectées. Cependant l'algorithme FCM converge plus rapidement que FPSO. Toutefois les résultats des deux algorithmes K-means et FCM tendent à se dégrader rapidement pour des formes inhabituelles.

La segmentation par la méthode de FPSO a donné de bons résultats lors de la segmentation des structures moins régulières comme le cas de la MB et la MG. Cependant cette méthode peut produire une sur-segmentation si les frontières des structures sont imprécises.

Nous avons mesuré le temps d'exécution des algorithmes pour chaque image et il en ressort que FCM est plus rapide pour les images de grande résolution et que k-means est plus approprié dans le cas des images à faible résolution. D'autre part, l'algorithme FCM est plus rapide que l'algorithme FPSO parce qu'il nécessite moins d'évaluations.

On remarque que le temps de calcul n'est jamais identique pour une image donnée étant donné qu'il est influencé par la position initiale aléatoire des centroïdes.

Le tableau III.2 récapitule ces diverses évaluations pour les trois algorithmes.

Critères de comparaison	K- moyenne	FCM	FCMPSO
Segmentation des structures avec formes régulières homogènes	Bonne segmentation	Bonne segmentation	Bonne segmentation
Segmentation des structures avec formes régulières hétérogènes	Mauvaise segmentation (nécessite des posttraitements)	Bonne segmentation	Très bonne segmentation
Vitesse d'exécution	Rapide (peu de calcul)	Moins rapide	Lente (beaucoup de calcul)
Impact des différents paramètres	-L'initialisation	-L'initialisation -Critère d'arrêt	-L'initialisation -Critère d'arrêt
Bruit	très sensible au bruit	Moins sensible	Moins sensible

Tableau III.2. - Comparaison des trois méthodes de segmentation.

Donc de manière générale, les algorithmes étudiés donnent une bonne segmentation et s'avèrent efficaces lorsque les objets de l'image sont clairement séparés, mais présentent cependant deux inconvénients : d'une part, ils nécessitent le choix préalable du nombre K de clusters, ce qui rend impossible l'automatisation de la méthode; d'autre part, ils requièrent un temps de calcul souvent élevé, du fait de leur nature itérative.

Au vu de ces résultats il est difficile de conclure quant au choix à faire entre les trois algorithmes parce que chaque méthode possède ses atouts mais également ses inconvénients.

Cependant nous pouvons choisir la méthode qui nous convient en fonction du nombre de classes qu'on cherche (rapidité de convergence) et de la forme et l'homogénéité de la structure à détecter.

III.9. Détection de la tumeur et les matières grise et blanche

La segmentation par FCM ou FPSO donne une classification avec un degré de flou, on ne peut pas extraire directement la tumeur et les autres structures (MB, MG). Nous proposons une nouvelle méthode qui combine FPSO (compte tenu de sa supériorité par rapport aux autres méthodes et compte tenu de la forme des structures de notre application) et la reconstruction géodésique qui est une méthode de segmentation de la famille des opérations de morphologie mathématique.

Algorithme proposé :

Cette méthode consiste à répéter les étapes suivantes :

- Etape de prétraitement.
- Exécution de FPSO pour séparer les classes avec un certain degré de flou.
- application d'opérateurs morphologiques (filtrage morphologique, dilatation, érosion, remplissage des trous).
- Reconstruction géodésique.

La reconstruction géodésique fait appel à 2 images (le mask : image de départ et marqueur pour marquer l'objet à extraire) et un élément structurant .

*Si g est l'image mask et f le marqueur, la reconstruction de g à partir de f notée $Rg(f)$ est définie par la procédure itérative :

1. initialiser $h_1 = \text{image_marqueur } f$.
2. créer un élément structurant $B = \text{ones}(3)$.
3. Répéter jusqu'à idempotence (c'est-à-dire $hk + 1 = hk$) :

$$hk + 1 = (hk \oplus B) \cap g$$

Le choix des points de départ (germes) se fait manuellement. Par conséquent, il convient de choisir les points de départ dans des zones les plus homogènes possibles.

Les figures II.13, II.14 et II.15. illustrent respectivement les résultats de la détection de la matière blanche, de la matière grise et de la tumeur.

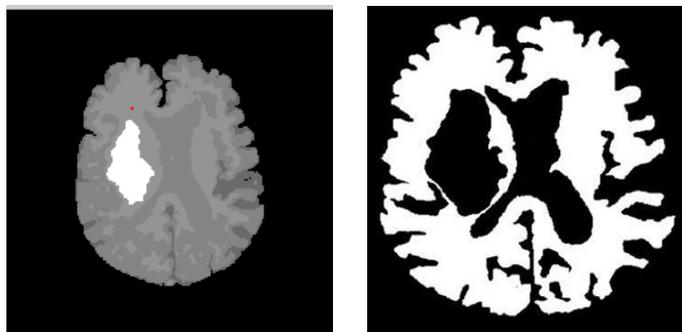


Figure III.13. –Détection et extraction de la matière blanche par FPSO/Reconstruction géodésique.

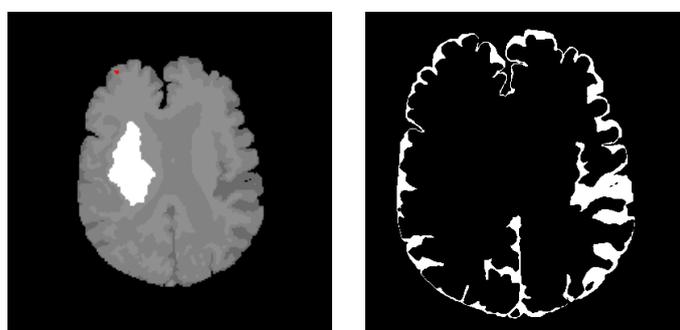


Figure III.14. –Détection et extraction de la matière grise par FPSO/Reconstruction géodésique.

