

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

BADJI MOKHTAR-ANNABA UNIVERSITY  
UNIVERSITE BADJI MOKHTAR-ANNABA



جامعة باجي مختار - عنابة

Faculté des Sciences de l'ingénierie

Année : 2014/2015

Département d'Informatique

## Thèse

Présentée en vue de l'obtention du diplôme de Doctorat 3<sup>ème</sup> Cycle LMD

# *Détection de pathologies à partir d'IRM cérébrales*

Option : Traitement d'Image et Vision Artificielle

Par : **Mohamed Mokhtar Bendib**

**DIRECTEUR DE THÈSE :** Hayet Farida Merouani      Prof      Université d'Annaba

**CO-DIRECTEUR DE THÈSE :** Fatma Diaba      MCA      Université d'Annaba

### Devant le Jury

**PRÉSIDENT :**      Labiba Souici-Meslati      Prof      Université d'Annaba

**EXAMINATEURS :** Abdelouahab Moussaoui      Prof      Université Sétif 1

                                 Mohamed Chawki Batouche      Prof      Université Constantine 2

                                 Yamina Mohamed Ben Ali      Prof      Université d'Annaba

## *Dédicace*

*Je dédie cette thèse à mes parents et ma sœur.*

## ***Remerciements***

*Je remercie tous ceux qui m'ont aidé de près ou de loin dans la réalisation de cette thèse et plus particulièrement mon encadreur Pr Merouani pour ses conseils, ses orientations, et sa compréhension.*

*Je tiens également à remercier mon co-encadreur Dr Diaba pour avoir bien voulu m'encadrer au temps où la plupart des profs étaient saturés.*

*Je remercie ma famille pour son soutien moral et financier.*

*Enfin, je tiens à remercier les membres du jury qui me font l'honneur de juger mon travail.*

## ملخص

على مدى العقود الماضية، عرف التصوير الطبي وتطبيقه على الدماغ البشري تطور ملحوظ. بالفعل، تم اختراع العديد من تقنيات التصوير حيث نوعية الصور المنتجة تحسنت بطريقة مستمرة حتى الان (هذا يلعب دور مهم في التشخيص، القرار، الخ). من بين اقوى التقنيات، نجد التصوير بالرنين المغناطيسي. على هذا المستوى، فان حجم المعطيات المنتجة في تزايد متواصل والطريقة الرئيسية لتحليلها تبقى الخبرة البشرية. للتغلب على القيود المتأصلة بهذه الطريقة، تم اختراع العديد من الاستراتيجيات الاوتوماتيكية. لكن في أغلبية الاحيان، هذه الاستراتيجيات تكون مخصصة بطريقة حصرية إلى مرض واحد. فإذا أردنا أن نصنع طريقة شاملة للكشف على الأمراض العقلية، يستلزم صنع نظام لكل مرض. هذا التناقض ينطوي دخول مشكلة الكشف من زاوية جديدة والتفكير في طريقة جديدة بإمكانها إظهار ما يكفي من التجريد.

في هذا العمل، نركز في البداية على تجزئة الدماغ المصور بالرنين المغناطيسي باقتراح ثلاثة أنظمة جديدة. النظام الاول يستفيد من قوة تحليل Stationary Wavelet Transform، النظام الثاني يمثل نسخة محسنة من النظام الاول، اما النظام الثالث فهو يصف نهجا شاملا لتحسين نتائج العديد من طرق التجزئة التي نشرت من قبل.

لمعالجة القضية الرئيسية لهذه الأطروحة، نصف أخيرا طريقة جديدة للكشف عن أمراض الدماغ. هذه الطريقة قادرة على وصف عدة أنواع من الأمراض من جهة، كما يمكن تطبيقها لتحسين عدة طرق من جهة أخرى.

المرحلة التجريبية تظهر أن الأنظمة المقترحة تحقق نتائج واعدة في مختلف المستويات.

**الكلمات الرئيسية:** تصوير الدماغ بالرنين المغناطيسي، امراض الدماغ، الانقسام، الكشف، التفسير.



## Abstract

Over the last decades, medical imaging and its application to human brain have known an extraordinary progress. Indeed, a lot of acquisition techniques have been developed and the quality of the resulting images is continuously enhanced. Thus, medical imaging has become an essential tool in the clinical context (diagnosis, decision, etc.). In this context, one can cite the magnetic resonance imaging (MRI). At this level, the amount of the produced data is more and more important and the main way to analyze it remains human expertise. To overcome the limitations that are inherent to this way of doing, several automatic methods have been developed. However, a review of the literature that addresses these methods, shows that nearly all of them are dedicated to the detection of a particular pathology (in an exclusive manner). Thus, to automate the detection of brain pathologies, there should be as many systems as pathologies. This paradox suggests entering the detection problem from a new angle and thinking about a new method that can exhibit more abstraction.

In this work, we focus initially on brain MRI segmentation by proposing three new systems. The first system takes advantage of the multi-scale analysis power of the stationary wavelet transform, the second system can be seen as an optimization (more automatic) of the first system, and the third system describes a comprehensive approach to improve the performance of previously developed segmentation methods.

To address the central issue of this thesis, we describe lastly a new method for brain pathologies detection. The formalism of this method is powerful enough to characterize several types of diseases on the one hand and to be applied for optimizing other existing methods on the other hand.

The experimental phase shows that the proposed systems achieve promising results at different levels.

**Keywords :** Brain MRI, Brain Pathologies, Segmentation, Detection, Interpretation.

## Résumé

Ces dernières années, l'imagerie médicale et plus précisément cérébrale a connu des progrès extraordinaires. En effet, la multiplication des techniques d'acquisition ainsi que l'amélioration croissante des images produites font de cette discipline un outil primordial dans le contexte clinique (que ce soit pour la mise au point du diagnostic ou pour la prise de décision). Parmi les techniques les plus puissantes, on retrouve l'imagerie par résonance magnétique (IRM). À ce niveau, la somme des images produites ne fait que s'accroître d'une année à l'autre et la principale manière de les analyser reste l'expertise humaine. Cet état de fait a donc initié le développement de méthodes automatiques pour l'analyse quantitative des IRM cérébrales. Cependant, un survol de la littérature qui traite ces méthodes, laisse apparaître que la quasi-totalité de celles-ci se consacre de manière exclusive à la détection d'une pathologie donnée. Ainsi, pour automatiser la détection de pathologies cérébrales, il faudra construire autant de systèmes qu'il y a de pathologies. Ce paradoxe suggère de saisir le problème de détection sous un nouvel angle et de réfléchir à une nouvelle méthode qui puisse faire preuve de plus d'abstraction.

Dans ce travail, nous nous intéressons dans un premier temps à la segmentation des IRM cérébrales en proposant 3 nouveaux systèmes. Le premier système tire avantage du pouvoir d'analyse multi-échelle de la transformée en ondelettes stationnaire, le deuxième système représente une optimisation (plus automatique) du premier système, et le troisième système décrit une méthode globale pour améliorer les résultats des méthodes de segmentation antérieures.

Afin de traiter la problématique centrale de cette thèse, nous décrivons en dernier lieu une nouvelle méthode pour la détection des pathologies cérébrales. Le formalisme de cette méthode est assez puissant pour, d'une part caractériser plusieurs types de pathologies et d'autre part, être appliqué afin d'optimiser d'autres méthodes (déjà existantes).

La phase expérimentale montre que ces quatre systèmes obtiennent des résultats prometteurs à différents niveaux.

**Mots Clés :** IRM Cérébrales, Pathologies Cérébrales, Segmentation, Détection, Interprétation.

# Table des Matières

<b>Introduction Générale</b> .....	1
<b>Chapitre 1 Reconnaissance de Formes, Traitement de Signal, et Inspirations Naturelles</b> .....	5
1. Introduction.....	5
2. Reconnaissance de formes.....	5
2.1. Étapes principales d'un système de reconnaissance de formes.....	5
2.1.1. Numérisation.....	6
2.1.2. Prétraitement.....	6
2.1.3. Analyse.....	7
2.1.4. Apprentissage.....	7
2.1.5. Décision.....	8
2.2. Notions communes à l'apprentissage et à la décision.....	9
2.2.1. La représentation des formes.....	9
2.2.2. La représentation des classes.....	10
2.2.3. La similarité.....	10
2.3. Domaines d'application.....	11
3. Traitement de Signal.....	12
3.1. Transformée de Fourier.....	12
3.2. Transformée en ondelettes discrète.....	14
3.3. Transformée en ondelettes stationnaire.....	15
3.4. Paquets d'ondelettes.....	16
4. Inspirations Naturelles.....	17
4.1. Recuit simulé.....	17
4.2. Colonies de fourmis.....	18
4.3. Optimisation par essaim particulaire.....	20
4.4. Algorithme de recherche gravitationnelle.....	22
4.5. Algorithmes génétiques.....	24
4.5.1. Sélection.....	24
4.5.2. Reproduction.....	25
4.5.3. Crossover.....	25
4.5.4. Mutation.....	25
4.5.5. Fitness.....	25
4.6. Programmation génétique.....	26

4.6.1.	Formalisme.....	27
4.6.2.	Terminaux et non-terminaux.....	27
4.6.3.	Initialisation.....	27
4.6.4.	Crossover.....	27
4.6.5.	Mutation.....	28
4.6.6.	Applications.....	29
5.	Conclusion.....	30
<b>Chapitre 2</b>	<b>L’Imagerie Cérébrale.....</b>	<b>32</b>
1.	Introduction.....	32
2.	Le système nerveux central.....	32
2.1.	La moelle épinière.....	33
2.2.	Le liquide céphalo-rachidien.....	33
2.3.	L’encéphale.....	33
2.3.1.	Le cervelet.....	34
2.3.2.	Le tronc cérébral.....	34
2.3.3.	Le cerveau.....	34
2.3.3.1.	Constitution microscopique.....	35
2.3.3.2.	Constitution macroscopique.....	36
2.3.3.3.	Couches externes.....	36
3.	L’imagerie par résonance magnétique.....	36
3.1.	La résonance magnétique nucléaire.....	37
3.1.1.	L’influence d’un champ magnétique $B_0$ .....	37
3.1.2.	La perturbation par une onde de radiofréquence $B_1$ .....	37
3.1.3.	Le retour à l’équilibre.....	37
3.1.4.	La lecture de signal.....	38
3.2.	Formation des IRM.....	42
3.3.	L’imageur IRM.....	42
3.3.1.	L’aimant.....	43
3.3.2.	Les bobines de correction de champ (bobines de shim).....	44
3.3.3.	Les sous-systèmes de gradients.....	44
3.3.4.	Les sous-systèmes de radiofréquence.....	45
3.3.5.	Les sous-systèmes d’ordinateur.....	45
3.4.	Les artéfacts.....	45
3.4.1.	Le bruit.....	45
3.4.2.	Le volume partiel.....	46

3.4.3.	Les inhomogénéités d'intensité .....	46
3.4.3.1.	Les imperfections de l'imageur .....	46
3.4.3.2.	Les imperfections liées aux propriétés biologiques des tissus.....	46
3.4.4.	L'artéfact de déplacement chimique.....	47
3.4.5.	L'artéfact de repliement .....	47
3.4.6.	L'artéfact de mouvement.....	47
3.4.7.	L'artéfact de troncature .....	48
3.4.8.	L'artéfact lié à un défaut de linéarité des gradients.....	48
4.	Les Pathologies Cérébrales.....	48
4.1.	Traumatismes crâniens .....	48
4.1.1.	Les hématomes intracrâniens .....	48
4.1.1.1.	L'hématome extradural .....	49
4.1.1.2.	L'hématome sous-dural aigu .....	49
4.1.1.3.	L'hématome sous-dural chronique .....	49
4.1.1.4.	L'hématome intracérébral.....	50
4.1.2.	Les engagements cérébraux.....	50
4.1.3.	Les contusions cérébrales .....	50
4.1.3.1.	L'hémorragie sous-arachnoïdienne .....	50
4.1.3.2.	L'hémorragie intraventriculaire.....	51
4.1.4.	Les fractures du crâne.....	51
4.1.5.	Les lésions anoxiques ischémiques (infarctus cérébral).....	51
4.1.6.	Les lésions artérielles traumatiques.....	51
4.2.	Pathologies tumorales encéphaliques .....	52
4.2.1.	Les tumeurs neuroépithéliales .....	52
4.2.1.1.	Les astrocytomes .....	53
4.2.1.2.	Les tumeurs oligodendrogiales.....	54
4.2.1.3.	Les épendymomes .....	54
4.2.1.4.	Les tumeurs pinéales .....	54
4.2.1.5.	Le médulloblastome .....	55
4.2.2.	Tumeurs de la gaine des nerfs .....	55
4.2.3.	Tumeurs des méninges .....	55
4.2.4.	Les lymphomes cérébraux primitifs (LCP) (Sarcomes) .....	56
4.2.5.	Les tumeurs malformatives .....	57
4.2.5.1.	Les craniopharyngiomes.....	57
4.2.5.2.	Les kystes épidermoïdes.....	57
4.2.5.3.	Les tératomes.....	57

4.2.5.4.	Les kystes colloïdes du troisième ventricule .....	57
4.2.5.5.	Les lipomes intracérébraux.....	58
4.2.6.	Les tumeurs cérébrales métastatiques.....	58
4.3.	Pathologies neurodégénératives .....	58
4.3.1.	Démence Sénile Type Alzheimer (DSTA).....	59
4.3.2.	Maladie d'Alzheimer.....	59
4.3.3.	Maladie de Pick .....	60
4.3.4.	Maladie de Parkinson .....	60
4.3.5.	Chorée de Huntington.....	60
4.4.	Pathologies infectieuses intracrâniennes .....	60
4.4.1.	Les infections bactériennes.....	61
4.4.1.1.	Les méningites.....	61
4.4.1.2.	Les encéphalites.....	61
4.4.1.3.	Les abcès cérébraux.....	62
4.4.1.4.	La tuberculose .....	62
4.4.2.	Les infections virales.....	62
4.4.2.1.	L'encéphalite herpétique .....	63
4.4.2.2.	La panencéphalite sclérosante subaiguë.....	63
4.4.3.	Parasitoses .....	63
4.4.3.1.	La cysticercose .....	63
4.4.3.2.	La toxoplasmose.....	64
4.5.	Pathologies vasculaires cérébrales .....	64
4.5.1.	Les accidents vasculaires cérébraux ischémiques .....	64
4.5.1.1.	Les infarctus cérébraux.....	64
4.5.1.2.	Les lacunes cérébrales .....	65
4.5.2.	Les accidents vasculaires cérébraux hémorragiques .....	65
4.5.2.1.	Hémorragie intraparenchymateuse.....	65
4.5.2.2.	Hémorragies méningées .....	66
4.6.	Affections de la substance blanche.....	67
4.6.1.	Pathologies démyélinisantes.....	67
4.6.1.1.	Atteintes primitives de la myéline.....	67
4.6.1.2.	Atteintes d'origine infectieuse.....	68
4.6.1.3.	Atteintes au cours du SIDA .....	69
4.6.1.4.	Les atteintes d'origine toxique ou iatrogène.....	69
4.6.2.	Pathologies dysmyélinisantes.....	70
4.6.2.1.	La maladie d'Alexander .....	70

4.6.2.2.	La maladie de Canavan .....	70
4.6.2.3.	L'adrénoleucodystrophie.....	70
4.6.3.	Maladies métaboliques héréditaires .....	71
4.6.3.1.	Anomalies du métabolisme des acides organiques.....	71
4.6.3.2.	Maladie de Leigh.....	71
5.	Conclusion.....	71

### **Chapitre 3 La Segmentation des IRM Cérébrales .....**

1.	Introduction .....	72
2.	Connaissances <i>a priori</i> .....	73
2.1.	Atlas .....	73
2.2.	Les réseaux de neurones artificiels.....	75
2.3.	Machines à vecteurs de support.....	77
2.4.	Forêts Aléatoires.....	79
3.	Clustering .....	81
3.1.	K-moyennes.....	81
3.2.	C-moyennes floues .....	82
3.3.	Mean Shift .....	85
4.	Courbe .....	86
4.1.	Contour actif.....	86
4.2.	Ensembles de niveaux .....	88
5.	Théorie des graphes.....	90
6.	Statistiques.....	92
6.1.	Champs aléatoires de Markov .....	92
6.2.	Espérance-Maximisation.....	96
7.	Structure .....	98
7.1.	Opérateurs morphologiques.....	99
7.2.	Ligne de partage des eaux .....	100
8.	Conclusion.....	101

### **Chapitre 4 La Détection des Pathologies Cérébrales .....**

1.	Introduction .....	103
2.	Le problème de la généralisation.....	103
2.1.	Classification d'images .....	104
2.2.	Données aberrantes ( <i>Outlier Model</i> ) .....	112

2.3.	Relations structurelles .....	120
2.4.	Analyse de la symétrie .....	126
3.	Conclusion.....	130
<b>Chapitre 5 Segmentation Cérébrale et Détection de Pathologies : Applications.....</b>		<b>132</b>
1.	Introduction.....	132
2.	Ressources.....	132
2.1.	Ordinateur.....	132
2.2.	Bases d'images.....	132
2.2.1.	The <i>Internet Brain Segmentation Repository</i> (IBSR).....	133
2.2.2.	The <i>Whole Brain Atlas</i> (WBA).....	133
2.3.	Langages de programmation.....	133
2.3.1.	C++.....	134
2.3.2.	Matlab.....	134
2.4.	Bibliothèques.....	135
2.4.1.	<i>Open Source Computer Vision</i> (OpenCV).....	135
2.4.2.	Toolboxes Matlab.....	135
3.	Système 1.....	136
3.1.	Objectif .....	136
3.2.	Hypothèse.....	136
3.3.	Base d'images.....	136
3.4.	Méthodes employées.....	136
3.5.	Métriques d'évaluation.....	136
3.6.	Langage de programmation.....	136
3.7.	Description.....	137
3.8.	Résultats et discussion.....	139
3.9.	Récapitulatif.....	147
4.	Système 2.....	148
4.1.	Objectif.....	148
4.2.	Hypothèse.....	148
4.3.	Base d'images.....	148
4.4.	Méthodes employées.....	148
4.5.	Métriques d'évaluation.....	148
4.6.	Langages de programmation.....	149
4.7.	Description.....	149
4.8.	Formalisme de la programmation génétique.....	149
4.8.1.	Terminaux.....	149



4.8.2.	Non-terminaux.....	149
4.8.3.	Individus.....	150
4.8.4.	Reproduction.....	150
4.8.5.	Sélection.....	150
4.8.6.	Crossover.....	150
4.8.7.	Mutation.....	150
4.8.8.	Fitness.....	150
4.9.	Procédure de dérivation.....	151
4.10.	Résultats et discussion.....	152
4.11.	Récapitulatif.....	157
5.	Système 3.....	158
5.1.	Objectif.....	158
5.2.	Hypothèse.....	158
5.3.	Base d'images.....	158
5.4.	Méthodes employées.....	158
5.5.	Métriques d'évaluation.....	158
5.6.	Langage de programmation.....	158
5.7.	Description.....	158
5.8.	Formalisme de la programmation génétique.....	159
5.8.1.	Terminaux.....	159
5.8.2.	Non-terminaux.....	159
5.8.3.	Individus.....	159
5.8.4.	Initialisation.....	159
5.8.5.	Sélection.....	159
5.8.6.	Crossover.....	159
5.8.7.	Mutation.....	159
5.8.8.	Fitness.....	160
5.9.	Procédure de recherche.....	161
5.10.	Résultats et discussion.....	162
5.11.	Récapitulatif.....	166
6.	Système 4.....	167
6.1.	Objectifs.....	167
6.2.	Hypothèse.....	167
6.3.	Base d'images.....	167
6.4.	Méthodes employées.....	167
6.5.	Métriques d'évaluation.....	167
6.6.	Langages de programmation.....	167

6.7. Description.....	167
6.8. Procédure de dérivation.....	170
6.9. Résultats et discussion.....	172
6.9.1. Scénario 1.....	172
6.9.2. Scénario 2.....	175
6.9.3. Scénario 3.....	179
6.10. Récapitulatif.....	181
7. Conclusion.....	181
<b>Conclusion Générale et Perspectives .....</b>	<b>182</b>
<b>Annexes .....</b>	<b>187</b>
Annexe A Évaluation Haar/DB4 .....	187
Annexe B Expériences complémentaires concernant le Système 1 .....	192
Annexe C Méthodes Grow / Full.....	194
Annexe D Analyse en composantes principales.....	195
Annexe E Filtre de diffusion anisotropique.....	196
Annexe F Arbres de décision.....	197
<b>Glossaire.....</b>	<b>198</b>
<b>Bibliographie.....</b>	<b>203</b>
<b>Contributions .....</b>	<b>235</b>

## Liste des Figures

<b>Fig 1.1</b> Schéma général d'un système de reconnaissance de formes.....	5
<b>Fig 1.2</b> Illustration du robot <i>Curiosity</i> arpentant le sol martien .....	12
<b>Fig 1.3</b> Le schéma de décomposition de la transformée en ondelettes stationnaire (du niveau $l$ au niveau $l + 1$ ). $LL_{l+1}$ correspond à l'approximation de l'image originale. $LH_{l+1}$ , $HL_{l+1}$ , $HH_{l+1}$ représentent les détails de l'image originale.....	16
<b>Fig1.4</b> Décomposition par paquets d'ondelettes d'un signal $S$ (3 niveaux). Chaque sous-bande (approximation ou détail) est à son tour décomposée, ce qui aboutit à un arbre binaire complet .....	17
<b>Fig 1.5</b> Une colonie de fourmis à la recherche de nourriture.....	19
<b>Fig 1.6</b> Système gravitationnel composé de quatre masses. Le schéma illustre les forces exercées par $M_2$ , $M_3$ , et $M_4$ sur $M_1$ . La combinaison des trois forces $F_{12}$ , $F_{13}$ , et $F_{14}$ produit la force $F_1$ qui entraîne $M_1$ .....	24
<b>Fig 2.1</b> le système nerveux central (en jaune-orange). La partie haute correspond à l'encéphale et la partie basse à la moelle épinière.....	32
<b>Fig 2.2</b> L'encéphale : cerveau + cervelet + tronc cérébral.....	34
<b>Fig 2.3</b> Les lobes cérébraux : frontal, temporal, occipital et pariétal .....	35
<b>Fig 2.4</b> Composition macroscopique du cerveau.....	36
<b>Fig 2.5</b> Retour à l'équilibre du système via la restitution de l'énergie acquise .....	38
<b>Fig 2.6</b> Modalités IRM : T1 ( <b>a</b> ) et T2 ( <b>b</b> ). En T1/T2, la matière blanche apparaît blanche/ en gris foncé, la matière grise apparaît grise/en gris clair, et le liquide céphalo-rachidien apparaît en noir/blanc.....	41
<b>Fig 2.7</b> Dispositif d'acquisition IRM.....	43
<b>Fig 2.8</b> Hématome sous-dural chronique ; partie délimitée en rouge .....	49

<b>Fig 2.9</b> Méningiome ; partie délimitée par un trait rouge .....	56
<b>Fig 2.10</b> Maladie d'Alzheimer ; cerveau atrophié.....	59
<b>Fig 2.11</b> Abscès cérébral ; partie délimitée par un trait rouge .....	62
<b>Fig 2.12</b> AVC hémorragique intraparenchymateux ; partie délimitée par un trait rouge .....	66
<b>Fig 2.13</b> Sclérose en plaques ; zones délimitées par un trait rouge .....	68
<b>Fig 4.1</b> Exemple de dépendance spatiale entre différentes structures cérébrales .....	121
<b>Fig 4.2</b> Exemple de plan inter-hémisphérique (ligne rouge).....	126
<b>Fig 5.1</b> Application du filtre de diffusion anisotropique : <b>(a)</b> image originale, <b>(b)</b> image filtrée. L'image qui en résulte est plus lisse ; diminution de l'effet du bruit et du champ de biais.....	137
<b>Fig 5.2</b> La transformée en ondelettes stationnaire appliquée à <b>Fig 5.1(b)</b> . De gauche à droite : les 3 niveaux de décomposition. De haut en bas : les sous-bandes <b>LL</b> , <b>LH</b> , <b>HL</b> , et <b>HH</b> respectivement.....	138
<b>Fig 5.3</b> Évolution du taux d'erreur (ordonnées) en fonction du nombre d'arbres (abscisses) pendant la phase d'entraînement.....	140
<b>Fig 5.4</b> Le Système 1 versus la méthode de [Demirhan 2011] pour la segmentation de la matière grise.....	140
<b>Fig 5.5</b> Le Système 1 versus la méthode de [Demirhan 2011] pour la segmentation de la matière blanche.....	141
<b>Fig 5.6</b> Le Système 1 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR pour la matière grise.....	141
<b>Fig 5.7</b> Le Système 1 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR pour la matière blanche.....	142
<b>Fig 5.8</b> Le Système 1 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR pour le liquide céphalo-rachidien.....	142
<b>Fig 5.9</b> Performances moyennes : Système 1 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR.....	142

<b>Fig 5.10</b> Quelques images ( <b>a, e, i, m</b> ), segmentation par le Système 1 ( <b>b, f, j, n</b> ), vérité-terrain ( <b>c, g, k, o</b> ), et différence ( <b>d, h, l, p</b> ). Au niveau des images <b>d, h, l, et p</b> , le Blanc indique les classifications correctes alors que le Gris indique les classifications incorrectes.....	143
<b>Fig 5.11</b> Résultats de la comparaison multiple : ( <b>a</b> ) matière grise, ( <b>b</b> ) matière blanche, et ( <b>c</b> ) liquide céphalo-rachidien. Les axes verticaux et horizontaux font référence aux méthodes comparées [(1) AMAP, (2) BMAP, (3) FCM, (4) MAP, (5) MLC, (6) TSKMeans, et (7) le Système 1] et aux rangs moyens obtenus, respectivement.....	145
<b>Fig 5.12</b> Évolution du taux de reconnaissance à travers 5 niveaux de décomposition.....	146
<b>Fig 5.13</b> Évolution du temps de traitement par image à travers 5 niveaux de décomposition...	146
<b>Fig 5.14</b> Performances moyennes : RF versus AdaBoost avec 3 niveaux de décomposition...	147
<b>Fig 5.15</b> Fenêtre indiquant les terminaux utilisés dans le Système 2 ; un unique label est assigné à chaque position.....	149
<b>Fig 5.16</b> Un exemple d'individu : une agrégation de plusieurs arbres. Les chiffres 1, 2, 3, 4, 7 font référence aux positions spatiales décrites dans <b>Fig 5.15</b> .....	150
<b>Fig 5.17</b> Le Système 2 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR pour la matière grise.....	153
<b>Fig 5.18</b> Le Système 2 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR pour la matière blanche.....	153
<b>Fig 5.19</b> Le Système 2 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR pour le liquide céphalo-rachidien.....	154
<b>Fig 5.20</b> Performances moyennes : Système 2 versus méthodes IBSR.....	154
<b>Fig 5.21</b> Quelques images ( <b>a, e, i, m</b> ), segmentation par le Système 2 ( <b>b, f, j, n</b> ), vérité-terrain ( <b>c, g, k, o</b> ), et différence ( <b>d, h, l, p</b> ). Au niveau des images <b>d, h, l, et p</b> , le Blanc indique les classifications correctes alors que le Gris indique les classifications incorrectes.....	156
<b>Fig 5.22</b> Le Système 3 versus le <i>K-Means</i> standard pour la matière grise.....	163
<b>Fig 5.23</b> Le Système 3 versus le <i>K-Means</i> standard pour la matière blanche.....	163
<b>Fig 5.24</b> Le Système 3 versus le <i>K-Means</i> standard pour le liquide céphalo-rachidien.....	163

**Fig 5.25** Quelques images (**a, e, i**), segmentation par le Système 3 (**b, f, j**), segmentation par le K-Means standard (**c, g, k**), et vérité-terrain (**d, h, l**).....165

**Fig 5.26** Échantillons des différentes catégories considérées dans la méthode proposée : Alzheimer (**a**), Alzheimer plus agnosie visuelle (**b**), toxoplasmose cérébrale (**c**), hématome chronique sous-dural (**d**), AVC fatal (**e**), gliome (**f**), encéphalite herpétique (**g**), Huntington (**h**), encéphalopathie hypertensive (**i**), méningiome (**j**), carcinome bronchogénique métastatique (**k**), sclérose en plaques (**l**), normal (**m**), Pick (**n**), sarcome (**o**), et démence vasculaire (**p**).....168

**Fig 5.27** Résultats de la transformée en ondelettes discrète : application à **Fig 5.26 (m)**. De gauche à droite, les 5 niveaux (1→5). De haut en bas, les sous-bandes **LL, LH, HL**, et **HH**, respectivement ; chaque sous-bande illustre un certain aspect du signal d'origine.....169

**Fig A.1** Transformée en ondelettes discrète sur 7 niveaux de décomposition. (a) image originale, (b) utilisation de Haar, et (c) utilisation de DB4. Pour (b) et (c), de gauche à droite : les 7 niveaux de décomposition, et de haut en bas les coefficients : approximation, horizontaux, verticaux, et diagonaux, respectivement.....188

**Fig A.2** Évaluation des ondelettes Haar et DB4 dans le cas normal versus pathologique. De haut en bas : l'exactitude, la sensibilité et la spécificité. (a) Haar, (b) DB4.....189

**Fig A.3** Évaluation des ondelettes Haar et DB4 dans le cas multi-classification. (a) Haar, (b) DB4.....190

**Fig A.4** Évolution du taux de reconnaissance global ainsi que du taux de reconnaissance de la matière grise, de la matière blanche, et du liquide céphalo-rachidien à travers 5 niveaux de décomposition (coefficients d'approximation) ; il y a une accumulation des caractéristiques à chaque niveau.....192

**Fig A.5** Évolution du taux de reconnaissance global ainsi que du taux de reconnaissance de la matière grise, de la matière blanche, et du liquide céphalo-rachidien à travers 5 niveaux de décomposition (coefficients détails horizontaux) ; il y a une accumulation des caractéristiques à chaque niveau.....192

**Fig A.6** Évolution du taux de reconnaissance global ainsi que du taux de reconnaissance de la matière grise, de la matière blanche, et du liquide céphalo-rachidien à travers 5 niveaux de décomposition (coefficients détails verticaux) ; il y a une accumulation des caractéristiques à chaque niveau.....193

**Fig A.7** Évolution du taux de reconnaissance global ainsi que du taux de reconnaissance de la matière grise, de la matière blanche, et du liquide céphalo-rachidien à travers 5 niveaux de décomposition (coefficients détails diagonaux) ; il y a une accumulation des caractéristiques à chaque niveau.....193

**Fig A.8** Exemple d'arbre de décision pour la question « Cette présentation est-elle intéressante ? ».....197

## Liste des Tableaux

<b>Tab 5.1</b> Division de la base IBSR (suivant [Demirhan 2011]).....	136
<b>Tab 5.2</b> Les coefficients Tanimoto obtenus par le Système 1.....	139
<b>Tab 5.3</b> Les coefficients Dice obtenus par le Système 1.....	139
<b>Tab 5.4</b> Tableau ANOVA Kruskal-Wallis pour la matière grise.....	144
<b>Tab 5.5</b> Tableau ANOVA Kruskal-Wallis pour la matière blanche.....	145
<b>Tab 5.6</b> Tableau ANOVA Kruskal-Wallis pour le liquide céphalo-rachidien.....	145
<b>Tab 5.7</b> Première division de la base IBSR.....	148
<b>Tab 5.8</b> Division des volumes d'entraînement (10 images sont uniformément sélectionnées au niveau de chaque volume).....	148
<b>Tab 5.9</b> Non-terminaux utilisés dans le Système 2.....	149
<b>Tab 5.10</b> Paramètres du module programmation génétique.....	151
<b>Tab 5.11</b> Les coefficients Tanimoto obtenus par le Système 2.....	152
<b>Tab 5.12</b> Les coefficients Dice obtenus par le Système 2.....	152
<b>Tab 5.13</b> Comparaison entre le Système 1 et le Système 2.....	157
<b>Tab 5.14</b> Première division de la base IBSR (10 images sont uniformément sélectionnées au niveau de chaque volume d'entraînement).....	158
<b>Tab 5.15</b> Non-terminaux utilisés dans le Système 3.....	160
<b>Tab 5.16</b> Paramètres du module programmation génétique.....	161
<b>Tab 5.17</b> Résultats obtenus par le Système 3 et le <i>K-Means</i> standard.....	162
<b>Tab 5.18</b> Ratio de compression moyen par volume.....	164
<b>Tab 5.19</b> Paramètres de la programmation génétique.....	171
<b>Tab 5.20</b> Evaluation des performances et comparaison ( <b>Scenario 1</b> ).....	174



<b>Tab 5.21</b> Performances en temps (secondes) et comparaison ( <b>Scenario 1</b> ).....	175
<b>Tab 5.22</b> Performances en temps (secondes) et comparaison ( <b>Scenario 2</b> ).....	176
<b>Tab 5.23</b> Evaluation des performances et comparaison ( <b>Scenario 2</b> ).....	178
<b>Tab 5.24</b> Performances en temps (secondes) et comparaison ( <b>Scenario 3</b> ).....	179
<b>Tab 5.25</b> Evaluation des performances et comparaison ( <b>Scenario 3</b> ).....	180
<b>Tab A.1</b> Le nombre de coefficients générés par les ondelettes Haar et DB4 à travers 7 niveaux de décomposition.....	190
<b>Tab A.2</b> Le temps moyen de traitement par image en utilisant les ondelettes Haar et DB4 à travers 7 niveaux de décomposition.....	191

## Liste des Abréviations

**AMAP** : *Adaptive Maximum A Posteriori.*

**ANN** : *Artificial Neural Networks.*

**ANOVA** : *Analysis of Variance.*

**AVC** : *Accidents Vasculaires Cérébraux.*

**BMAP** : *Biased Maximum A Posteriori.*

**BSD** : *Berkeley Software Distribution.*

**CF** : *Connectivité Floue.*

**DB1** : *Daubechies 1.*

**DB4** : *Daubechies 4.*

**DP** : *Densité Protonique.*

**DSTA** : *Démence Sénile Type Alzheimer.*

**EM** : *Expectation-Maximisation.*

**FCM** : *Fuzzy-C-Means.*

**FLAIR** : *Fluid Attenuated Inversion Recovery.*

**GARCH** : *Generalized Autoregressive Conditional Heteroskedasticity.*

**GVF** : *Gradient Vector Flow.*

**IA** : *Intelligence Artificielle.*

**IBSR** : *Internet Brain Segmentation Repository.*

**IRM** : *Imagerie par Résonance Magnétique.*

**KNN** : *K-Nearest Neighbors.*

**LCP** : *Lymphomes Cérébraux Primitifs.*

**MAP** : *Maximum A Posteriori.*

**MLC** : *Maximum-Likelihood algorithm.*

**MRF** : *Markov Random Fields.*

**RBF** : *Radial Basis Function.*

**RF** : *Random Forests.*

**SIDA** : *Syndrome d'Immunodéficience Acquise.*

**SNR** : *Signal to Noise Ratio.*

**SVM** : *Support Vector Machines.*

**TE** : Temps d'Écho.

**TEP** : Tomographie par Émission de Positons.

**TI** : Temps d'Inversion.

**TR** : Temps de Répétition.

**TSKMeans** : *Tree-Structure K-Means*.

**WBA** : *Whole Brain Atlas*.

# Introduction Générale

Au cours des dernières décennies, des progrès significatifs ont été réalisés dans l'étude et la compréhension du corps humain. Ces avancées tant au niveau structurel que fonctionnel trouvent leur origine dans le développement de nouvelles technologies d'observation. En effet, l'intersection de plusieurs disciplines scientifiques (mathématiques, physique, médecine, informatique) a permis la création de dispositifs capables d'exploiter un phénomène physique particulier, de décrire son évolution par des lois mathématiques, de le simuler sur ordinateur, et enfin de l'exploiter dans un contexte clinique donné. L'IRM, le scanner X, la Tomodensitométrie par Émission de Positons (TEP), ou encore l'Électroencéphalogramme ne sont que quelques exemples qui témoignent de la profusion et de la diversité des technologies d'observation.

Étant basée sur le phénomène de résonance magnétique nucléaire, l'IRM compte parmi les technologies d'observation les plus prometteuses. Tout en étant non invasive, elle permet d'acquérir des images anatomiques (structurelles ou fonctionnelles) d'une haute précision sous différentes vues et modalités. Ces avantages font de l'IRM une technique de choix aussi bien en recherche fondamentale que dans le contexte clinique. Ainsi, parmi ses nombreuses utilisations, on retrouve : l'aide au diagnostic (tumeurs, luxations, atrophies, hémorragies, etc.) ou encore l'étude du fonctionnement des organes.

Le cerveau est généralement considéré comme l'organe le plus complexe du corps humain. Les comportements les plus primitifs (respirer, se tenir debout, marcher, etc.) aux plus évolués (se remémorer, réfléchir, comprendre, décider, etc.) s'y déroulent et y sont gérés. L'altération de l'une de ces fonctions peut grandement affecter le quotidien des personnes concernées ; sur un plan médical (handicaps légers ou lourds), mais aussi économique (difficulté à trouver du travail) et social (rejet de la société). Par conséquent, soigner ces altérations devient un défi majeur pour les secteurs médicaux de tous les pays développés.

L'exploration du cerveau représente l'une des applications les plus courantes de l'IRM. En effet, cette dernière s'est imposée comme un outil incontournable d'aide au diagnostic pour plusieurs types de pathologies cérébrales : dégénératives, inflammatoires, tumorales, etc. Une fois les images acquises, un expert (radiologue) les analyse de manière individuelle et détermine si une pathologie est présente. Si tel est le cas, l'expert procède à la délimitation

manuelle (ou semi-manuelle) de la zone concernée afin d'estimer sa taille, et éventuellement de suivre son évolution dans le temps. Ce procédé qu'on peut qualifier de supervisé a un énorme coût, aussi bien au niveau du temps (différentes vues et modalités à analyser) qu'au niveau des résultats (qui dépendent de l'expérience et de l'écran utilisé). Les limitations liées au facteur humain ainsi que l'augmentation de la quantité d'images à analyser (du fait de la démocratisation des dispositifs IRM) motivent alors la création de méthodes d'analyse plus automatiques.

Depuis l'aube de l'informatique, la puissance de calcul des ordinateurs n'a jamais cessé de croître, suivant une tendance qui devrait se poursuivre un certain temps encore (loi de Moore). Cette évolution a bénéficié à la quasi-totalité des disciplines scientifiques (physique, économie, biologie, etc.) en permettant d'étudier des phénomènes, de les modéliser, et de les comprendre. La capacité qu'a l'homme à percevoir le monde (vision, ouïe, toucher, etc.), à l'interpréter (raisonnement, réflexion), et à agir en retour (décision) a toujours été un phénomène fascinant et la construction de machines capables de reproduire de tels comportements fut le rêve des pionniers de l'intelligence artificielle (IA). Après quelques décennies d'existence, l'IA a permis de résoudre un bon nombre de problèmes en s'inspirant en grande partie de la nature (l'évolution des espèces, les réseaux de neurones, le comportement des insectes, etc.). Au sein du contexte clinique, un système d'aide au diagnostic aurait pour objectifs d'imiter dans une certaine mesure le raisonnement du médecin (en s'appuyant sur des techniques de l'IA), et de fournir en même temps une décision rapide et objective.

L'évolution des espèces à travers le temps représente l'un des mécanismes les plus complexes que compte la nature. Sa formalisation sous forme d'un processus d'optimisation a donné naissance aux algorithmes génétiques qui ont fait leurs preuves dans divers domaines. Plus tard, une variante des algorithmes génétiques appelée programmation génétique est apparue et fut considérée comme une immense étape dans l'avènement de la machine pensante ; celle-ci considère que les individus impliqués dans l'évolution sont des programmes, les solutions obtenues représentent donc des méthodes de résolution pour des problèmes donnés. La programmation génétique a permis de redécouvrir des solutions à des problèmes résolus par l'homme au cours des siècles précédents. Elle a également permis dans certains domaines de découvrir de nouvelles solutions d'une qualité supérieure. Jusqu'ici, cette approche n'a été que peu exploitée à cause notamment d'un coût en temps et en mémoire assez élevé. Le nombre de travaux l'ayant appliquée dans le domaine de l'analyse des IRM cérébrales demeure extrêmement faible.

Parvenir à créer une méthode capable de discerner entre un cerveau sain et un cerveau pathologique ou encore de détecter plusieurs pathologies à la fois demeure un défi majeur dans le domaine du traitement automatique des IRM cérébrales. Cette complexité est liée à la fois au grand nombre de pathologies pouvant toucher le cerveau, mais aussi à leur complexité radiométrique. Cet état de fait a poussé la communauté des chercheurs à créer en majorité des systèmes d'analyse dédiés à une pathologie en particulier (en exploitant les caractéristiques qui lui sont propres) ; des champs de recherche entiers sont ainsi consacrés aux tumeurs, à la sclérose en plaques, ou encore à la maladie d'Alzheimer. La problématique centrale traitée dans cette thèse émerge directement de cette multiplicité, qui, à long terme, implique de créer autant de systèmes qu'il y a de pathologies. Cette stratégie de la multiplicité (en plus de mobiliser énormément de temps et de ressources) est difficilement applicable en milieu clinique ; nécessité de déployer un grand nombre de systèmes de manière indépendante (un pour chaque éventuelle pathologie), fonctionnant en parallèle, et n'ayant aucune complémentarité. L'idée de concevoir une méthode d'analyse plus générale naît alors de cette observation.

Nous proposons dans le cadre de cette thèse, un système automatique capable de détecter plusieurs pathologies à la fois. Ce système qui se base sur la programmation génétique est capable de fournir un niveau d'abstraction assez élevé pour discerner entre images saines et images pathologiques, mais aussi entre plusieurs types de pathologies. En second plan, nous nous intéressons à la segmentation des IRM cérébrales, en proposant et en analysant trois systèmes.

Cette thèse s'articule autour de cinq chapitres :

Le premier chapitre porte sur la reconnaissance de formes, le traitement de signal et les méthodes d'optimisation inspirées de la nature :

- Principes de base de la reconnaissance de formes.
- Notions sur le traitement de signal.
- Les inspirations naturelles les plus populaires.
- La programmation génétique.

Le deuxième chapitre expose le fond théorique médical sur lequel se base ce travail :

- Le cerveau humain d'un point de vue anatomique.
- Le fonctionnement de l'IRM.

- La classification des pathologies cérébrales.

Le troisième chapitre relate les méthodes de segmentation appliquées aux IRM cérébrales :

- La segmentation d'un point de vue formel.
- Les différents paradigmes développés.
- Les multiples champs d'application.

Le quatrième chapitre définit la généralisation du problème de détection et organise les méthodes d'analyse des IRM cérébrales qui vont vers cette direction :

- Le problème de la généralisation.
- Les différentes approches.
- Avantages et inconvénients de chaque approche.

Le cinquième chapitre expose les contributions réalisées :

- Un premier système de segmentation (approche apprentissage) pour les IRM cérébrales.
- Un deuxième système de segmentation qui peut être vu comme une optimisation du premier système.
- Un troisième système de segmentation (approche clustering) basé sur une compression produite de manière automatique.
- Un système de détection (basé sur la programmation génétique) capable de faire face à plusieurs pathologies cérébrales.

La thèse se termine par une mise en relief de tout ce qui a été réalisé. Des directions futures sont également énoncées et analysées.

# Chapitre 1

## Reconnaissance de Formes, Traitement de Signal, et Inspirations Naturelles

### 1. Introduction

Ce chapitre présente des notions de base sur :

- La reconnaissance de formes ; schéma général, description de chaque étape, domaines et exemples d'application.
- Le traitement de signal via la présentation des méthodes les plus populaires (Fourier, Ondelettes, etc.). Cette partie n'a pas pour but d'être exhaustive, elle sert simplement à définir le cadre théorique autour duquel s'articule notre travail.
- Quelques formalismes d'inspiration naturelle souvent utilisés pour résoudre des problèmes d'ingénierie ; recuit simulé, algorithmes génétiques, etc. Dans cette partie, une attention particulière sera accordée à la programmation génétique.

### 2. Reconnaissance de formes

Cette discipline s'intéresse à la mise en œuvre de méthodes qui permettent à des systèmes informatiques de reconnaître certains motifs à partir de données brutes, ces dernières pouvant être de diverses natures ; images, sons, documents texte, codes-barres, etc.

#### 2.1. Étapes principales d'un système de reconnaissance de formes

Tout système de reconnaissance de formes ressemble de près ou de loin au schéma ci-dessous :

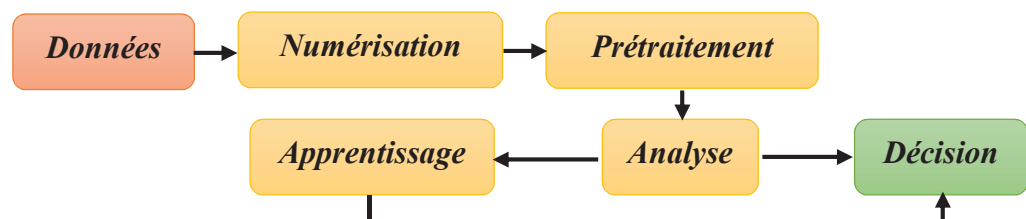


Fig 1.1 Schéma général d'un système de reconnaissance de formes [Merouani 2011].



### 2.1.1. Numérisation

Ce procédé permet de créer une représentation discrète (simplifiée) d'un phénomène (signal) continu en utilisant un dispositif adapté. Il comporte deux étapes fondamentales :

- **L'échantillonnage**

Consiste à mesurer une grandeur physique à intervalle régulier (dans l'espace et/ou le temps).

- **La quantification**

Consiste à arrondir les valeurs obtenues lors de l'échantillonnage à des valeurs appartenant à un ensemble fini.

La numérisation étant par définition une simplification, elle implique nécessairement une perte de données ; l'importance de cette perte étant plus ou moins tolérée suivant l'usage subséquent. Mais, dans tous les cas, la numérisation reste une étape indispensable permettant d'envisager des traitements par ordinateur.

### 2.1.2. Prétraitement

Les données brutes acquises lors de la numérisation sont usuellement volumineuses, redondantes, et bruitées. L'information pertinente n'y apparaît généralement pas de manière explicite. C'est à ce niveau qu'intervient le prétraitement. Cette phase a pour finalité de faciliter l'analyse et l'exploitation des données.

Le prétraitement peut prendre différentes formes. Il peut s'agir d'atténuer les informations parasites qui résultent du procédé d'acquisition (bruit, illumination, inhomogénéité, etc.) ; grâce à l'utilisation des techniques de traitement de signal (filtres passe-haut et passe-bas, diffusion anisotropique, etc.). Cela peut également concerner la transformation des données afin de faire ressortir un certain aspect (augmentation du contraste d'une image, négatif d'une image, égalisation d'histogramme, etc.).

Le prétraitement peut également porter sur des tâches plus complexes comme : séparer un objet de son fond dans une image, isoler la voix humaine dans un milieu sonore comportant plusieurs sources, ou encore extraire la portion de l'image correspondant au cerveau dans une IRM cérébrale.

Le prétraitement peut être vu comme un champ de recherche à part entière. Sa définition diffère d'un domaine d'application à un autre, mais son importance reste capitale que ce soit pour l'analyse, l'apprentissage, ou la décision.

### 2.1.3. Analyse

Cette étape représente le traitement proprement dit. Elle permet de décrire les formes en entrée à l'aide d'un ensemble fini et restreint de descripteurs. Ces derniers peuvent être de nature statistique, topologique, structurelle, etc. Cela dépend grandement des finalités fixées. L'analyse permet également de mettre en forme des données en vue des processus d'apprentissage et de décision.

À noter que :

- Cette phase se construit par rapport à deux objectifs contradictoires ; utiliser le moins de descripteurs possible et obtenir des performances maximales. Plusieurs tests sont parfois nécessaires pour aboutir à un compromis.
- Les descripteurs utilisés se basent souvent sur l'intuition humaine. Néanmoins, celle-ci étant biaisée et subjective, les résultats qui en découlent peuvent ne pas être optimaux. Il est alors possible de dériver (de manière automatique) des descripteurs plus adaptés.
- L'extraction de descripteurs peut être précédée par une étape de segmentation du signal (accès à un plus haut niveau de sémantique).

### 2.1.4. Apprentissage

L'apprentissage automatique est une branche de l'IA qui se consacre au développement, à l'analyse, et à l'implémentation de méthodes permettant à des machines d'apprendre. Les motivations premières de ce champ de recherche étaient de créer des systèmes autonomes capables d'exhiber une certaine forme d'intelligence. Depuis, les progrès réalisés ont contribué à faire avancer une large variété de domaines [Merouani 2011] ; finance, bio-informatique, aide au diagnostic, conception de moteurs de recherche, etc.

Formellement, un algorithme d'apprentissage s'exécute sur un ensemble  $D$  en entrée et retourne une fonction  $f$ .  $D$  est appelé ensemble d'apprentissage, il regroupe un nombre fini d'instances telles que chacune est constituée d'un nombre fini de descripteurs (dimensions). La fonction  $f$  est appelée modèle, elle est construite de telle manière à associer à chaque instance de  $D$  une

sortie spécifique. On assume généralement que les instances de  $D$  sont indépendantes et identiquement distribuées.

Il existe plusieurs types d'apprentissages :

- **Apprentissage supervisé**

Dans ce type d'apprentissage, les sorties que doit produire la fonction  $f$  sont clairement spécifiées au sein de l'ensemble  $D$ . Celles-ci peuvent par exemple être récoltées auprès d'experts du domaine. On cherchera donc à ce que la fonction  $f$  puisse reproduire (de manière automatique) le comportement de ces experts sur de nouveaux ensembles (détection de pathologies, détection de défauts dans des processus industriels, etc.). L'apprentissage supervisé se décline en deux versions : classification et régression. Alors que la première limite le nombre de sorties (étiquettes) possibles, la deuxième produit des valeurs continues.

- **Apprentissage non supervisé**

Dans ce type d'apprentissage, les sorties que doit produire la fonction  $f$  ne sont pas clairement définies. Celles-ci découlent d'une part de la nature du problème traité et d'autre part des préférences de l'utilisateur. Dans tous les cas, la construction de la fonction  $f$  résulte en une nouvelle modélisation de l'ensemble  $D$  ; clustering, compression, estimation de densité, etc.

- **Apprentissage par renforcement**

Ce genre d'apprentissage se définit par rapport à un agent matériel ou purement logiciel. L'objectif consiste à faire apprendre à cet agent un comportement particulier en lui indiquant via un signal s'il se comporte bien ou non ; plus le signal est fort et plus l'agent est encouragé à persévérer dans ce qu'il fait, et inversement. Ce procédé peut facilement être illustré dans le domaine de la robotique où on chercherait par exemple à faire qu'un robot (équipé de capteurs sensoriels) parvienne à se déplacer dans un milieu complexe tout en évitant les obstacles.

### 2.1.5. Décision

Émettre un verdict sur des formes en entrée demeure la finalité de tout système de reconnaissance de formes. C'est sur cette ultime étape (généralement seule à être visible aux yeux de l'utilisateur) que seront jugées les performances du système. La phase de décision est entièrement conditionnée par les étapes qui la précèdent. Ainsi, une vue d'ensemble d'un système de reconnaissance de formes fait généralement apparaître un flux d'information

circulant de la numérisation à la décision, et prenant à chaque étape une forme différente (synthèse de l'information).

Après l'étape d'entraînement, l'aptitude du système à prendre les "bonnes" décisions est généralement évaluée par rapport à un ensemble de données tests qui est indépendant de l'ensemble de données utilisé pour l'apprentissage. Les résultats obtenus à l'issue de ce processus sont censés témoigner des capacités du système à généraliser sur de futures données. Ainsi, les données d'apprentissage tout comme les données d'entraînement doivent couvrir une bonne partie de la variabilité que peut arborer le problème traité (ceci conditionne strictement les performances finales).

Un système de reconnaissance de formes ne fonctionne pas forcément de manière linéaire. Il peut y avoir des boucles au niveau de différentes étapes et notamment au niveau de la décision. Cette aptitude à l'autocritique et à l'autocorrection (bien que coûteuse en temps) permet généralement d'obtenir un meilleur comportement global.

La décision que produit un système de reconnaissance de formes peut être accompagnée d'un seuil de confiance. Si ce dernier est équivalent pour plusieurs classes alors les prédictions du système sont jugées peu fiables, et inversement. Suivant le domaine d'application, le taux de reconnaissance et le taux de rejet seront modulés différemment. Dans les applications médicales par exemple, le taux de rejet sera abaissé de manière à éviter de passer à côté d'une anomalie (pathologie). Il sera par contre accru dans les applications où l'erreur entraîne un coût important ; lecture automatique de chèques ou d'adresses postales.

## **2.2. Notions communes à l'apprentissage et à la décision**

### **2.2.1. La représentation des formes**

La manière dont les formes seront représentées se décide pendant la phase de conception du système. Celle-ci peut être dictée par plusieurs contraintes : les ressources matérielles, les méthodes employées, ou encore les objectifs de la reconnaissance.

Décrire une forme se fait le plus souvent via un vecteur (liste) qui contient un certain nombre de caractéristiques (attributs de la forme). Cependant, d'autres formalismes plus complexes sont envisageables : arbre, graphe, etc. Le type de formalisme utilisé reste intimement lié à la nature du problème traité.

Les caractéristiques utilisées dans la description des formes dépendent de la nature des formes en elle-même. Ainsi, un nuage aléatoire de points avec des zones plus denses que d'autres sera bien représenté par une formulation statistique (loi gaussienne, loi de Poisson, etc.). Alors qu'une image contenant plusieurs objets qui contiennent à leurs tours d'autres objets (et ainsi de suite) se prêterait bien à une représentation par un arbre ; chaque nœud référence un objet (avec une position relative ou absolue) qui est contenu dans l'objet référencé par le nœud père et contenant les objets référencés par les nœuds fils.

### 2.2.2. La représentation des classes

La représentation des classes dépend directement du formalisme utilisé pour la représentation des formes. Néanmoins, c'est l'étape d'apprentissage qui se charge de construire et de borner chaque groupe (au sein de l'espace de définition du problème). Ainsi, chaque classe peut se définir par : un ensemble d'échantillons (exemplaires de la classe), un prototype unique, ou encore un sous-espace de l'espace d'origine. Il n'y a pas de consensus sur la définition à adopter, cela dépend entièrement du problème traité et de ses contraintes.

### 2.2.3. La similarité

La notion de similarité intervient pour répondre à une question fondamentale aussi bien au niveau de l'apprentissage que de la décision :

- Quel est le degré de similarité entre deux échantillons  $A$  et  $B$  ?

La réponse à cette question est intrinsèquement liée au formalisme utilisé pour la représentation des formes (vecteur, arbre, graphe, etc.) ainsi qu'à la nature de l'information qui y est représentée (numérique, symbolique, etc.). Si l'espace de représentation du problème est doté d'une métrique  $M$ , alors la notion de similarité peut se ramener à une simple mesure de distance (euclidienne, Minkowski, etc.).

Une mesure de similarité se doit de formaliser à la fois la ressemblance qui existe entre les exemplaires d'une même classe et la dissemblance qui existe entre les exemplaires appartenant à des classes différentes.

### 2.3. Domaines d'application

La reconnaissance de formes est utilisée dans un large éventail d'applications :

- La reconnaissance de la parole qui est utilisée à des fins d'authentification (sécurité), mais également comme moyen de communication avec les systèmes informatiques (interface homme-machine) ; reconnaissance de mots, reconnaissance de phrases, reconnaissance de la langue du locuteur, commandes vocales, etc.
- La reconnaissance de l'écriture manuscrite ; tri automatique du courrier postal, authentification des documents sensibles (chèques, contrats, testaments), etc.
- L'imagerie satellitaire appliquée à la météorologie, la surveillance militaire, l'étude des changements environnementaux, la détection des feux de forêt, etc.
- L'imagerie médicale employée avec différentes technologies (IRM, scanner X, échographie, etc.) afin de fournir davantage d'automatisation dans des processus tels que la segmentation ou la labellisation. Les progrès dans ce domaine ont aussi permis l'émergence de systèmes d'aide au diagnostic très utiles en milieu clinique.
- La biométrie ou l'étude quantitative des êtres vivants (humains dans ce qui suit). Cette discipline s'appuie sur l'étude de caractéristiques qui sont uniques à chaque individu, cette unicité étant généralement mise à profit dans des applications orientées sécurité. Parmi les déclinaisons de cette discipline, on peut citer : la reconnaissance de l'iris, la reconnaissance de visages, la reconnaissance d'empreintes digitales, etc.
- La recherche d'images par le contenu qui s'adonne à la conception et au développement d'algorithmes capables de décrire une image par rapport à ce qu'elle contient (associer une certaine sémantique à un ensemble de pixels). Ce champ de recherche qui n'en est qu'à ces débuts, dispose d'un potentiel énorme dont peuvent profiter de nombreux domaines ; les moteurs de recherche (recherche par image), l'aide au diagnostic (trouver les images qui ressemblent le plus à celle en entrée, et établir un diagnostic par association), toute institution qui archive des images numériques.
- La construction de robots intelligents capables d'analyser leurs environnements, de s'y déplacer, et d'y exécuter des tâches. L'un des exemples les plus intéressants à ce sujet concerne le robot *Curiosity* (**Fig 1.2**) qui à l'heure actuelle est en train d'explorer la planète Mars. *Curiosity* embarque quatre caméras (à l'avant et à l'arrière) qui lui permettent de reconstruire une vision 3D de son environnement. Il est capable de se déplacer tout en évitant les obstacles grâce à un système de reconnaissance de formes.





**Fig 1.2** Illustration du robot *Curiosity* arpentant le sol martien (<http://www.science-et-vie.com/2012/08/la-sonde-curiosity-sapproche-de-mars/>).

### 3. Traitement de Signal

Ce domaine s'intéresse au traitement, à l'analyse, et à l'interprétation de signaux analogiques ou numériques. Ces derniers s'obtiennent en mesurant une grandeur physique qui évolue dans le temps (électromagnétisme, son, etc.). Le champ d'utilisation de cette discipline comprend mais n'est pas limité à : la compression, le filtrage, le débruitage, l'extraction de caractéristiques.

Dans ce qui suit, nous présentons quelques méthodes incontournables dans ce domaine :

#### 3.1. Transformée de Fourier

La transformée de Fourier [Bracewell 1978] est un outil d'analyse puissant qui permet de représenter un signal comme une somme d'exponentielles complexes de différentes magnitudes, fréquences, et phases. Elle permet ainsi de passer du domaine spatial (signal d'origine) au domaine fréquentiel ; chaque point qui en résulte représente une fréquence particulière contenue dans le domaine spatial. La transformée de Fourier joue un rôle important dans un bon nombre d'applications : compression, filtrage, reconstruction, etc. Elle est également très utilisée dans

le traitement des IRM cérébrales [Schempp 1997] [Ramamy 2011] [Somasundaram 2012] [Haldar 2013].

La transformée de Fourier continue d'une image s'écrit :

$$F(\omega_1, \omega_2) = \sum_{m=-\infty}^{\infty} \sum_{n=-\infty}^{\infty} f(m, n) e^{-j\omega_1 m} e^{-j\omega_2 n} \quad (1.1)$$

Tel que  $f(m, n)$  est une fonction à deux paramètres discrets  $m$  et  $n$ ,  $\omega_1$  et  $\omega_2$  sont deux variables fréquentielles, et  $F(\omega_1, \omega_2)$  est une fonction complexe périodique ( $2\pi$ ) en  $\omega_1$  et  $\omega_2$ . À noter que  $F(0,0)$  contient la somme de toutes les valeurs de  $f(m, n)$ .

La transformée de Fourier continue inverse qui permet de reconstituer le signal d'origine s'écrit :

$$f(m, n) = \frac{1}{4\pi^2} \int_{\omega_1=-\pi}^{\pi} \int_{\omega_2=-\pi}^{\pi} F(\omega_1, \omega_2) e^{j\omega_1 m} e^{j\omega_2 n} d\omega_1 d\omega_2 \quad (1.2)$$

Cette équation permet de représenter la fonction  $f(m, n)$  par un nombre infini d'exponentielles complexes ;  $F(\omega_1, \omega_2)$  décrit les informations (magnitude et phase) liées aux fréquences  $(\omega_1, \omega_2)$ .

La transformée de Fourier discrète est une adaptation (approximation) de la transformée de Fourier continue pour les ordinateurs. Elle a l'avantage de manipuler des entrées et des sorties discrètes tout en se calculant rapidement grâce à un algorithme appelé transformée de Fourier rapide.

La transformée de Fourier discrète d'une image (de dimensions  $M \times N$ ) s'écrit :

$$F(p, q) = \sum_{m=0}^{M-1} \sum_{n=0}^{N-1} f(m, n) e^{-\frac{j2\pi pm}{M}} e^{-\frac{j2\pi qn}{N}} \quad (1.3)$$

tel que  $p = 0, 1, \dots, M - 1$  et  $q = 0, 1, \dots, N - 1$ .

La transformation inverse se formalise par :

$$f(m, n) = \frac{1}{MN} \sum_{p=0}^{M-1} \sum_{q=0}^{N-1} F(p, q) e^{\frac{j2\pi pm}{M}} e^{\frac{j2\pi qn}{N}} \quad (1.4)$$



tel que  $m = 0, 1, \dots, M - 1$ ,  $n = 0, 1, \dots, N - 1$  et  $F(p, q)$  sont les coefficients de la transformation de la fonction  $f(m, n)$ .

### 3.2. Transformée en ondelettes discrète

Cette méthode [Mallat 1989] peut être vue comme une nouvelle avancée dans le domaine de l'analyse du signal (par rapport à la transformée de Fourier), étant donné qu'elle offre la possibilité de produire une information localisée en termes de temps et de fréquence.

La transformée en ondelettes continue d'une fonction quadratiquement intégrable  $x(t)$ , par rapport à une ondelette  $\psi(t)$  s'écrit :

$$W_\psi(a, b) = \int_{-\infty}^{+\infty} x(t)\psi_{a,b}(t)dt \quad (1.5)$$

tel que :

$$\psi_{a,b}(t) = \frac{1}{\sqrt{a}}\psi\left(\frac{t-a}{b}\right) \quad (1.6)$$

L'ondelette  $\psi_{a,b}(t)$  est calculée à partir de l'ondelette mère  $\psi(t)$  par translation et dilatation ;  $a$  et  $b$  sont respectivement les facteurs de dilatation et de translation.

La transformée en ondelettes discrète s'obtient en contraignant les paramètres  $a$  et  $b$  au sein d'une grille discrète ( $a = 2^b$  &  $a > 0$ ) :

$$ca_{j,k} = DS \left[ \sum_n x(n)g_j(n - 2^j k) \right] \quad (1.7)$$

$$cd_{j,k} = DS \left[ \sum_n x(n)h_j(n - 2^j k) \right] \quad (1.8)$$

$ca_{j,k}$ ,  $cd_{j,k}$ ,  $g(n)$ , et  $h(n)$  décrivent les coefficients d'approximation, les coefficients de détail, le filtre passe-bas, et le filtre passe-haut, respectivement.  $j$  et  $k$  représentent l'échelle de l'ondelette et le facteur de translation, respectivement.  $DS$  désigne l'opérateur de sous-échantillonnage. Cette transformation peut se poursuivre sur plusieurs niveaux (arbre de décomposition) en ayant à chaque fois pour point de départ les coefficients d'approximation.

La transformée en ondelettes discrète s'applique à une image, en filtrant de manière successive ses lignes et ses colonnes. À un niveau donné, la décomposition produit une approximation  $LL$  du signal original, et trois types de détails (horizontaux  $LH$ , verticaux  $HL$ , et diagonaux  $HH$ ). L'utilisation de plusieurs niveaux de décomposition permet d'explorer les caractéristiques de l'image sur plusieurs niveaux de résolution (du plus fin au plus grossier). Parmi les applications médicales les plus intéressantes de cette méthode, on peut citer [Karras 2005] [Karras 2007] [Suresh 2009] [Bindu 2013].

Il existe une grande variété d'ondelettes (les unes étant plus adaptées que les autres suivant le domaine d'application) parmi lesquelles on peut citer l'ondelette de Haar ; l'une des plus simples.

### 3.3. Transformée en ondelettes stationnaire

La transformée en ondelettes stationnaire [Nason 1995] (aussi appelée transformée en ondelettes redondante ou non décimée) est une variante de la transformée en ondelettes discrète qui permet de produire une information invariante par translation. Cette méthode a comme particularité de produire des sorties de même taille que les entrées. Tout au long du processus de décomposition, deux filtres appropriés sont utilisés (passe-haut et passe-bas), tel qu'à l'échelle  $2^l$ , chaque filtre est dilaté en insérant  $2^{l-1}$  zéros entre ses coefficients (**Fig 1.3**).

Le niveau  $l + 1$  se calcule à partir du niveau  $l$  en employant les équations suivantes :

$$A_{x,l+1}(i, j) = \sum_{k,m} h_k^l h_m^l A_{x,l}(i + k, j + m) \quad (1.9)$$

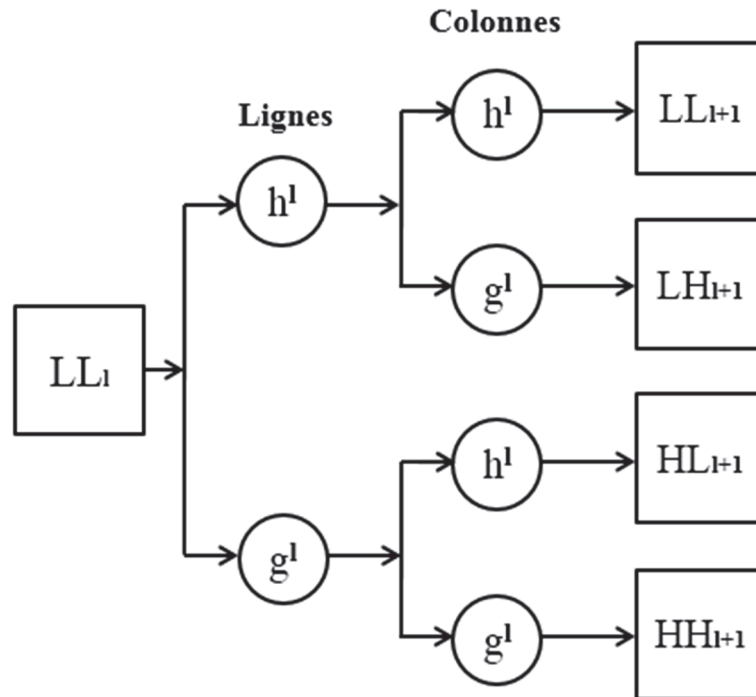
$$D_{x,l+1}^v(i, j) = \sum_{k,m} g_k^l h_m^l A_{x,l}(i + k, j + m) \quad (1.10)$$

$$D_{x,l+1}^h(i, j) = \sum_{k,m} h_k^l g_m^l A_{x,l}(i + k, j + m) \quad (1.11)$$

$$D_{x,l+1}^d(i, j) = \sum_{k,m} g_k^l g_m^l A_{x,l}(i + k, j + m) \quad (1.12)$$

$(i, j)$  décrit une position spatiale.  $h^l$  et  $g^l$  sont les filtres passe-bas et passe-haut, respectivement. À l'échelle  $2^{l+1}$ , la transformée en ondelettes stationnaire produit une approximation du signal original  $A_{x,l+1}$  et trois types de détails qui suivent différentes directions : horizontale  $D_{x,l+1}^h$ , verticale  $D_{x,l+1}^v$ , et diagonale  $D_{x,l+1}^d$ . Ces sorties sont très différentes les unes des autres, ce qui fait d'elles une excellente base pour l'extraction de caractéristiques. Tout comme la transformée

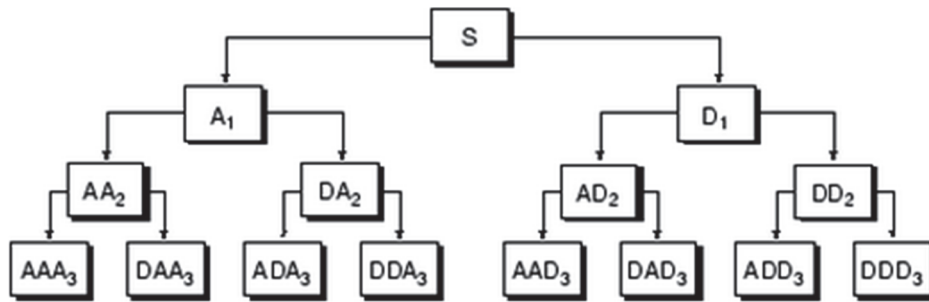
en ondelettes discrète, cette méthode a été largement exploitée dans le traitement des images neuro-anatomiques [Zhang Yudong 2010] [Mirajkar 2010] [Anand 2010].



**Fig 1.3** Le schéma de décomposition de la transformée en ondelettes stationnaire (du niveau  $l$  au niveau  $l + 1$ ).  $LL_{l+1}$  correspond à l'approximation de l'image originale.  $LH_{l+1}$ ,  $HL_{l+1}$ ,  $HH_{l+1}$  représentent les détails de l'image originale.

### 3.4. Paquets d'ondelettes

Les paquets d'ondelettes [Akay 1998] représentent une généralisation de la transformée en ondelettes discrète qui permet une exploration plus étendue du signal. Cette méthode a pour particularité de décomposer aussi bien les approximations du signal que ses détails (**Fig 1.4**). Pour  $n$  niveaux de décomposition, les paquets d'ondelettes produisent  $\sum_{i=1}^n 2^n$  sous-bandes (arbre binaire complet) ce qui est nettement plus élevé que les  $2n$  sous-bandes produites par la transformée en ondelettes discrète. Cependant, les deux méthodes s'alignent sur la dimension des sous-bandes produites à un niveau donné ; le processus de sous-échantillonnage s'applique au niveau des deux méthodes ce qui empêche la redondance de l'information.



**Fig 1.4** Décomposition par paquets d'ondelettes d'un signal  $S$  (3 niveaux). Chaque sous-bande (approximation ou détail) est à son tour décomposée, ce qui aboutit à un arbre binaire complet ([http://radio.feld.cvut.cz/matlab/toolbox/wavelet/ch05\\_us2.html](http://radio.feld.cvut.cz/matlab/toolbox/wavelet/ch05_us2.html)).

La richesse de l'information produite par cette méthode fait d'elle une technique intéressante aussi bien pour la compression et le débruitage que pour l'extraction de caractéristiques [Azpiroz 1999] [Gladis Pushpa Rathi 2011] [Kalaiselvi 2013].

## 4. Inspirations Naturelles

L'homme s'est de tout temps inspiré de la nature pour résoudre ses problèmes. En effet, celle-ci est capable de créer des procédures simples et efficaces afin de réaliser des tâches complexes. Dans cette section, on présente quelques formalismes qui vont dans ce sens.

### 4.1. Recuit simulé

Cette méthode [Kirkpatrick 1983] s'inspire d'une technique utilisée depuis longtemps dans le domaine de la métallurgie ; pour obtenir un alliage sans défaut, le métal est chauffé à blanc, puis on le laisse refroidir très lentement. Cette évolution vers l'équilibre thermodynamique est formalisée à travers l'algorithme de Metropolis [Metropolis 1953].

