



N° d'ordre : .....

**UNIVERSITE MOHAMED KHIDER - BISKRA**  
**FACULTE DES SCIENCES EXACTES ET DES SCIENCES**  
**DE LA NATURE ET DE LA VIE**

**Département d'Informatique**

**THESE**

Présentée pour l'obtention du diplôme de

**DOCTORAT EN SCIENCES**

**Spécialité : Informatique**

**Par**

LAMICHE Chaabane

**Thème**

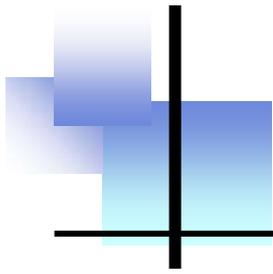
---

**FUSION ET FOUILLE DE DONNEES GUIDEES PAR LES  
CONNAISSANCES : APPLICATION A L'ANALYSE D'IMAGE**

---

**Soutenu publiquement le : 18/06/2013 devant le jury composé de :**

<b>DJEDI Nouredine</b>	<b>Université de Biskra</b>	<b>Prof.</b>	<b>Président</b>
<b>MOUSSAOUI Abdelouahab</b>	<b>Université de Sétif1</b>	<b>Prof.</b>	<b>Rapporteur</b>
<b>HACHOUF Fella</b>	<b>Université de Constantine1</b>	<b>Prof.</b>	<b>Examinatrice</b>
<b>ATHMANI Baghdad</b>	<b>Université d'Oran</b>	<b>M.C.A</b>	<b>Examineur</b>
<b>BABAHENINI Mohamed Chaouki</b>	<b>Université de Biskra</b>	<b>M.C.A</b>	<b>Examineur</b>
<b>CHERIF Foudil</b>	<b>Université de Biskra</b>	<b>M.C.A</b>	<b>Examineur</b>



# Remerciements

---

Je remercie tout d'abord le bon dieu pour m'avoir donnée le courage et la santé pour accomplir ce travail.

Ce travail n'aurait pas pu aboutir à des résultats sans l'aide et les encouragements de plusieurs personnes que je remercie.

Mes vifs remerciements accompagnés de toute ma gratitude vont ensuite à mon promoteur Dr. MOUSSAOUI Abdelouahab, professeur à l'université de Sétif, pour ses conseils judicieux, sa grande disponibilité et pour m'avoir suivie et orientée, « *Merci pour la qualité de l'encadrement et votre disponibilité* »

Je remercie le président de jury Dr. DJEDI Nouredine, professeur à l'université de Biskra qui nous a fait l'honneur de présider le jury.

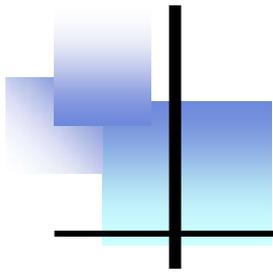
Un grand merci à Dr. HACHOUF Fella, professeur à l'université de Constantine pour l'intérêt qu'il a porté à mon travail et pour le temps qu'il a consacré en acceptant d'être examinatrice.

Tous mes remerciements vont aussi à Dr. ATHMANI Baghdad, maître de conférence à l'université d'Oran d'avoir bien voulu examiner ce travail et pour ses précieuses remarques.

Je remercie également Dr. BABAHENINI Mohamed Chaouki, maître de conférence à l'université de Biskra pour m'avoir fait l'honneur d'évaluer mon travail.

Je remercie aussi Dr. CHERIF Foudil, maître de conférence à l'université de Biskra pour l'intérêt qu'il a bien voulu porter à ce travail en acceptant d'être examinateur.

Enfin, que tous ceux qui nous ont aidés et encouragés de près ou de loin dans la concrétisation de ce travail, trouvent ici ma gratitude et mes sincères remerciements.



# Dédicaces

---

*Je dédie ce travail à :*

*Mes chers parents...*

*Ma chère épouse...*

*Ma petite fille Rïtedj...*

*Toute la famille...*

*Et tous mes amis...*

---

*C. Lamiche.....✍*

# Table des Matières

---

<b>Introduction Générale</b>	<b>1</b>
<b>1. Fouille de Données</b>	<b>4</b>
1.1 Introduction	4
1.2 Etapes d'un processus d'extraction de connaissances à partir des données	4
1.2.1 Nettoyage et intégration des données	5
1.2.2 Pré-traitement des données	5
1.2.3 Fouille de données	6
1.2.4 Evaluation et présentation	6
1.3 Eléments de fouille de données	8
1.3.1 Historique	8
1.3.2 Définition	9
1.3.3 Principales tâches de fouille de données	9
1.3.3.1 La classification	9
1.3.3.2 L'estimation	10
1.3.3.3 La prédiction	10
1.3.3.4 Les règles d'association	10
1.3.3.5 La segmentation	10
1.3.4 Les méthodes de data mining	10
1.3.4.1 Segmentation (Clustering)	12
1.3.4.2 Règles d'association	14
1.3.4.3 Les plus proches voisins	15
1.3.4.4 Les arbres de décision	17
1.3.4.5 Les réseaux de neurones	19
1.4 Métaheuristiques pour l'extraction des connaissances	22
1.5 Fouille de données biomédicales	23
1.5.1 Diversité des données biomédicales	23
1.5.2 Caractéristiques et spécificités des données biomédicales	24
1.5.3 Définition de la fouille de données biomédicales	25
1.5.4 Les travaux réalisés	26
1.6 Conclusion	27

<b>2. Méthodes de Segmentation des Images Médicales IRM : Etat de l'Art</b>	<b>28</b>
2.1 Introduction	28
2.2 Méthodes de segmentation	29
2.2.1 Quelques précisions de vocabulaire	29
2.2.2 Segmentation d'images	29
2.2.3 La segmentation de l'IRM cérébrale	29
2.2.4 Spécificités de la segmentation de l'IRM cérébrale	31
2.2.5 Les différentes approches de segmentation	32
2.2.5.1 Etat de l'art du point de vue « Traitement d'images »	32
2.2.5.1.1 Approches régions	32
2.2.5.1.2 Approches contours	37
2.2.5.2 Etat de l'art du point de vue « Reconnaissance des formes »	39
2.2.5.2.1 Approches probabilistes	40
2.2.5.2.2 Approches floues	44
2.2.5.2.3 Approches évidentielles	50
2.3 Conclusion	52
<b>3. Fusion de Données : Eléments Fondamentaux</b>	<b>54</b>
3.1 Introduction	54
3.2 Représentation des connaissances ambiguës	55
3.2.1 Théorie des probabilités	55
3.2.1.1 Cadre bayésien	55
3.2.1.2 Estimation des lois du modèle bayésien	55
3.2.2 Théorie des possibilités	56
3.2.2.1 Mesure et distribution de possibilité	56
3.2.2.2 Mesure de nécessité	57
3.2.3 Théorie des fonctions de croyance	58
3.2.3.1 Fonction de masse	58
3.2.3.2 Fonctions de crédibilité et de plausibilité	58
3.2.3.3 Où l'on retrouve les probabilités et les possibilités	59
3.3 La fusion de données	59

3.3.1	Caractéristiques générales des données	60
3.3.2	Systèmes de fusion et types d'architecture	62
3.3.3	Classification des opérateurs de fusion	63
3.3.3.1	Opérateurs à comportement constant et indépendant du contexte	64
3.3.3.2	Opérateurs à comportement variable et indépendant du contexte	64
3.3.3.3	Opérateurs dépendant du contexte	64
3.3.3.4	Quelques propriétés	64
3.3.4	Fusion en théorie des probabilités	64
3.3.4.1	Etape de fusion	65
3.3.4.2	Décision bayésienne	65
3.3.5	Fusion en théorie des possibilités	66
3.3.5.1	Etape de fusion	66
3.3.5.2	Etape de décision	67
3.3.6	Fusion en théorie des croyances	68
3.3.6.1	Etape de fusion	68
3.3.6.2	Etape de décision	69
3.4	Conclusion	69
<b>4.</b>	<b>Système de Fusion Floue de Données Pour la Segmentation des Images IRM</b>	<b>70</b>
4.1	Introduction	70
4.2	Travaux antérieurs	71
4.3	Spécificités de la fusion d'images médicales	73
4.3.1	L'image : une information particulière	73
4.3.2	Spécificités du contexte médical	73
4.4	Imprécision et incertitude dans les images médicales	74
4.4.1	Sources d'imprécision	74
4.4.2	Facteurs d'incertitude	74
4.5	Intérêt de la fusion d'images IRM	75
4.6	Approche proposée	76
4.6.1	Etape de modélisation des données	76
4.6.1.1	Méthode supervisé ou non supervisé	77
4.6.1.2	Choix de l'algorithme de classification	77

4.6.1.3	Choix des paramètres de l'algorithme	77
4.6.1.4	Etapes de l'algorithme utilisé dans phase de modélisation	79
4.6.2	Etape de fusion de données	81
4.6.2.1	Choix du cadre théorique de fusion	81
4.6.2.2	Choix de l'opérateur de fusion	83
4.6.3	Etape de décision	83
4.7	Conclusion	86
<b>5.</b>	<b>Résultats et Evaluation</b>	<b>87</b>
5.1	Introduction	87
5.2	Description des volumes traités	87
5.2.1	Données de synthèse	87
5.2.2	Constructions des images simulées	88
5.3	Critères d'évaluation	90
5.4	Méthodologie de choix de l'opérateur de fusion	91
5.5	Résultats de la classification et évaluation du système proposé	95
5.5.1	Création de modèles de tissus	96
5.5.2	Fusion des cartes d'appartenance et prise de décision	99
5.6	Analyse des résultats	104
5.7	Etude comparative et discussions	105
5.8	Conclusion	108
	<b>Conclusion et Perspectives</b>	<b>109</b>
	<b>Annexe A</b>	<b>112</b>
	<b>Annexe B</b>	<b>117</b>
	<b>Bibliographie</b>	<b>125</b>
	<b>Bibliographie Personnelle de l'Auteur</b>	<b>138</b>

# Table des Figures

---

Figure 1.1 : Processus d'extraction de connaissances à partir des données [Fay96]	05
Figure 1.2 : L'Extraction de connaissances à partir des données [Kod98]	07
Figure 1.3 : Arbre de décision	17
Figure 1.4 : Nœud d'un réseau de neurone [Tuf05]	20
Figure 2.1 : Problème du volume partiel	31
Figure 4.1 : Schéma du système de fusion proposé	85
Figure 5.1 : Exemple de cartes floues du fantôme [Kwa96]	88
Figure 5.2 : Le simulateur Brainweb	89
Figure 5.3 : Cartes floues des tissus LCS, MB et MG de la coupe IRM n° 94	93
Figure 5.4 : Cartes floues obtenues par les différents opérateurs	94
Figure 5.5 : Mesures de performance pour le liquide cébrospinal LCS	94
Figure 5.6 : Mesures de performance pour la matière blanche MB	95
Figure 5.7 : Mesures de performance pour la matière grise MG	95
Figure 5.8 : Les trois classes extraites par FPCM et du vérité terrain (coupe 62)	96
Figure 5.9 : Les trois classes extraites par FPCM et du vérité terrain (coupe 86)	97
Figure 5.10 : Les trois classes extraites par FPCM et du vérité terrain (coupe 100)	98
Figure 5.11 : Résultat de la fusion des coupes 62, 86 et 100	99
Figure 5.12 : Résultats de la segmentation	100
Figure 5.13 : Comparaison des taux de recouvrement pour le volume Brain1020	102
Figure 5.14 : Comparaison des taux de recouvrement pour le volume Brain1320	102
Figure 5.15 : Comparaison des taux de recouvrement pour le volume Brain1520	102
Figure 5.16 : Comparaison des taux de similarité pour le volume Brain1020	103
Figure 5.17 : Comparaison des taux de similarité pour le volume Brain1320	103
Figure 5.18 : Comparaison des taux de similarité pour le volume Brain1520	103
Figure A.1 : Encéphale	110
Figure A.2 : Coupe transversale de l'encéphale	110
Figure A.3 : Lobes du cerveau	111
Figure A.4 : Cervelet	111
Figure A.5 : Tronc cérébral	112