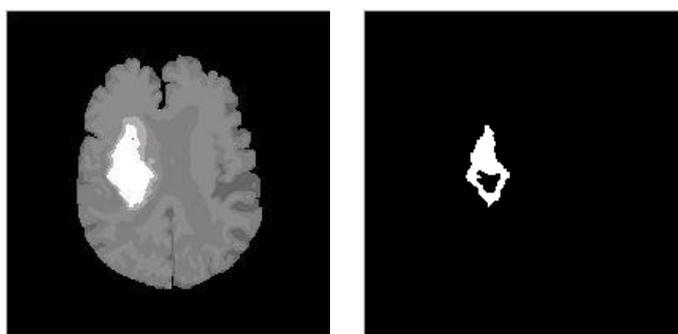


Figure III.15. –Détection et extraction de la tumeur par FPSO/Reconstruction géodésique.

On constate une très bonne segmentation mise à part le cas particulier de la tumeur, pour lequel nous avons ajouté un post-traitement de remplissage des trous (fonction de morphologie mathématique) (figure III.16). Ce traitement est particulièrement important pour la phase suivante de reconstruction 3D.



(a) (b)

Figure III.16. –Remplissage de la tumeur. Avant (a) après (b).

III.10.Reconstruction 3D

La visualisation médicale 3D est l'utilisation d'ordinateurs pour créer des images 3D à partir d'ensemble de données d'imagerie médicale. C'est un domaine relativement récent de la science, qui se base essentiellement sur le progrès dans la puissance et la rapidité des calculs numériques.

Malgré la jeunesse de cette science, ses techniques ont révolutionné la médecine. Une grande partie de la médecine moderne repose sur l'imagerie 3D comme c'est le cas avec les scanners (TDM), l'imagerie par résonance magnétique, qui permettent d'obtenir un rendu d'images 3D à partir de coupes 2D. Presque toutes les interventions chirurgicales et le traitement du cancer dans le monde développé repose sur ces techniques.

La première phase dans la chaîne d'imagerie 3D qui va influencer la qualité de l'image finale est certainement l'acquisition avec ses divers paramètres, qui dépendent évidemment du matériel utilisé. Prenons quelques exemples. Au cours des cinq dernières années, les scanners commerciaux disponibles peuvent prendre cinq volumes de 320 coupes en une seule seconde. C'est assez rapide pour faire des vidéos en 3D d'un cœur battant.

Il existe également diverses techniques d'imagerie de diffusion qui révèlent la diffusion de l'eau à travers le corps. Cela est important parce que l'eau a tendance à suivre les structures autrement difficiles à l'image telle que les faisceaux nerveux et les fibres musculaires. L'imagerie de ces structures est une ouverture vers de nouveaux domaines importants d'études

en neurosciences et biomécanique. Puis il y a les techniques d'imagerie qui fonctionnent au niveau des molécules et des gènes. Le grand potentiel de ces dernières est qu'elles peuvent révéler des processus pathologiques bien avant qu'ils ne deviennent apparents sur une plus grande échelle, sous la forme de tumeurs, par exemple.

La collecte des données est juste une partie du défi. Il faut ensuite bien exploiter ces informations pour cela il faut commencer par une visualisation adéquate de manière à permettre l'analyse la plus efficace. Ce n'est évidemment pas une tâche facile, mais encore une fois, il y a eu d'énormes progrès dans ce domaine.

L'une des manières les plus spectaculaires est la représentation topologique des données médicales, autrement dit, une représentation montrant les surfaces des objets. Cela permet de voir plus facilement les formes des organes et de planifier des interventions chirurgicales. C'est dans ce cadre-là que nous souhaitons visualiser la tumeur cérébrale en 3D.

Cependant la visualisation d'une structure ou d'un objet ne peut se faire sans passer par sa modélisation 3D et l'une des méthodes de base est la modélisation polygonale.

Les modèles polygonaux sont des structures topologiques de faces (triangulaires ou quadrangulaires), aussi appelés des maillages. Ils se composent d'une partie géométrique et d'une partie topologique. Alors que la partie géométrique est un ensemble discret de sommets (points), la partie topologique consiste à définir les faces et les arêtes de la surface. Les maillages sont les modèles les plus utilisés car ils sont dérivés d'un ensemble d'échantillons de surfaces. Tous les maillages peuvent être facilement triangulés (chaque face à trois sommets).

Après la modélisation, il faut donner aux facettes d'un même objet une couleur, une texture, un matériau, il s'agit de la phase d'habillage. Cela permet de différencier les objets ayant une même forme mais différentes natures (tissu mou/os par exemple).

Il faut donc identifier au préalable chaque tissu et ceci sur toutes les coupes : c'est la phase de segmentation qui a été réalisée auparavant. Une bonne segmentation entraîne une bonne reconstruction 3D.

Ensuite il faut exposer le modèle à une ou plusieurs sources de lumière et choisir un point de vue pour rendre une vue en perspective de l'objet (et ses sous-objets), ce qui donne l'impression de profondeur. Ce n'est qu'une « impression » car l'affichage se fait bien sur un écran 2D. Il existe plusieurs modèles d'illumination permettant de calculer avec précision la valeur de chaque voxel en fonction de la quantité de lumière reçue (directement des sources ou par réflexion et/ou diffusion) et également en fonction de sa transparence (opacité). Parmi ces modèles citons celui de Lambert, celui de Gouraud et enfin celui de Phong.