**Algorithme du recuit simulé** (solution initiale  $s$ )

Début

$T \leftarrow T_0$

Répéter :

Choix aléatoire d'une solution  $s' \in N(s)$

Génération d'un nombre réel aléatoire  $r \in [0,1]$

Si  $r < e^{-\frac{f(s)-f(s')}{T}}$  alors  $s \leftarrow s'$

Mise à jour de  $T$

jusqu'à ce qu'un critère soit atteint

Fin

$f$  représente la fonction à optimiser.  $T$  et  $T_0$  sont la température actuelle et la température initiale, respectivement.  $N(s)$  représente le voisinage de la solution  $s$ . Le comportement de l'algorithme se définit par rapport à trois scénarios :

- $f(s') < f(s) \Rightarrow e^{\frac{f(s)-f(s')}{T}} > 1$ , la solution  $s'$  est acceptée.
- $(f(s') > f(s) \text{ et } T \text{ est grand}) \Rightarrow e^{\frac{f(s)-f(s')}{T}} \approx 1$ , la solution  $s'$  a de grandes chances d'être acceptée.
- $(f(s') > f(s) \text{ et } T \text{ est petit}) \Rightarrow e^{\frac{f(s)-f(s')}{T}} \approx 0$ , la solution  $s'$  a de fortes chances d'être refusée.

À chaque itération, l'algorithme perturbe la solution en entrée et vérifie si  $f$  est optimisée. Si tel est le cas, la solution est retenue. Dans le cas contraire, la solution est retenue suivant une probabilité  $e^{(\Delta E/T)}$  ( $E$  étant l'énergie du système). Au lancement de l'algorithme, la variable  $T$  est généralement fixée à une grande valeur, ce qui permet d'accepter un grand nombre de solutions (aussi bien celles améliorant  $f$  que celles la dégradant). Au fur et à mesure que les itérations se succèdent, la température  $T$  décroît et les mouvements augmentant l'énergie sont de moins en moins tolérés. L'algorithme se résume alors en une simple amélioration itérative.

L'implémentation du recuit simulé est assez simple. De plus, il est assez aisé d'y inclure des contraintes de différentes natures. Son seul inconvénient réside dans le paramétrage de la température  $T$  (à l'initialisation et au niveau du choix de la fonction de décroissance) qui est souvent rebutant et très empirique. Un mauvais paramétrage pourra ainsi conduire à un temps de convergence extrêmement long, ou encore à être piégé au niveau d'un optimum local. Le pouvoir d'optimisation de cette méthode a été investigué dans [Snyder 1991] [Mitra 2000] [Maglogiannis 2004] [Karasulu 2011].

## 4.2. Colonies de fourmis

Cet algorithme [Colorni 1991] s'inspire du comportement des fourmis, qui, en se mettant à la recherche de nourriture, finissent généralement par emprunter le chemin le plus court jusqu'à celle-ci (**Fig 1.5**). Afin de signaler sa présence à ses congénères, chaque fourmi qui se déplace, dépose des composés chimiques (appelés phéromones) sur sa route. Plus un chemin est chargé en phéromones et plus une fourmi aura tendance à l'emprunter. Ce mode de communication qui est appelé *stigmergie* provoque l'émergence d'un comportement global qui optimise la longueur du chemin emprunté.

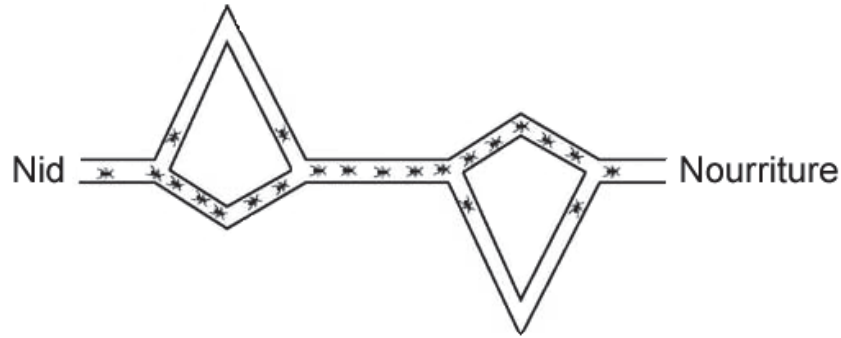


Fig 1.5 Une colonie de fourmis à la recherche de nourriture [Autin 2006].

### Algorithme de colonies de fourmis

Début

Soit un ensemble de  $k$  fourmis :

Répéter :

Pour  $i = 1$  à  $k$  faire

*Construction d'un Trajet (i)*

Fin Pour

*Mettre à jour la piste de phéromones ()*

Jusqu'à ce qu'un critère de fin soit atteint.

Fin

La procédure *Construction d'un Trajet ()* permet à la fourmi  $k$  de choisir un chemin en se basant sur une règle probabiliste :

$$Si j \in J_i^k \Rightarrow p_{ij}^k(t) = \frac{(\tau_{ij}(t))^\alpha \cdot (\eta_{ij})^\beta}{\sum_{l \in J_i^k} (\tau_{il}(t))^\alpha \cdot (\eta_{il})^\beta} \quad Sinon p_{ij}^k(t) = 0 \quad (1.13)$$

$\tau_{ij}(t)$  représente le taux de phéromones entre les deux points  $i$  et  $j$  à l'itération  $t$ ; le paramètre  $\alpha$  contrôle son influence.  $\eta_{ij}$  correspond à l'inverse de la distance entre  $i$  et  $j$ ; le paramètre  $\beta$  contrôle son influence.  $p_{ij}^k(t)$  est la probabilité que la fourmi  $k$  choisisse le chemin  $ij$  à l'itération  $t$ .  $J_i^k$  fait référence aux points voisins de  $i$ .

La procédure *Mettre à jour la piste de phéromones ()* intervient après que toutes les fourmis aient choisi leurs trajets. Formellement, cette procédure s'écrit :

$$\Delta\tau_{ij}^k(t) = \frac{C}{L^k(t)} \quad (1.14)$$

tel que  $C$  est une constante et  $L^k(t)$  est la tournée totale de la fourmi  $k$ . Afin d'éviter une convergence prématurée, il est commun d'introduire le concept d'évaporation ; au fil des itérations, une pression décroissante est exercée sur la teneur en phéromones de tous les chemins. Ainsi, les itinéraires peu utilisés tendent à disparaître, et inversement.

La méthode des colonies de fourmis étant par nature orientée multi-agent, sa parallélisation paraît plus qu'intuitive. Son formalisme de base a été conçu pour résoudre le problème du voyageur de commerce (trouver le plus court chemin qui relie un ensemble de villes), mais sa souplesse en fait une méthode de choix pour beaucoup d'autres problèmes ; planification, affectation, etc. Il est à noter que la sélection de  $\alpha$  et  $\beta$  est extrêmement délicate. Cette sélection conditionne directement la qualité des solutions (un mauvais choix pourrait conduire à une stagnation). Plusieurs études se sont intéressées à l'application de cette approche aux IRM cérébrales [Huang P 2008] [Karnan 2010] [Soleimani 2013].

### 4.3. Optimisation par essaim particulaire

Cette méthode [Kennedy 1995] s'inspire du comportement des oiseaux lorsqu'ils volent en groupe à la recherche de nourriture ; chaque individu parvient d'une part à conserver une distance optimale par rapport à ses congénères, et d'autre part à s'inscrire au sein d'une dynamique globale (en se basant uniquement sur le mouvement de ses voisins). Le comportement de chaque individu est à terme régi par deux aspects : l'individualisme et le mimétisme ; en plus de s'appuyer sur sa propre expérience, l'individu tente de reproduire le comportement de ses voisins qui réussissent le mieux.

Cette méthode est souvent considérée comme une alternative sérieuse aux algorithmes génétiques. Elle emploie des équations de faible complexité, ce qui fait d'elle une technique de choix dans les environnements informatiques faibles en ressources. Son seul inconvénient réside dans son paramétrage (taille de l'essaim, topologie du voisinage, choix des paramètres  $p_1$  et  $p_2$  (voir page suivante), etc.). [Forghani 2007] et [Rehman 2013] ne sont que quelques exemples d'application de cette heuristique.

## Algorithme d'optimisation par essaim particulaire

Début

Entrées et terminologie

$N$  : nombre de particules.

$F$  : fonction à optimiser.

$\vec{x}_i(t)$  : position de la particule  $p_i$  à l'instant  $t$ .

$\vec{v}_i$  : vitesse de la particule  $p_i$  à l'instant  $t$ .

$pmeilleure_i$  : meilleure performance de la particule  $p_i$ .

$gmeilleure_i$  : meilleure performance dans le voisinage de  $p_i$ .

$\vec{x}_{pmeilleure_i}$  : position de la meilleure performance de la particule  $p_i$ .

$\vec{x}_{gmeilleure_i}$  : position de la particule avec la meilleure performance dans le voisinage de  $p_i$ .

$p_1$  et  $p_2$  : facteurs de pondération.

Répéter

Pour  $i$  allant de 1 jusqu'à  $N$  faire

Si  $(F(\vec{x}_i) > pmeilleure_i)$  alors

$pmeilleure_i \leftarrow F(\vec{x}_i)$

$\vec{x}_{pmeilleure_i} \leftarrow \vec{x}_i$

Fin

Si  $(F(\vec{x}_i) > gmeilleure_i)$  alors

$gmeilleure_i \leftarrow F(\vec{x}_i)$

$\vec{x}_{gmeilleure_i} \leftarrow \vec{x}_i$

Fin

Fin

Pour  $i$  de 1 à  $N$  faire

$\vec{v}_i \leftarrow \vec{v}_i + \rho_1(\vec{x}_{pmeilleure_i} - \vec{x}_i) + \rho_2(\vec{x}_{gmeilleure_i} - \vec{x}_i)$

$\vec{x}_i \leftarrow \vec{x}_i + \vec{v}_i$

Fin

Jusqu'à ce qu'un critère de terminaison soit atteint.

Fin



#### 4.4. Algorithme de recherche gravitationnelle

La gravité constitue l'une des quatre forces fondamentales de l'univers [Schutz 2003], les autres étant l'électromagnétisme, l'interaction forte, et l'interaction faible. Elle correspond à la tendance qu'ont les particules à s'attirer pour se regrouper, cette attraction étant proportionnelle à leurs masses et inversement proportionnelle aux distances qui les séparent (**Fig 1.6**). La formalisation newtonienne de la gravité stipule que :

$$F = G \frac{M_1 M_2}{R^2} \quad (1.15)$$

Tel que  $M_1$  et  $M_2$  sont deux masses éloignées d'une distance  $R$ .  $G$  correspond à une constante (constante gravitationnelle) et  $F$  exprime l'intensité de la force gravitationnelle. Toujours dans le cadre de la théorie newtonienne, l'application d'une force  $f$  sur une particule de masse  $M$  résulte en une accélération  $a$  de cette particule :

$$a = \frac{F}{M} \quad (1.16)$$

L'algorithme de recherche gravitationnelle [Rashedi 2009] est une méthode d'optimisation qui exploite les deux lois décrites plus haut afin de contraindre une population d'agents (particules) à trouver une solution à un problème donné.

Étant donné une population de  $N$  particules, la position de chacune est donnée par:

$$X_i = (x_i^1, \dots, x_i^d, \dots, x_i^n), \quad i = 1 \rightarrow N \quad (1.17)$$

$x_i^d$  étant la position du  $i^{\text{ème}}$  agent dans la  $d^{\text{ème}}$  dimension.

À un temps  $t$ , la force qu'exerce une masse  $j$  sur une masse  $i$  s'écrit:

$$F_{ij}^d(t) = G(t) \frac{M_{pi}(t) \times M_{aj}(t)}{R_{ij}(t) + \varepsilon} (x_j^d(t) - x_i^d(t)) \quad (1.18)$$

$M_{aj}$  est la masse gravitationnelle active (l'intensité du champ gravitationnel) de l'agent  $j$  et  $M_{pi}$  est la masse gravitationnelle passive (la résistance face un champ gravitationnel extérieur) de l'agent  $i$ .  $G(t)$  correspond à la constante gravitationnelle au temps  $t$  et  $R_{ij}(t)$  est la distance qui sépare les deux particules  $i$  et  $j$ .  $\varepsilon$  est un nombre infinitésimal.

La force totale qui agit sur un agent  $i$  dans la dimension  $d$  ainsi que l'accélération qui en résulte s'expriment respectivement par :

$$F_i^d(t) = \sum_{j=1, j \neq i}^N rand_j F_{ij}^d(t) \quad (1.19)$$

et

$$a_i^d(t) = \frac{F_i^d(t)}{M_{ii}(t)} \quad (1.20)$$

La mise à jour de la position et de la vitesse de chaque agent s'effectue à travers les formules suivantes:

$$v_i^d(t+1) = rand_i \times v_i^d(t) + a_i^d(t) \quad (1.21)$$

$$x_i^d(t+1) = x_i^d(t) + v_i^d(t+1) \quad (1.22)$$

La masse de chaque agent correspond à son fitness; plus le fitness est grand et plus la force d'attraction de l'agent croît; sa mobilité face aux autres forces se réduit également en conséquence.

Les différentes étapes de l'algorithme peuvent se résumer par:

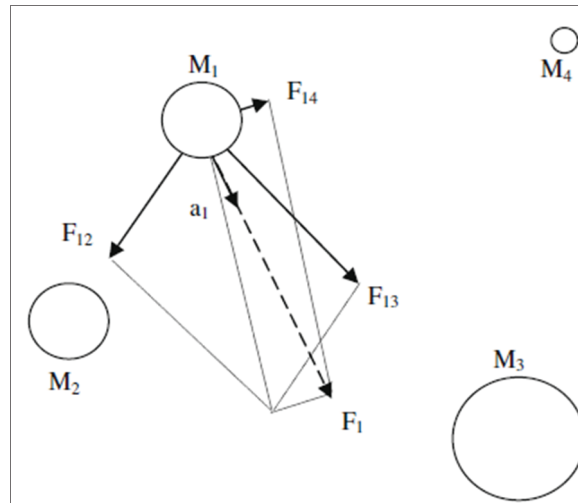
Début

- a) Initialisation aléatoire.
- b) Évaluation du fitness des agents.
- c) Mise à jour de  $G(t)$  et des  $M_i(t)$ .
- d) Calcul de la force totale dans les différentes dimensions.
- e) Calcul de l'accélération et de la vitesse.
- f) Mise à jour de la position de chaque agent.
- g) Répéter de b à f jusqu'à ce qu'un critère de terminaison soit atteint.

Fin

Comme la plupart des simulations de phénomènes physiques, l'algorithme de recherche gravitationnelle souffre d'une complexité de calcul assez élevée (surtout avec l'augmentation du nombre de masses). Cet inconvénient est néanmoins contrebalancé par sa capacité à utiliser efficacement la gravité comme outil implicite de partage d'information entre agents. À noter

que des hybridations et des améliorations de cet algorithme ont été proposées dans [Mirjalili 2010], [Hatamlou 2012], et [Yong 2013].



**Fig 1.6** Système gravitationnel composé de quatre masses. Le schéma illustre les forces exercées par  $M_2$ ,  $M_3$ , et  $M_4$  sur  $M_1$ . La combinaison des trois forces  $F_{12}$ ,  $F_{13}$ , et  $F_{14}$  produit la force  $F_1$  qui entraîne  $M_1$  [Rashedi 2009].

## 4.5. Algorithmes génétiques

Cette approche [Goldberg 1989] [Holland 1992] dite évolutionnaire se base sur la théorie de l'évolution de [Darwin 1864] qui permet d'expliquer les origines de la biodiversité ; les espèces évoluent dans le temps pour s'adapter à leur environnement, les individus les plus aptes ayant plus de chances de survivre et de transmettre leurs caractéristiques. Au fil des générations, les changements accumulés donnent naissance à de nouvelles formes de vie de plus en plus spécialisées.

Les algorithmes génétiques manipulent une population d'individus composée de solutions à un problème donné. Ils font évoluer cette population sur plusieurs générations jusqu'à converger vers une solution acceptable. Les opérations effectuées au cours de cette évolution sont directement calquées sur la terminologie biologique :

### 4.5.1. Sélection

Cette opération permet de choisir les individus qui serviront de base à la construction d'une nouvelle génération, l'idée étant de favoriser ceux qui s'en sortent le mieux. La sélection

déterministe, la sélection par tournois, ou encore la sélection proportionnelle ne sont que quelques déclinaisons de cette opération.

**Sélection déterministe** : consiste à choisir les  $N$  meilleurs individus.

**Sélection par tournois** : consiste à tirer aléatoirement  $k$  individus et à choisir le meilleur d'entre eux.

**Sélection proportionnelle** : le nombre de fois où un individu est choisi est proportionnel à son fitness.

### 4.5.2. Reproduction

Cet opérateur permet de répliquer directement les  $k$  meilleurs individus de la population actuelle à la population suivante. Il permet d'un côté de maintenir la présence des meilleurs individus tout au long des itérations, et d'un autre côté, il permet de centrer la recherche autour d'eux.

### 4.5.3. Crossover

Cet opérateur permet de combiner et de brasser le matériel génétique présent au sein de la population. Il peut être vu comme une recherche locale (intensification) étant donné qu'il ne crée pas de nouvelle information. Formellement, cela consiste à sélectionner aléatoirement différentes parties de  $p$  individus et à les combiner afin de créer un ou plusieurs nouveaux individus.

### 4.5.4. Mutation

Cette opération prend en paramètre un individu,  $y$  sélectionne aléatoirement une partie, et  $y$  opère une modification aléatoire. Il s'agit d'un élément perturbateur qui éloigne le risque d'une convergence prématurée et étend la capacité de l'algorithme à explorer l'espace de recherche.

### 4.5.5. Fitness

Le fitness d'un individu équivaut à sa capacité à résoudre un problème donné. Généralement, c'est une fonction définie dans  $R^+$ ; plus elle est élevée et plus l'individu est apte. La fonction fitness constitue la partie la plus importante d'un algorithme génétique ; elle conditionne à la fois la nature des solutions produites et le temps de convergence.

## Déroulement d'un algorithme génétique

Début

Générer une population aléatoire initiale.

Répéter

Évaluation du fitness.

Sélection.

Reproduction.

Crossover.

Mutation.

Jusqu'à ce qu'un critère de terminaison soit atteint.

Fin

Les algorithmes génétiques constituent l'une des approches d'optimisation les plus puissantes. Ils se prêtent bien à la parallélisation et s'utilisent comme une boîte noire qui s'adapte facilement à la plupart des problèmes. Il faut néanmoins noter qu'un mauvais paramétrage pourra conduire à une convergence prématurée, tout comme une mauvaise conception de la fonction fitness pourra induire une complexité importante.

Les algorithmes génétiques constituent probablement la méthode d'optimisation la plus investiguée dans le domaine du traitement automatique des IRM cérébrales [Ghassabeh 2007] [Yeh 2008] [Sharma 2013].

### 4.6. Programmation génétique

Construire des machines capables de résoudre des problèmes de manière autonome a été et demeure toujours un défi majeur pour l'IA. La programmation génétique [Koza 1992] peut être vue comme une extension spéciale des algorithmes génétiques où les individus correspondent à des programmes ; le but étant de faire évoluer cette population de programmes à la recherche d'une procédure de résolution pour un problème particulier.

Formellement, la programmation génétique se définit comme une technique évolutionnaire, systématique, et indépendante du domaine d'application, qui permet à des ordinateurs de résoudre automatiquement des problèmes en partant d'une définition de haut niveau des objectifs à atteindre [Langdon 2008].

La programmation génétique reprend exactement les mêmes concepts que les algorithmes génétiques ; une population d'individus qui évolue sur plusieurs générations via l'application de plusieurs opérateurs : sélection, reproduction, crossover, mutation. La différence réside uniquement au niveau du formalisme utilisé.

#### 4.6.1. Formalisme

Les premières utilisations de la programmation génétiques employaient des individus (programmes) sous forme d'arbres. En effet, cette modélisation se prête bien à l'expression d'un bon nombre de problèmes dont la génération de formules mathématiques. Depuis, d'autres formalismes plus élaborés ont vu le jour (linéaire [Eklund 2002], graphe [Miller 2006], etc.). À noter que la modélisation des individus en arbre requiert la définition d'éléments terminaux et d'éléments non-terminaux.

#### 4.6.2. Terminaux et non-terminaux

Ces deux ensembles sont liés au domaine d'application et doivent vérifier la propriété de *suffisance* ; il existe au moins une solution qui peut être générée à partir de leurs combinaisons. Dans le cadre de la génération d'expressions mathématiques, les terminaux peuvent correspondre à des variables, et les non-terminaux à des fonctions mathématiques classiques (Sin, Cos, Log, etc.). Il est bien sûr du devoir du concepteur de garantir l'absence d'anomalies lors de la combinaison de ces éléments (valeurs indéfinies, nombre de paramètres, etc.).

#### 4.6.3. Initialisation

Il existe plusieurs techniques pour générer des arbres, les plus populaires étant les méthodes *Grow* et *Full* (Annexe C). Toutes deux construisent des arbres sujets à une profondeur maximale prédéfinie ; alors que la première peut générer des arbres de différentes tailles et formes, la seconde ne produit que des arbres complets. [Koza 1992] a proposé une combinaison des deux qu'il a appelée *Ramped Half-and-Half*. Cette méthode permet de générer des populations très hétérogènes. Il est également possible d'inclure (dans cette étape) de la connaissance *a priori*, si celle-ci est disponible, via l'introduction d'arbres préconstruits.

#### 4.6.4. Crossover

Étant donné deux arbres parents, cette opération consiste à :

- 1) Choisir un sous-arbre au niveau du premier parent.
- 2) Choisir un sous-arbre au niveau du deuxième parent.
- 3) Créer un premier arbre enfant en greffant le sous-arbre du deuxième parent au sein du premier parent.
- 4) Créer un deuxième arbre enfant en greffant le sous-arbre du premier parent au sein du deuxième parent.

Plus un arbre est grand et plus sa proportion de feuilles augmente. Ceci contraste avec le nombre de nœuds internes qui lui, reste relativement faible. Par conséquent, choisir aléatoirement un sous-arbre, aboutira le plus souvent à sélectionner une feuille, ce qui résulte en un échange qu'on peut qualifier de pauvre (les fragments de code échangés sont trop simples). Pour gérer ce problème, il est commun de biaiser la sélection des sous-arbres en imposant de faire le choix d'un nœud interne avec une probabilité de 90%.

#### **4.6.5. Mutation**

Étant donné un arbre, cet opérateur consiste à :

- 1) Sélectionner un nœud.
- 2) Si c'est un terminal alors le remplacer par autre terminal.

Si c'est un non-terminal alors le remplacer par un autre non-terminal ayant le même nombre de paramètres.

Une deuxième déclinaison de cet opérateur consiste à :

- 1) Sélectionner un nœud.
- 2) Le remplacer par un arbre généré aléatoirement.

Une troisième déclinaison implique de :

- 1) Générer un arbre aléatoirement.
- 2) Effectuer un crossover avec l'arbre en paramètre.

Ces trois manières de faire sont autant de façons de perturber l'évolution de l'algorithme. Aucune d'elle n'est meilleure qu'une autre, elles peuvent même s'utiliser les trois à la fois ou alors séparément.

#### 4.6.6. Applications

Due à sa puissance et à sa flexibilité, la programmation génétique a été utilisée avec succès dans une large variété de domaines ; génération d'expressions mathématiques [Keijzer 2004] [Lew 2006], modélisation de l'économie [Chen S H 2002] [Chen S H 2005], contrôle de processus industriels [Hinchliffe 2003] [Rodriguez-Vazquez 2004], traitement du signal et de l'image [Louchet 2001] [Zhang M 2006], design d'hyper-heuristiques [Keller 2007] [Poli 2007], analyse du signal biomédical [Moore 2002] [Guo 2011]. La programmation génétique a permis de redécouvrir des solutions à des problèmes qui avaient été résolus au cours des siècles précédents [Koza 1999] [Koza 2003]. Elle a aussi contribué à créer de nouvelles solutions compétitives et parfois meilleures que les solutions proposées par l'homme [Keane 2005].

Une autre application remarquable de la programmation génétique concerne la classification (affecter des étiquettes à des données en se basant sur un ensemble de variables en entrée). [Espejo 2010] ont présenté un survol multidisciplinaire très complet sur le sujet. Ils ont divisé les méthodes rapportées en fonction de la manière dont la programmation génétique y est employée ; méthodes qui construisent directement des classifieurs via la programmation génétique, et méthodes qui utilisent la programmation génétique afin de perfectionner les performances de classifieurs déjà existants. Afin de traiter un problème de classification biochimique, [Raymer 1996] ont hybridé programmation génétique et classifieur *K-Nearest Neighbors* (KNN) [Fix 1951]. En plus d'avoir obtenu de bons résultats, ils ont découvert des relations importantes entre les variables utilisées. [Sherrah 1996] ont combiné la programmation génétique avec différents types de classifieurs (un pour chaque individu). Ils ont obtenu des résultats raisonnables en utilisant une fonction fitness basée sur l'exactitude (avec une pénalisation des individus les plus longs). Des approches similaires ont été utilisées dans [Krawiec 2002], [Estebanez 2005], et [Estebanez 2008] où chaque individu est décrit par un ensemble d'arbres (forêt). [Tan 2005] ont proposé un système de classification d'empreintes digitales basé sur une hybridation entre programmation génétique et classifieur bayésien. Ils ont obtenu des résultats très compétitifs. Dans [Smith M G 2005], les auteurs ont combiné plusieurs classifieurs de base avec la programmation génétique. Ils ont ensuite appliqué un algorithme génétique afin de sélectionner les meilleurs d'entre eux. Cette approche a été testée sur différents problèmes et les résultats obtenus sont plutôt intéressants. [Lin 2005] ont proposé une approche d'apprentissage basée sur la programmation génétique qui implique de faire évoluer plusieurs populations en même temps. Le résultat final correspond à une agrégation des



meilleurs individus de chaque population. Cet algorithme a été appliqué pour classifier des images radar et les résultats obtenus sont très prometteurs.

L'application de la programmation génétique dans le traitement des IRM cérébrales demeure extrêmement limitée. [Gray H F 1996] ont utilisé la programmation génétique (comme classifieur) afin de discriminer les tumeurs cérébrales de type méningiomes des autres types de tumeurs. Les performances obtenues dépassent celles des réseaux de neurones artificiels (chapitre 3, section 2.2). Dans [Poli 1996], les auteurs considèrent que les tâches comme le débruitage, la détection de caractéristiques, ou encore la segmentation, peuvent se ramener à un simple processus de filtrage. En partant de ce principe, ils ont employé la programmation génétique afin de différencier le tissu cérébral du tissu non cérébral. Les résultats obtenus se sont révélés être meilleurs que ceux obtenus via l'utilisation d'un réseau de neurones artificiels (chapitre 3, section 2.2). [Shen S 2003] ont appliqué la programmation génétique afin de générer des règles de la forme *si...alors*. Ces dernières ont été appliquées afin de classer des régions cérébrales données (produites par le FCM ; chapitre 3, section 3.2) en plusieurs classes de tumeurs. Les résultats obtenus sont assez prometteurs. [Ramirez 2007] se sont intéressés à la classification automatique des états cognitifs d'une personne donnée en partant des données produites par l'IRM fonctionnelle. Ces auteurs ont utilisé la programmation génétique en deux temps ; pour la sélection des caractéristiques et pour la construction du module de classification. Les performances obtenues sont très satisfaisantes. [Sharif 2014] ont proposé un nouveau système de filtrage en laissant la programmation génétique combiner des opérateurs morphologiques standards (filtre composite). Ces auteurs ont prouvé la supériorité de leur approche par rapport à des méthodes de débruitage classiques.

## 5. Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons exposé les principes de base de la reconnaissance de formes, ses étapes, ainsi que ses domaines d'application. On a pu constater que cette discipline disposait d'un énorme potentiel qui se manifeste à travers un nombre de plus en plus conséquent d'applications.

Dans un deuxième temps, on s'est intéressé au traitement de signal, via l'exploration de plusieurs méthodes d'analyse, ayant chacune des avantages et des inconvénients. Plusieurs de ces méthodes seront utilisées par la suite dans le document.

Enfin, notre attention s'est portée sur quelques phénomènes naturels qui ont été formalisés afin de résoudre des problèmes d'optimisation. Parmi ces formalismes, notre attention s'est attardée sur la programmation génétique, sa capacité à générer de nouvelles solutions, et son emploi à la résolution de problèmes de classification. Cette méthode sera utilisée par la suite dans le document.

Dans le chapitre suivant, nous nous intéresserons au fond théorique médical sur lequel repose cette thèse.

## Chapitre 2

# L'Imagerie Cérébrale

### 1. Introduction

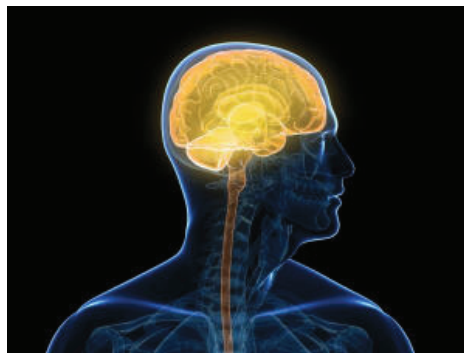
Ce chapitre s'intéresse à l'aspect médical de cette thèse en présentant des notions sur :

- Le cerveau d'un point de vue anatomique (cette partie est basée sur [Bosc 2003], [Noblet 2006], et [Scherrer 2008]).
- Le fonctionnement de l'IRM (cette section est basée sur [Buthiau 1992] et [Dou 2002]).
- Les différentes catégories de pathologies cérébrales et la manière dont elles apparaissent (cette partie est basée sur [Buthiau 1992] et [Cambier 2000]).

À noter que la dernière partie n'a pas pour but d'être exhaustive. En effet, il existe un nombre impressionnant de pathologies cérébrales dont l'énumération et la description iraient bien au-delà du cadre de cette thèse. Par conséquent, nous nous contenterons dans ce qui suit de définir des catégories de pathologies, en citant les exemplaires les plus représentatifs, et en décrivant leurs propriétés radiométriques (les termes médicaux ambigus sont expliqués au niveau du Glossaire).

### 2. Le système nerveux central

Chez les vertébrés, le système nerveux est généralement divisé en deux parties : le système nerveux périphérique (composé de nerfs rachidiens, nerfs crâniens sensori-moteurs, ou encore du système entérique) et le système nerveux central (**Fig 2.1**) qui regroupe l'encéphale et la moelle épinière.



**Fig 2.1** Le système nerveux central (en jaune-orange). La partie haute correspond à l'encéphale et la partie basse à la moelle épinière (<http://ici.radio-canada.ca/nouvelles/sante/2010/12/06/001-sclerose-en-plaques-.shtml>).

Ces derniers sont protégés par le liquide céphalo-rachidien dans lequel ils baignent, mais aussi par plusieurs types de membranes appelées méninges (dure-mère, arachnoïde, et pie-mère). La majorité des processus cognitifs se déroulent au niveau de la partie supérieure de l'encéphale qui est d'ailleurs divisée en deux hémisphères : gauche et droit. Sous ces deux hémisphères, on retrouve le tronc cérébral qui gère les fonctions vitales comme la respiration et les mouvements oculaires. Le prolongement du système nerveux central sous le tronc cérébral donne forme à la moelle épinière. Celle-ci a pour fonction de relayer les informations entre l'encéphale et le reste du corps. Elle joue aussi le rôle de centre de coordination dans certains réflexes. Le système nerveux central représente donc un tout qui décode et interprète les informations sensorielles qui proviennent de tout le corps. Il donne en retour des commandes qui dépendent des réflexes, de l'expérience, ainsi que de l'état de l'environnement externe.

### 2.1. La moelle épinière

La moelle épinière (appelée aussi moelle spinale) fait référence au prolongement du système nerveux central qui se situe en dessous du tronc cérébral. Elle est contenue au sein du canal rachidien qui lui sert de support et de protection. Constituée de neurones et de cellules gliales, elle arbore une forme aplatie avec un diamètre d'environ 0.5 cm. Ses fonctions principales sont de relayer les informations motrices aux muscles, relayer les informations sensorielles au cerveau, et la gestion de certains réflexes.

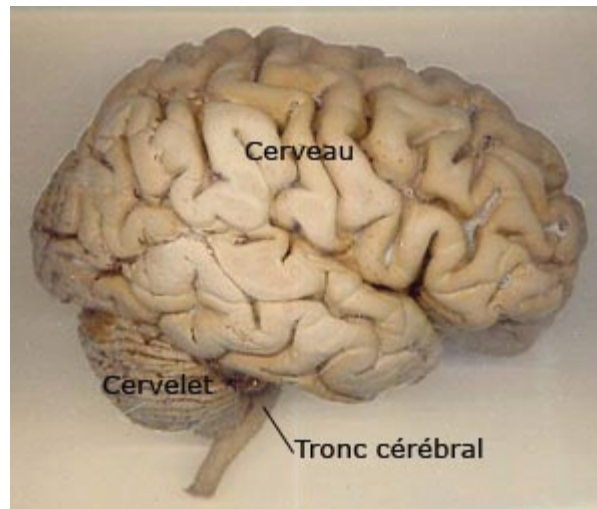
### 2.2. Le liquide céphalo-rachidien

Le liquide céphalo-rachidien (appelé aussi liquide cérébro-spinal) est un liquide dans lequel baigne le système nerveux central. Il est contenu au niveau de l'espace sub-arachnoïdien (entre la pie-mère et l'arachnoïde). Son volume moyen est de 150 ml (renouvelé sans cesse). Sa principale fonction consiste à protéger le système nerveux central des chocs qui peuvent l'endommager (en les amortissant et en les absorbant). Sa composition chimique montre qu'il joue aussi un rôle important dans la protection immunologique de son environnement.

### 2.3. L'encéphale

L'encéphale (**Fig 2.2**) désigne la partie du système nerveux central située au niveau de la boîte crânienne. C'est la région la plus importante du système nerveux en termes de volume et de poids, mais pas seulement ; les processus cognitifs les plus complexes s'y déroulent. Il pèse en moyenne 1,6 kg et est relié à la moelle épinière via le trou occipital du crâne. Son rôle consiste à recevoir les influx nerveux, à les traiter, et à renvoyer des réponses adéquates

(également sous forme d'influx nerveux). L'encéphale est composé du cerveau, du cervelet, et du tronc cérébral.



**Fig 2.2** L'encéphale : cerveau + cervelet + tronc cérébral

([http://www.lookfordiagnosis.com/mesh\\_info.php?term=Enc%C3%A9phale&lang=4](http://www.lookfordiagnosis.com/mesh_info.php?term=Enc%C3%A9phale&lang=4)).

### 2.3.1. Le cervelet

Le cervelet est une composante de l'encéphale responsable principalement de la régulation de la fonction motrice (équilibre, posture, mouvement) et dans une moindre mesure, des fonctions cognitives telles que l'attention, le langage, ou encore le plaisir. Il est situé au niveau de la fosse crânienne postérieure. Il reçoit des informations de la moelle épinière, du cerveau, ainsi que du tronc cérébral, et le traitement qu'il en fait donne au programme qui contrôle le mouvement une organisation chronologique et spatio-temporelle cohérente.

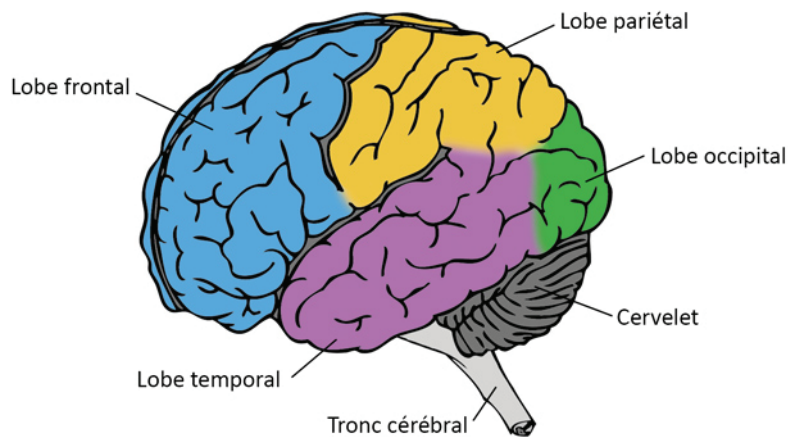
### 2.3.2. Le tronc cérébral

Le tronc cérébral est une composante de l'encéphale située au niveau de la fosse crânienne postérieure entre le cerveau à proprement dit et la moelle épinière. Il s'occupe principalement de la régulation du rythme cardiaque, de la respiration, ainsi que de la douleur. Il constitue aussi une importante zone de passage pour les voies motrices et sensibles.

### 2.3.3. Le cerveau

Le cerveau constitue la plus grande partie de l'encéphale. Il ne représente que 2% du poids total du corps humain et pourtant il est responsable de la gestion de la quasi-totalité des fonctions biologiques des plus basiques (mouvements, sommeil, ..., etc.) aux plus complexes (émotions, raisonnement, ..., etc.). Il est composé de deux hémisphères ; droit et gauche dont la

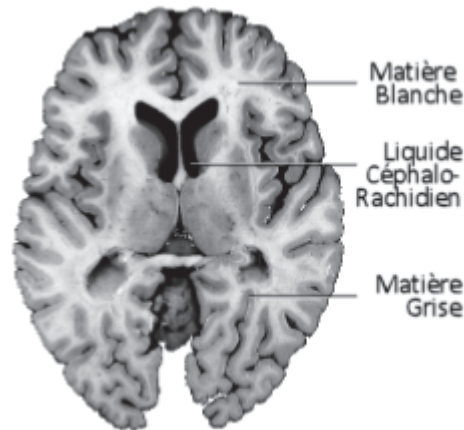
surface présente de nombreuses circonvolutions limitées par des sillons. Sa structure spatiale fait aussi apparaître 4 régions (ou lobes **Fig 2.3**) distinctes s'occupant chacune de fonctions différentes : le lobe occipital (la vision), le lobe pariétal (le calcul, l'orientation spatiale), le lobe temporal (le langage, la mémoire, l'interprétation des sons), et le lobe frontal (le raisonnement abstrait : planification, conceptualisation).



**Fig 2.3** Les lobes cérébraux : frontal, temporal, occipital et pariétal (<http://www.fondation-lamap.org/fr/page/18710/le-cerveau-humain>).

### 2.3.3.1. Constitution microscopique

Le cerveau est constitué de deux types de cellules : les neurones et les cellules gliales. Les neurones sont des cellules nerveuses capables de recevoir et d'émettre des influx nerveux ; ils reçoivent, traitent, et transmettent l'information. Un neurone est constitué d'un corps cellulaire (contenant le noyau) qui a pour rôle de traiter l'information, de plusieurs ramifications appelées dendrites d'où il reçoit ses données, et d'un prolongement principal appelé axone qui transmet l'information traitée. Le cerveau humain contient cent milliards de neurones, et chaque neurone peut avoir jusqu'à 10 000 liaisons avec d'autres neurones, ce qui permet d'expliquer le degré élevé de complexité du comportement humain. Les cellules gliales sont des cellules qui soutiennent les neurones ; elles apportent les nutriments et l'oxygène, éliminent les cellules mortes, produisent la myéline (tissu adipeux qui recouvre et protège les axones) qui joue un rôle dans l'accélération de la transmission de l'influx nerveux.



**Fig 2.4** Composition macroscopique du cerveau [Scherrer 2008].

### 2.3.3.2. Constitution macroscopique

D'un point de vue macroscopique, le cerveau est constitué uniquement de deux types de tissus (**Fig 2.4**) : la matière blanche et la matière grise. La première correspond principalement à l'agglomération d'axones (la face intérieure du cortex), quant à la seconde elle est le résultat du regroupement de plusieurs corps cellulaires neuronaux (répartis au niveau du cortex et des noyaux). À noter que le liquide céphalo-rachidien circule au niveau de la surface extérieure du cortex.

### 2.3.3.3. Couches externes

Le cerveau est recouvert de plusieurs couches de protection de natures différentes. De l'extérieur vers l'intérieur on retrouve : la peau, l'os, et enfin les méninges. Ces dernières sont formées de 3 membranes successives : la plus externe est appelée dure-mère, en contact direct avec l'os, elle est de nature épaisse et fibreuse. La membrane du milieu est appelée arachnoïde (sous forme d'une toile d'araignée très fine). La membrane la plus interne (pie-mère) est quant à elle extrêmement fine (plus fine que l'arachnoïde). Elle est quasiment collée au cerveau et lui permet d'être relativement hermétique.

## 3. L'imagerie par résonance magnétique

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) [Damadian 1971] [Lauterbur 1973] [Mansfield 1973] constitue l'une des techniques d'observation les plus puissantes. Elle repose principalement sur le phénomène de résonance magnétique nucléaire [Bloch 1946] [Purcell 1946].

### 3.1. La résonance magnétique nucléaire

Toute matière possède des propriétés magnétiques qui lui sont propres. Par exemple, un objet en fer placé dans un champ magnétique acquiert une aimantation qui peut être caractérisée par son intensité et son orientation. Ces deux caractéristiques représentent un moment magnétique. Au niveau nucléaire, on retrouve deux types d'éléments : protons et neutrons, qui peuvent être assimilés à de petits aimants et dont l'aimantation globale se calcule proportionnellement à une grandeur caractérisant le noyau qu'on nomme : spin (spin nucléaire). Dans un environnement naturel, ces spins sont orientés de manière complètement aléatoire dans l'espace. On dit alors que leur résultante magnétique est nulle. Dans le cas de l'imagerie par résonance magnétique, les atomes utilisés sont ceux de l'hydrogène ( $H$ ) qui composent les molécules d'eau ( $H_2O$ ). Ces dernières sont présentes massivement dans le corps humain (75%).

#### 3.1.1. L'influence d'un champ magnétique $B_0$

L'application d'un champ magnétique  $B_0$  définit une direction dans l'espace sur laquelle vont s'aligner les spins. Cet alignement est plus important (en nombre) suivant la direction parallèle à  $B_0$ . Les spins se mettent alors à tourner à la même fréquence autour de  $B_0$  (sans pour autant être parallèles entre eux). On dit que leur phase est différente. L'aimantation globale devient alors non nulle et se définit comme un vecteur  $M$  parallèle à  $B_0$ .

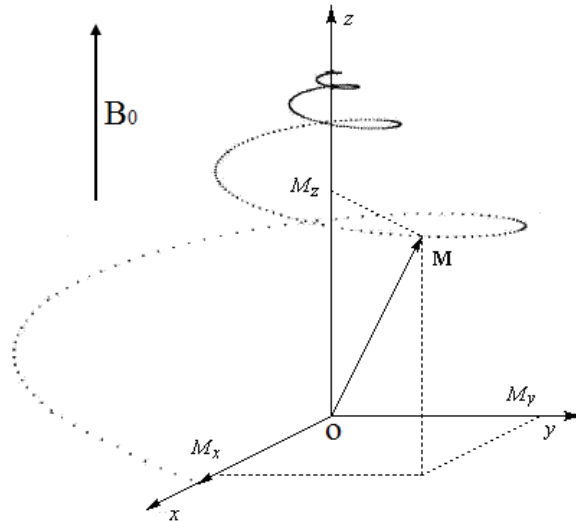
#### 3.1.2. La perturbation par une onde de radiofréquence $B_1$

Afin de mesurer l'aimantation des spins, il est nécessaire de provoquer une modification de l'angle de  $M$  par rapport à  $B_0$ . Ceci est fait via l'émission d'une onde de radio fréquence  $B_1$  qui vient perturber le système en conduisant à un transfert d'énergie au niveau des atomes. Néanmoins, ce transfert ne peut se faire qu'à une certaine fréquence bien déterminée. L'utilisation de l'onde radiofréquence provoque un basculement de l'aimantation  $M$  suivant différents angles  $30^\circ$ ,  $90^\circ$ ,  $180^\circ$  possibles (suivant l'amplitude de l'onde et de sa durée).

#### 3.1.3. Le retour à l'équilibre

L'arrêt de l'émission de l'onde radiofréquence implique le retour à l'équilibre du système (**Fig 2.5**) ;  $M$  redevient parallèle à  $B_0$ . Ce retour à l'équilibre se déroule suivant une trajectoire en hélice que suit  $M$  afin de redevenir parallèle à l'axe  $Z$ .  $M$  peut alors être décrit par deux composantes : une première longitudinale correspondant à la projection de  $M$  sur l'axe  $OZ$  et une deuxième transversale correspondant à la projection de  $M$  sur  $OX$  et  $OY$ .





**Fig 2.5** Retour à l'équilibre du système via la restitution de l'énergie acquise (modifiée à partir de <http://www.faidherbe.org/site/cours/dupuis/rmn.htm>).

- **Le temps de relaxation T1**

Décrit la variation à travers le temps de l'aimantation suivant l'axe  $MZ$ . Plus explicitement, T1 correspond au temps nécessaire à  $MZ$  pour atteindre 63% de son équilibre. Pour un environnement donné, T1 va dépendre des propriétés des molécules (contenues dans cet environnement) telles que : la taille, la masse ou encore la mobilité. Ainsi, le comportement de T1 permet de caractériser un milieu suivant sa structuration ; un milieu bien structuré aura tendance à avoir un T1 court (de l'ordre de centaines de millisecondes pour des tissus tels que : la matière grise, ou la matière blanche) et inversement pour un milieu mal organisé (de l'ordre d'une seconde pour le liquide céphalo-rachidien).

- **Le temps de relaxation T2**

Décrit la variation à travers le temps de l'aimantation suivant le plan  $MXY$ . Plus précisément, T2 correspond au temps nécessaire à  $MXY$  pour diminuer de 63%. Plus le milieu étudié est fluide et plus les valeurs prises par T2 sont grandes. Dans le cas des tissus cérébraux, T2 a tendance à être inférieur à T1.

### 3.1.4. La lecture de signal

Le retour à l'équilibre implique la restitution de l'énergie acquise à l'étape de perturbation. Cette énergie est dégagée sous forme d'une onde radiofréquence qui est captée par un détecteur appelé bobine ou antenne ; le mouvement de l'aimantation crée un courant électrique (dans l'antenne) qui est amplifié et mesuré, il constitue le signal acquis. Une transformation de

Fourier est appliquée au signal récupéré (appelé aussi signal de précession libre) et l'analyse de celle-ci fait apparaître trois caractéristiques du signal : la fréquence, l'amplitude, et la durée. Le temps de relaxation longitudinale (T1), le temps de relaxation transversale (T2), ainsi que le paramètre  $p$  qui décrit la densité des noyaux d'hydrogène, constituent les éléments les plus basiques de l'imagerie par résonance magnétique. Leur manipulation influe directement sur les caractéristiques des images produites. Déterminer les valeurs de ces paramètres se fait en utilisant non pas une seule onde de radiofréquence mais plusieurs qui se regroupent en séquences. Ces séquences se caractérisent par leur durée, leur temps de répétition, ou encore leur angle de basculement.

La séquence la plus couramment utilisée en IRM s'appelle *écho de spin*. Elle correspond à l'émission de deux ondes de radiofréquence telles que celles-ci sont séparées par un intervalle de temps  $\tau$ . La première impulsion se fait suivant un angle de  $90^\circ$ . Elle est immédiatement suivie par la deuxième onde qui se fait suivant un angle de  $180^\circ$ , conduisant ainsi à une remise en phase progressive des spins des noyaux d'hydrogène.

- **Le temps d'écho**

Au niveau de la séquence d'écho de spin, le temps d'écho (TE) dénote le temps qui sépare le milieu de l'application de l'onde à  $90^\circ$  du moment où le signal d'écho atteint son apogée. TE égale à  $2\tau$  correspond au moment où l'écho du signal d'origine est restitué par l'environnement étudié.

- **Le temps de répétition**

Une séquence élémentaire d'impulsions peut être répétée plusieurs fois. L'intervalle de temps séparant deux séquences d'impulsions est appelé temps de répétition (TR). Un TR court a tendance à produire un contraste bien marqué entre les différents tissus de l'environnement tandis qu'un TR long tend à minimiser ce contraste.

- **L'angle de basculement  $\vartheta$**

Il est possible de définir le plan (dans l'espace tridimensionnel) sur lequel une séquence d'impulsions radiofréquences va être projetée. Ceci est possible via un paramètre appelé angle de basculement ( $\vartheta$ ). Ce dernier correspond à l'angle suivant lequel l'aimantation globale peut être inclinée par rapport à la direction définie dans l'espace par  $B_0$ .

- **Le temps d'inversion**

L'intervalle de temps séparant une impulsion d'inversion à  $180^\circ$  d'une impulsion d'excitation à  $90^\circ$  est appelé temps d'inversion (TI). Il permet de contrôler la différence de signaux entre les tissus présents au sein de l'environnement étudié.

TE, TR,  $\theta$ , ainsi que TI représentent les paramètres d'acquisition. Ils sont directement choisis par le radiologue afin de produire des images dépendantes de tel ou tel paramètre tissulaire.

- **Séquences longues**

Lorsque TR est long par rapport aux valeurs prises par T1 (dans un milieu donné), le signal obtenu est considéré comme étant indépendant de T1. De même, lorsque TE est court, l'image obtenue dans ce cas-là est dite pondérée en Densité Protonique (DP). En revanche, lorsque TE est choisi proportionnellement aux valeurs prises par T2, le signal dépend alors de  $p$  et de T2. Dans ce cas, on dit que l'image est pondérée en T2.

- **Séquences courtes**

Lorsque TE est infime comparé aux valeurs prises par T2, le signal (de l'environnement étudié) est considéré comme étant indépendant de T2. De plus, le fait de choisir un TR court permet d'obtenir un signal qui dépend principalement de T1 et  $p$ . Dans ce cas, on dit que l'image est pondérée en T1.

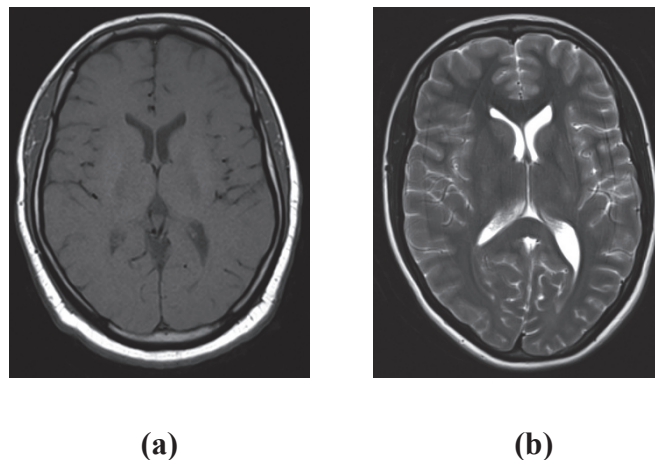
- **La séquence d'inversion-récupération**

Moins couramment utilisée que la séquence écho de spin (à cause notamment du temps prohibitif qui la caractérise), la séquence d'inversion-récupération permet néanmoins d'obtenir un contraste d'une grande qualité entre les différents tissus du milieu étudié, que ce soit pour la pondération en  $p$  ou en T1. Elle est constituée de trois impulsions de base : une première impulsion de  $180^\circ$  qui a pour effet un basculement de l'aimantation totale dans le sens parallèle à celui du champ magnétique, une deuxième impulsion de  $90^\circ$  qui se produit après un temps TI, et une troisième impulsion à  $180^\circ$  qui a pour effet de remettre progressivement en phase les spins de l'environnement étudié (de la même manière que la deuxième impulsion de la séquence d'écho de spin). La séquence *Fluid Attenuated Inversion Recovery* (FLAIR) constitue un exemple de séquences d'inversion-récupération ; TI=1900-2000 millisecondes.

- **Les séquences rapides**

Le temps d'acquisition des images IRM dépend grandement du temps de répétition (TR) choisi. Donc, un choix relativement petit des valeurs de ce paramètre permet d'accélérer la procédure

d'acquisition des images. On remarque ainsi l'émergence d'une catégorie distincte de protocoles d'acquisition appelée imagerie rapide. Ce type d'imagerie se singularise par la difficulté associée tant à la programmation de ses séquences que par l'interprétation des images qui en résultent. Par exemple, dans la technique dite *écho de gradient*, le rephasage des spins s'effectue via l'application successive de deux gradients ayant la même intensité mais possédant des signes différents. Dans ce cas, la diminution de l'aimantation suivant le plan *MX* est caractérisée par un temps  $T2^*$  nettement plus court que le  $T2$  original. En effet, l'évolution de l'aimantation à travers le temps suivant le plan *MX* peut s'expliquer d'une part par les propriétés magnétiques de l'environnement étudié et d'autre part par l'inhomogénéité du champ magnétique  $B_0$ . Mais, au niveau de la séquence d'écho de spin, ce phénomène est contrebalancé, ce qui permet de mesurer le  $T2$  effectif. Généralement, la puissance du contraste et du signal caractérisant un tissu donné dépend proportionnellement du rapport  $T2/T1$ . Et les paramètres qui contrôlent cette puissance sont différents suivant les constructeurs. Les séquences rapides constituent la plupart du temps une étape préliminaire de visualisation de l'environnement étudié et dans certains cas, elles peuvent même remplacer les séquences dites normales lorsqu'un gain de temps est nécessaire.



**Fig 2.6** Modalités IRM : T1 (a) et T2 (b) (<http://blog.letudiant.fr/medecine-examen-classant-national/lirm-cerebrale-ce-quel-faut-savoir-pour-lecn/>). En T1/T2, la matière blanche apparaît blanche/en gris foncé, la matière grise apparaît grise/en gris clair, et le liquide céphalo-rachidien apparaît en noir/blanc.

L'imagerie par résonance magnétique offre donc la possibilité d'étudier un environnement donné à travers une large palette de modalités (**Fig 2.6**), telles que chaque modalité produit des informations qui lui sont propres. On remarque par exemple que les images pondérées en T1 permettent de mettre facilement en évidence les tissus cérébraux naturels (la matière blanche,

la matière grise, ou encore le liquide céphalo-rachidien), alors que les images pondérées en T2 sont plus intéressantes dès lors qu'on s'intéresse à la présence de lésions comme celles de la sclérose en plaques.

### 3.2. Formation des IRM

L'encodage du signal récupéré produit un échantillonnage discret dans le domaine fréquentiel (transformée de Fourier) et plusieurs types de balayage peuvent être utilisés à ce niveau (radial, spiral, cartésien...) pesant grandement sur la qualité des images produites.

Tous les paramètres étudiés précédemment ne permettent pas de distinguer de quel voxel est issu le signal. Mais cela devient possible en ajoutant un gradient directionnel (de faible intensité) au champ magnétique, grâce à un dispositif appelé bobines de gradients. Suivant une certaine direction (parallèle au gradient appliqué), les fréquences de résonance des spins deviennent différentes d'un voxel à l'autre ; ce qui permet de déterminer avec précision l'origine du signal.

Sur un plan pratique, cette localisation se fait en utilisant trois gradients de champ ; un pour chacune des directions  $X, Y, Z$ . Un gradient de champ dirigé par exemple suivant  $Z$ , permet d'opérer une excitation sélective parmi les coupes où la fréquence de résonance est quasi-constante. L'épaisseur de coupe (entre 3 et 20 mm) est contrôlée quant à elle par l'intensité du gradient. Les deux autres gradients disposés suivant les deux axes  $X$  et  $Y$  sont respectivement un gradient de codage de fréquence et un gradient de codage de phase. Tous deux sont utilisés lors de l'encodage spatial.

L'image résultante est obtenue en utilisant une transformée de Fourier inverse (en deux dimensions) qui permet de passer du domaine fréquentiel au domaine spatial. Cette image correspond à une matrice de niveaux de gris qui exprime l'intensité du signal (hyposignal lorsqu'il tend vers le noir, hypersignal lorsqu'il tend vers le blanc, et gris lorsqu'il est d'intensité intermédiaire). Cette intensité est strictement dépendante du type de séquences utilisées ainsi que des paramètres tissulaires de l'environnement étudié.

### 3.3. L'imageur IRM

L'instrumentation (**Fig 2.7**) sur laquelle s'appuie le fonctionnement de l'IRM peut être divisée en deux catégories. La première concerne les instruments qui contribuent de manière directe ou indirecte à la mesure du phénomène de résonance, elle regroupe : un large aimant intense, des bobines de correction du champ magnétique principal, des bobines de gradient, des

bobines de radiofréquence, ainsi que la table où se déroule d'examen. La deuxième catégorie quant à elle, porte sur les équipements chargés de manière directe ou indirecte de réaliser le contrôle ainsi que le traitement des données. Elle comporte : l'électronique nécessaire à l'émission et à la réception des ondes de radiofréquence, des amplificateurs pour les bobines de gradient, ainsi qu'un ordinateur qui est chargé du contrôle (l'intégralité des composants du système) et du traitement du signal collecté. Dans ce qui suit, les composants les plus importants seront discutés.



Fig 2.7 Dispositif d'acquisition IRM (<http://www.mnc.umd.edu/facilities/mri>).

### 3.3.1. L'aimant

L'aimant a pour fonction de produire le champ magnétique statique et constant  $B_0$  qui va définir la direction de l'espace sur laquelle vont s'aligner les spins. La spécificité d'un aimant se définit par rapport à deux paramètres : sa puissance (mesurée en *gauss* ou bien en *tesla*) ainsi que l'homogénéité du champ qu'il produit (mesurée en partie par million). Les aimants utilisés pour l'exploration du corps humain ont généralement une puissance comprise entre 100 à 40000 *gauss*. On distingue trois types d'aimants : résistifs, permanents, et supraconducteurs. Les aimants résistifs génèrent leur champ magnétique à partir du courant qui circule dans les conducteurs. Ces conducteurs (qui sont d'une nature généralement métallique) se caractérisent par une faible résistance et une grande consommation d'énergie (qui peut provoquer une importante élévation du niveau thermique). Cet état de fait limite la puissance du champ que peut produire cette catégorie d'aimant. Pour les aimants supraconducteurs, la génération du champ magnétique se fait de la même manière que pour les aimants résistifs, mais la différence



réside dans la capacité des aimants supraconducteurs à produire un champ magnétique d'une puissance grandement supérieure notamment grâce aux alliages métalliques avec lesquels ils sont fabriqués, ces derniers étant en plus refroidis par l'hélium liquide. Pour les aimants permanents, le champ magnétique généré (souvent moins puissant que celui produit par les aimants supraconducteurs) est lié à la nature ferromagnétique des matériaux utilisés. Dans tous les cas, le champ magnétique peut affecter et être affecté par la nature de la matière qu'il rencontre. Ainsi, en présence d'un champ magnétique, tout dispositif électronique (stimulateurs cardiaques, moniteurs informatiques, ...etc.) peut être sujet à un dysfonctionnement. De la même manière, la présence d'objets métalliques de taille importante provoquera une inhomogénéité du champ. Toutes ces observations impliquent de confiner le champ magnétique dans un espace bien déterminé et d'éviter de l'exposer à des matières métalliques lors du déroulement de l'examen.

### **3.3.2. Les bobines de correction de champ (bobines de shim)**

En pratique, il est impossible de construire un aimant capable de produire un champ magnétique parfaitement homogène. Pour cette raison, les bobines de shim sont utilisées afin de corriger les éventuelles imperfections du champ. Ces bobines se placent au sein de l'aimant principal et produisent des champs magnétiques constants de faible intensité (produits à partir du courant électrique) qui viennent s'ajouter (réguler) au champ magnétique principal. Généralement, on retrouve plusieurs types de bobines disposées de manière complexe au niveau de l'aimant.

### **3.3.3. Les sous-systèmes de gradients**

De la même manière que les bobines de shim, les sous-systèmes de gradients (ou bobines de gradients) se placent au sein de l'aimant principal et produisent des champs magnétiques de faible intensité grâce au courant électrique. La différence réside dans le fait que les champs produits à ce niveau varient linéairement dans l'espace suivant une direction donnée (elles décrivent donc un gradient). Ces bobines se chargent de la localisation spatiale du signal et se composent donc de trois parties gérant chacune un des trois axes  $X$ ,  $Y$  et  $Z$ . Elles sont responsables du bruit caractéristique de l'IRM (qui a pour origine l'interaction de leurs champs avec le champ principal) qu'entend le patient pendant le déroulement de l'examen. La puissance nécessaire à la génération des gradients est produite par des amplificateurs spécifiques qui sont directement sous le contrôle du système informatique. Pour l'imagerie rapide par exemple, cette puissance est très importante.

### 3.3.4. Les sous-systèmes de radiofréquence

Une fois que la puissance d'oscillation est produite, elle passe par un synthétiseur de fréquence où elle est amplifiée et envoyée à une bobine de radiofréquence. Cette bobine va se charger d'émettre l'onde d'excitation en utilisant un courant électrique oscillant. Quant à la réception du signal, elle peut se faire via la bobine qui a émis le signal ou bien via une autre bobine dédiée spécialement à la réception. On distingue deux types de bobines de radiofréquence : les bobines cylindriques (antennes de corps entier) et les anneaux plats (antennes de surface). La première catégorie est utilisée pour l'étude d'une région anatomique entière (en l'englobant), alors que la deuxième catégorie est plus orientée vers l'étude de surface (de manière superficielle). La taille de l'antenne est d'une importance capitale puisque plus elle est petite, plus la résolution est élevée, et plus la taille de la région qu'on peut explorer est réduite. Le signal reçu par l'antenne est échantillonné et converti en un format numérique, puis il est transféré au système informatique pour y être traité.

### 3.3.5. Les sous-systèmes d'ordinateur

De l'émission du signal radiofréquence jusqu'à la reconstruction complète de l'image, en passant par la mesure de la résonance magnétique, les sous-systèmes d'ordinateur contrôlent l'intégralité des opérations effectuées par les différents composants cités précédemment. Le contrôle peut être centralisé ou bien réparti sur plusieurs composants ; la reconstruction de l'image peut, par exemple, être effectuée par une unité de calcul dédiée.

## 3.4. Les artéfacts

Comme tout dispositif d'acquisition, l'IRM peut être sujette à de nombreux types d'artéfacts. Ces derniers ont pour effet d'introduire des perturbations sur le signal désiré et conduisent à des erreurs au cours de l'encodage de l'image. S'il est généralement difficile de corriger complètement ces artéfacts en post-traitement, il convient tout de même de connaître leurs origines afin de les éviter si c'est possible (afin de prévenir les erreurs d'interprétation).

### 3.4.1. Le bruit

Pour toute acquisition d'un signal, le bruit est toujours présent avec plus ou moins d'intensité (celui-ci est généralement très visible au niveau du fond). Au niveau de l'IRM, la manifestation du bruit peut avoir deux origines : le dispositif lui-même, ou encore le sujet étudié. Signal et bruit sont liés dans une mesure appelée rapport signal sur bruit (en anglais *Signal to Noise Ratio* (SNR)) qui sert à mesurer la qualité de l'image produite (il mesure en fait l'amplitude du signal par rapport à la variation du bruit). Plus ce rapport est élevé, meilleure est



la qualité de l'image, et inversement. Le SNR peut être amélioré de diverses manières. Tout d'abord au niveau matériel : utilisation d'un champ magnétique plus puissant et plus homogène, déploiement de plusieurs antennes, multiplication des mesures, etc. Mais l'amélioration peut aussi se faire après l'acquisition de l'image à travers l'utilisation de filtres de débruitage (médian, moyen, gaussien,...etc.). Aussi importante que soit l'amélioration du SNR, il subsistera toujours du bruit sur les images.

### **3.4.2. Le volume partiel**

Quand un voxel renferme une surface située sur une frontière entre plusieurs tissus, l'intensité qui en résulte est un mélange (contribution) des intensités de tous les tissus présents au sein de ce voxel. Ce phénomène a pour origine la discrétisation de l'espace étudié, mais on peut aussi l'expliquer par le support spatial du filtre de convolution utilisé.

Au niveau du cerveau, l'effet du volume partiel peut être observé à l'interface entre les différents tissus (matière blanche, matière grise, liquide céphalo-rachidien,...etc.) avec une plus grande ampleur entre la matière grise et le liquide céphalo-rachidien notamment au niveau des sillons corticaux. Il peut aussi se manifester lorsque de minuscules structures plus petites que la résolution de l'image sont présentes.

### **3.4.3. Les inhomogénéités d'intensité**

Les inhomogénéités d'intensité correspondent aux variations d'intensité qui peuvent être observées au sein d'un seul et même tissu. Leur apparition s'explique principalement par les imperfections de l'imageur et les imperfections liées aux propriétés biologiques des tissus.

#### **3.4.3.1. Les imperfections de l'imageur**

Ces imperfections ont deux origines. La première est liée à l'hétérogénéité des champs magnétiques utilisés (impossibilité de produire des champs totalement uniformes). La seconde, quant à elle, concerne la qualité de l'antenne de réception. Cette dernière a une sensibilité qui peut grandement varier dans l'espace, conduisant ainsi à de lents décalages de fréquence au sein du volume étudié. Dans l'image finale, ce phénomène appelé champ de biais se traduit par de lentes variations spatiales de l'intensité.

#### **3.4.3.2. Les imperfections liées aux propriétés biologiques des tissus**

Ces imperfections s'expliquent premièrement par la composition histologique des tissus cérébraux (cette dernière diffère d'une région à l'autre). Par exemple le putamen et le cortex sont tous deux composés de matière grise, mais une légère différence d'intensité peut être

observée entre ces deux régions sur l'image. Ce constat peut être expliqué par l'analyse histologique. En effet, cette analyse montre que le putamen est traversé par un grand nombre de faisceaux de fibres myélinisées, ce qui n'est pas le cas du cortex.

La deuxième cause majeure de ce genre d'imperfection porte sur l'artéfact de susceptibilité magnétique. En effet, l'application du champ statique  $B_0$  a pour effet de doter chaque tissu (du milieu étudié) d'une susceptibilité magnétique qui consiste en une aimantation interne qui lui est propre. À la frontière entre deux tissus, cette susceptibilité induit une distorsion du champ magnétique principale  $B_0$ , ce qui se traduit par un décalage ainsi qu'un déphasage de fréquence. Cet artéfact s'observe d'une manière encore plus claire en présence d'éléments métalliques ou ferromagnétiques.

#### **3.4.4. L'artéfact de déplacement chimique**

La nature du milieu chimique auquel appartiennent les protons provoque une légère modification du champ magnétique principal  $B_0$  auquel ils sont soumis. Par exemple, les protons de l'eau n'ont pas la même fréquence de résonance que ceux des graisses, ce qui a pour effet de produire un décalage sur la direction de codage de la fréquence. Cet artéfact peu présent en imagerie cérébrale se manifeste principalement aux frontières entre tissus aqueux et adipeux.

#### **3.4.5. L'artéfact de repliement**

Quand le champ de vue de l'image est plus petit que la région excitée par l'impulsion de radiofréquence, les structures qui sont en dehors de l'image se replient et se superposent sur cette dernière. Afin de diminuer l'effet de cet artéfact, plusieurs stratégies sont envisageables ; utiliser un filtre de fréquence, choisir la direction du codage de phase suivant le plus petit axe de la région concernée, utiliser une antenne de surface (l'importance de l'artéfact de repliement est proportionnelle à la distance par rapport au sujet étudié).

#### **3.4.6. L'artéfact de mouvement**

Pendant l'acquisition, tout mouvement du patient qu'il soit périodique (battements cardiaques, flux, mouvements respiratoires, etc.), ou aléatoire (mouvements oculaires, déglutition, etc.) provoque l'apparition d'images fantômes dans la direction du codage de phase ainsi qu'un léger flou dans la direction du mouvement. Cet artéfact représente un réel problème pour l'interprétation des images, puisque la dégradation qu'il entraîne peut être perçue comme une anomalie cérébrale. Afin de limiter la présence de cet artéfact, plusieurs solutions peuvent être employées : la compensation de flux, la synchronisation respiratoire, ou encore la synchronisation cardiaque.

### 3.4.7. L'artéfact de troncature

La transformée de Fourier inverse introduit inévitablement du bruit sur le signal de départ. Au niveau de l'image, ce bruit se traduit par l'apparition de bandes d'hypo et d'hypersignal.

### 3.4.8. L'artéfact lié à un défaut de linéarité des gradients

Généralement, il est impossible d'avoir des gradients de champs parfaitement linéaires dans l'espace, ce qui a pour effet d'introduire des distorsions géométrique sur l'image finale.

## 4. Les Pathologies Cérébrales

Dans le cadre de cette thèse, les pathologies cérébrales sont divisées en six catégories :

### 4.1. Traumatismes crâniens

Le traumatisme crânien représente de loin l'affection la plus fréquente du système nerveux central tel que sur 100000 hospitalisations, 200 à 300 cas correspondent à un traumatisme cranio-encéphalique, il constitue aussi la première cause de mortalité chez les sujets âgés de 15 à 24 ans. Dans la majorité des cas, un traumatisme crânien est la conséquence d'une chute ou bien d'un accident de la route. Il peut engendrer 3 types de lésions : les hématomes intracrâniens, les contusions cérébrales, ou encore les fractures du crâne. Les répercussions immédiates d'un traumatisme crânien peuvent être : hémorragie (au niveau de la contusion, du système ventriculaire, ou encore des espaces sous-arachnoïdiens), œdèmes, hématomes (sous-duraux, intracérébraux, et extraduraux), hypertension intracrânienne. Quant aux complications à long terme, elles portent principalement sur : les hydrocéphalies, les infections en tous genres, ou encore les hématomes sous-duraux. En période aiguë, le scanner s'avère plus puissant que l'IRM pour traquer les lésions traumatiques et ceci est principalement dû à sa rapidité. Par contre, en période subaiguë et tardive, l'IRM se révèle être le meilleur choix du fait de sa capacité à rendre compte d'une meilleure corrélation entre l'état neurologique du sujet et la nature des lésions.

#### 4.1.1. Les hématomes intracrâniens

L'hématome intracrânien est une collection de sang qui trouve son origine dans la rupture d'un vaisseau sanguin. La différence avec une hémorragie cérébrale est déterminée par le diamètre de la lésion ; en dessous de 3 cm on parle d'hémorragie, au-delà, on a affaire à un hématome. Cette catégorie de traumatismes crâniens se divise en 3 classes : l'hématome extradural, l'hématome sous-dural (aigu et chronique), et l'hématome intracérébral.

#### 4.1.1.1. L'hématome extradural

L'hématome extradural est un hématome intracrânien dont le siège est situé entre la boîte crânienne et la dure-mère. Il survient surtout chez les sujets jeunes (enfants) après une fracture de la voûte qui entraîne une lésion artérielle. Il se forme en quelques heures entraînant une compression hémisphérique, un déplacement de la ligne médiane, une hypertension artérielle, ainsi qu'un engagement. En IRM, l'aspect de la lésion diffère suivant la période :

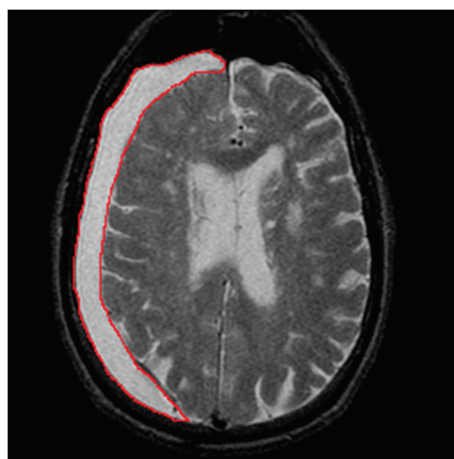
- Période subaiguë : signal isointense (similaire au signal d'une structure référence ; généralement la matière blanche).
- Période subaiguë à chronique : signal hyperintense en T1 + dure-mère décollée (hyposignal en T1 et T2).

#### 4.1.1.2. L'hématome sous-dural aigu

L'hématome sous-dural aigu est un hématome intracrânien qui prend place sous la dure-mère. Il survient principalement chez les sujets âgés et prend généralement 2 à 3 jours pour se former. Il implique les mêmes conséquences que l'hématome extradural à part le fait qu'il n'entraîne pas de déplacement de la ligne médiane. En IRM, l'hématome sous-dural apparaît en hypo ou en isosignal en T1 et en hyposignal en T2.

#### 4.1.1.3. L'hématome sous-dural chronique

L'hématome sous-dural chronique (**Fig 2.8**) est un hématome intracrânien qui apparaît sous la dure-mère tout comme l'hématome sous-dural aigu, mais la différence avec ce dernier réside dans la période de développement qui peut durer plusieurs semaines et même plusieurs mois.



**Fig 2.8** Hématome sous-dural chronique ; partie délimitée en rouge (modifiée à partir de

<http://www.med.harvard.edu/aanlib/home.html>).