Figure A.6 : Méninges	112
Figure B.1 : Acquisition par IRM	115
Figure B.2 : Principe de résonance magnétique nucléaire	115
Figure B.3 : Images IRM, pondérées en densité de protons, en T1 et en T2.	118
Figure B.4 : Artéfact de volume partiel dû à la discrétisation de l'espace	120

# Liste des Tableaux et des Algorithmes

---

Table 1.1 : Algorithme des k-moyennes	13
Table 1.2 : Algorithme de classification par k-PPV	15
Table 1.3 : Algorithme d'apprentissage par arbre de décision	18
Tableau 3.1 : Quelques opérateurs en théorie des possibilités rangés suivant un ordre partiel	66
Table 4.1 : Algorithme FPCM ( <i>Fuzzy Possibilistic C-means</i> )	80
Table 4.2 : Algorithme général de fusion	86
Tableau 5.1 : Paramètres utilisés pour simuler les images IRM en pondérations T1, T2 et DP	90
Tableau 5.2 : Comparaison entre le modèle de fusion proposé et le modèle de fusion possibiliste décrit dans [Bar00]	106
Tableau 5.3 : Comparaison entre le modèle de fusion proposé et le modèle de fusion évidentiel décrit dans [Hon04]	107
Tableau B.1 : Ordre de grandeur des temps de relaxation à 1.5T pour différents tissus [War02]	118

## Introduction générale

Face à la diversité des nouveaux capteurs d'acquisition, il est nécessaire de développer des techniques de traitement de données pour fusionner les observations d'origines multiples. La fusion de données de multicateurs est une technologie développée pour résoudre les problèmes de précision et d'ambiguïté rencontrés souvent dans le contexte d'un unique capteur. Le cerveau humain est considéré comme un bon exemple d'un système de fusion. Le nez, les yeux, la langue, les oreilles, les mains, etc. sont les différents capteurs. Pour identifier un objet ou évaluer une menace dans l'environnement, par exemple, le cerveau intègre en premier les informations transportées par les capteurs de vue, d'audition, d'odeur, de goût, de toucher, etc. pour générer des raisonnements. Il compare ensuite les raisonnements avec les caractéristiques de l'objet à identifier en prenant en compte des connaissances a priori ou l'état d'environnement obtenu par les antécédents pour aboutir à une décision.

Le système de fusion est efficace si les informations des différentes sources sont redondantes et complémentaires. La redondance peut être exploitée pour réduire les incertitudes et les imprécisions des informations. La complémentarité peut être utilisée pour obtenir une information globale et complète, et pour lever les ambiguïtés [Blo03]. Les avantages de la fusion des informations de multicateurs sont donc évidents. En terme ensembliste, il existe donc un ensemble commun ou un ensemble d'intersection qui n'est pas vide entre les informations caractéristiques de l'objet observé.

La fusion de données en imagerie est appliquée principalement sur des images de radar, des images de satellite, et des images aériennes [Wal90]. Récemment, elle est aussi appliquée en image médicale. La diversité croissante des techniques d'acquisition d'images médicales a motivé ces dernières années de nombreuses recherches visant l'élaboration des modèles de plus en plus efficaces de fusion de données. En effet, en imagerie médicale, il peut arriver qu'aucune des images disponibles ne contienne à elle seule une information

suffisante. D'autre part le milieu médical confie chaque type d'image à un expert qui porte un diagnostic partiel sur la modalité de sa spécialité, puis les spécialistes échangent leurs expériences et de cette confrontation naît le diagnostic final.

L'exploitation de nombreuses images variées est une tâche difficile pour un seul expert. Cette approche classique n'utilise qu'une partie de l'information issue des différentes sources d'images. Ces dernières années et pour pallier à cette lacune et à causes de la disposition d'un grand nombre de données hétérogènes, complémentaires et parfois ambiguës la fusion de l'information est proposée comme approche puissante permettant d'extraire de chaque image toute l'information qu'elle peut apporter et d'agrèger ainsi ces informations modélisées dans un cadre commun en utilisant des opérateurs de fusion pour avoir une information synthétique la plus exploitable possible.

Notre travail concerne essentiellement le développement de nouveaux outils issues des techniques de data mining pour l'extraction des connaissances par fusion floue de données. Il s'agit essentiellement de contribuer au développement de systèmes de classification guidés par les connaissances a priori où l'aspect flou et possibiliste sont pris en considération lors du processus de classification. Notre contribution consiste principalement à proposer une architecture d'un système de fusion d'informations guidée par ces connaissances a priori et basée sur la théorie des possibilités. Afin de valider le système proposé, une application a été développée pour la segmentation des images médicales IRM en utilisant les deux séquence IRM : T2 et la densité de protons (DP).

Le processus de fusion tel que nous l'envisageons ici est composé de trois étapes. Dans la première, les informations disponibles sont modélisées dans un cadre théorique commun en choisissant un formalisme mathématique adéquat, permettant de prendre en compte les connaissances vagues et ambiguës. Dans la seconde, les modèles d'informations sont agrégés en utilisant un opérateur de fusion capables de tenir en compte les redondances et de gérer les conflits exprimés. Dans la troisième, enfin, une décision est prise en fonction de toutes les informations précédemment fusionnées.

Cette thèse est organisée comme suit :

Le premier chapitre, se décompose en deux parties : la première présente les concepts fondamentaux du data mining, où sont décrites les différentes étapes d'un processus d'extraction de connaissances à partir des données. Parmi ces étapes, nous détaillons la phase de fouille de données ainsi que les différentes approches de sa mise en œuvre. Tandis que la deuxième est consacrée, quant à elle, à la description de la fouille dans un

type de données bien particulier, qui est le type de données biomédicales. Nous présenterons la définition des données complexes, la fouille dans ce type de données, des exemples de prétraitement des données complexes et des outils utilisés et enfin une liste non exhaustive des travaux réalisés.

Dans le second chapitre, et pour guider notre proposition nous passons en revue les principales méthodes de segmentation d'images en classes homogènes, tout en évoquant les avantages et les inconvénients de chaque approche. Un intérêt particulier est porté pour les images médicales plus exactement aux images de modalité IRM.

Le troisième chapitre présente les fondements théoriques de la fusion de données. En premier temps, nous décrivons les différents formalismes permettant de représenter les connaissances incertaines et/ou imprécises : la théorie des probabilités, la théorie des possibilités et la théorie de croyances. Dans un second temps le concept de fusion de données est introduit ce qui permet d'expliquer les différentes étapes de fusion dans les différents cadres théoriques précédemment présentés.

Le quatrième chapitre est dédié à présenter en détail notre contribution, nous présenterons l'architecture du système de fusion proposé, ces composants essentiels, description des algorithmes utilisés et leurs paramètres, les données participant à cette fusion ainsi que les différents étapes de fusion.

Le cinquième chapitre est réservé à l'évaluation de l'approche proposée et de présenter avec commentaires les résultats expérimentaux obtenus dans le cadre de cette étude. A la fin de cette thèse, nous donnons une conclusion générale, en terme de discussion sur notre approche de fusion et nous adressons des perspectives qu'elle offre pour des travaux futurs.

En complément, nous précisons en annexes A et B l'anatomie du cerveau et le principe de l'IRM et les informations spécifiques qu'elle fournit. Nous introduisons donc les principes physiques qui régissent la formation des images anatomiques, et nous présentons les divers artefacts et facteurs qui dégradent l'information des images. Nous proposons en particulier de réduire l'effet de ces facteurs dans le cas de l'imagerie par résonance magnétique.

---

# **FOUILLE DE DONNEES**

---

## **1.1 Introduction**

Les entreprises, mais aussi, dans une certaine mesure, les administrations, subissent aujourd'hui l'intensification de la concurrence ou la pression des administrés. Ces facteurs les poussent à porter une attention toujours plus grande aux clients (d'autant plus que leurs richesses aujourd'hui résident dans leurs clients), à améliorer constamment la qualité de leurs produits et à accélérer de manière générale leurs processus de mise sur le marché de nouveaux produits et services.

Pour répondre à ces besoins de découvertes, un ensemble d'architectures, de démarches et d'outils, certains nouveaux, d'autres existants depuis longtemps, a été regroupé sous le terme «*Data Mining*».

Ce premier chapitre présente les concepts de fouille de données, où les différentes étapes du processus d'extraction de connaissances à partir des données sont décrites. Nous insistons sur les différentes approches de mise en œuvre d'un modèle de fouille de données.

## **1.2 Etapes d'un processus d'extraction de connaissances à partir des données**

### **Définition**

«*L'Extraction de Connaissances à partir des Données (ECD) est un processus itératif et interactif d'analyse d'un grand ensemble de données brutes afin d'en extraire des connaissances exploitables par un utilisateur analyste qui y joue un rôle central*» [Zig01].

D'après [Fay96], un processus d'ECD est constitué de quatre phases qui sont : *le nettoyage et intégration des données, le prétraitement des données, la fouille de données et enfin l'évaluation et la présentation des connaissances.*

La figure 1.1 récapitule ces différentes phases ainsi que les enchaînements possibles entre ces phases. Cette séparation est théorique car en pratique, ce n'est pas toujours le cas. En effet, dans de nombreux systèmes, certaines de ces étapes sont fusionnées [Kod98].

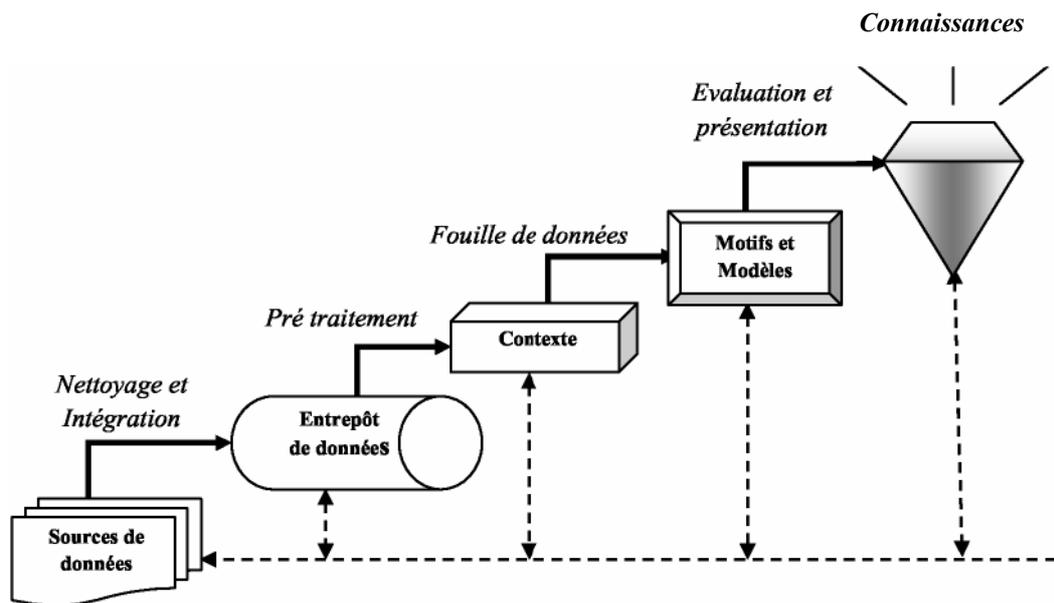


Figure 1.1 : Processus d'extraction de connaissances à partir des données [Fay96].