Notons que lors d'une acquisition sériée 2D, il existe un paramètre important c'est l'épaisseur de coupe. Plus elle est fine plus le nombre de coupes sera important et plus la reconstruction 3D sera proche de la scène réelle. En effet le manque d'information (moins de coupes intermédiaires), sera comblé lors de la reconstruction par l'interpolation des données ou par approximation.

III.11. Reconstruction 3D de la tumeur

Dans notre base de données, la tumeur se situe entre la 8^{ème} et la 16^{ème} coupe. Pour reconstruire la tumeur, nous commençons par la segmenter dans toutes les coupes indiquées (figure III.17). Ensuite, nous effectuons une reconstruction après un lissage, le choix d'un modèle d'illumination (Phong) et d'une couleur (figure III.18). Remarquons l'effet escalier de la représentation en 3D de la tumeur. Ceci est dû au nombre réduit de coupes utilisées pour la représentation 3D.

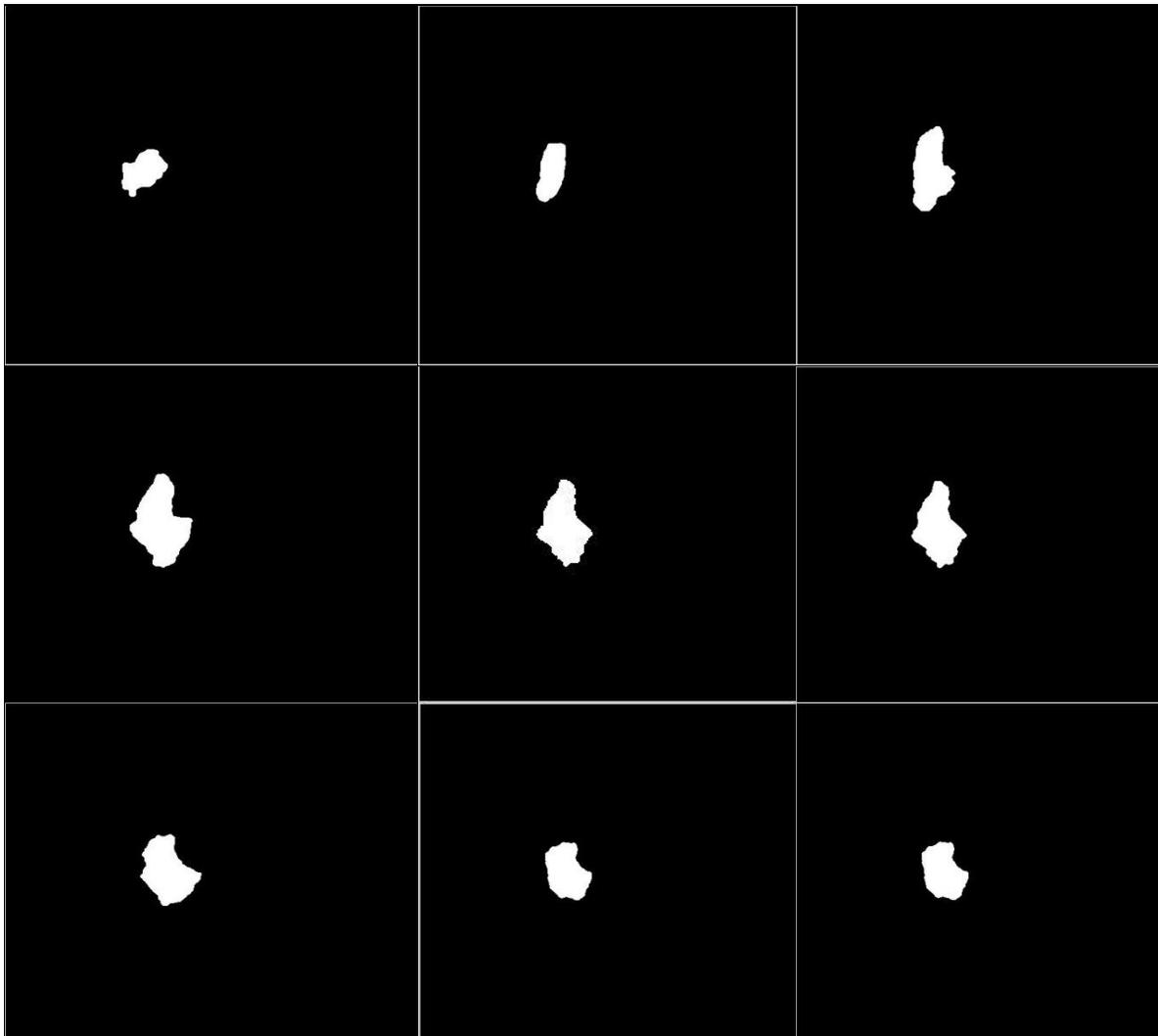


Figure III.17. –Montage des 8 coupes axiales de la tumeur sur les 24 coupes axiales.