Ce type d'hématome est généralement provoqué par un choc du crâne avec une surface dure, il ne touche donc pas une catégorie d'âge spécifique. Suivant ces différentes phases d'évolution, l'hématome sous-dural chronique apparaît différemment en IRM ; pendant la quasi-totalité du premier mois, la lésion est en hypersignal que ce soit en T1 ou en T2. Puis, elle apparaît en isosignal (pour les deux modalités). Au cours de la dernière phase, la lésion devient hypointense en T1 et hyperintense en T2.

#### **4.1.1.4. L'hématome intracérébral**

L'hématome intracérébral est un hématome intracrânien qui peut se produire n'importe où au niveau de parenchyme cérébral avec les mêmes conséquences que les hématomes décrits précédemment. En IRM, la lésion correspondant à l'hématome intracérébral apparaît arrondie au niveau de la zone corticale et sous-corticale avec une hypointensité en T1 et une hyperintensité en T2.

#### **4.1.2. Les engagements cérébraux**

L'engagement cérébral est la conséquence directe de l'effet de masse induit par les lésions hémorragiques et œdémateuses. L'encéphale (sous l'effet de masse) peut en effet s'engager dans un orifice limité par une membrane. On peut citer par exemple l'engagement vers la faux du cerveau, l'engagement vers la tente du cervelet, ou encore l'engagement vers un orifice osseux du crâne.

#### **4.1.3. Les contusions cérébrales**

Une contusion cérébrale consiste en une nécrose hémorragique accompagnée d'un œdème. Elle est directement provoquée par un traumatisme, mais sa localisation peut différer de celle de l'impact initial. Des déficits neurologiques d'ordres divers peuvent se produire en fonction de la localisation de l'œdème. En fonction de sa nature, une contusion cérébrale apparaît différemment en IRM :

- Contusion œdémateuse : lésion hypointense en T1 et hyperintense en T2 avec effet de masse.
- Contusion hémorragique : lésion hypo à isointense.

##### **4.1.3.1. L'hémorragie sous-arachnoïdienne**

La complication d'une contusion cérébrale hémorragique située au niveau de la région corticale peut aboutir à une hémorragie sous-arachnoïdienne. Cette dernière peut aussi entraîner le développement d'une hydrocéphalie secondaire. Au stade aigu, l'IRM ne montre aucune

lésion (isosignal). Par contre au stade subaigu, il y a apparition d'un liseré hyperintense en T1 dans les espaces sous-arachnoïdiens et les citernes.

#### **4.1.3.2. L'hémorragie intraventriculaire**

Il s'agit d'une complication (probable) profonde de contusions cérébrales, de foyers hémorragiques para-ventriculaires, de ruptures intraventriculaires d'un hématome intracérébral, de torsion des parois ventriculaires accompagnée de rupture des vaisseaux épendymaires. En IRM écho de gradient (angle de basculement inférieur à 90° et absence d'impulsion radiofréquence à 180°), la lésion apparaît en hyposignal après quelques jours.

#### **4.1.4. Les fractures du crâne**

Les fractures du crâne sont relativement fréquentes et arrivent le plus souvent à la suite d'accidents de la circulation ou dans l'exercice des métiers à risque (couvreur, maçon,...etc.). Leur gravité tient au fait qu'elles provoquent généralement une atteinte des cavités naturelles (sinus, oreille, fosses nasales). Les fractures du crâne sont considérées comme une urgence chirurgicale par rapport notamment au fort risque d'infection qu'elles impliquent. Parmi cette catégorie de traumatismes crâniens on peut citer : les plaies par balle. En fonction de sa proximité et de son orientation, une balle d'arme à feu peut causer différents types de dégâts sur le crâne ou sur le cerveau, mais pas seulement ; lésions osseuses, lésions sous-cutanées, embarrures (orifice d'entrée et orifice de sortie), épanchement sous-dural, hémorragie méningée. L'IRM est dans ce cas moins performante que le scanner X pour l'appréciation des dégâts d'autant plus que la présence de débris ferromagnétiques altère le rendu de l'image produite.

#### **4.1.5. Les lésions anoxiques ischémiques (infarctus cérébral)**

Une fracture du crâne peut aboutir à ce qu'une partie du cerveau ne puisse plus recevoir l'apport sanguin et de ce fait l'apport d'oxygène nécessaire à son bon fonctionnement. Ceci se traduit par l'apparition de lésions anoxiques ischémiques dans les régions concernées. En IRM, ces lésions apparaissent en iso puis en hyposignal en T1, et en hypersignal en T2.

#### **4.1.6. Les lésions artérielles traumatiques**

Parmi les lésions artérielles traumatiques les plus répondues, on retrouve la dissection carotidienne. Celle-ci arrive généralement à la suite d'un traumatisme cervical ou crânien mineur et entraîne un déficit neurologique focalisé. À ce niveau, l'IRM est plus puissante que le scanner X, puisqu'elle permet de mettre en évidence, en quelques heures, la présence d'une

dissection carotidienne (hypersignal en T2), alors que 11 à 24h sont nécessaires pour le scanner X.

## 4.2. Pathologies tumorales encéphaliques

Les tumeurs cérébrales sont formées de cellules dites « anormales » qui apparaissent à un endroit précis à l'intérieur de la boîte crânienne et qui se mettent à proliférer de manière anarchique et incontrôlée provoquant souvent un effet de compression sur les tissus avoisinants. L'origine de cette prolifération est imputée à un dérèglement au niveau de la croissance cellulaire (celui-ci entraîne une division cellulaire incontrôlée). On distingue deux types de tumeurs cérébrales : les tumeurs bénignes qui sont caractérisées par une croissance lente, une prolifération bien localisée, et un accès chirurgical relativement facile. À l'inverse, les tumeurs malignes se forment très rapidement, elles possèdent des contours mal délimités et leur traitement par la chirurgie reste extrêmement complexe. Les symptômes liés à l'apparition d'une tumeur peuvent être divers : une céphalée liée à l'augmentation de la pression, une crise d'épilepsie qui résulte d'une irritation de la surface du cerveau par la tumeur, ou encore des troubles neurologiques liés à la localisation de la tumeur (il peut s'agir par exemple de paralysie, de troubles visuels,...etc.). L'utilisation des techniques d'imagerie pour l'exploration des tumeurs cérébrales a révolutionné l'approche du diagnostic radiologique de ce type de pathologie. Mais à ce niveau, l'IRM reste plus précise et plus spécifique que le scanner X. Elle apporte notamment des informations supplémentaires sur la tumeur : retentissement métabolique, densité des cellules, ou encore l'importance des vaisseaux. Les tumeurs cérébrales peuvent être classées en plusieurs catégories : les tumeurs neuroépithéliales, les tumeurs de la gaine des nerfs, les tumeurs des méninges, les lymphomes cérébraux primitifs, les tumeurs à cellules germinales, les tumeurs de la glande pinéale, les tumeurs malformatives, et enfin les tumeurs cérébrales métastatiques.

### 4.2.1. Les tumeurs neuroépithéliales

Les tumeurs neuroépithéliales sont des tumeurs bénignes rares touchant le plus souvent les enfants épileptiques. Elles sont issues des cellules gliales d'où leur classification comme des tumeurs gliales (en contraste avec les tumeurs issues des neurones ou toute autre cellule cérébrale). Cette catégorie de tumeur revêt plusieurs formes : les astrocytomes, les tumeurs oligodendrogiales, les épendymomes, ou encore les tumeurs pinéales.

#### 4.2.1.1. Les astrocytomes

Les astrocytomes sont des tumeurs infiltrantes d'évolution lente ayant pour origine les cellules astrocytaires. Ces dernières entrent dans la composition du tissu qui soutient les neurones (elles font partie des cellules gliales). Les astrocytomes se divisent en quatre grades suivant leur degré de malignité.

- **Grade 1**

À ce niveau, on retrouve l'astrocytome pilocytique et l'astrocytome du cervelet.

- ✓ **L'astrocytome pilocytique**

L'astrocytome pilocytique est une tumeur bénigne de croissance très lente qui est le plus souvent observée chez les enfants et les adolescents. Elle se transforme très rarement en une tumeur maligne. En IRM, les éléments kystiques apparaissent en hyposignal homogène en T1 et en hypersignal en T2 alors que les calcifications ne sont que peu ou pas du tout visibles.

- ✓ **L'astrocytome du cervelet**

L'astrocytome du cervelet est une tumeur le plus souvent kystique pouvant apparaître dans n'importe quelle région du cervelet. Il représente 12% des tumeurs cérébrales apparaissant avant l'âge de 15 ans. L'IRM permet de bien identifier les constituants internes de la tumeur et surtout les composants kystiques (qui apparaissent en hyposignal en T1 et en hypersignal régulier en T2).

- **Grade 2**

Cette catégorie d'astrocytomes peut arborer différentes formes histologiques : gémistocytaire, protoplasmique, ou encore fibrillaire. Elle survient de manière plus fréquente chez l'adulte d'âge moyen et cible un hémisphère en particulier. Elle se caractérise par une croissance lente et une forme diffuse. L'aspect de ces tumeurs en IRM dépend grandement de leur partie kystique (hyposignal en T1 et hypersignal en T2) ce qui donne un signal peu discriminatif. Il faut aussi noter que l'œdème et l'effet de masse associés ne sont que très peu visibles.

- **Grade 3**

Cette catégorie compte exclusivement les astrocytomes anaplasiques. Ce sont des tumeurs malignes survenant avec une plus grande fréquence chez l'adulte (âge moyen : 46 ans et durée de vie moyenne après l'intervention : 16 mois). En IRM T2, l'astrocytome anaplasique présente un signal hétérogène et des contours diffus (à cause de l'infiltration) moins bien délimités par rapport à ceux des astrocytomes de grades inférieurs.



- **Grade 4**

Cette catégorie compte exclusivement le glioblastome. C'est une tumeur maligne, infiltrante, et mal délimitée qui survient avec une plus grande proportion chez l'adulte (âge moyen 56 ans, et durée de vie moyenne après l'intervention : 6 mois). Il se caractérise par un aspect très polymorphe et un effet de masse important. En IRM T2, le tissu tumoral apparaît en hypersignal tout comme les composants kystiques qui sont encore plus intenses. L'œdème apparaît sous forme de plages modérées d'hypersignal.

#### 4.2.1.2. Les tumeurs oligodendrogiales

Les tumeurs oligodendrogiales représentent 5% des gliomes et ont pour origine les cellules oligodendrogiales. Elles peuvent survenir à n'importe quel âge, mais les sujets de moins de quarante ans ont une espérance de vie plus longue. Elles ont une localisation hémisphérique avec une prévalence frontale, fronto-pariétale, et fronto-temporale telle que quatre grades de malignité peuvent survenir. L'aspect de la tumeur en IRM diffère en fonction de son grade. On distingue ainsi :

- Grades 1 et 2 : forme solide et homogène qui se traduit par un hyposignal en T1 et un hypersignal en T2 accompagné par un léger effet de masse et un œdème modéré.
- Grades 3 et 4 : présence d'une composante kystique ou nécrotique avec un œdème hyperintense plus important que celui des grades 1 et 2.

#### 4.2.1.3. Les épendymomes

Les tumeurs épendymomes dérivent des cellules épendymaires. Elles représentent moins de 5% des tumeurs cérébrales et prédominent légèrement chez le sexe masculin. Elles apparaissent avec une plus grande prévalence au niveau du quatrième ventricule, mais elles peuvent aussi siéger au niveau de la région lombo-sacrée, du troisième ventricule, ou encore de la paroi des ventricules latéraux. La plupart des épendymomes se caractérisent par des calcifications plus ou moins importantes suivant la région. En IRM T1, les épendymomes apparaissent généralement en isosignal ou hyposignal homogène (dans le cas où la présence de calcifications est limitée). En T2, ils apparaissent en hypersignal difficile à distinguer au sein de la cavité intraventriculaire.

#### 4.2.1.4. Les tumeurs pinéales

Appelées aussi pinéocytomes, ces tumeurs ne représentent que 1% des tumeurs cérébrales. Elles se développent à partir des cellules de la glande pinéale et leur malignité peut aller du premier au troisième grade. En IRM, la tumeur pinéale apparaît en isosignal en T1 et en

hypersignal en T2. L'utilisation en plus d'un produit de contraste permet de faire ressortir une région (correspondant à la tumeur) plus ou moins homogène.

#### 4.2.1.5. Le médulloblastome

Le médulloblastome est une tumeur de grade 4 à cellules indifférenciées d'origine inconnue. Non traitée, elle exhibe un comportement très malin à travers une prolifération extrêmement rapide. Cependant, ce comportement la rend très sensible aussi bien à la radiothérapie qu'à la chimiothérapie. Son terrain de prédilection porte sur la région au-dessus et en arrière du quatrième ventricule. En IRM T1, cette tumeur apparaît en hypo ou en isosignal avec des limites mal définies. En T2, elle apparaît en hypersignal plus ou moins homogène avec des contours irréguliers mais nets.

#### 4.2.2. Tumeurs de la gaine des nerfs

Parmi cette catégorie de tumeurs, on retrouve les neurinomes.

- **Les neurinomes**

Ces tumeurs appelées aussi schwannomes ont pour origine les cellules de Schwann des gaines nerveuses. Elles apparaissent le plus souvent chez l'adulte d'âge moyen et constituent à peu près 7% des tumeurs intracrâniennes. Leur région de prédilection concerne les nerfs sensitifs et plus précisément la huitième paire des nerfs crâniens dans l'angle ponto-cérébelleux. En IRM T1, le neurinome présente une forme arrondie hypointense. La modalité T2 est moins utilisée pour l'exploration de cette tumeur du fait du temps qu'elle nécessite, mais dans ce cas, le neurinome apparaît en hypersignal et ses composants kystiques en hypersignal franc.

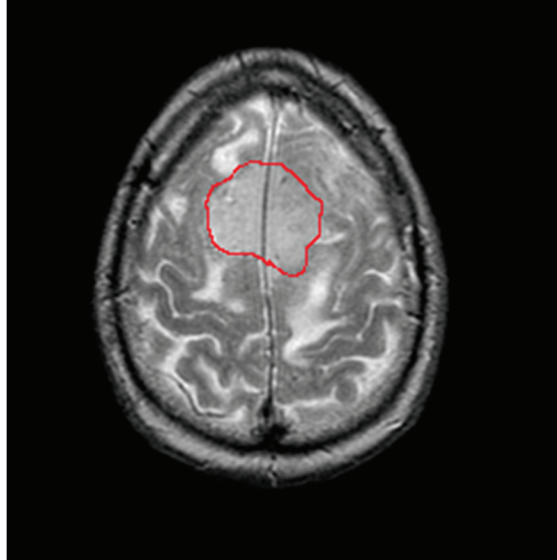
#### 4.2.3. Tumeurs des méninges

Ces tumeurs apparaissent au niveau du tissu méningé protégeant le cerveau. On retrouve au sein de cette catégorie : les méningiomes.

- **Les méningiomes**

Les méningiomes (**Fig 2.9**) ont pour origine les cellules méningées, surtout celles situées au niveau des villosités arachnoïdiennes. Elles apparaissent le plus souvent chez l'adulte d'âge moyen avec une plus grande prévalence pour le sexe féminin. Elles représentent environ 20% des tumeurs intracrâniennes et se caractérisent par une croissance lente pendant laquelle il n'y a quasiment aucun symptôme. Les altérations neurologiques provoquées par les méningiomes résultent principalement de la compression qu'elles induisent sur le tissu cérébral avoisinant. En IRM T1, la tumeur apparaît en isosignal qui peut facilement passer inaperçu surtout si la

lésion et l'œdème associé sont de petite taille. En T2, la tumeur est isointense en cas d'absence de calcifications et hypointense dans le cas contraire.



**Fig 2.9** Méningiome ; partie délimitée par un trait rouge (modifiée à partir de <http://www.med.harvard.edu/aanlib/home.html>).

#### 4.2.4. Les lymphomes cérébraux primitifs (LCP) (Sarcomes)

D'un point de vue histologique, les LCP sont semblables aux lymphomes extra-neuraux mais contrairement à ces derniers, ils ne sont pas traitables par l'irradiation. Ils apparaissent de manière plus importante chez les sujets immunodéprimés et représentent 2% des tumeurs cérébrales survenant au sein de cette population. Ils ont une localisation hémisphérique avec une préférence pour la région péri-ventriculaire.

En IRM T1, les LCP apparaissent en hyposignal alors qu'en T2 ils apparaissent en hypersignal. Il faut noter que l'utilisation d'un produit de contraste (gadolinium) permet de rehausser de manière conséquente les régions qui correspondent à ce type de tumeurs.

#### **4.2.5. Les tumeurs malformatives**

Cette catégorie regroupe plusieurs types de tumeurs : les craniopharyngiomes, les kystes épidermoïdes, les tératomes, les kystes colloïdes du troisième ventricule ou encore les lipomes intracérébraux.

##### **4.2.5.1. Les craniopharyngiomes**

Ces tumeurs représentent presque 4% des tumeurs cérébrales en termes de fréquence d'apparition. Elles sont constituées d'une partie kystique à laquelle vient s'ajouter une partie charnue. Les deux tranches d'âge les plus touchées sont celle avant 15 ans et celle après 60 ans. Elles se localisent principalement dans la région sellaire et supra-sellaire. En IRM T1, ces tumeurs peuvent être en iso, hypo, ou hypersignal en fonction de leur composition kystique. En T2, à part leurs calcifications, elles apparaissent en hypersignal.

##### **4.2.5.2. Les kystes épidermoïdes**

Les kystes épidermoïdes sont des tumeurs de l'adulte qui apparaissent de manière préférentielle au niveau de l'angle ponto-cérébelleux. Ils se caractérisent par un signal proche de celui du liquide céphalo-rachidien ce qui les rend extrêmement difficiles à diagnostiquer aussi bien en IRM T1 qu'en IRM T2.

##### **4.2.5.3. Les tératomes**

Les tératomes sont le plus souvent des tumeurs bénignes qui ont pour origine les trois feuilletts embryonnaires. Elles sont principalement localisées au niveau de la région pinéale, du troisième ventricule, ou encore de la région sellaire et supra-sellaire. Leur signal en IRM dépend de leur composition (calcifications, kystes, graisses), ils peuvent donc être en hypo, iso, ou hypersignal.

##### **4.2.5.4. Les kystes colloïdes du troisième ventricule**

Les kystes colloïdes du troisième ventricule sont des tumeurs intracrâniennes qui représentent moins de 0.5% des tumeurs cérébrales et comme leur nom l'indique, elles occupent principalement la partie antéro-supérieure du troisième ventricule. En IRM, leur apparence dépend de leur composition kystique, mais en général, elles se manifestent par un aspect hyperintense en T1 et un aspect hyper ou hypointense en T2.

#### 4.2.5.5. Les lipomes intracérébraux

Les lipomes intracérébraux sont des tumeurs le plus souvent liées à des anomalies du développement. Elles siègent principalement au niveau du corps calleux et apparaissent en hypersignal en T1 et en isosignal en T2.

#### 4.2.6. Les tumeurs cérébrales métastatiques

Les métastases sont des tumeurs qui apparaissent dans une région donnée du corps et qui se mettent à se propager à d'autres régions via le système sanguin, le système lymphatique ou alors par un micro-organisme (bactérie, virus,...etc.). Parmi les tumeurs qui se propagent le plus fréquemment au parenchyme cérébral on retrouve : les cancers pulmonaires, mammaires, ou encore les mélanomes. Les études statistiques montrent que les tumeurs métastatiques sont probablement aussi fréquentes que les tumeurs primitives. En comparaison avec les tumeurs primitives, les métastases se caractérisent par l'absence de composantes lipidiques et la présence exceptionnelle de calcifications. En IRM, une métastase se présente souvent comme une lésion de petite taille entourée par un œdème de taille conséquente ; hyposignal en T2 et hypersignal en T1. L'utilisation de L'IRM plus un produit de contraste est actuellement la technique la plus performante pour traquer les métastases cérébrales.

### 4.3. Pathologies neurodégénératives

Les pathologies neurodégénératives forment une classe d'affections progressives affectant le fonctionnement du cerveau et plus largement le système nerveux. Leur origine est liée à un dysfonctionnement métabolique au niveau des cellules nerveuses. Elles sont dites progressives du fait de leur évolution qui peut se dérouler sur des périodes extrêmement longues ; plusieurs jours, plusieurs mois, et même plusieurs années dans certains cas. Cette évolution entraîne une détérioration du fonctionnement des cellules et peut même conduire à leur mort, ce qui se traduit pour le sujet (qui en est atteint) par une perte graduelle (souvent irréversible) de ses facultés cognitives ou motrices en fonction bien sûr de la localisation de la dégénérescence. Il est à noter que dans la plupart des cas, l'évolution de ce type de pathologies aboutit inévitablement vers la mort. La tranche d'âge la plus majoritairement touchée est celle après 65 ans (<http://www.futura-sciences.com/magazines/sante/infos/dico/d/medecine-maladie-neurodegenerative-12214/>). L'IRM constitue une technique de choix pour traquer les pathologies neurodégénératives ; plus sensible et plus spécifique que le scanner X, elle permet une meilleure appréciation aussi bien des lésions que de l'atrophie cérébrale provoquées par ce type de

pathologies. Comme exemples de maladies neurodégénératives, on peut citer : la maladie d'Alzheimer, la maladie de Pick, la maladie de Parkinson, ou encore la chorée de Huntington.

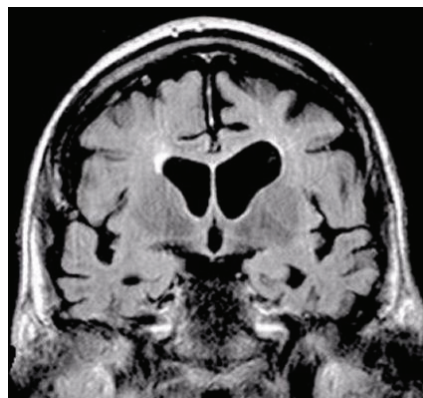
#### 4.3.1. Démence Sénile Type Alzheimer (DSTA)

La DSTA représente la première cause d'atrophie cérébrale et de démence sénile avec une prévalence de 1% de 65 ans à 75 ans et de 10% après 85 ans. Elle se traduit par une accentuation du processus de vieillissement cérébral entraînant une importante perte neuronale au niveau des lobes frontaux, de l'hippocampe, et des régions moyennes, supérieures, et internes des lobes temporaux. Grâce à son caractère tridimensionnel et à sa puissante résolution spatiale, l'IRM permet une excellente appréciation de l'atrophie cérébrale provoquée par la DSTA. Il faut aussi noter que des glioses dégénératives apparaissent parfois en hypersignal en T2.

#### 4.3.2. Maladie d'Alzheimer

La maladie d'Alzheimer (**Fig 2.10**) est une maladie neuro-dégénérative présénile qui conduit à un déclin progressif des facultés cognitives et surtout de la mémoire puisqu'elle entraîne une destruction cellulaire au niveau des régions du cerveau liées à ces deux facultés (elle représente 65% des cas de démence).

Sur un plan histologique, les lésions provoquées par cette pathologie sont similaires à ceux de la DSTA (dont les sujets affectés sont plus âgés) mais sont un peu plus importantes. L'atrophie cérébrale y est aussi nettement plus accentuée. Au niveau de l'IRM, la description de la maladie d'Alzheimer est la même que celle de la DSTA avec un caractère plus exagéré.



**Fig 2.10** Maladie d'Alzheimer ; cerveau atrophié

(<http://www.neuroradiologycases.com/2012/02/alzheimers-disease-mri.html>).

### 4.3.3. Maladie de Pick

La maladie de Pick est une pathologie présénile le plus souvent héréditaire et beaucoup moins fréquente que la maladie de Parkinson. Présentant un pic de fréquence entre 40 ans et 60 ans, elle provoque une atrophie hémisphérique cérébrale consécutive au niveau des lobes temporaux et frontaux antérieurs tout en épargnant le cortex occipital et une partie du gyrus temporal supérieur. Pour cette pathologie, l'IRM se révèle être plus performante que le scanner X, puisqu'elle permet de bien mettre en évidence l'altération temporale. Elle fait aussi parfois apparaître des hypersignaux au niveau de la zone fronto-temporale.

### 4.3.4. Maladie de Parkinson

La maladie de Parkinson est une maladie dégénérative chronique du système nerveux central qui provoque des troubles moteurs d'évolution progressive. Ces troubles ont pour origine la destruction des neurones du locus niger appelé aussi substance noire (il intervient dans le contrôle des mouvements volontaires) ainsi que l'altération de faisceaux nigro-striés. En termes de fréquence, elle constitue la deuxième pathologie neuro-dégénérative derrière la maladie d'Alzheimer et débute généralement entre 45 ans et 70 ans (sa prévalence est de 150 pour 100000). En IRM, la présence de la maladie de Parkinson fait apparaître des lésions qui sont assez rares et inconstantes au niveau du locus niger. Ces lésions apparaissent en hyposignal (en T2).

### 4.3.5. Chorée de Huntington

La chorée de Huntington est une pathologie neurodégénérative, héréditaire, orpheline et d'évolution progressive. Elle entraîne une atrophie des ganglions de la base ainsi que du cortex cérébral et se manifeste cliniquement par des mouvements anormaux (involontaires, saccadés,...etc.), des troubles mentaux (dépression, anxiété,...etc.), ainsi qu'une détérioration intellectuelle. Dans ses formes les plus graves, elle peut entraîner la perte totale de l'autonomie et la mort. L'âge moyen d'apparition de cette pathologie se situe entre 30 ans et 50 ans. En IRM, la présence de la chorée de Huntington se manifeste par une atrophie sélective des noyaux caudés qui apparaissent en hyposignal en T2 (tout comme les putamens). Alors que l'atrophie cérébrale associée adopte un aspect diffus.

## 4.4. Pathologies infectieuses intracrâniennes

Les pathologies infectieuses intracrâniennes ont pour origine la pénétration de micro-organismes étrangers dans le système sanguin et leur dépôt sur les régions intracrâniennes. Ces micro-organismes peuvent être de différentes natures : bactéries, virus, ou parasites. La

présence de ces micro-organismes au sein du tissu cérébral (comme pour tout autre tissu d'ailleurs) provoque une réaction inflammatoire : une exsudation plasmatique, une prolifération d'éléments hématogènes et vasculo-conjonctifs, ainsi qu'une infiltration cellulaire et une altération parenchymateuse. Le fait de reconnaître une pathologie infectieuse cérébrale est d'une extrême importance en neuroradiologie, plus important encore que de déceler la présence de tumeurs cérébrales. Ceci tient au fait que la majorité des infections cérébrales répondent favorablement aux traitements ; plus le diagnostic est précoce et plus la guérison est rapide, plus le diagnostic est retardé et plus le sujet encourt de graves séquelles. Suivant leurs origines, les pathologies infectieuses intracrâniennes peuvent se diviser en trois catégories : les infections bactériennes, les infections virales, et les parasitoses.

#### **4.4.1. Les infections bactériennes**

Elles ont pour origine la présence de bactéries au niveau du tissu cérébral. Elles regroupent les méningites, les encéphalites, les abcès cérébraux, ainsi que la tuberculose.

##### **4.4.1.1. Les méningites**

Elles correspondent à un processus infectieux de l'arachnoïde et de la pie-mère avec une prédilection pour le liquide céphalo-rachidien et les espaces sous-arachnoïdiens. Dans 80% des cas, elles sont d'origine virale et sont bénignes. Les 20% restants sont d'origine bactérienne et nécessitent une prise en charge urgente (<http://www.allodocteurs.fr/actualite-sante-meningite-trois-deces-confirmes-a-nice-12698.asp?1=1>)

En T1, la présence de méningites se manifeste par une dilatation des espaces sous-arachnoïdiens ou des ventricules, il peut aussi y avoir un effet de masse. En T2, un hypersignal (avec une atteinte mal délimitée du parenchyme) est visible.

##### **4.4.1.2. Les encéphalites**

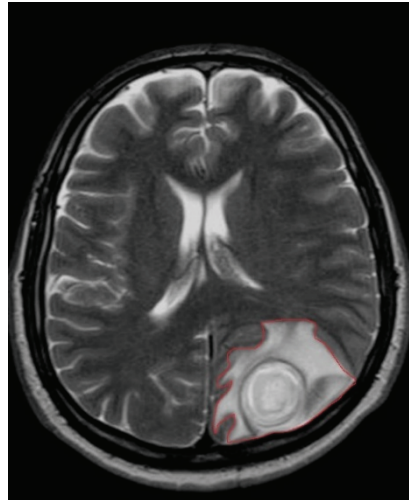
Les encéphalites correspondent à la forme précoce et diffuse des infections bactériennes. Ce stade d'évolution se caractérise par des manchons périvasculaires ainsi que des infiltrations cellulaires à l'allure inflammatoire. Il faut aussi noter la présence d'un œdème périlésionnel de taille importante.

Dès les premières heures de l'infection, l'IRM est capable de mettre en évidence la présence d'encéphalite via des zones œdémateuses hyperintenses en T2 et un effet de masse qui comprime les ventricules et les sillons corticaux. L'IRM se révèle meilleure que le scanner lorsqu'on a à faire à plusieurs encéphalites en même temps. Elle permet aussi un bon suivi de leur évolution.



#### 4.4.1.3. Les abcès cérébraux

Les abcès cérébraux (**Fig 2.11**) correspondent à la deuxième phase d'évolution des infections bactériennes. Ils succèdent donc le plus souvent à une encéphalite et se manifestent par une cavité nécrotique (une suppuration intracérébrale) entourée d'une capsule (zone inflammatoire provoquée par des bactéries).



**Fig 2.11** Abcès cérébral ; partie délimitée par un trait rouge (modifiée à partir de [http://ispn.guide/index.php?q=img\\_assist/popup/4339](http://ispn.guide/index.php?q=img_assist/popup/4339)).

En T2, le contenu de la lésion apparaît en hypersignal. La modalité T1 est, quant à elle, capable de différencier les capsules hémorragiques de celles qui ne le sont pas.

#### 4.4.1.4. La tuberculose

Bien que la tuberculose ait en général un foyer autre que le cerveau (l'abdomen, les poumons, ...etc.), il se peut que ce dernier en soit atteint et notamment au niveau des méninges. La lésion primaire est constituée d'un granulome qui se met à se multiplier et à fusionner pour créer un tuberculome.

En IRM T1, les tuberculomes apparaissent en hyposignal irrégulier avec des sièges très divers. En IRM T2, œdème périlesionnel en hypersignal + lésion délimitée par un hypersignal hétérogène.

#### 4.4.2. Les infections virales

Elles ont pour origine la présence de virus au niveau du tissu cérébral. Les altérations qu'elles provoquent sont de pathogénie et de forme très variables et les lésions induites provoquent, dans la plupart des cas, une atteinte mixte de la matière blanche et de la matière

grise. Les deux pathologies les plus représentatives de cette catégorie sont l'encéphalite herpétique et la panencéphalite sclérosante subaiguë.

#### 4.4.2.1. L'encéphalite herpétique

L'encéphalite herpétique est une infection virale due au virus de l'herpès (HSV1). Elle constitue de loin la pathologie cérébrale de nature virale la plus fréquente chez les patients non immunodéprimés. Les études tendent à montrer que l'infection par le virus (HSV1) est liée à une prédisposition génétique.

Les premiers jours de l'infection, la modalité T2 permet de rendre compte des hypersignaux de la gliose inflammatoire. L'utilisation d'un produit de contraste fait apparaître des lésions diffuses gyriformes. Le stade séquellaire fait ressortir des hyposignaux en T1. Par contre, on peut observer sur les images T2 une augmentation du signal de la nécrose et de l'atrophie à travers les échos successifs.

#### 4.4.2.2. La panencéphalite sclérosante subaiguë

Il s'agit d'une complication encéphalique tardive liée à la *rougeole* qui provoque une démyélinisation (avec ou sans atteinte axonale) ainsi qu'une altération de la substance grise corticale et des noyaux gris. La démyélinisation peut entraîner de nombreux handicaps suivant les régions où elle se manifeste.

La présence d'atrophie et de nécrose se manifeste par des hyper-signaux diffus en T1. Pendant la phase inflammatoire, des hypersignaux apparaissent au niveau des noyaux gris.

#### 4.4.3. Parasitoses

Elles ont pour origine la présence de parasites au niveau du tissu cérébral. Au sein de cette catégorie, on retrouve : le neuropaludisme, les filarioses, la cysticercose, et la toxoplasmose. Dans ce qui suit, nous exposons les deux dernières pathologies.

##### 4.4.3.1. La cysticercose

Cette pathologie est liée à la présence dans le corps du *Taenia solium* sous sa forme larvaire. Ce parasite infecte en premier lieu les intestins, mais il se peut que ses larves migrent vers le cerveau. La présence de larves dans le tissu intraparenchymateux provoque une inflammation ainsi qu'une altération cellulaire.

Les kystes intraparenchymateux produits par la cysticercose apparaissent comme des zones d'hyposignal bien délimité en T1 et des zones d'hypersignal légèrement hétérogènes en T2.

#### 4.4.3.2. La toxoplasmose

C'est une infection due au parasite *Toxoplasma gondii*. Le plus souvent bénigne et asymptomatique, elle se traduit en :

- IRM T1 par des hyposignaux uniques, multiples, ou diffus.
- IRM DP par des isosignaux hétérogènes centraux.

### 4.5. Pathologies vasculaires cérébrales

Les accidents vasculaires cérébraux (AVC) sont de loin la pathologie cérébrale aigüe la plus fréquente avec une incidence de 1 à 2 par mille et par an et une prévalence de 5 pour mille à peu près. Les causes des AVC peuvent être nombreuses, néanmoins quatre causes majeures prédominent de par leur forte fréquence : l'hypertension artérielle, les malformations vasculaires, l'athérosclérose des artères qui mènent au cerveau, et les cardiopathies emboligènes. Les AVC se manifestent souvent par des épisodes (appelés attaques) qui entraînent des déficits neurologiques dont la nature est étroitement liée à la région du cerveau où s'est produite l'attaque. On distingue deux types d'AVC ; les AVC ischémiques et les AVC hémorragiques. La prise en charge thérapeutique d'un AVC implique d'une part de déterminer la nature ischémique ou hémorragique de celui-ci ainsi que son incidence sur les tissus avoisinants, et d'autre part, de déterminer les causes qui sont à l'origine de cet accident.

#### 4.5.1. Les accidents vasculaires cérébraux ischémiques

Ils constituent 80% des AVC et sont la conséquence d'un apport sanguin insuffisant dans une région donnée du cerveau. À ce niveau, le problème est de nature artérielle ; la diminution du débit en aval d'une occlusion complète ou partielle d'une artère cérébrale.

##### 4.5.1.1. Les infarctus cérébraux

L'IRM offre la possibilité de visualiser des infarctus cérébraux dès les vingt-quatre premières heures, alors que le scanner est généralement incapable de fournir la moindre information pertinente (durant ce laps de temps). Elle est aussi capable de bien rendre compte des infarctus situés dans des régions difficiles à visualiser par le scanner comme le tronc cérébral. En plus, l'utilisation de produits de contraste comme le gadolinium permet d'indiquer l'aspect récent ou non d'un infarctus.

L'évolution d'un infarctus passe par plusieurs étapes et chacune se manifeste de manière différente :

- Période aigüe (du 1<sup>er</sup> au 3<sup>ème</sup> jour) : hypersignal en T2.

- Période subaiguë (du 4ème ou 14ème jour) : hyposignal modéré en T1 et hypersignal en T2.
- Période chronique (au-delà du 14<sup>ème</sup> jour) : hyposignal en T1 et hypersignal en T2.

#### 4.5.1.2. Les lacunes cérébrales

Sur un plan anatomique, trois types de lacunes sont répertoriées :

- Lacunes de type 1 : elles correspondent à de petits infarctus inférieurs à 1.5 cm de diamètre.
- Lacunes de type 2 : elles correspondent à des hémorragies de petite taille.
- Lacunes de type 3 : elles correspondent à la dilatation des espaces périvasculaires.

L'IRM est très sensible à la détection des lacunes cérébrales de petite taille surtout lorsqu'elles surviennent au niveau du tronc cérébral. De plus, l'utilisation de l'IRM avec un produit de contraste permet de mieux déceler la présence de lacunes que l'utilisation du scanner avec un produit de contraste.

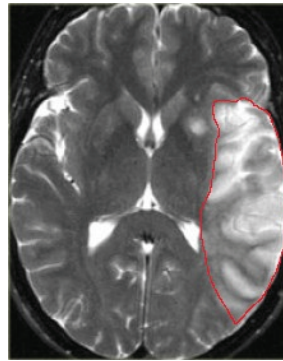
Un mois après leur apparition, les lacunes de type 1 apparaissent en hypersignal en T2 et en hyposignal en T1 avec une forme ovoïde ou linéaire. Les lacunes de type 2 ont une apparence similaire à celle des petites hémorragies, alors que les lacunes de type 3 ont en T2 un signal similaire à celui du liquide céphalo-rachidien.

#### 4.5.2. Les accidents vasculaires cérébraux hémorragiques

Ils constituent 20% des AVC et ont pour origine un saignement intraparenchymateux ou méningé.

##### 4.5.2.1. Hémorragie intraparenchymateuse

Elle est définie comme l'apparition d'un saignement au niveau du parenchyme cérébral. L'hypertension artérielle reste le principal facteur responsable de son apparition. L'évolution d'une hémorragie intraparenchymateuse (**Fig 2.12**) passe par plusieurs phases : aigüe, subaiguë, et chronique. À la phase aigüe, le scanner reste l'examen de référence. Par contre à la phase subaiguë et chronique, l'IRM est plus sensible et plus spécifique. L'aspect que revêt l'hématome sur l'IRM dépend des différentes phases d'évolution :



**Fig 2.12** AVC hémorragique intraparenchymateux ; partie délimitée par un trait rouge (modifiée à partir de <http://www.radiologyassistant.nl/en/p483910a4b6f14/brain-ischemia-imaging-in-acute-stroke.html>).

- Période aiguë (du 1<sup>er</sup> au 3<sup>ème</sup> jour) : un hypersignal en T1 et en T2 évoluant vers un isosignal en T1 et un hyposignal en T2.
- Période subaiguë (du 4<sup>ème</sup> ou 14<sup>ème</sup> jour) : un hypersignal en T1 évoluant de manière centripète, et un hypersignal en T2 entouré d'un hyposignal et d'un hypersignal périphérique. Le centre de l'hématome est en hypo ou isosignal.
- Période chronique (du 14<sup>ème</sup> au 365<sup>ème</sup> jour) : que ce soit en T1 ou en T2, on remarque une disparition progressive de la zone centrale au détriment d'une augmentation de l'épaisseur de l'anneau (périphérique) en hypersignal. En T2, l'anneau en hyposignal (périphérique) est entouré d'un œdème en hypersignal.

#### 4.5.2.2. Hémorragies méningées

Les hémorragies méningées se traduisent par un épanchement de sang dans l'espace sous-arachnoïdien. Elles peuvent avoir trois origines distinctes : un traumatisme crânien, la rupture d'une malformation artérioveineuse, et enfin la rupture d'un anévrisme artériel. Elles peuvent être divisées en quatre catégories : les hémorragies méningées pures, les hémorragies cérébro-méningées, les hémorragies méningo-cérébrales, et les hémorragies intraventriculaires primitives. La différence entre une hémorragie cérébro-méningée et une hémorragie méningo-cérébrale est liée au point de départ de l'hémorragie.

Le scanner cérébral (sans injection de produits de contraste) reste l'examen le plus à même de prouver ou non la présence d'une hémorragie méningée. Pour l'instant, l'IRM ne constitue pas un examen performant pour la détection de ce type d'AVC, mais elle est néanmoins plus sensible que le scanner pour la mise en évidence des lésions impliquées dans la survenue de

l'hémorragie. L'apparence de l'hémorragie (sang) au niveau des espaces sous-arachnoïdiens se traduit en IRM par un hypersignal (qui est retardé par rapport au saignement) en T1.

## 4.6. Affections de la substance blanche

Les pathologies pouvant affecter la matière blanche sont très nombreuses, elles occupent d'ailleurs une large proportion sur l'ensemble des maladies neurologiques. Ces affections peuvent être divisées en trois catégories : les pathologies démyélinisantes, les pathologies dysmyélinisantes, et les pathologies métaboliques héréditaires. L'IRM constitue actuellement l'examen de référence pour la détection de ce genre de pathologies, puisque dans la majorité des cas, elle se révèle plus sensible et plus spécifique que le scanner X. Pour un sujet sain, l'IRM caractérise la substance blanche par un signal qui la différencie notamment de la matière grise (du fait de leur concentration en eau qui est différente et qui entraîne des temps de relaxation différents) telle qu'en T1 la matière blanche apparaît plus claire que la matière grise, alors qu'en T2 c'est le contraire qui est observé. En général, l'exploration des affections de la matière blanche consiste donc à chercher d'éventuelles lésions au sein de cette dernière tout en veillant à ne pas les confondre avec les composants naturels du cerveau (et surtout avec la matière grise).

### 4.6.1. Pathologies démyélinisantes

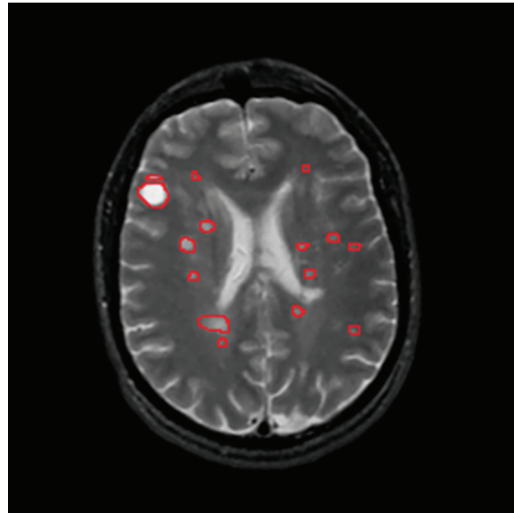
La myéline est une substance lipidique qui entoure et protège les fibres nerveuses. Elle joue aussi un rôle important dans la transmission de l'influx nerveux puisqu'elle permet d'accélérer sa propagation. La démyélinisation signifie la destruction de la myéline, phénomène qui intervient généralement dans une région bien localisée du système nerveux. Les dommages qui en résultent sont fortement liés aux fonctions que remplissent les régions concernées. Les origines d'une démyélinisation peuvent être diverses : atteintes d'origine primitive, atteintes d'origine infectieuse, atteintes au cours du syndrome d'immunodéficience acquise (SIDA), et les atteintes d'origine toxique ou iatrogène.

#### 4.6.1.1. Atteintes primitives de la myéline

Elles se traduisent par une altération de la myéline ou des *cellules de Schwann* avec absence de lésions axonales (à l'inverse des atteintes secondaires qui, elles, provoquent une atrophie axonale sévère et chronique). Cette catégorie compte la maladie de Baló, la maladie de Devic, ou encore la maladie de Schilder. Mais la pathologie la plus représentative à ce niveau est la sclérose en plaques.

- **La sclérose en plaques**

C'est la pathologie démyélinisante la plus fréquente. Elle se présente sous forme de lésions de taille limitée dispersées à travers l'espace et le temps. Ces lésions apparaissent essentiellement au sein de la matière blanche. L'IRM constitue actuellement la technique d'imagerie la plus puissante pour détecter les lésions de la sclérose en plaques et suivre leur évolution (**Fig 2.13**).



**Fig 2.13** Sclérose en plaques ; zones délimitées par un trait rouge (modifiée à partir de <http://www.med.harvard.edu/aanlib/home.html>).

En T1, les plaques apparaissent en hypersignal, alors qu'en T2 elles apparaissent en hypersignal. L'utilisation d'un produit de contraste permet de différencier les plaques actives des plaques chroniques.

#### 4.6.1.2. Atteintes d'origine infectieuse

La destruction de la myéline peut aussi être engendrée par des agents infectieux. Sous cette optique, on peut citer les deux pathologies que sont : la leucoencéphalopathie multifocale progressive et l'encéphalomyélite aiguë disséminée.

- **La leucoencéphalopathie multifocale progressive**

Cette maladie apparaît généralement chez les sujets immunodéprimés et a pour origine le *virus Papova*. Ce virus attaque directement la matière blanche provoquant l'apparition de plaques de démyélinisation focales. L'IRM est nettement plus sensible que le scanner pour le diagnostic de cette pathologie. En T2, apparaissent des zones d'hypersignal étendues et confluentes qui apparaissent le plus souvent dans la région pariéto-occipitale.

- **L'encéphalomyélite aiguë disséminée**

Cette maladie s'observe généralement après une infection virale (rubéole, varicelle, ou encore le virus *d'Epstein-Barr*), elle a pour origine l'intervention du système immunitaire. Les lésions qui en résultent se concentrent principalement à proximité des veines cérébrales. Ces lésions sont semblables à celles de la sclérose en plaques sauf que dans ce cas-ci, il n'y a pas de coexistence de lésions d'âges différents. En IRM, cette pathologie apparaît sous forme de plusieurs zones en hypersignal avec une prévalence pour les régions périventriculaires.

#### 4.6.1.3. Atteintes au cours du SIDA

Les attaques de la matière blanche peuvent revêtir différentes formes au cours du SIDA ; une leucoencéphalopathie multifocale progressive, une atteinte par un cytomégalovirus, ou encore une atteinte directe par le virus de l'immunodéficience humaine. En IRM, ces altérations se manifestent par une atrophie cérébrale diffuse ou bien par des zones en hypersignal.

#### 4.6.1.4. Les atteintes d'origine toxique ou iatrogène

La destruction de la myéline peut aussi trouver ses origines dans l'exposition à une toxine ou par l'administration d'un traitement médical inadapté. On retrouve ainsi dans cette catégorie : les atteintes d'origine radique, la myélinose centro-pontique, ou encore le syndrome de Marchiafava-Bignami.

- **Les atteintes d'origine radique**

Elles ont pour origine la radiothérapie cérébrale qui peut entraîner dans certain cas une nécrose focalisée et/ou une modification diffuse de la matière blanche. La forme des lésions ainsi que leur signal dépendent de la dose totale de rayons reçus, de la durée du traitement, ainsi que de son fractionnement. En IRM, certaines lésions d'origine radique apparaissent comme des atteintes focales limitées aux zones irradiées, alors que d'autres apparaissent sur les zones périventriculaires sous forme d'un hypersignal en T2.

- **La myélinose centro-pontique**

Cette pathologie se retrouve principalement chez les alcooliques chroniques, les sujets souffrant de malnutrition, et les personnes affectées par une hépatite. Les lésions provoquées par cette maladie apparaissent surtout au niveau de la protubérance. Ces lésions sont de forme symétrique centro-protubérantielle (généralement arrondie) et se caractérisent par un hypersignal en T2 et un hyposignal en T1.



- **Le Syndrome de Marchiafava-Bignami**

C'est une démyélinisation qui intervient au niveau du corps calleux. Elle survient surtout chez les grands alcooliques. La lésion correspondante apparaît en IRM au niveau du corps calleux comme un hyposignal en T1 et un hypersignal en T2. Il se peut même que le corps calleux soit sujet à une atrophie.

#### **4.6.2. Pathologies dysmyélinisantes**

La dysmyélinisation correspond à la formation puis éventuellement la destruction d'une myéline anormale. Les pathologies dysmyélinisantes ont une origine héréditaire et leur type de transmission peut être connu ou non. Plus explicitement, ces maladies sont le résultat d'un déficit enzymatique qui provoque un changement (anomalie) sur la nature biochimique de la myéline ou sur sa manière de se dégrader. Parmi les exemples les plus pertinents de cette catégorie de pathologies, on peut citer : la maladie d'Alexander, la maladie de Canavan, ou encore l'adrénoleucodystrophie.

##### **4.6.2.1. La maladie d'Alexander**

Cette maladie intervient généralement dans les premières semaines après la naissance réduisant ainsi l'espérance de vie du sujet à moins de cinq ans. Elle se traduit par une macrocéphalie accompagnée par une quadriparésie spastique. En IRM, cette pathologie apparaît au niveau des lobes frontaux sous forme d'un hyposignal en T1 et d'un hypersignal en T2.

##### **4.6.2.2. La maladie de Canavan**

Cette pathologie apparaît généralement trois à six mois après la naissance avec une espérance de vie de 2 ans au maximum. Elle se traduit par une macrocéphalie accompagnée d'une hypotonie axiale ainsi que des mouvements oculaires anormaux. L'IRM rend compte de cette pathologie à travers un hypersignal en T2 sur toute la matière blanche.

##### **4.6.2.3. L'adrénoleucodystrophie**

Cette maladie apparaît généralement entre cinq à dix ans après la naissance. Elle peut être précédée par une insuffisance surrénalienne, mais son évolution ira inéluctablement vers la mort. L'IRM permet de mettre en évidence (au niveau des lobes occipitaux) de larges plages bilatérales et symétriques d'hypersignal en T2 et d'hyposignal en T1.

### 4.6.3. Maladies métaboliques héréditaires

Ces pathologies ont pour origine des mutations ponctuelles qui provoquent des anomalies sur la synthèse ou la dégradation des protéines, des glucides, ou encore des graisses. La plupart de ces pathologies sont dues à une carence par rapport à une enzyme ou une protéine de transport, ce qui provoque inévitablement le blocage des processus qui utilisent ces substances. Il en résulte une accumulation toxique de débris moléculaires. Parmi les maladies métaboliques pouvant provoquer une atteinte de la substance blanche, on peut citer : les anomalies du métabolisme des acides organiques ou encore la maladie de Leigh.

#### 4.6.3.1. Anomalies du métabolisme des acides organiques

Ces anomalies s'expliquent par des déficits enzymatiques qui entraînent l'accumulation de toxines elles-mêmes perturbant la production ou la destruction de la myéline. Au niveau des zones en question, l'IRM laisse apparaître un hyposignal en T1 et un hypersignal en T2.

#### 4.6.3.2. Maladie de Leigh

C'est une maladie génétique autosomale récessive. Elle apparaît dans l'enfance et aboutit en peu de temps à la mort. L'IRM met en relief des hyposignaux en T1 et des hypersignaux en T2 symétriques et bilatéraux sur plusieurs régions : les putamens, la matière grise périaqueducale, et enfin les noyaux caudés.

## 5. Conclusion

La base théorique médicale de cette thèse a été exposée au cours de ce chapitre. Ainsi :

- Le cerveau a été abordé par rapport à sa propre constitution, mais aussi relativement à son environnement immédiat.
- Le fonctionnement de l'IRM a été expliqué en partant des phénomènes physiques élémentaires jusqu'à la construction des images par ordinateur.
- Les pathologies cérébrales ont été divisées en plusieurs catégories et l'aspect sur image de chaque pathologie a été relaté.

Dans le chapitre suivant, nous aborderons les méthodes de segmentation appliquées aux IRM cérébrales.

# Chapitre 3

## La Segmentation des IRM Cérébrales

### 1. Introduction

La segmentation constitue l'une des tâches les plus fondamentales dans le domaine de la vision par ordinateur. Elle permet de diviser l'image en ses constituants fondamentaux, laissant envisager un raisonnement de haut niveau (reconnaissance, compréhension, etc.). Pour ce qui est du cerveau, la segmentation assure généralement l'une ou l'autre des tâches suivantes :

- Division en matière blanche, matière grise, liquide céphalo-rachidien, et pathologie (si cette dernière est présente).
- Division en plusieurs structures (ventricules, thalamus, putamen, etc.).

À noter que chacune de ces tâches a des finalités qui lui sont propres (détection de pathologies, estimation du volume d'une structure afin de diagnostiquer une éventuelle dégénérescence, analyse morphométrique, etc.).

Au niveau de ce chapitre, les méthodes de segmentation sont divisées en plusieurs catégories :

- Méthodes exploitant des connaissances *a priori*.
- Méthodes orientées clustering.
- Méthodes basées contours.
- Méthodes utilisant la théorie des graphes.
- Méthodes statistiques.
- Méthodes faisant usage des propriétés structurelles de l'image.

Dans ce qui suit, chaque méthode est décrite sur un plan théorique, en citant ses travaux les plus marquants, et en discutant ses avantages et inconvénients.

## 2. Connaissances *a priori*

Cette approche implique l'utilisation d'informations collectées avant le processus de segmentation.

### 2.1. Atlas

Segmenter une image IRM du cerveau en utilisant un atlas signifie mettre en correspondance (grâce à un algorithme d'appariement) l'image en entrée (à segmenter) avec une image référence (atlas), et utiliser les informations anatomiques apportées par l'image référence comme connaissances *a priori* dans le processus de division de l'image en entrée. L'information anatomique contenue dans l'atlas est de deux types : les intensités des niveaux de gris que peut contenir l'image et la probabilité de distribution spatiale de ces intensités (à noter que des relations de dépendance spatiale peuvent également être prises en compte). Cette technique de segmentation est devenue possible grâce au développement des méthodes de recalage et de morphométrie. Le recalage consiste à transformer différents ensembles de données vers un seul et même système de coordonnées ; il est nécessaire pour l'intégration et la comparaison de données obtenues par différentes sources. Ce processus résulte en un ensemble de matrices qui décrivent des transformations linéaires et/ou non linéaires ; les transformations linéaires consistent en une combinaison de plusieurs paramètres affins représentants : la translation, la rotation, les effets de perspectives,...etc., alors que les transformations non linéaires (transformations non rigides) comprennent des déformations polynomiales ainsi que l'interpolation de plusieurs fonctions de base. La morphométrie est une technique d'analyse de la neuro-imagerie qui permet l'étude de la variabilité du cerveau en considérant différents individus. Elle est tout aussi importante que le recalage dans le procédé de construction d'un atlas. L'un des atlas les plus connus est celui de [Talairach 1967] [Talairach 1988]. Il permet de replacer le cerveau (en modifiant les proportions et les orientations) dans un référentiel en utilisant des repères peu variables d'un individu à l'autre.

Afin d'opérer une extraction cérébrale (se débarrasser de tout ce qui n'est pas cerveau), [Bourouis 2008] ont procédé à l'initialisation de la méthode *Level Set* (Section 4.2) en utilisant l'algorithme EM (Section 6.2) et un atlas anatomique fournissant les probabilités *a priori* pour les différents tissus cérébraux.

[Zhou 2007] ont utilisé un atlas anatomique afin d'initialiser une méthode de segmentation (tissus sains) basée sur la Connectivité Floue [Udupa 1996] (CF). Les auteurs ont également pris soin de corriger le champ de biais en exploitant les sorties de la CF et en l'appliquant une

deuxième fois pour produire le résultat final. [Artaechevarria 2009] ont montré les limites du vote majoritaire dans les stratégies combinant plusieurs atlas pour la segmentation du cerveau. Ils ont également proposé une nouvelle stratégie (plus performante) qui consiste à calculer une pondération du vote au niveau local de l'image (voxel). [Luo 2011] ont proposé une méthode de segmentation basée sur une approche atlas à deux niveaux ; le premier niveau contraint la segmentation avec un arbre de dépendance (celui-ci exprime les relations spatiales entre les différentes structures cérébrales) et le deuxième niveau établit un recalage non rigide entre l'atlas et l'image cible.

Afin de segmenter les tumeurs cérébrales, [Prastawa 2003b] ont procédé à une estimation de la probabilité *a priori* de la tumeur au sein de l'atlas (via l'analyse de la différence entre l'image pré et post-contrastée) et à une utilisation de l'algorithme EM (Section 6.2) pour opérer la segmentation. [Cuadra 2004] ont proposé une approche similaire en concevant un système qui s'appuie sur un modèle d'expansion lésionnel appliqué au sein d'un atlas anatomique. Leur méthode comporte trois étapes : un recalage entre le volume en entrée et l'atlas, l'ensemencement de l'atlas avec un germe au niveau la position de la tumeur, et la croissance de ce germe à l'aide d'une méthode inspirée principalement de la théorie du flux optique [Beauchemin 1995]. [Bauer 2011a] ont adopté une approche semblable en utilisant un recalage avec un atlas et en assumant un modèle de croissance biomécanique de la tumeur (ce processus est exprimé sous forme d'un problème de minimisation d'énergie markovienne).

[De Boer 2009] ont réussi à segmenter les tissus cérébraux sains (matière grise, matière blanche, et liquide céphalo-rachidien) tout comme les lésions qui apparaissent sur la matière blanche, en utilisant une classification opérée par la méthode KNN [Fix 1951] sur un atlas anatomique. [Shiee 2010] ont proposé une méthode de segmentation des lésions de la sclérose en plaques qui exploite deux types d'atlas : topologique et statistique. Cette méthode utilise aussi bien l'intensité des voxels que leurs informations spatiales, ce qui lui permet d'obtenir des résultats relativement consistants.

L'utilisation d'un atlas dans le processus de segmentation des IRM cérébrales s'avère être extrêmement porteuse en termes de résultats. Ceci s'explique aisément par toutes les connaissances anatomiques qu'apporte l'atlas ; en termes de probabilité de distribution (intensités) pour les différentes structures (ou tissus) ou encore via la description de leurs relations spatiales. De par sa nature, cette approche est donc fortement apte à faire face aux images bruitées et de faibles résolutions. Il y a cependant quelques limites qui viennent entraver

son application. On peut citer : la phase de construction de l'atlas qui est extrêmement laborieuse, l'incapacité de l'atlas à modéliser toute la variabilité naturelle des cerveaux, ou encore le processus de recalage qui est très lourd (il doit généralement se faire sur l'intégralité du volume) et complexe (suivant le schéma utilisé).

## 2.2. Les réseaux de neurones artificiels

Les réseaux de neurones artificiels (en anglais *Artificial Neural Networks* (ANN)) [Simpson 1990] sont des modèles théoriques qui décrivent le fonctionnement des cellules neuronales animales d'une manière réduite et simplifiée. Un ANN est constitué de plusieurs entités de base appelées : neurones. Chaque neurone peut être assimilé à un modèle statistique miniature capable de recevoir des données, de les traiter, et de produire un résultat en sortie. Ce résultat va dépendre de la nature des entrées, de la fonction de transfert utilisée par le neurone (souvent non linéaire), et surtout des poids synaptiques associés à chacune des entrées. Pris séparément, les neurones constituent des modèles de calcul très simples, mais leur mise en réseau permet de simuler des raisonnements intelligents extrêmement complexes. Dans un ANN, les neurones se regroupent généralement en plusieurs couches parallèles telles que chaque couche prend ces entrées dans la couche qui la précède, et produit des entrées pour la couche qui la suit. On distingue ainsi une couche d'entrée destinée à recevoir les données extérieures au réseau, une ou plusieurs couches intermédiaires (appelées aussi couches cachées, plus il y en a et plus l'abstraction du réseau est importante), et une couche de sortie qui produit le résultat final. Parmi les différentes topologies (avec ou sans boucles) des ANN, on peut citer les perceptrons multicouche [Rosenblatt 1957], les réseaux de Hopfield [Hopfield 1982], ou encore les cartes auto-organisatrices de Kohonen [Kohonen 1982]. Au-delà de l'aspect structurel, la puissance des ANN réside dans leur capacité à apprendre, chose qui se fait via l'utilisation d'un algorithme d'apprentissage qui procède à la modification des poids synaptiques des neurones. Parmi les algorithmes d'apprentissage les plus utilisés, on peut citer l'algorithme de rétro-propagation [Rumelhart 1986].

[Emambakhsh 2009] sont parvenus à réduire l'incidence du bruit sur la segmentation du cerveau par l'algorithme *Watershed* (Section 7.2) en utilisant les cartes auto-organisatrices de Kohonen ; ces dernières sont utilisées afin de produire une segmentation primaire de l'image. Un détecteur de contour est ensuite appliqué sur les résultats obtenus afin de produire une carte qui servira de support à la suite des traitements. [Ortiz 2011] ont exploité des caractéristiques statistiques du premier et du second ordre au sein d'un système de segmentation cérébral basé sur les cartes auto-organisatrices hiérarchiques de Kohonen [Rauber 2002] (capable de

découvrir des relations hiérarchiques entre les données). [Demirhan 2011] ont proposé un système de segmentation et de labélisation des tissus cérébraux, basé sur l'exploitation des informations apportées par la décomposition multi-résolution que produit la transformée en ondelettes stationnaire. Ces informations sont exploitées par un réseau de neurones (cartes auto-organisatrices hiérarchiques de Kohonen) qui est entraîné de manière supervisée. [Zheng 2012] ont utilisé le modèle des couches compétitives [Ritter 1990] pour segmenter les IRM cérébrales en plusieurs régions distinctes. Ils ont ensuite employé une variante de l'algorithme FCM (Section 3.2) pour produire la segmentation finale.

Afin de segmenter les tumeurs cérébrales, [Joshi 2010] ont utilisé un neuro-classifieur flou qui exploite des attributs texturaux dérivés de la matrice de cooccurrences [Haralick 1973]. Ce système est capable de reconnaître plusieurs types de tumeurs (grades). [Rathi 2011] ont procédé à l'exploitation des caractéristiques texturales qui résultent de la décomposition de l'image en paquets d'ondelettes. Ces caractéristiques sont utilisées afin d'entraîner une carte auto-organisatrice hiérarchique de Kohonen à reconnaître les zones tumorales et non tumorales.

[Goldberg-Zimring 1998] sont parvenus à extraire les lésions de la sclérose en plaques en combinant plusieurs modalités spectrales au sein d'un ANN entraîné par l'algorithme de rétro-propagation. Les régions obtenues sont discriminées par rapport à plusieurs mesures : surface, périmètre, et index de forme. [Cerasa 2012] ont proposé un système de segmentation des lésions de la sclérose en plaques basé sur un réseau de neurones cellulaires [Chua 1988] entraîné par un algorithme génétique.

[Besson 2008] ont conçu un système de segmentation pour la dysplasie focale corticale basé sur un apprentissage d'un perceptron multicouche. Les caractéristiques utilisées sont : l'épaisseur corticale, les transitions floues entre matière grise et matière blanche, et les hyper-signaux caractérisant les lésions dysplasiques. De la même manière, [Uchiyama 2008] ont proposé un système de segmentation de l'infarctus lacunaire qui exploite différentes caractéristiques : la localisation, la taille, le degré de la régularité, ainsi que la différence dans l'intensité du signal.

Les ANN constituent un paradigme puissant permettant l'exploitation de connaissances *a priori* dans le processus de segmentation des IRM cérébrales. Les différents types de réseaux développés jusqu'à maintenant offrent un large spectre de possibilités en termes d'abstraction, de type d'apprentissage (supervisé, non supervisé), ou encore de classification. Les ANN sont connus pour leur grande robustesse face au bruit, ce qui les rend encore plus attractifs étant

donné la nature imprécise des IRM cérébrales. Leur utilisation implique généralement deux choix : la topologie du réseau et l'algorithme d'apprentissage (ces derniers étant non triviaux). Enfin, il faut noter que la phase d'apprentissage requiert des données manuellement annotées et que ces dernières doivent être représentatives de l'ensemble du domaine traité.

### 2.3. Machines à vecteurs de support

Les machines à vecteurs de support [Vapnik 1995] (en anglais *Support Vector Machines* (SVM)) constituent une classe d'algorithmes de classification par apprentissage basée sur la construction d'hyperplans à  $N$  dimensions. Les SVM possèdent plusieurs spécificités dont les plus importantes sont : l'utilisation des noyaux, l'absence de minima locaux, ou encore la grande capacité de contrôle apportée par l'utilisation des marges. L'idée générale consiste à projeter un problème complexe (représenté au départ dans un espace au nombre de dimensions réduit) dans un espace possédant un grand nombre de dimensions, tel que la classification des données devient plus évidente (il n'y a pas d'augmentation de la complexité malgré le traitement qui s'opère sur l'espace de dimension supérieure). D'un point de vue théorique, les SVM sont relativement proches des ANN. Par exemple, un SVM utilisant une fonction *sigmoïde* comme noyau est équivalent à un perceptron à deux couches. D'un point de vue plus formel, la méthode s'exprime comme suit :

Soit  $S = \{(x_1, y_1), (x_2, y_2), \dots, (x_l, y_l)\}$  un ensemble d'apprentissage, tel que  $x_i \in R^n$  et  $y_i \in \{-1, 1\}$  correspond aux labels associés à deux classes. Soit  $\varphi$  une fonction non linéaire reliant l'espace original et un espace de dimension supérieur. Les échantillons de données  $x_i$  et  $x_j$  sont alors remplacés par leurs images respectives  $\varphi(x_i)$  et  $\varphi(x_j)$ . Soit  $w$  et  $b$  respectivement le poids et le biais de l'hyperplan de séparation qui peut jouer le rôle de la surface de décision sur l'espace des caractéristiques. La définition de l'hyperplan s'écrit :

$$\sum_{j=1}^l w_j \varphi_j(x) + b = 0 \quad (3.1)$$

Le problème de classification se ramène alors à la minimisation de la fonction suivante :

$$\phi(w, \xi) = \frac{1}{2} \|w\|^2 + C \sum_{i=1}^l \xi_i \quad (3.2)$$

qui est sujet aux contraintes subséquentes :

$$y_i [(w \cdot x_i) + b] \geq 1 - \xi_i \quad , \quad \xi_i \geq 0, i = 1, 2, \dots, l \quad (3.3)$$



où  $\xi_i$  est une variable d'écart qui sert à assouplir les contraintes strictes des marges et  $C$  un compromis entre la marge de séparation maximale et l'erreur de classification.

[Kasiri 2010] ont utilisé une version modifiée des SVM (*Least Square SVM* [Suykens 1999]) conjointement avec un atlas, afin de produire une segmentation précise et plus rapide du tissu cérébral sain (matière grise, matière blanche, et liquide céphalo-rachidien). À ce niveau, l'atlas fournit au classifieur SVM les connaissances sur les probabilités de distribution *a priori* des différents tissus cérébraux.

[Glotsos 2003] ont développé un système hiérarchique pour la reconnaissance des tumeurs cérébrales de type astrocytomes basé sur deux niveaux ; le premier niveau détermine le grade de l'astrocytome et le deuxième niveau le classe suivant le degré d'agressivité. Les deux niveaux de classification sont assurés par des classifieurs SVM. En utilisant les SVM sur plusieurs modalités d'images, [Ruan 2007] ont proposé un système de suivi des tumeurs cérébrales à travers le temps (l'apprentissage du SVM étant effectué uniquement au début). Ces auteurs ont également employé un formalisme multi-échelle afin de diminuer la complexité en temps de calcul. [Bauer 2011b] ont hybridé les SVM avec une approche de régularisation markovienne pour la segmentation des tumeurs cérébrales. Les SVM considèrent que les intensités des voxels sont indépendantes les unes des autres, ce qui n'est pas exact (il y a au contraire une grande corrélation entre les voxels voisins). Le module de régularisation est donc employé à ce niveau pour ajouter les informations spatiales qui manquent au formalisme SVM.

[Quddus 2005] ont comparé les performances des SVM et d'AdaBoost [Freund 1997] (une méthode similaire à la méthode RF (Section 2.4) mais qui implique une croissance en série des arbres de décision) pour la segmentation des lésions de la matière blanche. Ils en ont conclu que les deux approches produisaient des résultats similaires, mais qu'AdaBoost était nettement plus rapide.

Comme les réseaux de neurones, les SVM obtiennent en pratique de très bons résultats, à condition bien sûr qu'il y eût une bonne phase d'apprentissage. Leur formalisme leur permet d'être fortement insensibles aux optimums locaux, ce qui permet de produire une classification robuste. Leur inconvénient majeur réside dans le nombre élevé d'hyper-paramètres à définir au préalable (cette phase peut nécessiter plusieurs tests afin de fixer une combinaison adéquate).

## 2.4. Forêts Aléatoires

Les Forêts Aléatoires [Breiman 2001] (en anglais *Random Forests* (RF)) sont une technique d'apprentissage qui construit (via l'algorithme CART [Breiman 1984]) et combine plusieurs arbres de décision (Annexe F) afin d'opérer des prédictions (classification ou régression). Formellement, cela peut être décrit par  $\{h(x, \theta_k), k = 1, \dots\}$ , tel que  $x$  est un vecteur d'entrée et  $\{\theta_k, k = 1, \dots\}$  est un ensemble de vecteurs aléatoires générés indépendamment les uns des autres. L'objectif consiste alors à développer chaque arbre de décision en utilisant l'ensemble d'apprentissage et le  $\theta_k$  correspondant. Ce dernier injecte de l'aléa à deux niveaux. Le premier niveau consiste à sélectionner un sous-ensemble de l'ensemble d'entraînement en choisissant  $n$  fois avec remise (l'arbre correspondant n'est entraîné que sur cet ensemble). Le deuxième niveau implique de sélectionner un petit nombre de prédicteurs au niveau de chaque nœud (au moment de la division). Cet échantillonnage aléatoire sur deux niveaux permet de créer des arbres qui ont des comportements très différents. Cela permet également de baisser le coût du calcul.

Soit  $D = \{(x_1, y_1), (x_2, y_2), \dots, (x_N, y_N)\}$  les données d'entraînement ;  $x_i = (x_{i,1}, x_{i,2}, \dots, x_{i,p})^T$  et  $y_i$  sont les variables d'entrée et les sorties correspondantes, respectivement. Soit  $J$  le nombre d'arbres de décision composant le modèle RF.

Pour  $j = 1$  jusqu'à  $J$ , faire :

1. Construire un sous-ensemble de  $D_j$  de taille  $n$  à partir de l'ensemble d'entraînement.
2. Utiliser  $D_j$  pour entraîner un arbre, en appliquant récursivement les étapes suivantes, pour chaque nœud terminal, jusqu'à ce qu'un critère d'arrêt soit atteint :
  - (a). Sélectionner aléatoirement  $m$  variables parmi les  $p$  variables de base.
  - (b). Trouver la meilleure partition en se basant uniquement sur les  $m$  variables sélectionnées.
  - (c). Diviser le nœud en deux autres nœuds en utilisant la partition calculée en (b).

Après la phase d'entraînement, le classifieur RF est prêt à opérer une prédiction sur un nouvel échantillon  $x$  en choisissant le mode des réponses retournées par l'ensemble des unités. À noter que la méthode RF est considérée comme l'une des méthodes d'apprentissage les plus robustes [Caruana 2008].

[Iglesias 2010] ont développé un méta-algorithme d'extraction cérébrale qui combine deux méthodes célèbres [Smith S M 2002][Segonne 2004]. Le compromis entre ces dernières a été

formalisé à travers un classifieur RF. [Yaqub 2011] ont proposé une version améliorée de la méthode RF qui implique un meilleur choix de caractéristiques et une pondération de la décision des arbres. Cette méthode a été appliquée avec succès à la segmentation d'IRM cérébrales et d'images ultrason de fémurs fœtaux.

[Akselrod-Ballin 2009] ont construit un système très compétitif pour la détection de la sclérose en plaques. Celui-ci exploite plusieurs mesures statistiques (calculées à partir de plusieurs modalités IRM) au sein d'un classifieur RF. [Geremia 2011] ont adopté une approche similaire avec l'intégration d'information sur la symétrie (où il est supposé que les lésions de la sclérose en plaques tendent à se développer de manière asymétrique). Ces auteurs ont obtenu des résultats notables ; ils ont également exploré la manière dont la méthode RF réussissait à combiner les meilleures caractéristiques.

[Gray K R 2011] ont proposé un système à base de module RF pour la classification des cerveaux atteints de démence (les données utilisées incluent des cas d'Alzheimer, des cas de déficience cognitive légère, ainsi que des cas sains). Cette étude a montré qu'il y avait une complémentarité entre les données IRM et TEP. [Chincarini 2011] ont employé un classifieur RF afin d'extraire des caractéristiques pertinentes pour la détection de la maladie d'Alzheimer. Ces auteurs ont réussi à isoler des caractéristiques qui étaient fortement corrélées avec les évaluations cliniques ; ce système a même été utilisé afin de prédire la survenue de la maladie au cours d'une période de 2 ans.