### 1.2.1 Nettoyage et intégration des données

Le nettoyage des données consiste à retravailler ces données bruitées, soit en les supprimant, soit en les modifiant de manière à tirer le meilleur profit.

L'intégration est la combinaison des données provenant de plusieurs sources (base de données, sources externes, etc.). Le but de ces deux opérations est de générer des entrepôts de données et/ou des magasins de données spécialisés contenant les données retravaillées pour faciliter leurs exploitations futures.

### 1.2.2 Pré-traitement des données

Il peut arriver parfois que les bases de données contiennent à ce niveau un certain nombre de données incomplètes et/ou bruitées. Ces données erronées, manquantes ou

inconsistantes doivent être retravaillées si cela n'a pas été fait précédemment. Dans le cas contraire, durant l'étape précédente, les données sont stockées dans un entrepôt. Cette étape permet de sélectionner et transformer des données de manière à les rendre exploitables par un outil de fouille de données.

Cette seconde étape du processus d'*ECD* permet d'affiner les données. Si l'entrepôt de données est bien construit, le pré-traitement de données peut permettre d'améliorer les résultats lors de l'interrogation dans la phase de fouille de données.

### 1.2.3 Fouille de données

La fouille de données (*data mining* en anglais), est le cœur du processus d'*ECD*. Il s'agit à ce niveau de trouver des pépites de connaissances à partir des données. Tout le travail consiste à appliquer des méthodes intelligentes dans le but d'extraire cette connaissance. Il est possible de définir la qualité d'un modèle en fonction de critères comme les performances obtenus, la fiabilité, la compréhensibilité, la rapidité de construction et d'utilisation et enfin l'évolutivité. Tout le problème de la fouille de données réside dans le choix de la méthode adéquate à un problème donné. Il est possible de combiner plusieurs méthodes pour essayer d'obtenir une solution optimale globale.

Nous ne détaillerons pas d'avantage la fouille de données dans ce paragraphe car elle fera l'objet de la section 1.3.

### 1.2.4 Evaluation et présentation

Cette phase est constituée de l'évaluation, qui mesure l'intérêt des motifs extraits, et de la présentation des résultats à l'utilisateur grâce à différentes techniques de visualisation. Cette étape est dépendante de la tâche de fouille de données employée. En effet, bien que l'interaction avec l'expert soit importante quelle que soit cette tâche, les techniques ne sont pas les mêmes. Ce n'est qu'à partir de la phase de présentation que l'on peut employer le terme de *connaissance* à condition que ces motifs soient validés par les experts du domaine. Il y a principalement deux techniques de validation qui sont la technique de validation statistique et la technique de validation par expertise.

**La validation statistique** consiste à utiliser des méthodes de base de statistique descriptive. L'objectif est d'obtenir des informations qui permettront de juger le résultat obtenu, ou d'estimer la qualité ou les biais des données d'apprentissage. Cette validation peut être obtenue par :

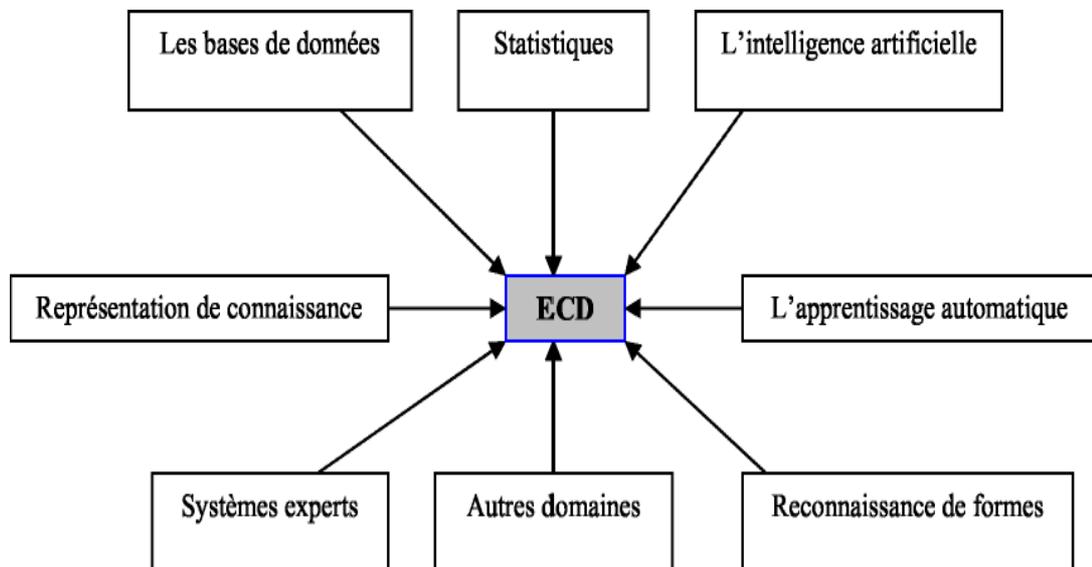
- le calcul des moyennes et variances des attributs,

- si possible, le calcul de la corrélation entre certains champs,
- ou la détermination de la classe majoritaire dans le cas de la classification.

**La validation par expertise** est réalisée par un expert du domaine qui jugera la pertinence des résultats produits. Par exemple pour la recherche des règles d'association, c'est l'expert du domaine qui jugera la pertinence des règles.

Pour certains domaines d'application (le diagnostic médical, par exemple), le modèle présenté doit être compréhensible. Une première validation doit être effectuée par un expert qui juge la compréhensibilité du modèle. Cette validation peut être, éventuellement, accompagnée par une technique statistique.

Grâce aux techniques d'extraction de connaissances, les bases de données volumineuses sont devenues des sources riches et fiables pour la génération et la validation de connaissances. La fouille de données n'est qu'une phase du processus d'*ECD*, et consiste à appliquer des algorithmes d'apprentissage sur les données afin d'en extraire des modèles (motifs). L'extraction de connaissances à partir des données se situe à l'intersection de nombreuses disciplines [Kod98], comme l'apprentissage automatique, la reconnaissance de formes, les bases de données, les statistiques, la représentation des connaissances, l'intelligence artificielle, les systèmes experts, etc. (Figure 1.2).



**Figure 1.2 :** *L'Extraction de connaissances à partir des données à la confluence de nombreux domaines [Kod98].*

## 1.3 Eléments de fouille de données

Les concepts de fouille de données et d'extraction de connaissances à partir de données sont parfois confondus et considérés comme synonymes. Mais, formellement on considère la fouille de données comme une étape centrale du processus d'extraction de connaissances des bases de données (*ECBD* ou *KDD* pour *Knowledge Discovery in Databases* en anglais) [Lie07].

### 1.3.1 Historique

L'expression "*data mining*" est apparue vers le début des années 1960 et avait, à cette époque, un sens péjoratif. En effet, les ordinateurs étaient de plus en plus utilisés pour toutes sortes de calculs qu'il n'était pas envisageable d'effectuer manuellement jusque là. Certains chercheurs ont commencé à traiter sans *a priori* statistique les tableaux de données relatifs à des enquêtes ou des expériences dont ils disposaient. Comme ils constataient que les résultats obtenus, loin d'être aberrants, étaient tout au contraire prometteurs, ils furent incités à systématiser cette approche opportuniste. Les statisticiens officiels considéraient toutefois cette démarche comme peu scientifique et utilisèrent alors les termes "*data mining*" ou "*data fishing*" pour les critiquer.

Cette attitude opportuniste face aux données coïncida avec la diffusion dans le grand public de l'analyse de données dont les promoteurs, comme Jean-Paul Benzecri [Zig00], ont également dû subir dans les premiers temps les critiques venant des membres de la communauté des statisticiens.

Le succès de cette démarche empirique ne s'est pas démenti malgré tout. L'analyse des données s'est développée et son intérêt grandissait en même temps que la taille des bases de données. Vers la fin des années 1980, des chercheurs en base de données, tel que Rakesh Agrawal [Agr93], ont commencé à travailler sur l'exploitation du contenu des bases de données volumineuses comme par exemple celles des tickets de caisses de grandes surfaces, convaincus de pouvoir valoriser ces masses de données dormantes. Ils utilisèrent l'expression "*database mining*" mais, celle-ci étant déjà déposée par une entreprise (*Database mining workstation*), ce fut "*data mining*" qui s'imposa. En mars 1989, Shapiro Piatetski [Sha91] proposa le terme "*knowledge discovery*" à l'occasion d'un atelier sur la découverte des connaissances dans les bases de données. Actuellement, les termes *data mining* et *knowledge discovery in data bases* (*KDD*, ou *ECD* en français) sont utilisés plus ou moins indifféremment. Nous emploierons par conséquent l'expression "*data mining*", celle-ci étant la plus fréquemment employée dans la littérature.

La communauté de "data mining " a initié sa première conférence en 1995 à la suite de nombreux ateliers (workshops) sur le KDD entre 1989 et 1994. La première revue du domaine " *Data mining and knowledge discovery journal* " publiée par "Kluwers " a été lancée en 1997.

### 1.3.2 Définition

« *Le data mining, ou fouille de données, est l'ensemble des méthodes et techniques destinées à l'exploration et l'analyse de bases de données informatiques (souvent grandes), de façon automatique ou semi-automatique, en vue de détecter dans ces données des règles, des associations, des tendances inconnues ou cachées, des structures particulières restituant l'essentiel de l'information utile tout en réduisant la quantité de données*» [Kan03].

D'après [Had02], la définition la plus communément admise de Data Mining est celle de [Fay98] : «*Le Data mining est un processus non trivial qui consiste à identifier, dans des données, des schémas nouveaux, valides, potentiellement utiles et surtout compréhensibles et utilisables*».

En bref, le data mining est l'art d'extraire des informations (ou même des connaissances) à partir des données [Tuf05].

### 1.3.3 Principales tâches de fouille de données

On dispose de données structurées. Les objets sont représentés par des enregistrements (ou descriptions) qui sont constitués d'un ensemble de champs (ou attributs) prenant leurs valeurs dans un domaine. De nombreuses tâches peuvent être associées au Data Mining, parmi elles nous pouvons citer:

#### 1.3.3.1 La classification

Elle consiste à examiner les caractéristiques d'un objet et lui attribuer une classe, la classe est un champ particulier à valeurs discrètes. Des exemples de tâche de classification sont :

- attribuer ou non un prêt à un client,
- établir un diagnostic,
- accepter ou refuser un retrait dans un distributeur,
- attribuer un sujet principal à un article de presse,
- etc.

### 1.3.3.2 L'estimation

Elle consiste à estimer la valeur d'un champ à partir des caractéristiques d'un objet. Le champ à estimer est un champ à valeurs continues. L'estimation peut être utilisée dans un but de classification. Il suffit d'attribuer une classe particulière pour un intervalle de valeurs du champ estimé. Des exemples de tâche d'estimation sont :

- Estimer les revenus d'un client.

### 1.3.3.3 La prédiction

Cela consiste à estimer une valeur future. En général, les valeurs connues sont historisées. On cherche à prédire la valeur future d'un champ. Cette tâche est proche des précédentes. Les méthodes de classification et d'estimation peuvent être utilisées en prédiction. Des exemples de tâches de prédiction sont :

- prédire les valeurs futures d'actions,
- prédire, au vu de leurs actions passées, les départs de clients.