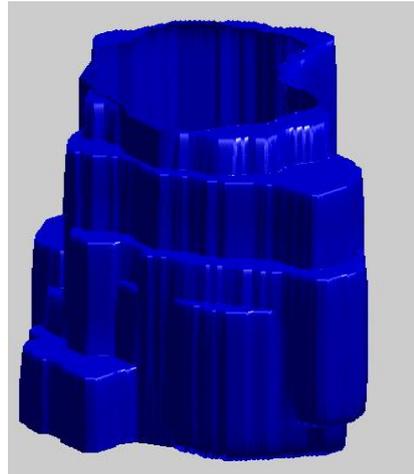


Figure III.18. –Reconstruction 3D de la tumeur.

Nous avons également fait une reconstruction 3 D de la MB+tumeur,MB,MG,voir (figure III.19).

Reconstruction 3D de la matière blanche et de la matière grise



Figure III. 19. –Reconstruction 3D de la MB +tumeur(a), MB(b),MG(c).

III.12. Conclusion

Dans le contexte de l'imagerie cérébrale, les buts d'un système de segmentation automatique d'IRM cérébrales sont multiples : aide au diagnostic, suivi de l'évolution de l'état du patient, test clinique, etc.

Notre travail est fait dans le cadre de l'aide au diagnostic et du suivi de l'évolution de la pathologie. Nous avons donné un aperçu théorique de trois méthodes de segmentation que nous avons testé sur notre base de données. Ces méthodes sont K-moyennes FCM et FPSO, nous avons constaté que les trois méthodes donnent une assez bonne segmentation in-visu, mais chacune a ses avantages et inconvénients. Pour un choix plus pertinent nous avons calculé des critères de comparaison PSNR, Entropie, et les mesures d'écarts dues à la segmentation floue (FCM et FPSO). On a fini par choisir FPSO à cause de sa supériorité dans notre cas particulier (forme des structures à détecter et nombre réduit de classes).

Cependant, la classification est donnée avec un degré de floue qui ne permet pas d'extraire convenablement nos tissus. Pour cela, nous avons proposé notre algorithme qui combine FPSO et la reconstruction géodésique. Ce dernier qui s'appuie sur l'utilisation de germe permet l'extraction des différents tissus mous du cerveau et en particulier la tumeur.

Nous avons ainsi appliqué notre méthode sur l'ensemble des coupes cérébrales couvrant la tumeur, et cela constitue une phase de prétraitement pour la visualisation 3D.

Nous avons finalement reconstruit en 3D la tumeur, la matière blanche et la matière grise avec une qualité qui est tributaire de la précision de la segmentation et la précision de coupe. FCM qui a permis une meilleure segmentation de certaines structures par rapport à la première méthode, et enfin nous avons testé une méthode très puissante- FPSO- qui est une évolution de la technique FCM. Cette dernière méthode a donné les meilleurs résultats, mais avec un temps d'exécution important. À la fin de ce chapitre, nous avons effectué une comparaison entre les trois méthodes.

Une approche très logique consiste à générer une reconstruction en 3 D de structures d'organes de l'être humain à partir d'images médicales 2D . Cette procédure permet d'introduire la notion d'image 3D.

La reconstruction en 3D correspond alors à la superposition des coupes de la même projection dans un espace tridimensionnel, toutefois la qualité de la reconstruction est étroitement liée au nombre de coupes crâniennes disponibles pour ce traitement.

Conclusion générale

Conclusion générale

La segmentation des structures cérébrales permet non seulement de mieux caractériser leurs rôles, mais aussi d'isoler des marqueurs de certaines pathologies afin d'aider le médecin dans son diagnostic. L'objectif de notre travail porte sur la mise en œuvre d'une technique de segmentation et d'extraction de tumeurs (lésions) à partir d'IRM cérébrales pour améliorer l'aide au diagnostic et éventuellement le suivi de la régression de la tumeur en cours de thérapie.

Pour réaliser cette étude, nous avons commencé par la description des notions essentielles liées à l'anatomie du cerveau sain, des pathologies dont les tumeurs ainsi que la méthode d'acquisition « par excellence » l'imagerie par résonance magnétique nucléaire.

Ensuite, nous avons passé en revue les différentes méthodes existantes dans le domaine de la segmentation d'images IRM cérébrales. Cette diversité est représentative de la complexité du problème de segmentation des images IRM cérébrales.

La dernière partie est le cœur de notre travail. Après une phase de prétraitement en utilisant la technique de filtrage par diffusion anisotrope, nous avons testé trois méthodes de segmentation utilisées en littérature pour les structures cérébrales :

- ✚ La première appartient à la famille des méthodes de segmentation par classification, c'est la méthode de K-means.
- ✚ Les deuxième et troisième méthodes permettent également la classification mais sont également deux méthodes basées sur les sous-ensembles flous

Nous avons comparé les trois méthodes en utilisant plusieurs critères de comparaison, afin de désigner la meilleure méthode. Après plusieurs mesures de performances, nous pouvons conclure qu'aucune de ces méthodes ne peut être qualifiée comme meilleure ou satisfaisante ou privilégiée par rapport à l'autre, car chacune a ses atouts et ses défauts.

Néanmoins, il est possible de privilégier une méthode par rapport à l'autre si on fixe le critère de comparaison et le domaine de segmentation.

Par la suite nous avons apporté une contribution personnelle en combinant la méthode FPSO avec la reconstruction géodésique pour extraire la tumeur, la matière blanche, la matière grise..

Cette détection nous a permis de représenter le volume (série de coupes) en 3D ce qui donne au médecin une vision assez réaliste et facilite l'interprétation des images médicales.