[Zikic 2012] ont développé un système de segmentation pour les tumeurs gliales (de haut grade) qui fait usage d'un classifieur RF. Ce système qui est capable de segmenter les zones actives, les nécroses, et les œdèmes, s'appuie sur une modélisation préalable des tissus par une mixture gaussienne. Les performances obtenues se sont avérées très compétitives.

Il y a beaucoup d'avantages inhérents à l'utilisation des RF : la robustesse face au bruit, le parallélisme (les arbres ne dépendent pas les uns des autres), la non-obligation de prétraiter les entrées, ou encore la possibilité d'estimer l'erreur de classification durant l'entraînement (pas besoin d'une validation-croisée). Cependant, comme toute méthode d'apprentissage, les RF nécessitent des données étiquetées et bien représentatives du domaine traité. À noter également que le choix de  $n$ ,  $m$ , et  $J$  se fait de manière supervisée.

### 3. Clustering

Cette approche consiste à créer une partition des données en plusieurs groupes tels qu'au sein de chaque groupe les échantillons sont dits homogènes.

#### 3.1. K-moyennes

L'algorithme des K-moyennes [MacQueen 1967] (en anglais *K-Means*) est une méthode de classification non supervisée largement utilisée dans beaucoup de problèmes : apprentissage, prédiction, segmentation d'images,...etc. L'idée principale consiste à choisir  $K$  centres de classes ; un pour chaque groupe (le plus commun étant de les sélectionner de manière à ce qu'ils soient les plus éloignés possible les uns des autres). Ensuite, chaque point est associé au centre de classe le plus proche. Plusieurs itérations sont ainsi mises en œuvre alternant entre la mise à jour des centres de classes et l'association des points aux nouveaux centres. La position des centres de classes se met alors à changer d'itération en itération jusqu'à ce qu'elle se stabilise. Cette méthode s'appuie sur la minimisation de la fonction suivante :

$$J = \sum_{j=1}^K \sum_{i=1}^n \|x_i^{(j)} - C_j\|^2 \quad (3.4)$$

où  $K$  est le nombre de classes,  $n$  est le nombre de points, et  $\|x_i^{(j)} - C_j\|$  est une mesure de la distance entre le point  $x_i^{(j)}$  et le centre de classe  $C_j$ . L'optimisation prend fin lorsque  $|J^{t+1} - J^t| < \varepsilon$  (ou  $\varepsilon \in [0,1]$  est un critère de terminaison fixé *a priori*) ou bien lorsque l'algorithme atteint un certain nombre d'itérations.

[Prasad 2011] sont parvenus à extraire le cerveau en utilisant un système multi-agents ; chaque agent est dédié à la reconnaissance d'une structure en particulier. Les agents utilisés dépendent les uns des autres et évoluent dans l'image guidés par le gradient ainsi que par une partition initiale produite par l'algorithme *K-Means*.

[Yan 1994] ont opéré une hybridation entre *K-Means* et les MRF (Section 6.1). Leur framework consiste en une procédure itérative qui alterne entre l'estimation de l'intensité moyenne de chaque localisation pour chaque type de tissu (matière grise, matière blanche, et liquide céphalo-rachidien) et l'estimation du type de tissu en maximisant sa probabilité *a posteriori*. [Cardenas 2001] se sont intéressés à l'évaluation des performances du *K-Means* appliqué à des cerveaux sains en mesurant les résultats obtenus en termes de validité, de fiabilité du volume

résultant, et de la reproductibilité de la distribution spatiale ; les conclusions de cette étude recommandent l'utilisation du *K-Means*.

[Ahmed 2008] se sont intéressés à la segmentation des tumeurs cérébrales dans le cas d'images IRM extrêmement bruitées. Ils sont parvenus à des résultats intéressants en faisant usage du *K-Means* et du filtre de diffusion anisotropique [Perona 1990]. [Juang 2010] ont proposé d'hybrider l'algorithme *K-Means* avec un seuillage (utilisation de distributions gaussiennes pour l'estimation de seuil) afin de segmenter les tumeurs cérébrales. Ce traitement a pour particularité de se dérouler non pas sur l'IRM originale, mais sur sa version en couleur qui est obtenue via une transformation du niveau de gris vers l'espace  $L^*a^*b^*$  ( $L$  fait référence à la clarté.  $b$  et  $a$  sont les dimensions de la couleur). [Moftah 2010] ont développé un système de segmentation et de visualisation des tumeurs cérébrales ainsi que de la totalité du volume cérébral en hybridant l'algorithme *K-Means* et l'algorithme *connected component labeling* [Rakhmadi 2010] (méthode servant à labéliser les points connectés). Les caractéristiques utilisées par les auteurs afin de discriminer les tumeurs sont la brillance et la circularité.

[Smitha 2006] ont utilisé une version modifiée du *K-Means* [Abram 2005] au sein d'un système de quantification de l'atrophie cérébrale. Cette version (plus performante que l'originale) a pour principe d'affecter un poids au nombre de pixels correspondant à chaque niveau de gris dans le vecteur de caractéristiques.

L'une des qualités les plus importantes du *K-Means* est sa rapidité. Il est d'ailleurs courant de le lancer plusieurs fois et de retenir la meilleure partition. Toutefois, l'algorithme souffre de plusieurs lacunes ; une grande dépendance par rapport à l'initialisation, le nombre de clusters doit être indiqué au préalable par l'utilisateur, et la qualité de ses résultats est très variable. Il faut aussi noter que l'affectation stricte qu'opère le *K-Means* (sur les vecteurs d'entrée) limite ses capacités à faire face à la nature imprécise et bruitée des IRM cérébrales.

### 3.2. C-moyennes floues

L'algorithme des C-moyennes floues (en anglais *Fuzzy-C-Means* (FCM)) est une méthode de classification de données permettant à un élément (de l'ensemble des données à classer) d'appartenir à plusieurs classes (en même temps) avec différents degrés. Cette méthode (développée par [Dunn 1973] et améliorée après par [Bezdek 1981]) est fréquemment utilisée dans les problèmes de reconnaissance de formes. Elle est basée sur la minimisation de la fonction suivante :

$$J_m = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^c u_{ij}^m \|x_i - c_j\|^2 \quad (3.5)$$

Où  $x_i$  est un vecteur de données de dimension  $d$ ,  $m$  est un nombre réel supérieur à 1,  $u_{ij}$  est le degré d'appartenance du vecteur  $x_i$  à la classe  $j$ ,  $c_j$  est le centre de la classe  $j$ , et  $\|*\|$  est une mesure de la distance (généralement euclidienne) séparant deux vecteurs de données.

La partition floue finale est générée via un processus d'optimisation itératif de la fonction  $J_m$ . Ce processus alterne entre mise à jour de la partition floue et calcul des nouveaux centres de classes à travers les formules suivantes :

$$u_{ij} = \frac{1}{\sum_{k=1}^c \left( \frac{\|x_i - c_j\|}{\|x_i - c_k\|} \right)^{\frac{2}{m-1}}} \quad (3.6)$$

$$c_j = \frac{\sum_{i=1}^n u_{ij}^m \cdot x_i}{\sum_{i=1}^n u_{ij}^m} \quad (3.7)$$

L'optimisation prend fin sous les mêmes conditions que celles décrites pour le *K-Means*.

[Gambino 2011] ont développé un système d'extraction automatique du cerveau basé sur l'utilisation d'opérateurs morphologiques (Section 7.1) et de l'algorithme FCM. Cette approche permet de gérer la non-connexité cérébrale (présence de parties cérébrales disjointes).

[Shen S 2005] ont développé une nouvelle version du FCM (plus efficace face au bruit) qui inclut un nouveau critère appelé attraction de voisinage. Ce dernier induit la prise en compte du voisinage d'un point dans la détermination de ses degrés d'appartenance aux différentes classes (les paramètres qui régissent l'attraction sont optimisés par un ANN). [Pradhan 2009] ont traité la présence du champ de biais en hybridant FCM et champs de Markov cachés [Zhang Yongyue 2001] (des processus stochastiques générés par des MRF (Section 6.1) dont la séquence ne peut pas être observée directement ; elle peut être estimée indirectement à partir des observations). Le système obtenu s'est révélé être extrêmement puissant face à ce type d'artefacts. [Kalaiselvi 2011] ont proposé d'initialiser le FCM en utilisant des connaissances *a priori* sur la distribution des différents tissus au niveau de l'histogramme de l'image (matière grise, matière blanche, et liquide céphalo-rachidien). Il en a résulté une légère amélioration du temps de convergence.

Afin de segmenter les tumeurs cérébrales, [Toure 2010] ont utilisé l'algorithme FCM pour générer une segmentation grossière de l'IRM. Les résultats de cette étape sont ensuite raffinés

par un opérateur de fusion régi par un seuil qui peut être modifié par l'opérateur. [Gopal 2010] ont testé et comparé les performances de deux méta-heuristiques d'optimisation (algorithmes génétiques et optimisation par essaim particulaire) appliquées à l'algorithme FCM en présence de pathologies tumorales. Les résultats obtenus montrent la supériorité de la deuxième approche aussi bien en termes de précision qu'en taux d'erreurs. [Shasidhar 2011] ont proposé une nouvelle version de l'algorithme FCM qui utilise une méthode de compression sur les données en entrée. Cet algorithme produit des résultats extrêmement proches (cas tumoral) de ceux du FCM classique tout en ayant une vitesse de convergence quatre-vingts fois plus rapide.

En utilisant le FCM, [Ardizzone 2002] ont procédé à la segmentation des lésions de la sclérose en plaques à partir des distributions jointes des deux modalités T2 et DP. [Kawa 2007] ont construit une version modifiée du FCM basée sur la notion de noyau (*Kernel FCM*) qui est nettement plus rapide que le FCM standard. Au sein de ce système, la classification finale des tissus (sclérose en plaques + tissus sains) est opérée via une analyse de l'histogramme qui s'appuie sur l'espace défini par le noyau. [Ozyavru 2011] sont parvenus à segmenter les lésions de la sclérose en plaques en introduisant une nouvelle fonction objectif FCM, qui prend en compte la dépendance spatiale entre les voxels. Cette extension a permis de limiter l'incidence du bruit sur le résultat final.

[Shen S 2008] ont procédé à la segmentation de lésions dues à des infarctus en utilisant le FCM. Ces auteurs ont introduit une mesure d'inconsistance à calculer sur les résultats de la segmentation (celle-ci a été employée afin de déterminer la présence ou non de lésions). [Shen T W 2011] ont utilisé le FCM pour construire une matrice index (qui représente les différentes régions du cerveau) dans le but de détecter les micro-désorganisations focales qui peuvent correspondre aux régions de dysplasie.

Le FCM est venu combler les limites du *K-Means* via l'utilisation de la logique floue (celle-ci est censée faire plus efficacement face à la nature imprécise des IRM cérébrales). Néanmoins, certains inconvénients du *K-Means* sont toujours présents : une grande sensibilité à l'initialisation et l'indication préalable du nombre de clusters. Enfin, il est important de noter que le FCM est hautement sensible à la présence de bruit. Cela s'explique par le fait qu'il contraint la somme des degrés d'appartenance d'un vecteur donné (peu importe l'importance du bruit) à toujours être égale à 1.

### 3.3. Mean Shift

Le *Mean Shift* [Fukunaga 1975] [Comaniciu 2002] est une méthode de classification non paramétrique dans laquelle le nombre de clusters n'a pas besoin d'être spécifié au préalable. Son principe repose sur la recherche des points de plus haute densité dans une distribution de données. Étant donné  $n$  point  $X_i, i = 1, \dots, n$  de dimension  $d$ , l'estimation du noyau de la densité multi-variée obtenue avec le noyau  $K(X)$  et le rayon  $h$  est définie par :

$$f(X) = \frac{1}{nh^d} \sum_{i=1}^n K\left(\frac{X - X_i}{h}\right) \quad (3.8)$$

Pour les noyaux à symétrie radiale, il suffit de définir la forme du noyau  $K(X)$  satisfaisant :

$$K(X) = C_{k,d} k(\|x\|^2) \quad (3.9)$$

où  $C_{k,d}$  est une constante de normalisation qui contraint le noyau à être compatible avec la formulation de  $f(X)$ . Les modes de la fonction de densité se trouvent au niveau des zéros de la fonction de gradient de  $f(X)$  :

$$\nabla f(X)_{h,K} = \frac{2c_{k,d}}{nh^{d+2}} \sum_{i=1}^n (X_i - X) g\left(\left\|\frac{X - X_i}{h}\right\|^2\right) \quad (3.10)$$

$$= \frac{2c_{k,d}}{nh^{d+2}} \left[ \sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{X - X_i}{h}\right\|^2\right) \right] \left[ \frac{\sum_{i=1}^n X_i g\left(\left\|\frac{X - X_i}{h}\right\|^2\right)}{\sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{X - X_i}{h}\right\|^2\right)} - X \right] \quad (3.11)$$

où le premier terme est proportionnel à la densité estimée en  $X$  calculée avec le noyau  $G(X) = c_{g,d} g(\|X\|^2)$  et le second terme appelé  $m_{h,G}(X)$  est le *Mean Shift*. Le vecteur *Mean Shift* pointe toujours vers l'augmentation globale de la densité.

Cet algorithme se déroule suivant un procédé itératif qui alterne entre :

- Calcul du vecteur *Mean Shift*  $m_{h,G}(X)$ .
- Translation du noyau (fenêtre)  $G(X)$  par  $m_{h,G}(X)$ .

La convergence est assurée quand la procédure atteint un point où le gradient de la fonction de densité est égal à 0.



Pour la segmentation des cerveaux sains, [Mayer 2006] ont proposé une nouvelle version du *Mean Shift* qui intègre l'utilisation d'informations spatiales. Leur approche permet notamment de faire face à la nature non convexe du tissu cérébral. [Jimenez-Alaniz 2006] ont utilisé le *Mean Shift* conjointement avec une carte de contours ; celle-ci sert à quantifier la confiance liée à l'existence d'une frontière entre deux régions données de l'image. Ces auteurs ont utilisé un graphe d'adjacence (pour modéliser les résultats obtenus) et un processus de fusion afin d'éliminer les régions insignifiantes.

[Hevia-Montiel 2007] sont parvenus à extraire les lésions liées à l'apparition d'infarctus en utilisant le *Mean Shift*, et en affinant ses résultats avec une carte de contours qui sert à déterminer les frontières entre les différentes régions. Suit alors, une étape de modélisation des régions par un graphe à partir duquel les zones similaires seront fusionnées. [Garcia-Lorenzo 2008a] ont procédé à la segmentation des lésions de la sclérose en plaques en hybridant une approche locale utilisant le *Mean Shift* avec une approche globale utilisant une variante de l'algorithme EM (Section 6.2). Dans le cadre de la segmentation des tumeurs cérébrales, [Farmaki 2010] ont évalué les performances de quatre algorithmes de segmentation : *K-Means*, mixture gaussienne, MRF (Section 6.1), et *Mean Shift*. Les mesures quantitatives réalisées par ces auteurs ont démontré une nette supériorité du *Mean Shift*.

Le *Mean Shift* a pour avantage de ne faire aucune supposition sur la forme de distribution des données, il permet également de s'affranchir de l'indication préalable du nombre de clusters. Ces principaux inconvénients sont une grande complexité de calcul, le choix supervisé du noyau (et de sa taille), ainsi qu'une sur-segmentation relativement importante.

## 4. Courbe

Cette approche a recours à un contour qui évolue dans le temps à travers un processus d'optimisation.

### 4.1. Contour actif

Le modèle du contour actif (en anglais *Snake* à cause de sa manière d'évoluer comme un serpent) introduit pour la première fois par [Kass 1988] a pour principe de faire évoluer un contour dans une image, jusqu'à ce qu'il épouse les caractéristiques qui correspondent à une région d'intérêt. Il s'appuie sur la minimisation de l'énergie suivante :

$$E[(C)(p)] = \alpha \int_0^1 E_{int}(C(p))dp + \beta \int_0^1 E_{img}(C(p))dp + \gamma \int_0^1 E_{con}(C(p))dp \quad (3.12)$$

tel que  $C$  est le contour et  $p$  un de ses points.  $E_{int}$  est une contrainte de régularité/lissage qui s'applique tout ou long du contour. Elle est composée de deux termes qui empêchent l'étirement et le pliage :

$$E_{int}(C(p)) = w_{tension}(C(P)) \left| \frac{\partial C}{\partial p}(p) \right|^2 + w_{stiffness}(C(p)) \left[ \frac{\partial^2 C}{\partial p^2}(p) \right]^2 \quad (3.13)$$

où le premier terme fait agir le *Snake* comme une membrane alors que le second le fait agir comme une plaque fine.

$E_{img}$  guide le *Snake* vers les propriétés de la région d'intérêt (les forts gradients). Elle est composée de trois termes :

$$E_{img}(C(p)) = w_{line}(C(p)) + w_{edge}E_{edge}(C(p)) + w_{term}E_{term}(C(p)) \quad (3.14)$$

Le premier terme guide le *Snake* vers une ligne, le deuxième vers un contour, alors que le troisième le guide vers un autre critère de terminaison qui reste à spécifier.

$E_{con}$  peut être utilisée par l'utilisateur pour ajouter d'autres contraintes, ou bien des connaissances *a priori* sur la structure à reconnaître. À noter que  $\alpha$ ,  $\beta$ , et  $\gamma$  servent à pondérer les différents constituants de  $E[(C)(p)]$ .

[Atkins 1998] combinent seuillage, filtre de diffusion anisotropique, et opérations morphologiques (Section 7.1) afin de générer un masque initial du cerveau destiné à guider l'évolution d'un contour actif. [Han 2001] ont décrit un nouveau concept de modèle déformable qui contrairement aux modèles classiques, préserve la topologie de l'objet à segmenter tout en assurant une grande précision (des courbes qui ne s'intersectent pas). Cette méthode a été appliquée avec succès dans l'extraction de la surface interne, externe, et centrale du cerveau. Afin d'opérer une extraction du cerveau, [Kim 2005] ont procédé à l'élimination du fond en se basant sur la distribution de Rayleigh [Rayleigh 1919]. Cette étape est suivie d'un seuillage qui sert à séparer les tissus cérébraux des autres tissus. Ces auteurs appliquent ensuite un opérateur de détection de contours afin d'extraire les limites du cerveau et les utilisent comme repères dans l'évolution d'un *Snake*. [Liu J X 2009] ont développé un système d'extraction du cerveau basé sur l'utilisation d'un modèle déformable. L'algorithme opère sur les deux coupes (sagittale

et coronale en même temps). Il fusionne ensuite les résultats pour aboutir à une meilleure caractérisation de la surface corticale.

[Metaxas 2006] ont proposé un nouveau modèle de contour actif qui intègre des informations sur la forme et la texture de l'image. Ils l'ont utilisé pour la segmentation du cœur et des tumeurs cérébrales. [Guoqiang 2010] ont construit un système semi-automatique pour la segmentation des tumeurs cérébrales qui hybride une forme plus évoluée du contour actif [Xu 1998] (en anglais *Gradient Vector Flow* (GVF)) avec un détecteur de contour classique [Canny 1986] ; les résultats de ce dernier sont exploités par le GVF. La phase initiale de ce système implique tout de même une délimitation manuelle de la tumeur par l'utilisateur.

[Freifeld 2007] sont parvenus à extraire les lésions de la sclérose en plaques à l'aide d'un contour actif à la suite d'une modélisation des tissus cérébraux par une mixture gaussienne ; à ce niveau, les lésions de la sclérose en plaques sont considérées comme des données aberrantes.

Il y a plusieurs avantages inhérents à l'utilisation des contours actifs dans le cadre des IRM cérébrales ; une complexité relativement soutenable, une bonne représentation des structures qu'elles soient ouvertes ou fermées, ou encore la possibilité d'introduire aisément des connaissances *a priori* dans le corps de la méthode (l'interaction avec l'utilisateur en fait partie). Mais ce paradigme de segmentation présente également un certain nombre d'inconvénients ; une grande dépendance à l'initialisation, la difficulté à faire face aux changements de topologie, ou encore l'estimation des paramètres internes de la courbe qui se fait sur la base du calcul de dérivées d'ordre supérieur.

## 4.2. Ensembles de niveaux

La méthode ensembles de niveaux (en anglais *Level Set*) a été proposée pour la première fois par [Osher 1988] où elle a été utilisée pour la propagation frontale appliquée aux vagues et aux flammes. Cette méthode [Osher 2003] a pour principe de représenter implicitement une courbe comme l'ensemble de niveau zéro d'une fonction unique :  $\phi(x, y): \Omega \rightarrow R$  où  $\Omega$  est un sous-ensemble ouvert et borné de  $R^2$ . La  $k$  ème courbe  $C$  est définie par :

$$C = \{(x, y) | \phi(x, y) = k\} \quad (3.15)$$

L'approche la plus communément utilisée afin de faire progresser la courbe est de laisser la fonction  $\phi$  évoluer à travers le temps. Un paramètre temps  $t$  est donc artificiellement ajouté :

$$\phi(t, x, y) = 0 \quad (3.16)$$

Pour résoudre l'équation, la méthode de la descente de gradient est généralement utilisée. Ce qui amène à la formulation suivante :

$$\frac{\partial \phi(t, x, y)}{\partial t} + \nabla(t, x, t) \frac{d\vec{x}}{dt} = 0 \quad (3.17)$$

où  $\frac{d\vec{x}}{dt}$  est la vitesse du point  $x = (x, y)$  à travers le temps.  $\nabla$  est l'opérateur du gradient.

[Baillard 2001] ont développé une méthode d'extraction du cerveau en combinant le *Level Set* et un atlas anatomique. Le *Level Set* étant sensible à l'initialisation, les informations *a priori* fournies par l'atlas permettent de lui fournir un bon positionnement de départ et d'accélérer sa convergence. Toujours en matière d'extraction, [Zhuang 2004] ont proposé d'améliorer la fonction gérant la progression du *Level Set* afin d'obtenir des résultats plus stables. Leur méthode nécessite néanmoins une interaction manuelle avec l'utilisateur afin de déterminer le point de départ de l'évolution de la courbe.

[Ciofolo 2004] ont proposé une hybridation entre l'approche *Level Set* et la logique floue [Klir 1995] pour segmenter les différentes matières cérébrales. La logique floue joue ici le rôle d'arbitre entre deux types d'informations dérivées de l'image : gradient et région ; ces informations sont regroupées au sein d'une seule et même force de propagation. [Bourouis 2008] ont traité le problème lié à l'initialisation du *Level Set* en utilisant dans un premier temps une segmentation qui combine un atlas anatomique et l'algorithme EM (Section 6.2) (pour l'estimation des différents tissus). Les résultats de cette étape servent dans un second temps de point de départ au *Level Set* pour discriminer les différents tissus cérébraux. [Ettaieb 2010] ont intégré au *Level Set* un ensemble de contraintes statistiques décrivant l'ensemble des formes à reconnaître (putamen, thalamus, et noyaux caudés). Ces contraintes ont été déterminées par un apprentissage supervisé et sont utilisées directement pour guider l'évolution de la courbe.

Afin de segmenter les tumeurs cérébrales, [Ho 2002] ont proposé de créer une carte de probabilité d'appartenance à la tumeur ; en comparant les images T1 originales et T1 rehaussées avec un produit de contraste (gadolinium). Cette carte est ensuite utilisée pour initialiser le *Level Set* et guider l'évolution de sa courbe. [Xue 2010] ont proposé une approche *Level Set* qui s'appuie sur le gradient de l'image et la distribution des intensités du niveau de gris. Cette méthode est applicable en 3D mais une extension temporelle 4D a également été proposée par les auteurs (dans tous les cas la position initiale de la tumeur doit être indiquée par l'utilisateur). [Cho 2010] ont proposé une nouvelle fonction de propagation pour le *Level Set* qui intègre

plusieurs informations de natures différentes : contour, région, et longueur minimum de la courbe. Cette approche a été appliquée pour la segmentation des tumeurs cérébrales et les résultats obtenus ont révélé une forte robustesse face aux IRM de faible résolution et contraste.

[Colliot 2006b] ont développé un système de segmentation à deux niveaux (basé sur le *Level Set*) pour les lésions cortico-focales provoquées par la dysplasie. Le premier niveau s'appuie sur une carte de probabilité qui est dérivée à partir de plusieurs paramètres : l'épaisseur corticale, l'intensité relative, ainsi que le gradient de l'image. Le deuxième niveau, pour sa part, procède à l'exploitation des résultats du premier niveau pour étendre la délimitation de la lésion à travers la surface corticale.

Le *Level Set* constitue une approche puissante et élégante pour la représentation implicite (non paramétrique) des courbes et des propriétés géométriques de l'image. Cette méthode est capable de gérer aussi bien le changement de topologie que la description des objets constitués de plusieurs composants. Son utilisation (dans la littérature) pour segmenter les IRM cérébrales peut porter d'une part, sur le tissu cérébral sain et/ou pathologique (matière grise, matière blanche, liquide céphalo-rachidien, tumeur, etc.) et d'autre part, sur la segmentation de structures anatomiques précise comme les ventricules, les noyaux caudés, etc. Ses principales limites résident dans sa forte complexité, l'approximation numérique de l'évolution de sa courbe, ou encore sa sensibilité à l'initialisation.

## 5. Théorie des graphes

Soit  $G(V, E)$  un graphe non orienté tel que  $V$  est l'ensemble de ses sommets et  $E$  est l'ensemble de ses arêtes (à chaque arête  $e \in E$  est associé un coût non négatif). Soient  $s$  et  $t$  deux sommets spéciaux (terminaux) dans le graphe appelés source et puits, respectivement. À l'exception des sommets terminaux, tous les sommets du graphe font référence à des entités bien définies (réelles). Une coupe (en anglais *cut*)  $C$  sur le graphe  $G$  est une partition de  $V$  en deux sous-ensembles disjoints  $S$  et  $T = V - S$  tel que  $s \in S$  et  $t \in T$ . Le coût de la coupe correspond à la somme des coûts de toutes les arêtes qui ont été coupées. Le problème de la coupe minimale consiste alors à trouver la coupe avec le coût (énergie) minimum :

$$\text{Coût}(C) = \sum_{e_{i,j} \in C} w_{i,j} \quad i, j \in V \quad (3.18)$$

où  $e_{i,j}$  représente l'arête connectant le sommet  $i$  au sommet  $j$  et  $w_{i,j}$  représente le coût associé à cette arête.

Lorsqu'on a affaire à la segmentation des volumes IRM, les sommets du graphe peuvent par exemple correspondre aux voxels  $P$  de l'image plus deux autres nœuds terminaux représentant d'une part l'objet à segmenter  $O$  et d'autre part le fond  $B$ . L'objectif sera alors de rechercher une labélisation de  $P$  qui aura un coût minimal. L'algorithme coupe de graphe [Boykov 1999] (en anglais *Graph Cut*) permet de résoudre un tel problème. Formellement, cela consiste à minimiser une fonction d'énergie définie sur le graphe  $G$  en s'appuyant sur le calcul de la coupe de coût minimal :

$$E = \sum_{p \in P} \left( D_p(f_p) + \sum_{q \in N(p)} V_{p,q}(f_p, f_q) \right) \quad (3.19)$$

où  $E$  est l'énergie,  $p$  et  $q$  sont les voxels,  $N$  est le voisinage formé par la connectivité du sommet.  $D_p$  mesure le coût de l'affectation du voxel  $p$  à l'ensemble  $f_p$  et  $V_{p,q}$  mesure le coût de l'affectation des deux voxels adjacents  $p$  et  $q$  au même ensemble.

[Sadanathan 2010] ont utilisé l'approche *Graph Cut* afin de supprimer les connexions entre tissus cérébraux et tissus non cérébraux à partir d'images T1 binarisées. Une étape de post-traitement (érosion, dilatation) est également appliquée sur le cerveau extrait obtenu afin de restituer les éventuelles pertes causées par les étapes précédentes.

[Freedman 2005] sont parvenus à améliorer les résultats de l'approche *Graph Cut* en lui spécifiant un ensemble de formes à reconnaître *a priori* et en permettant à l'utilisateur d'ajuster les résultats de manière interactive (cette approche a été appliquée entre autres à la délimitation de structures cérébrales). Pour séparer les tissus cérébraux sains, [Song 2006] ont utilisé l'approche *Graph Cut* en conjonction avec un atlas anatomique. La segmentation est réalisée à travers un processus itératif qui utilise d'une part les informations *a priori* (atlas) et d'autre part des informations dérivées de l'image (régions, contours). [Wang 2008] ont utilisé une version plus puissante et plus stable de la méthode *Graph Cut* (*N-Cut* [Shi 2000]) comme étape de post-traitement afin de corriger la sur-segmentation produite par l'algorithme *Watershed* (Section 7.2). Les résultats avancés par les auteurs surpassent ceux du FCM standard.

Afin d'extraire les tumeurs cérébrales, [Chen V 2010] ont proposé une méthode de segmentation basée sur l'approche *Graph Cut* (cette dernière s'appuyant sur les propriétés de

regroupement perceptuel des voxels). La mise en œuvre de cette idée s'appuie sur la théorie spectrale des graphes [Chung 1997] (l'étude des propriétés des graphes par rapport aux matrices qu'on peut leur associer). [Feng 2011] ont proposé un système de segmentation basé sur l'apprentissage d'un classifieur KNN [Fix 1951]. Celui-ci sert à définir une carte de probabilité (déterminer le degré d'appartenance d'un voxel donné à la tumeur) qui sera exploitée dans la construction d'une fonction coût (optimisée par l'algorithme *Graph Cut*).

[Lecoeur 2008] ont développé un système semi-automatique pour la segmentation des lésions de la sclérose en plaques qui utilise plusieurs modalités IRM (l'ensemble des modalités est assimilé à un espace couleur de type RGB). Ces auteurs ont procédé au calcul du gradient spectral de cet espace et l'ont utilisé pour segmenter l'image à l'aide de la méthode *Graph Cut*. Afin de segmenter les lésions cortico-focales inhérentes à la dysplasie, [Despotovic 2011] ont proposé un framework basé sur l'hybridation de *Graph Cut* avec les MRF (Section 6.1). Cette méthode assume l'existence de trois classes (matière grise, matière blanche, et liquide céphalo-rachidien) et utilise l'intensité et la localisation de contours pour segmenter l'image.

L'utilisation de la théorie des graphes permet une modélisation puissante de l'image et ouvre la voie à l'utilisation de toute la panoplie d'outils et d'algorithmes développés dans le cadre de ce domaine. L'approche *Graph Cut* est applicable à différents niveaux ; directement sur les voxels (très complexe), tel que ces derniers représentent les sommets du graphe et les liens qui les relient représentent une proximité en termes de : niveau de gris, texture, etc. Mais on peut également l'utiliser sous une forme plus subtile ; les sommets du graphe font référence à des entités plus complexes (des régions entières de l'image). Cette dernière approche (dotée d'une complexité plus faible) est la plus utilisée, notamment comme étape de post-traitement pour des algorithmes tel que le *Watershed* (Section 7.2) ou le *Mean Shift* qui produisent une importante sur-segmentation.

## 6. Statistiques

Les méthodes décrites dans cette section effectuent des raisonnements probabilistes pour segmenter l'image.

### 6.1. Champs aléatoires de Markov

L'information contenue dans une image est souvent bien plus complexe que l'intensité du niveau de gris qu'arbore chacun de ces pixels. Généralement, les objets « pertinents » dans une image sont décrits par des mesures d'ordre supérieur ; texture, contour, région,...etc. Ces



mesures font intervenir le concept d'interaction entre pixels, ce qui implique que, la plupart du temps, la valeur d'un pixel n'est pas significative en soi, mais elle le devient par rapport aux pixels voisins. Les champs aléatoires de Markov [Geman 1984] (en anglais, *Markov Random Fields* (MRF)) ont la capacité de modéliser les interactions entre un pixel et son voisinage.

Soit  $d_s$  la valeur du descripteur du site  $s$ ,  $N_s$  le système voisinage,  $(d^s) = (d_t)_{t \neq s}$  la configuration de l'image sans prendre en compte le site  $s$ ,  $C$  l'ensemble des cliques (singleton ou un ensemble de sites voisins les uns des autres ; dépendent du système de voisinage utilisé), et  $U(d) = \sum_{c \in C} U_c$  la somme des potentiels de toutes les cliques de l'image (l'énergie globale).  $M$  est un champ de Markov si et seulement si :

$$P(M_s = d_s / d^s) = P(M_s = d_s / d_t, t \in N_s) \quad (3.20)$$

Ce qui veut dire que le niveau de gris d'un site  $s$  ne dépend que du niveau de gris des sites voisins de  $s$ . La modélisation markovienne montre alors toute sa force à travers l'expression des probabilités conditionnelles locales. Ceci est fait via le champ de Gibbs :

$$P(M = d) = \frac{1}{Z} \exp(-U(d)) \quad (3.21)$$

tel que  $Z = \sum_{d \in \Omega} \exp(-U(d))$  est une constante de normalisation appelée fonction de partition de Gibbs. En pratique, il est impossible de calculer cette constante à cause de l'explosion combinatoire. Le théorème de Hammersley-Clifford [Hammersley 1971] permet alors de lier les probabilités globales et locales :

$$P(M_s = d_s / d^s) = \frac{\exp(-U_s(d_s / N_s))}{\sum_{\xi \in E} \exp(-U_s(\xi / N_s))} \quad (3.22)$$

Cette modélisation permet d'opérer une segmentation d'image ; soit  $K$  le nombre de régions qu'on veut produire, chaque région est caractérisée par une étiquette  $\{1, \dots, K\}$ . Segmenter une image se ramène à estimer le champ des étiquettes  $M$  en partant d'une réalisation bruitée de l'image  $Y$ . En supposant que la réalisation de l'image est indépendante pour chaque site, on obtient :

$$P(Y|M) = \prod_{s \in S} P(y_s | d_s) \quad (3.23)$$

À l'aide au théorème de Bayes et en partant de  $Y$  on a :



$$P(M|Y) = \frac{P(Y|M) \times P(M)}{P(Y)} \quad (3.24)$$

Il s'agit alors d'analyser  $P(Y|M)$  et  $P(M)$  en sachant  $P(Y)$  tel que :

$P(Y)$  est une constante indépendante de la réalisation de  $M$ .

$P(Y|M)$  décrit le processus d'observation et d'acquisition des données (l'hypothèse la plus communément admise est l'indépendance conditionnelle des pixels).

$P(M)$  décrit une probabilité *a priori* sur la distribution des étiquettes (par rapport à un domaine d'application particulier). Le plus souvent, un modèle de points avec des potentiels d'ordre deux est utilisé :

$$P(M) = \frac{1}{Z} \exp\left(-\beta \sum_{c=\{s,t\}} \phi(d_s - d_t)\right) \quad (3.25)$$

tel que  $\beta$  est une constante de régularisation ; plus elle est grande et plus la transition entre régions est pénalisée. La distribution de Gibbs du champ *a posteriori* s'écrit alors :

$$U(x) = \sum_{s \in S} \left[ \frac{(y_s - \mu_{ds})^2}{2\sigma_{ds}} + \frac{1}{2} \log(2\pi)\sigma_{ds} \right] + \beta \sum_{c=\{s,t\}} \phi(d_s - d_t) \quad (3.26)$$

$\mu_{ds}$  et  $\sigma_{ds}$  font référence à la moyenne et à l'écart type de  $ds$ , respectivement. Le choix de  $\phi$  est déterminant pour le résultat final (segmentation lisse ou dure).

L'estimation du champ des étiquettes peut généralement se faire de deux manières. Premièrement, via une minimisation de l'énergie en employant une méthode d'optimisation. Deuxièmement, via l'utilisation d'une fonction coût proportionnelle au nombre de pixels mal classifiés.

[Chen T 2004] ont relevé la similarité en termes de performances entre les MRF cachés [Zhang Yongyue 2001] et la mixture gaussienne finie pour la segmentation d'IRM cérébrales peu bruitées. Les auteurs ont ainsi proposé pour ce type d'images, un nouveau formalisme markovien (plus performant) qui utilise un système de voisinage pondéré. [Wu J 2009] ont proposé un système de segmentation pour les structures cérébrales profondes (noyaux caudés, thalamus, putamen) qui modélise le contenu cérébral par un arbre de dépendance markovien. Ce système n'a besoin que d'un seul exemple pour apprendre et la recherche de structures se fait de manière hiérarchique en commençant toujours avec la plus simple à délimiter ; ventricule → noyaux caudés → thalamus. [Yousefi 2010] ont traité le problème d'optimisation MRF pour la segmentation des cerveaux sains à travers une hybridation entre un algorithme

génétique et le recuit simulé. Les résultats obtenus ont montré une plus grande robustesse face au bruit ainsi qu'une convergence plus rapide.

[Capelle 2000] ont réussi à segmenter plusieurs sortes de tumeurs cérébrales en utilisant les MRF et le critère du Maximum *A Posteriori* (MAP). Les auteurs ont également pris soin au préalable de lisser l'image avec le filtre de diffusion anisotropique [Perona 1990] afin d'affiner la discrimination des différents tissus cérébraux. [Bauer 2010] ont procédé à la segmentation des tumeurs cérébrales en simulant leur évolution à partir d'un atlas anatomique. Cette évolution est réalisée grâce à un modèle de déplacement basé sur les MRF. Ce système prend également en compte l'éventuel effet de masse qui peut apparaître.

[Sajja 2006] sont parvenus à segmenter les lésions de la sclérose en plaques en utilisant dans un premier temps les fenêtres de Parzen [Duda 2001] (estimation non paramétrique des différents tissus). Dans un deuxième temps, ces résultats sont exploités par une approche paramétrique (MRF cachés [Zhang Yongyue 2001] et l'algorithme EM (Section 6.2)) afin d'éliminer les éventuelles erreurs. Les lésions sont finalement délimitées à l'aide de la CF [Udupa 1996]. [Khayatia 2008] ont proposé un système de segmentation des lésions de la sclérose en plaques combinant MRF et un modèle de mixture adaptative ; toutes les données sont comparées aux termes de densité par rapport à la distance qui les sépare. Si la distance à un terme est plus grande qu'un certain seuil, alors un nouveau terme est créé. Sinon, l'estimation des paramètres est effectuée de manière classique par l'algorithme EM (Section 6.2). Toujours dans le contexte de la sclérose en plaques, [Bricq 2008] ont proposé une méthode de segmentation basée sur la détection de données aberrantes (données qui s'éloignent d'un modèle spécifique). Ces auteurs ont également intégré une régularisation spatiale à leur méthode en utilisant les chaînes de Markov cachées [Bandoh 1999].

[Kabir 2007] ont proposé une nouvelle méthode de segmentation pour les lésions provoquées par les infarctus ischémiques. Cette méthode qui utilise un formalisme markovien multimodal a surpassé en termes de performance les approches utilisant une seule modalité. [Schwarz 2011] ont investigué les performances des MRF à segmenter les cerveaux âgés en comparant plusieurs méthodes d'optimisation. Ils ont déduit que les performances de chaque méthode varient grandement en fonction des critères utilisés et suivant qu'on a affaire à des cerveaux jeunes ou à des cerveaux âgés.

Le formalisme markovien est un moyen puissant pour décrire les relations spatiales entre les voxels. La régularisation qu'il introduit permet de contraindre localement la valeur d'un point

en prenant en compte les propriétés de son voisinage. Cette régularisation est hautement bénéfique notamment en présence d'environnements extrêmement bruités ; elle provoque un lissage de l'image. Les MRF sont la plupart du temps employés en conjonction avec d'autres méthodes qui n'intègrent pas d'informations spatiales (afin d'affiner leurs résultats). La mise en œuvre des MRF implique néanmoins un certain nombre de points critiques : une complexité très élevée, le choix de la méthode d'optimisation, la taille du voisinage, ainsi que le modèle de points.

## 6.2. Espérance-Maximisation

Soit  $X$  un échantillon de données composé de  $n$  éléments  $(X_1, X_2, \dots, X_n)$  de dimension  $d$ . On considère que chaque élément de  $X$  appartient à un groupe parmi un ensemble de  $k$  groupes  $(G_1, G_2, \dots, G_k)$  fixé au préalable ; chaque groupe suit une loi de probabilité qui lui est propre. Si on suppose que tous les groupes suivent une loi normale, alors on se place dans le cadre d'une mixture gaussienne ; chaque groupe est décrit par une moyenne  $u_i$  et une matrice de variance-covariance  $\Sigma_i$ . En désignant par  $\pi_1, \pi_2, \dots, \pi_k$  les proportions des différents groupes, par  $\theta_i(u_i, \Sigma_i)$  les paramètres de la loi normale que suit chaque groupe, et par  $\phi = (\pi_1, \dots, \pi_k, \theta_1, \dots, \theta_k)$  le paramètre général du mélange, la loi que suit l'échantillon s'écrit alors comme suit :

$$g(X, \phi) = \sum_{i=1}^k \pi_i N(X, \theta_i) \quad (3.27)$$

tel que  $N(X, \theta_i)$  désigne la loi normale multidimensionnelle paramétrée par  $\theta_i$ . L'objectif est alors d'estimer le paramètre  $\theta_i$  maximisant le log vraisemblance suivant :

$$L(X, \phi) \sum_{j=1}^n \log \left( \sum_{i=1}^k \pi_i N(X_j, \theta_i) \right) \quad (3.28)$$

En pratique, cette maximisation suivant  $\phi$  s'avère extrêmement complexe. C'est là où intervient l'algorithme Espérance-Maximisation [Dempster 1977] (en anglais *Expectation-Maximisation* (EM)). L'algorithme EM est l'un des algorithmes les plus utilisés pour l'estimation de densité d'un ensemble de points de manière non supervisée. Plus explicitement, l'algorithme cherche à estimer le maximum de vraisemblance de paramètres manquants (ou non disponibles) dans le cas où le modèle de données dépendrait de certaines variables latentes. Il est composé de deux étapes : une étape d'espérance (E) et une étape de maximisation (M) qui s'alternent jusqu'à la convergence. L'étape E calcule l'espérance de la vraisemblance en incluant les variables

latentes comme si elles étaient observées. Alors que l'étape M procède à l'estimation de la vraisemblance maximale des paramètres en maximisant la vraisemblance calculée à l'étape E. Quand l'estimation est terminée, chaque élément est affecté à la classe à laquelle il appartient le plus en termes de probabilités :

$$P(G_i|X_j) = \frac{\pi_i N(X_j, \theta_i)}{\sum_{l=1}^k \pi_l N(X_j, \theta_l)} \quad (3.29)$$

À partir de tests effectués sur plusieurs cas sains et pathologiques, [Kovacevic 2002] définissent une courbe au niveau de l'histogramme joint des deux séquences T2 et DP. Celle-ci étant censée déterminer la limite (seuil) entre tissu cérébral et tissu non cérébral. Néanmoins, l'image résultante nécessite parfois une interaction manuelle afin d'enlever les tissus extra-cérébraux qui demeurent. [Huang A 2006] parviennent à extraire le cerveau à partir des IRM T1 en combinant contours géodésiques et algorithme EM. Ce dernier est utilisé en deux temps : tout d'abord comme estimateur de tissus (matière grise et matière blanche) pour initialiser le contour géodésique et ensuite dans une étape de post-traitement afin d'affiner les résultats.

[Zhang Yongyue 2001] ont procédé à une hybridation entre les MRF cachés et l'algorithme EM afin de segmenter les tissus cérébraux sains. À ce niveau, le module markovien apporte à l'algorithme EM les informations spatiales qui lui manquent habituellement, ce qui lui permet d'exhiber davantage de résistance face au bruit. [Greenspan 2006] ont modélisé les différents tissus cérébraux (matière grise, matière blanche et liquide céphalo-rachidien) en utilisant plusieurs gaussiennes pour chaque tissu ; ceci afin de saisir toute leur complexité. Ils ont ensuite utilisé l'algorithme EM afin de calculer les paramètres de cette mixture et d'opérer la segmentation finale en maximisant la probabilité *a posteriori*. Suivant la même optique, [Zhu F 2010] ont intégré des informations contextuelles ainsi qu'une mesure de corrélation entre pixels au sein d'une mixture gaussienne (modélisant les tissus du cerveau). L'estimation des paramètres de cette mixture est assurée à l'aide de l'algorithme EM.

Afin de segmenter les tumeurs cérébrales, [Moon 2002] ont proposé une extension de l'algorithme EM qui utilise des informations sur la localisation de la tumeur (obtenues en opérant une soustraction entre les deux images sans et avec utilisation du produit de contraste). Ces informations sont ensuite utilisées pour modifier un atlas probabiliste et produire la segmentation finale. [Toumi 2007] ont construit un système de segmentation basé sur deux étapes (dont les résultats seront superposés). La première comprend l'utilisation d'une variante

de l'algorithme FCM [Pal 2004] afin de segmenter les tumeurs cérébrales. La deuxième étape consiste à appliquer l'algorithme EM afin de segmenter les structures internes du cerveau.

[Dugas-Phocion 2004] ont proposé un système hiérarchique pour la segmentation des lésions de la sclérose en plaques ; la première étape consiste à opérer un seuillage sur les séquences T2 FLAIR, étant donné que celles-ci permettent de bien rendre compte de ce type de lésions. Ensuite, le résultat de cette étape est utilisé par l'algorithme EM afin de faire ressortir la composition des lésions en T1 et T2. [Li L 2006] ont utilisé l'algorithme EM conjointement avec les MRF dans un système de segmentation dédié à la sclérose en plaques. Ces auteurs ont utilisé le critère MAP afin d'affecter les voxels aux différentes classes ; leur approche permet également de quantifier le volume cérébral sain. [Garcia-Lorenzo 2008b] ont employé l'algorithme EM dans un système de détection des lésions de la sclérose en plaques qui comprend trois étapes : estimation des tissus normaux, raffinement des zones aberrantes, et application d'un ensemble de règles *a priori* afin de faire ressortir les lésions.

Dans le but de segmenter les lésions inhérentes aux AVC, [Agam 2006] ont proposé une méthode de segmentation basée sur l'algorithme EM qui a pour entrées plusieurs modalités IRM. À la phase de modélisation tout comme à la phase d'estimation, les auteurs ont privilégié la distribution alternative à la distribution gaussienne dans le but de diminuer la complexité de calcul et d'augmenter la robustesse face au bruit.

L'algorithme EM se caractérise par une complexité relativement élevée ainsi qu'une vitesse de convergence très faible. Cela rend son utilisation sur de grandes bases d'images extrêmement rebutante. Il est facilement attiré par les minima locaux et ne tient absolument pas compte de la répartition spatiale des voxels. Quand cet algorithme est utilisé, il est commun de supposer que les différents tissus cérébraux sont modélisables par une distribution gaussienne. Mais cette hypothèse n'est pas toujours vraie étant donné le nombre d'artefacts qui peuvent affecter les IRM cérébrales.

## 7. Structure

La morphologie mathématique [Matheron 1975] [Serra 1983] est un outil qui permet d'explorer la structure géométrique d'un objet dans une image. C'est une discipline qui puise ses concepts aussi bien dans l'algèbre, que dans la topologie, ou encore dans la théorie des probabilités. Son champ d'application s'est étendu ces dernières années à des domaines tels que

le filtrage, le rehaussement de contraste, ou encore la quantification et la modélisation des images.

## 7.1. Opérateurs morphologiques

Les opérations de base de la morphologie mathématique se fondent sur deux principaux opérateurs que sont l'érosion et la dilatation.

L'érosion d'une image  $I$  par un élément structurant  $B$  est définie par :

$$\epsilon_B(I) = I \ominus B \quad (3.30)$$

Pour chaque position de  $B$  sur  $I$ , si tous les points de  $B$  font partie de  $I$ , alors l'origine de  $B$  est incluse dans l'image résultat.

La dilatation d'une image  $I$  par un élément structurant  $B$  est définie par :

$$\delta_B(I) = I \oplus B \quad (3.31)$$

Pour chaque position de  $B$  sur  $I$ , si au moins un des points de  $B$  fait partie de  $I$ , alors l'origine de  $B$  est incluse dans l'image finale.

L'ouverture d'une image  $I$  par un élément structurant  $B$  consiste en une érosion suivit d'une dilatation :

$$\gamma_B(I) = \delta_B(\epsilon_B(I)) \quad (3.32)$$

La fermeture d'une image  $I$  par un élément  $B$  consiste en une dilatation suivie d'une érosion :

$$\phi_B(I) = \epsilon_B(\delta_B(I)) \quad (3.33)$$

[Yunjie 2009] parviennent à opérer une extraction du cerveau en utilisant une méthode de morphologie mathématique 3D. Ils ont également pris soin de corriger l'effet du champ de biais à l'aide d'un modèle de mixture gaussienne adaptatif estimé à l'aide de l'algorithme EM. [Gao 2009] ont utilisé un filtrage anisotropique conjointement avec un détecteur de contours afin de guider un processus d'érosion et de dilatation ayant pour but d'extraire le cerveau. [Somasundaram 2010] ont développé un système d'extraction du cerveau qui se base sur un seuillage bi-niveau et des opérations d'érosion et de dilatation (afin de séparer le cerveau des composants superflus). Ce système gère aussi les coupes où il y a une non-connexité cérébrale.

[Stokking 2000] ont conçu une méthode de segmentation automatique du tissu cérébral sain (à partir d'images IRM T1) combinant seuillage, érosion, et dilatation géodésique. Dans une approche similaire [Akram 2011] ont proposé un système de détection de tumeurs cérébrales utilisant : un seuillage global pour isoler la tumeur, une érosion et une dilatation pour éliminer les zones aberrantes, et enfin une technique de fenêtrage afin d'estomper les tissus extra-cérébraux qui demeurent.

Les opérations d'érosion et de dilatation tout comme les opérations d'ouverture et de fermeture constituent des approches simples, rapides, et intuitives pour analyser la structure des objets présents dans l'image. Mais leur utilisation en tant que telles n'est généralement pas suffisante pour obtenir une bonne segmentation du tissu cérébral. C'est pour cette raison qu'elles sont la plupart du temps employées conjointement avec des approches plus puissantes (en tant qu'étape de prétraitement ou de post-traitement afin d'améliorer les résultats). Il faut également noter que le choix de l'élément structurant est non trivial.

## 7.2. Ligne de partage des eaux

L'algorithme de la ligne de partage des eaux (en anglais *Watershed algorithm*) proposé par [Digabel 1978] est un algorithme qui découle directement de la morphologie mathématique. Son principe réside dans le fait de considérer l'image à segmenter comme une carte topographique (relief) ou les intensités des pixels (niveaux de gris) sont assimilées à des altitudes. L'algorithme procède alors à l'immersion progressive de ce relief en utilisant pour points de départ les minima de l'image, ce qui amène à la création de plusieurs bassins versants. Une ligne de partage des eaux est définie comme étant la crête formant la limite entre deux bassins versants. La mise en œuvre de l'algorithme peut se faire suivant deux approches : la première basée sur l'immersion récursive, et la seconde basée sur l'utilisation des distances géodésiques. Il est à noter que le plus commun pour l'immersion est d'utiliser le gradient de l'image plutôt que l'image elle-même.

[Hahn 2000] ont construit un système d'extraction du cerveau (traitant la modalité T1) en utilisant une version modifiée de l'algorithme *Watershed* ; supposition d'une connexité totale de la matière blanche et remplissage préliminaire des bassins versants. [Zhu H 2009] parviennent à réduire le problème de sur-segmentation inhérent à l'utilisation de l'algorithme *Watershed* en utilisant un opérateur de filtrage morphologique multi-échelle et en l'appliquant à l'extraction du cerveau à partir d'images IRM T2. Afin d'éviter la destruction de matière grise corticale induite par les algorithmes d'extraction standards, [Carass 2011] ont développé un



système tirant avantage de plusieurs approches existantes ; FCM, atlas, opérations morphologiques et algorithme *Watershed*.

[Zhenyu 2006] ont segmenté les différents tissus cérébraux en utilisant l'algorithme *Watershed*, tel que la sur-segmentation dont souffre ce dernier a été corrigée en deux temps ; au niveau du prétraitement par le filtre de diffusion anisotropique [Perona 1990] et au niveau du post-traitement par un seuillage multi-contexte dans le domaine de la transformée en ondelettes. Suivant la même problématique, [Peng 2006] ont proposé une nouvelle version de l'algorithme *Watershed* qu'ils ont assujéti à une immersion multi-degré (l'étape d'inondation diffère suivant le degré d'intensité). En termes de performances, cette approche s'est révélée être plus précise et moins coûteuse en temps de calcul que la version classique.

[Dam 2004] ont construit un système interactif pour la segmentation des tumeurs cérébrales basé sur une décomposition multi-échelle de l'image ainsi que sur l'algorithme *Watershed*. Ces auteurs ont ainsi tiré profit d'informations présentes sur plusieurs niveaux de résolution. [Singh 2009] ont développé une méthode d'extraction des tumeurs cérébrales basée sur une version de l'algorithme *Watershed* utilisant des marqueurs de contrôle. Ces marqueurs servent à indiquer un nombre réduit de régions qui correspondent aux minima du gradient de l'image. Les résultats obtenus s'avèrent grandement robustes face au problème de sur-segmentation. [Bhat 2010] ont également utilisé la même approche, mais ils ont en plus exploité ses résultats pour l'initialisation d'un contour actif qui produira la segmentation finale (plus raffinée) de la tumeur.

L'algorithme *Watershed* constitue une méthode simple, intuitive, et peu coûteuse pour la segmentation des IRM cérébrales. Cependant, l'amplitude du phénomène de sur-segmentation engendrée par cette méthode la rend totalement incapable de fournir une segmentation juste et fiable des différents tissus cérébraux (surtout pour le cas d'IRM hautement bruitées). C'est pour cette raison que son utilisation dans la littérature se fait toujours conjointement avec d'autres approches plus puissantes.

## 8. Conclusion

Au cours de ce chapitre, nous avons exposé les différentes approches qui permettent d'opérer une segmentation des IRM cérébrales. Ces approches se distinguent par plusieurs points parmi lesquels on peut citer :

- Les propriétés exploitées ; contour, région, structure, etc.



- Le nombre de paramètres à indiquer.
- Le recours à des connaissances *a priori*.
- La complexité (la présence ou l'absence d'une phase d'optimisation).
- La capacité à s'hybrider avec d'autres méthodes.

Dans la suite de cette thèse, une attention particulière est portée sur les méthodes orientées apprentissage, du fait de leur flexibilité, puissance, et capacité à encoder efficacement des connaissances préétablies.

Dans le chapitre suivant, nous nous intéresserons à une classe spéciale de méthodes capables de généraliser la détection des pathologies cérébrales.

## Chapitre 4

# La Détection des Pathologies Cérébrales

### 1. Introduction

La littérature spécialisée dans le traitement automatique des IRM cérébrales est riche d'innombrables approches. Néanmoins, dans ce chapitre, on s'intéresse aux approches qui possèdent un potentiel de généralisation applicable à la détection des anomalies cérébrales.

Dans le cadre de cette thèse, ces approches sont divisées en 4 classes :

- Classification d'images.
- Données aberrantes.
- Relations structurelles.
- Symétrie cérébrale.

Dans ce qui suit, nous commencerons par définir le problème de généralisation. Ensuite, nous exposerons le fondement théorique de chaque classe, ses avantages, ses inconvénients, ainsi que ses travaux les plus marquants. À noter que cette partie n'a pas pour but d'être exhaustive, elle relate simplement les travaux les plus marquants (à nos yeux) rencontrés lors de la recherche bibliographique.

### 2. Le problème de la généralisation

Généraliser la détection des pathologies cérébrales revient à créer un système capable de discerner ce qui est normal de ce qui ne l'est pas ; détecter la présence de toute région suspecte.

La construction d'un tel système est un vrai challenge du fait que les pathologies cérébrales apparaissent sur les IRM sous une multitude de caractéristiques (intensité, forme, localisation, etc.). Elles se confondent même parfois avec le tissu cérébral sain.

## 2.1. Classification d'images

Les méthodes appartenant à cette catégorie considèrent qu'il est possible de discriminer des images saines et des images pathologiques en s'appuyant uniquement sur des caractéristiques globales. Ces méthodes s'articulent généralement autour du schéma suivant :

- Application d'une méthode de traitement de signal.
- Extraction d'un certain nombre de caractéristiques.
- Entraînement d'un classifieur  $C$ .
- Test du classifieur  $C$ .

Ainsi, à ce niveau, le problème de détection d'éventuelles anomalies se réduit à un simple problème de classification (binaire).

[Chaplot 2006] sont les premiers à avoir proposé un système de classification pour les IRM cérébrales. Leur objectif était de séparer automatiquement les cerveaux normaux des cerveaux atteints par la maladie d'Alzheimer. La procédure suivante résume les étapes suivies par ces auteurs :

- Application de la transformée en ondelettes discrète (utilisation de l'ondelette Daubechies 4 (DB4)) aux images en entrée (seule l'approximation du deuxième niveau est considérée par la suite).
- Utilisation de l'intégralité des coefficients pour entraîner et tester un classifieur SVM.
- Utilisation de l'intégralité des coefficients pour entraîner et tester une carte auto-organisatrice.
- Comparaison des performances entre les deux classifieurs.

Entre ces deux méthodes de classification supervisée et non supervisée, les auteurs ont obtenu des résultats assez proches avec un léger avantage pour les SVM.

L'inconvénient majeur de cette méthode concerne la dimension des vecteurs utilisés aussi bien au niveau de l'apprentissage que de la décision. En effet, celle-ci est équivalente à 4761 caractéristiques (ce nombre est considéré par les auteurs comme faible relativement au premier niveau qui produit une dimension égale à 17161). Cette dimension qu'on peut qualifier d'importante implique une complexité assez élevée au niveau des différentes étapes du système. Il est également important de noter que l'absence d'une phase de sélection (des caractéristiques) sous-entend la présence d'éléments redondants et non pertinents au niveau des vecteurs produits.

Malgré ses limites, on peut affirmer que l'approche proposée par [Chaplot 2006] a ouvert la voie à la conception et à la réalisation de systèmes de détection qui se basent uniquement sur une modélisation globale de l'image.

[Maitra 2006] ont proposé un système de classification des IRM cérébrales (normales ou pathologiques) qui s'appuie sur une variante plus puissante de la transformée en ondelettes discrète (transformée en Slantlet [Selesnick 1999]) ; celle-ci est réputée pour produire une meilleure localisation dans le temps.

Tout comme [Chaplot 2006], l'étude de [Maitra 2006] porte exclusivement sur la maladie d'Alzheimer. Leur méthodologie regroupe les étapes suivantes :

- Calcul de l'histogramme des images.
- Application de la transformée en Slantlet sur les histogrammes précédemment calculés et extraction des 6 plus fortes magnitudes (une au niveau de chaque échelle appartenant aux 6 premières échelles) au niveau de chaque transformation.
- Entraînement et test d'un perceptron multicouche en employant les magnitudes prélevées à l'étape précédente.

En utilisant peu de caractéristiques (6 par image), [Maitra 2006] sont parvenus à proposer un système puissant qui a pu atteindre un taux de classification de 100%. À noter que le perceptron multicouche qu'ils ont proposé possède une structure 6-5-1 ; la couche cachée exécute une fonction *Tan-Sigmoïde*, alors que la couche de sortie emploie une simple fonction linéaire. L'algorithme d'apprentissage utilisé est celui de Levenberg-Marquardt [Levenberg 1944] [Marquardt 1963] ; ce dernier est réputé pour produire des temps de convergence rapides.

On peut également remarquer que ce système inclut plusieurs aspects empiriques dont la justification n'est pas très claire :

- Le nombre d'échelles utilisées lors de l'application et de l'utilisation de la transformée en Slantlet.
- La signification sémantique des fortes magnitudes par rapport au problème traité.
- La structure du ANN utilisé (nombre de couches, fonctions de transfert).

Malgré son aspect empirique, le travail de [Maitra 2006] constitue une avancée remarquable par rapport à ce qui a été fait précédemment, que ce soit en termes de taux de classification ou en complexité (la manipulation de 6 caractéristiques seulement).

[El-Dahshan 2010] ont construit un système de classification capable de reconnaître un cerveau normal d'un cerveau malade (prise en compte de quatre types de pathologies). Ce système emploie une transformée en ondelettes discrète et utilise plusieurs types de sorties à la fois (approximation et détails horizontaux, verticaux, et diagonaux). La dimension des vecteurs est ensuite réduite via l'analyse en composantes principales [Jolliffe 2002] (Annexe D) avant d'opérer l'apprentissage et la décision.

La procédure suivante décrit les étapes de ce système :

- Application de la transformée en ondelettes discrète (ondelette de Haar) ; calcul de l'approximation et des détails du troisième niveau de décomposition.
- Application de l'analyse en composantes principales et réduction de la dimension des vecteurs à sept composants.
- Entraînement et test d'un classifieur KNN.
- Entraînement et test d'un perceptron multicouche (structure 7-4-1).
- Comparaison des résultats.

Les performances des deux classifieurs se sont révélées très proches avec une légère avance pour le KNN.

Alors que les études précédentes portaient exclusivement sur un seul type de pathologie (maladie d'Alzheimer), l'étude de [El-Dahshan 2010] en englobe plusieurs (Alzheimer plus agnosie visuelle, gliome, carcinome). Cette contribution se démarque également par sa capacité à exploiter plusieurs types de sous-images (approximation et détails) résultant de l'analyse des données par la transformée en ondelettes discrète.

Dans ce qui suit, nous décrivons les limites de cette approche :

- Les auteurs n'ont pas fourni de justification théorique concernant à la fois le niveau de décomposition utilisé et l'emploi simultané de plusieurs sous-images.
- Pas d'explication non plus sur le nombre de composants retenus après la phase de réduction de dimensions.
- Choix empirique de la structure du ANN (nombre de couches, fonctions de transfert).

À noter que l'un des aspects les plus intéressants de ce travail concerne l'utilisation de l'analyse en composantes principales pour la réduction et la sélection des caractéristiques.

[Zhang Yudong 2011] ont également développé une approche de classification qui prend en compte plusieurs types de pathologies. Ce système comporte une analyse par une transformée en ondelettes discrète, une phase de réduction des caractéristiques, et une phase de classification qui se base sur un perceptron multicouche.

Ce système s'articule autour des étapes suivantes :

- Application de la transformée en ondelettes discrète (ondelette de Haar) ; seule l'approximation du deuxième niveau de décomposition est considérée par la suite.
- Normalisation des données.
- Application de l'analyse en composantes principales et réduction de la dimension des vecteurs à 19.
- Entraînement et test d'un perceptron multicouche (structure 19-10-1) grâce à la méthode du gradient conjugué échelonné [Kostopoulos 2009] qui est censée produire des temps de convergence plus courts).

Ce système a obtenu des résultats parfaits (taux de classification de 100%) sur la base d'images utilisée par les auteurs.

Par rapport aux études antérieures, le travail de [Zhang Yudong 2011] étend encore plus le spectre des maladies prises en compte (7 pathologies ; gliome, méningiome, Alzheimer, Alzheimer plus agnosie visuelle, maladie de Pick, sarcome, et maladie de Huntington). Il faut également noter que ce système est très similaire à celui de [El-Dahshan 2010] au niveau de plusieurs aspects (analyse du signal, méthode de réduction de dimension, et méthode de classification).

Les inconvénients de cette méthode englobent :

- Le choix empirique du niveau de résolution et du type de sous-images à utiliser (approximation).
- Pas d'explication sur le nombre de caractéristiques retenu après l'application de l'analyse en composantes principales (fixé d'après une appréciation visuelle).
- Construction empirique du perceptron multicouche (structure, nombre de neurones, fonctions de transfert).
- Le nombre de caractéristiques est assez conséquent (19) par rapport à l'approche de [El-Dahshan 2010].

À partir de là, on peut affirmer que le système de [Zhang Yudong 2011] est le premier à prendre en considération autant de pathologies tout en donnant un taux de classification optimal.

[Lahmiri 2011b] ont proposé un système de classification qui se distingue par sa capacité à exploiter uniquement les sous-images détails (horizontaux et verticaux) générées par la transformée en ondelettes discrète. Ce système compte une étape de réduction des caractéristiques ainsi qu'une phase de répartition assurée par un classifieur SVM.

La marche à suivre pour l'application de ce système inclut les étapes suivantes :

- Application de la transformée en ondelettes discrète (DB4).
- Calcul d'un certain nombre de caractéristiques à partir des sous-images HL et LH ; moyenne, écart-type, uniformité, entropie, moment d'ordre 3, et régularité.
- Application de l'analyse en composantes principales et réduction de la taille des vecteurs à 6 dimensions.
- Entraînement et test d'un classifieur SVM.
- Comparaison avec un système qui n'aurait exploité que les sous-images LL.

Ces auteurs ont prouvé la supériorité des sous-images HL / LH (généralement ignorées) par rapport aux sous-images LL (les plus utilisées) pour la classification cerveau normal versus cerveau pathologique. À noter que [Lahmiri 2011b] ont également testé leur système suivant un scénario multi-classification ; les résultats sont assez mitigés.

Les limites de cette méthode sont décrites ci-dessous :

- Le choix empirique du niveau de décomposition utilisé lors de l'application de la transformée en ondelettes discrète.
- La base d'images utilisée par ces auteurs est non équilibrée ; le nombre d'images varie en fonction de la pathologie. Ce problème qui peut avoir de sérieuses répercussions sur les performances finales n'a pas été abordé.
- Ces auteurs ont exploré la pertinence des sous-images LH et HL, mais ils ne se sont pas intéressés à l'information contenue dans les détails HH ; celle-ci pourrait tout autant être utile.
- Les caractéristiques de base employées par les auteurs sont certes beaucoup utilisées pour le traitement des images biomédicales, mais leur pertinence par rapport au problème traité n'est pas évidente.

À noter que ces auteurs ont proposé plusieurs déclinaisons [Lahmiri 2011a] [Lahmiri 2011c] de cette méthode avec plus ou moins de succès ; variations sur le type de classifieur.

[Saritha 2013] ont conçu un système capable de détecter la présence d'anomalies cérébrales en combinant la méthode des *spider web plots* [Chambers 1983] avec un ANN probabiliste [Specht 1990]. Les *spider web plots* sont des outils de gestion conceptuels constitués d'un point central duquel émanent des rayons équiangulaires ; la longueur de chacun étant proportionnelle à la magnitude d'une variable spécifique. Les rayons sont par la suite reliés entre eux ce qui fait apparaître une sorte de toile d'araignée. Les *spider web plots* peuvent servir à analyser la similarité entre plusieurs observations. Ils permettent également de détecter la présence de données aberrantes. Les ANN probabilistes sont un type spécial de classifieur bayésien. Ils sont constitués de deux couches ; une première couche à base radiale et une deuxième couche compétitive. Alors que la première calcule la proximité, la deuxième additionne les contributions et génère le résultat final.

La procédure suivante résume les étapes suivies par les auteurs :

- Application de la transformée en ondelettes discrète (DB4) sur 8 niveaux de résolution.
- Calcul de l'entropie de chaque niveau (seules les approximations sont utilisées).
- Construction des *spider web plots* avec comme rayons les magnitudes des entropies calculées sur les 8 niveaux de résolution.
- Définition de 8 surfaces au niveau des *spider web plots* et calcul de leurs superficies.
- Analyse statistique (*t-test* [McDonald 2008]) pour déterminer les zones les plus discriminantes pour la classification ; 3 zones sont retenues A2, A3, et A4.
- Entraînement et test d'un ANN probabiliste.

Ces auteurs ont obtenu un taux de classification parfait (100%) sur l'ensemble des images utilisées.

Cette étude fait un pas de plus dans la généralisation étant donné que les auteurs ont considéré différentes catégories de pathologies (maladies infectieuses, maladies dégénératives, attaques cérébrales, tumeurs) ; chaque catégorie comporte plusieurs types d'anomalies.

Les limites de cette approche se résument en :

- Pas de justification sur le niveau de résolution et le type d'information (approximation) utilisés.
- Pas d'explication concernant la sémantique liée à l'entropie et aux zones A2, A3, et A4.



Malgré ses limites, cette approche réduit encore plus le nombre de caractéristiques (3) nécessaire à une classification parfaite. À noter que ce système a également été appliqué à une classification multiple avec plus ou moins de succès.

[Kalbkhani 2013] ont construit un système de classification pour les IRM cérébrales qui s'appuie sur une modélisation statistique (*Generalized Autoregressive Conditional Heteroskedasticity* (GARCH) [Bollerslev 1986]) des sous-images (uniquement les détails) générées par la transformée en ondelettes discrète. Le modèle statistique utilisé dans cette étude est souvent employé afin de modéliser des phénomènes économiques ; [Kalbkhani 2013] ont prouvé à travers plusieurs tests que les sorties de la transformée en ondelettes discrète se prêtaient à une telle modélisation.

Les étapes suivies par les auteurs peuvent être résumées par :

- Application de la transformée en ondelettes discrète (DB4) sur deux niveaux de résolution.
- Extraction de 8 caractéristiques de l'ensemble des sous-images détails grâce au modèle GARCH.
- Normalisation des vecteurs générés.
- Réduction de la dimension grâce à l'analyse en composantes principales.
- Sélection des caractéristiques grâce à l'analyse discriminante linéaire [Fisher 1936].
- Entraînement et test d'un classifieur KNN.
- Entraînement et test d'un classifieur SVM.
- Comparaison des résultats.

Les deux schémas ont obtenu des taux de classification parfaits (100%) pour le problème cerveau normal versus cerveau pathologique (une seule caractéristique). À noter que des variantes de ces deux schémas ont également été appliquées à une approche multi-classification (5 à 7 caractéristiques) avec plus au moins de succès ; un léger avantage pour le classifieur SVM.

Les auteurs ont pris en compte 7 pathologies ; Alzheimer, Alzheimer plus agnosie visuelle, gliome, maladie de Huntington, méningiome, maladie de Pick, et sarcome. Cette étude se démarque des autres du fait qu'elle est la première à proposer une modélisation statistique des coefficients produits par la transformée en ondelettes discrète. En effet, cette modélisation a permis une baisse draconienne du nombre d'attributs (4 par sous-image). La combinaison

analyse en composantes principales / analyse discriminante linéaire a parachevé la réduction du nombre de caractéristiques aux plus essentielles.

À noter que tout comme les études précédentes, celle de [Kalbkhani 2013] se base sur un choix empirique du niveau de résolution ainsi que du type d'information à utiliser.

La détection de pathologies cérébrales par classification d'images constitue une approche attrayante pour plusieurs raisons :

- Le squelette des systèmes qui sont développés sous cette optique suit un cheminement linéaire et aisément compréhensible.
- Les images ne sont analysées que d'un point de vue global via des outils de traitement de signal classiques.
- L'absence d'une phase de segmentation (gain en temps).
- Ce type d'approches se prête activement à l'application des techniques de *Data Mining* ; analyse en composantes principales, analyse discriminante linéaire, etc. La finalité étant de trouver un nombre réduit et pertinent de caractéristiques.
- Les différents résultats obtenus par les travaux décrits plus haut montrent que cette approche est pleinement fonctionnelle à plusieurs égards ; normal versus pathologique et multi-classification pathologique.
- La simplicité inhérente à cette approche encourage la conception et le développement de méthodes hybrides.

La détection de pathologies cérébrales par classification d'images est également confrontée à plusieurs problèmes :

- Le paramétrage des outils de traitement de signal est généralement très empirique ; type d'ondelette, niveau de résolution, type d'information (approximation ou détails).
- La recherche constante d'un compromis entre la dimension des vecteurs (contenant les descripteurs) et les performances finales.
- Les attributs utilisés pour l'apprentissage et la décision sont généralement dénués de toute sémantique.
- Le paramétrage des algorithmes de classification est lui aussi souvent empirique (méthode d'apprentissage, nombre d'unités, etc.).
- Incapacité à remettre en cause les choix opérés précédemment par le système (pas de retour en arrière ; absence de boucles).

## 2.2. Données aberrantes (*Outlier Model*)

Cette approche représente le contenu sain du cerveau par un modèle statistique (généralement une mixture gaussienne ; une pour chaque tissu). Les pathologies cérébrales y sont détectées comme des événements qui ne sont pas bien capturés par le modèle.