### 1.3.3.4 Les règles d'association

Cette tâche, plus connue comme *l'analyse du panier de la ménagère*, consiste à déterminer les variables qui sont associées. L'exemple type est la détermination des articles (le pain et le lait, la tomate, les carottes et les oignons) qui se retrouvent ensemble sur un même ticket de supermarché. Cette tâche peut être effectuée pour identifier des opportunités de vente croisée et concevoir des groupements attractifs de produit.

### 1.3.3.5 La segmentation

Consiste à former des groupes (clusters) homogènes à l'intérieur d'une population. Pour cette tâche, il n'y a pas de classe à expliquer ou de valeur à prédire définie *a priori*, il s'agit de créer des groupes homogènes dans la population (l'ensemble des enregistrements). Il appartient ensuite à un expert du domaine de déterminer l'intérêt et la signification des groupes ainsi constitués. Cette tâche est souvent effectuée avant les précédentes pour construire des groupes sur lesquels on applique des tâches de classification ou d'estimation.

## 1.3.4 Les méthodes de data mining

Pour tout jeu de données et un problème spécifique, il existe plusieurs méthodes que l'on choisira en fonction de :

- la tâche à résoudre,
- la nature et de la disponibilité des données,
- l'ensemble des connaissances et des compétences disponibles,
- la finalité du modèle construit,
- l'environnement social, technique, philosophique de l'entreprise,
- etc.

On peut dégager deux grandes catégories de méthodes d'analyse consacrées à la fouille de données [Fio06]. La frontière entre les deux peut être définie par la spécificité des techniques, et marque l'aire proprement dite du "*Data Mining*". On distingue donc :

### **A. Les méthodes classiques**

On y retrouve des outils généralistes de l'informatique ou des mathématiques :

- Les requêtes dans les bases de données, simples ou multi-critères, dont la représentation est une vue,
- les requêtes d'analyse croisée, représentées par des tableaux croisés,
- les différents graphes, graphiques et représentations,
- les statistiques descriptives,
- l'analyse de données : analyse en composantes principales,
- etc.

### **B. Les méthodes sophistiquées**

Elles ont été élaborées pour résoudre des tâches bien définies. Ce sont :

- Les algorithmes de segmentation,
- les règles d'association,
- les algorithmes de recherche du plus proche voisin,
- les arbres de décision,
- les réseaux de neurones,
- les algorithmes génétiques,
- etc.

La section suivante n'est pas une présentation exhaustive de l'ensemble des techniques de la fouille de données, mais une présentation de quelques méthodes sophistiquées pour fournir un aperçu du domaine.

#### **1.3.4.1 Segmentation (Clustering)**

La segmentation est l'opération qui consiste à regrouper les individus d'une population en un nombre limité de groupes, les segments (ou clusters, ou partitions), qui ont deux propriétés : D'une part, ils ne sont pas prédéfinis, mais découverts automatiquement au cours de l'opération, contrairement aux classes de la classification. D'autre part, les segments regroupent les individus ayant des caractéristiques similaires et séparent les individus ayant des caractéristiques différentes (homogénéité interne et hétérogénéité externe).

La segmentation est une tâche d'apprentissage "*non supervisée*" car on ne dispose d'aucune autre information préalable que la description des exemples. Après application de l'algorithme et donc lorsque les groupes ont été construits, d'autres techniques ou une expertise doivent dégager leur signification et leur éventuel intérêt.

Nous présentons ici la méthode des  $k$ -moyennes car elle est très simple à mettre en œuvre et très utilisée. Elle comporte de nombreuses variantes et est souvent utilisée en combinaison avec d'autres algorithmes.

- **Méthode des  $k$ -moyennes**

La méthode est basée sur une notion de similarité entre enregistrements. Nous allons pour introduire l'algorithme, considérer un espace géométrique muni d'une distance. Deux points sont similaires s'ils sont proches pour la distance considérée. Pour pouvoir visualiser le fonctionnement de l'algorithme, nous allons limiter le nombre de champs des enregistrements. Nous nous plaçons donc dans l'espace euclidien de dimension 2 et nous considérons la distance euclidienne classique. L'algorithme suppose choisi *a priori* un nombre  $k$  de groupes à constituer.

On choisit alors  $k$  enregistrements, soit  $k$  points de l'espace appelés centres. On constitue alors les  $k$  groupes initiaux en affectant chacun des enregistrements dans le groupe correspondant au centre le plus proche. Pour chaque groupe ainsi constitué, on calcule son nouveau centre en effectuant la moyenne des points du groupe et on réitère le procédé. Le critère d'arrêt est la stabilité, par lequel d'une itération à la suivante, aucun point n'a changé de groupe.

- **Description de l'algorithme**

On travaille avec des enregistrements qui sont des  $n$ -uplets de valeurs. On suppose définie une notion de similarité qui permet de comparer les distances aux centres. L'algorithme est paramétré par le nombre  $k$  de groupes que l'on souhaite constituer, le pseudo-code de cet algorithme est présenté dans la table 1.1 ci-dessous :

---

**Table 1.1 : Algorithme des k-moyennes**


---

**Paramètre :** le nombre  $k$  de groupes

**Entrée :** un échantillon de  $m$  objets  $x_1, \dots, x_m$

- 1- Choisir  $k$  centres initiaux  $c_1, \dots, c_k$
  - 2- Pour chacun des  $m$  objets, l'affecter au groupe  $i$  dont le centre  $c_i$  est le plus proche
  - 3- Si aucun élément ne change de groupe alors arrêter et sortir les groupes
  - 4- Calculer les nouveaux centres : pour tout  $i$ ,  $c_i$  est la moyenne des éléments du groupe  $i$
  - 5- Aller en 2
- 

- **Critiques de la méthode**

**a. Avantages**

- *Apprentissage non supervisé* : la méthode des  $k$ -moyennes et ses variantes ne nécessitent aucune information sur les données. La segmentation peut être utile, pour découvrir une structure cachée qui permettra d'améliorer les résultats de méthodes d'apprentissage supervisé (classification, estimation, prédiction).
- *Applicable à tous type de données* : en choisissant une bonne notion de distance, la méthode peut s'appliquer à tout type de données (mêmes textuelles).

**b. Inconvénients**

- *Problème du choix de la distance* : les performances de la méthode (la qualité des groupes constitués) sont dépendantes du choix d'une bonne mesure de similarité ce qui est une tâche délicate surtout lorsque les données sont de types différents.
- *Le choix des bons paramètres* : la méthode est sensible au choix des bons paramètres, en particulier, le choix du nombre  $k$  de groupes à constituer. Un mauvais choix de  $k$  produit de mauvais résultats. Ce choix peut être fait en combinant différentes méthodes, mais la complexité de l'algorithme augmente.
- *L'interprétation des résultats* : il est difficile d'interpréter les résultats produits, en d'autres termes, d'attribuer une signification aux groupes constitués.

### 1.3.4.2 Règles d'association

Les règles d'association sont traditionnellement liées au secteur de la distribution car leur principale application est "*l'analyse du panier de la ménagère (market basket analysis)*" qui consiste en la recherche d'associations entre produits sur les tickets de caisse. Le but de la méthode est l'étude de ce que les clients achètent pour obtenir des informations sur "*qui*" sont les clients et "*pourquoi*" ils font certains achats. La méthode peut être appliquée à tout secteur d'activité pour lequel il est intéressant de rechercher des groupements potentiels de produits ou de services: services bancaires, services de télécommunications, par exemple. Elle peut être également utilisée dans le secteur médical pour la recherche de complications dues à des associations de médicaments ou à la recherche de fraudes en recherchant des associations inhabituelles.

Un attrait principal de la méthode est la clarté des résultats produits. En effet, le résultat de la méthode est un ensemble de *règles d'association*. Des exemples de règles d'association sont :

- Si un client achète des plantes alors il achète du terreau,
- Si un client achète une télévision, il achètera un magnétoscope dans un an.

Ces règles sont intuitivement faciles à interpréter car elles montrent comment des produits ou des services se situent les uns par rapport aux autres. Ces règles sont particulièrement utiles en marketing. Les *règles d'association* produites par la méthode peuvent être facilement utilisées dans le système d'information de l'entreprise. Cependant, il faut noter que la méthode, si elle peut produire des règles intéressantes, peut aussi produire des règles triviales (déjà bien connues des intervenants du domaine) ou inutiles (provenant de particularités de l'ensemble d'apprentissage). La recherche de règles d'association est une méthode non supervisée car on ne dispose en entrée que de la description des achats.

- **Critiques de la méthode**

- a. *Avantages*

- *Méthode non supervisée* : à l'exception de la classification de différents articles en produits.
    - *Clarté des résultats* : les règles sont faciles à interpréter.
    - *Traite des données de taille variables* : le nombre de produits dans un achat n'est pas défini.
    - *Simplicité de programmation* : même avec un tableur.

### b. Inconvénients

- *Pertinence des résultats* : ils peuvent être triviaux ou inutiles.
- *Efficacité faible dans certains cas* : pour les produits rares.
- *Traitement préalable des données* : classement des articles en produits.

#### 1.3.4.3 Les plus proches voisins

La méthode des plus proches voisins (*PPV* en bref, *nearest neighbor* en anglais) est une méthode dédiée à la classification qui peut être étendue à des tâches d'estimation. La méthode *PPV* est une méthode de raisonnement à partir de cas. Elle part de l'idée de prendre des décisions en recherchant un ou des cas similaires déjà résolus en mémoire.

Contrairement aux autres méthodes de classification qui seront étudiées dans les sections suivantes (arbres de décision, réseaux de neurones, ...), il n'y a pas d'étape d'apprentissage consistant en la construction d'un modèle à partir d'un échantillon d'apprentissage. C'est l'échantillon d'apprentissage, associé à une fonction de distance et d'une fonction de choix de la classe en fonction des classes des voisins les plus proches, qui constitue le modèle. L'algorithme générique de classification d'un nouvel exemple par la méthode *PPV* est dressé dans la table 1.2 suivant :

---

**Table 1.2 : Algorithme de classification par k-PPV**

---

**Paramètre** : le nombre  $k$  de voisins

**Donnée** : un échantillon de  $m$  exemples et leurs classes //La classe d'un exemple  $X$  est  $c(X)$

**Entrée** : un enregistrement  $Y$

- 1- Déterminer les  $k$  plus proches exemples de  $Y$  en calculant les distances
- 2- Combiner les classes de ces  $k$  exemples en une classe  $c$

**Sortie** : la classe de  $Y$  est  $c(Y) = c$

---

- **Critiques de la méthode**

#### a. Avantages

- *Absence d'apprentissage* : c'est l'échantillon qui constitue le modèle. L'introduction de nouvelles données permet d'améliorer la qualité de la méthode sans nécessiter la reconstruction d'un modèle. C'est une différence majeure avec des méthodes telles que les arbres de décision et les réseaux de neurones.
- *Clarté des résultats* : bien que la méthode ne produise pas de règle explicite, la

classe attribuée à un exemple peut être expliquée en exhibant les plus proches voisins qui ont amené à ce choix.

- *Données hétérogènes* : la méthode peut s'appliquer dès qu'il est possible de définir une distance sur les champs. Or, il est possible de définir des distances sur des champs complexes, tels que des informations géographiques, des textes, des images ou du son. C'est parfois un critère de choix de la méthode *PPV* car les autres méthodes traitent difficilement les données complexes. On peut noter, également, que la méthode est robuste face au bruit.
- *Grand nombre d'attributs* : la méthode permet de traiter des problèmes avec un grand nombre d'attributs. Cependant, plus le nombre d'attributs est important, plus le nombre d'exemples doit être grand.