Certaines perspectives s'ouvrent, suite à notre travail:

Conclusion générale

- Automatisation de la chaîne de traitement, en effet il y a toujours un paramètre à régler manuellement (seuil, germe...) qui va changer d'une coupe à l'autre et rend la reconstruction assez difficile.
- Amélioration de la vitesse d'exécution par exemple en changeant de plateforme (java ou c++)
- Acquisition d'un plus grand nombre de données pour étudier l'efficacité de la détection sur des tumeurs/lésions de différentes formes avec différents degrés de malignité.

Références bibliographiques

Bibliographie

[1] Nicolas Wiest-Daesslé, « *Imagerie du tenseur de diffusion pour l'étude de pathologies Cérébrales* », Thèse présentée devant l'Université de Rennes 1 pour obtenir le grade de : Docteur de l'Université de Rennes 1 Mention Informatique, 2009.

[2] Boussedi Rym Sabrine, Kenadil Meryem, « *Segmentation des tumeurs cérébrales par la ligne de partage des eaux sur des images IRM* », mémoire de projet de fin d'étude pour l'obtention du : Diplôme de Master en Électronique Biomédicale, 2010-2011.

[4] DFix . James, « *Neuro-anatomie* », traduction de la 4^{ème} édition américaine par Antoine DHEM (professeure émérite d'anatomie humaine de l'université catholique de Louvain(UCL)).

[7] Jürg Hablützel, « *Les tumeurs cérébrales et du système nerveux central* », Ligue suisse contre le cancer, Berne.

[8] « *Généralités sur les tumeurs* », Collège Français des Pathologistes (CoPath).

[10] Bennai Mohamed Tahar, « *réalisation d'un système multi-agents adaptatifs pour l'imagerie médicale* », mémoire de projet de fin d'étude pour l'obtention du : Diplôme de Magister en Systèmes Informatiques et Génie Logiciel.

[11] A.Capelle, « *Segmentation d'images IRM multi-échos tridimensionnelles pour la détection des tumeurs cérébrales par la théorie de l'évidence* », PhD thesis, université de poitiers, 2004.

[12] J.Fleureau, M.Garreau, D.Boulmier, C.Leclercq, and A.Hernandez, « *Segmentation 3d multi-objets d'images scanner cardiaques : une approche multi-agents* », IRBM, vol.30, no.3, pp.104-113, 2009.

[13] Meziane Abdelfettah, « *Etude et comparaison des méthodes de segmentation d'images cérébrales* », mémoire pour l'obtention du : Diplôme de Magister en Informatique, 2010-2011.

[14] L.Germond, « *Trois principes de coopération pour la segmentation en imagerie de résonance magnétique cérébrale* », Thèse de doctorat L'université Joseph Fourier 1999.

[15] M .Semchedine , « *Système Coopératif Hybride de Classification dans un SMA : Application à la segmentation d'images IRM* », Magister , université Farhat Abbas ,Setif, 2007.

[16]J.G. Sled, A.P. Zijdenbos, and A.C. Evans 1998 , « *A Nonparametric Method for Automatic Correction of Intensity Nonuniformity in MRI Data* », IEEE Transactions on Medical Imaging, 17(1).

[17]S. Langlois, M. Desvignes, J.M. 1999, « *A simple Approach to Correcting the effects of nonlinear gradient fields* », Journal of Magnetic Resonance Imaging, pp. 821–831.

[18]Jérémy Lecoœur , Christian Barillot. « *Segmentation d'images cérébrales : Etat de l'art* », [Rapport De recherche] 2007, pp.48. <inria-00175188v1>.

[19]S. Horowitz et T. Pavlidis, « *Picture segmentation by a directed split-and-merge procedure.Rapport technique* », Departement of Electrical Engineering, Princeton University, 1975.

[20]S. Horowitz et T. Pavlidis ,« *Picture segmentation by a tree traversal algorithm* »,Journalof The Association for Computing Machinery, 23(3):368–388, avril 1976.

[21]Benoit Scherrer, « *Segmentation des tissus et structuressur les IRM cérébrales :agents markoviens locaux cooperatifs et formulation bayesienne*»,Thèse pour obtenir le grade deDocteur del'Institut Polytechnique de Grenoble,12 décembre 2008.

[22]Moualhi Mouloud ,Sehaki Menad, « *Segmentation 3D des structures internes du cerveau et des tumeurs cérébrales dans des IRM-3D de têtes d'individus*»,Mémoire de fin d'études Pour l'obtention du diplôme d'Ingénieur d'Etat en Informatique, 22 Juin 2014 .

[23]Benabdallah Ali , « *Mise en œuvre d' une technique automatique de segmentation desillon corticaux*»,Mémoire pour l'obtention de Magister en Informatique ,2010-2011.

[24]Philippe Pouletaut , « *Segmentation semi-automatique d'images IRM de rachis par méthode d'ondelettes* », Journées Françaises de Radiologie, 24-28 octobre 2008 –Paris.

[25]J.B.MacQueen , « *Some Methods for classification and Analysis of MultivariateObservations* »,Proceedings of 5-th Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability.Berkeley,University of California Press,1 :281-297,1967.

[26]I.Bloch,B ,Burtschy, L,Likforman-Sulem,J-M.Nicolas,« *Sigelle Bases de la Reconnaissance des formes*»,Télécom ParisTech édition 2012-2013.