Cette méthode de détection se structure autour de la procédure suivante :

- Estimer les paramètres de chaque tissu sain (matière grise, matière blanche, liquide céphalo-rachidien) ; moyenne plus matrice des variances / covariances.
- Déterminer une distance  $S$  par rapport au modèle estimé précédemment et considérer comme anomalie tout ce qui se produit au-delà de ce seuil ; ceci peut résulter en une ou de multiples régions.
- Appliquer une phase de prétraitement constituée d'opérations morphologiques et/ou de règles préétablies afin d'affiner les régions correspondant aux anomalies.

L'un des défis majeurs de cette technique consiste à fixer le seuil  $S$  de manière à obtenir des performances optimales.

[Van Leemput 2001] furent les premiers à avoir proposé un système qui se base sur la localisation des données aberrantes. Le but de cette méthode était double ; détection et segmentation des taches de démyélinisation provoquées par la sclérose en plaques.

Ce système assure plusieurs tâches à la fois :

- Estimation des paramètres du tissu cérébral sain (matière blanche, matière grise, liquide céphalo-rachidien) ; utilisation d'un atlas.
- Estimation de l'inhomogénéité de l'intensité et la prise en charge de celle-ci au cours de la segmentation.
- L'intégration de contraintes spatiales via les MRF.
- Détection de la sclérose en plaques comme une donnée aberrante mal expliquée par le modèle de départ.

Ces auteurs ont obtenu un haut degré de corrélation entre leurs segmentations et celles réalisées par des experts.

[Prastawa 2003a] ont développé un système qui détecte et segmente les tumeurs cérébrales, ces dernières étant considérées comme des données aberrantes. Cette technique qui s'applique à

des images non rehaussées (sans produit de contraste) prend également en charge la présence d'œdèmes.

Cette méthode inclut les étapes suivantes :

- Estimation non paramétrique du tissu cérébral sain via l'usage d'un atlas probabiliste.
- Correction du champ de biais.
- Détection de la présence de tumeurs comme un évènement aberrant par rapport au modèle normal.
- Séparation de la tumeur et de l'œdème à travers l'algorithme *K-Means*.
- Application de contraintes spatiales et géométriques pour affiner les résultats obtenus précédemment.

Ce travail constitue l'une des premières approches de segmentation pour les tumeurs à être pleinement automatique.

[Dugas-Phocion 2004] ont construit un système similaire à celui de [Van Leemput 2001]. Mais à la différence de ce dernier, leur système utilise les séquences IRM de manière hiérarchique :

- Les séquences T1, T2, T2 FLAIR, et DP sont utilisées afin de segmenter matière blanche, matière grise, et liquide céphalo-rachidien.
- La séquence T2 FLAIR est utilisée afin de générer un masque qui indique l'emplacement des lésions de la sclérose en plaques.
- Utilisation de la séquence T1 afin d'isoler les vraies lésions des fausses et calculer le volume lésionnel.

La capacité qu'a cette méthode à exploiter les différentes séquences de manière intelligente lui confère une forte sensibilité, notamment au niveau de certaines zones complexes ; région juxta-corticale.

[Ait-Ali 2005] ont proposé un système pour traquer la présence de la sclérose en plaques à travers le temps. Leur méthode exploite plusieurs modalités simultanément (T1, T1 gadolinium, T2, et DP) :

- Correction du champ de biais.
- Recalage des modalités et des points temporels.
- Estimation paramétrique des régions cérébrales saines.

- Extraction des lésions de la sclérose en plaques comme étant des données aberrantes par rapport au modèle sain.
- Prise en compte de connaissances *a priori* sur la manière dont apparaissent les lésions sur les différentes modalités considérées (hypo-intensité ou hyper-intensité) afin d'éliminer les faux-positifs.

Les multiples sources de données utilisées dans ce système lui permettent de produire une segmentation de qualité.

[Freifeld 2007] ont présenté une approche robuste pour la détection et la segmentation de la sclérose en plaques. Ce framework a pour particularité de représenter chaque tissu par une multitude de gaussiennes dont les paramètres doivent être estimés par la suite. La sclérose en plaques est simplement considérée comme un énième tissu.

Cette méthode comporte les étapes suivantes :

- Génération d'un ensemble de régions (convexes) de départ via l'algorithme *K-Means*.
- Associer à chaque région une gaussienne et estimer (estimation initiale) ses paramètres.
- Discriminer les lésions des régions saines via l'application de règles préétablies.
- Estimation paramétrique des régions lésionnelles et application de la classification finale voxel par voxel.
- Utilisation des contours actifs [Rousson 2002] afin de soigneusement délimiter les lésions obtenues précédemment.

Il n'y a pas de recours à un atlas au sein de cette méthode. Malgré cela, sa phase expérimentale a montré des résultats prometteurs et une forte résistance au bruit.

[Batmanghelich 2008] ont proposé un schéma semi-supervisé capable de quantifier le degré d'anormalité d'un voxel donné. Ce système dédié à la sclérose en plaques base ses décisions sur un apprentissage réalisé à l'aide d'un classifieur SVM. L'hypothèse de base de cette approche sous-entend l'existence d'une transition progressive entre les deux clusters normal et pathologique (avec la prise en compte d'informations spatiales), le but étant d'associer un score à ce gradient. À noter également que la finalité de ce système n'est pas la segmentation.

[Rousseau 2008] ont modélisé le contenu cérébral par une mixture gaussienne dont les régions initiales ont été produites par l'algorithme *Mean Shift* (estimation non paramétrique). Dans ce système, la sclérose en plaques est détectée comme une donnée aberrante au sein d'un modèle *a contrario* ; un évènement de type <une configuration  $C$  d'objets géométriques à une propriété

$P > \epsilon$  est  $\epsilon$  significatif si et seulement si l'espérance du nombre d'occurrences de cet événement est inférieur à  $\epsilon$  sous l'hypothèse aléatoire uniforme. La procédure suivante résume ce système :

- Correction de l'inhomogénéité de l'intensité et recalage.
- Génération initiale d'un ensemble de régions via l'application de l'algorithme *Mean Shift*.
- À chaque région est associée une gaussienne dont les paramètres sont estimés (prise en compte du volume partiel).
- Les données aberrantes sont d'abord détectées au niveau unitaire (voxel).
- Pour chaque région  $R$ , la probabilité que  $R$  corresponde à une lésion est évaluée.
- Application d'un seuil  $S$  au-delà duquel une région donnée sera considérée comme une lésion.

Les concepteurs de ce système n'ont présenté que des résultats préliminaires. Toutefois, ces derniers se sont révélés assez prometteurs.

[Bricq 2008] ont exploité les séquences T2 et FLAIR afin de localiser et segmenter les taches de démyélinisation provoquées par la sclérose en plaques. Leur approche s'inscrit dans la lignée des travaux précédents sur l'*Outlier Model*, puisque les anomalies sont détectées comme des données mal cernées par un estimateur de tissus sains. L'aspect novateur de ce travail porte sur l'utilisation des chaînes de Markov cachées [Bandoh 1999] pour l'intégration d'informations contextuelles. Ces dernières sont réputées être moins complexes, mais aussi moins précises que les MRF.

Les tâches accomplies par ce système sont décrites ci-dessous :

- Segmentation du cerveau par les chaînes de Markov cachées et prise en compte d'informations *a priori* via l'emploi d'un atlas probabiliste.
- Estimation des paramètres de chaque tissu sain et détection des régions pathologiques comme des données aberrantes (distantes du modèle normal d'un seuil  $S$  prédéfini).

Ces auteurs ont validé leur approche en utilisant 4 métriques. Leur système a donné de bons résultats pour deux d'entre elles.

Tout comme [Dugas-Phocion 2004], [Soulpet 2008] ont proposé un système de détection de la sclérose en plaques qui exploite différentes modalités d'IRM (T1, T2, et T2 FLAIR) de manière hiérarchique. Ce système a pour particularité d'affiner ses résultats à l'aide d'opérations morphologiques (la forme des lésions finales est contrainte) :

- Segmentation conjointe des séquences T1 et T2 à l'aide de l'algorithme EM ; les probabilités d'appartenance à chaque classe sont apportées par un atlas.
- Extraction des données aberrantes via un seuil  $S$  fixé antérieurement et génération d'un masque ; ces données n'ont pas une distribution gaussienne.
- Utilisation du masque afin de calculer un seuil  $T$  au niveau de la séquence T2 FLAIR ; l'application du seuil  $T$  permet d'obtenir une première délimitation des lésions.
- Application d'un ensemble d'opérateurs morphologiques afin d'affiner les régions obtenues précédemment.

Les résultats obtenus par ce système s'approchent fortement des performances humaines.

[Seghier 2008] ont proposé un schéma de détection et de segmentation pour des lésions (infarctus, métastase, atrophie) pouvant apparaître sur différentes régions cérébrales. Ces lésions considérées comme des données aberrantes sont détectées en faisant appel à la théorie des ensembles flous [Klir 1995].

Ce système est formalisé par les étapes suivantes :

- Segmentation et normalisation (une classe lésion est considérée).
- Lissage de la matière blanche et de la matière grise.
- Détection des données aberrantes (cluster lésion) au niveau de chaque tissu en le confrontant à son équivalent dans des sujets normaux.

À noter que les auteurs ont validé leur système sur des cas réels et des cas simulés à travers l'usage d'une seule modalité (T1).

[Liu J 2009] ont créé une méthode de segmentation entièrement automatique pour la sclérose en plaques. Cette approche prend en entrée deux séquences (T2 et FLAIR) et ne nécessite ni entraînement, ni seuillage, ni atlas. Elle regroupe les étapes suivantes :

- Extraction cérébrale et normalisation.
- Extraction des deux matières grise et blanche via l'algorithme EM.
- Détection des lésions (comme données aberrantes) via une estimation carrée intégrée [Scott 2001].
- Application d'opérateurs morphologiques pour raffiner les résultats.

Cette méthode a démontré un haut degré de précision par rapport à la vérité-terrain utilisée (segmentations par des experts).

[Forbes 2010] ont construit un système qui traque la présence de la sclérose en plaques en utilisant une combinaison pondérée de plusieurs séquences IRM (T1, T2, et DP / FLAIR). Ce système a pour spécificité de modéliser les lésions comme étant une distribution pleinement intégrée au modèle normal :

- Utilisation d'un atlas comme données *a priori*.
- Segmentation via une approche bayésienne.
- Intégration de contraintes spatiales à travers un framework markovien.
- Estimation des paramètres de chaque classe et extraction du cluster aberrant.

Tout comme l'exploitation hiérarchique des séquences IRM, leur pondération (à travers ce travail) se révèle également être très prometteuse.

[Wu X 2011] ont étendu l'approche de [Bricq 2008] en introduisant l'utilisation de gaussiennes généralisées (lois normales auxquelles est ajouté un paramètre de forme) pour la modélisation du bruit, des matières grise et blanche, ainsi que la distribution de Rice [Rice 1944] pour la modélisation du liquide céphalo-rachidien. Ce système compte un nombre élevé de paramètres à estimer, mais sa grande robustesse face au bruit contrebalance cet inconvénient.

Dans la lignée des travaux précédents, [Garcia-Lorenzo 2011] ont proposé de détecter et de segmenter la sclérose en plaques comme une donnée aberrante par rapport aux tissus sains. La spécificité de ce système concerne l'initialisation de l'estimateur. En effet, cette dernière est réalisée à travers un schéma hiérarchique aléatoire pour limiter les risques d'une convergence vers un optimum local :

- Estimation des paramètres des 3 tissus cérébraux sains (pas d'atlas ni d'apprentissage, mais utilisation d'informations empiriques).
- Fixer un seuil  $S$  au-delà duquel toute donnée sera considérée comme non conforme.
- Application d'un post-traitement pour réduire les faux-positifs ; règles portant sur l'intensité, la taille, et la position spatiale.

Les auteurs ont opéré un large spectre de tests pour évaluer leur système (images simulées et images réelles) et les résultats obtenus sont plutôt satisfaisants.

[Raniga 2011] ont créé un système de segmentation pour les hyper-intensités pouvant apparaître sur la matière blanche. Ce système qui s'appuie sur un atlas emploie les deux séquences T1 et FLAIR :



- Segmentation des 3 matières cérébrales via l'algorithme EM.
- Détection des données aberrantes via l'utilisation d'un atlas (duquel est tiré le modèle normal) et de règles basées sur l'intensité (traitement niveau voxel).
- Estimation du degré d'anormalité de chaque voxel et application d'un seuil  $S$  afin de générer une segmentation binaire.

Ce système a montré sa supériorité face à un schéma de classification basé sur les SVM.

[Ong 2012] ont développé une technique qui s'inscrit dans la continuité des travaux précédents sur la détection des données aberrantes. Sans apprentissage, ni atlas, cette méthode a recours à des règles heuristiques (au niveau de l'histogramme) pour détecter les matières cérébrales saines ainsi que les éventuelles lésions :

- Prétraitement : extraction cérébrale, correction du champ de biais, etc.
- Extraction de la matière grise et blanche à partir de l'histogramme (procédure empirique).
- Extraction des données aberrantes par rapport à un seuil  $S$  fixé au préalable.
- Correction des éventuelles erreurs ; FCM plus opérateurs morphologiques.

Cette approche a été appliquée sur 3 bases différentes avec des résultats très intéressants. En effet, elle s'est placée troisième par rapport aux autres méthodes de la littérature.

[Tomas-Fernandez 2012] ont proposé un algorithme de segmentation pour la sclérose en plaques qui intègre une modélisation globale de l'intensité du sujet en entrée ainsi qu'une modélisation locale dérivée à partir d'un ensemble de sujets sains :

- Estimation paramétrique des 3 matières cérébrales via l'algorithme EM ; prise en compte des deux modélisations citées plus haut.
- Détection des lésions comme des données aberrantes relativement à un seuil  $S$ .
- Application de l'algorithme *Graph Cut* pour l'élimination des faux positifs.

Cette approche s'est avérée assez sensible au champ de biais. Cet artefact n'a d'ailleurs bénéficié d'aucune attention de la part des auteurs.

Avec la contribution de [Prastawa 2003a], le travail de [Kanas 2012] constitue l'un des rares articles à appliquer l'idée de l'*Outlier Model* dans le but de détecter et segmenter les tumeurs cérébrales. Ce système emploie un algorithme de segmentation assez récent appelé marche aléatoire [Grady 2006]. Ce dernier modélise l'image sous forme de graphe tel que certains

sommets sont déjà labélisés. Partant d'un nœud arbitraire, cet algorithme calcule la probabilité qu'un marcheur aléatoire atteigne en premier un nœud labélisé. Le nœud de départ reçoit le label du nœud avec la probabilité maximale. Ci-dessous, sont décrites les étapes suivies par les auteurs :

- Application de l'algorithme *K-Means*.
- Détection des tumeurs comme données aberrantes en calculant une distance  $D$  par rapport aux centres de classes obtenus précédemment.
- Élimination des faux-positifs via l'application d'un algorithme d'agrégation.
- Application de l'algorithme de la marche aléatoire afin de produire la labélisation finale.

Par rapport à des segmentations d'experts, cette méthode a obtenu d'assez bons résultats.

La détection de pathologies par le modèle des données aberrantes est digne d'intérêt pour plusieurs raisons :

- Elle permet de localiser et de segmenter les régions du cerveau où apparaissent les pathologies.
- Possibilité de prendre en compte un atlas afin de générer des résultats plus cohérents.
- Possibilité d'intégrer des connaissances *a priori* sous forme de règles *si ... alors ...* afin d'améliorer les performances finales.

Mais la détection de pathologies par le modèle des données aberrantes fait également face à de nombreux problèmes et questions :

- Les hypothèses de départ de cette approche ne sont pas toujours fondées. En effet, s'il est vrai que les distributions des matières blanche et grise suivent des lois normales, il n'en est rien pour la distribution du liquide céphalo-rachidien. De plus, les artefacts présents lors de l'acquisition (bruit, inhomogénéité de l'intensité, etc.) perturbent fortement ces distributions théoriques.
- Dans la plupart des travaux présents dans la littérature, le seuil  $S$  est fixé de manière supervisée et empirique.
- Cette approche a surtout été appliquée pour la détection de la sclérose en plaques ; sa capacité à traiter d'autres pathologies demeure largement inexplorée.
- Employer cette approche afin de construire un système capable de détecter plusieurs pathologies à la fois s'avère être éminemment compliqué ; chaque pathologie

nécessiterait un seuil  $S$  ainsi qu'une phase de prétraitement qui lui sont propres ; il faudrait parvenir à un compromis à ce niveau.

- Un volume variable de déformations cérébrales (de type métastase) mettrait à mal les axiomes d'un tel système et le rendrait totalement inopérant.
- La phase d'estimation des paramètres (gaussiennes) peut se révéler longue et complexe. À noter une possible stagnation au niveau d'optima locaux.

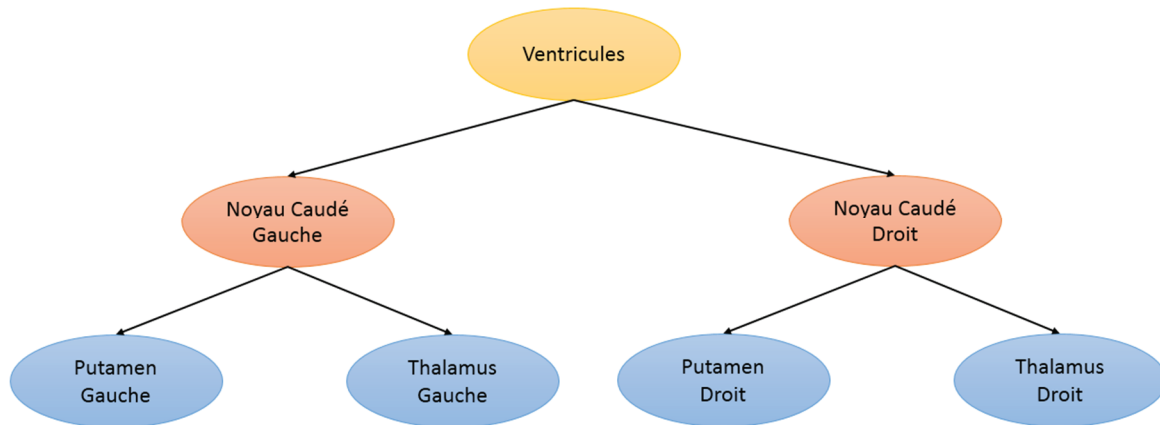
### 2.3. Relations structurelles

Cette approche permet de détecter des anomalies en analysant dans un premier temps les propriétés d'un ensemble d'objets et dans un deuxième temps les relations qu'ils entretiennent. Naturellement, cette approche requiert des connaissances *a priori* sur ce que doivent être ces objets, ainsi qu'une description formelle des relations qui devraient les lier (**Fig 4.1**).

Dans cette optique, une anomalie est vue comme une perturbation de l'harmonie générale ; un objet ayant des propriétés étranges, ou un objet qui serait lié à d'autres objets d'une manière qui s'éloignerait des liaisons dites « normales ».

L'utilisation des relations structurelles s'articule autour des étapes suivantes :

- Segmentation du cerveau en plusieurs structures.
- Évaluation des caractéristiques des régions obtenues et appariement avec un modèle dit standard ; à chaque région segmentée est affecté un label (une sémantique). Cette étape s'apparente à une reconnaissance dans le sens le plus classique du terme.
- Extraction des relations qui lient les régions obtenues précédemment.
- Détecter la présence d'anomalies via une confrontation entre les relations obtenues et les relations décrites dans le modèle standard ; utilisation d'une mesure de similarité et application d'un ou de plusieurs seuils.
- Traquer la région contenant l'anomalie en mettant en avant les relations atypiques qu'elle entretiendrait avec le reste des régions ; cette étape requiert également l'application d'un ou de plusieurs seuils.



**Fig 4.1** Exemple de dépendance spatiale entre différentes structures cérébrales (tirée de [Wu J 2009]).

[Gering 2002] ont construit un système de segmentation qui reconnaît les tumeurs comme une déviation par rapport à la norme. Ce système semi-supervisé agit sur plusieurs plans ; du plus bas (voxel) jusqu'à au plus élevé (l'utilisateur). Ces différentes couches sont décrites ci-dessous :

- Classification niveau voxel via l'algorithme EM.
- Classification par rapport aux voxels voisins via les MRF.
- Analyse de la position du voxel par rapport à la structure à laquelle il appartient.
- Analyse de la position de la région à laquelle appartient le voxel par rapport aux positions des autres régions. À noter que cette phase fait appel à un atlas.
- Interaction utilisateur pour pointer un point précis ou introduire des corrections entre les différentes étapes.

La complémentarité entre tâches de haut et de bas niveau constitue l'une des forces de ce système. Cependant, cela peut aussi être vu comme une limite ; si une erreur se produit sur une couche, elle se répercute irrémédiablement sur toutes les autres.

[Akselrod-Ballin 2006] ont proposé une méthode de détection et de segmentation pour la sclérose en plaques qui combine une segmentation de l'image en arbre avec un apprentissage basé sur les arbres de décision :

- Segmentation de l'image par la méthode de l'agrégation pondérée [Sharon 2001] [Galun 2003].
- Description de chaque région par des attributs intensité, forme, et contour. Cette description est appliquée à tous les agrégats obtenus.

- Apprentissage et test d'arbres de décision.

Ce système qui a produit des résultats d'une certaine qualité se prononce sur chaque agrégat en l'affectant à une classe lésionnelle ou à une classe saine.

[Colliot 2006a] ont développé un système qui segmente et reconnaît successivement plusieurs structures cérébrales. L'idée centrale de ce travail consiste à intégrer des informations sur l'agencement spatial des structures (sous forme d'une force extérieure) à un modèle déformable. À noter qu'une phase d'entraînement est nécessaire afin de fixer les paramètres de cette méthode. Les résultats rapportés par ces auteurs démontrent clairement que la prise en compte des relations spatiales améliore nettement la reconnaissance des structures ; cela s'avère particulièrement vrai pour des images faiblement contrastées et les objets possédant des contours mal définis.

[Shen S 2008] ont proposé un système de segmentation pour les lésions résultant d'infarctus. Celui-ci confronte les résultats de segmentation obtenus par l'algorithme FCM avec une carte de probabilités (obtenue à partir d'une multitude de sujets sains). Les lésions sont détectées comme des zones inconsistantes spatialement :

- Clustering via l'algorithme FCM en utilisant uniquement l'intensité ; 4 classes : 3 régions saines plus une lésionnelle.
- Régistration avec la carte de probabilité (normalisation, correction du champ biais, etc.).
- Détection des voxels qui sont inconsistants ; confrontation du degré d'appartenance (étape 1) et de la probabilité d'appartenance (étape 2).
- Élimination des faux-positifs à travers l'exclusion des zones qui sont en deçà d'une certaine taille.

Cette approche a été testée sur des images simulées et des images réelles. Les résultats obtenus sont assez encourageants.

[Lu 2008] ont proposé un système de segmentation ingénieux qui combine une division hiérarchique de l'image avec l'algorithme EM. Cette méthode n'a pas été appliquée à des cas pathologiques, mais son formalisme lui permet aisément d'aborder ce type de problèmes :

- Application de la division hiérarchique de l'image. Cela génère un arbre où chaque nœud correspond à un cluster ; les clusters d'un niveau donné sont joints afin de créer un super-cluster au niveau suivant, et ainsi de suite.

- Couper l'arbre généré précédemment afin de produire une première segmentation.
- Application de l'algorithme EM afin de produire la segmentation finale. À noter que ce dernier est initialisé avec la segmentation générée précédemment.

Le potentiel de cette méthode vient de la modélisation de l'image par un arbre. En effet, ce formalisme permet de décrire des relations de dépendance entre les classes. Il suffirait alors de détecter des relations dites « anormales » pour affirmer la présence ou l'absence de pathologies.

[Shiee 2008] ont traqué la présence de la sclérose en plaques à l'aide d'un atlas statistique et d'un atlas topologique. Alors que le premier apporte des informations sur la distribution spatiale des intensités (correspondant aux différents tissus), le deuxième décrit la distribution des différentes structures cérébrales. Le problème de segmentation est alors simplement décrit comme un appariement entre le volume en entrée et les deux atlas définis précédemment. Les lésions de la sclérose en plaques sont détectées en pondérant la contribution de chaque atlas.

[Wu J 2009] ont créé un framework capable de segmenter plusieurs structures cérébrales de manière successive. Celui-ci utilise un arbre de dépendance markovien afin de contraindre la position de chaque objet ; l'analyse s'opère de la structure la plus simple à la structure la plus complexe.

Ci-dessous est décrit l'ordre dans lequel les structures sont détectées et segmentées :

- Ventricules.
- Noyaux caudés.
- Thalamus et putamens.

Dans la validation expérimentale de ce système, un seul volume est utilisé pour l'entraînement, et malgré cela, les résultats obtenus sont assez satisfaisants. L'intérêt de ce genre d'approche est plus qu'évident pour la détection des pathologies cérébrales.

Une autre application de la division hiérarchique de l'image peut être trouvée dans le travail de [Fang 2010]. Ce travail qui est dédié à la segmentation du cerveau sain comporte les étapes suivantes :

- Modéliser l'image par un arbre.
- Calculer une labélisation globale.
- Couper l'arbre généré précédemment afin de produire les classes souhaitées (usage de règles empiriques).

Les résultats rapportés par [Fang 2010] montrent que les performances de ce système sont supérieures à celles de certaines approches classiques.

[Fouquier 2012] ont présenté un système de segmentation et de reconnaissance pour les structures cérébrales saines qui fonctionne même en présence d'anomalies. Différentes relations sont considérées au sein de ce framework ; distance, proche de, et quelques relations directionnelles. La modélisation en graphe est à la base de cette méthode ; les structures représentent les sommets et les arêtes décrivent les relations spatiales qui les lient. Le système segmente et reconnaît les structures dans un schéma itératif qui lui permet de revenir en arrière afin de traquer les éventuelles erreurs ; ceci est réalisé à travers la vérification de la consistance spatiale. [Fouquier 2012] se sont également intéressés à l'ordre dans lequel les structures sont analysées en proposant une méthode qui s'adapte à chaque image. Les résultats générés par ce système montrent une précision et une consistance relativement importantes. À noter que ce travail est une extension du papier de [Colliot 2006a].

Afin de détecter les lésions et la nécrose inhérentes aux infarctus, [Zacharaki 2012] ont proposé une méthode semi-supervisée qui hybride un *Outlier Model* avec une carte de probabilités spatiale. Cette méthode se distingue par une double modélisation ; la normalité et la présence de pathologies :

- Extraction des régions saines et pathologiques en se basant sur une population de sujets sains ; recalage plus application de l'algorithme *K-Means*.
- Lissage et utilisation par le FCM des régions extraites comme une carte de probabilités spatiale spécifique à chaque patient.
- Utilisation de règles empiriques pour réduire les faux-positifs.

Les résultats obtenus par ce système sont légèrement moins bons que ceux réalisés par des experts.

[Parisot 2012] ont formulé une méthode de détection pour les tumeurs cérébrales qui exploite un formalisme basé sur les graphes. Cette approche utilise un atlas qui décrit la probabilité (spatiale) d'apparition des tumeurs. Le graphe utilisé est constitué de deux couches (niveau tumoral et niveau voxel) et la segmentation est exprimée sous forme d'un problème d'optimisation. Les résultats obtenus sont très prometteurs.

[Scherrer 2013] ont proposé un système capable de localiser les fascicules (association de fibres) de la matière blanche via l'usage de la théorie des ensembles flous [Klir 1995] (pour

décrire les relations entre structures). La phase d'entraînement permet au système d'apprendre des relations anatomiques spatialement stables (seule la distance est considérée), en utilisant un nombre réduit de volumes où la région d'intérêt est manuellement délimitée. Les résultats obtenus témoignent de la robustesse de ce système face à la disparité d'âge qui pourrait exister entre les sujets. À noter que dans ce papier, les auteurs pointent de manière ferme le peu de travaux dans le domaine du traitement des IRM cérébrales qui font appel aux relations spatiales.

Traquer les pathologies cérébrales à travers l'utilisation de contraintes inter-structurelles est intéressant pour plusieurs raisons :

- Les régions considérées peuvent être décrites par un nombre illimité de caractéristiques (géométriques, statistiques, texturales, etc.). Il en est de même pour les relations entre régions (spatiales, topologiques, etc.).
- La présence d'une anomalie perturbe l'ordre général ce qui facilite la détection via par exemple une mesure globale.
- Le traitement niveau région offre plus de souplesse que le traitement niveau voxel. En effet, cela permet de manipuler directement des concepts anatomiques en lieu et place de simples points lumineux.

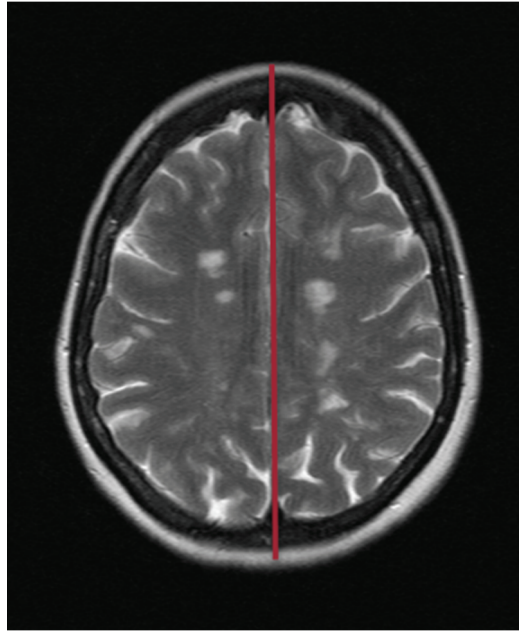
Les inconvénients d'une telle approche sont :

- La phase de construction du modèle standard qui peut être lourde et compliquée. En effet, cette dernière doit représenter une grande partie de la variabilité possible.
- L'étape de reconnaissance constitue une phase extrêmement complexe (et les étapes qui la précèdent le sont tout autant ; filtrage, détermination du nombre de clusters, segmentation, etc.). Celle-ci implique plusieurs structures arborant chacune des caractéristiques vraisemblablement très diverses.
- En fonction des attributs et du type de relations utilisés, définir une mesure de proximité peut être assez rebutant. Il en est de même pour la détermination des seuils ; à partir de quel moment on décide que deux configurations d'objets ne se ressemblent pas ?
- Dans le cas de larges déformations, la phase de reconnaissance sera grandement affectée, ce qui impactera négativement la suite du traitement.



## 2.4. Analyse de la symétrie

Le cerveau humain est une structure quasiment symétrique [Yang 2011]. En effet, à quelques différences près, les deux hémisphères gauche et droit sont semblables. Cette propriété remarquable peut être d'une grande utilité pour la détection d'anomalies cérébrales étant donné que la mesure d'une faible symétrie sera associée à une forte probabilité de désordres (**Fig 4.2**).



**Fig 4.2** Exemple de plan inter-hémisphérique (ligne rouge).

La démarche d'un tel système peut être résumée par les étapes suivantes :

- Estimer la ligne qui sépare les deux hémisphères dans le cas d'images 2D ou le plan dans le cas d'images 3D.
- Analyser le degré de similarité entre les deux hémisphères ; si ce dernier est inférieur à un seuil  $S$ , alors pathologie il y a, et inversement.

[Matesin 2001] ont construit un système expert pour l'analyse des lésions résultant d'un AVC. Cette méthode regroupe les étapes suivantes :

- Calcul de l'axe symétrique de la tête en utilisant des moments statistiques.
- Segmentation du cerveau via la méthode croissance de régions [Adams 1994] ; utilisation d'une grille de germes distribuée équitablement sur les deux côtés de l'axe.
- Décrire chaque région par une multitude d'attributs : numéro unique, label, position, etc.
- Utilisation d'un ensemble de règles *si... alors...* afin de générer une classification finale.

L'un des aspects les plus intéressants de ce travail concerne le fait de comparer chaque paire de régions symétriques ; si la différence est trop grande, il y a alors une forte présomption d'anomalie et les règles *a priori* permettront de discriminer ce qui est normal de ce qui ne l'est pas.

[Kruggel 2004] ont présenté une méthode de détection et de segmentation pour les lésions cérébrales focales provoquées par les traumatismes, les infarctus, et les hémorragies. Leur système s'articule autour des étapes suivantes :

- Le plan qui sépare les deux hémisphères est obtenu grâce à un alignement avec un espace standard (il n'y a pas d'estimation explicite).
- Les régions symétriques par rapport au plan sont comparées à travers un test d'indépendance statistique, ce qui donne une carte de probabilités.
- Un seuil  $S$  fixé à l'avance est appliqué sur la carte de probabilités afin de générer la segmentation finale.

Le point fort de ce système est de réduire la détection de pathologies à un simple test d'indépendance statistique entre les deux hémisphères.

[Bergo 2008] ont créé un système de segmentation pour la dysplasie focale corticale qui s'appuie sur des attributs symétriques pour analyser les lésions :

- Estimation du plan qui sépare les deux hémisphères en utilisant une recherche de minimisation heuristique.
- Segmentation du cerveau via une technique de fusion qui utilise les arbres comme formalisme central.
- À partir de chaque patch  $p$  entourant chaque voxel  $v$ , plusieurs caractéristiques sont calculées : intensité, texture, symétrie.
- Apprentissage en utilisant les vecteurs créés précédemment.
- Élimination des faux-positifs via l'application de plusieurs seuils empiriques.

L'application de ce système sur 5 cas a donné des résultats assez concluants. Cependant, l'inconvénient majeur de cette approche demeure le nombre élevé de paramètres initialisés de manière empirique.

[Khotanlou 2009] ont proposé une méthode de segmentation qui combine une approche région avec une approche contour afin de segmenter les tumeurs cérébrales. Cette méthode regroupe l'étape suivante :

- Segmentation du cerveau par seuillage et morphologie mathématique.
- Calcul du plan qui sépare les 2 hémisphères par maximisation de la similarité.
- Extraction de la tumeur en soustrayant l'image obtenue de sa réflexion à travers l'axe. Des opérations morphologiques sont utilisées afin d'isoler la région en question.
- Deux méthodes sont proposées afin de segmenter la tumeur :
  - ✓ Clustering par une variante du FCM.
  - ✓ Comparaison entre les histogrammes des 2 hémisphères.
- Application d'un modèle déformable afin d'achever la segmentation finale. Ce dernier est guidé par un ensemble de règles structurelles.

En termes de résultats, la deuxième méthode de segmentation s'est avérée être la meilleure (plus grande capacité à généraliser). Cependant, celle-ci est fondamentalement supervisée, ce qui n'est pas le cas de la première méthode.

[Li X 2010] se sont également intéressés à la segmentation de tumeurs en considérant le concept de symétrie :

- Localisation de l'axe symétrique via la maximisation de l'autocorrélation.
- Localisation de la tumeur via un seuillage et l'algorithme *Watershed*.
- Application du *Level Set* pour segmenter la tumeur (au niveau d'une seule image).
- Étendre la segmentation à l'ensemble du volume.

Les résultats de cette approche ont été comparés avec des segmentations opérées par des experts. Il en est ressorti une corrélation relativement forte.

[Saha 2012] ont proposé un système de segmentation pour les tumeurs et les œdèmes qui utilise une boîte englobante. Par la suite, une segmentation non paramétrique est appliquée au niveau de cette boîte afin de produire le résultat final :

- Estimation de l'axe séparant les 2 hémisphères ; maximisation de similarité.
- Recherche d'un rectangle dans l'un des côtés qui serait très différent de son équivalent symétrique (coefficient de Bhattacharya [Bhattacharyya 1943]).
- Application de l'algorithme *Mean Shift* pour segmenter la tumeur et l'œdème.

À noter que cette méthode est capable de fournir un bon point de départ pour des algorithmes tel que les contours actifs ou *Graph Cut*.

Dans la même lignée que les travaux précédents, [Pedoia 2012] ont présenté une méthode qui détecte et segmente les tumeurs gliales via l'usage de la symétrie :

- Estimation de la séparation entre les 2 hémisphères.
- La tumeur est détectée en reflétant l'un des hémisphères du côté opposé et en le soustrayant de l'hémisphère qui se trouve réellement à cet emplacement.
- Application de *Graph Cut* (3D) pour générer la segmentation finale.

Deux conclusions ressortent de cette étude. Détecter des anomalies en comparant les histogrammes des deux hémisphères n'est pas très fiable. Il en est de même pour l'utilisation de l'histogramme du cerveau entier.

[Ghanavati 2012] ont utilisé des caractéristiques de différentes natures afin de détecter la présence de tumeurs : intensité, symétrie, texture, et forme. La classification est réalisée à l'aide d'AdaBoost [Freund 1997] qui est employé à la sélection des attributs les plus pertinents. Cette méthode a été testée sur des données réelles et simulées avec des résultats relativement mitigés.

[Rajini 2013] ont développé un algorithme qui détecte la présence d'AVC ischémiques :

- Extraction cérébrale et filtrage de l'image.
- Application de l'algorithme *K-Means* pour la segmentation de l'image.
- Estimation du plan qui sépare les deux hémisphères.
- Extraction de caractéristiques texturales via la matrice de cooccurrences [Haralick 1973].
- Entraînement et test de plusieurs types de classifieurs (arbres de décision, ANN, KNN, SVM).

Les meilleurs résultats ont été obtenus dans l'ordre par : les SVM, le KNN, le ANN, et enfin les arbres de décision.

[Bianchi 2013] ont proposé une méthode de segmentation pour les tumeurs qui combine une large palette de caractéristiques avec l'algorithme RF :

- Extraction de caractéristiques texturales (motifs binaires locaux).
- Estimation du plan inter-hémisphérique et génération de la différence de texture entre régions symétriques.
- Entraînement et test d'un classifieur RF.

Ce travail établit de manière indiscutable le rôle majeur de la symétrie dans l'augmentation des performances.

Attaquer le problème de détection d'anomalies cérébrales sous l'angle de la symétrie est avantageux pour plusieurs raisons :

- Tirer profit d'une propriété naturelle du cerveau.
- Possibilité d'approximer la séparation inter-hémisphérique en estimant la droite ou le plan qui divise le crâne en deux parties symétriques.
- Facile à hybrider avec d'autres méthodes.
- Possibilité d'employer des mesures plus ou moins complexes pour quantifier le degré de similarité entre les deux hémisphères.

Bien que l'idée centrale de cette approche puisse sembler assez simple, elle se confronte à plusieurs problèmes :

- Estimer la séparation entre les deux hémisphères se rapporte le plus souvent à un problème d'optimisation. Ce dernier peut d'ailleurs être assez lourd surtout lorsque les entrées sont des volumes.
- La présence de larges pathologies peut perturber les attributs sur lesquels s'appuie l'algorithme d'estimation.
- L'hypothèse de base de cette approche assume que les anomalies n'apparaissent pas de manière symétrique et simultanée sur les deux hémisphères. Cet axiome est la plupart du temps vrai, mais il se peut qu'il soit mis en défaut ; lésion au niveau inter-hémisphérique avec des surfaces similaires des deux côtés.
- Pour qu'un tel système fonctionne, l'estimation doit faire preuve d'une certaine tolérance par rapport à la présence de pathologies.
- La détermination du seuil  $S$  doit prendre en compte aussi bien la présence d'éventuelles pathologies que les différences naturelles (aussi infimes soient-elles) qui existent entre les deux hémisphères.

### **3. Conclusion**

Au cours de ce chapitre, nous avons présenté un survol des méthodes dont le formalisme pourrait ouvrir la voie à la construction d'un système général pour la détection des pathologies

cérébrales. Nous avons divisé ces méthodes en 4 classes et avons discuté la procédure, les travaux, les avantages, ainsi que les inconvénients qui sont propres à chaque classe.

Cette analyse nous pousse à nous orienter vers la détection de pathologies par classification d'images. En effet, malgré sa relative simplicité, ce paradigme est le seul à pouvoir gérer un nombre conséquent d'anomalies. Par rapport aux autres approches, il se distingue par son paramétrage peu rebutant et son temps de décision qui est relativement faible (pas de segmentation, ni d'appariement avec un atlas, ni d'optimisation).

Dans le chapitre suivant, nous exposerons les contributions réalisées dans le cadre de cette thèse.

# Chapitre 5

## Segmentation Cérébrale et Détection de Pathologies : Applications

### 1. Introduction

Ce chapitre regroupe les parties conception et réalisation de cette thèse. Il s'intéressera en premier lieu aux ressources matérielles, aux moyens logiciels, ainsi qu'aux bases d'images utilisées. Puis, il abordera dans les détails les différentes contributions :

- **Système 1** : exploration du pouvoir de la transformée en ondelettes stationnaire pour la segmentation des IRM cérébrales.
- **Système 2** : automatisation et optimisation du système 1.
- **Système 3** : amélioration des performances du *K-Means* en tordant et en optimisant (automatiquement) son espace d'entrée.
- **Système 4** : construction d'un système robuste pour la détection des pathologies cérébrales.

Ces systèmes sont exposés de manière compacte qui laisse rapidement entrevoir les hypothèses de départ, les objectifs à atteindre, les métriques d'évaluation, les bases d'images utilisées, ou encore les résultats obtenus et les discussions correspondantes. À noter que les méthodes utilisées au niveau de chaque section sont décrites ou bien au sein des chapitres théoriques ou bien au sein de l'Annexe.

### 2. Ressources

#### 2.1. Ordinateur

L'intégralité des expérimentations décrites dans cette thèse a été réalisée sur un ordinateur personnel équipé : d'un processeur Intel Core I7 2600k 3.40 Ghz (4 cœurs physiques ; 8 cœurs logiques), de 32 Giga-octets de mémoire vive (4 barrettes CORSAIR XMS3 de 8 Giga-octets chacune), d'une carte mère GYGABYTE B75M-D3H, d'un disque dur WDC WD5000AAKS-00V6A0 ATA de 500 Giga-octets, et de Microsoft Windows 7 édition intégrale 64 bits.

#### 2.2. Bases d'images

Deux bases d'images sont employées dans nos expérimentations :

### 2.2.1. The *Internet Brain Segmentation Repository* (IBSR)

L'IBSR (<http://www.cma.mgh.harvard.edu/ibsr/>) est l'une des bases d'images les plus utilisées pour la validation d'algorithmes neuro-anatomiques. Elle est disponible gratuitement et permet d'opérer des comparaisons quantitatives avec des segmentations d'experts.

Cette base comporte 20 volumes T1 normaux réels avec des segmentations manuelles pour la matière blanche, la matière grise, le liquide céphalo-rachidien, et d'autres structures. À noter qu'une version de ces volumes contenant uniquement le cerveau est également disponible (cette dernière est utilisée dans nos expérimentations).

Les images employées ont les propriétés suivantes :

- Format 8 bits [0-255].
- Une épaisseur de coupe de 3.1 mm.
- Une taille de 256×256.
- Une résolution de 1 mm<sup>2</sup>.

Ces images comportent différents niveaux de bruit, d'inhomogénéité, et de contraste. Par conséquent, leur segmentation constitue un véritable challenge.

### 2.2.2. The *Whole Brain Atlas* (WBA)

Cette base (<http://www.med.harvard.edu/aanlib/home.html>) est surtout utilisée pour évaluer les performances des algorithmes de classification. Les données qui y sont présentées proviennent de plusieurs technologies d'acquisition : IRM, scanner X, TEP. Dans le cas des IRM, plusieurs modalités (T1, T2, et DP) de taille 256×256 sont disponibles.

La base WBA (T2) comporte un volume sain ainsi que plusieurs volumes pathologiques rangés sous différentes catégories : maladies cérébro-vasculaires, maladies tumorales, maladies dégénératives, et maladies inflammatoires/infectieuses.

Dans le cadre de cette thèse, les classes retenues sont : normal, Alzheimer, Alzheimer plus agnosie visuelle, toxoplasmose cérébrale, hématome chronique sous-dural, AVC Fatal, gliome, encéphalite herpétique, Huntington, encéphalopathie hypertensive, méningiome, carcinome bronchogénique métastatique, sclérose en plaques, Pick, sarcome, et démence vasculaire.

## 2.3. Langages de programmation

Deux langages de programmation sont utilisés au cours de la partie expérimentale :



### 2.3.1. C++

Le C++ est un langage de programmation bas niveau multi-paradigme (procédural, orienté objet, et générique) inventé par un professeur danois appelé Bjarne Stroustrup au début des années 80 (<http://openclassrooms.com/courses/programmez-avec-le-langage-c/qu-est-ce-que-le-c-2>). Le but initial était d'étendre les capacités du langage C en lui ajoutant des classes. Bien après, d'autres améliorations suivirent (surcharge d'opérateurs, fonctions virtuelles, templates, héritage multiple) et le langage devint un standard à part entière.

Le C++ est particulièrement apprécié pour sa vitesse (idéale pour les applications en temps réel), sa portabilité (un même code peut s'exécuter sur une large variété de plateformes : Windows, Mac OS, Linux), ses nombreuses bibliothèques (il existe depuis longtemps et regroupe une large communauté d'utilisateurs), ainsi que sa souplesse (les possibilités qu'il offre sont bien plus nombreuses que la plupart des autres langages).

Les environnements de développement permettant de coder avec le C++ sont nombreux : Eclipse, Microsoft Visual Studio, NetBeans, Embarcadero Rad Studio, Code::Blocks, Dev-C++, etc. Dans ce travail nous avons choisi d'utiliser un environnement gratuit et open source désigné sous le nom de QT Creator (version 2.4.1). En plus d'intégrer des fonctions classiques (coloration de texte, débogage, etc.), cet environnement permet une utilisation directe de la bibliothèque QT (version 4.7.4) : celle-ci est composée de plusieurs modules capables de gérer aussi bien le dessin, le réseau, que les bases de données. À noter que le compilateur C++ utilisé par QT Creator est le MinGW.

### 2.3.2. Matlab

Matlab (<http://www.mathworks.fr/products/matlab/>) est à la fois un langage de haut niveau et un environnement de programmation interactif. Il a été inventé par un professeur de mathématique appelé Cleve Moler afin de permettre à ses étudiants d'utiliser des bibliothèques écrites en Fortran (sans avoir à connaître ce dernier). Il permet de coder sous de multiples paradigmes et embarque un nombre élevé de boîtes à outils spécialisées dans toute sorte de domaines (traitement de signal, physique, statistique, etc.).

Matlab permet de mettre en œuvre et de tester des prototypes d'applications d'une manière extrêmement rapide, c'est d'ailleurs l'une de ses plus grandes forces. N'étant pas seulement destiné aux informaticiens, il permet aux autres catégories d'utilisateurs de visualiser,

d'analyser, et de simuler une large palette de phénomènes (économiques, biologiques, mécaniques, etc.).

Depuis quelques années, il est possible d'interfacer directement du code Matlab avec des programmes écrits en C, C++, ou encore JAVA. L'interpréteur Matlab étant assez long, ces raccourcis se révèlent être d'une grande utilité pour optimiser le temps de calcul. À noter que le code Matlab peut s'exécuter sur toute machine dotée d'un environnement Matlab.

## 2.4. Bibliothèques

### 2.4.1. *Open Source Computer Vision (OpenCV)*

OpenCV (<http://opencv.org/>) est une bibliothèque spécialisée dans le traitement d'images en temps réel. Créée par la société Intel et codée initialement en langage C, elle est distribuée sous la licence *Berkeley Software Distribution (BSD)* libre sous de multiples plateformes : Windows, Linux, Mac OS, et Android.

Plus de 2500 algorithmes sont implémentés dans OpenCV. En voici quelques exemples :

- Morphologie mathématique (dilatation, érosion, fermeture, ouverture).
- Apprentissage (AdaBoost, SVM, KNN).
- Calcul matriciel (transposée, inverse).
- Filtrage, détection de contours, détection de points d'intérêt.
- Traitement du flux vidéo (calibrage, suivi d'objets en mouvement).
- Réalisation d'interfaces graphiques rudimentaires.

OpenCV peut être interfacée avec plusieurs langages de programmation : C, C++, Python, Java, Matlab. Elle est employée par les plus grandes compagnies : Google, Yahoo, Microsoft, Intel, IBM, Sony, Honda, Toyota. Mais aussi par quelques startups prometteuses : Minds, VideoSurf, et Zeitera.

### 2.4.2. **Toolboxes Matlab**

Les bibliothèques Matlab employées au cours de la phase expérimentale sont citées ci-dessous :

- **Wavelet Toolbox** (<http://www.mathworks.fr/products/wavelet/>) : pour tout ce qui est transformée en ondelettes.
- **Statistics Toolbox** (<http://www.mathworks.fr/products/statistics/>) : pour tout ce qui est méthodes d'apprentissage.

### 3. Système 1

**3.1. Objectif** : segmenter le cerveau en matière blanche, matière grise, et liquide céphalo-rachidien [Bendib 2014a].

**3.2. Hypothèse** : une exploration profonde de l'image par la transformée en ondelettes stationnaire permettrait d'améliorer les résultats de segmentation des IRM cérébrales.

**3.3. Base d'images** : IBSR (Tab 5.1).

Tab 5.1 Division de la base IBSR (suivant [Demirhan 2011]).

Volumes d'entraînement	Volumes de test
1_24	2_4
4_8	5_8
6_10	7_8
8_4	11_3
12_3	13_3
15_3	16_3
17_3	100_23
110_3	111_2
112_2	191_3
202_3	205_3

**3.4. Méthodes employées** : filtre de diffusion anisotropique (Annexe E), transformée en ondelettes stationnaire ; ondelette Daubechies 1 (DB1) (Chapitre 1, Section 3.3), classifieur RF (Chapitre 3, Section 2.4).

**3.5. Métriques d'évaluation** : Tanimoto et Dice.

$$Tanimoto = \frac{|S_1 \cap S_2|}{|S_1 \cup S_2|} \quad (5.1)$$

$$Dice = 2 \times \frac{|S_1 \cap S_2|}{|S_1| + |S_2|} \quad (5.2)$$

où  $S_1$  correspond à la vérité-terrain et  $S_2$  correspond aux résultats de la segmentation. Ces deux index produisent des valeurs comprises entre 0 et 1 ; 0 veut dire que  $S_1$  et  $S_2$  ne se chevauchent pas, 1 veut dire qu'ils sont complètement confondus.

**3.6. Langage de programmation** : utilisation de Matlab.

**3.7. Description** : ce système étend une méthode déjà existante [Demirhan 2011] :

- Lisser les images à l'aide du filtre de diffusion anisotropique (**Fig 5.1**).
- Appliquer la transformée en ondelettes stationnaire sur un seul niveau.
- Extraire des caractéristiques statistiques (entropie, énergie, écart-type, et écart absolu moyen) autour de chaque voxel (fenêtre  $3 \times 3$ ) ; utilisation de l'approximation et de la moyenne des sous-bandes détails. Soit  $W$  une fenêtre.  $N$ ,  $X_i$ , et  $M$  sont respectivement le nombre d'éléments, un échantillon, et la moyenne de  $W$  :

$$Entropie = - \sum_i X_i^2 \log X_i^2 \quad (5.3)$$

$$Energie = \frac{1}{N} \sum_i X_i^2 \quad (5.4)$$

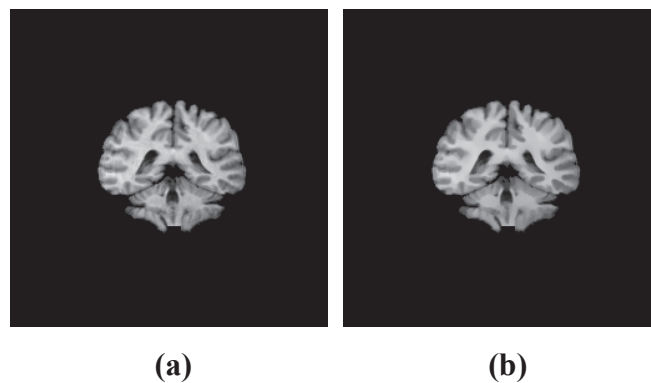
$$EcartType = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (X_i - M)^2} \quad (5.5)$$

$$Ecart\ Absolu\ Moyen = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N |X_i - M| \quad (5.6)$$

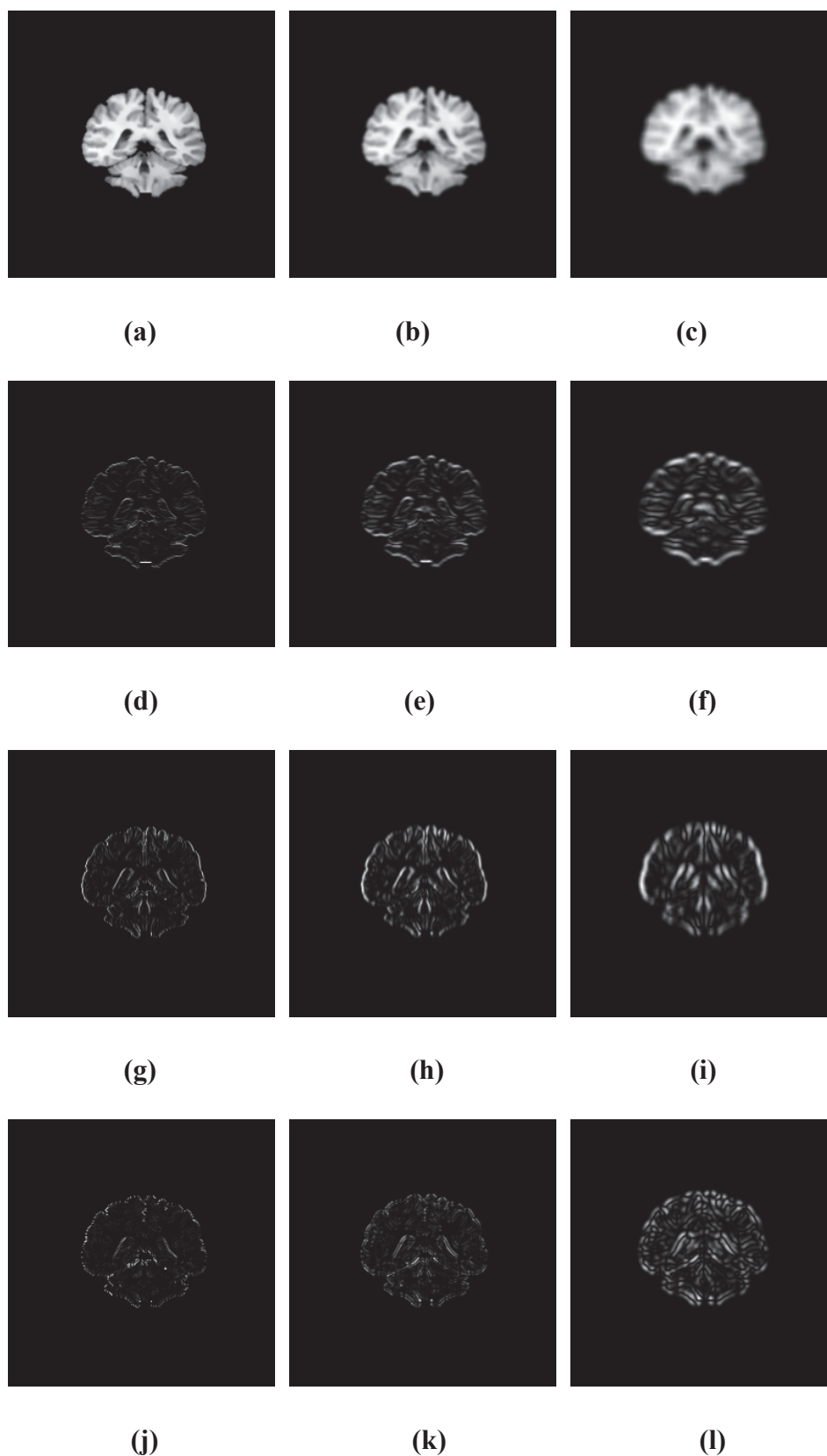
- Entraîner (de manière supervisée) et tester une carte auto-organisatrice.

Le système proposé se distingue par :

- Une exploration plus profonde (**Fig 5.2**) de l'image par la transformée en ondelettes stationnaire (3 niveaux) ainsi qu'une utilisation de toutes les sous-bandes.
- Utilisation d'une méthode d'apprentissage robuste, mais peu utilisée : classifieur RF (le nombre d'arbres est égal à 100,  $n$  est équivalent à deux tiers de l'ensemble d'entraînement, et  $m$  équivaut à la racine carrée du nombre de variables).



**Fig 5.1** Application du filtre de diffusion anisotropique : **(a)** image originale, **(b)** image filtrée. L'image résultante est plus lisse ; diminution de l'effet du bruit et du champ de biais.



**Fig 5.2** La transformée en ondelettes stationnaire appliquée à **Fig 5.1(b)**. De gauche à droite : les 3 niveaux de décomposition. De haut en bas : les sous-bandes LL, LH, HL, et HH respectivement.

### 3.8. Résultats et discussion

Tab 5.2 et Tab 5.3 regroupent les résultats obtenus par le Système 1 :

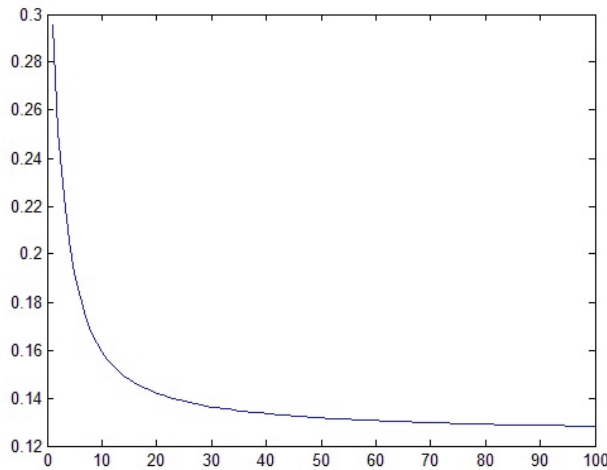
**Tab 5.2** Les coefficients Tanimoto obtenus par le Système 1.

Volumes de test	Matière grise	Matière blanche	Liquide céphalo-rachidien
2_4	0.74008	0.419902	0.169075
5_8	0.821157	0.621806	0.573396
7_8	0.828809	0.677967	0.339359
11_3	0.826251	0.696377	0.311528
13_3	0.830046	0.678961	0.251778
16_3	0.794296	0.586732	0.398176
100_23	0.835658	0.690501	0.241176
111_2	0.810037	0.686426	0.29783
191_3	0.80757	0.696597	0.217026
205_3	0.839112	0.734006	0.458151
<b>Moyennes</b>	<b>0.8133016</b>	<b>0.6489257</b>	<b>0.3257495</b>

**Tab 5.3** Les coefficients Dice obtenus par le Système 1.

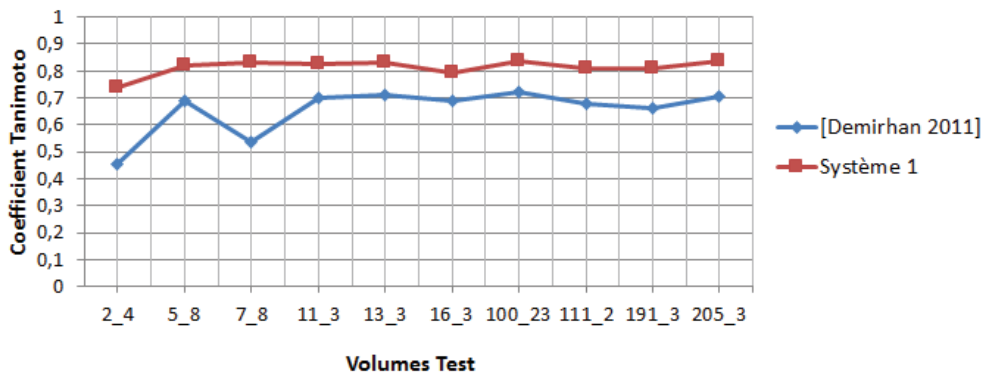
Volumes de test	Matière grise	Matière blanche	Liquide céphalo-rachidien
2_4	0.848971	0.579889	0.258694
5_8	0.900218	0.750523	0.691536
7_8	0.904207	0.794666	0.448009
11_3	0.903898	0.808098	0.425332
13_3	0.90595	0.794256	0.364221
16_3	0.884118	0.718484	0.501488
100_23	0.909443	0.802081	0.333188
111_2	0.894123	0.802561	0.408771
191_3	0.891808	0.807068	0.30366
205_3	0.911314	0.838175	0.544213
<b>Moyennes</b>	<b>0.895404</b>	<b>0.7695801</b>	<b>0.4279112</b>

La figure **Fig 5.3** montre l'évolution du taux d'erreur sur l'ensemble d'entraînement. Cette mesure (qui peut être vue comme une phase initiale d'évaluation) montre que la capacité qu'a le système à opérer une bonne classification est directement proportionnelle au nombre d'arbres que compte le classifieur RF. Cette tendance qui est très accentuée au niveau des 20 premiers arbres diminue de plus en plus au fur et à mesure que la courbe progresse. À noter que les résultats de ce graphique peuvent éventuellement servir de base pour choisir le nombre d'arbres qui composent le modèle.



**Fig 5.3** Évolution du taux d'erreur (ordonnées) en fonction du nombre d'arbres (abscisses) pendant la phase d'entraînement.

Les figures **Fig 5.4** et **Fig 5.5** montrent une comparaison entre nos résultats et ceux obtenus par la méthode présentée dans [Demirhan 2011] ; le Système 1 obtient les meilleurs résultats. Cela peut s'expliquer d'une part par l'utilisation d'un niveau de décomposition plus profond et d'autre part par la robustesse du classifieur RF.



**Fig 5.4** Le Système 1 versus la méthode de [Demirhan 2011] pour la segmentation de la matière grise.

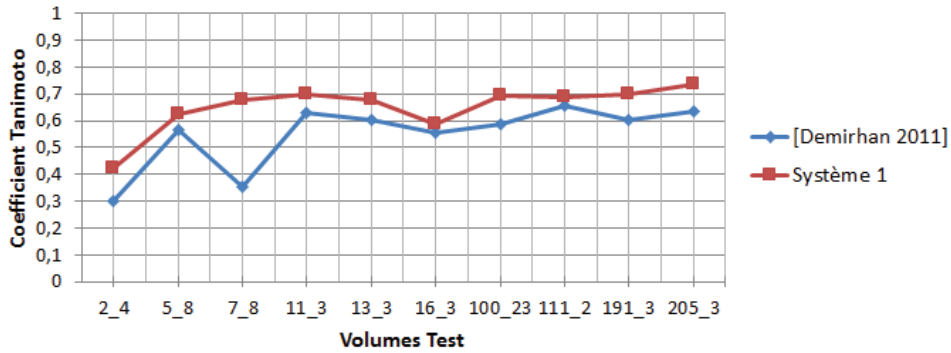


Fig 5.5 Le Système 1 versus la méthode de [Demirhan 2011] pour la segmentation de la matière blanche.

Une comparaison des résultats obtenus avec ceux publiés (*Adaptive MAP*<sup>1</sup> (AMAP), *Biased MAP*<sup>2</sup> (BMAP), FCM, MAP<sup>3</sup>, *Maximum-Likelihood algorithm*<sup>4</sup> (MLC), et *Tree-Structure K-Means*<sup>5</sup> (TSKMeans)) au niveau du site web IBSR (<http://www.cma.mgh.harvard.edu/ibsr/>) est illustrée dans Fig 5.6, Fig 5.7, et Fig 5.8. La méthode proposée obtient les meilleures performances pour la matière grise et le liquide céphalo-rachidien. Par contre, pour ce qui est de la matière blanche, le Système 1 obtient les meilleurs résultats sur 7 volumes (il obtient des performances moyennes sur les 3 volumes restants) ; cela peut s'expliquer par le fait que les caractéristiques utilisées ne sont pas assez pertinentes pour bien discriminer la matière blanche. Une comparaison des résultats moyens est également montrée dans Fig 5.9 ; le Système 1 obtient les meilleurs résultats moyens, quel que soit le tissu cérébral.

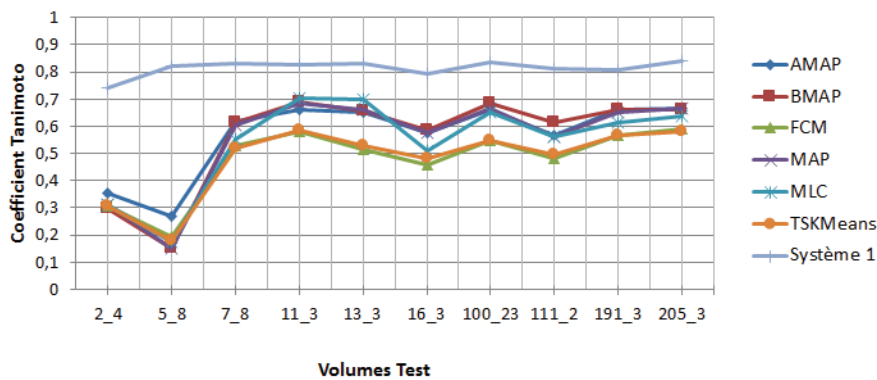


Fig 5.6 Le Système 1 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR pour la matière grise.

<sup>1</sup> Les paramètres des tissus sont adaptés spatialement afin d'opérer la segmentation.

<sup>2</sup> Suppose que le champ de biais interagit de manière multiplicative avec les signaux des tissus.

<sup>3</sup> Méthode permettant d'estimer des paramètres inconnus avec la possibilité de prendre en compte un *a priori*.

<sup>4</sup> Étant donné un modèle et des données, cette méthode recherche les paramètres (du modèle) qui permettent d'expliquer au mieux les données observées.

<sup>5</sup> Une variante du K-Means qui s'appuie sur l'utilisation d'un arbre : au début, il n'y a qu'un seul cluster, mais ce dernier est divisé au fil des itérations afin de produire le nombre de clusters désiré.



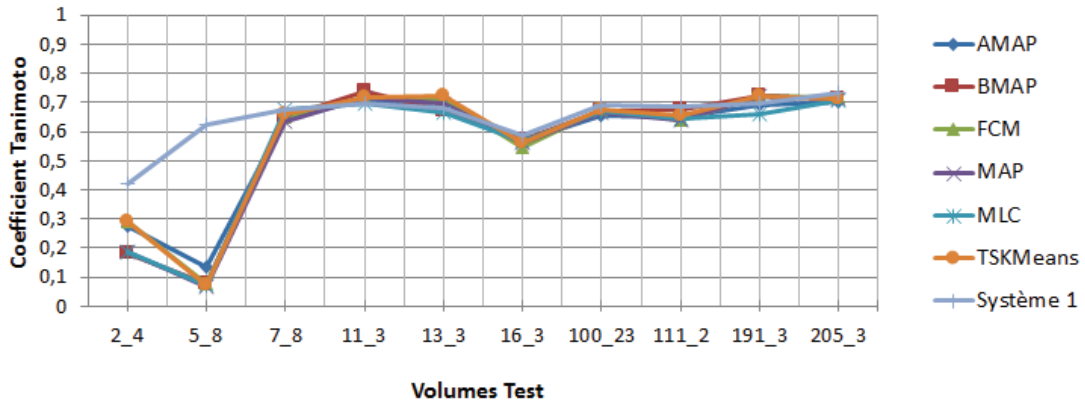


Fig 5.7 Le Système 1 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR pour la matière blanche.

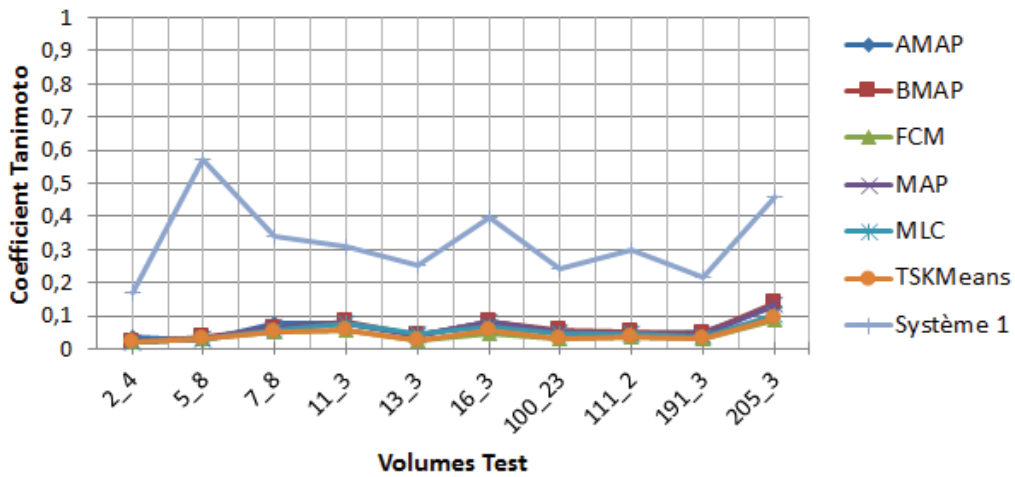


Fig 5.8 Le Système 1 proposé versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR pour le liquide céphalo-rachidien.

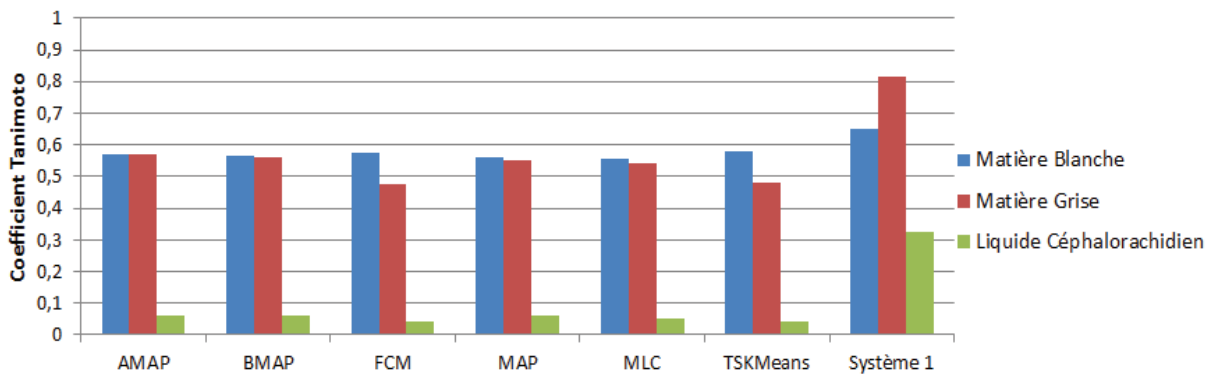
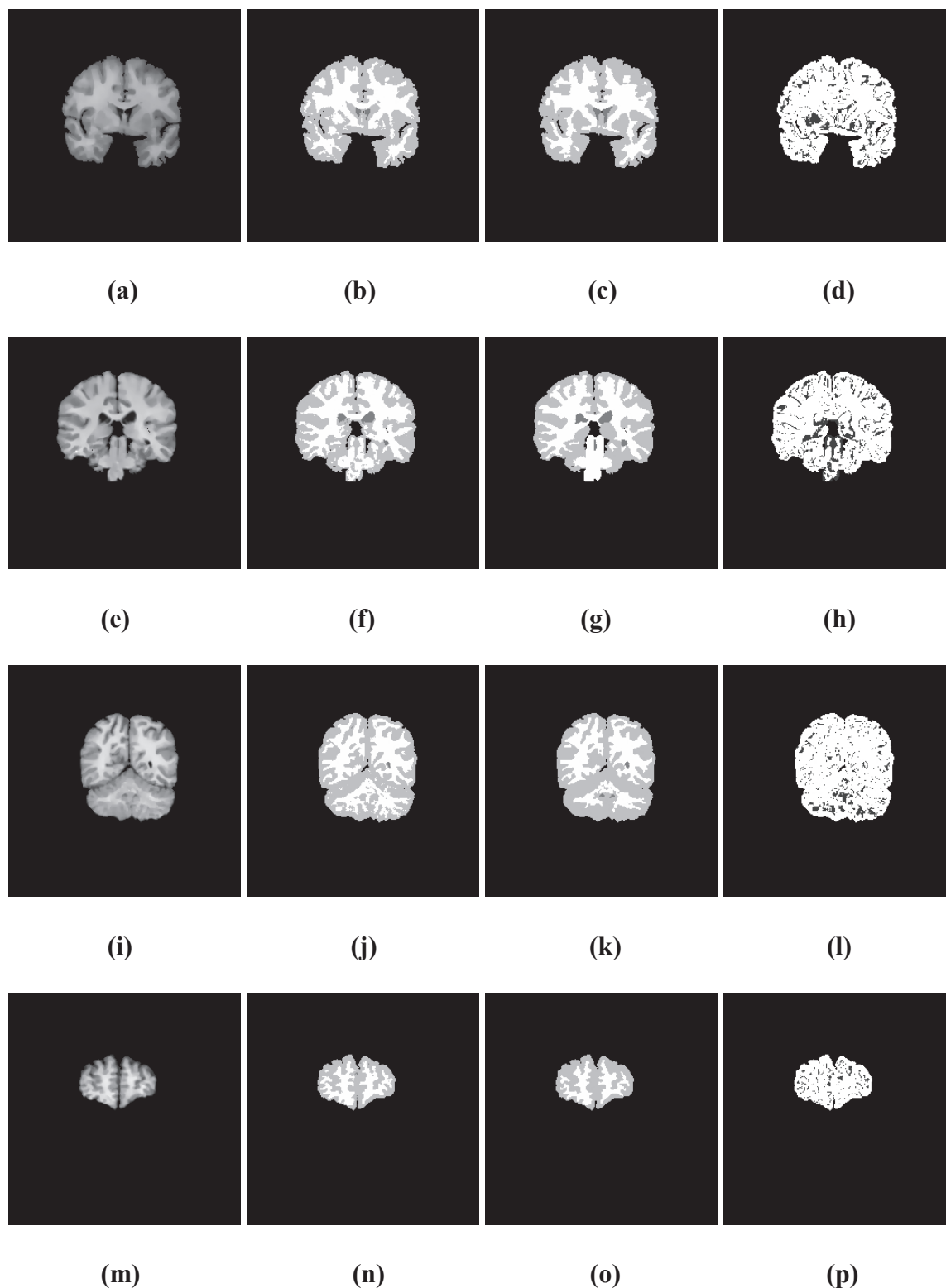


Fig 5.9 Performances moyennes : Système 1 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR.