#### **b. Inconvénients**

- *Sélection des attributs pertinents* : pour que la notion de proximité soit pertinente, il faut que les exemples couvrent bien l'espace et soient suffisamment proches les uns des autres. Si le nombre d'attributs pertinents est faible relativement au nombre total d'attributs, la méthode donnera de mauvais résultats car la proximité sur les attributs pertinents sera noyée par les distances sur les attributs non pertinents. Il est donc parfois utile de sélectionner tout d'abord les attributs pertinents.
- *Le temps de classification* : si la méthode ne nécessite pas d'apprentissage, tous les calculs doivent être effectués lors de la classification. Ceci est la contrepartie à payer par rapport aux méthodes qui nécessitent un apprentissage (éventuellement long) mais qui sont rapides en classification (le modèle est créé, il suffit de l'appliquer à l'exemple à classifier). Certaines méthodes permettent de diminuer la taille de l'échantillon en ne conservant que les exemples pertinents pour la méthode *PPV*, mais il faut, de toute façon, un nombre d'exemple suffisamment grand relativement au nombre d'attributs.
- *Définir les distance et nombre de voisins* : les performances de la méthode dépendent du choix de la distance, du nombre de voisins et du mode de combinaison des réponses des voisins. En règle générale, les distances simples fonctionnent bien. Si les distances simples ne fonctionnent pour aucune valeur de  $k$ , il faut envisager le changement de distance, ou le changement de méthode.

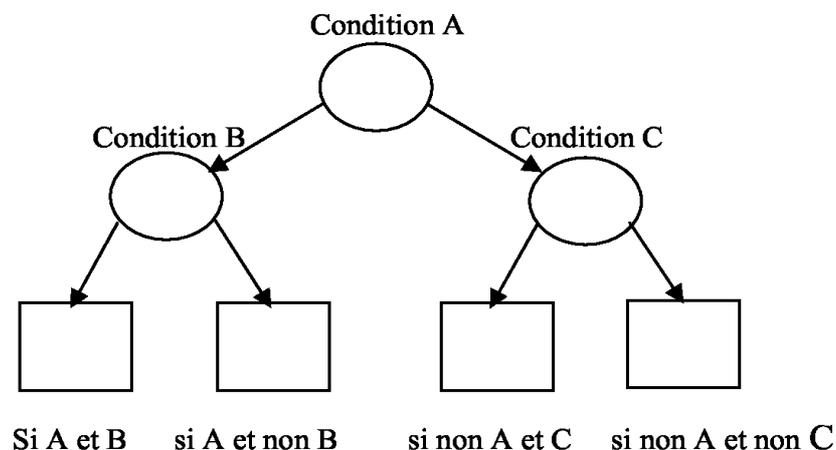
### 1.3.4.4 Les arbres de décision

La méthode des arbres de décision est l'une des plus intuitives et des plus populaires du data mining, d'autant plus qu'elle fournit des règles explicites de classement et supporte bien les données hétérogènes, manquantes et les effets non linéaires. Pour les applications relevant du marketing de bases de données, actuellement la seule grande concurrente de l'arbre de décision est la régression logistique, cette méthode étant préférée dans la prédiction du risque en raison de sa plus grande robustesse. Remarquons que les arbres de décision sont à la frontière entre les méthodes prédictives et descriptives, puisque leur classement s'opère en segmentant la population à laquelle ils s'appliquent : ils ressortissent donc à la catégorie des classifications hiérarchiques descendantes supervisées.

- **Description de l'algorithme**

La technique de l'arbre de décision est employée en classement pour détecter des critères permettant de répartir les individus d'une population en  $n$  classes (souvent  $n=2$ ) prédéfinies. On commence par choisir la variable qui, par ses modalités, sépare le mieux les individus de chaque classe, de façon à avoir des sous-populations, que l'on appelle nœuds, contenant chacune le plus possible d'individus d'une seule classe, puis on réitère la même opération sur chaque nouveau nœud obtenu jusqu'à ce que la séparation des individus ne soit plus possible ou plus souhaitable.

Par construction, les nœuds terminaux (les feuilles) sont tous majoritairement constitués d'individus d'une seule classe avec une assez forte probabilité, quand il satisfait l'ensemble des règles permettant d'arriver à cette feuille. L'ensemble des règles de toutes les feuilles constitue le modèle de classement (Figure 1.3).



**Figure 1.3 :** *Arbre de décision.*

L'algorithme d'apprentissage par l'arbre de décision est décrite comme suit :

---

**Table 1.3 : Algorithme d'apprentissage par arbre de décision**

---

**Donnée :** un échantillon  $S$  de  $m$  enregistrements classés  $(x, c(x))$

**Initialisation :**         $A \leftarrow$  arbre vide  
                               noeud\_courant  $\leftarrow$  racine  
                               échantillon\_courant  $\leftarrow S$

**Répéter**

    Décider si le noeud courant est terminal

**Si** ( noeud\_courant est terminal ) **alors**

        Étiqueter le noeud courant par une feuille

**Sinon**

        Sélectionner un test :

        Créer les fils

        Définir les échantillons sortants du noeud

**Finsi**

        noeud\_courant  $\leftarrow$  un noeud non encore étudié de  $A$

        échantillon\_courant : échantillon atteignant noeud\_courant

**Jusque** (noeud\_courant =  $\emptyset$ )

    élaguer l'arbre de décision  $A$  obtenu

**Sortie :** l'arbre  $A$  élagué

---

• **Critiques de la méthode**

a. *Avantages*

- *Adaptabilité aux attributs de valeurs manquantes* : les algorithmes peuvent traiter les valeurs manquantes (descriptions contenant des champs non renseignés) pour l'apprentissage, mais aussi pour la classification.
- *Bonne lisibilité du résultat* : un arbre de décision est facile à interpréter et à la représentation graphique d'un ensemble de règles. Si la taille de l'arbre est importante, il est difficile d'appréhender l'arbre dans sa globalité. Cependant, les outils actuels permettent une navigation aisée dans l'arbre (parcourir une branche, développer un noeud, élaguer une branche) et, le plus important, est certainement de pouvoir expliquer comment est classé un exemple par l'arbre, ce qui peut être fait en montrant le chemin de la racine à la feuille pour l'exemple courant.
- *Traitement de tout type de données* : l'algorithme peut prendre en compte tous les types d'attributs et les valeurs manquantes. Il est robuste au bruit.
- *Sélectionne des variables pertinentes* : l'arbre contient les attributs utiles pour la

classification. L'algorithme peut donc être utilisé comme pré-traitement qui permet de sélectionner l'ensemble des variables pertinentes pour ensuite appliquer une autre méthode.

- *Donne une classification efficace* : l'attribution d'une classe à un exemple à l'aide d'un arbre de décision est un processus très efficace (parcours d'un chemin dans un arbre).
- *Disponibilité des outils* : les algorithmes de génération d'arbres de décision sont disponibles dans tous les environnements de fouille de données.
- *Méthode extensible et modifiable* : la méthode peut être adaptée pour résoudre des tâches d'estimation et de prédiction. Des améliorations des performances des algorithmes de base sont possibles grâce aux techniques qui génèrent un ensemble d'arbres votant pour attribuer la classe.

#### **b. Inconvénients**

- *Méthode sensible au nombre de classes* : les performances tendent à se dégrader lorsque le nombre de classes devient trop important.
- *Manque d'évolutivité dans le temps* : l'algorithme n'est pas incrémental, c'est-à-dire, que si les données évoluent avec le temps, il est nécessaire de relancer une phase d'apprentissage sur l'échantillon complet (anciens exemples et nouveaux exemples).

#### **1.3.4.5 Les réseaux de neurones**

Les réseaux de neurones sont apparus dans les années cinquante avec les premiers perceptrons, et sont utilisés industriellement depuis les années quatre-vingt. Un réseau de neurone "*ou réseau neuronal*" a une architecture calquée sur celle du cerveau, organisée en neurones et synapses, et se présente comme un ensemble de nœuds "*ou neurones formels, ou unités*" connectés entre eux, chaque variable prédictive continue correspondant à un nœud d'un premier niveau, appelé *couche d'entrée*, et chaque variable prédictive catégorique (ou chaque modalité d'une variable catégorique) correspondant également à un nœud de la couche d'entrée.

Le cas échéant, lorsque le réseau est utilisé dans une technique prédictive, il y a une ou plusieurs variables à expliquer ; elle correspondant alors chacune à un nœud (ou plusieurs dans le cas des variables catégorielles) d'un dernier niveau : la *couche sortie*. Les réseaux prédictifs sont dits "*à apprentissage supervisé*" et les réseaux descriptifs sont dits "*à apprentissage non supervisé*". Entre la couche d'entrée et la couche sortie sont parfois

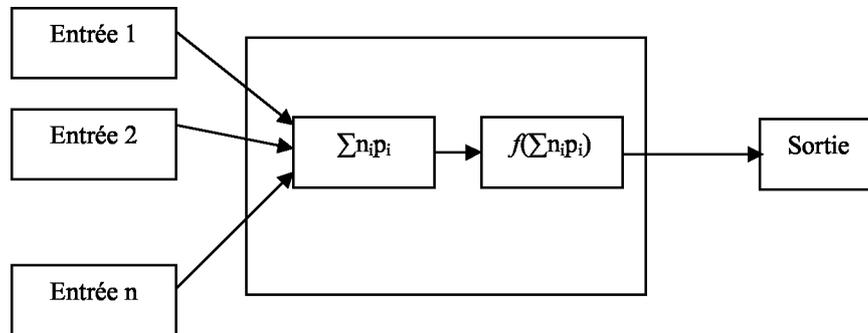
connectés à des nœuds appartenant à un niveau intermédiaire : *la couche cachée*. Il peut exister plusieurs couches cachées [Tuf02].

- **Définition**

«Les réseaux de neurones sont des outils très utilisés pour la classification, l'estimation, la prédiction et la segmentation. Ils sont issus de modèles biologiques, sont constitués d'unités élémentaires (les neurones) organisées selon une architecture» [Tuf05].

Un nœud reçoit des valeurs en entrée et renvoie 0 à  $n$  valeurs en sortie. Toutes ces valeurs sont normalisées pour être comprises entre 0 et 1 (ou parfois entre -1 et 1), selon les bornes de la fonction de transfert. Une fonction de combinaison calcule une première valeur à partir des nœuds connectés en entrée et poids des connexions. Dans les réseaux les plus courants, les perceptrons, il s'agit de la somme pondérée  $\sum n_i p_i$  des valeurs des nœuds en entrée. Afin de déterminer une valeur en sortie, une seconde fonction, appelée *fonction de transfert (ou d'activation)*, est appliquée à cette valeur. Les nœuds de la couche d'entrée sont triviaux, dans la mesure où ils ne combinent rien, et ne font que transmettre la valeur de la variable qui leur correspond.

Un nœud de perceptron se présente donc comme suit :



**Figure 1.4 :** Nœud d'un réseau de neurone [Tuf05].

Dans cette figure, on utilise les notions suivantes :

- $n_i$  est la valeur du nœud  $i$  du niveau précédent (la sommation sur  $i$  correspond à l'ensemble des nœuds du niveau précédent connectés au nœud observé)
- $p_i$  est le poids associé à la connexion entre  $i$  et le nœud observé.
- $f$  est la fonction de transfert associée au nœud observé.