- [27]J.-Y. Yeh et J. Fu , « *A hierarchical genetic algorithm for segmentation of multi-spectral human brainMRI* ». Expert Systems with Applications, 34:1285-1295, 2008.
- [28]M. Yan et J. Karp , « *Segmentation of 3D brain MR using an adaptive K-means clustering algorithm* », Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference, pages 15291, 1995.
- [29]J. Bustillo, L. Rowland et W. Brooks : « *High choline concentrations in the caudate nucleus in antipsychotic-naive patients with schizophrenia* », American Journal of Psychiatry, 2002.
- [30]Jérémy Lecoeur, « *Segmentation d'IRM cérébrales multidimensionnelles parcourue de graphe* », thèse doctorat, Université de Rennes 1, 2010.
- [31]Hadjer Laguel « *Déploiement sur une plateforme de visualisation, d'un algorithme coopératif pour la segmentation d'images IRM basé sur les systèmes multi-agents* », Projet de Fin d'Étude pour l'obtention du diplôme d'Ingénieur d'Etat en Traitement d'Images, 2010.
- [32]A.M. Bensaid, L.O. Hall, J.C. Bezdek, and L.P. Clarke. « *Partially supervised clustering for image segmentation* », Pattern Recognition, 29(5):859–871, 1996.
- [33]S. Ruan, B. Moretti, J. Fadili, and D. Bloyet, « *Fuzzy Markovian Segmentation in Application of Magnetic Resonance Images* », Computer Vision and Image Understanding, 54–69, 2002.
- [34]F. Salzenstein and W. Pieczynski, « *Parameter estimation in hidden fuzzy Markov random fields and image segmentation. Graph* », Models Process., 59:205–220, 1997.
- [35] M.C. Clark, L.O. Hall, D. Goldgof, and M. Silbiger. « *Automatic tumor segmentation using knowledge-based techniques* », IEEE Transactions on Medical Imaging:187–201, 1998.
- [36]Zouaoui Hakima « *Clustering par fusion floue de données appliqué à la segmentation d'images IRM* », Magister Université de Boumerdes, 2008.
- [37]Z. Yang, F.L. Chung et W. Shitong , « *Robust fuzzy clustering-based image segmentation* », Applied Soft Computing Journal, 9:8084, 2009.
- [38] Imen Boulnemour , Chafika Ramdane , Bachir Boucheham , Amina Laib, « *Optimisation par Essaim de Particules Quantiques et ses Nouvelles Hybridations pour le Clustering des*

Données», Département d'informatique, Université du 20 août 1955 de Skikda BP 24, Skikda-21000, Algérie.

[39] Boudouaoui Yassine , «*Contribution à la synthèse automatique des systèmes flous par approches méta-heuristiques*», Mémoire pour l'obtention de Magister en Automatique et Informatique Industrielle ,2014-2015.

[40] F. Glover, «*Future paths for integer programming and links to artificial intelligence*», Computers and Operations Research, vol,13,no,5,pp,533-549,1986.

[41] R. Eberhart , J. Kennedy, «*A new optimizer using particle swarm theory* », Proceedings of the Sixth International Symposium on Micro Machine and Human Science, pp,39-43,1995.

[42] A. Khosla, S. Kumar, K. K. Aggarwal, «*A Framework for Identification of Fuzzy Model through Particle Swarm Optimisation Algorithm*», INDICON, 2005 Annual IEEE, pp.388-391,2005.

[43] E. Mehdizadeh , S. Sadi. Nezhadandr , Tavakkoli .Moghaddam , «*Optimization of Fuzzy Clustering Criteria By A Hybrid PSO And Fuzzy C-means Clustering Algorithm*», Iranian Journal of Fuzzy Systems Vol. 5, No. 3, (2008) pp. 1-14 1 Received: July 2007; Revised: November 2007; Accepted: January 2008.

[44] J.C .Bezdek, «*Cluster Validity with Fuzzy sets* », Cybernetics and Systems, pages 58-73,1973.

[45] J.C .Bezdek, «*Mathematical models for systematic and taxonomy* », Proc. of Eight International Conference on Numerical Taxonomy, San Francisco, pages 143-166,1975.

[46] J.C .Bezdek, «*Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function algorithms*», Plenum, New York, 1981.

[47] M.P. Windham, «*Cluster Validity for Fuzzy Clustering Algorithm* », Fuzzy Sets and Systems, 3 :1-9,1985.

Netographie

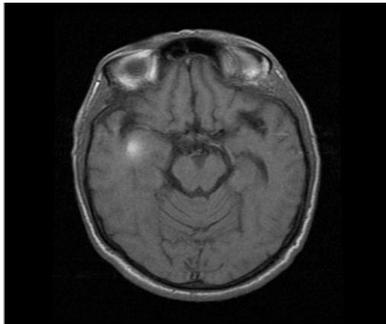
- [3]http://fr.wikipedia.org/wiki/Substance_blanche
[5]http://fr.wikipedia.org/wiki/Lésion_cérébrale.
[6]www.cancer.c.
[9]http://www.tumeur_tronc_cerebral.com/traitements
[24]<http://www.utc.fr/~umr6600/doc/ABS/RECH-WS-11v3.pdf>.

Annexes

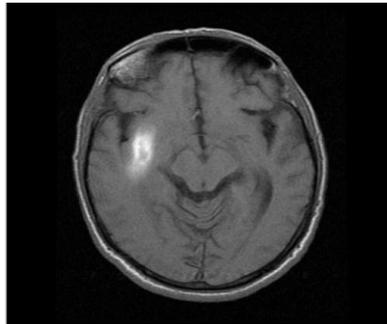
Annexe A

La base de données :

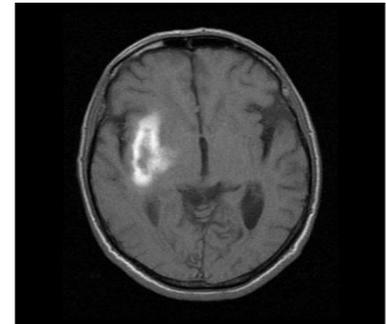
Nous avons appliquées les différentes techniques de segmentation et aussi notre méthode sur des coupes IRM axiales ; plus particulièrement,nous avons appliquées ces méthodes sur des images contenant la tumeur.Ces images se présentent sous format DICOM de dimension 512 x 512.Ces images IRM illustrées sur la figure A.1.