Quelques images accompagnées de leur segmentation ainsi que de la vérité-terrain sont présentées dans Fig 5.10.



**Fig 5.10** Quelques images (a, e, i, m), segmentation par le Système 1 (b, f, j, n), vérité-terrain (c, g, k, o), et différence (d, h, l, p). Au niveau des images d, h, l, et p, le Blanc indique les classifications correctes alors que le Gris indique les classifications incorrectes.

Afin de savoir s'il y a une différence statistique significative entre nos résultats et ceux de [Demirhan 2011], un *Mann-Whitney U test* [Mann 1947] (méthode non paramétrique) est utilisé pour chacune des matières blanche et grise sous l'hypothèse nulle que tous les échantillons proviennent de la même population. L'hypothèse nulle a été rejetée dans les deux cas avec un seuil de signification de 5% : une valeur  $p = 1.8267 \times 10^{-04}$  pour la matière grise et une valeur  $p = 0.0113$  pour la matière blanche.

Afin de vérifier s'il y a une différence statistique significative entre nos résultats et ceux obtenus par les méthodes IBSR, un *Kruskal-Wallis Analysis of Variance (ANOVA) test* (méthode non paramétrique) [Kruskal 1952] est réalisé pour chacune des matières cérébrales sous l'hypothèse nulle que l'ensemble des échantillons proviennent de la même population. L'hypothèse nulle a été rejetée (**Tab 5.4** et **Tab 5.6**) pour la matière grise et le liquide céphalo-rachidien avec un seuil de signification de 5% : une valeur  $p = 6.98838 \times 10^{-06}$  pour la matière grise et une valeur  $p = 4.45649 \times 10^{-05}$  pour le liquide céphalo-rachidien. Par contre, pour ce qui est de la matière blanche, l'hypothèse nulle n'a pas été rejetée (**Tab 5.5**) avec un seuil de 5% puisque la valeur  $p$  retournée est égale à 0.9237. Afin de savoir quelles courbes sont effectivement différentes, une procédure de comparaison multiple (Tuckey-Kramer) [Hochberg 1987] (**Fig 5.11**) est réalisée. Celle-ci retourne les points suivants :

- Concernant la matière grise, les résultats obtenus par la méthode proposée sont statistiquement différents de ceux obtenus par les méthodes IBSR. En plus, il n'y a aucune différence statistique significative entre les méthodes IBSR.
- Concernant la matière blanche, il n'y a aucune différence statistique significative entre n'importe quelle paire de méthodes.
- Concernant le liquide céphalo-rachidien, les résultats obtenus par la méthode proposée sont statistiquement différents de ceux obtenus par les méthodes IBSR. En plus, il n'y a aucune différence statistique significative entre les méthodes IBSR.

**Tab 5.4** Tableau ANOVA Kruskal-Wallis pour la matière grise.

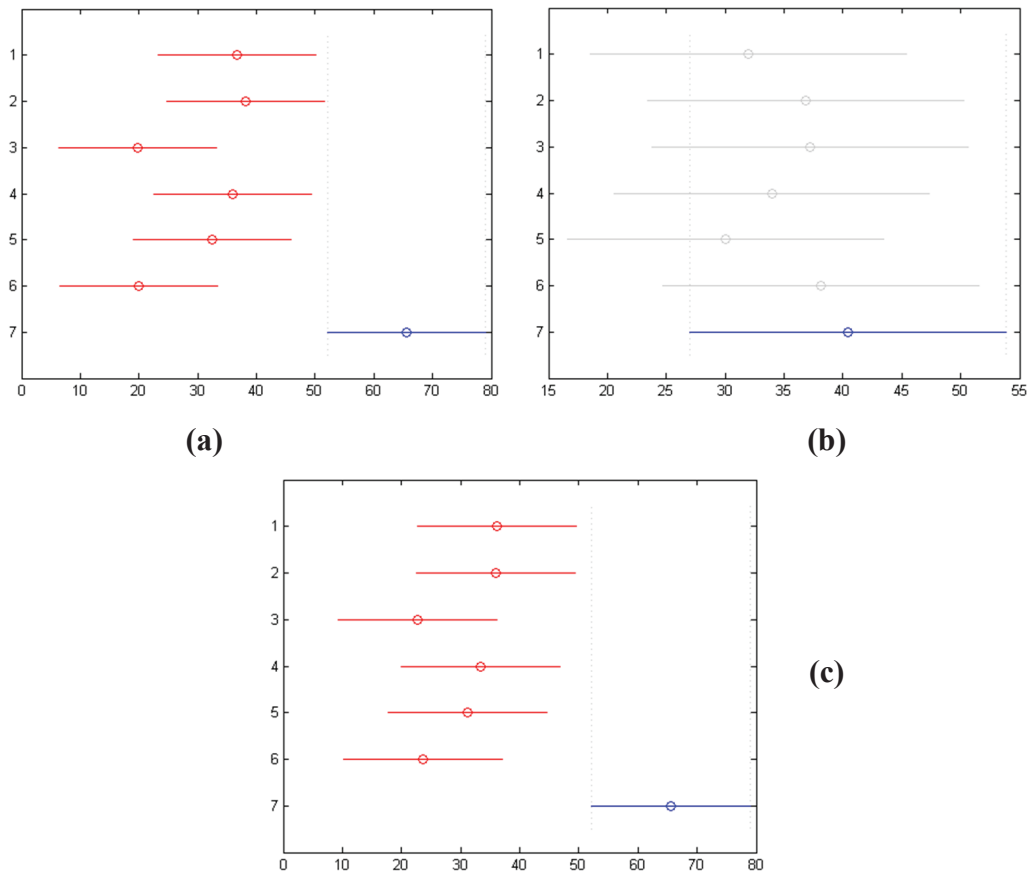
Source	Somme des carrées	Degrés de liberté	Moyennes carrées	Chi-carrée	$p$
Colonne	14043.8	6	2340.63	33.91	$6.98838 * 10^{-06}$
Erreur	14528.8	63	230.62		
Total	28572.5	69			

**Tab 5.5** Tableau ANOVA Kruskal-Wallis pour la matière blanche.

Source	Somme des carrées	Degrés de liberté	Moyennes carrées	Chi-carrée	<i>p</i>
Colonne	810	6	135	1.96	0.9237
Erreur	27760.5	63	440.643		
Total	28570.5	69			

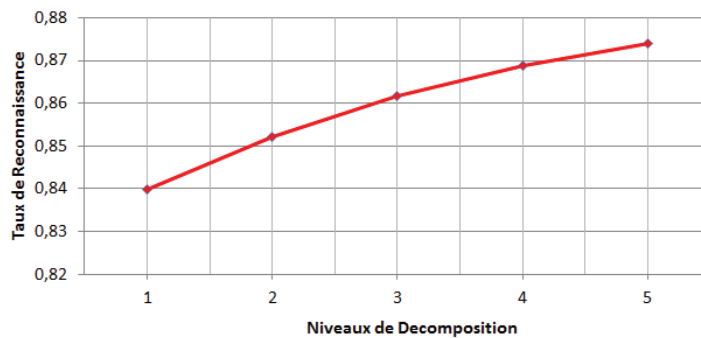
**Tab 5.6** Tableau ANOVA Kruskal-Wallis pour le liquide céphalo-rachidien.

Source	Somme des carrées	Degrés de liberté	Moyennes carrées	Chi-carrée	<i>p</i>
Colonne	12294.5	6	2049.09	29.71	$4.45649 * 10^{-05}$
Erreur	16256	63	258.03		
Total	28550.5	69			

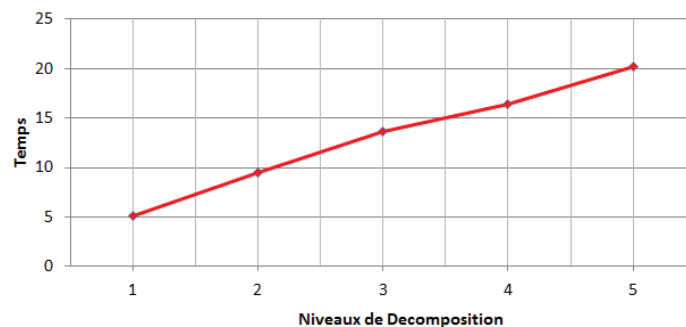


**Fig 5.11** Résultats de la comparaison multiple : (a) matière grise, (b) matière blanche, et (c) liquide céphalo-rachidien. Les axes verticaux et horizontaux font référence aux méthodes comparées [(1) AMAP, (2) BMAP, (3) FCM, (4) MAP, (5) MLC, (6) TSKMeans, et (7) le Système 1] et aux rangs moyens obtenus, respectivement.

Les figures **Fig 5.12** et **Fig 5.13** démontrent l'impact du niveau de résolution (transformée en ondelettes stationnaire) sur le taux de reconnaissance ainsi que le temps de traitement par image, respectivement. La figure **Fig 5.12** montre que l'augmentation du taux de reconnaissance global est proportionnelle à l'augmentation du niveau de décomposition. La tendance de la courbe suggère également qu'une exploration plus profonde de l'image par la transformée en ondelettes stationnaire pourrait être bénéfique. La figure **Fig 5.13** indique que le temps de traitement par image augmente de manière quasi-linéaire avec le niveau de résolution, cet aspect contrebalance donc la perspective qui découle de **Fig 5.12**. À noter que des expériences supplémentaires ont été menées (Annexe B) afin de déterminer le potentiel de chaque type de coefficients ; les résultats obtenus montrent la supériorité des coefficients d'approximation. Afin de traiter la complexité qui pourrait découler de l'augmentation du niveau de résolution (transformée en ondelettes stationnaire), il est possible d'utiliser des méthodes de sélection de caractéristiques rudimentaires (analyse en composantes principales ; Annexe D) ou plus complexes ([Reyes-Aldasoro 2006] [Puig 2010] [Ait Kerroum 2010]). Cependant, ce type de méthodes formule des hypothèses de départ qui sont difficilement vérifiables. Par conséquent, il pourrait ne pas capturer efficacement les caractéristiques qui sont effectivement utiles à la classification. Une autre piste intéressante consisterait à employer un système basé purement sur le langage C++ et une architecture multi-thread.



**Fig 5.12** Évolution du taux de reconnaissance à travers 5 niveaux de décomposition.



**Fig 5.13** Évolution du temps de traitement (en secondes) par image à travers 5 niveaux de décomposition.

En dernier lieu, nous comparons (Fig 5.14) les résultats du classifieur RF à ceux d'AdaBoost [Freund 1997] en utilisant le même niveau de résolution (3). Le classifieur RF obtient les meilleurs résultats quelle que soit la matière cérébrale. À noter aussi que le classifieur AdaBoost a été totalement incapable de reconnaître le liquide céphalo-rachidien. Cela peut s'expliquer par le fait que ce dernier est une classe minoritaire ; l'AdaBoost peut au cours du processus d'apprentissage ignorer cette classe et se concentrer sur les classes les plus présentes (matière grise, matière blanche) afin d'augmenter sa performance globale.

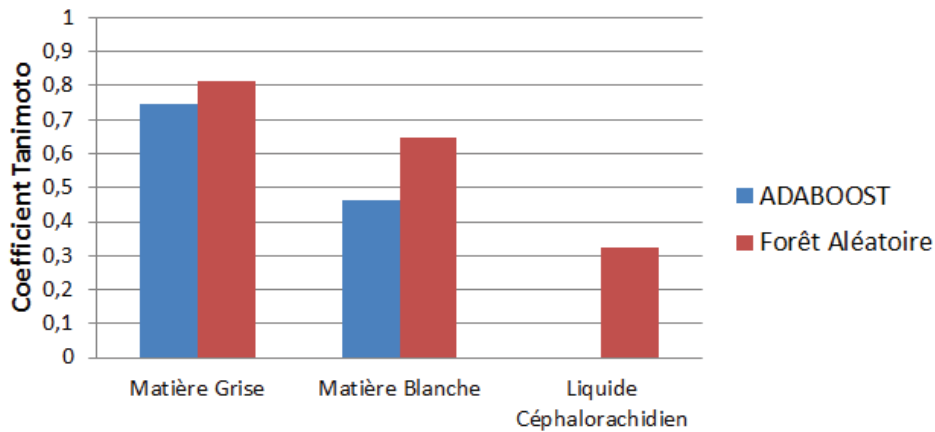


Fig 5.14 Performances moyennes : RF versus AdaBoost avec 3 niveaux de décomposition.

### 3.9. Récapitulatif

- L'hypothèse de départ est vérifiée ; une exploration plus profonde de l'image par la transformée en ondelettes stationnaire permet d'améliorer la segmentation des IRM cérébrales.
- Le Système 1 a obtenu des résultats prometteurs par rapport à plusieurs autres méthodes.
- La méthode RF produit des performances robustes.
- La complexité du système proposé peut être améliorée de différentes manières (code C++, architecture multi-thread, sélection des caractéristiques, diminution du nombre d'arbres au niveau du classifieur, etc.).

## 4. Système 2

**4.1. Objectif** : améliorer les performances du Système 1 en utilisant un nombre réduit mais plus pertinent de caractéristiques.

**4.2. Hypothèse** : la machine est capable de créer de nouvelles caractéristiques pour la segmentation des IRM cérébrales ; celles-ci seraient capables d'égaliser ou de surpasser les mesures statistiques classiques utilisées au niveau du Système 1.

**4.3. Base d'images** : IBSR (Tab 5.7 et Tab 5.8). Cette division prend en compte le degré de difficulté des volumes ; ceux-ci sont sélectionnés de manière équitable dans toutes les étapes).

**Tab 5.7** Première division de la base IBSR.

Volumes d'entraînement	Volumes de test
4_8	5_8
6_10	2_4
16_3	15_3
8_4	17_3
110_3	7_8
112_2	111_2
202_3	100_23
12_3	191_3
1_24	13_3
11_3	205_3

**Tab 5.8** Division des volumes d'entraînement (10 images sont uniformément sélectionnées au niveau de chaque volume).

Volumes d'entraînement	Volumes de test
6_10	4_8
8_4	16_3
112_2	110_3
12_3	202_3
11_3	1_24

**4.4. Méthodes employées** : filtre de diffusion anisotropique (Annexe E), transformée en ondelettes stationnaire (DB1), programmation génétique (Chapitre 1, Section 4.6), classifieur RF (même paramétrage que le Système 1) (Chapitre 3, Section 2.4).

**4.5. Métriques d'évaluation** : utilisation des index Tanimoto et Dice.

**4.6. Langages de programmation** : la phase de codage s'appuie sur le C++ et le Matlab.

**4.7. Description**

- Lisser les images à l'aide du filtre de diffusion anisotropique.
- Appliquer la transformée en ondelettes stationnaire sur 3 niveaux.
- Dériver de nouvelles caractéristiques à partir de chaque sous-bande de manière indépendante (**Tab 5.8**).
- Fusionner les caractéristiques obtenues au sein d'un seul classifieur RF (**Tab 5.7**).

**4.8. Formalisme de la programmation génétique**

**4.8.1. Terminaux** : correspondent aux positions spatiales contenues dans une fenêtre 3×3 (**Fig 5.15**).

1	2	3
4	5	6
7	8	9

**Fig 5.15** Fenêtre indiquant les terminaux utilisés dans le Système 2 ; un label unique est assigné à chaque position.

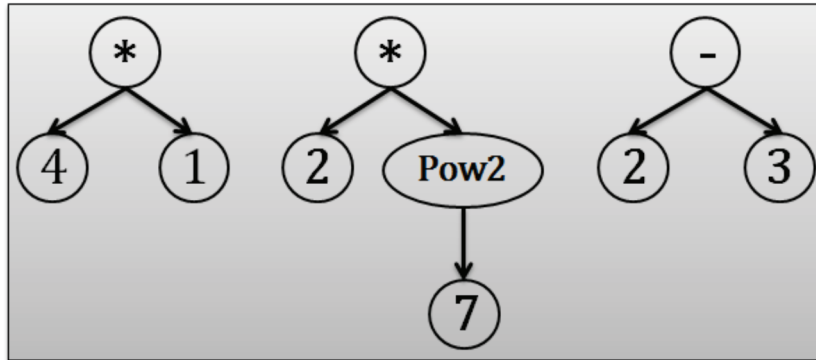
**4.8.2. Non-terminaux** : correspondent à des fonctions mathématiques classiques (**Tab 5.9**). Ces dernières sont utilisées de manière à éviter la production de valeurs indéfinies.

**Tab 5.9** Non-terminaux utilisés dans le Système 2.

Fonctions	Nombre d'arguments
+ (addition)	2
- (soustraction)	2
* (multiplication)	2
/ (division)	2
SQRT (racine carrée)	1
POW2 (puissance 2)	1
ABS (valeur absolue)	1
LOG (logarithme naturel)	1
SIN (sinus)	1
COS (cosinus)	1



**4.8.3. Individus** : un individu (**Fig 5.16**) correspond à une structure composée de plusieurs arbres (3). En effet, cette idée est motivée par la recherche de mesures complémentaires au niveau de chaque sous-bande générée par la transformée en ondelettes stationnaire. Initialiser un individu revient à initialiser ses arbres ; la méthode *Ramped Half-and-Half* [Koza 1992] est utilisée à cette fin.



**Fig 5.16** Un exemple d'individu : une agrégation de plusieurs arbres. Les chiffres 1, 2, 3, 4, 7 font référence aux positions spatiales décrites dans **Fig 5.15**.

**4.8.4. Reproduction** : consiste à répliquer une fraction des meilleurs individus directement d'une génération à une autre.

**4.8.5. Sélection** : cet opérateur consiste à opérer un tournoi stochastique binaire ; sélection aléatoire de deux individus et rétention du meilleur.

**4.8.6. Crossover** : cette opération se décline en deux versions. La première implique un simple échange d'arbres alors que la deuxième requiert un échange de nœuds entre les arbres. Les deux versions sont utilisées de manière équitable.

**4.8.7. Mutation** : appliquer cette opération à un individu revient à :

- Sélectionner aléatoirement un de ses arbres.
- Sélectionner aléatoirement un des nœuds.
- Remplacer le nœud sélectionné par un nouvel arbre généré de manière aléatoire.

**4.8.8. Fitness** : calculer le fitness d'un individu revient à :

- Exécuter ses arbres.
- Entraîner un classifieur RF sur les volumes d'entraînement (**Tab 5.8**).

- Tester ce classifieur sur les volumes de test (**Tab 5.8**).
- Calculer le taux de classification.

#### 4.9. Procédure de dérivation

Étant donnée une sous-bande X, la procédure suivante explique comment y générer de nouvelles caractéristiques :

- Calculer X pour toutes les images dans les ensembles d'entraînement et de test **Tab 5.8**.
- Exécuter le module de programmation génétique :
  - ✓ Initialisation avec les paramètres décrits dans **Tab 5.10**.
  - ✓ Générer une population initiale aléatoire.
  - ✓ Évaluation du fitness.
  - ✓ Tant que le nombre maximum de génération n'est pas atteint faire :
    - Sélection.
    - Reproduction.
    - Crossover.
    - Mutation.
    - Évaluation du fitness.
- Retenir le meilleur individu à travers la procédure comme étant la solution finale.

**Tab 5.10** Paramètres du module programmation génétique.

Paramètres	Valeurs
Nombre de générations	25
Nombre d'individus	200
Nombre d'arbres par individu	3
Probabilité de Reproduction	5%
Probabilité de Crossover	80%
Probabilité de Mutation	15%
Profondeur maximale des arbres	Pas de limite
Profondeur maximale initiale des arbres	2
Critère d'arrêt	Le nombre de générations

#### 4.10. Résultats et discussion

Les tableaux **Tab 5.11** et **Tab 5.12** regroupent les résultats obtenus par le Système 2 :

**Tab 5.11** Les coefficients Tanimoto obtenus par le Système 2.

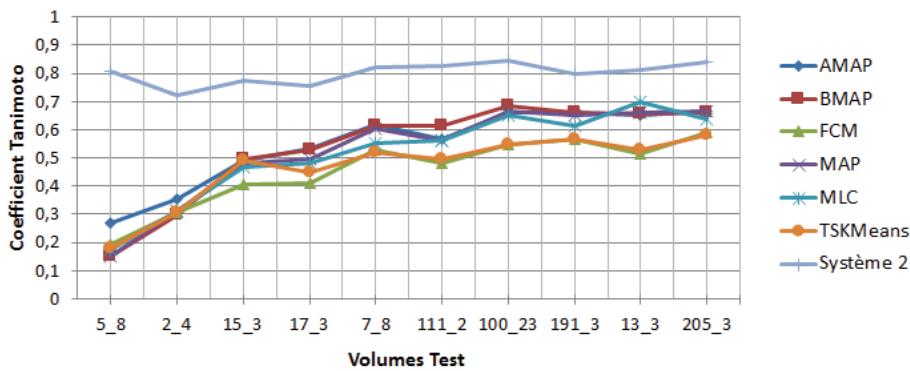
Volumes de test	Matière grise	Matière blanche	Liquide céphalo-rachidien
5_8	0.809602	0.671034	0.666114
2_4	0.720232	0.462707	0.299578
15_3	0.775333	0.642885	0.653312
17_3	0.757441	0.533786	0.464843
7_8	0.823232	0.709615	0.519493
111_2	0.824576	0.747588	0.428798
100_23	0.84681	0.744846	0.386675
191_3	0.800169	0.728063	0.399531
13_3	0.813437	0.681882	0.279222
205_3	0.839956	0.766325	0.680578
<b>Moyennes</b>	<b>0.8010788</b>	<b>0.6688731</b>	<b>0.4778144</b>

**Tab 5.12** Les coefficients Dice obtenus par le Système 2.

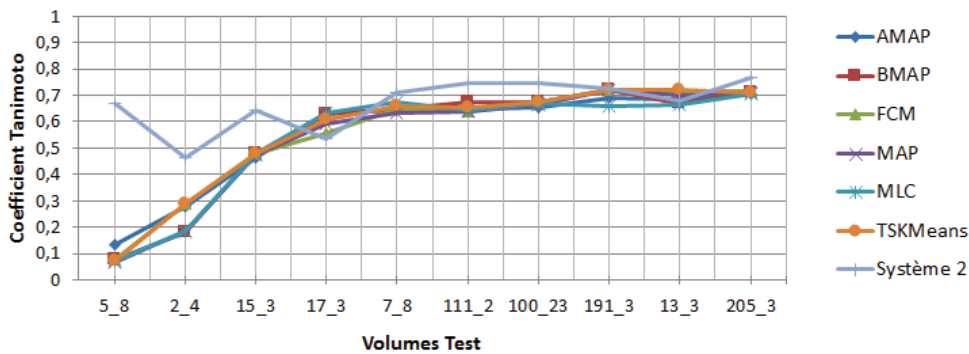
Volumes de test	Matière grise	Matière blanche	Liquide céphalo-rachidien
5_8	0.894785	0.803136	0.799602
2_4	0.837366	0.632672	0.461039
15_3	0.873451	0.782672	0.790307
17_3	0.861981	0.696037	0.634666
7_8	0.903047	0.830146	0.683772
111_2	0.903855	0.855566	0.600222
100_23	0.917052	0.853767	0.557701
191_3	0.888993	0.843635	0.57095
13_3	0.897122	0.810856	0.43655
205_3	0.913018	0.867706	0.809933
<b>Moyennes</b>	<b>0.889067</b>	<b>0.797515</b>	<b>0.6344742</b>

Une comparaison des résultats obtenus avec ceux publiés au niveau du site web IBSR est illustrée dans **Fig 5.17**, **Fig 5.18**, et **Fig 5.19**. Le Système 2 obtient les meilleurs résultats en ce qui concerne la matière grise et le liquide céphalo-rachidien. Cependant, il obtient les meilleurs résultats dans 8 volumes (uniquement) concernant la matière blanche. Une comparaison des résultats moyens est également montrée dans **Fig 5.20**. À partir de là, on peut noter que les comportements des Systèmes 1 et 2 sont semblables.

Au niveau du Système 2, les résultats obtenus pour la matière grise et le liquide céphalo-rachidien nous poussent à avancer l'hypothèse que les caractéristiques permettant de classifier ces deux matières sont facilement et rapidement constructibles par le module de programmation génétique. Toutefois, ce n'est apparemment pas le cas pour la matière blanche. En effet, il se pourrait que la configuration du module de programmation génétique ne permette pas d'approximer convenablement la fonction qui détermine si un voxel est de la matière blanche ou non.



**Fig 5.17** Le Système 2 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR pour la matière grise.



**Fig 5.18** Le Système 2 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR pour la matière blanche.

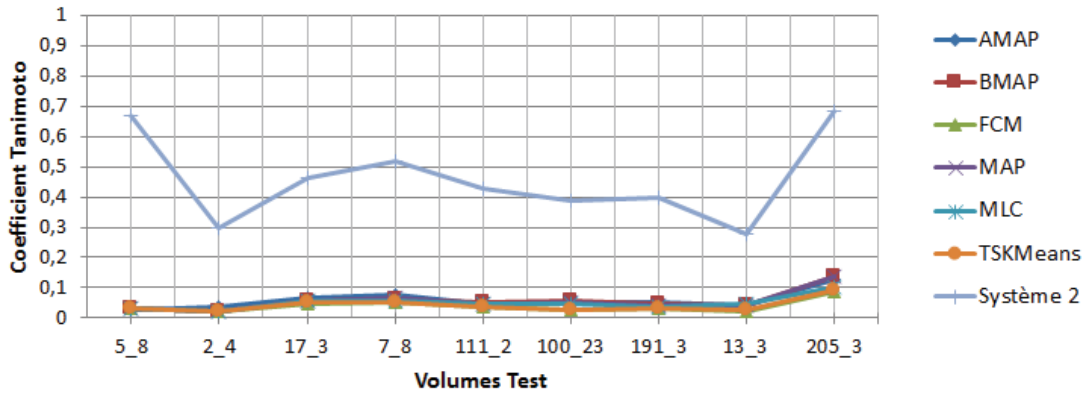


Fig 5.19 Le Système 2 versus les méthodes publiées au niveau du site web IBSR pour le liquide céphalo-rachidien.

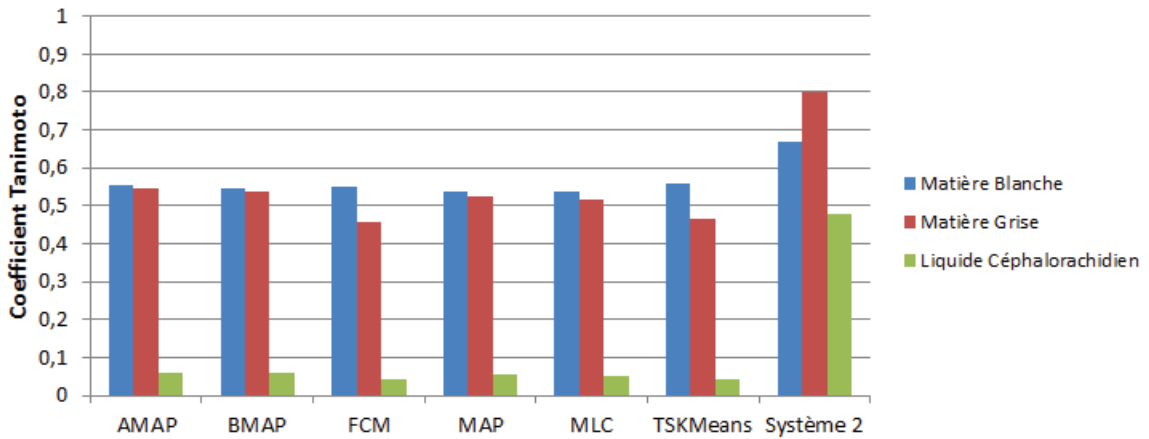


Fig 5.20 Performances moyennes : Système 2 versus méthodes IBSR.

Dans ce qui suit, nous présentons les mesures dérivées au niveau de chaque sous-bande :

**LL niveau 1**

- $/(5, \text{Log}(8))$
- $\text{Pow}2(2)$
- $*(\text{Log}(8), *(3,9))$

**LL niveau 2**

- $*(4,1)$
- $*(2, \text{Pow}2(7))$
- $-(2,3)$

**LL niveau 3**

- $/(*(4,2),1)$
- 7
- $+(*( \text{Pow}2(5), 1), \text{Pow}2(8))$

**LH niveau 1**

- $+(2,4)$
- 7
- $-(1,4)$

**LH niveau 2**

- 4
- 7
- $-(*(1,8), \text{Log}(5))$

**LH niveau 3**

- $+(-(-5,7),2)$
- $+(+(\text{Log}(4),2),2)$
- 1

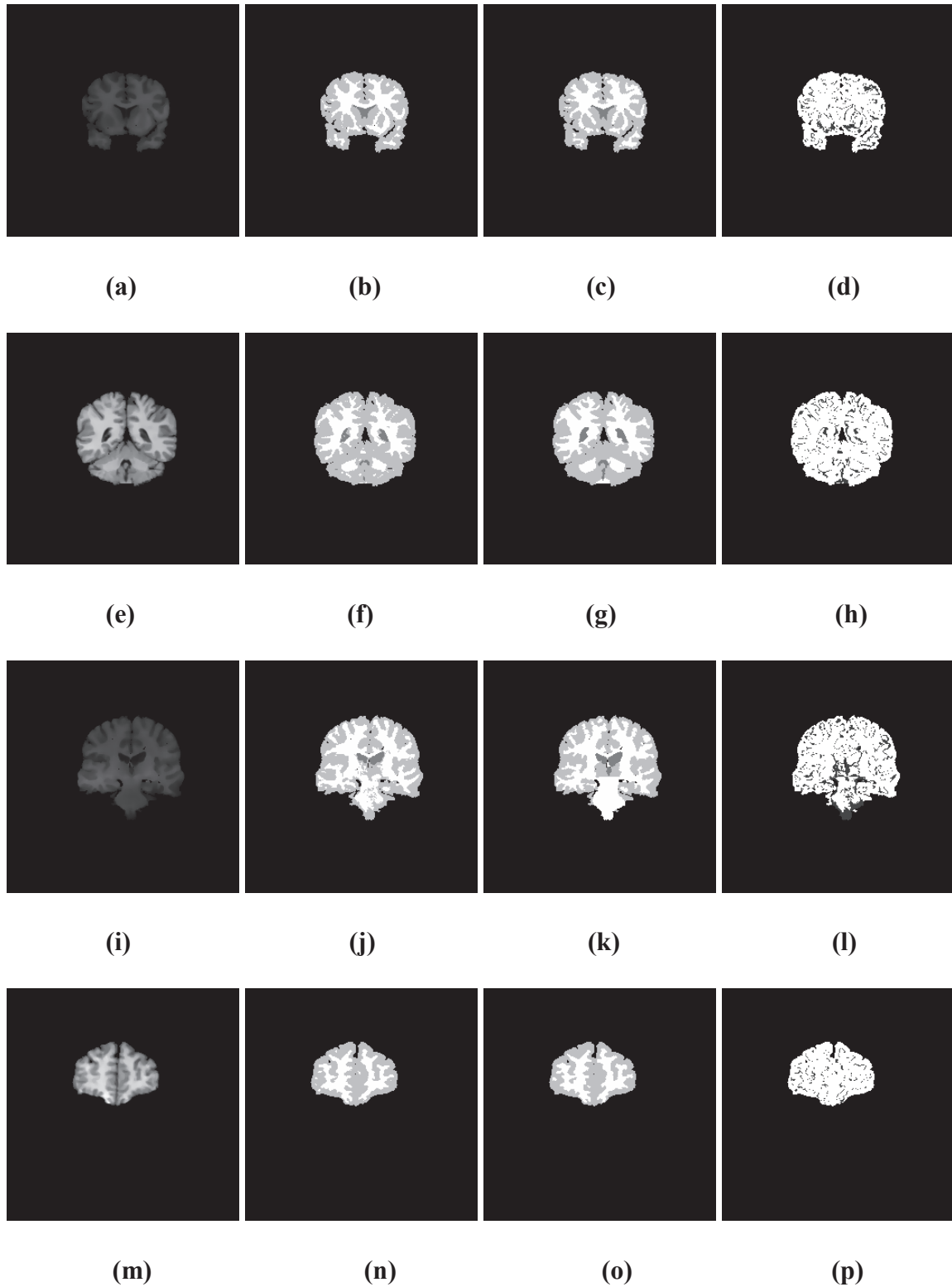
<b>HL niveau 1</b>	<b>HL niveau 2</b>	<b>HL niveau 3</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• 3</li> <li>• <math>-(\text{SQRT}(1),5)</math></li> <li>• <math>-(+(\text{ABS}(6),4),6)</math></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 3</li> <li>• <math>\text{Log}(\text{Pow}2(2))</math></li> <li>• <math>/(8,/(8,1))</math></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 1</li> <li>• <math>-(5,2)</math></li> <li>• 3</li> </ul>
<b>HH niveau 1</b>	<b>HH niveau 2</b>	<b>HH niveau 3</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <math>-(-(8,+(5,9)),6)</math></li> <li>• <math>+(\text{Log}+(\text{*}(5,6),\text{COS}(3))),\text{Pow}2(2))</math></li> <li>• <math>-(4,8)</math></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 9</li> <li>• 5</li> <li>• <math>\text{*}(4,2)</math></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <math>\text{SQRT}(\text{*}(1,8))</math></li> <li>• <math>\text{*}(2,9)</math></li> <li>• 4</li> </ul>

Observations concernant les nouvelles mesures :

- Ces mesures ont peu de sens pour un observateur humain (la subjectivité humaine empêche de voir certaines solutions).
- Ces attributs sont adaptés aux forces ainsi qu'aux faiblesses du classifieur RF.
- Au niveau de chaque sous-bande, on peut remarquer que seule une partie des positions spatiales (contenus dans la fenêtre  $3 \times 3$ ) est employée. On peut donc conclure qu'une exploitation partielle de ces positions est suffisante pour assurer de bonnes performances ; quelques-unes sont pertinentes, les autres ne le sont pas.
- Au niveau de chaque sous-bande, les mesures produites sont exclusives et complémentaires entre elles ; ceci résulte du formalisme même du système.

Dans **Tab 5.13**, est comparé le Système 1 avec le Système 2 en termes de taux de reconnaissance (utilisation de la division de la base IBSR telle qu'illustrée dans **Tab 5.7**). On peut voir que le Système 2 dépasse légèrement le Système 1 tout en utilisant un nombre plus réduit de caractéristiques (36). À noter que le temps moyen de traitement par image du Système 2 est également meilleur (3.1424 secondes par image contre 14 secondes à peu près pour le Système 1).

Quelques images accompagnées de leur segmentation ainsi que de la vérité-terrain sont présentées dans **Fig 5.21**.



**Fig 5.21** Quelques images (a, e, i, m), segmentation par le Système 2 (b, f, j, n), vérité-terrain (c, g, k, o), et différence (d, h, l, p). Au niveau des images d, h, l, et p, le Blanc indique les classifications correctes alors que le Gris indique les classifications incorrectes.

**Tab 5.13** Comparaison entre le Système 1 et le Système 2.

<b>Mesures</b>	<b>Systèmes</b>	<b>System 1 (60 caractéristiques)</b>	<b>System 2 (36 caractéristiques)</b>
<b>Taux de Reconnaissance</b>		0.855753	0.870225

#### 4.11. Récapitulatif

- L'hypothèse de départ est vérifiée ; la programmation génétique est capable de créer de nouvelles caractéristiques pour la segmentation des IRM ; optimisation du Système 1.
- Le Système 2 a obtenu des résultats prometteurs par rapport à plusieurs autres méthodes et par rapport au Système 1.
- Les pistes d'amélioration de la complexité explorées au niveau du Système 1 sont également applicables au Système 2.
- Les mesures générées par la programmation génétique sont peu intuitives.



## 5. Système 3

**5.1. Objectif** : segmenter le cerveau en matière blanche, matière grise, et liquide céphalo-rachidien à l'aide d'une version optimisée du *K-Means*.

**5.2. Hypothèse** : la machine est capable de créer de manière automatique un module (*plugin*) qui optimiserait le fonctionnement du *K-Means* en termes de classification et de complexité.

**5.3. Base d'images** : IBSR (Tab 5.14).

**Tab 5.14** Première division de la base IBSR (10 images sont uniformément sélectionnées au niveau de chaque volume d'entraînement).

Volumes d'entraînement	Volumes de test
4_8	5_8
6_10	2_4
16_3	15_3
8_4	17_3
110_3	7_8
112_2	111_2
202_3	100_23
12_3	191_3
1_24	13_3
11_3	205_3

**5.4. Méthodes employées** : filtre de diffusion anisotropique (Annexe E), programmation génétique (Chapitre 1, Section 4.6), *K-Means* ; distance euclidienne,  $\varepsilon = 0.000001$ , et  $K$  choisi de manière supervisée (Chapitre 3, Section 3.1).

**5.5. Métrique d'évaluation** : emploi de l'index Tanimoto.

**5.6. Langage de programmation** : la phase de programmation est réalisée via le C++.

### 5.7. Description

- Lisser les images à l'aide du filtre de diffusion anisotropique.
- Appliquer la programmation génétique afin de dériver une fonction et un pas à partir de l'espace des intensités (phase hors-ligne ; apprentissage) :
  - ✓ La fonction sert à projeter les intensités dans un nouvel espace (censé être plus pertinent que l'espace de départ).

- ✓ Le pas sert à échantillonner le nouvel espace.
- Appliquer la fonction et le pas générés précédemment afin d'améliorer les résultats du *K-Means* (phase en ligne) :
  - ✓ Projection des intensités.
  - ✓ Normalisation dans un espace stable ([1-100] dans l'implémentation).
  - ✓ Arrondir les valeurs obtenues aux multiples du pas les plus proches (agrégation).
  - ✓ Utiliser chaque multiple du pas une seule fois (compression).
  - ✓ Application du *K-Means*.
  - ✓ Affecter à chaque échantillon original le label obtenu par son équivalent compressé.

## 5.8. Formalisme de la programmation génétique

**5.8.1. Terminaux** : un seul type de terminal est employé dans ce système, c'est l'intensité *I*.

**5.8.2. Non-terminaux** : correspondent à des fonctions mathématiques classiques (**Tab 5.15**).

**5.8.3. Individus** : chaque individu est composé d'un arbre et d'un pas. Alors que le premier sert à projeter l'intensité dans un nouvel espace, le deuxième détermine comment l'espace normalisé doit être échantillonné.

**5.8.4. Initialisation** : les arbres sont construits selon la méthode *Ramped Half-and-Half* [Koza 1992]. Les pas sont initialisés en leur affectant une valeur aléatoire entre 0 et 10.

**5.8.5. Sélection** : consiste à opérer un tournoi stochastique ternaire ; sélection aléatoire de trois individus et rétention du meilleur.

**5.8.6. Crossover** : revient à construire un nouvel individu en :

- Opérant une sélection aléatoire entre les pas des deux parents.
- Générant un nouvel arbre, produit d'une combinaison aléatoire entre les arbres des deux parents.

**5.8.7. Mutation** : consiste à :

- Générer un nombre aléatoire  $r \in [0,1]$ .
  - ✓ Si  $r$  est inférieur à 0.5 alors modification aléatoire du pas.
  - ✓ Sinon, modification aléatoire de l'arbre.

Tab 5.15 Non-terminaux utilisés dans le Système 3.

Fonctions	Nombre d'arguments
+ (addition)	2
- (soustraction)	2
* (multiplication)	2
/ (division)	2
MIN (minimum)	2
MAX (maximum)	2
SQRT (racine carrée)	1
POW2 (puissance 2)	1
POW3 (puissance 3)	1
ABS (valeur absolue)	1
LOG (logarithme naturel)	1
SIN (sinus)	1
COS (cosinus)	1

**5.8.8. Fitness** : Afin de mesurer la qualité d'un individu, nous définissons la fonction suivante qui est calculée à partir des résultats de segmentation du *K-Means* :

$$Fitness = \alpha \times P_1 + \beta \times P_2 \quad (5.7)$$

Tel que :

$$P_1 = \left( \sum^{nbimgs} \left( \left( \sum^{nbmatières} Tanimoto \right) / nbmatières \right) \right) / nbimgs \quad (5.8)$$

$$P_2 = 1 - \left( \sum^{nbimgs} \frac{Taille\ de\ l'image\ compressée}{Taille\ de\ l'image\ noncompressée} \right) / nbimgs \quad (5.9)$$

$P_1$  évalue la capacité d'un individu à opérer une bonne segmentation, il correspond à la moyenne des moyennes Tanimoto calculées au niveau de chaque image (pour l'ensemble des matières présentes) ; il est proportionnel à la qualité de la segmentation. *nbimgs* fait référence au nombre d'images contenues dans l'ensemble d'entraînement alors que *nbmatières* dénote le nombre de matières cérébrales contenues dans une image donnée.

$P_2$  indique la capacité d'un individu à compresser les données ; cette valeur dépend directement du pas (plus le pas est grand est plus  $P_2$  l'est aussi).

La fonction fitness proposée cherche à optimiser aussi bien la qualité de la segmentation que le nombre d'échantillons qui y sont impliqués. À noter qu'au sein de ce système, on privilégie la classification sur la compression en fixant  $\alpha$  et  $\beta$  à 3 et 1, respectivement.

### 5.9. Procédure de recherche

Ce système adopte une procédure d'optimisation tout à fait classique :

- Exécution du module de programmation génétique :
  - ✓ Initialisation avec les paramètres décrits dans **Tab 5.16**.
  - ✓ Génération d'une population initiale aléatoire.
  - ✓ Évaluation du fitness.
  - ✓ Tant que le nombre maximum de générations n'est pas atteint, faire :
    - Sélection.
    - Reproduction.
    - Crossover.
    - Mutation.
    - Évaluation du fitness.
- Retenir le meilleur individu à travers la procédure comme étant la solution finale.

À noter que cette procédure recherche une projection de tout le spectre [0-255]. Quand une image test se présente, chaque intensité est directement remplacée par la valeur compressée correspondante (intensité → valeur projetée → valeur normalisée → valeur agrégée → valeur compressée).

**Tab 5.16** Paramètres du module programmation génétique.

Paramètres	Valeurs
Nombre de générations	100
Nombre d'individus	300
Probabilité de Reproduction	5%
Probabilité de Crossover	80%
Probabilité de Mutation	15%
Profondeur maximale des arbres	Pas de limite
Profondeur maximale initiale des arbres	2
Critère d'arrêt	Le nombre de générations

### 5.10. Résultats et discussion

Ci-dessous est décrit le meilleur individu obtenu (celui-ci est peu intuitif pour l'homme) :

**Pas** = 0.485549

**Arbre** =  $\text{Max}(\text{SQRT}(\text{POW3}(I)), *(\text{LOG}(-/(I,I), *(I, \text{Max}(*(\text{LOG}(-/(I, /(\text{Min}(\text{Max}(\text{SQRT}(\text{POW3}(\text{SIN}(\text{Min}(I, I))))), \text{SIN}(-I, I))), I), \text{POW3}(I))), \text{SQRT}(I), *(I, I))), I), \text{LOG}(*(\text{LOG}(-/(I, /(\text{Min}(\text{Max}(\text{SQRT}(\text{POW3}(I)), \text{SIN}(-I, I))), I), \text{POW3}(I))), -/(I, \text{Max}(\text{POW2}(-I, I), \text{LOG}(I))), *(I, \text{Max}(*(\text{LOG}(-/(I, /(\text{Min}(\text{Max}(\text{SQRT}(\text{POW3}(\text{SIN}(\text{Min}(I, I))))), \text{SIN}(-I, I))), I), \text{POW3}(I))), \text{SQRT}(I), *(I, I))), I), \text{LOG}(-/(I, /(\text{Min}(\text{Max}(\text{SQRT}(\text{POW3}(\text{SIN}(\text{Min}(I, I))))), \text{SIN}(-I, *(I, I))), I), \text{POW3}(I))), \text{SQRT}(I), *(I, I))))), *(I, -(I, I))), I))))), I)$

Les résultats obtenus par le Système 3 sont illustrés dans **Tab 5.17**, **Fig 5.22**, **Fig 5.23**, **Fig 5.24** (comparés avec les meilleurs résultats de 100 exécutions du *K-Means*) ainsi que dans **Tab 5.18**. Quelques images accompagnées de leurs segmentations sont également présentées dans **Fig 5.25**.

**Tab 5.17** Résultats obtenus par le Système 3 et le *K-Means* standard.

Matières cérébrales	Matière grise		Matière blanche		Liquide céphalo- rachidien	
	<i>K-Means</i> standard	Système 3	<i>K-Means</i> standard	Système 3	<i>K-Means</i> standard	Système 3
<b>5_8</b>	0.578899	0,672998	0,622434	0,585791	0,103067	0,270337
<b>2_4</b>	0.460342	0,512802	0,527534	0,435125	0,0327522	0,0457915
<b>15_3</b>	0.489916	0,61	0,530927	0,500995	0,0914154	0,277108
<b>17_3</b>	0.553199	0,590764	0,62908	0,476473	0,0851048	0,166914
<b>7_8</b>	0.610463	0,698067	0,693473	0,70274	0,0781581	0,112421
<b>111_2</b>	0.599259	0,734254	0,710467	0,698211	0,0646777	0,135162
<b>100_23</b>	0.642705	0,740789	0,720743	0,690356	0,0556915	0,114111
<b>191_3</b>	0.617357	0,667979	0,672636	0,640863	0,0638875	0,0979959
<b>13_3</b>	0.569878	0,74318	0,701574	0,667333	0,0376939	0,115327
<b>205_3</b>	0.664268	0,733302	0,730234	0,724693	0,164479	0,267653
<b>Moyennes</b>	0.5786286	0,6704135	0,6539102	0,612258	0,07769271	0,16028204

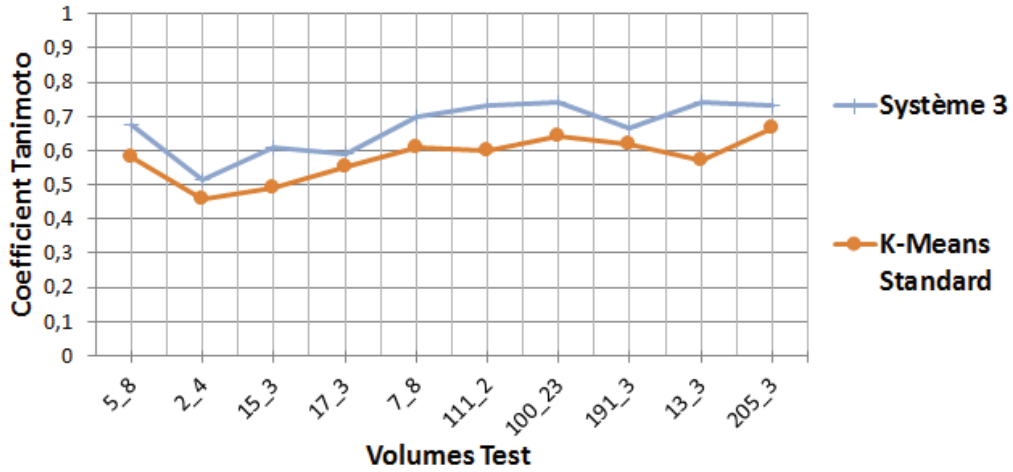


Fig 5.22 Le Système 3 versus le *K-Means* standard pour la matière grise.

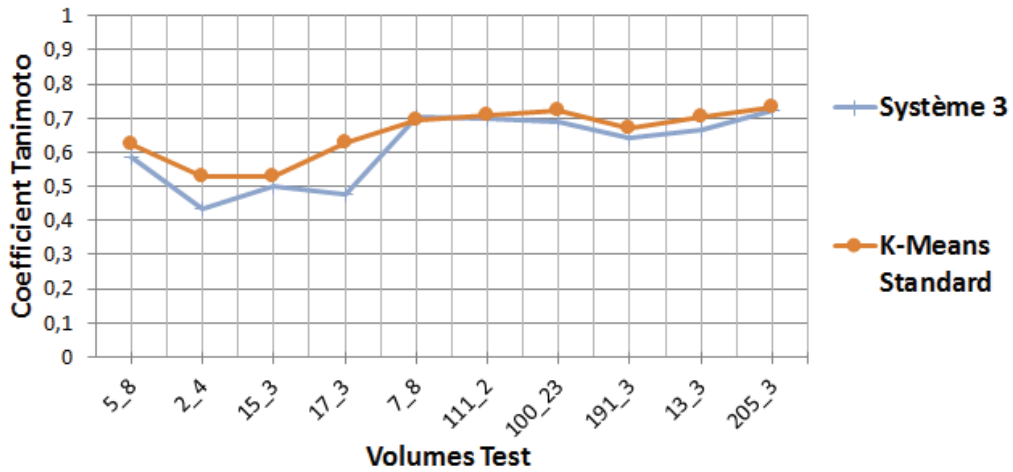


Fig 5.23 Le Système 3 versus le *K-Means* standard pour la matière blanche.

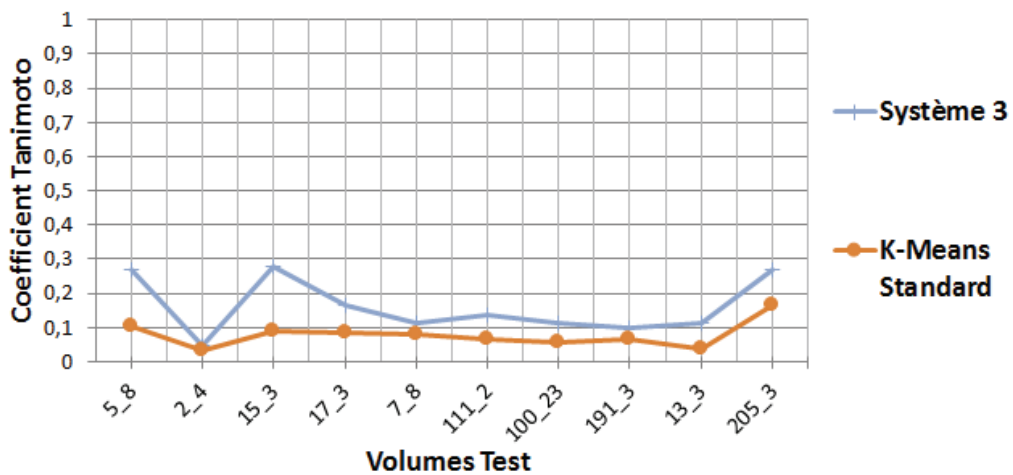


Fig 5.24 Le Système 3 versus le *K-Means* standard pour le liquide céphalo-rachidien.

**Tab 5.18** Ratio de compression moyen par volume.

Volumes de test	Ratios de compression
5_8	125.59
2_4	73.6356
15_3	149.55
17_3	67.6363
7_8	48.7844
111_2	59.3248
100_23	73.9524
191_3	49.3317
13_3	88.7531
205_3	59.0985

On peut constater que le Système 3 obtient les meilleurs résultats pour ce qui est de la matière grise et le liquide céphalo-rachidien. Cependant, il obtient des résultats légèrement inférieurs à ceux du *K-Means* standard pour ce qui est de la matière blanche. On peut également noter que le ratio de compression moyen par volume est extrêmement élevé. Cette mesure a été calculée :

- En appliquant la formule suivante sur chaque image.

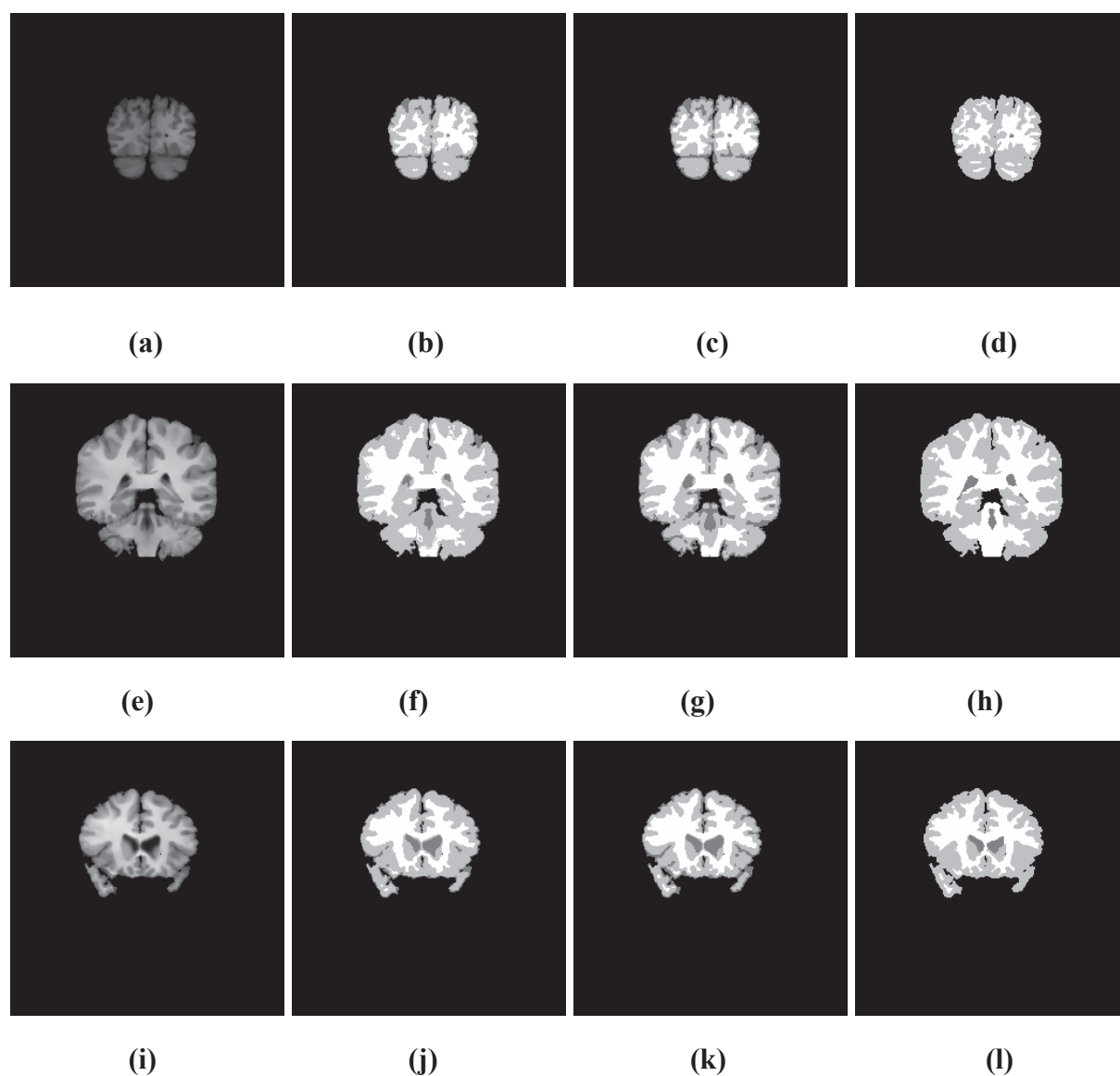
$$\text{Ratio de compression} = \frac{\text{Taille Noncompressée}}{\text{Taille Compressée}} \quad (5.10)$$

- En calculant une moyenne sur l'intégralité du volume correspondant.

La complexité de l'algorithme *K-Means* classique est estimée à  $O(n * k * d * i)$  tel que :

- $n$  est le nombre d'échantillons.
- $k$  est le nombre de clusters.
- $d$  est le nombre de dimensions.
- $i$  le nombre d'itérations.

Le Système 3 permet de réduire cette complexité à  $O\left(\frac{n}{RCM} * k * d * i\right)$  en moyenne, tel que *RCM* est le Ratio de Compression Moyen (calculé à partir de **Tab 5.18**). Celui-ci est égal à 79.56.



**Fig 5.25** Quelques images (a, e, i), segmentation par le Système 3 (b, f, j), segmentation par le *K-Means* standard (c, g, k), et vérité-terrain (d, h, l).

À noter que la nature multi-objectif de la fonction fitness rend possible la domination d'un ou de plusieurs objectifs sur les autres ; ceci peut expliquer les résultats de la matière blanche.

Le Système 3 dans cette section peut en théorie être appliqué afin d'améliorer et d'optimiser les performances de toute autre méthode de segmentation (le *K-Means* n'est qu'un exemple). En effet, étant donné une méthode de segmentation X : si on part du principe que les données brutes ne sont pas toujours sous une forme qui permet d'avoir des résultats optimaux, le Système 3 pourra être employé à générer un nouvel espace (dédié) qui optimisera les performances de la méthode X.



Au niveau de la méthode proposée, le *plugin* construit par la programmation génétique est placé avant la méthode X (prétraitement). Cependant, rien n'empêche d'envisager un module qui se placerait directement au sein de cette méthode ; afin de modifier son comportement et de l'adapter à une certaine situation. Enfin, il est tout aussi possible de greffer un tel module au niveau des sorties de la méthode X (post-traitement).

### 5.11. Récapitulatif

- L'hypothèse de départ est vérifiée ; la machine est capable de créer de manière automatique un module (*plugin*) qui optimise le fonctionnement du *K-Means*.
- Les résultats obtenus sont intéressants du point de vue de la complexité et de la classification.
- Il est aisé de substituer le *K-Means* par une autre méthode de segmentation (l'approche restera en théorie fonctionnelle).
- Il est possible d'envisager d'autres emplacements pour le *plugin* ; au milieu et à la fin.

## 6. Système 4

### 6.1. Objectifs

- Différencier une IRM normale d'une IRM qui ne l'est pas.
- Construire des caractéristiques qui soient propres à chaque pathologie cérébrale.
- Proposer un schéma multi-classification pour différentes pathologies cérébrales.

**6.2. Hypothèse** : la machine est capable de trouver de manière automatique des solutions aux objectifs décrits plus haut.

### 6.3. Base d'images : WBA (Fig 5.26)

Dix-huit images sont aléatoirement sélectionnées au niveau de chaque catégorie ; ce qui résulte en une base constituée de 288 images. Trois groupes C1, C2, et C3 (contenant chacun 96 images) sont créés en divisant chaque catégorie en 3 sous-ensembles. Alors que C1 et C2 sont utilisés afin d'entraîner le système, C3 est employé pour évaluer les performances finales.

**6.4. Méthodes employées** : transformée en ondelettes discrète (via DB4 pour sa capacité à bien modéliser le signal IRM [Chaplot 2006]) (Chapitre 1, Section 3.2), programmation génétique (Chapitre 1, Section 4.6), classifieur KNN.

### 6.5. Métriques d'évaluation

$$\text{Exactitude} = \frac{VP + VN}{VP + VN + FP + FN} \times 100 \quad (5.11)$$

$$\text{Sensibilité} = \frac{VP}{VP + FN} \times 100 \quad (5.12)$$

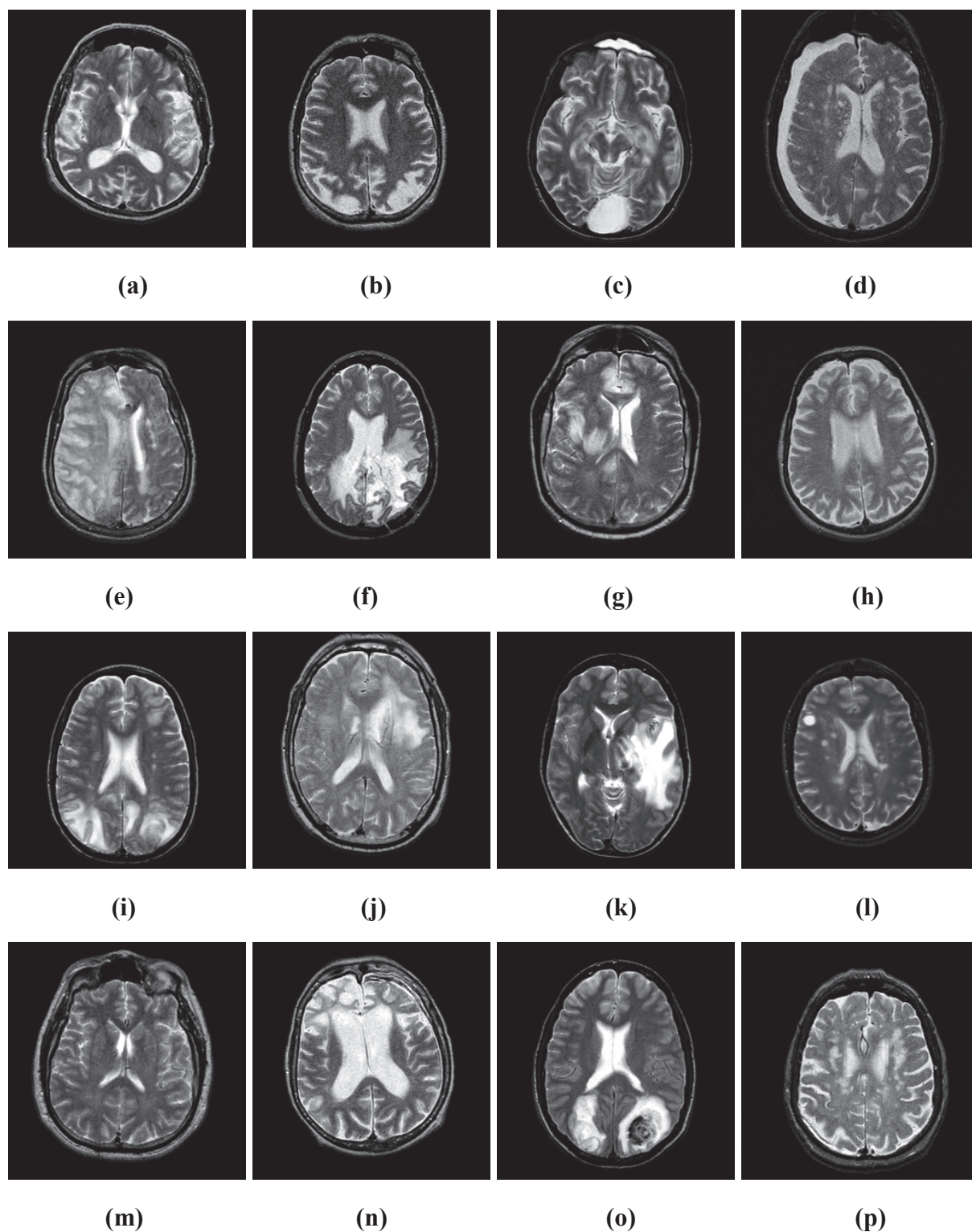
$$\text{Spécificité} = \frac{VN}{VN + FP} \times 100 \quad (5.13)$$

Tels que VP, VN, FP, et FN correspondent au nombre de vrais positifs, vrais négatifs, faux positifs, et faux négatifs, respectivement.

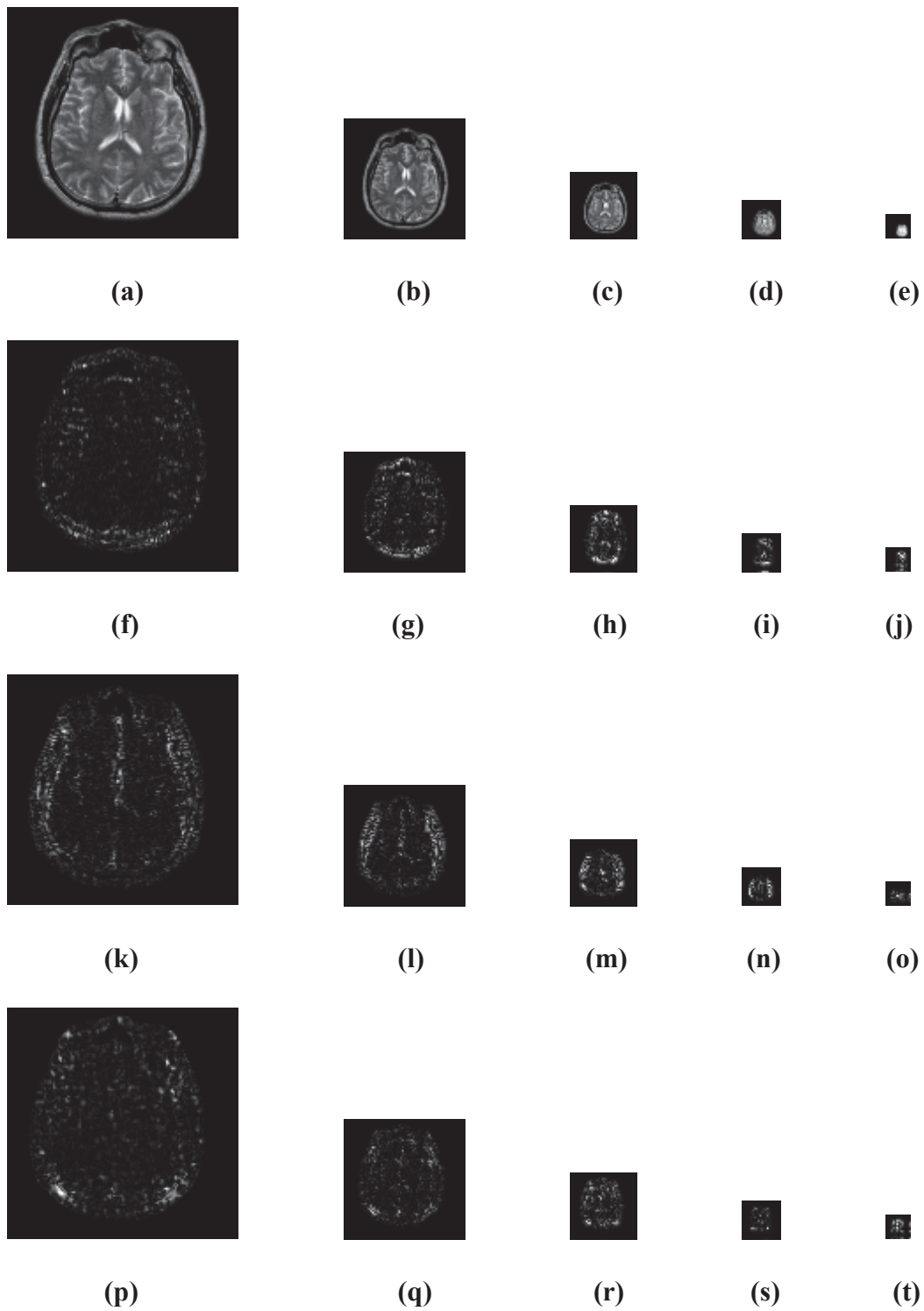
**6.6. Langages de programmation** : usage du C++ et du Matlab.

### 6.7. Description

- Appliquer la transformée en ondelettes discrète sur 5 niveaux de résolution (**Fig 5.27**)
- Calculer plusieurs caractéristiques statistiques sur chaque sous-bande : moyenne, variance, écart-type, intégrale, niveau RMS, asymétrie, kurtosis, intervalle, écart absolu moyen, et entropie. Ce qui fait qu'au final, chaque image est décrite par 200 caractéristiques. Dans ce qui suit, nous présentons quelques-unes de ces mesures (les autres ont déjà été décrites au niveau du Système 1) :



**Fig 5.26** Échantillons des différentes catégories considérées dans la méthode proposée : Alzheimer **(a)**, Alzheimer plus agnosie visuelle **(b)**, toxoplasmose cérébrale **(c)**, hématome chronique sous-dural **(d)**, AVC fatal **(e)**, gliome **(f)**, encéphalite herpétique **(g)**, Huntington **(h)**, encéphalopathie hypertensive **(i)**, méningiome **(j)**, carcinome bronchogénique métastatique **(k)**, sclérose en plaques **(l)**, normal **(m)**, Pick **(n)**, sarcome **(o)**, et démence vasculaire **(p)**.



**Fig 5.27** Résultats de la transformée en ondelettes discrète : application à **Fig 5.26 (m)**. De gauche à droite, les 5 niveaux (1→5). De haut en bas, les sous-bandes **LL**, **LH**, **HL**, et **HH**, respectivement ; chaque sous-bande illustre un certain aspect du signal d'origine.

$$\text{Moyenne} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N X_i \quad (5.14)$$

$$\text{Variance} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (X_i - \text{Moyenne})^2 \quad (5.15)$$

$$\text{Intégrale} = \sum_{i=1}^N X_i \quad (5.16)$$

$$\text{Niveau RMS} = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N X_i^2} \quad (5.17)$$

$$\text{Asymétrie} = \frac{1}{N} \frac{\sum_{i=1}^N (X_i - \text{Moyenne})^3}{\text{EcartType}^3} \quad (5.18)$$

$$\text{Kurtosis} = \frac{1}{N} \frac{\sum_{i=1}^N (X_i - \text{Moyenne})^4}{\text{EcartType}^4} \quad (5.19)$$

$$\text{Intervalle} = \text{MAX}(X_{i,i=1 \rightarrow N}) - \text{MIN}(X_{i,i=1 \rightarrow N}) \quad (5.20)$$

- Appliquer une approche à base de programmation génétique afin de sélectionner et/ou construire des caractéristiques pertinentes (à partir des mesures calculées plus haut) par rapport à un classifieur KNN (entraînement sur C1 et test sur C2).
- Tester la pertinence de ces caractéristiques en évaluant le classifieur KNN sur l'ensemble C3.

## 6.8. Procédure de dérivation

- Appliquer l'étape d'extraction de caractéristiques à toutes les images dans C1 et C2.
- Exécuter le module de programmation génétique (les opérations de reproduction, crossover, et mutation sont les mêmes que celles utilisées au niveau du Système 2. Les non-terminaux sont quant à eux calqués sur ceux du Système 3) :
  - ✓ Initialisation avec les paramètres décrits dans **Tab 5.19**.

- ✓ Générer une population aléatoire initiale.
- ✓ Évaluation du fitness (entraîner un classifieur KNN sur C1 et le tester sur C2).
- ✓ Tant que le nombre maximum de générations n'a pas été atteint, faire :
  - Sélection.
  - Saut dimensionnel.
  - Reproduction.
  - Crossover.
  - Mutation.
  - Évaluation du fitness.
- Retenir le meilleur individu à travers l'exécution comme la solution finale.