- **Mise en œuvre**

De façon générale, les étapes dans la mise en œuvre d'un réseau de neurones pour la prédiction ou le classement sont :

1. l'identification des données en entrée et en sortie,
2. la normalisation de ces données,
3. la constitution d'un réseau avec une structure adaptée,
4. l'apprentissage du réseau,
5. le test du réseau,
6. l'application du modèle généré par l'apprentissage,
7. la dénormalisation des données en sortie.

- **Critiques de la méthode**

- a. **Avantages**

- *Lisibilité du résultat* : le résultat de l'apprentissage est un réseau constitué de cellules organisées selon une architecture, définies par une fonction d'activation et un très grand nombre de poids à valeurs réelles.
- *Les données réelles* : les réseaux traitent facilement les données réelles "préalablement normalisées" et les algorithmes sont robustes au bruit. Ce sont, par conséquent, des outils bien adaptés pour le traitement de données complexes éventuellement bruitées comme la reconnaissance de formes (son, images sur une rétine, etc.).
- *Classification efficace* : le réseau étant construit, le calcul d'une sortie à partir d'un vecteur d'entrée est un calcul très rapide.
- *En combinaison avec d'autres méthodes* : pour des problèmes contenant un grand nombre d'attributs pour les entrées, il peut être très difficile de construire un réseau de neurones. On peut, dans ce cas, utiliser les arbres de décision pour sélectionner les variables pertinentes, puis générer un réseau de neurones en se restreignant à ces entrées.

- b. **Inconvénients**

- *Temps d'apprentissage* : l'échantillon nécessaire à l'apprentissage doit être suffisamment grand et représentatif des sorties attendues. Il faut passer un grand nombre de fois tous les exemples de l'échantillon d'apprentissage avant de converger et donc le temps d'apprentissage peut être long.

- *Evolutivité dans le temps* : comme pour les arbres de décision, l'apprentissage n'est pas incrémental et, par conséquent, si les données évoluent avec le temps, il est nécessaire de relancer une phase d'apprentissage pour s'adapter à cette évolution.

## 1.4 Métaheuristiques pour l'extraction de connaissances

Les métaheuristiques sont des méthodes qui permettent de concevoir des algorithmes pour la résolution des problèmes d'optimisation auxquels les ingénieurs et les décideurs sont régulièrement confrontés. La majorité des problèmes d'extraction de connaissances peuvent s'exprimer des problèmes d'optimisation combinatoire. Or, de nombreux problèmes d'optimisation combinatoire sont NP-difficiles et ne pourront donc pas être résolus de manière exacte dans un temps raisonnable puisque la capacité de calcul des machines évolue linéairement alors que le temps nécessaire à la résolution de ces problèmes évolue exponentiellement. Lorsqu'on attaque à des problèmes réels, il faut se résoudre à un compromis entre la qualité des solutions obtenues et le temps de calcul utilisé.

Ces méthodes sont souvent inspirées par des systèmes naturels, qu'ils soient pris en physique (cas de recuit simulé), en biologie de l'évolution (cas des algorithmes génétiques) ou encore en éthologie (cas des algorithmes de colonies de fourmis ou de l'optimisation par essais particuliers).

Selon [Jou03] les métaheuristiques peuvent être classées en deux groupes : les méthodes à solution unique et les méthodes à population de solutions.

### - Les métaheuristiques à solution unique

Les méthodes itératives à solution unique sont toutes basées sur un algorithme de recherche de voisinage qui commence par une solution initiale, puis l'améliore pas à pas en choisissant une nouvelle solution dans son voisinage [Bac99]. Les méthodes les plus utilisées pour l'extraction de connaissances sont : la méthode de descente, le recuit simulé et la méthode tabou.

### - Les métaheuristiques à population de solutions

Les méthodes d'optimisation à population de solutions améliorent, au fur et à mesure des itérations, une population de solutions. L'intérêt de ces méthodes est d'utiliser la population comme facteur de diversité. Les méthodes les plus utilisées sont : la recherche par dispersion (Scatter Search), les algorithmes génétiques, la programmation génétique, les algorithmes à essaim de particules, les systèmes immunitaires artificiels, les algorithmes à estimation de distribution et les colonies de fourmis.

## 1.5 Fouille de données biomédicales

Dans le domaine médicale, les experts ont accumulé ces dernières années de très grande quantité de données (étude épidémiologiques et pharmaceutiques, génomique, imagerie, ...). En effet l'accroissement des connaissances médicales est explosif et l'augmentation du nombre de paramètres nécessaires à la prise en charge des patients se fait en parallèle. Le développement interrompu de nouvelles méthodes d'investigation comme les techniques d'imagerie, les exploration fonctionnelles ou les techniques dérivées du génie biologique contribue à cette augmentation des connaissances. Il devient de plus en plus difficile, pour un médecin, de maîtriser les connaissances nécessaires à la pratique des soins, voir simplement d'y accéder en temps utile.

D'une façon général, la gestion d'objets complexes est devenue nécessaire à la prise de décisions. Ces objets recouvrent, en plus des images, des textes en langage clair, des signaux (électriques, acoustiques, électro-physiologiques, etc.) mais aussi des ensembles des concepts reliés entre eux (connaissances physiopathologiques) ou des procédures devant être activées sous certaines conditions (protocoles de calcul d'une dose optimale d'un médicament, protocoles de soins infirmiers, etc.).

Le domaine biomédicale s'inscrit parmi les domaines auxquels le data mining s'intéresse, ainsi la communauté scientifique s'intéresse à la technologie des entrepôts de données, aux outils et techniques d'analyse en ligne connus sous l'appellation *OLAP* et à *la fouille de données biomédicales*.

### 1.5.1 Diversité des données biomédicales

Les informations liés aux patients peuvent être construites à partir de deux types de données :

- Structurées (champ cholestérol)
- Non structurées (texte, image)

En effet le dossier médicale ne se résume plus aux notes cliniques du médecin mais devient la compilation d'analyses de plus en plus sophistiqués.

On parle désormais d'objets complexes. Ces objets recouvrent, des données numériques pouvant être structurées de façon tabulaire comme les résultats d'analyse biochimiques, mais incorpore également des données textuelles comme les comptes-rendus d'observations cliniques, ou encore des graphiques tels que les tracés d'électrocardiogramme ou d'électro-

encéphalogramme, ainsi que des images complexes fournies par les radiographies, échographies, IRM ou scanners ; mais aussi des ensembles de concepts reliés entre eux (connaissances physiopathologiques) ou des procédures devant être activées sous certaines conditions (protocoles de calcul d'une dose optimale d'un médicament, protocoles de soins infirmiers, etc.). toutes ces informations participent dans le processus de perception-décision-action en médecine, et notamment en chirurgie.

### **1.5.2 Caractéristiques et spécificités des données biomédicales**

En médecine, plus que d'autres disciplines, les observations sur lesquelles se basent les décisions médicales sont très imparfaites. Elles peuvent être floues, ambiguës, incomplètes, incertaines. Le processus décisionnel, qu'il soit diagnostique, thérapeutique ou pronostique est donc un processus sous incertitude. Plusieurs éléments participent à cette situation [Jam08] [Mar03].

- Les observations sont floues parce qu'il n'y a pas de vocabulaire standardisé communément utilisé par la communauté médicale et répondant à des définitions clairement exprimées.

- Elles sont ambiguës car le malade peut exprimer une plainte et le médecin en attendre une autre. De plus, des observations différentes ont des seuils de perception différents dans l'appréciation de la présence ou l'absence d'un signe.

- Les observations sont incomplètes car, en situation de décision, le médecin doit agir sans connaître l'ensemble de données relatives à un patient et bien entendu toute la connaissance spécifique de la situation. Ceci est particulièrement vrai dans des situations d'urgences, où un patient peut se retrouver inconscient, lorsque les résultats de laboratoire ne sont pas encore disponibles ou lorsqu'une technique particulière fournissant des informations utiles pour le diagnostic n'est pas pratiquée dans la structure de soins.

- Elles sont incertaines car les connaissances cliniques sont l'expression d'observations statistiques sur des échantillons de patients présentant des maladies plus ou moins fréquentes, ayant des formes cliniques différentes et ne s'exprimant pas toujours par la même symptomatologies, partageant certains signes avec d'autres maladies ou présentant des réponses variables à un traitement donné.

- La reproductibilité des observations médicales est fonction des méthodes de mesure (variabilité analytique), des observations (variabilité intra et inter-observateurs et du sujet observé (variabilité intra et inter-individuelle).

- Données manquantes ou bruitées
- Données hétérogènes : les données médicales peuvent se présenter sous différentes formes : description textuelles, différents types d'images, valeurs numériques, signaux, multimédias, ...
- Données multidimensionnelles : la multidimensionnelle signifie que de nombreux éléments «différents» de données, représentant chacun une dimension qui peut varier en valeur, et caractérisant ainsi un point d'intérêt. L'entité patient en forme le meilleur exemple, en effet il n'est pas inhabituel pour un dossier médicale d'un patient de contenir 50 ou même 100 différents types d'éléments de données. Cependant la prise en compte de l'ensemble de ces dimensions n'est pas une tâche aisée et reste un déficit à relevé.
- Interprétation : l'interprétation des données par différents lecteurs spécialistes reste subjective.
- Questions d'éthique, légale et sociale : la difficulté rencontrée lors de la collecte des données (souvent collectées à partir de peu de patients) ce problème est dû aux problèmes d'éthique et de la confidentialité des données médicales.

Ces caractéristiques typiques des données médicales ne facilitent pas la tâche d'extraction des données, mais n'en forme pas pour autant un obstacle, néanmoins des adaptations des techniques de fouille ainsi que des traitements supplémentaires seront nécessaires, ce qui complique considérablement le processus de fouille, et accroît l'effort et les coûts.

### **1.5.3 Définition de la fouille de données biomédicales**

D'après K. Cios et al. [Cio02], la fouille de données médicales peut être identifiée comme une tâche particulière d'extraction de connaissances. En effet, les données médicales sont souvent hétérogènes, soumises à des problèmes d'éthique et de confidentialité, et de ce fait elles sont souvent collectées à partir de peu de patients. Dans ce contexte, la fouille de données médicales peut s'avérer être un problème difficile et nécessitant la connaissance d'un expert [Ama04].

Plusieurs évolutions majeures ont marqué la pratique médicale des vingt dernières années, les données nécessaires à l'extraction de connaissances sont souvent réparties dans différents supports (dossier médicale hospitalier, base de données locales à un service, dossier administratif, ...), sous différentes formes (textuelles, multimédias, ...), leur exploitation à des fins de recherche clinique et évaluative nécessite alors d'une part leur

intégration, d'autre part la mise au point de méthodes d'extraction de l'information adaptées aux spécificités des données médicales (non déterministes, bruitées, entachées de valeurs manquantes) et la définition de processus pour mettre en œuvre ces méthodes sur des jeux de données réelles.

L'application des techniques du data mining au domaine biomédicale est une aventure certes enrichissantes, mais très difficile. Cette difficulté est non seulement liée aux grandes bases de données mais aussi principalement aux problèmes cités ci-dessous :

Le premier problème concerne la spécificité des données médicales : il s'agit de données particulières, complexes, hétérogènes, hiérarchiques souvent imprécises, subjectives, bruitées, entachées de valeurs manquantes, ou incomplètes ... La phase de prétraitement apparaît alors comme une phase cruciale dans le processus *KDD*.