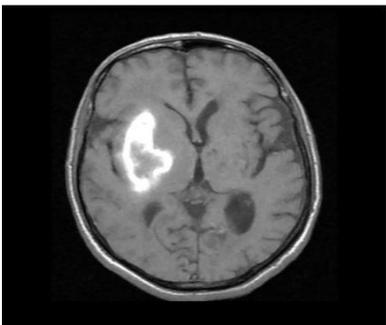
IM8



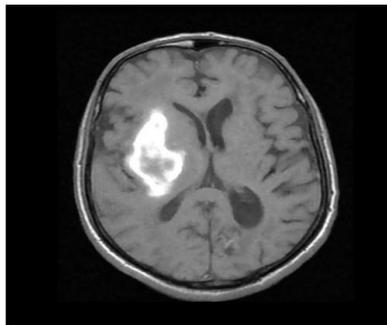
IM9



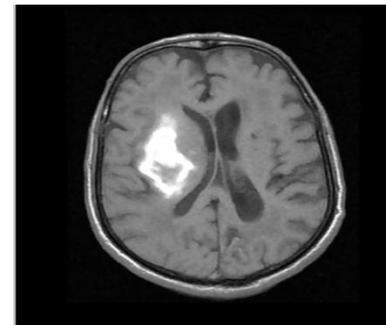
IM10



IM11



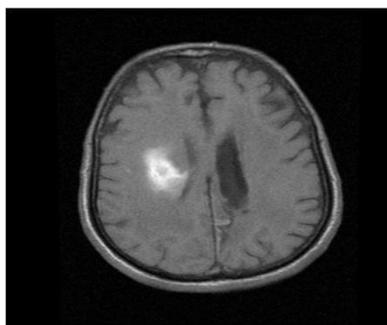
IM12



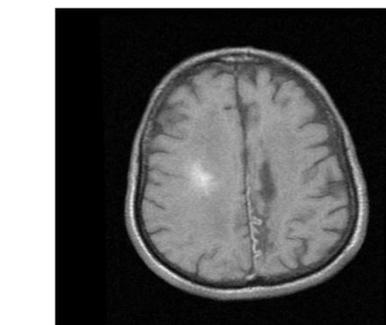
IM13



IM14



IM15



IM16

Figure A.1 :Série de coupes axiales contenant la tumeur.

Annexe B

Morphologie mathématique

La morphologie mathématique est une branche des mathématiques fondée sur l'étude des ensembles permettant d'analyser les structures géométriques. Cette méthode qui a vu le jour à

l'Ecole des Mines de Paris, entre 1964 et 1968, sous l'impulsion de G. Matheron puis de J. Serra, a donné lieu depuis, à de nombreux développements.

Le développement de la morphologie mathématique a été inspiré par des problèmes de traitement d'images, domaine qui constitue son principal champ d'application. Elle fournit en particulier des outils de filtrage, segmentation, quantification et modélisation d'images.

Dans ce qui suit, nous présentons les éléments de base de la morphologie mathématique.

Nous allons étudier la morphologie mathématique appliquée à des images binaires (deux niveaux de gris) car ceci correspond à notre utilisation de cette méthode. Toutefois, l'approche peut aussi être appliquée à des images en plusieurs niveaux de gris.

Outils de la morphologie mathématique

La morphologie mathématique est connue par ses éléments ensemblistes; où X est l'ensemble à analyser et S un élément structurant que l'on choisit en fonction de besoins de l'analyse.

Ces relations sont en effet, à la base d'opérateurs morphologiques élémentaires qui sont l'érosion et la dilatation.

Sur une image binaire, X pourra être l'ensemble des pixels blancs ou tout sous-ensemble de ce dernier, et S un sous-ensemble quelconque de l'ensemble des sites [31].

On notera [31]:

$X_t = \{x + t, x \in X\}$, le translaté de X part.

$\check{S} = \{-s, s \in S\}$, le symétrique de S par rapport à l'origine.

Soustraction de Minkowski

La soustraction de Minkowski de l'ensemble X par l'ensemble Y est définie par [31] :

$$X \ominus Y = \bigcap X_y$$

Addition de Minkowski

L'addition de Minkowski de l'ensemble X par l'ensemble Y est définie par [31]:

Annexe B

$$X \oplus Y = \{x + y, x \in X, y \in Y\}$$

Érosion

L'érosion mathématique par un élément structurant S est une soustraction de Minkowski par \check{S} de telle manière que :

Une opération d'érosion sur une image I binaire contenant des étiquettes 0 et 1 (1 et 0 représentent respectivement le blanc et le noir), par un élément structurant S , consiste à une convolution de S avec I , centrée en i . Si cette convolution est inférieure à une valeur prédéterminée (généralement la surface de S , le nombre de pixels qui sont à 1 dans l'élément structurant lui-même), on change la valeur du pixel i dans I de 1 à 0.

L'élément structurant (erosion kernel) détermine de quelle façon l'érosion amincit les frontières dans une image [31].