**Tab 5.19** Paramètres de la programmation génétique.

Paramètres	Valeurs
Nombre de générations	30
Nombre d'individus	300
Nombre initial d'arbres par individu	1
Probabilité de Reproduction	5%
Probabilité de Crossover	80%
Probabilité de Mutation	15%
Profondeur maximale des arbres	Pas de limite
Profondeur maximale initiale	2
Critère de terminaison	Le nombre de générations ou un fitness parfait

Nous définissons le saut dimensionnel comme un processus indépendant qui tente d'augmenter la performance (classification) en augmentant la dimension des individus. Cela consiste à répéter la procédure suivante jusqu'à ce qu'une population alternative (12.5% de la taille de la population initiale) soit formée :

- Sélectionner 2 individus  $ind1$  et  $ind2$ .
- Les agréger afin de former un nouvel individu  $indn$  ( $indn$  contient les arbres d' $ind1$  et d' $ind2$ ).

Si la population alternative contient  $N$  individus qui sont meilleurs que le meilleur individu de la population normale, alors ces  $N$  individus remplacent les  $N$  plus mauvais individus de la population normale.

À noter que le saut dimensionnel ne se produit pas à chaque génération, mais en fonction d'une fréquence  $f$  (toutes les 5 générations dans l'implémentation). Ceci permet de contrôler la croissance de la dimension (d'un point de vue global) et de donner au processus d'évolution le temps nécessaire afin d'explorer les dimensions courantes.

Le KNN [Fix 1951] constitue l'une des approches d'apprentissage les plus simples. Il ne requiert pas de phase d'apprentissage à proprement dite, mais il s'appuie sur tous les échantillons de l'ensemble d'entraînement afin d'opérer une classification. Étant donné un nouvel échantillon  $s$ , le KNN calcule ses  $K$  plus proches voisins et affecte le label de la classe majoritaire à  $s$ . Le choix de  $K$  est d'une importance capitale pour cet algorithme. Ainsi, si  $K$  est trop petit, les performances peuvent être très affectées par le bruit. D'un autre côté, si  $K$  est trop grand, les frontières entre les classes deviennent de moins en moins précises. Au niveau de l'implémentation, la valeur de  $K$  est fixée à 3 pour tous les scénarios. À noter qu'il est possible d'optimiser la valeur de ce dernier directement en l'incluant dans le module de programmation génétique (chaque scénario aurait sa propre valeur de  $K$ ). Toutefois, étant donné l'état actuel du système, nous pensons que construire de nouvelles caractéristiques et ajuster  $K$  en même temps n'est pas une bonne idée. En effet, la convergence pourrait être complexe et très lente.

## 6.9. Résultats et discussion

### 6.9.1. Scénario 1

À ce niveau, le Système 4 est employé à discriminer les IRM normales des IRM anormales (classification binaire). La fonction fitness est alors définie comme suit :

$$Fitness = F1 + F2 \quad (5.21)$$

tel que

$$F1 = \frac{hits_{min}}{N_{min}} + \frac{hits_{maj}}{N_{maj}} + \frac{hits}{N} \quad (5.22)$$

et

$$F2 = \alpha(g) \times \left( \frac{3}{Taille} \right) \quad (5.23)$$

$F1$  est basée sur le travail de [Bhowan 2009]. Elle a été proposée afin de traiter les problèmes de classification non balancés. C'est le cas ici, puisqu'il y a beaucoup plus de cas pathologiques que de cas sains. Ci-dessous sont expliqués les paramètres de  $F1$  :

$hits_{min}$  et  $hits_{max}$  sont le nombre de classifications correctes de la classe minoritaire et de la classe majoritaire, respectivement.

$N_{min}$  et  $N_{max}$  correspondent à la cardinalité de la classe minoritaire et de la classe majoritaire (dans l'ensemble d'entraînement), respectivement.

$hits$  et  $N$  décrivent le nombre de classifications correctes (peu importe la classe) et la cardinalité de l'ensemble d'entraînement, respectivement.

Comme on peut le voir,  $F1$  optimise 3 objectifs en même temps ; le taux de reconnaissance de la classe minoritaire, le taux de reconnaissance de la classe majoritaire, ainsi que le taux de reconnaissance général ; elle produit des valeurs comprises entre 0 et 3. L'un des plus grands avantages de  $F1$  est qu'elle est extrêmement rapide à calculer.

$F2$  contrôle la taille des individus. Elle inclut les paramètres suivants :

$$\alpha(g) = \frac{1}{TNBG} \times g \quad (5.24)$$

$$Taille = le\ nombre\ de\ noeuds \quad (5.25)$$

$g$  correspond à la génération courante alors que  $TNMG$  exprime le nombre total de générations.

Au début de l'exécution,  $\alpha(g)$  prend des valeurs très faibles (proche de 0), ce qui implique que  $F2$  impacte faiblement le calcul de la fonction fitness. Ceci permet de rechercher les meilleures caractéristiques sans réellement prendre en compte leur complexité.

Au fur et à mesure que les générations passent,  $\alpha(g)$  prend de plus en plus d'importance (proche de 1), ce qui implique une plus grande contribution de  $F2$  dans le calcul de la fonction fitness. Donc, d'une manière progressive, l'algorithme commence à favoriser les individus les moins complexes.

Le meilleur individu obtenu après la phase d'entraînement est décrit ci-dessous :

$$Variance(V4) \quad (5.26)$$

Grossièrement, cela correspond à la variance de la sous-bande verticale du 4<sup>ème</sup> niveau de résolution de la transformée en ondelettes discrète.

L'efficacité de ce schéma de classification est évaluée sur l'ensemble C3 et les résultats obtenus sont comparés avec plusieurs méthodes de l'état de l'art (**Tab 5.20** et **Tab 5.21**) ; ces dernières



(Chapitre 4, Section 2.1) ont été complètement ré-implémentées (entraînées sur C1 et C2 et testées sur C3) afin d’opérer une comparaison équitable.

**Tab 5.20** Évaluation des performances et comparaison (**Scénario 1**).

Méthodes	Nombre de caractéristiques	Exactitude	Sensibilité	Spécificité
[Chaplot 2006] noyau linéaire	4761	100	100	100
[Chaplot 2006] noyau polynomial	4761	100	100	100
[Chaplot 2006] noyau <i>Radial Basis Function</i> (RBF)	4761	93.75	0	100
[Maitra 2006]	6	100	100	100
[El-Dahshan 2010] ANN	7	100	100	100
[El-Dahshan 2010] KNN	7	100	100	100
[Zhang Yudong 2011]	19	100	100	100
[Lahmiri 2011b]	6	93.75	0	100
[Saritha 2013]	3	95.83	100	95.55
[Kalbkhani 2013] KNN	1	100	100	100
[Kalbkhani 2013] SVM	1	97.92	66.66	100
Système 4	1	100	100	100

À partir de **Tab 5.20** et **Tab 5.21**, les observations suivantes peuvent être faites :

- La méthode de [Chaplot 2006] requiert un nombre élevé de caractéristiques.
- Toutes les méthodes créées après celle de [Chaplot 2006] ont essayé de réduire le nombre de caractéristiques tout en maintenant des taux de classification raisonnables.
- Le Système 4 et la méthode de [Kalbkhani 2013] KNN n’emploient qu’une caractéristique et réalisent une classification parfaite.
- Le temps de calcul du Système 4 est très compétitif étant donné que seuls les travaux de [Chaplot 2006] et [Maitra 2006] font mieux ; ceci peut être expliqué par le fait que la méthode proposée calcule un niveau de décomposition plus profond.

Les résultats obtenus au niveau de ce scénario démontrent la capacité du système à sélectionner des caractéristiques pertinentes (parmi un large éventail de mesures) et son aptitude à maintenir une dimension minimale.

**Tab 5.21** Performances en temps (secondes) et comparaison (**Scénario 1**).

Méthodes	Temps moyen de traitement par image
[Chaplot 2006] noyau linéaire	0.0055
[Chaplot 2006] noyau polynomial	0.0075
[Chaplot 2006] noyau RBF	0.0081
[Maitra 2006]	0.0071
[El-Dahshan 2010] ANN	0.1648
[El-Dahshan 2010] KNN	0.1417
[Zhang Yudong 2011]	0.1807
[Lahmiri 2011b]	0.0852
[Saritha 2013]	0.0828
[Kalbkhani 2013] KNN	0.5444
[Kalbkhani 2013] SVM	0.5430
Système 4	0.0159

### 6.9.2. Scénario 2

Dans ce cas, le Système 4 est appliqué afin de discriminer chaque classe des autres (stratégie un contre tous). Les résultats obtenus sont comparés avec ceux de [Lahmiri 2011b] et [Saritha 2013] (**Tab 5.22** et **Tab 5.23**) qui ont utilisé la même stratégie. Ces méthodes (Chapitre 4, Section 2.1) ont été complètement ré-implémentées (entraînées sur C1 et C2 et testées sur C3) suivant les instructions données par leurs auteurs respectifs. À noter que la fonction fitness utilisée dans ce scénario est la même que celle employée dans le scénario 1.

À partir de **Tab 5.22** et **Tab 5.23**, on peut noter que :

- La méthode de [Lahmiri 2011b] obtient de mauvais résultats, peu importe la classe.
- La qualité des résultats de [Saritha 2013] varie en fonction de la classe.
- La qualité des résultats du Système 4 varie également en fonction de la classe.
- [Lahmiri 2011b] et [Saritha 2013] utilisent les mêmes caractéristiques et la même dimension quel que soit la classe.
- Le Système 4 crée des caractéristiques et des dimensions qui sont adaptées à chaque classe.

- La méthode proposée obtient les meilleurs résultats de classification pour la majorité des classes. C'est aussi la méthode la plus rapide.

**Tab 5.22** Performances en temps (secondes) et comparaison (**Scénario 2**).

Méthodes	Temps moyen de traitement par image
[Lahmiri 2011b]	0,0862
[Saritha 2013]	0,0812
Système 4	0,0145

Les caractéristiques obtenues au niveau de ce scénario sont rapportées ci-dessous :

$$\text{Alzheimer} : (Variance(H2), EcartType(A2)) \quad (5.27)$$

$$\text{Alzheimer agnosie} : EcartType(A2) \quad (5.28)$$

$$\text{Toxoplasmose cérébrale} : Moyenne(H5)/EcartAbsoluMoyen(V3) \quad (5.29)$$

$$\text{Hématome chronique sous-dural} : Intervalle(A4) \quad (5.30)$$

$$\text{AVC fatal} : EcartType(H3)/EcartAbsoluMoyen(V1) \quad (5.31)$$

$$\text{Gliome} : Kurtosis(A4) \quad (5.32)$$

$$\text{Encéphalite herpétique} : EcartType(V3) * EcartAbsoluMoyen(D4) \quad (5.33)$$

$$\begin{aligned} \text{Huntington} : & ((EcartType(A5) - Asymétrie(V4)) * \\ & (EcartAbsoluMoyen(H1)/EcartType(H1))) - \\ & Max(Kurtosis(D1), Intervalle(A3)) \end{aligned} \quad (5.34)$$

$$\begin{aligned} \text{Encéphalopathie hypertensive : } & \text{MIN}(\text{Pow3}(\text{Integrale}(V1)) / \\ & (\text{MIN}(\text{NiveauRMS}(V1), \text{POW3}(\text{EcartAbsoluMoyen}(D3)))) / \\ & \text{MAX}(\text{ABS}(\text{Asymétrie}(A5)), \text{POW3}(\text{Asymétrie}(A5))), \\ & \text{Max}(\text{Integrale}(H1), \text{NiveauRMS}(D1))) \end{aligned} \quad (5.35)$$

$$\text{Méningiome : } \text{SQRT}(\text{EcartAbsoluMoyen}(V1)) / \text{Integrale}(A4) \quad (5.36)$$

$$\text{Carcinome bronchogénique métastatique : } \text{Asymétrie}(A3) \quad (5.37)$$

$$\text{Sclérose en plaques : } \text{Variance}(H1) \quad (5.38)$$

$$\text{Normal : } \text{Variance}(V4) \quad (5.39)$$

$$\text{Pick : } \text{Variance}(A1) / \text{Intervalle}(A3) \quad (5.40)$$

$$\text{Sarcome : } \text{SIN}(\text{POW2}(\text{Asymétrie}(A5))) \quad (5.41)$$

$$\text{Démence vasculaire : } \left( \text{LOG}(\text{Variance}(V3)), \text{SIN}(\text{ABS}(\text{Kurtosis}(A1))) \right) + \text{Kurtosis}(A3) \quad (5.42)$$

Les résultats obtenus au cours de cette section témoignent de la capacité du système à sélectionner et à construire des caractéristiques qui sont adaptées à chaque type de pathologie (tout en gardant une dimension raisonnable). Le fait que les performances soient différentes d'une pathologie à une autre peut être expliqué par rapport à la configuration globale du système (les mesures statistiques utilisées, le paramétrage du module de programmation génétique, le classifieur utilisé, ainsi que la manière dont ces différentes parties interagissent). Cela peut également être expliqué par rapport aux pathologies considérées (certaines sont plus faciles à modéliser que d'autres). Enfin, on peut relever que la compréhension des mesures générées n'est pas très aisée.

Tab 5.23 Évaluation des performances et comparaison (Scénario 2).

Méthodes Classes	[Lahmiri 2011b]				[Saritha 2013]				Système 4			
	Dimension	Exactitude	Sensibilité	Spécificité	Dimension	Exactitude	Sensibilité	Spécificité	Dimension	Exactitude	Sensibilité	Spécificité
Alzheimer	6	93.75	0	100	3	91.66	0	97.77	2	95.83	33.33	100
Alzheimer Agnosie	6	93.75	0	100	3	83.33	33.33	86.67	1	91.66	66.66	93.33
Toxoplasmose Cérébrale	6	93.75	0	100	3	89.58	0	95.55	1	100	100	100
Hématome Chronique Sous- Dural	6	93.75	0	100	3	95.83	66.66	97.77	1	95.83	66.66	97.77
AVC Fatal	6	93.75	0	100	3	89.58	0	95.55	1	94.79	83.33	95.55
Gliome	6	93.75	0	100	3	93.75	0	100	1	91.66	66.66	93.33
Encéphalite Herpétique	6	93.75	0	100	3	91.66	0	97.77	1	95.83	66.66	97.77
Huntington	6	93.75	0	100	3	100	100	100	1	100	100	100
Encéphalopathie Hypertensive	6	93.75	0	100	3	91.66	0	97.77	1	92.70	50	95.55
Méningiome	6	93.75	0	100	3	87.50	0	93.33	1	95.83	33.33	100
Carcinome Bronchogénique Métastatique	6	93.75	0	100	3	82.29	16.66	86.66	1	91.66	100	91.11
Sclérose en Plaques	6	93.75	0	100	3	86.45	0.5	88.88	1	97.91	100	97.77
Normal	6	93.75	0	100	3	95.83	100	95.55	1	100	100	100
Pick	6	93.75	0	100	3	91.66	0	97.77	1	94.79	16.66	100
Sarcome	6	93.75	0	100	3	83.33	0	88.89	1	94.79	50	97.77
Démence Vasculaire	6	93.75	0	100	3	95.58	33.33	100	2	93.75	33.33	97.77

### 6.9.3. Scénario 3

Le Système 4 est à présent employé afin de réaliser une multi-classification. Vu que les proportions des différentes classes sont équilibrées (dans C1, C2, et C3), on peut considérer que contrairement aux scénarios 1 et 2, le scénario 3 est un problème équilibré. Dans ce cas, la fonction fitness est définie comme suit :

$$Fitness = \frac{hits}{N} + \alpha(g) \times \left(\frac{1}{Taille}\right) \quad (5.43)$$

Les résultats de cette étape sont comparés (Tab 5.24 et Tab 5.25) à ceux obtenus par [Kalbkhani 2013] qui ont utilisé la même stratégie ; cette méthode (Chapitre 4, Section 2.1) a été entièrement implémentée (entraîner sur C1 et C2 et tester sur C3) pour une évaluation équitable.

À partir de Tab 5.24 et Tab 5.25, les conclusions suivantes peuvent être faites :

- Le Système 4 utilise moins de caractéristiques.
- [Kalbkhani 2013] SVM obtient de mauvais résultats.
- Le Système 4 obtient les meilleurs résultats pour la plupart des classes. C'est également l'approche la moins complexe en temps.

**Tab 5.24** Performances en temps (secondes) et comparaison (Scénario 3).

Méthodes	Temps Moyen de Traitement pas Image
[Kalbkhani 2013] KNN	3,2425
[Kalbkhani 2013] SVM	3,2396
Système 4	0.0273

Les caractéristiques retournées au niveau de ce scénario sont décrites ci-dessous :

$$SQRT(Kurtosis(A3)) \quad (5.44)$$

$$LOG(POW3(NiveauRMS(A2) - EcartType(A3))) \quad (5.45)$$

$$LOG(SQRT(Asymétrie(A4)/Variance(D4))) \quad (5.46)$$

$$LOG\left(Kurtosis(A5 * LOG\left(LOG\left(SQRT(Asymétrie(A4)/Variance(D4))\right)\right)\right) \quad (5.47)$$

Les résultats atteints par le système au niveau de cette section prouvent sa capacité à trouver un compromis entre les différentes classes considérées. Par rapport à la configuration globale du système et la nature des données considérées, ce compromis implique que certaines classes sont hautement, moyennement, ou faiblement classées. Cependant, une fois de plus, il faut noter l'aspect peu intuitif des mesures générées.

Tab 5.25 Évaluation des performances et comparaison (Scénario 3).

Méthodes Classes	[Kalbkhani 2013] KNN				[Kalbkhani 2013] SVM				Système 4			
	Dimension	Exactitude	Sensibilité	Spécificité	Dimension	Exactitude	Sensibilité	Spécificité	Dimension	Exactitude	Sensibilité	Spécificité
Alzheimer	5	93.75	66.66	95.55	5	89.58	0	95.56	4	87.5	33.33	91.11
Alzheimer Agnosie	5	100	100	100	5	93.75	0	100	4	95.83	100	95.55
Toxoplasmose Cérébrale	5	100	100	100	5	93.75	0	100	4	89.58	0	95.55
Hématome Chronique Sous- Dural	5	92.70	50	95.55	5	93.75	0	100	4	100	100	100
AVC Fatal	5	96.87	50	100	5	93.75	0	100	4	91.66	100	91.11
Gliome	5	100	100	100	5	93.75	0	100	4	100	100	100
Encéphalite Herpétique	5	85.42	0	91.11	5	93.75	0	100	4	93.57	0	100
Huntington	5	93.75	33.33	97.77	5	93.75	0	100	4	95.83	33.33	100
Encéphalopathie Hypertensive	5	91.67	33.33	95.55	5	93.75	0	100	4	93.75	0	100
Méningiome	5	88.54	16.66	93.33	5	93.75	0	100	4	95.83	33.33	100
Carcinome Bronchogénique Métastatique	5	92.70	50	95.55	5	93.75	0	100	4	95.83	100	95.55
Sclérose en Plaques	5	100	100	100	5	93.75	0	100	4	100	100	100
Normal	5	100	100	100	5	93.75	0	100	4	100	100	100
Pick	5	93.75	33.33	97.77	5	93.75	0	100	4	96.87	50	100
Sarcome	5	85.42	0	91.11	5	93.75	0	100	4	94.79	83.33	95.55
Démence Vasculaire	5	93.75	33.33	97.77	5	10.42	100	4.44	4	97.91	100	97.77

## 6.10. Récapitulatif

- L'hypothèse de départ est vérifiée ; la programmation génétique est capable de résoudre de manière automatique le problème de détection des pathologies cérébrales.
- Le Système 4 est assez flexible pour traiter différents scénarios, il peut même être appliqué à l'optimisation des méthodes avec lesquelles il a été comparé.
- Les résultats obtenus sont pertinents par rapport à différents points de vue : classification, temps, généralisation.
- Des marges de manœuvre restent possibles pour améliorer davantage les performances (surtout par rapport aux choix empiriques opérés).

## 7. Conclusion

Tout au long de ce chapitre, nous avons détaillé les contributions réalisées dans le cadre de cette thèse. Ainsi, nous avons proposé 4 systèmes ayant chacun un formalisme et des finalités qui lui sont propres :

- Le premier système a montré que l'augmentation du niveau de décomposition (transformée en ondelettes stationnaire) impactait positivement le taux de reconnaissance.
- Le deuxième système s'est adressé au même problème que le premier système, mais en créant de nouvelles caractéristiques plus pertinentes et en nombre plus réduit.
- Le troisième système a mis en valeur les capacités qu'a la programmation génétique à construire des *plugins* afin d'améliorer les performances des méthodes de segmentation standards (*K-Means*).
- Le quatrième système s'est adressé à la détection des pathologies cérébrales et a obtenu des résultats prometteurs à travers différents scénarios. Sa flexibilité en fait un outil standard capable de sélectionner et de construire de nouvelles caractéristiques à partir de toutes les méthodes avec lesquelles il a été comparé.

À noter que ces systèmes ont été évalués par rapport à plusieurs métriques et comparés avec plusieurs méthodes de l'état de l'art.



## Conclusion Générale et Perspectives

Du fait de son implication dans plusieurs processus vitaux, le cerveau constitue l'un des organes les plus importants du corps humain. D'innombrables pathologies peuvent l'endommager, ce qui résulte en une multitude de conséquences suivant les régions atteintes. Avec toutes ses limites, la dissection post-mortem a pendant longtemps été l'unique moyen d'observation du cerveau. Toutefois, le développement technologique réalisé à travers les siècles précédents a permis d'aller au-delà, en donnant naissance à une multitude de nouveaux procédés. Ce développement qui se poursuit aujourd'hui a permis une observation *in vivo* sur différents plans (structurel et fonctionnel) et avec un minimum de dégâts vis-à-vis du sujet.

L'IRM est l'une des techniques d'observation les plus récentes. Basée sur le phénomène de résonance magnétique nucléaire, elle permet de sonder en profondeur un sujet donné tout en étant non invasive et non douloureuse. La qualité de ces images ainsi que les possibilités offertes en termes de vues, de modalités, de rendu, ou encore de contraste, ont fait d'elle un outil incontournable au sein du milieu médical (chacun de ces aspects a été relaté dans les détails). Sa précision et sa sensibilité se révèlent également être des atouts majeurs dans la traque des pathologies cérébrales.

En milieu clinique, l'analyse des IRM cérébrales se fait par le biais d'un radiologue, la tâche de ce dernier consistant à traquer la présence d'anomalies (les pathologies cérébrales ont été divisées en 6 catégories dans cette thèse et leurs propriétés radiométriques ont été rapportées). En présence d'anomalies, il procédera à leur délimitation (image par image) dans le but de mesurer leurs étendues. Ce procédé (appliqué pour chaque patient), en plus de consommer énormément de temps, est hautement subjectif ; il dépend d'une part des compétences du médecin, et d'autre part du paramétrage de l'écran utilisé. À ces limitations, s'ajoute le fait que les dispositifs IRM sont de plus en plus disponibles, impliquant ainsi une augmentation équivalente de la quantité d'images à analyser. Afin de pallier ces problèmes, le recours à des méthodes d'analyse plus automatisées s'impose comme une nécessité. La segmentation constitue une étape clé dans la plupart des systèmes de traitement des IRM cérébrales. En ce sens, nous avons proposé un tour d'horizon de ce qui se fait, en prenant soin de relater les applications à un nombre aussi grand que possible de pathologies. De plus, un chapitre entier a été consacré aux méthodes qui possèdent selon nous, un potentiel de généralisation (ces dernières ont été divisées en 4 catégories).

Depuis la construction des premières machines électroniques, la recherche n'a jamais cessé d'avancer vers davantage d'autonomie, de rapidité, et même d'intelligence. Au fil du temps, les capacités des ordinateurs n'ont fait que s'accroître, laissant apparaître des entités (hardware et software) capables d'opérer des raisonnements de plus en plus complexes (acquisition d'un signal donné, analyse, et prise de décisions), afin de seconder l'homme dans certaines tâches et peut être un jour le remplacer complètement. La programmation génétique constitue une percée majeure dans le domaine de l'IA et les solutions obtenues grâce à celle-ci se distinguent par leur élégance ainsi que leur caractère continuellement novateur. Il faut rappeler que l'emploi de cette technique a permis de découvrir des solutions très compétitives par rapport à ce que l'homme a inventé. La fascination par rapport au potentiel qu'auraient les machines à générer des solutions de manière automatique (notamment via la programmation génétique) constitue l'une des motivations principales de ce travail.

Dans le cadre de cette thèse, nous avons proposé et évalué 4 systèmes ayant chacun une finalité différente :

- **Système 1** : étude de l'influence du niveau de résolution de la transformée en ondelettes stationnaire sur le taux de reconnaissance global d'un classifieur forêt aléatoire.
- **Système 2** : emploi de la programmation génétique afin de créer de nouvelles caractéristiques pour classifier la matière blanche, matière grise et du liquide céphalo-rachidien
- **Système 3** : utilisation de la programmation génétique pour la création de modules et les greffer à des méthodes de segmentation standards (*K-Means*).
- **Système 4** : création d'un système flexible pour la détection des pathologies cérébrales, ce dernier faisant appel à la programmation génétique.

Ces 4 systèmes ont montré chacun des résultats qu'on peut qualifier d'encourageants et de prometteurs.

Dans cette section, nous présentons les futures directions qui peuvent être empruntées afin d'étendre ou d'améliorer les idées développées dans le cadre de cette thèse :

- Nous avons plusieurs fois eu recours au filtre de diffusion anisotropique afin d'atténuer le bruit et d'améliorer l'apparence des structures cérébrales. Les paramètres utilisés à ce niveau ont été choisis par rapport à leur impact (amélioration) visuel. Une investigation plus poussée de l'effet de ces paramètres serait par conséquent intéressante, puisqu'elle permettrait de vérifier si ces derniers ont un impact réellement significatif sur les résultats des étapes subséquentes.
- L'effet de l'inhomogénéité de l'intensité n'a pas été pris en compte lors de la réalisation des différents systèmes. Ainsi, l'utilisation d'un algorithme de correction dédié à ce problème permettrait sûrement d'améliorer les résultats.
- La dimension spatiale a également été ignorée au niveau de la segmentation. Son ajout est susceptible d'améliorer les résultats, étant donné que les points voisins sont grandement dépendants. Il est possible de l'intégrer via l'application de contraintes spatiales sur les résultats de classification obtenus.
- Il est possible d'utiliser la programmation génétique afin de dériver un nouveau type d'ondelettes plus adapté à l'analyse des IRM cérébrales. Ces ondelettes seraient ainsi optimisées pour donner des performances maximales à des tâches comme la détection, la segmentation, ou encore la classification d'un certain type de structures (saines ou pathologiques).
- Au niveau de la programmation génétique, il est possible d'exploiter d'autres types de terminaux, de fonctions (par exemple inspirées de la physique), ou de formalismes (graphe, linéaire, etc.).
- Tester les méthodes proposées sur une plus grande base d'images.
- Utiliser la programmation génétique afin d'améliorer le comportement des méthodes d'analyse d'IRM déjà existantes ; en modifiant leurs entrées, leurs corps, ou encore leurs sorties.
- Améliorer la compréhension des mesures générées par la programmation génétique via l'introduction de contraintes au niveau de la fonction objectif.
- Appliquer le dernier système (4) à la création de nouvelles sous-bandes (plus pertinentes et dédiées à différentes tâches), en utilisant les sous-bandes générées par la transformée en ondelettes classique [Bendib 2015].

- La transformée en ondelettes tout comme la transformée de Fourier sont des méthodes d'analyse standard (elles n'ont pas été créées pour traiter spécifiquement les IRM cérébrales). Par conséquent, il serait intéressant de construire (via la programmation génétique) des transformations qui seraient plus adaptées aux problèmes traités.
- Le formalisme du Système 4 lui permet aisément d'être appliqué afin d'optimiser le fonctionnement des méthodes avec lesquelles il a été comparé (en sélectionnant et en créant de nouvelles caractéristiques à partir de leurs caractéristiques de base). Cela peut se faire en considérant chaque méthode de manière indépendante ou bien en les réunissant ensemble. En ce sens, le système 4 peut être vu comme un méta-algorithme.
- Au-delà de la problématique traitée par le Système 4 (détection des pathologies cérébrales), ce dernier est tout à fait capable d'optimiser le fonctionnement des deux Systèmes 1 et 2 ; servant de méthode de sélection ou comme constructeur de caractéristiques. Ainsi, on peut voir qu'il est possible que ce système sorte du cadre dans lequel il a été conçu ; cela prouve sa grande flexibilité.
- Les mesures statistiques de base utilisées au niveau du système 4 sont employées parce qu'elles sont très populaires dans le traitement des images biomédicales. Néanmoins, il serait plus qu'intéressant de générer (de manière automatique) des caractéristiques qui décriraient plus efficacement chaque sous-bande produite par la transformée en ondelettes.
- Les résultats générés par la programmation génétique au niveau des différentes étapes (dans lesquelles elle a été employée) peuvent contenir des éléments redondants. La prise en compte de ce problème au niveau de l'implémentation peut être extrêmement lente et complexe. Mais, une solution qui irait dans ce sens serait hautement bénéfique, puisqu'elle éviterait de tourner autour du même point.
- Les solutions générées au niveau des 3 derniers systèmes ainsi que celles dérivées par la programmation génétique en général poussent à s'interroger sur la dépendance de ces solutions vis-à-vis de la configuration (la nature des constituants et la manière dont ils interagissent) des systèmes utilisés. En d'autres termes : existe-t-il des solutions indépendantes de telle ou telle configuration ? Si c'est le cas, il existerait également des fonctions qui transformeraient ces solutions afin de les adapter à une configuration donnée. Il serait intéressant d'étudier cette indépendance (si elle existe) ainsi que les fonctions qui y sont liées.

- Les performances obtenues par la programmation génétique aussi bien au niveau de cette thèse qu'au niveau de la littérature en général impliquent de s'interroger sur la complémentarité homme-machine. En effet, à l'heure où les ordinateurs sont capables de trouver (automatiquement) des solutions pertinentes à des problèmes extrêmement complexes, la place de l'homme est de plus en plus remise en question. Les capacités des machines vont certainement continuer à croître alors que l'homme est pour l'instant limité par sa biologie. Y aura-t-il une fusion ou une confrontation ? seul l'avenir nous le dira.

# Annexes

## Annexe A

### Évaluation Haar/DB4

**Objectif** : Établir une comparaison entre les ondelettes Haar et DB4 dans le problème de classification des IRM cérébrales [Bendib 2014b].

**Hypothèse** : l'ondelette de Haar est facile et rapide à calculer mais elle est incapable de bien modéliser les données IRM. L'ondelette DB4 est complexe à calculer mais elle permet de bien représenter le signal IRM. À noter que ces deux propositions sont souvent considérées comme des axiomes au niveau de la littérature.

**Base d'images** : un sous-ensemble de WBA contenant : maladie d'Alzheimer, hématorne sous-dural chronique, AVC fatal, gliome, encéphalopathie hypertensive, méningiome, carcinome bronchogénique métastatique, normal, maladie de Pick, et sarcome.

Douze échantillons sont aléatoirement sélectionnés au niveau de chaque catégorie et une stratégie *K-folds* ( $K = 3$ ) est employée dans la phase de validation.

**Méthodes employées** : transformée en ondelettes discrète (Chapitre 1, Section 3.2), classifieur RF (Chapitre 3, Section 2.4).

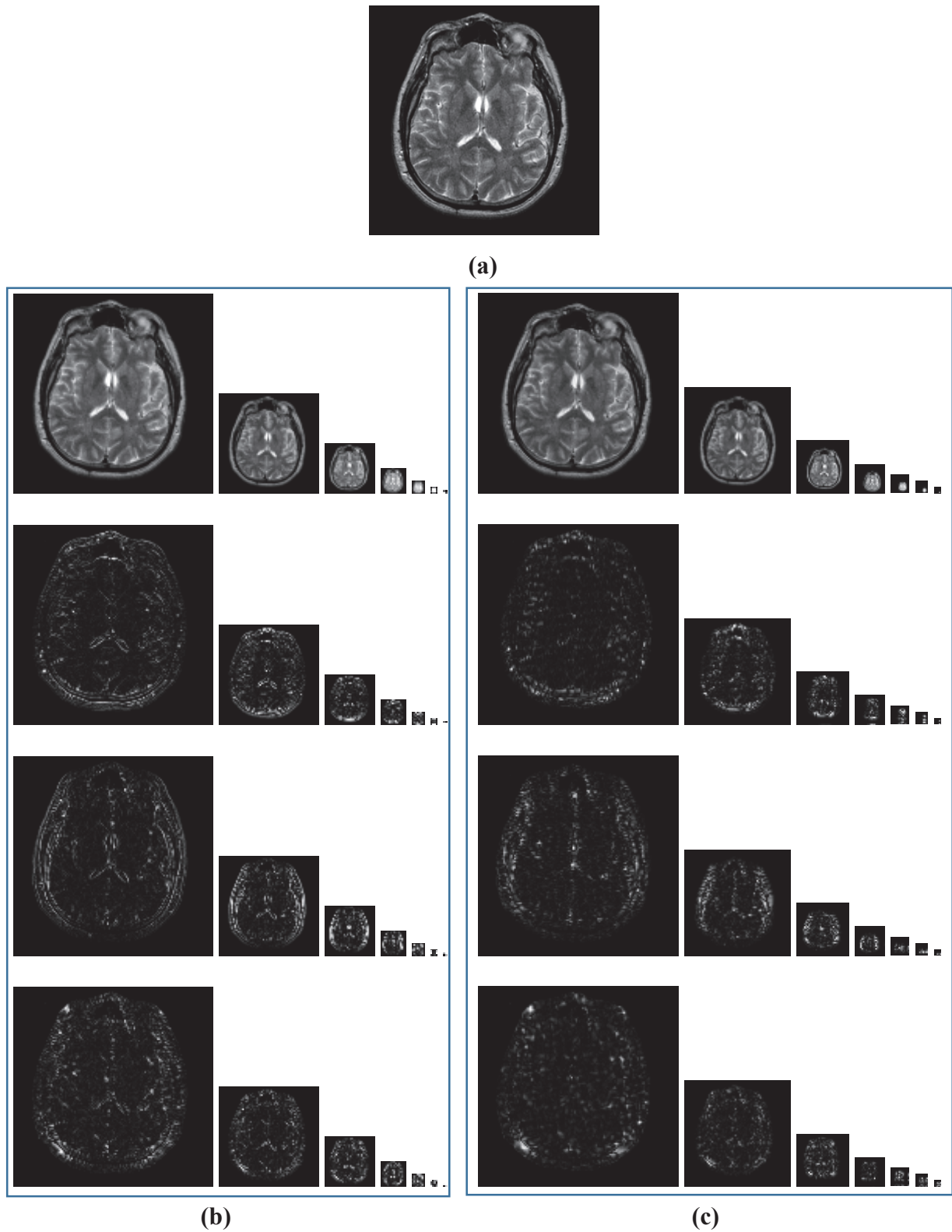
**Métriques d'évaluation** : Exactitude, Sensibilité, Spécificité.

**Langage de programmation** : exploitation du langage Matlab.

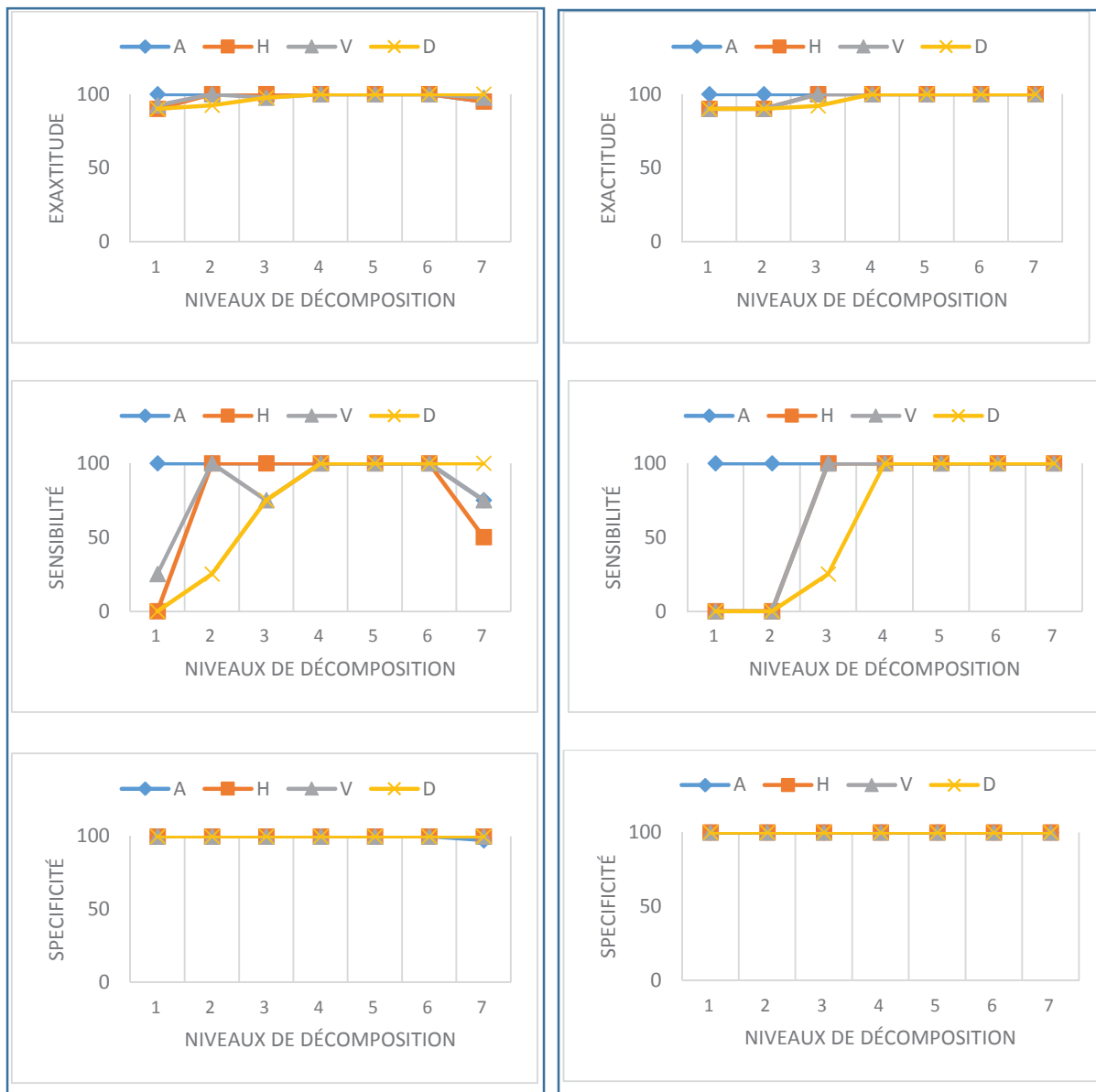
#### Description

- Appliquer la transformée en ondelettes discrète en utilisant un niveau de décomposition très profond (7) et les deux ondelettes Haar et DB4 (alternativement (**Fig A.1**)).
- Effectuer un apprentissage et une évaluation d'un classifieur RF (le nombre d'arbres est égal à 50,  $n$  est équivalent à deux tiers de l'ensemble d'entraînement, et  $m$  équivaut à la racine carrée du nombre de variables) en employant à chaque fois une sous-bande différente ; il n'y a pas de phase de réduction de caractéristiques, les coefficients produits par la transformée en ondelettes discrète sont utilisés sous leur forme originale.
- Opérer une évaluation suivant une classification normal versus pathologique et une multi-classification.

## Résultats et discussion



**Fig A.1** Transformée en ondelettes discrète sur 7 niveaux de décomposition. (a) image originale, (b) utilisation de Haar, et (c) utilisation de DB4. Pour (b) et (c), de gauche à droite : les 7 niveaux de décomposition, et de haut en bas les coefficients : approximations, horizontaux, verticaux, et diagonaux, respectivement.



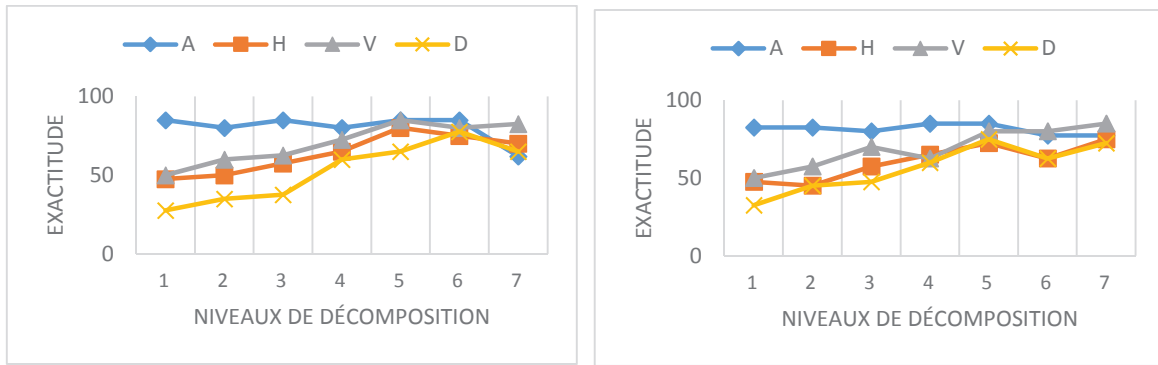
(a)

(b)

**Fig A.2** Évaluation des ondelettes Haar et DB4 dans le cas normal versus pathologique. De haut en bas : l'exactitude, la sensibilité et la spécificité. (a) Haar, (b) DB4.

On peut noter que dans le cas de classification binaire (**Fig A.2**), les 2 ondelettes obtiennent des résultats comparables ; dans les premiers niveaux de décomposition, l'ondelette de Haar dépasse globalement l'ondelette DB4. Par contre, dans les niveaux intermédiaires, les ondelettes obtiennent des performances parfaites. Dans le 7<sup>ème</sup> niveau de décomposition, l'ondelette DB4 maintient une performance optimale alors que l'ondelette de Haar voit la sienne baisser.





(a)

(b)

**Fig A.3** Évaluation des ondelettes Haar et DB4 dans le cas multi-classification. (a) Haar, (b) DB4.

La figure **Fig A.3** montre les résultats obtenus dans le cas d'une multi-classification. On peut noter que les coefficients **A** semblent obtenir des résultats de haute qualité (peu importe l'ondelette). Afin de vérifier s'il existe une différence statistique significative entre toutes ces courbes, un test ANOVA [Fisher 1951] est opéré sous l'hypothèse nulle que tous les échantillons proviennent d'une même distribution. L'hypothèse nulle a été rejetée avec un niveau de signification de 5% et une valeur  $p = 0.00049296$ . Une procédure de multi-comparaison (Tuckey-Kramer) [Hochberg 1987] est alors réalisée afin de déterminer quelles courbes sont significativement différentes. Cette procédure a retourné les résultats suivants :

- Les courbes **A** ne sont pas significativement différentes l'une de l'autre, mais elles sont significativement différentes des courbes **D**.
- Les courbes **H** et **V** ne sont pas significativement différentes des autres courbes (y compris elles-mêmes).
- Les courbes **D** ne sont pas différentes l'une de l'autre.

**Tab A.1** Le nombre de coefficients générés par les ondelettes Haar et DB4 à travers 7 niveaux de décomposition.

Niveaux \ Ondelettes	1	2	3	4	5	6	7
Haar	16384	4096	1024	256	64	16	4
DB4	17161	4761	1444	484	196	100	64

**Tab A.2** Le temps moyen de traitement par image en utilisant les ondelettes Haar et DB4 à travers 7 niveaux de décomposition.

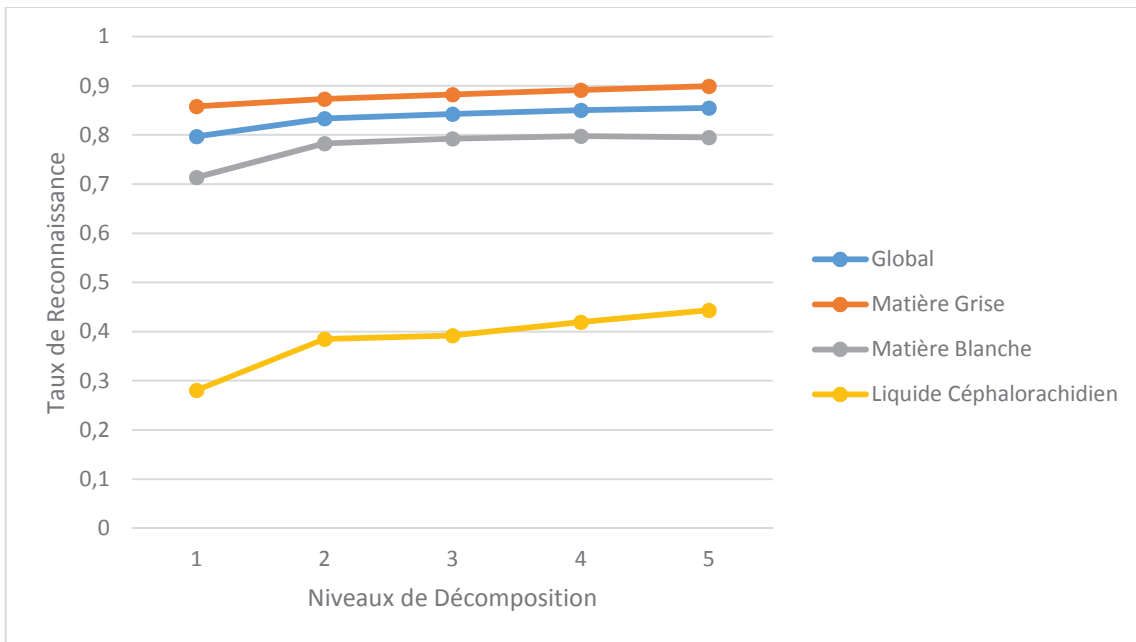
<b>Niveaux</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>
<b>Ondelettes</b>							
<b>Haar</b>	0.0062	0.0070	0.0125	0.0133	0.0144	0.0156	0.0179
<b>DB4</b>	0.0074	0.0078	0.0148	0.016	0.0179	0.0183	0.0199

Les tableaux **Tab A.1** et **Tab A.2** illustrent le nombre de coefficients et le temps de calcul impliqués par les 2 ondelettes Haar et DB4. On peut noter que l'ondelette de Haar implique moins de coefficients et moins de temps.

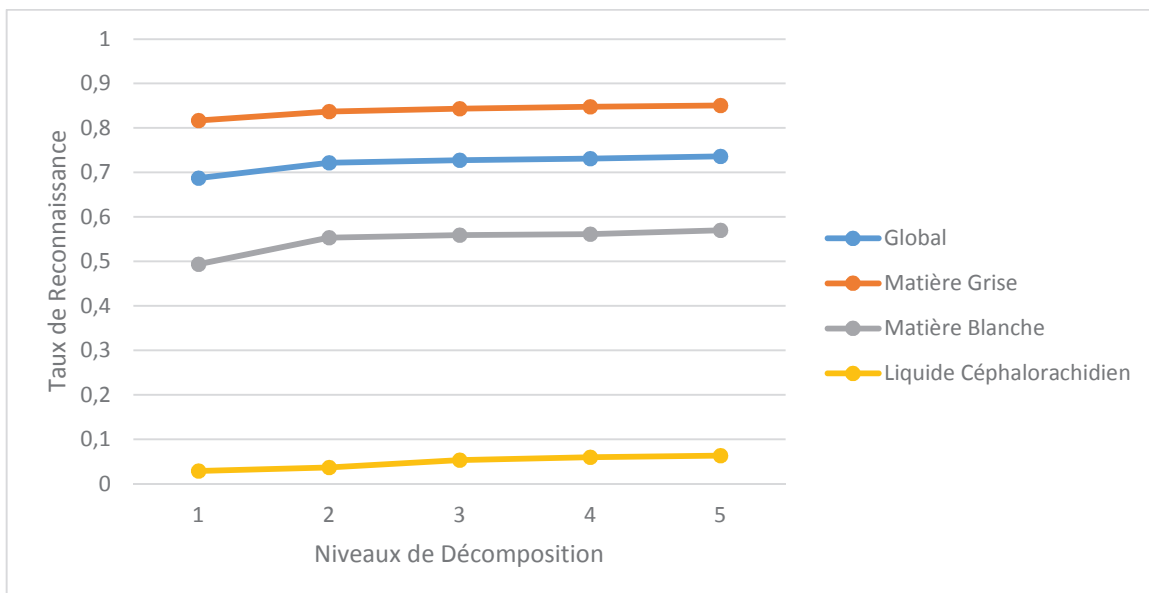
**Conclusion** : cette évaluation suggère que l'utilisation de l'ondelette de Haar est meilleure que celle de l'ondelette DB4.

## Annexe B

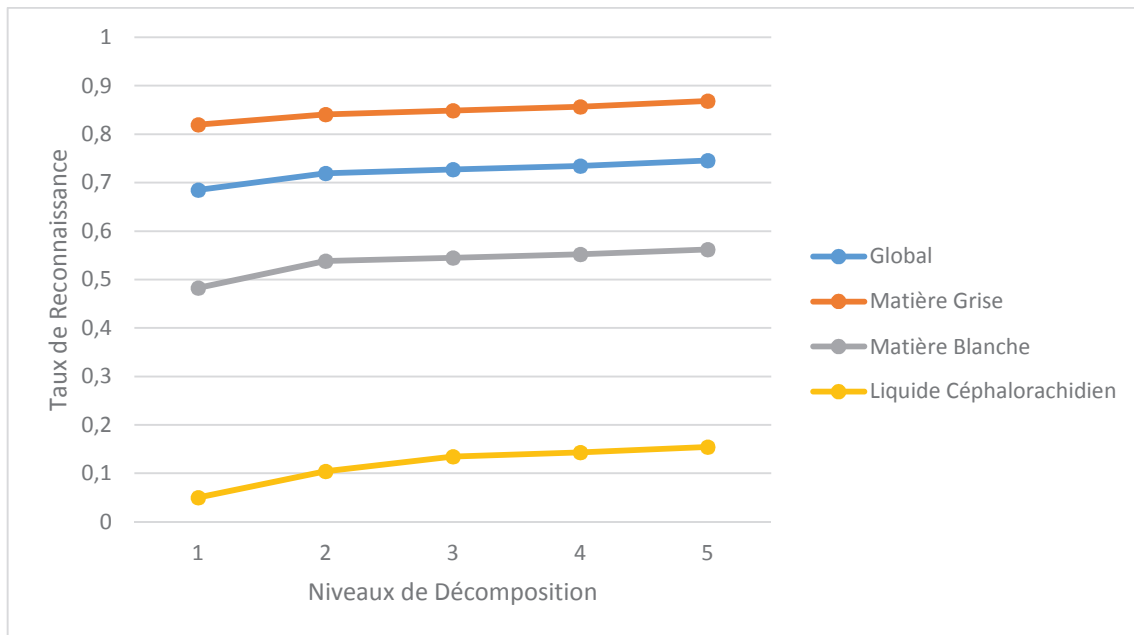
### Expériences complémentaires concernant le Système 1



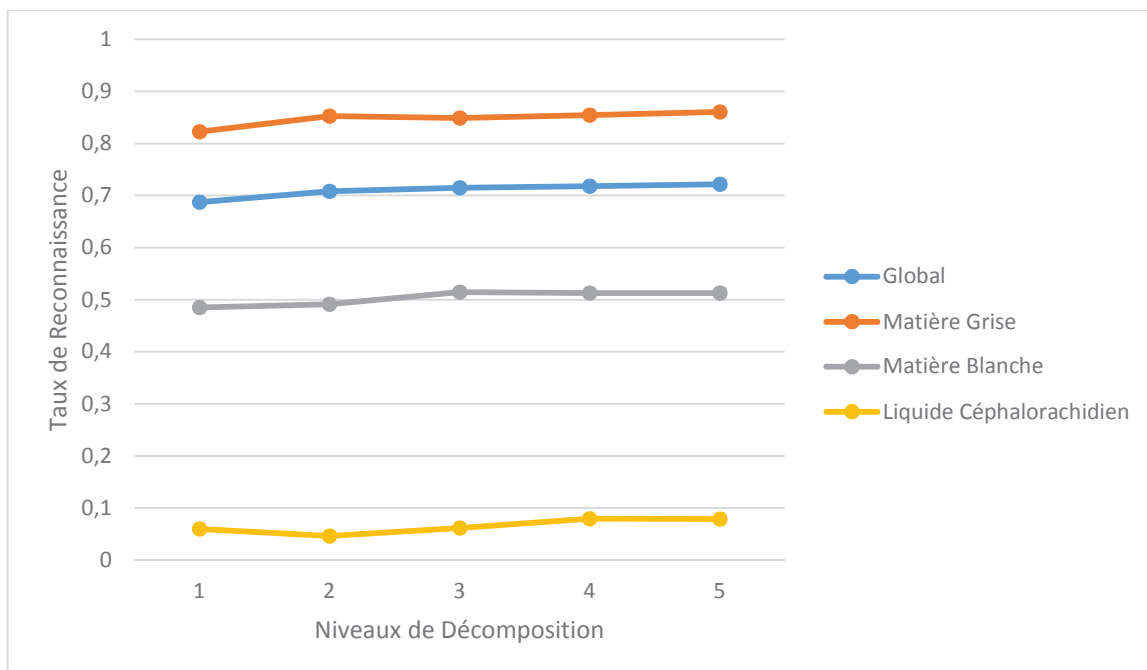
**Fig A.4** Évolution du taux de reconnaissance global ainsi que du taux de reconnaissance de la matière grise, de la matière blanche, et du liquide céphalo-rachidien à travers 5 niveaux de décomposition (coefficients d'approximation) ; il y a une accumulation des caractéristiques à chaque niveau.



**Fig A.5** Évolution du taux de reconnaissance global ainsi que du taux de reconnaissance de la matière grise, de la matière blanche, et du liquide céphalo-rachidien à travers 5 niveaux de décomposition (coefficients détails horizontaux) ; il y a une accumulation des caractéristiques à chaque niveau.



**Fig A.6** Évolution du taux de reconnaissance global ainsi que du taux de reconnaissance de la matière grise, de la matière blanche, et du liquide céphalo-rachidien à travers 5 niveaux de décomposition (coefficients détails verticaux) ; il y a une accumulation des caractéristiques à chaque niveau.



**Fig A.7** Évolution du taux de reconnaissance global ainsi que du taux de reconnaissance de la matière grise, de la matière blanche, et du liquide céphalo-rachidien à travers 5 niveaux de décomposition (coefficients détails diagonaux) ; il y a une accumulation des caractéristiques à chaque niveau.

## Annexe C

### Méthodes *Grow* / *Full*

Le pseudocode suivant [Langdon 2008] permet de générer des arbres en mode *Full* ou *Grow* :

```
func_set : l'ensemble des éléments non-terminaux.  
term_set : l'ensemble des éléments terminaux.  
max_d : la profondeur maximale des arbres.  
method : peut être Grow ou Full.  
expr : l'expression générée.  
Procedure : gen_rnd_expr(func_set, term_set, max_d, method)  
If max_d=0 or (method=grow and rand() <  $\frac{|term\_set|}{|term\_set|+|func\_set|}$ ) then  
    expr = choose_random_element (term_set)  
Else  
    func = choose_random_element (func_set)  
    for i = 1 to arity (func) do  
        arg_i = gen_rnd_expr (func_set, term_set, max_d-1, method);  
    expr = (func, arg_1, arg_2, ...);  
return expr
```

## Annexe D

### Analyse en composantes principales

Soit  $X$  une matrice de dimensions  $M \times N$ , l'application de l'analyse en composantes principales [Jolliffe 2002] s'exécute à travers les étapes suivantes [El-Dahshan 2010] :

- 1) Calculer la moyenne empirique :  $u[m] = \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N X[m, n]$ .
- 2) Calculer les déviations par rapport à la moyenne et sauvegarder les données dans une matrice  $B[M \times N]$ :  $B = X - u \cdot h$ , où  $h$  est un vecteur ligne de  $1 \times N$  ne contenant que des 1.
- 3) Calculer la matrice de covariance  $C$ :  $C = \frac{1}{N} B \cdot B^*$ .
- 4) Calculer les vecteurs propres et les valeurs propres de la matrice de covariance  $V^{-1}CV = D$  tel que  $V$  et  $D$  correspondent à la matrice de vecteurs propres et la matrice diagonale des valeurs propres de  $C$ .  $D[p, q] = \lambda_m$  pour  $p = q = m$ , est la valeur propre numéro  $m$  de la matrice de covariance  $C$ .
- 5) Trier les vecteurs propres et les valeurs propres  $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \lambda_3 \dots \geq \lambda_N$ .
- 6) Choisir les composants et former un vecteur de caractéristiques : sauvegarder les  $L$  premières colonnes de  $V$  au sein d'une matrice  $W$  de  $M \times L$ .
- 7) Dériver les nouvelles données : les vecteurs propres avec les valeurs propres les plus élevées sont projetés dans l'espace ; cette projection résulte en un vecteur représenté par quelques dimensions ( $L < M$ ) contenant les coefficients essentiels.

## Annexe E

### Filtre de diffusion anisotropique

Ce filtrage [Perona 1990] s'exprime mathématiquement comme un processus de diffusion qui se produit sur un espace 2D (image). L'idée derrière ce concept consiste à étendre les équations de la chaleur avec des coefficients de diffusivité qui dépendent du gradient local de l'image. Dans les régions homogènes (gradient faible), ces coefficients prennent de grandes valeurs afin d'opérer un lissage fort, et inversement. Le processus de diffusion s'exprime comme suit :

$$\frac{\partial}{\partial t}u(x, t) = \text{div}(c(x, t)\nabla u(x, t)) \quad (\text{A.1})$$

$x$ ,  $t$ , et  $u(x, t)$  font référence à la position spatiale, le numéro de l'itération, et l'intensité de l'image, respectivement.  $c(x, t)$  permet de contrôler le pouvoir de diffusion ; il est directement dépendant de la magnitude du gradient de l'image. [Perona 1990] ont proposé 2 types de fonctions pour  $c$  :

$$c_1 = \exp - \left( \frac{|\nabla I(x, t)|}{\kappa} \right)^2 \quad (\text{A.2})$$

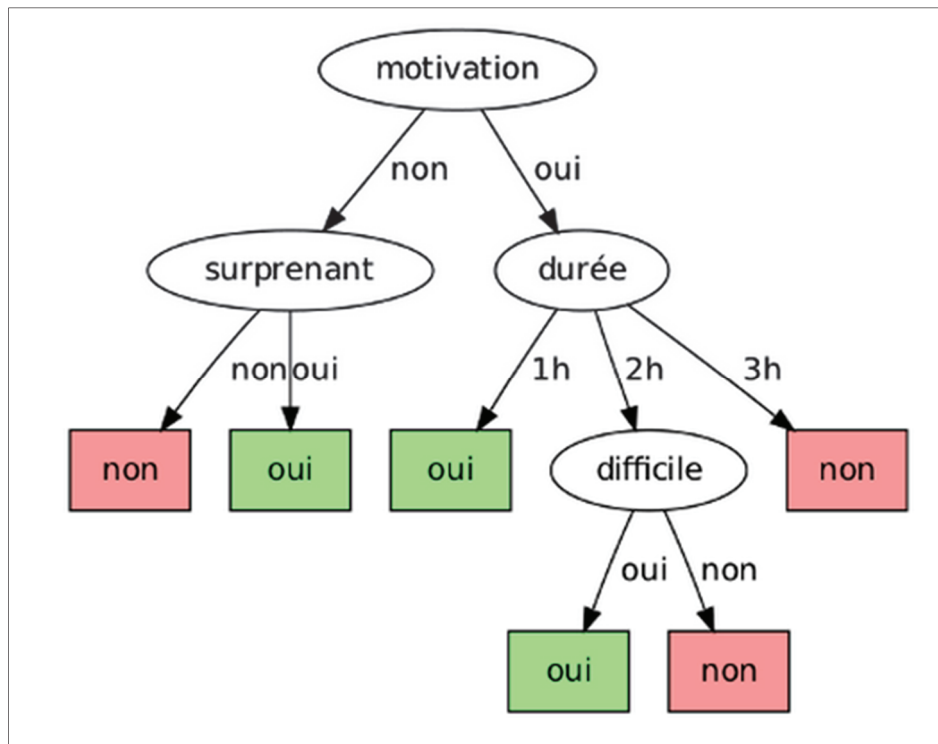
$$c_2 = \frac{1}{1 + \left( \frac{|\nabla I(x, t)|}{\kappa} \right)^{1+\alpha}} \quad (\text{A.3})$$

$\nabla I(x, t)$  fait référence au gradient de l'image à l'itération  $t$  et  $\kappa$  est choisi par rapport à la nature des contours et le niveau du bruit.  $\alpha$  est nombre positif. Durant nos expérimentations,  $\alpha$  et  $\kappa$  sont initialisés à 1 et 5, respectivement.

## Annexe F

### Arbres de décision

Un arbre de décision est une modélisation d'une hiérarchie de tests sur un ensemble de variables (**Fig A.8**). À l'issue de chaque test est produit un résultat qui peut être numérique (régression) ou symbolique (classification).



**Fig A.8** Exemple d'arbre de décision pour la question « Cette présentation est-elle intéressante ? » (<https://scaron.info/doc/intro-arbres-decision/#htoc6>).



## Glossaire

**Adipeux** : contient de la graisse ou possède les caractéristiques de la graisse.

**Agnosie** : trouble impliquant un déficit de la reconnaissance.

**Anévrisme artériel** : point faible d'une artère.

**Angle ponto-cérébelleux** : région anatomique située dans la partie postérieure du crâne.

**Aqueux** : contient de l'eau.

**Athérosclérose des artères** : obstruction des artères par des dépôts adipeux.

**Autosomale** : se dit d'un caractère dont le gène est autosome (n'intervient pas dans la différenciation sexuelle).

**Calcification** : dépôt de Calcium dans des régions où il n'est pas habituellement présent.

**Cardiopathies emboligènes** : pathologies cardiaques impliquant une arythmie ou une perturbation mécanique dans l'écoulement du sang.

**Cellules de Schwann** : type de cellules gliales formant la gaine de myéline qui protège les axones.

**Centripète** : dirigé vers le centre.

**Céphalée** : mal de tête.

**Citernes** : dilatation de l'espace sous-arachnoïdien.

**Corps calleux** : commissure située entre les deux hémisphères. Il permet des échanges d'informations entre les différentes parties du cerveau.

**Cytomégalovirus** : virus de grande taille (de 80 à 100 nanomètres).

**Démence vasculaire** : forme de démence causée par des lésions du cerveau d'origine vasculaire (AVC ischémiques ou hémorragiques).

**Dysplasie** : malformation ou déformation d'un organe (ayant pour origine une anomalie dans le développement) pouvant survenir avant ou après la naissance.

**Effet de masse** : effacement de la configuration naturelle et/ou de la forme des composants cérébraux.

**Embarrure** : enfoncement de la partie fracturée.

**Encéphalopathie hypertensive** : affection ayant pour origine une hypertension artérielle maligne. En IRM, elle se traduit par des zones faiblement denses, une atrophie cérébrale, et des calcifications (noyaux gris centraux).

**Engagement** : déplacement d'une partie de l'encéphale dans l'un des orifices intracrâniens.

**Épanchement sous-dural** : accumulation de sang dans les espaces méningés.

**Ependymocytes (cellules épendymaires)** : un type de cellules gliales assurant l'interface entre le système nerveux et le liquide céphalo-rachidien.

**Epilepsie** : pathologie impliquant des décharges d'influx nerveux anormaux dans le cerveau.

**Exsudation plasmatique** : fuite du plasma vers les tissus.

**Faisceaux nigro-striés** : projection des axones du locus niger au striatum (noyau caudé et putamen).

**Faux du cerveau** : membrane formant une cloison séparant les deux hémisphères cérébraux.

**Ganglions de la base (noyaux gris)** : deux noyaux gris centraux qui interviennent dans le contrôle de la motricité et des mouvements volontaires. Chaque ganglion est constitué de 4 parties : noyau caudé, noyau lenticulaire, noyau sous-thalamique, et locus niger.

**Glande pinéale (épiphyse)** : glande endocrine sécrétant principalement la mélatonine (hormone du sommeil).

**Gliose** : prolifération de cellules gliales.

**Granulome** : tumeur de nature inflammatoire constituée de tissu conjonctif et riche en vaisseaux.

**Gyriforme** : suivant les contours sous-corticaux des sillons.

**Gyrus temporal supérieur** : région située entre le sillon latéral et le sillon temporal supérieur.

**Hématogène** : qui provient du sang ou qui le produit.

**Hépatite** : inflammation du foie.

**Histologie** : spécialité médicale dédiée à l'étude des tissus.

**Histologie fibrillaire** : similarité de la population tumorale avec les astrocytes fibreux de la matière blanche.

**Histologie gémistocytaire** : présence d'au moins 20 % d'astrocytes gémistocytiques néoplasiques.

**Histologie protoplasmique** : présence d'astrocytes néoplasiques similaires aux astrocytes protoplasmiques de la matière grise.

**Hydrocéphalie** : accumulation excessive du liquide céphalo-rachidien.

**Hydrocéphalie secondaire** : hydrocéphalie qui survient à la suite d'un trouble primaire.

**Hypertension artérielle** : pression anormalement élevée du sang sur la paroi des artères.

**Hypotonie axiale** : manque de tonus ou faiblesse musculaire.

**Iatrogène** : atteinte provoquée par un acte ou traitement médical.

**Infarctus lacunaire** : petit infarctus de siège profond dont l'origine est une occlusion d'une petite artère perforante intracrânienne.

**Kyste** : cavité contenant une substance liquide ou semi-solide.

**Ligne médiane** : ligne imaginaire qui sépare les deux hémisphères.

**Liseré** : frontière.

**Locus niger** : structure formée de matière grise, elle intervient dans la régulation des mouvements automatiques.

**Macrocéphalie** : augmentation anormale du volume de la tête

**Maladie de Balo** : forme rare et progressive de la sclérose en plaques.

**Maladie de Devic** : pathologie démyélinisante touchant principalement la moelle épinière et les nerfs optiques.

**Maladie orpheline** : pathologie délaissée par la recherche médicale.

**Maladie de Schilder** : pathologie démyélinisante similaire à la sclérose en plaques et associant des troubles psychiques, visuels, moteurs, et auditifs.

**Manchons** : lésions de forme cylindrique.

**Nécrose** : mort anormale des cellules.

**Néoplasie** : développement anormal de cellules qui n'est d'aucune utilité pour l'organisme.

**Œdème** : gonflement d'un tissu provoqué par une accumulation de liquide.

**Parenchyme cérébral** : ensemble des composants assurant les fonctions à proprement dites du cerveau (par opposition aux composants dits de soutien).

**Pathogénie** : étude du déclenchement et du développement d'une pathologie donnée.

**Périaqueducal** : situé autour du l'aqueduc cérébral (conduit mettant en communication les troisième et quatrième ventricules).

**Protubérance** : partie centrale et renflée du tronc cérébral, elle joue un rôle important dans la motricité.

**Putamen** : partie externe du noyau lenticulaire, il intervient dans la régulation des mouvements et influence le processus d'apprentissage.

**Quadriparésie spastique** : paralysie légère, incomplète, avec diminution de la force musculaire (concerne les 4 membres).

**Récessive** : la présence de deux allèles semblables est nécessaire afin que le caractère puisse s'exprimer.

**Région lombo-sacrée** : partie la plus basse de la moelle épinière (près du bas du dos).

**Région sellaire** : zone située au centre de la base du crâne.

**Région supra-sellaire** : zone située sur la ligne médiane du crâne (au même niveau que la racine du nez).

**Rougeole** : affection virale due à un virus de la famille des *Paramyxoviridés*.

**Rubéole** : infection contagieuse due au *Rubivirus* qui survient principalement chez l'enfant.

**Séquellaire** : troubles persistants après une guérison ou une blessure.

**Suppuration** : sécrétion de pus.

**Système entérique** : partie du système nerveux qui contrôle le système digestif.

**Système lymphatique** : ensemble des structures qui contribuent à la production et la circulation de la lymphe ; celle-ci est un liquide qui contient entre autres des agents immunitaires.

**Tente du cervelet** : repli de la dure-mère séparant le cerveau du cervelet.

**Thalamus** : région de forme ovoïde qui joue le rôle d'intégration dans une grande partie des fonctions nerveuses.

**Trois feuillets embryonnaires** : l'ectoblaste, l'endoblaste, et le mésoblaste. Ils sont à l'origine des différents constituants du corps humain.

**Varicelle** : infection contagieuse due au virus *varicelle-zona* qui survient principalement chez l'enfant.

**Villosités arachnoïdiennes** : amas de cellules localisés principalement le long des bords latéraux du sinus longitudinal supérieur.