Au niveau de l'intégration de données, elle conditionne la qualité des informations contenues dans la base de données décisionnelles et qui seront utilisées par les méthodes de fouille de données et par les outils de pilotage. Au niveau de la fouille des données proprement dite, la qualité des données et la méthode de prise en compte des données manquantes ont une influence sur les résultats obtenues par ces techniques.

Le second problème concerne la nécessité d'une validation par les experts de l'ensemble des traitements effectués sur des données médicales, que ce soit au niveau de la phase de prétraitement ou au niveau des résultats produits par les algorithmes de fouille de données.

Ces problèmes font des algorithmes de la fouille de données classique des outils non appropriés pour traiter ce type de données. De ce fait, des adaptations de ces derniers s'avèrent nécessaires avant toute application au domaine biomédicale

#### **1.5.4 Les travaux réalisés**

L'utilisation des méthodes de data mining au domaine biomédical est en forte croissance. Une liste non exhaustive de quelques travaux de recherche est dressée ci-dessous :

- Fouille de règles d'association dans des images médicales [Jia05].

- Fouille de données biomédicales basées sur une ontologie.

- L'intégration des données, le data mining (fouille de données) et le support à la décision : réalisé par IBM research Lab-Zurich [And05]; où ils ont utilisé la technique d'intégration (processus de combinaison de l'information). Pour intégrer ensemble de

données médicales, la technique de fédération était utilisée (regroupement de différentes entités chacune gardant sa propre organisation).

- Fouille de données de génome à l'aide de modèles de Markov cachés [Leb05].

## 1.6 Conclusion

Dans ce premier chapitre, nous avons présenté les principaux concepts de fouille de données, les processus, les tâches et les méthodes les plus utilisés en data mining ainsi que les avantages et les inconvénients de chaque méthode.

Dans notre travail nous nous intéressons aux techniques de la classification automatique, ou segmentation (clustering). Nous avons vu que la segmentation permet de regrouper des objets (individus ou variables) en un nombre limité de groupes ou de classes. Les détails, font l'objets du chapitre suivant.

Dans cette partie nous accordons une attention particulière aux images et aux techniques de fouille dans ces dernières, la segmentation formant l'une des ces techniques suscite un grand intérêt auprès de la communauté scientifique.

En effet, la recherche en imagerie médicale est une des disciplines les plus actives du traitement d'images. La segmentation et l'analyse d'images dans un contexte clinique reste un problème majeur de l'imagerie médicale. La multiplicité des modalités d'imagerie, ainsi que les fortes variabilités des structures et pathologies à analyser rendent cette tâche fastidieuse.

Les méthodes de segmentation d'images en générale et particulièrement les images médicales IRM font l'objet du chapitre suivant.

# **Méthodes de Segmentation d'Images Médicales IRM: Etat de l'Art**

---

## **2.1 Introduction**

Utilisées dans un contexte médical, les images IRM sont pour les médecins une source d'informations précieuse et conséquente, permettant l'analyse et le suivi des pathologies. En effet, ce type d'imagerie fournit, de façon non invasive, des représentations contrastées et de haute résolution de l'anatomie cérébrale, permettant ainsi son observation *in vivo*. Cependant, l'étude systématique et « manuelle » de clichés est longue et fastidieuse, et souffre de la variabilité d'interprétation des spécialistes. Ainsi, de nombreuses recherches ont été menées afin d'automatiser l'analyse des images ; la segmentation en forme le point de départ.

Le contexte de notre étude repose plus particulièrement sur l'aide au diagnostic des structures cérébrales. L'objectif visé est de séparer précisément les différentes principaux tissus cérébraux du cerveau humain à partir des images IRM. Cette segmentation doit naturellement être reproductible, précise et fiable.

Bien que la segmentation et la reconnaissance de structures en imagerie médicale soient des thèmes de recherche anciens, ils suscitent toujours beaucoup de travaux, tant les problèmes rencontrés sont difficiles et évoluent avec les techniques d'acquisition. On présentera dans ce chapitre un état de l'art des différentes méthodes de segmentation en insistant particulièrement sur la segmentation d'images cérébrale en IRM.

## **2.2 Méthodes de segmentation**

### **2.2.1 Quelques précisions de vocabulaire**

Par nature, chaque point d'une image IRM est la représentation d'un volume élémentaire de l'espace. Cependant, nous appelons traitement bidimensionnel (ou 2D) un traitement réalisé sur une unique coupe et traitement tridimensionnel (ou 3D) un traitement réalisé sur un ensemble de coupes successives empilées; cet ensemble est alors considéré comme un volume. Nous réservons ainsi les termes pixel pour les traitements et applications 2D et voxel pour le 3D.

Lorsque les informations traitées se composent de plusieurs images ou volumes obtenus sous différents paramètres d'acquisition, le traitement est appelé multi-échos par opposition au traitement simple-écho.

### **2.2.2 Segmentation d'images**

La segmentation est un traitement de bas niveau qui consiste à créer une partition de l'image observée en un certain nombre de régions selon un critère déterminé (couleur, texture, niveau de gris, ...) qui pourront par la suite être traitées de manières différentes [Ger99]. La segmentation d'images est l'un des problèmes phares du traitement d'images. En effet elle constitue l'une des étapes les plus importantes pour l'analyse des données d'images [Boy02].

La qualité de la segmentation, c'est à dire, la précision de la localisation et la non confusion des régions, a un impact direct sur les performances de l'application. Malgré les nombreuses recherches qui ont eu lieu dans le passé sur les méthodes de segmentation, le problème de la segmentation reste toujours mal posé, car on ne sait jamais dire quelle est la segmentation idéale. L'idéale est bien sur que la région, se rapproche de la notion d'objet, au sens courant du terme.

### **2.2.3 La segmentation de l'IRM cérébrale**

La segmentation précise et robuste du tissu cérébral étudié par IRM est une question très importante dans beaucoup d'applications et en particulier dans l'étude de certains désordres du cerveau.

Une segmentation du tissu cérébral consiste à séparer les différents tissus tumoraux, tels que le tumeur, l'oedème et la nécrose, ainsi que les tissus normaux tels que la matière grise, la matière blanche et le liquide céphalorachidien. La segmentation est facilitée par

l'utilisation de plusieurs types d'IRM. Les images pondérées en T1, T2 et en densité de protons sont notamment couramment employées en clinique. Ces trois types de séquences peuvent être complétés par d'autres types d'IRM, telles que les séquences utilisant un produit de contraste tel que le Gadolinium, FLAIR, et les de perfusion, de diffusion et spectroscopiques.

La segmentation d'images a pour objectif d'identifier, dans les images, les pixels ou voxels appartenant à une région particulier. Cette région peut correspondre à une structure anatomique, pathologique ou fonctionnelle. La segmentation du cerveau étudié par IRM peut comprendre :

- La segmentation de structures [Bar01c],
- La classification des tissus[Vig04],
- La segmentation du volume d'objet (par exemple tumeur) [Pen94].
- La classification ou segmentation des tissus, peut, par exemple concerner la segmentation des tumeurs [Dmi98] comprennent des méningiomes et des gliomes [Ary99].

Elle inclut aussi la segmentation du cerveau en liquide cérebrospinal (LCS), matière blanche (MB) et matière grise (MG) [Pen94][Pfe89][Jin00] et la quantification de lésions, par exemple liées à la sclérose en plaques [Sam97][ Mar94].

Les méthodes utilisées se basant sur les propriétés iconiques des structures à identifier, c'est à dire liées aux intensités des pixels ou voxels, ou sur les propriétés géométriques de ces structures. Ces propriétés correspondent à des connaissances a priori sur les structures à segmenter et peuvent être implicites. Une segmentation automatique est nécessaire pour deux raisons :

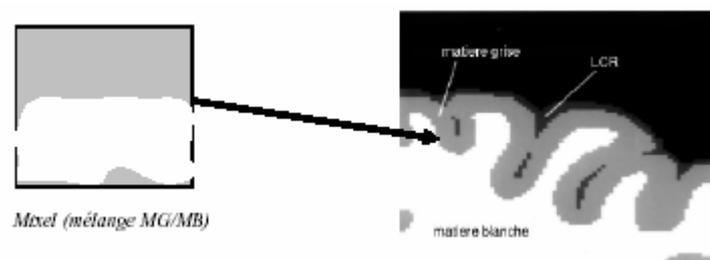
- Le temps du tracé manuel par un expert sur un tissu 3D spécifique est long,
- L'expertise humaine peut produire des erreurs difficilement contrôlables et reproductibles.

Par conséquent, de nombreuses études de segmentation automatique des tissus du cerveau dans les images IRM ont été effectuées et rapportées dans la littérature, telles que des techniques basées sur les réseaux de neuronaux [Ama92][ Mac93], la logique floue, des méthodes statistiques [Jud97], la fusion d'informations [Blo03]. Par la suite nous présenterons les principales méthodes.

## 2.2.4 Spécificités de la segmentation de l'IRM cérébrale

La segmentation de l'IRM cérébrale présente des particularités par rapport à d'autres domaines d'applications de la segmentation, comme la segmentation des cartes routières, ou la segmentation des visages [Bos03]. Ces particularités sont liées aux spécificités des objets à segmenter (*Ref. Annexe A*) et au processus d'acquisition IRM caractérisées par :

- **Information d'intensité insuffisante** : l'intensité observée sur des images IRM n'apporte qu'une information incomplète sur les structures anatomiques sous-jacentes. Plusieurs structures peuvent avoir la même intensité : en T2 il n'y a pas de différence de contraste entre la MG et la MB. En T1, certaines structures, comme le corps calleux, n'ont pas de bords précisément délimités. Dans un autre exemple, l'intensité IRM lors de la transition entre la MG et la MB est complexe, et peut être variable. Une solution qui permet de palier à l'insuffisance des informations présentées dans l'image, est l'utilisation simultanée de plusieurs modalités.
- **Erreurs/artefacts d'acquisition** : les principaux artefacts apparaissant en IRM ont été présentés au paragraphe B.5.1 (*Ref. Annex B*). Lors de la segmentation, l'artefact le plus souvent cité est l'artefact d'inhomogénéité de la radio fréquence *RF* qui se manifeste par une variation spatialement lente de l'intensité des tissus sur l'image. La plupart des méthodes de segmentation prend en compte cet artefact, soit en l'éliminant par un prétraitement approprié, soit en le modélisant explicitement au cours de la segmentation.
- **Volume partiel** : le terme « *volume partiel* » est utilisé dans le milieu de l'imagerie médicale pour désigner les problèmes dus à l'échantillonnage (ou résolution) de l'image. En effet, si on considère une portion d'image à la frontière de deux tissus différents, l'échantillonnage donnera des pixels qui portent une information provenant de plusieurs pixels voisins (voir Fig. 2.1), le terme « *volume partiel* » évoque une vision d'un pixel qui contiendrait un mélange de plusieurs tissus, le pixel à ce niveau est appelé « *mixel* ».



**Figure 2.1:** *Problème du volume partiel.*

### **2.2.5 Les différentes approches de segmentation**

La segmentation est une étape essentielle en traitement d'images dans la mesure où elle conditionne l'interprétation qui va être faite sur ces images. De nombreux algorithmes ont ainsi été proposés durant les dernières décennies [Coc95][Fre02]. Ils sont généralement fondés sur des principes différents. Nous proposons dans cette section de parcourir, de manière non exhaustive, différentes approches présentes dans la littérature. Dans un premier temps, nous abordons différentes méthodes de segmentation des images cérébrales IRM d'un point de vue « Traitement d'images », puis nous traitons le point de vue « Reconnaissance des formes ». Au sein de ces deux parties, nous avons choisi, pour une meilleure lisibilité, de découper chaque approche en famille d'algorithmes. Le lecteur pourra se référer à l'annexe A pour une rapide description des différentes structures anatomiques cérébrales, cibles des différents algorithmes de segmentation.