La commande MATLAB est donnée par :

$$g = imerode(f, se);$$

Dilatation

La dilatation mathématique par un élément structurant S est une addition de Minkowski par \check{S} tel que :

$$X \oplus \check{S} = \{x, Sx \cap X \neq \emptyset\}$$

Comme pour l'érosion, une dilatation sur une image I contenant les étiquettes 0 et 1, par un élément structurant S change la valeur du pixel i dans I de 1 à 0, si le résultat de la convolution de S avec I , centré en i , est supérieur à une valeur prédéterminée. Cette valeur est généralement nulle. L'élément structurant (dilatation kernel) détermine de quelle façon la dilatation élargit les frontières dans une image [31].

La commande MATLAB est donnée par :

$$g = imdilate(f, se);$$

Filtrage morphologique :

- En traitement linéaire des images, filtrer, c'est éliminer certaines composantes fréquentielles des images.

➤ Filtrage = Convolution

- En morphologie mathématique, filtrer, c'est simplifier l'image en supprimant certaines structures géométriques (à l'aide d'éléments structurants).

Annexe B

Remplissage de trous (Fillingholes)

La reconstruction morphologique possède un large spectre d'application. Pour chaque application il faut bien sélectionner l'image 'marker' et l'image 'Mask'. Nous étudierons dansici le cas où les objets comportent des trous.

Considérons le marqueur f_m défini comme suit :

$$f_m = \begin{cases} 1 - f(x, y) & \text{si } (x, y) \text{ est sur le bord de l'image} \\ 0 & \text{ailleurs} \end{cases}$$

Alors $|R_{f^c}(f_m)|^c$ a le même effet que l'opération de remplissage de trous.

La commande MATLAB est donnée par

$$g = \text{imfill}(f, \text{'holes'})$$

Résumé

La segmentation automatique des structures cérébrales est une étape fondamentale dans la chaîne d'aide au diagnostic. La grande variation de ces structures nécessite la mise en place de méthodes d'études spécifiques, souvent abordées par le biais de l'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM). L'objectif de notre travail est de mettre en œuvre un algorithme pour l'extraction des tumeurs cérébrales en vue d'une reconstruction 3D. Après une phase de prétraitement, nous avons testé et évalué trois méthodes de segmentation : le K-moyenne, les c-moyennes floues (FCM) et la méthode hybride, floue optimisée par essaim de particules (FPSO). Malgré tous les critères d'évaluation qualitatifs et quantitatifs, le choix d'une méthode reste dépendant de la forme des tissus. L'étape suivante est l'extraction des tissus y compris la tumeur avec une reconstruction géodésique. Nous avons ainsi segmenté une série de coupes IRM et visualisé tumeur, matière grise et matière blanche en 3D. Les résultats sont satisfaisants et prometteurs.

Mots clés: Structures Cérébrales - Segmentation Automatique - K-moyenne-FCM-floue optimisée par essaim de particules - Aide au Diagnostic. Reconstruction 3D.

Abstract

Automatic segmentation of brain structures is a fundamental step in the diagnostic support system. The large variation of these structures requires the development of specific research methods, often addressed through the Magnetic Resonance Imaging (MRI). The aim of our work is to implement an algorithm for the extraction of brain tumors for a 3D reconstruction. After a pre-treatment phase, we tested and evaluated three methods of segmentation K-average, fuzzy c-mean (FCM) and the hybrid method, fuzzy particle swarm optimization (FPSO). Despite the qualitative and quantitative evaluation criteria, the choice of method is dependent on the shape of the tissue. The next step is the extraction of tissue including the tumor with a geodesic reconstruction. We have segmented a series of MRI images and visualized tumor, gray matter and white matter in 3D. The results are satisfactory and promising.

Keywords: Brain Structures- Automatic Segmentation –K-means- FCM- fuzzy particle swarm optimization-3D reconstruction.

ملخص

التقسيم الالهي لهياكل الدماغ هو خطوة أساسية للتحليل الكمي لكثير من الأمراض المخية كأورام المخ . الاختلاف الكبير لهذه الهياكل يلزم علينا وضع طرق متخصصة لدراستها، غالبا عن طريق التصوير بواسطة الرنين المغناطيسي الهدف من عملنا هذا هو إستخلاصالأورام وتمثيلها بتقنية 3 ابعاد. بعد مرحلة المعالجة الأولية، قمنا بإختبار وتقييم ثلاث وسائل تجزئة، خوارزمية ك-متوسط (K-means)، خوارزمية التصنيف الغامض (FCM)، وطريقة التهجين سرب الجسيمات الغامض (FPSO)، وعلى الرغم من معايير التقييم النوعي والكمي يبقى إختيار الطريقة المثلى يعتمد على شكل الأنسجة. والخطوة التالية هيإستخراج الأنسجة بما في ذلك الورم مع إعادة الإعمار الجيوديسية، كما قمنا بتجزئة سلسلة من صور ملتقطة بواسطة تقنية التصوير بالرنين المغناطيسي، وبعد ذلك تمثيل الورم، المادة البيضاء والمادة الرمادية بتقنية ثلاثية الأبعادوكانتالنتائج مرضية. .

الكلمات الرئيسية : هياكل المخ ، التجزئة الأوتوماتيكية ، خوارزمية ك-متوسط (K-means)، خوارزمية التصنيف الغامض(FCM)، وطريقة التهجين سرب الجسيمات الغامض(FPSO)، التمثيل بتقنية ثلاثية الأبعاد3D.