**Virus d'Epstein-Barr** : virus faisant partie de la famille des herpès virus humains.

## Bibliographie

- [Abrás 2005]** Abrás G N, Ballarin V L, A Weighted K-means Algorithm applied to Brain Tissue Classification. *The Journal of Computer Science and Technology* 5(3), 2005
- [Adams 1994]** Adams R, Bischof L, Seeded region growing. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*. 16(6), 641-647 (1994)
- [Agam 2006]** Agam G, Weiss D, Soman M, Arfanakis K, Probabilistic brain lesion segmentation in DT-MRI. *IEEE International Conference on Image Processing* 89-92, Atlanta, GA, October 8-11 (2006)
- [Ahmed 2008]** Ahmed M M, Bin Mohamad D, Segmentation of Brain MR Images for Tumor Extraction by Combining Kmeans Clustering and Perona-Malik Anisotropic Diffusion Model. *International Journal of Image Processing* 2(1), 27-34 (2008)
- [Ait Kerroum 2010]** Ait Kerroum M, Hammouch A, Aboutajdine D, Textural feature selection by joint mutual information based on Gaussian mixture model for multispectral image classification. *Pattern Recognition Letters* 31(10), 1168-1174 (2010)
- [Ait-Ali 2005]** Ait-Ali L S, Prima S, Hellier P, Carsin B, Edan G, Barillot C, STREM: A Robust Multidimensional Parametric Method to Segment MS Lesions in MRI. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Lecture Notes in Computer Science* 3749, 409-416 (2005)
- [Akay 1998]** Akay M, *Time Frequency and Wavelets in Biomedical Signal Processing*. IEEE Press, New York (1998)
- [Akram 2011]** Akram M U, Usman A, Computer Aided System for Brain Tumor Detection and Segmentation. *International Conference on Computer Networks and Information Technology* 299-302, Abbottabad, July 11-13 (2011)
- [Akselrod-Ballin 2006]** Akselrod-Ballin A, Galun M, Basri R, Brandt A, Gomori M J, Filippi M, Valsasina P, An Integrated Segmentation and Classification Approach Applied to Multiple Sclerosis Analysis. *IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition* 1, 1122-1129, June 17-22 (2006)

- [Akselrod-Ballin 2009]** Akselrod-Ballin A, Galun M, Gomori J M, Filippi M, Valsasina P, Basri R, Brandt A, Automatic segmentation and classification of multiple sclerosis in multichannel MRI. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 56(10), 2461-2469 (2009)
- [Anand 2010]** Anand C S, Sahambi J S, Wavelet domain non-linear filtering for MRI denoising. *Magnetic Resonance Imaging* 28(6), 842-861 (2010)
- [Ardizzone 2002]** Ardizzone E, Pirrone R, Gambino O, Peri D, Two channels fuzzy c-means detection of multiple sclerosis lesions in multispectral MR images. *International Conference on Image Processing 2*, II.345-II.348 (2002)
- [Artechevarria 2009]** Artechevarria X, Munoz-Barrutia A, Ortiz-de-Solorzano C, Combination Strategies in Multi-Atlas Image Segmentation: Application to Brain MR Data. *IEEE Transaction on Medical Imaging* 28(8), 1266-1277 (2009)
- [Atkins 1998]** Atkins M S, Mackiewich B T, Fully Automatic Segmentation of the Brain in MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 17(1), 98-107 (1998)
- [Autin 2006]** Autin B, Les métaheuristiques en optimisation combinatoire. Mémoire présenté en vue d'obtenir l'examen probatoire en informatique. Conservatoire National des Arts et Métiers, Paris (2006)
- [Azpiroz 1999]** Azpiroz J, Charleston S, Lerallut J F, Selection of biorthogonal filters for image compression/fusion of MR images using wavelet packets. *Proceedings of the First Joint Engineering in Medicine and Biology, 21st Annual Conference and the Annual Fall Meeting of the Biomedical Engineering Society 2*, DOI: 10.1109/IEMBS.1999.804323, Atlanta, GA, October 13-16 (1999)
- [Baillard 2001]** Baillard C, Hellier P, Barillot C, Segmentation of brain 3D MR images using level sets and dense registration. *Medical Image Analysis* 5(3), 185-194 (2001)
- [Bandoh 1999]** Bandoh Y, Kamata S, An address generator for a 3-dimensional pseudo-Hilbert scan in a cuboid region. *International Conference on Image Processing 1*, 496-500, Kobe, October 24-28 (1999)
- [Batmanghelich 2008]** Batmanghelich K, Wu X, Zacharaki E, Markowitz C E, Davatzikos C, Verma R, Multiparametric Tissue Abnormality Characterization using Manifold Regularization. *SPIE 6915, Medical Imaging 2008: Computer-Aided Diagnosis*, 691516 DOI:10.1117/12.770837, March 17 (2008)

**[Bauer 2010]** Bauer S, Seiler C, Bardyn T, Buechler P, Reyes M, Atlas-Based Segmentation of Brain Tumor Images Using a Markov Random Field-Based Tumor Growth Model and Non-Rigid Registration. The Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society 4080-4083, Buenos Aires, August 31 - September 4 (2010)

**[Bauer 2011a]** Bauer S, Nolte L P, Reyes M, Segmentation of brain tumor images based on atlas-registration combined with a markov-random-field lesion growth model. IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro 2018-2021, Chicago, IL, March 30 - April 2 (2011)

**[Bauer 2011b]** Bauer S, Nolte L P, Reyes M, Fully Automatic Segmentation of Brain Tumor Images Using Support Vector Machine Classification in Combination with Hierarchical Conditional Random Field Regularization. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Lecture Notes in Computer Science 6893, 354-361 (2011)

**[Beauchemin 1995]** Beauchemin S S, Barron J L, The computation of optical flow. ACM Computing Surveys 27(3), 433-466 (1995)

**[Bendib 2011]** Bendib M M, Détecteur de pathologies cérébrales. Mémoire de Master, université Badji-Mokhtar Annaba (2011)

**[Bendib 2014a]** Bendib M M, Merouani H F, Diaba F, Automatic segmentation of brain MRI through stationary wavelet transform and Random Forests. Pattern Analysis and Applications, DOI: 10.1007/s10044-014-0373-y (2014)

**[Bendib 2014b]** Bendib M M, Merouani H F, Diaba F, The Brain MRI Classification Problem From Wavelets Perspective. SPIE 9445, The Seventh International Conference on Machine Vision, 94451I, DOI: 10.1117/12.2180561, Milan, Italy, November 19-21 (2010)

**[Bendib 2015]** Bendib M M, Merouani H F, Diaba F, Automatic Generation of Suitable DWT Sub-Band: An Application to Brain MRI Classification. Proceedings of The 10th International Conference on Computer Vision Theory and Applications, 166-170, DOI: 10.5220/0005333001660170, Berlin, Germany, March 11-14 (2015)

**[Bergo 2008]** Bergo F P G, Falcao A X, Yasuda C L, Cendes F, FCD segmentation using texture asymmetry of MR-T1 images of the brain. The 5th IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro, 424-427, Paris, May 14-17 (2008)



- [Besson 2008]** Besson P, Colliot O, Evans A, Bernasconi A, Automatic detection of subtle focal cortical dysplasia using surface-based features on MRI. IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro 1633-1636, Paris, May 14-17 (2008)
- [Bezdek 1981]** Bezdek J C, Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms. Kluwer Academic Publishers, Norwell, MA (1981)
- [Bhat 2010]** Bhat S, Kunte S R, A mixed model based on Watershed and Active contour algorithms for brain tumor segmentation. The International Conference on Advances in Recent Technologies in Communication and Computing 398-400, Kottayam, October 16-17 (2010)
- [Bhattacharyya 1943]** Bhattacharyya A, On a measure of divergence between two statistical populations defined by their probability distributions. Bulletin of Calcutta Mathematical Society 35, 99-109 (1943)
- [Bhowan 2009]** Bhowan U, Johnston M, Zhang M, Differentiating Between Individual Class Performance in Genetic Programming Fitness for Classification with Unbalanced Data. IEEE Congress on Evolutionary Computation 2802-2809, Trondheim, 18-21 May (2009)
- [Bianchi 2013]** Bianchi A, Miller J V, Tan E T, Montillo A, Brain tumor segmentation with symmetric texture and symmetric intensity-based decision forests. The IEEE 10th International Symposium on Biomedical Imaging, 748-751, San Francisco, CA, April 7-11 (2013)
- [Bindu 2013]** Bindu C H, Prasad K S, MRI–PET Medical Image Fusion Technique by Combining Contourlet and Wavelet Transform. Proceedings of the Third International Conference on Trends in Information, Telecommunication and Computing, Lecture Notes in Electrical Engineering 150, 145-151 (2013)
- [Bloch 1946]** Bloch F, Hansen W, Packard M, The nuclear induction experiment. Physical Review 70, 474-485 (1946)
- [Bollerslev 1986]** Bollerslev T, Generalized Autoregressive Conditional Heteroskedasticity. Journal of Econometrics 31, 307-327 (1986)
- [Bosc 2003]** Bosc M, Contribution à la détection de changements dans des séquences IRM 3D multimodales. Thèse de Doctorat, Université Louis Pasteur (2003)
- [Bourouis 2008]** Bourouis S, Hamrouni K, Betrouni N, Automatic MRI Brain Segmentation with Combined Atlas-Based Classification and Level-Set Approach. Image Analysis and Recognition, Lecture Notes in Computer Science 5112, 770-778 (2008)

- [Boykov 1999]** Boykov Y, Veksler O, Zabih R, Fast approximate energy minimization via graph cuts. The Proceedings of the Seventh IEEE International Conference on Computer Vision 1, 377-384, Kerkyra, September 20-27 (1999)
- [Bracewell 1978]** Bracewell R N, The Fourier Transform and its Application, 2nd edition. McGraw-Hill Book Co, New York (1978)
- [Breiman 1984]** Breiman L, Friedman J, Olshen R, Stone C, Classification and Regression Trees. Wadsworth and Brooks, Monterey, CA (1984)
- [Breiman 2001]** Breiman L, Random forests. Machine Learning 45(1), 5-32 (2001)
- [Bricq 2008]** Bricq S, Collet C, Armspach J P, Markovian segmentation of 3D brain MRI to detect Multiple Sclerosis lesions. The 15th IEEE International Conference on Image Processing 733-736, San Diego, CA, October 12-15 (2008)
- [Buthiau 1992]** Buthiau D, TDM, et IRM cliniques. Edition Frisson-Roche, Paris (1992)
- [Cambier 2000]** Cambier J, Masson M, Dehen H, Neurologie. MASSON, Paris (2000)
- [Canny 1986]** Canny J, A Computational Approach to Edge Detection. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence PAMI-8(6), 679-698 (1986)
- [Capelle 2000]** Capelle A S, Alata O, Fernandez C, Lefevre S, Ferrie J C, unsupervised segmentation for automatic detection of brain tumors in MRI. International Conference on Image Processing 1, 613-616, Vancouver, BC, September 10-13 (2000)
- [Carass 2011]** Carass A, Cuzzocreo J, Wheeler M B, Bazin P L, Resnick S M, Prince J L, Simple paradigm for extra-cerebral tissue removal: Algorithm and analysis. NeuroImage 56(4), 1982-1992 (2011)
- [Cardenas 2001]** Cardenas V A , Ezekiel F, Di Sclafani V, Gomberg B, Fein G, Reliability of tissue volumes and their spatial distribution for segmented magnetic resonance images. Psychiatry Research: Neuroimaging 106(3), 193-205 (2001)
- [Caruana 2008]** Caruana R, Karampatziakis N, Yassenalina A, An empirical evaluation of supervised learning in high dimensions. The 25th international conference on machine learning 96-103 (2008)
- [Caselles 1993]** Caselles V, Catta F, Coll T, Dibos F, A geometric model for active contours in image processing. Numerische Mathematik 66(1), 1-31 (1993)

- [Cerasa 2012]** Cerasa A, Bilotta E, Augimeri A, Cherubini A, Pantano P, Zito G, Lanza P, Valentini P, Gioia M C, Quattrone A, A Cellular Neural Network methodology for the automated segmentation of multiple sclerosis lesions. *Journal of Neuroscience Methods* 203(1), 193-199 (2012)
- [Chambers 1983]** Chambers J M, Cleveland W S, Kleiner B, Tukey P A, *Graphical Methods for Data Analysis*. Belmont, CA: Wadsworth (1983)
- [Chaplot 2006]** Chaplot S, Patnaik L M, Jagannathan N R, Classification of magnetic resonance brain images using wavelets as input to support vector machine and neural network. *Biomedical Signal Processing and Control* 1(1) 86-92 (2006)
- [Chen S H 2002]** Chen S H, Duffy J, Yeh C H, Equilibrium Selection via Adaptation: Using Genetic Programming to Model Learning in a Coordination Game. *The Electronic Journal of Evolutionary Modeling and Economic Dynamics* (2002)
- [Chen S H 2005]** Chen S H, Liao C C, Agent-based computational modeling of the stock price volume relation. *Information Sciences* 170(1), 75-100 (2005)
- [Chen T 2004]** Chen T, Huang T S, Liang Z P, Segmentation of brain MR images using hidden Markov random field model with weighting neighborhood system. *The IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record* 5, 3209-3212, October 16-22 (2004)
- [Chen V 2010]** Chen V, Ruan S, Graph cut segmentation technique for MRI brain tumor extraction. *The 2nd International Conference on Image Processing Theory Tools and Applications* 284-287, Paris, July 7-10 (2010)
- [Chincarini 2011]** Chincarini A, Bosco P, Calvini P, Gemme G, Esposito M, Olivieri C, Rei L, Squarcia S, Rodriguez G, Bellotti R, Cerello P, De Mitri I, Retico A, Nobili F, Local MRI analysis approach in the diagnosis of early and prodromal Alzheimer's disease. *NeuroImage* 58(2), 469-480 (2011)
- [Cho 2010]** Cho W, Park J, Park S, Kim Soohyung, Kim Sunworl, Ahn G, Lee M, Lee G, Level-Set Segmentation of Brain Tumors using a New Hybrid Speed Function. *International Conference on Pattern Recognition* 1545-1548, Istanbul, August 23-26 (2010)
- [Chua 1988]** Chua L O, Yang L, Cellular neural networks: theory. *IEEE Transactions on Circuits and Systems* 35(10), 1257-1272 (1988)

- [Chung 1997]** Chung F R K, Spectral Graph Theory, Number 92. CBMS Regional Conference Series in Mathematics, American Mathematical Society, Providence (1997)
- [Ciofolo 2004]** Ciofolo C, Barillot C, Hellier P, Combining fuzzy logic and level set methods for 3D MRI brain segmentation. IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: Nano to Macro 1, 161-164, April 15-18 (2004)
- [Colliot 2006a]** Colliot O, Camara O, Bloch I, Integration of fuzzy spatial relations in deformable models—Application to brain MRI segmentation. Pattern Recognition 39(8), 1401-1414 (2006)
- [Colliot 2006b]** Colliot O, Mansi T, Bernasconi N, Naessens V, Klironomos D, Bernasconi A : Segmentation of focal cortical dysplasia lesions on MRI using level set evolution. NeuroImage 32(4), 1621-1630 (2006)
- [Colorni 1991]** Colorni A, Dorigo M, Maniezzo V, Distributed Optimization by Ant Colonies. European Conference on Artificial Life 134-142, Paris (1991)
- [Comaniciu 2002]** Comaniciu D, Meer P, Mean shift : a robust approach toward feature space analysis. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence 24(5), 603-619 (2002)
- [Cuadra 2004]** Cuadra M B, Pollo C, Bardera A, Cuisenaire O, Villemure J G, Thiran J, Atlas-Based Segmentation of Pathological MR Brain Images Using a Model of Lesion Growth. IEEE Transaction on Medical Imaging 23(10), 1301-1314 (2004)
- [Dam 2004]** Dam E, Loog M, Letteboer M, Integrating Automatic and Interactive Brain Tumor Segmentation. The 17th International Conference on Pattern Recognition 3, 790-793, August 23-26 (2004)
- [Damadian 1971]** Damadian R, Tumor detection by nuclear magnetic resonance. Science 171, 1151-1153 (1971)
- [Darwin 1864]** Darwin C, On the origin of species by means of natural selection or the preservation of favoured races in the struggle for life. Cambridge University Press, Cambridge, UK (1864)
- [De Boer 2009]** De Boer R, Vrooman H A, Van Der Lijn F, Vernooij M W, Ikram M A, Van Der Lugt A, Breteler M M B, Niessen W J, White matter lesion extension to automatic brain tissue segmentation on MRI. NeuroImage 45(4), 1151-1161 (2009)

- [Demirhan 2011]** Demirhan A, Guler I, Combining stationary wavelet transform and self-organizing maps for brain MR image segmentation. *Engineering Applications of Artificial Intelligence* 24(2), 358-367 (2011)
- [Dempster 1977]** Dempster A P, Laird N M, Rubin D B, Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Methodological)* 39 (1), 1–38 (1977)
- [Despotovic 2011]** Despotovic I, Segers I, Platisa L, Vansteenkiste E, Pizurica A, Deblaere K, Philips W, Automatic 3D graph cuts for brain cortex segmentation in patients with focal cortical dysplasia. *The Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society* 7981-7984, Boston, MA, August 30 – September 3 (2011)
- [Digabel 1978]** Digabel H, Lantuéjoul C, Iterative algorithm. *Quantitative analysis of microstructures in materials sciences* 1, 85-99 (1978)
- [Dou 2002]** Dou W, Segmentation d'images multispectrales basée sur la fusion d'informations : application aux images IRM. Thèse de Doctorat, Université de Caen (2002)
- [Duda 2001]** Duda R O, Hart P E, Stork D G, *Pattern Classification*. John Wiley and Sons, New York, 2001.
- [Dugas-Phocion 2004]** Dugas-Phocion G, Gonzalez M A, Lebrun C, Chanalet S, Bensa C, Malandain G, Ayache N, Hierarchical segmentation of multiple sclerosis lesions in multi-sequence MRI. *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: Nano to Macro* 1, 157-160, April 15-18 (2004)
- [Dunn 1973]** Dunn J, A fuzzy relative of the ISODATA process and its use in detecting compact well separated clusters. *Journal of Cybernetics* 3(3), 32-57 (1973)
- [Eklund 2002]** Eklund S E, A massively parallel GP engine in VLSI. *Proceedings of the 2002 Congress on Evolutionary Computation* 1, 629-633, Honolulu, HI, May 12-17 (2002)
- [El-Dahshan 2010]** El-Dahshan E A, Hosny T, Salem A B M, Hybrid intelligent techniques for MRI brain images classification. *Digital Signal Processing* 20(2), 433-441 (2010)
- [Emambakhsh 2009]** Emambakhsh M, Sedaaghi M H, Automatic MRI Brain Segmentation Using Local Features, Self-Organizing Maps, and Watershed. *IEEE International Conference on Signal and Image Processing Applications* 123-128, Kuala Lumpur, November 18-19 (2009)

- [Espejo 2010]** Espejo P G, Ventura S, Herrera F, A Survey on the Application of Genetic Programming to Classification. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part C: Applications and Reviews* 40(2), 121-144 (2010)
- [Estebanez 2005]** Estebanez C, Valls J M, Aler R, Galvan I M, A First Attempt at Constructing Genetic Programming Expressions for EEG Classification. *Artificial Neural Networks: Biological Inspirations, Lecture Notes in Computer Science* 3696, 665-670 (2005)
- [Estebanez 2008]** Estebanez C, Valls J M, Aler R, GPPE: a method to generate ad-hoc feature extractors for prediction in financial domains. *Applied Intelligence* 29(2), 174-185 (2008)
- [Ettaieb 2010]** Ettaieb S, Hamrouni K, Khelifa N, Ruan S, Level set method based on a statistical shape constraint for MRI brain segmentation. *The 10th IEEE International Conference on Information Technology and Applications in Biomedicine* 1-4, Corfu, November 3-5 (2010)
- [Fang 2010]** Fang R, Chen Y H J, Zabih R, Chen T, Tree-metrics graph cuts for brain MRI segmentation with tree cutting. *Western New York Image Processing Workshop*, 10-13, Rochester, NY, November 5 (2010)
- [Farmaki 2010]** Farmaki C, Mavrigiannakis K, Marias K, Zervakis M, Sakkalis V, Assessment of Automated Brain Structures Segmentation based on the Mean-shift Algorithm: Application in Brain Tumor. *The 10th IEEE International Conference on Information Technology and Applications in Biomedicine* 1-5, Corfu, November 3-5 (2010)
- [Feng 2011]** Feng Q, Li S, Yang W, Chen W, Tumor segmentation using the learned distance metric. *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro* 1958-1961, Chicago, IL, March 30 – April 2 (2011)
- [Fisher 1936]** Fisher R A, The Use of Multiple Measurements in Taxonomic Problems. *Annals of Eugenics* 7(2), 179-188 (1936)
- [Fix 1951]** Fix E, Hodges J L, Discriminatory analysis, nonparametric discrimination: Consistency properties. *Technical Report 4, USAF School of Aviation Medicine, Randolph Field, Texas* (1951)
- [Forbes 2010]** Forbes F, Doyle S, Garcia-Lorenzo D, Barillot C, Dojat M, Adaptive weighted fusion of multiple MR sequences for brain lesion segmentation. *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro* 69-72, Rotterdam, April 14-17 (2010)

- [Forghani 2007]** Forghani N, Forouzanfar M, Forouzanfar E, MRI fuzzy segmentation of brain tissue using IFCM algorithm with particle swarm optimization. The 22nd international symposium on Computer and information sciences 1-4, Ankara, November 7-9 (2007)
- [Fouquier 2012]** Fouquier G, Atif J, Bloch I, Sequential model-based segmentation and recognition of image structures driven by visual features and spatial relations. Computer Vision and Image Understanding 116(1), 146-165 (2012)
- [Freedman 2005]** Freedman D, Zhang T, Interactive Graph Cut Based Segmentation with Shape Priors. The IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition 1, 755-762, June 20-25 (2005)
- [Freifeld 2007]** Freifeld O, Greenspan H, Goldberger J, Lesion detection in noisy MR brain images using constrained GMM and active contours. The 4th International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro 596-599, Arlington, VA, April 12-15 (2007)
- [Freund 1997]** Freund Y, Schapire R E, A Decision-Theoretic Generalization of On-Line Learning and an Application to Boosting. Journal of Computer and System Sciences 55(1), 119-139 (1997)
- [Fukunaga 1975]** Fukunaga K et Hostetler L, The estimation of the gradient of a density function with applications in pattern recognition. IEEE Transactions on Information Theory 21(1), 32-40 (1975)
- [Galun 2003]** Galun M, Sharon E, Basri R, Brandt A, Texture segmentation by multiscale aggregation of filter responses and shape elements. The Ninth IEEE International Conference on Computer Vision 1, 716-723, Nice, October 13-16 (2003)
- [Gambino 2011]** Gambino O, Daidone E, Sciortino M, Pirrone R, Ardizzone E, Automatic Skull Stripping in MRI based on Morphological Filters and Fuzzy C-means Segmentation. The 33rd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society 5040-5043, Boston, MA, August 30 - September 3 (2011)
- [Gao 2009]** Gao J, Xie M, Skull-stripping MR Brain Images Using Anisotropic Diffusion Filtering And Morphological Processing. The International Symposium on Computer Network and Multimedia Technology 1-4, Whuan, January 18-20 (2009)



**[Garcia-Lorenzo 2008a]** Garcia-Lorenzo D, Prima S, Collins D L, Arnold D L, Morrissey S P, Barillot C, Combining Robust Expectation Maximization and Mean Shift algorithms for Multiple Sclerosis Brain Segmentation. MICCAI workshop on Medical Image Analysis on Multiple Sclerosis (validation and methodological issues) 82-91 (2008)

**[Garcia-Lorenzo 2008b]** Garcia-Lorenzo D, Prima S, Morrissey S P, Barillot C, A robust Expectation-Maximization algorithm for Multiple Sclerosis lesion segmentation. MICCAI Workshop: 3D Segmentation in the Clinic: A Grand Challenge II, MS lesion segmentation (2008)

**[Garcia-Lorenzo 2011]** Garcia-Lorenzo D, Prima S, Arnold D L, Collins D L, Barillot C, Trimmed-Likelihood Estimation for Focal Lesions and Tissue Segmentation in Multisequence MRI for Multiple Sclerosis. IEEE Transactions on Medical Imaging 30(8), 1455-1467 (2011)

**[Geman 1984]** Geman S, Geman D, Stochastic relaxation, Gibbs distribution, and the Bayesian restoration of images. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence PAMI-6(6), 721-741 (1984)

**[Geremia 2011]** Geremia E, Clatz O, Menze B H, Konukoglu E, Criminisi A, Ayache N, Spatial decision forests for MS lesion segmentation in multi-channel magnetic resonance images. NeuroImage 57(2), 378-390 (2011)

**[Gering 2002]** Gering D T, Grimson E L, Kikinis R, Recognizing Deviations from Normalcy for Brain Tumor Segmentation. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Lecture Notes in Computer Science 2488, 388-395 (2002)

**[Ghanavati 2012]** Ghanavati S, Li J, Liu T, Babyn P S, Doda W, Lampropoulos G, AUTOMATIC BRAIN TUMOR DETECTION IN MAGNETIC RESONANCE IMAGES. The 9th IEEE International Symposium on Biomedical Imaging 574-577, Barcelona, May 2-5 (2012)

**[Ghassabeh 2007]** Ghassabeh Y A, Forghani N, Forouzanfar M, Teshnehlab M, MRI Fuzzy Segmentation of Brain Tissue Using IFCM Algorithm with Genetic Algorithm Optimization. IEEE/ACS International Conference on Computer Systems and Applications 665-668, Amman, May 13-16 (2007)



- [Gladis Pushpa Rathi 2011]** Gladis Pushpa Rathi V H, Palani S, Detection and characterization of brain tumor using segmentation based on HSOM, wavelet packet feature spaces and ANN. The 3rd International Conference on Electronics Computer Technology 6, 274-277, Kanyakumari, April 8-10 (2011)
- [Glotsos 2003]** Glotsos D, Spyridonos P, Petalas P, Cavouras D, Zolota V, Dadioti P, Lekka I, Nikiforidis G, A hierarchical decision tree classification scheme for brain tumour astrocytoma grading using Support Vector Machines. Proceedings of the 3rd International Symposium on Image and Signal Processing and Analysis 2, 1034-1038, September 18-20 (2003)
- [Goldberg 1989]** Goldberg D E, Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning. Addison-Wesley Longman Publishing Co inc, Boston, MA (1989)
- [Goldberg-Zimring 1998]** Goldberg-Zimring D, Achiron A, Miron S, Faibel M, Azhari H, Automated detection and characterization of multiple sclerosis lesions in brain MR images. Magnetic Resonance Imaging 16(3), 311-318 (1998)
- [Gopal 2010]** Gopal N N, Karnan M, Diagnose Brain Tumor Through MRI Using Image Processing Clustering Algorithms Such As Fuzzy C Means Along With Intelligent Optimization Techniques. IEEE International Conference on Computational Intelligence and Computing Research 1-4, Coimbatore, December 28-29 (2010)
- [Grady 2006]** Grady L, Random Walks for Image Segmentation. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence 28(11), 1768-1783 (2006)
- [Gray H F 1996]** Gray H F, Munkegade N, Maxwell R J, Martnez-Perez I, Arus C, Cerdan S, Genetic Programming for classification of brain tumours from Nuclear Magnetic Resonance biopsy spectra, <http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/summary?doi=10.1.1.32.6116&rank=1> (1996)
- [Gray K R 2011]** Gray K R, Aljabar P, Heckemann R A, Hammers A, Rueckert D, Random Forest-Based Manifold Learning for Classification of Imaging Data in Dementia. Machine Learning in Medical Imaging, Lecture Notes in Computer Science 7009, 159-166 (2011)
- [Greenspan 2006]** Greenspan H, Ruf A, Goldberger J, Constrained Gaussian Mixture Model Framework for Automatic Segmentation of MR Brain Images. IEEE Transactions on Medical Imaging 25(9), 1233-1245 (2006)

- [Guo 2011]** Guo L, Rivero D, Dorado J, Munteanu C R, Pazos A, Automatic feature extraction using genetic programming: An application to epileptic EEG classification. *Expert Systems with Applications* 38(8), 10425-10436 (2011)
- [Guoqiang 2010]** Guoqiang W, Dongxue W, Segmentation of Brain MRI Image with GVF Snake Model. *First International Conference on Pervasive Computing Signal Processing and Applications* 711-714, Harbin, September 17-19 (2010)
- [Hahn 2000]** Hahn H K, Peitgen H O, The Skull Stripping Problem in MRI Solved by a Single 3D Watershed Transform. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Lecture Notes in Computer Science Volume 1935*, 134-143 (2000)
- [Haldar 2013]** Haldar J P, Leahy R M, Linear transforms for Fourier data on the sphere: Application to high angular resolution diffusion MRI of the brain. *NeuroImage* 71, 233-247 (2013)
- [Hammersley 1971]** Hammersley J M, Clifford P, Markov fields on finite graphs and lattices. Unpublished article (1971)
- [Han 2001]** Han X, Xu C, Tosun D, Prince J L, Cortical surface reconstruction using a topology preserving geometric deformable model. *IEEE Workshop on Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis* 213-220, Kauai, HI, December 9-10 (2001)
- [Haralick 1973]** Haralick R M, Shanmugam K, Dinstein I, Textural Features for Image Classification. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics SMC-3*(6), 610-621 (1973)
- [Hatamlou 2012]** Hatamlou A, Abdullah S, Nezamabadi-Pour H, A combined approach for clustering based on K-means and gravitational search algorithms. *Swarm and Evolutionary Computation* 6, 47-52 (2012)
- [Hevia-Montiel 2007]** Hevia-Montiel N, Jimenez-Alaniz J R, Medina-Banuelo V, Yanez-Suarez O, Rosso C, Samson Y, Baillet S, Robust Nonparametric Segmentation of Infarct Lesion from Diffusion-Weighted MR Images. *The 29th International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society* 2102-2105, Lyon, August 22-26 (2007)
- [Hinchliffe 2003]** Hinchliffe M P, Willis M J, Dynamic systems modelling using genetic programming. *Computers & Chemical Engineering* 27(12), 1841-1854 (2003)

- [Ho 2002]** Ho S, Bullitt E, Gerig G, Level-Set Evolution with Region Competition: Automatic 3-D Segmentation of Brain tumors. Proceedings of the 16th International Conference on Pattern Recognition 1, 532-535 (2002)
- [Hochberg 1987]** Hochberg Y, Tamhane A C, Multiple comparison procedures. John Wiley & Sons, Inc, New York, USA (1987)
- [Holland 1992]** Holland J H, Adaptation in natural and artificial systems. MIT Press, Cambridge, MA (1992)
- [Hopfield 1982]** Hopfield J J, Neural networks and physical systems with emergent collective computational abilities. Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America 79(8), 2554-2558 (1982)
- [Huang A 2006]** Huang A, Abugharbieh R, Tam R, Traboulsee A, MRI Brain Extraction with Combined Expectation Maximization and Geodesic Active Contours. IEEE International Symposium on Signal Processing and Information Technology 107-111, Vancouver, BC, August (2006)
- [Huang P 2008]** Huang P, Cao H, Luo S, An artificial ant colonies approach to medical image segmentation. Computer Methods and Programs in Biomedicine 92(3), 267-273 (2008)
- [Iglesias 2010]** Iglesias J E, Liu C Y, Thompson P, Tu Z, Agreement-Based Semi-supervised Learning for Skull Stripping. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Lecture Notes in Computer Science 6363, 147-154 (2010)
- [Jimenez-Alaniz 2006]** Jimenez-Alaniz J R, Medina-Banuelos V, Yanez-Suarez O, Data-Driven Brain MRI Segmentation Supported on Edge Confidence and A Priori Tissue Information. IEEE Transactions on Medical Imaging 25(1), 74-83 (2006)
- [Jolliffe 2002]** Jolliffe I T, Principal Component Analysis, 2ème edition. Springer, New York (2002)
- [Joshi 2010]** Joshi D M, Rana N K, Misra V M: Classification of Brain Cancer Using Artificial Neural Network. International Conference on Electronic Computer Technology 112-116, Kuala Lumpur, May 7-10 (2010)
- [Juang 2010]** Juang L H, Wu M N, MRI brain lesion image detection based on color-converted K-means clustering segmentation. Measurement 43(7), 941-949 (2010)

**[Kabir 2007]** Kabir Y, Dojat M, Scherrer B, Garbay C, Forbes F, Multimodal MRI segmentation of ischemic stroke lesions. The 29th annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society 1595-1598, Lyon, August 22-26 (2007)

**[Kalaiselvi 2011]** Kalaiselvi T, Somasundaram K, Fuzzy C-Means Technique with Histogram Based Centroid Initialization for Brain Tissue Segmentation in MRI of Head Scans. International Symposium on Humanities, Science and Engineering Research 149-154, Kuala Lumpur, June 6-7 (2011)

**[Kalaiselvi 2013]** Kalaiselvi T, Selvi K, An Automatic Method to Locate Tumor from MRI Brain Images Using Wavelet Packet Based Feature Set. Mining Intelligence and Knowledge Exploration, Lecture Notes in Computer Science 8284, 224-233 (2013)

**[Kalbkhani 2013]** Kalbkhani H, Shayesteh M G, Zali-Vargahan B, Robust algorithm for brain magnetic resonance image (MRI) classification based on GARCH variances series. Biomedical Signal Processing and Control 8(6) 909-919 (2013)

**[Kanas 2012]** Kanas V G, Zacharaki E I, Dermatas E, Bezerianos A, Sgarbas K, Davatzikos C, Combining Outlier Detection with Random Walker for Automatic Brain Tumor Segmentation. Artificial Intelligence Applications and Innovations, IFIP Advances in Information and Communication Technology 382, 26-35 (2012)

**[Karasulu 2011]** Karasulu B, Korukoglu S, A simulated annealing-based optimal threshold determining method in edge-based segmentation of grayscale images. Applied Soft Computing 11(2), 2246-2259 (2011)

**[Karnan 2010]** Karnan M, Gopal N N, Hybrid Markov Random Field with Parallel Ant Colony Optimization and Fuzzy C Means for MRI Brain Image segmentation. IEEE International Conference on Computational Intelligence and Computing Research 1-4, Coimbatore, December 28-29 (2010)

**[Karras 2005]** Karras D A, and Mertzios B G, Efficient segmentation in MRI applying discrete wavelet transform and topology preserving neural networks. IEEE International Workshop on Imaging Systems and Techniques 113-118, May 13 (2005)

**[Karras 2007]** Karras D A, On Improved MRI Segmentation Using Hierarchical Computational Intelligence Techniques and Textural Analysis of the Discrete Wavelet Transform Domain. IEEE International Symposium on Intelligent Signal Processing 1-6, Alcalá de Henares, October 3-5 (2007)

- [Kasiri 2010]** Kasiri K, Kazemi K, Dehghani M J, Helfroush M S, Atlas-based Segmentation of Brain MR Images Using Least Square Support Vector Machines. International Conference on Image Processing Theory Tools and Applications 306-310, Paris, July 7-10 (2010)
- [Kass 1988]** Kass M, Witkin A et Terzopoulos D, Snakes : Active contour models. International Journal of Computer Vision 1(4), 321-331 (1988)
- [Kawa 2007]** Kawa J, Pietka E, Kernelized Fuzzy c-means Method in Fast Segmentation of Demyelination Plaques in Multiple Sclerosis. The 29th IEEE Annual International Conference Engineering in Medicine and Biology Society 5616-5619, Lyon, August 22-26 (2007)
- [Keane 2005]** Keane M A, Koza J R, Streeter M J, Improved General-Purpose Controllers. Filed July 12, 2002. U.S. Patent 6,847,851, 2004, Issued January 25 (2005)
- [Keijzer 2004]** Keijzer M, Scaled Symbolic Regression. Genetic Programming and Evolvable Machines 5(3), 259-269 (2004)
- [Keller 2007]** Keller R E, Poli R, Linear genetic programming of parsimonious metaheuristics. IEEE Congress on Evolutionary Computation, 4508-4551, Singapore, September 25-28 (2007)
- [Kennedy 1995]** Kennedy J, Eberhart R, Particle swarm optimization. IEEE International Conference on Neural Networks 4, 1942-1948, Perth, WA (1995)
- [Khayatia 2008]** Khayati R, Vafadusta M, Towhidkhah F, Nabavi M, Fully automatic segmentation of multiple sclerosis lesions in brain MR FLAIR images using adaptive mixtures method and markov random field model. Computers in Biology and Medicine 38(3), 379-390 (2008)
- [Khotanlou 2009]** Khotanlou H, Colliot O, Atif J, Bloch I, 3D brain tumor segmentation in MRI using fuzzy classification, symmetry analysis and spatially constrained deformable models. Fuzzy Sets and Systems 160(10), 1457-1473 (2009)
- [Kim 2005]** Kim Y G, Gwun O B, Song J W, Brain Region Extraction and Direct Volume Rendering of MRI Head Data. Computational and Information Science, Lecture Notes in Computer Science 3314, 516-522 (2005)
- [Kirkpatrick 1983]** Kirkpatrick S, Gellat C D Jr, Vecchi M P, Optimization by Simulated Annealing. Science 220(4598), 671-680 (1983)

- [Klir 1995]** Klir G J, Yuan B, Fuzzy Sets and Fuzzy Logic: Theory and Applications. Prentice Hall, New Jersey (1995)
- [Kohonen 1982]** Kohonen T, Self-organized formation of topologically correct feature maps. *Biological Cybernetics* 43(1), 59-69 (1982)
- [Kostopoulos 2009]** Kostopoulos A E, Grapsa T N, Self-scaled conjugate gradient training algorithms. *Neurocomputing* 72(13), 3000-3019 (2009)
- [Kovacevic 2002]** Kovacevic N, Lobaugh N J, Bronskill M J, Levine B, Freinstein A, Black S E, A Robust Method for Extraction and Automatic Segmentation of Brain Images. *NeuroImage* 17(3), 1087-1100 (2002)
- [Koza 1992]** Koza J R, Genetic programming: On the programming of computers by means of natural selection. MIT Press, Cambridge, MA (1992)
- [Koza 1999]** Koza J R, Andre D, Bennett F H, Keane M A, Genetic Programming III: Darwinian Invention and Problem Solving. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA (1999)
- [Koza 2003]** Koza J R, Keane M A, Streeter M J, Mydlowec W, Yu J, Lanza G, Genetic Programming IV: Routine Human-Competitive Machine Intelligence. Kluwer Academic Publishers, Norwell, MA (2003)
- [Krawiec 2002]** Krawiec K, Genetic Programming-based Construction of Features for Machine Learning and Knowledge Discovery Tasks. *Genetic Programming and Evolvable Machines* 3(4), 329-343 (2002)
- [Kruggel 2004]** Kruggel F, Segmentation of Focal Brain Lesions. *Medical Imaging and Augmented Reality, Lecture Notes in Computer Science* 3150, 10-18 (2004)
- [Kruskal 1952]** Kruskal W H, Wallis W A, Use of ranks in one-criterion variance analysis. *Journal of the American Statistical Association* 47, 583-621 (1952)
- [Lahmiri 2011a]** Lahmiri S, Boukadoum M, Brain MRI classification using an ensemble system and LH and HL wavelet sub-bands features. *The IEEE Third International Workshop On Computational Intelligence In Medical Imaging* 1-7, Paris, April 11-15 (2011)

- [Lahmiri 2011b]** Lahmiri S, Boukadoum M, Classification of brain MRI using the LH and HL wavelet transform sub-bands. IEEE International Symposium on Circuits and Systems 1025-1028, Rio de Janeiro, May 15-18 (2011)
- [Lahmiri 2011c]** Lahmiri S, Boukadoum M, Comparison of ANFIS and SVM for the classification of brain MRI Pathologies. The IEEE 54th International Midwest Symposium on Circuits and Systems 1-4, Seoul, August 7-10 (2011)
- [Langdon 2008]** Langdon W B, Poli R, MacPhee N F, Koza J R, Genetic Programming: An Introduction and Tutorial, with a Survey of Techniques and Applications. Computational Intelligence: A Compendium, Studies in Computational Intelligence, 115, 927-1028 (2008)
- [Lauterbur 1973]** Lauterbur P C, Image formation by induced local interactions : examples employing nuclear magnetic resonance. Nature 242, 190-191 (1973)
- [Lecoeur 2008]** Lecoeur J, Morissey S P, Ferré J C, Arnold D L, Collins D L, Barillot C, Multiple Sclerosis Lesions Segmentation using Spectral Gradient and Graph Cuts. Medical Image Analysis on Multiple Sclerosis (validation and methodological issues), New York (2008)
- [Lecoeur 2010]** Lecoeur J, Segmentation d'IRM cérébrales multidimensionnelles par coupe de graphe. Thèse de Doctorat, Université de Rennes 1 (2010)
- [Levenberg 1944]** Levenberg K, A method for the solution of certain non-linear problems in least squares. Quarterly Journal of Applied Mathematics 2(2), 164-168 (1944)
- [Lew 2006]** Lew T L, Spencer A B, Scarpa F, Worden K, Rutherford A, Hemez F, Identification of response surface models using genetic programming. Mechanical Systems and Signal Processing 20(8), 1819-1831 (2006)
- [Li L 2006]** Li L, Wei X, Li X, Rizvi S, Liang Z, Mixture Segmentation of Multispectral MR Brain Images for Multiple Sclerosis. Journal of Systemics, Cybernetics and Informatics 3(2), 65-68 (2006)
- [Li X 2010]** Li X, Qiu T, Lebonvallet S, Ruan S, An automatic method of brain tumor segmentation from MRI volume based on the symmetry of brain and level set method. SPIE 7546, the Second International Conference on Digital Image Processing 7546, DOI:10.1117/12.853389, Singapore, February 26 (2010)



- [Lin 2005]** Lin Y, Bhanu B, Evolutionary feature synthesis for object recognition. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part C: Applications and Reviews* 35(2), 156-171 (2005)
- [Liu J 2009]** Liu J, Smith C D, Chebrolu H, Automatic Multiple Sclerosis Detection based on Integrated Square Estimation. *IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops* 31-38, Miami, FL, June 20-25 (2009)
- [Liu J X 2009]** Liu J X, Chen Y S, Chen L F, Accurate and robust extraction of brain regions using a deformable model based on radial basis functions. *Journal of Neuroscience Methods* 183(2), 255-266 (2009)
- [Louchet 2001]** Louchet J, Using an Individual Evolution Strategy for Stereovision. *Genetic Programming and Evolvable Machines* 2(2), 101-109 (2001)
- [Lu 2008]** Lu C F, Wang P S, Chou Y C, Li H C, Soong B W, Wu Y T, Segmentation of Diffusion-Weighted Brain Images Using Expectation Maximization Algorithm Initialized by Hierarchical Clustering. *The 30th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, 5502-5505, Vancouver, BC, August 20-25 (2008)
- [Luo 2011]** Luo Y, Chung A C S, An atlas-based deep brain structure segmentation method: from coarse positioning to fine shaping. *IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing* 1085-1088, Prague, May 22-27 (2011)
- [MacQueen 1967]** MacQueen J, Some methods for classification and analysis of multivariate observations. *Fifth Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability* 1, 281-297 (1967)
- [Maglogiannis 2004]** Maglogiannis I, Zafiroopoulos E, Automated Medical Image Registration Using the Simulated Annealing Algorithm. *Methods and Applications of Artificial Intelligence, Lecture Notes in Computer Science* 3025, 456-465 (2004)
- [Maitra 2006]** Maitra M, Chatterjee A, A Slantlet transform based intelligent system for magnetic resonance brain image classification. *Biomedical Signal Processing and Control* 1(4), 299-306 (2006)
- [Mallat 1989]** Mallat S G, A theory for multiresolution signal decomposition: the wavelet representation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 11(7), 674-693 (1989)



**[Mann 1947]** Mann H B, Witney D R, On a Test of Whether one of Two Random Variables is Stochastically Larger than the Other. *The Annals of Mathematical Statistics* 18(1), 50-60 (1947)

**[Mansfield 1973]** Mansfield P, Grannell P K, NMR diffraction in solids. *Journal of Physics C: Solid State Physics* 6(22), L422-L426 (1973)

**[Marquardt 1963]** Marquardt D, An Algorithm for Least-Squares Estimation of Nonlinear Parameters. *Journal of the Society for Industrial and Applied Mathematics* 11(2), 431-441 (1963)

**[Matesin 2001]** Matesin M, Loncaric S, Petravic D, A rule-based approach to stroke lesion analysis from CT brain images. *Proceedings of the 2nd International Symposium on Image and Signal Processing and Analysis*, 219-223, Pula, June 19-21 (2001)

**[Matheron 1975]** Matheron G, *Random Sets and Integral Geometry*. John Wiley & Sons Inc, New York (1975)

**[Mayer 2006]** Mayer A, Greenspan H, Segmentation of brain MRI by adaptive mean shift. *The 3rd IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: Nano to Macro* 319-322, Arlington, VA, April 6-9 (2006)

**[McDonald 2008]** McDonald J H, *Handbook of Biological Statistics*, 3rd edition. Sparky House Publishing, Baltimore, Maryland (2008)

**[Merouani 2011]** Merouani H F, *Traitement d'images*. Support de cour Master 2 informatique spécialité traitement d'image et vision artificielle, université Badji-Mokhtar Annaba (2011)

**[Metaxas 2006]** Metaxas D N, Qian Z, Huang X, Huang R, Chen T, Axel L, Hybrid Deformable Models for Medical Segmentation and Registration. *The 9th International Conference on Control, Automation, Robotics and Vision* 1-6, Singapore, December 5-8 (2006)

**[Metropolis 1953]** Metropolis N, Rosenbluth A W, Rosenbluth M N, Teller A H, Teller E, Equation of State Calculations by Fast Computing Machines. *The Journal of Chemical Physics* 21(6), 1087-1092 (1953)

**[Miller 2006]** Miller J F, Smith S L, Redundancy and computational efficiency in Cartesian genetic programming. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation* 10(2), 167-174 (2006)

- [Mirajkar 2010]** Mirajkar G, Barbadekar B, Automatic segmentation of brain tumors from MR images using undecimated wavelet transform and gabor wavelets. The 17th IEEE International Conference on Electronics, Circuits, and Systems 702-705, Athens, December 12-15 (2010)
- [Mirjalili 2010]** Mirjalili S, Hashim S Z M, A new hybrid PSO-GSA algorithm for function optimization. International Conference on Computer and Information Application 374-377, Tianjin, December 3-5 (2010)
- [Mitra 2000]** Mitra S, Castellanos R, Joshi S, An adaptive deterministic annealing approach for medical image segmentation. The 19th International Conference of the North American Fuzzy Information Processing Society 82-84, Atlanta, GA, July 13-15 (2000)
- [Moftah 2010]** Moftah H M, Hassanien E, Shoman M, 3D Brain Tumor Segmentation Scheme using K-mean Clustering and Connected Component Labeling Algorithms. The 10th International Conference on Intelligent Systems Design and Applications 320-324, Cairo, November 29 – December 1 (2010)
- [Moon 2002]** Moon N, Bullitt E, Van Leemput K, Gerig G, Model-Based Brain and Tumor Segmentation. The 16th International Conference on Pattern Recognition 1, 528-531 (2002)
- [Moore 2002]** Moore J H, Parker J S, Olsen N J, Aune T M, Symbolic discriminant analysis of microarray data in autoimmune disease. Genetic Epidemiology 23(1), 57-69 (2002)
- [Nason 1995]** Nason G P, Silverman B W, The stationary wavelet transform and some statistical applications. Wavelets and Statistics, Lecture Notes in Statistics 103, 281-299 (1995)
- [Noblet 2006]** Noblet V, Recalage non rigide d'images cérébrales 3D avec contrainte de conservation de la topologie. Thèse de Doctorat, Université Louis Pasteur (2006)
- [Ong 2012]** Ong K H, Ramachandram D, Mandava R, Shuaib I L, Automatic white matter lesion segmentation using an adaptive outlier detection method. Magnetic Resonance Imaging 30(6), 807-823 (2012)
- [Ortiz 2011]** Ortiz A, Gorriz J M, Ramirez J, Salas-Gonzalez D, MR brain image segmentation by growing hierarchical SOM and probability clustering. Electronics Letters 47(10), 585-586 (2011)
- [Osher 1988]** Osher S, Sethian J A, Fronts propagating with curvature-dependent speed : Algorithms based on Hamilton-Jacobi formulations. Journal of Computational Physics 79(1), 12-49 (1988)

- [Osher 2003]** Osher S, Fedkiw R, Motion in the Normal Direction. Level Set Methods and Dynamic Implicit Surfaces, Applied Mathematical Sciences Volume 153, 55-61 (2003)
- [Ozyavru 2011]** Ozyavru H, Ozkurt N, Men S, Segmentation of Multiple Sclerosis Plaques by Robust Fuzzy Clustering with Spatial Information. International Symposium on Innovations in Intelligent Systems and Applications 420-423, Istanbul, June 15-18 (2011)
- [Pal 2004]** Pal N R, Pal K, Keller J M, Bezdek J C, A new hybrid c-means clustering model. IEEE International Conference on Fuzzy Systems 1, 179-184, July 25-29 (2004)
- [Parisot 2012]** Parisot S, Duffau H, Chemouny S, Paragios N, Graph-based Detection, Segmentation & Characterization of Brain Tumors. IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 988-995, Providence, RI, June 16-21 (2012)
- [Pedoia 2012]** Pedoia V, Binaghi E, Balbi S, De Benedictis A, Monti E, Minitto R, Glial brain tumor detection by using symmetry analysis. SPIE 8314, Medical Imaging 2012: Image Processing, 831445, DOI:10.1117/12.910172, San Diego, California, February 23 (2012)
- [Peng 2006]** Peng S, Gu L, A Novel Implementation of Watershed Transform Using Multi-Degree Immersion Simulation. The 27th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society 1754-1757, Shanghai, January 17-18 (2006)
- [Perona 1990]** Perona P, Malik J, Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence 12(7), 629-639 (1990)
- [Poli 1996]** Poli R, Genetic programming for image analysis. Proceedings of the 1st annual conference on genetic programming 363-368, MIT Press, Cambridge, MA (1996)
- [Poli 2007]** Poli R, Woodward J, Burke E K, A histogram-matching approach to the evolution of bin-packing strategies. IEEE Congress on Evolutionary Computation 3500-3507, Singapore, September 25-28 (2007)
- [Pradhan 2009]** Pradhan S, Patra D, Unsupervised Brain Magnetic Resonance Image Segmentation using HMRF-FCM framework. Annual IEEE India Conference 1-4, Gujarat, December 18-20 (2009)
- [Prasad 2011]** Prasad G, Joshi A A, Thompson P M, Toga A W, Shattuck D W, Terzopoulos D, Skull-stripping with deformable organisms. IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro 1662-1665, Chicago, IL, March 30 -April 2 (2011)

- [Prastawa 2003a]** Prastawa M, Bullitt E, Ho S, Gerig G, Robust Estimation for Brain Tumor Segmentation. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Lecture Notes in Computer Science* 2879, 530-537 (2003)
- [Prastawa 2003b]** Prastawa M, Bullitt E, Moon N, Van Leemput K, Gerig G, Automatic Brain Tumor Segmentation by Subject Specific Modification of Atlas Priors. *Academic Radiology* 10(12), 1341-1348 (2003)
- [Puig 2010]** Puig D, Garcia M A, Melendez J, Application-independent feature selection for texture classification. *Pattern Recognition* 43(10), 3282-3297 (2010)
- [Purcell 1946]** Purcell E M, Torrey H C, Pound R V, Resonance absorption by nuclear magnetic moments in solids. *Physical Review* 69, 37-38 (1946)
- [Quddus 2005]** Quddus A, Fieguth P, Basir O, Adaboost and Support Vector Machines for White Matter Lesion Segmentation in MR Images. *The 27th Annual International Conference of the Engineering in Medicine and Biology Society* 463-466, Shanghai (2005)
- [Rajini 2013]** Rajini N H, Bhavani R, Computer aided detection of ischemic stroke using segmentation and texture features. *Measurement* 46(6), 1865-1874 (2013)
- [Rakhmadi 2010]** Rakhmadi A, Othman N Z S, Bade A, Rahim M S M, Amin I M, Connected Component Labeling Using Components Neighbors-Scan Labeling Approach. *Journal of Computer Science* 6(10), 1099-1107 (2010)
- [Ramasamy 2011]** Ramasamy R, Anandhakumar P, Brain Tissue Classification of MR Images Using Fast Fourier Transform Based Expectation- Maximization Gaussian Mixture Model. *Advances in Computing and Information Technology, Communications in Computer and Information Science* 198, 387-398 (2011)
- [Ramirez 2007]** Ramirez R, Puiggros M, An evolutionary computation approach to cognitive states classification. *IEEE Congress on Evolutionary Computation* 1793-1799, Singapore, September 25-28 (2007)
- [Raniga 2011]** Raniga P, Schmitt P, Bourgeat P, Fripp J, Villemagne V L, Rowe C C, Salvado O, Local intensity model: an outlier detection framework with applications to white matter hyperintensity segmentation. *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro* 2057-2060, Chicago, IL, March 30 – April 2 (2011)

**[Rashedi 2009]** Rashedi E, Nezamabadi-pour H, Saryazdi S, GSA: A Gravitational Search Algorithm. *Information Sciences* 179(13), 2232-2248 (2009)

**[Rathi 2011]** Rathi V P G P, Palani S, Detection and Characterization of Brain Tumor Using Segmentation based on HSOM, Wavelet packet feature spaces and ANN. *International Conference on Electronics Computer Technology* 6, 274-277, Kanyakumari, April 8-10 (2011)

**[Rauber 2002]** Rauber A, Merkl D, Dittenbach M, The growing hierarchical self-organizing map: exploratory analysis of high-dimensional data. *IEEE Transactions on Neural Networks* 13(6), 1331-1341 (2002)

**[Rayleigh 1919]** Rayleigh L, On the problem of random vibrations, and of random flights in one, two, or three dimensions. *Philosophical Magazine Series* 6 37(220), 321-347 (1919)

**[Raymer 1996]** Raymer M L, Punch W F, Goodman E D, Kuhn L A, Genetic programming for improved data mining: application to the biochemistry of protein interactions. *The first Annual Conference on Genetic Programming* 375-380, MIT Press, Cambridge, MA (1996)

**[Rehman 2013]** Rehman A U, Khanum A, Shaukat A, Hybrid Feature Selection and Tumor Identification in Brain MRI Using Swarm Intelligence. *The 11th International Conference on Frontiers of Information Technology* 49-54, Islamabad, December 16-18 (2013)

**[Reyes-Aldasoro 2006]** Reyes-Aldasoro C C, Bhalerao A, The Bhattacharyya space for feature selection and its application to texture segmentation. *Pattern Recognition* 39(5), 812-826 (2006)

**[Rice 1944]** Rice S O, Mathematical Analysis of Random Noise. *Bell System Technical Journal* 23(3), 282-332 (1944)

**[Ritter 1990]** Ritter H, A Spatial Approach to Feature Linking. *International Neural Network Conference* 898-901 (1990)

**[Rodriguez-Vazquez 2004]** Rodriguez-Vazquez K, Fonseca C M, Fleming F J, Identifying the structure of nonlinear dynamic systems using multiobjective genetic programming. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, Part A: Systems and Humans* 34(4), 531-545 (2004)

**[Rosenblatt 1957]** Rosenblatt F, The perceptron, a perceiving and recognizing automaton. *Cornell Aeronautical Laboratory* (1957)

- [Rousseau 2008]** Rousseau F, Blanc F, De Seze J, Rumbach L, Armspach J P, An a contrario approach for outliers segmentation: Application to Multiple Sclerosis in MRI. The 5th IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro 9-12, Paris May 14-17 (2008)
- [Rousson 2002]** Rousson M, Deriche R, A variational framework for active and adaptative segmentation of vector valued images. Workshop on Motion and Video Computing 56-61 December 5-6 (2002)
- [Ruan 2007]** Ruan S, Lebonvallet S, Merabet A, Constans J, Tumor segmentation from a multispectral MRI images by using support vector machine classification. The 4th IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro 1236-1239, Arlington, VA, April 12-15 (2007)
- [Rumelhart 1986]** Rumelhart D E, Hinton G E, Williams R J, Learning representations by back-propagating errors. Nature 323, 533–536 (1986)
- [Sadanathan 2010]** Sadanathan S A, Zheng W, Chee M W L, Zagorodnov V, Skull stripping using graph cuts. NeuroImage 49(1), 225-239 (2010)
- [Saha 2012]** Saha B N, Ray N, Greiner R, Murtha A, Zhang H, Quick detection of brain tumors and edemas: A bounding box method using symmetry. Computerized Medical Imaging and Graphics 36(2), 95-107 (2012)
- [Sajja 2006]** Sajja B R, Datta S, He R, Mehta M, Gupta R K, Wolinsky J S, Narayana P A, Unified Approach for Multiple Sclerosis Lesion Segmentation on Brain MRI. Annals of Biomedical Engineering 34(1), 142-151 (2006)
- [Saritha 2013]** Saritha M, Joseph K P, Mathew A T, Classification of MRI brain images using combined wavelet entropy based spider web plots and probabilistic neural network. Pattern Recognition Letters 34(16), 2151-2156 (2013)
- [Schempp 1997]** Schempp W, Geometric Analysis and Symbol Calculus: Fourier Transform Magnetic Resonance Imaging and Wavelets. Acta Applicandae Mathematica 48(2), 185-234 (1997)
- [Scherrer 2008]** Scherrer B, Segmentation des tissus et structures sur les IRM cérébrales : agents markoviens locaux coopératifs et formulation bayésienne. Thèse de Doctorat, Institut National Polytechnique de Grenoble (2008)

**[Scherrer 2013]** Scherrer B, Suarez R O, Warfield S K, Automatic delineation of white matter fascicles by localization based upon anatomical spatial relationships. The IEEE 10th International Symposium on Biomedical Imaging 1146-1149, San Francisco, CA, April 7-11 (2013)

**[Schutz 2003]** Schutz B, Gravity from the Ground Up. Cambridge University Press (2003).

**[Schwarz 2011]** Schwarz C G, Tsui A, Fletcher E, Singh B, DeCarli C, Carmichael O, Impact of Markov Random Field Optimizer on MRI-based Tissue Segmentation in the Aging Brain. International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society 7812-7815, Boston, MA, August 30 – September 3 (2011)

**[Scott 2001]** Scott D W, Parametric Statistical Modeling by Minimum Integrated Square Error. Technometrics 43(3) (2001)

**[Seghier 2008]** Seghier M L, Ramalackhansingh A, Crinion J, Leff A P, Price C J, Lesion identification using unified segmentation-normalisation models and fuzzy clustering. NeuroImage 41(4), 1253-1266 (2008)

**[Segonne 2004]** Segonne E, Dale A M, Busa E, Glessner M, Salat D, Hahn H K, Fischl B, A hybrid approach to the skull stripping problem in MRI. NeuroImage 22(3), 1060-1075 (2004)

**[Selesnick 1999]** Selesnick I W, The Slantlet transform. IEEE Transactions on Signal Processing 47(5), 1304-1313 (1999)

**[Serra 1983]** Serra J, Image Analysis and Mathematical Morphology. Academic Press, Orlando, FL (1983)

**[Sharif 2014]** Sharif M, Jaffar M A, Mahmood M T, Optimal composite morphological supervised filter for image denoising using genetic programming: Application to magnetic resonance images. Engineering Applications of Artificial Intelligence 31, 78-89 (2014)

**[Sharma 2013]** Sharma M, Mukharjee S, Brain Tumor Segmentation Using Genetic Algorithm and Artificial Neural Network Fuzzy Inference System (ANFIS). Advances in Computing and Information Technology, Advances in Intelligent Systems and Computing 177, 329-339 (2013)

**[Sharon 2001]** Sharon E, Brandt A, Basri R, Segmentation and boundary detection using multiscale intensity measurements. Proceedings of the IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition 1, 469-476 (2001)



- [Shasidhar 2011]** Shasidhar M, Raja V S, Kumar B V, MRI brain image segmentation using modified fuzzy c-means clustering algorithm. International Conference on Communication Systems and Network Technologies 473-478, Katra, Jammu June 3-5 (2011)
- [Shen S 2003]** Shen S, Sandham W A, Granat M H, Dempsey M F, Patterson J, A new approach to brain tumour diagnosis using fuzzy logic based genetic programming. Proceedings of the 25th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society 1, 870-873, September 17-21 (2003)
- [Shen S 2005]** Shen S, Sandham W, Granat M, Sterr A, MRI Fuzzy Segmentation of Brain Tissue Using Neighborhood Attraction With Neural-Network Optimization. IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine 9(3), 459-467 (2005)
- [Shen S 2008]** Shen S, Szameitat A J, Sterr A, Detection of Infarct Lesions From Single MRI Modality Using Inconsistency Between Voxel Intensity and Spatial Location—A 3-D Automatic Approach. IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine 12(4), 532-540 (2008)
- [Shen T W 2011]** Shen T W, Hsin Y L, Harnod T, Using Fuzzy C-means Index Matrix to Depict for the Focal Cortical Dysplasia Region on T1 Brain MRI Images. The 5th International Symposium on Medical Information & Communication Technology 117-121, Montreux, March 27-30 (2011)
- [Sherrah 1996]** Sherrah J, Bogner R E, Bouzerdoum A, Automatic selection of features for classification using genetic programming, Australian and New Zealand Conference on Intelligent Information Systems, 284-287, Adelaide, SA, November 18-20 (1996)
- [Shi 2000]** Shi J, Malik J, Normalized cuts and image segmentation. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence 22(8), 888-905 (2000)
- [Shiee 2008]** Shiee N, Bazin P L, Pham D L, Multiple Sclerosis Lesion Segmentation Using Statistical and Topological Atlases. The MIDAS Journal, <http://hdl.handle.net/10380/1442> (2008)
- [Shiee 2010]** Shiee N, Bazin P L, Ozturk A, Reich D S, Calabresi P A, Pham D L, A topology-preserving approach to the segmentation of brain images with multiple sclerosis lesions. NeuroImage 49(2), 1524-1535 (2010)



**[Simpson 1990]** Simpson P K, Artificial neural systems: foundations, paradigms, applications, and implementations. Pergamon Press, New York (1990)

**[Singh 2009]** Singh L, Dubey R B, Jaffery Z A, Zaheeruddin Z, Segmentation and Characterization of Brain Tumor from MR Images. International Conference on Advances in Recent Technologies in Communication and Computing 815-819, Kottayam, Kerala, October 27-28 (2009)

**[Smith M G 2005]** Smith M G, Bull L, Genetic Programming with a Genetic Algorithm for Feature Construction and Selection. Genetic Programming and Evolvable Machines 6(3), 265-281 (2005)

**[Smith S M 2002]** Smith S M, Fast Robust Automated Brain Extraction. Human Brain Mapping 17(3), 143-155 (2002)

**[Smitha 2006]** Smitha S S K, Revathy K, Kesavadas C, Volumetric analysis of Brain tissues from MR Images for Brain atrophy quantification. The 8th International Conference on e-Health Networking, Applications and Services 184-187, August 17-19 (2006)

**[Snyder 1991]** Snyder W, Logenthiran A, Santago P, Link K, Bilbro G, Rajala S, Segmentation of Magnetic Resonance images using mean field annealing. Information Processing in Medical Imaging, Lecture Notes in Computer Science 511, 218-226 (1991)

**[Soleimani 2013]** Soleimani V, Vincheh F H, Improving ant colony optimization for brain MRI image segmentation and brain tumor diagnosis. The First Iranian Conference on Pattern Recognition and Image Analysis 1-6, Birjand, March 6-8 (2013)

**[Somasundaram 2010]** Somasundaram K, Kalaiselvi T, Brain Extraction Method for T1-weighted Magnetic Resonance Scans. The International Conference on Signal Processing and Communications 1-5, Bangalore, July 18-21 (2010)

**[Somasundaram 2012]** Somasundaram K, Gayathri S P, Brain segmentation in magnetic resonance images using fast fourier transform. International Conference on Emerging Trends in Science, Engineering and Technology 164-168, Tiruchirappalli, Tamilnadu, December 13-14 (2012)

**[Song 2006]** Song Z, Tustison N, Avants B, Gee J, Adaptive graph cuts with tissue priors for brain MRI segmentation. The 3rd IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: Nano to Macro 762-765, Arlington, VA, April 6-9 (2006)

- [Soulpet 2008]** Soulpet J C, Lebrun C, Ayache N, Malandain G, An Automatic Segmentation of T2-FLAIR Multiple Sclerosis Lesions. The MIDAS Journal, <http://hdl.handle.net/10380/1451> (2008)
- [Specht 1990]** Specht D F, Probabilistic neural networks. Neural Networks 3(1), 109-118 (1990)
- [Stokking 2000]** Stokking R, Vincken K L, Viergever M A, Automatic Morphology-Based Brain Segmentation (MBRASE) from MRI-T1 Data. NeuroImage 12(6), 726-738 (2000)
- [Suresh 2009]** Suresh G R, Sudha S, Sukanesh R, Performance Evaluation of Shape Adaptive Discrete Wavelet Transform Based Magnetic Resonance Images Coding. International Conference on Future Computer and Communication 182-186, Kuala Lumpur, April 3-5 (2009)
- [Suykens 1999]** Suykens J A K, Vandewalle J, Least Squares Support Vector Machine Classifiers. Neural Processing Letters 9(3), 393-300 (1999)
- [Talairach 1967]** Talairach J, Szikla G, Tournoux P, Prossalensis A, Bordas-Ferrer M, Covello L, Jacob M, Mempel E, Atlas d'anatomie stéréotaxique de télencéphale. Masson & Cie, Paris (1967)
- [Talairach 1988]** Talairach J, Tournoux P, Co-planar Stereotaxic Atlas of the Human Brain. Georg Thieme Verlag, Stuttgart (1988)
- [Tan 2005]** Tan X, Bhanu B, Lin Y, Fingerprint classification based on learned features. IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part C: Applications and Reviews 35(3), 287-300 (2005)
- [Tomas-Fernandez 2012]** Tomas-Fernandez X, Warfield S K, Population intensity outliers or a new model for brain WM abnormalities. The 9th IEEE International Symposium on Biomedical Imaging 1543-1546, Barcelona, May 2-5 (2012)
- [Toumi 2007]** Toumi L, Sechedine M, Moussaoui A, Une Approche Robuste Semi-Supervisée Pour la Détection des Tumeurs Cérébrales. 3èmes Journées Internationales sur l'Informatique Graphique, Constantine, October 12-30 (2007)
- [Toure 2010]** Toure M L, Beiji Z, Musau F, Camara A D, Advanced Algorithm for Brain Segmentation using Fuzzy to Localize Cancer and Epilepsy Region. International Conference on Electronics and Information Engineering 2, 488-492, Kyoto, August 1-3 (2010)

- [Uchiyama 2008]** Uchiyama Y, Kunieda T, Asano T, Kato H, Hara T, Kanematsu M, Iwama T, Hoshi H, Kinoshita Y, Fujita H, Computer-Aided Diagnosis Scheme for Classification of Lacunar Infarcts and Enlarged Virchow-Robin Spaces in Brain MR Images. The 30th International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society 3908-3911, Vancouver, BC, August 20-25 (2008)
- [Udupa 1996]** Udupa J K, Samarasekera S, Fuzzy Connectedness and Object Definition: Theory, Algorithms, and Applications in Image Segmentation. *Graphical Models and Image Processing* 58(3), 246-261 (1996)
- [Van Leemput 2001]** Van Leemput K, Maes F, Vandermeulen D, Colchester A, Suenens P, Automated Segmentation of Multiple Sclerosis Lesions by Model Outlier Detection. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 20(8), 677-688 (2001)
- [Vapnik 1995]** Vapnik V, The nature of statistical learning theory. Springer-Verlag, New York (1995)
- [Wang 2008]** Wang J, Liu D, Dou L, Zhang B, Kong J, Lu Y, Graph Theory Based Algorithm for Magnetic Resonance Brain Images Segmentation. The 8th IEEE International Conference on Bioinformatics and BioEngineering 1-5, Athens, October 8-10 (2008)
- [Wu J 2009]** Wu J, Chung A C S, A novel framework for segmentation of deep brain structures based on Markov dependence tree. *NeuroImage* 46(4), 1027-1036 (2009)
- [Wu X 2011]** Wu X, Bricq S, Collet C, Brain MRI segmentation and lesion detection using generalized Gaussian and Rician modeling. *SPIE Medical Imaging* 7962, DOI: 10.1117/12.871384, Lake Buena Vista, Orlando, Florida, February 2-17 (2011)
- [Xu 1998]** Xu C, Prince J L, Snakes, shapes, and gradient vector flow. *IEEE Transactions on Image Processing* 7(3), 359-369 (1998)
- [Xue 2010]** Xue X, Xue Z, Cao F, Zhu Y, Young G S, Li Y, Yang J, Wong S T C, Pice: prior information constrained evolution for 3-d and 4-d brain tumor segmentation. *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro* 840-843, Rotterdam, April 14-17 (2010)
- [Yan 1994]** Yan M X H, Karp J S, Segmentation of 3D Brain MR Using An Adaptive K-means Clustering Algorithm. *IEEE Conference Record Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference* 4, 1529-1533, Norfolk, VA, October 30 – November 5 (1994)

- [Yang 2011]** Yang C A, Kaveh M, Erickson B J, Automated detection of Focal Cortical Dysplasia lesions on T1-weighted MRI using volume-based distributional features. IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro 865-670, Chicago, IL, March 30 - April 2 (2011)
- [Yaqub 2011]** Yaqub M, Javaid M K, Cooper C, Noble J A, Improving the Classification Accuracy of the Classic RF Method by Intelligent Feature Selection and Weighted Voting of Trees with Application to Medical Image Segmentation. Machine Learning in Medical Imaging, Lecture Notes in Computer Science 7009, 184-192 (2011)
- [Yeh 2008]** Yeh J Y, Fu J C, A hierarchical genetic algorithm for segmentation of multi-spectral human-brain MRI. Expert Systems with Applications 34(2), 1285-1295 (2008)
- [Yong 2013]** Yong L, Liang M, Improved gravitational search algorithm based on free search differential evolution. Journal of Systems Engineering and Electronics 24(4), 690-698 (2013)
- [Yousefi 2010]** Yousefi S, Zahedi M, Azmi R, 3D MRI brain segmentation based on MRF and hybrid of SA and IGA. The 17th Iranian Conference of Biomedical Engineering 1-4, Isfahan, November 3-4 (2010)
- [Yunjie 2009]** Yunjie C, Jianwei Z, Shunfeng W, A New Fast Brain Skull Stripping method. The 2nd International Conference on Biomedical Engineering and Informatics 1-5, Tianjin, October 17-19 (2009)
- [Zacharaki 2012]** Zacharaki E I, Erus G, Bezerianos A, Davatzikos C, Fuzzy Multi-channel Clustering with Individualized Spatial Priors for Segmenting Brain Lesions and Infarcts. Artificial Intelligence Applications and Innovations, IFIP Advances in Information and Communication Technology 382, 76-85 (2012)
- [Zhang M 2006]** Zhang M, Smart W, Using Gaussian distribution to construct fitness functions in genetic programming for multiclass object classification. Pattern Recognition Letters 27(11), 1266-1274 (2006)
- [Zhang Yongyue 2001]** Zhang Yongyue, Brady M, Smith S, Segmentation of Brain MR Images Through a Hidden Markov Random Field Model and the Expectation-Maximization Algorithm. IEEE Transactions on Medical Imaging 20(1), 45-57 (2001)

- [Zhang Yudong 2010]** Zhang Yudong, Dong Z, Wu L, Wang S, Zhou Z, Feature Extraction of Brain MRI by Stationary Wavelet Transform. International Conference on Biomedical Engineering and Computer Science 1-4, Wuhan, April 23-25 (2010)
- [Zhang Yudong 2011]** Zhang Yudong, Dong Z, Wu L, Wang S, A hybrid method for MRI brain image classification. Expert Systems with Applications 38(8), 10049-10053 (2011)
- [Zheng 2012]** Zheng B, Yi Z, A new method based on the CLM of the LV RNN for brain MR image segmentation. Digital Signal Processing 22(3), 497-505 (2012)
- [Zhenyu 2006]** Zhenyu Z, Zongcai R, Brain Magnetic Resonance Images Segmentation Based on Wavelet Method. The 27th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society 3078-3081, Shanghai, January 17-18 (2006)
- [Zhou 2007]** Zhou Y, Bai J, Atlas-Based Fuzzy Connectedness Segmentation and Intensity Nonuniformity Correction Applied to Brain MRI. IEEE Transactions on Biomedical Engineering, 54(1), 122-129 (2007)
- [Zhu F 2010]** Zhu F, Song Y, Chen J, Brain MR Image Segmentation based on Gaussian Mixture Model with Spatial Information. The 3rd International Congress on Image and Signal Processing 3, 1346-1350, Yantai, October 16-18 (2010)
- [Zhu H 2009]** Zhu H, Zhang B, Song A, Zhang W, An Improved Method to Reduce Over-segmentation of Watershed Transformation and its Application in the Contour Extraction of Brain Image. The Eighth IEEE International Conference on Dependable, Autonomic and Secure Computing 407-412, Chengdu, December 12-14 (2009)
- [Zhuang 2004]** Zhuang H, Valentino D J, A Level Set Method for Skull-Stripping MR Brain Images. IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: Nano to Macro 1, 97-100, April 15-18 (2004)
- [Zikic 2012]** Zikic D, Glocker B, Konukoglu E, Criminisi A, Demiralp C, and Shotton J, Thomas O M, Das T, Jena R, Price S J, Decision Forests for Tissue-Specific Segmentation of High-Grade Gliomas in Multi-channel MR. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Lecture Notes in Computer Science 7512, 369-376 (2012)

## Contributions

### **Publication :**

Mohamed Mokhtar Bendib, Hayet Farida Merouani, Fatma Diaba, Automatic segmentation of brain MRI through stationary wavelet transform and random forests. Pattern Analysis and Applications, DOI: 10.1007/s10044-014-0373-y (2014)

### **Conférences :**

Mohamed Mokhtar Bendib, Hayet Farida Merouani, Fatma Diaba, The Brain MRI Classification Problem From Wavelets Perspective. SPIE 9445, The Seventh International Conference on Machine Vision, 94451I, DOI: 10.1117/12.2180561, Milan, Italy, November 19-21 (2010)

Mohamed Mokhtar Bendib, Hayet Farida Merouani, Fatma Diaba, Automatic Generation of Suitable DWT Sub-Band: An Application to Brain MRI Classification. Proceedings of The 10th International Conference on Computer Vision Theory and Applications, 166-170, DOI: 10.5220/0005333001660170, Berlin, Germany, March 11-14 (2015)