Bien que nous présentons séparément les approches « Traitement d'images » et « Reconnaissances des formes », nous insistons sur leur complémentarité et non sur leur opposition. La nuance qui est faite repose sur les objectifs des traitements appliqués aux données. Dans le premier cas, il s'agit d'identifier la nature particulière d'un signal bidimensionnel, si on traite individuellement des coupes, ou tridimensionnel, si on considère le volume constitué de leur empilement. La rupture du signal sera alors représentative d'un contour, et l'homogénéité des niveaux radiométriques sera caractéristique d'une région. Dans le second cas, on s'attache plus particulièrement à définir des critères de classification de pixels ou de voxels, dans un espace d'attributs multidimensionnel. Ces approches ont, toutes deux, un but commun : la segmentation des images, et, en particulier ici, la segmentation des images issues de l'imagerie IRM.

#### **2.2.5.1 Etat de l'art du point de vue « Traitement d'images »**

Dans cette partie, nous abordons la problématique de la segmentation des images IRM du cerveau d'un point de vue « Traitement d'images ». Généralement, cette problématique peut être abordée sous deux grands axes duaux. D'un côté, les approches régions visent à localiser les zones homogènes des images, marquant la présence des régions. De l'autre, les approches contours recherchent les discontinuités des images, caractérisant la présence des frontières entre les régions.

##### **2.2.5.1.1 Approches régions**

Les approches de segmentation régions visent à créer une partition de l'image en un ensemble de régions homogènes au sens d'un ou plusieurs critères. On recherche donc à rassembler les pixels (ou voxels) par critères de similarité. Par la suite, nous nous

intéressons plus particulièrement aux méthodes à base de seuillages, puis aux méthodes par croissance de régions et finalement aux méthodes fondées sur la morphologie mathématique.

### **A. Seuillages**

Les méthodes de segmentation par seuillages visent à discriminer les individus (pixels ou voxels) en fonction de leurs niveaux radiométriques (niveaux de gris). Elles supposent donc, de manière implicite, que l'intensité des structures est suffisamment discriminante pour permettre leur bonne séparation. Le plus souvent, les seuils sont déterminés à l'aide d'une analyse d'histogrammes, localement ou globalement à l'image ou au volume.

Dans [Zij94], Zijdenbos et al. présentent une revue des méthodes de segmentation des images IRM cérébrales dans laquelle les méthodes à base de seuillages sont largement traitées. Les structures visées sont variées : cerveau, liquide céphalo-rachidien, matière blanche, matière grise... Si ces méthodes sont simples à mettre en œuvre, on remarque cependant qu'elles nécessitent bien souvent des post-traitements. Ainsi, dans [Bru93], où la problématique est de segmenter le cerveau sur des images pondérées en T1, un seuillage automatique fondé sur l'analyse de l'histogramme de l'image est utilisé pour discriminer le cerveau du fond de l'image. Cependant, les contours définitifs de la zone cérébrale sont obtenus par opérations morphologiques et par l'utilisation d'informations a priori sur la localisation du cerveau. De même, dans [Sha02], des séries d'analyses d'histogrammes, de seuillages et d'opérations morphologiques sont couplées pour successivement déconnecter le fond de la tête, le crâne du cerveau puis éliminer les éléments résiduels ne correspondant pas au cerveau sur des images pondérées en T1. La méthode, testée sur des données simulées et réelles, est jugée, par les auteurs, simple, rapide et efficace. La segmentation de plusieurs volumes correspondant à un même sujet a montré une bonne reproductibilité des résultats. Concernant la segmentation des tumeurs, les méthodes par seuillages sont peu nombreuses. Dans [Kap90], des tumeurs de la matière blanche sont détectées par une approche utilisant un seuillage et des informations a priori sur les niveaux radiométriques des tumeurs. Dans un premier temps, les tumeurs sont grossièrement détectées par un seuillage des images pondérées en T2. De nombreux voxels correspondant à des fausses alarmes sont ensuite éliminés par un critère fondé sur des informations a priori sur les niveaux radiométriques des voxels proches de la tumeur, sur les images pondérées en DP. Cette méthode, qui exploite indépendamment les images pondérées en T2 et en DP, permet une détection correcte des tumeurs de la matière blanche mais n'est cependant pas adaptée à la diversité des tumeurs cérébrales. De plus, les résultats obtenus sont très dépendants du seuillage initial, qui peut être défaillant en cas de bruit et de dérive. Dans [Tsa95], une

méthode de segmentation automatique des principaux tissus cérébraux et des tumeurs est présentée. Exploitant indépendamment les pondérations en T2 et en DP, l'algorithme se compose de séries d'analyses d'histogrammes et d'opérations morphologiques. La tumeur est détectée en dernier lieu par un seuillage automatique sur les images pondérées en T2. Testé sur plus de 200 coupes, cet algorithme fournit des résultats jugés acceptables par des radiologistes experts. On notera cependant que les histogrammes présentés possèdent des modes particulièrement marqués, facilitant ainsi la détermination des seuils. Dans ce contexte, il est alors difficile de généraliser les performances de l'algorithme.

Les méthodes de segmentation par seuillages sont des méthodes rapides et simples à mettre en œuvre. Néanmoins, elles échouent lorsque les régions de recherche sont insuffisamment contrastées, lorsque les niveaux radiométriques des structures anatomiques se recouvrent ou encore lors de dérive du champ radiofréquence. Or, le recouvrement des niveaux radiométriques entre les différentes structures et le phénomène de dérive sont des défauts typiques de l'imagerie IRM (Incertitudes et imprécisions), limitant les performances de ces méthodes. Toutefois, des solutions peuvent être mises en place. En particulier, l'effet de la dérive peut être réduit par sa prise en compte lors de prétraitements ou simultanément à la segmentation [Lim89]. De plus, l'absence de prise en compte de contraintes de voisinage rend ces méthodes très sensibles au bruit, les régions obtenues pouvant alors être sémantiquement peu cohérentes. Enfin, même si théoriquement les méthodes à base de seuillages peuvent s'appliquer à des volumes multi-échos, elles n'exploitent, pour la plupart, qu'une seule pondération ou exploitent indépendamment les différentes pondérations, sans réelle exploitation de leur complémentarité [Tsa95].

En dépit de leurs avantages, les méthodes de segmentation par seuillages ne semblent donc pas adaptées pour, à elles seules, segmenter les principales structures anatomiques et les éventuelles pathologies. Leur utilisation nécessite, en particulier, la prise en compte d'informations locales, liées au voisinage d'un pixel ou d'un voxel.

### **B. Croissance de régions**

Les algorithmes de croissance de régions sont fondés sur l'agrégation progressive des pixels ou voxels à partir d'un point initial appelé « germe », selon un critère. Les points voisins du germe sont successivement examinés; s'ils vérifient le critère d'agrégation, ils sont inclus à la région et deviennent à leur tour un germe; dans le cas contraire, ils sont rejetés. Le critère est le plus souvent un critère local basé sur les niveaux radiométriques des points. Les méthodes fondées sur la croissance de régions permettent aussi bien la segmentation de structures saines [Thi97][Sch01] que la segmentation de structures pathologiques [War95][Hoj01].

Dans [Thi97], Thiran et al. proposent une méthode de croissance de régions pour la segmentation du cerveau sur des images IRM tridimensionnelles. L'algorithme combine une croissance de régions fondée sur le principe des lignes de partage des eaux [Coc97] avec une procédure de sélection automatique des germes. La croissance des régions est guidée, non pas par une information de type gradient, mais par les niveaux radiométriques de l'image. La segmentation obtenue permet alors des rendus de surfaces cérébrales ou la labellisation automatique de sulci<sup>1</sup> et gyri<sup>2</sup>.

Dans [Sch01], le ventricule latéral et le troisième ventricule sont segmentés par croissance de régions et morphologie mathématique. La croissance de régions est guidée par des connaissances anatomiques a priori sur le système ventriculaire. Des tests sur la base de données Brainweb<sup>3</sup> montrent un taux de recouvrement de 98% entre les segmentations obtenues et la vérité terrain.

Dans [War95], Warfield et al. présentent une méthode d'identification des tumeurs de la matière blanche. Cette méthode suppose la segmentation préalable du cortex, de la matière grise et de la matière blanche. En particulier, le cortex est segmenté par croissance de régions, guidée par des connaissances anatomiques a priori sur la forme de la structure, ainsi que par des contraintes d'intensité et de gradient. Les lésions sont ensuite détectées par un maximum de vraisemblance.

Dans [Hoj01], la croissance de régions est directement utilisée pour segmenter des lésions cérébrales de faibles intensités radiométriques sur des images pondérées en T1. Le critère de croissance est basé sur une mesure de contraste. L'originalité de cette approche est l'ajout d'un critère fondé sur la taille 5 des régions de façon à éviter l'agrégation de zones anatomiques d'intensités radiométriques proches de celles de la tumeur (e.g. liquide céphalo-rachidien, os...). Si le taux de bonne classification d'environ 90% est considéré comme bon par l'auteur, notons que les tests n'ont été réalisés que sur trois volumes cérébraux. De plus, l'algorithme nécessite une forte intervention de l'opérateur pour placer le germe initial et définir les critères sur la taille des régions, critères difficilement appréciables et dont la pertinence est fortement corrélée à l'expérience de l'opérateur.

Tout comme les méthodes à base de seuillages, les segmentations par croissance de régions sont simples à mettre en œuvre, mais parfois coûteuses en temps de calcul. Leur avantage réside dans la prise en compte des informations contextuelles par le mécanisme

---

<sup>1</sup> Sulcus (n.m.), au pluriel sulci : sillon des lobes cervicaux.

<sup>2</sup> Gyus (n.m.), au pluriel gyri : repli des lobes cervicaux.

<sup>3</sup> <http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb/>

de croissance et dans la possibilité d'introduire des informations de plus haut-niveau. Néanmoins, leur inconvénient est lié à la disposition des germes initiaux. En effet, celle-ci nécessite quasi-systématiquement l'intervention d'un opérateur, en particulier lorsqu'il s'agit de détecter des tumeurs, qui, par définition, n'ont pas de localisation a priori dans le cerveau, et sur lesquelles nous ne disposons d'aucune connaissance anatomique. Enfin, nous notons leur utilisation restreinte au contexte simple-écho.

### C. Morphologie mathématique

La morphologie mathématique est une branche des mathématiques fondée sur l'étude des ensembles permettant d'analyser les structures géométriques. Ses bases théoriques ont été établies par Matheron [Mat65] et Serra [Ser82]. Les outils de base de la morphologie mathématique [Sch93] (érosion, dilatation, fermeture, ouverture...) se retrouvent fréquemment dans des méthodes de segmentation de l'enveloppe cérébrale [Bru93][Gér98] [Tsa95]. Ainsi dans [Bru93], Brummer et al. utilisent des érosions, dilatations et étiquetages en composantes connexes à la suite de seuillages afin de déconnecter les structures non cerveau de la structure cerveau et d'affiner le masque initial. Dans [Man98], la morphologie mathématique est couplée à un processus de seuillage adaptatif fondé sur l'histogramme de l'image. Cette méthode est reprise dans [Gér98] en ajoutant quelques opérations morphologiques de façon à garantir une meilleure robustesse aux variations anatomiques et des acquisitions.

Toujours dans [Gér98], Géraud propose, à la suite de la segmentation du cerveau, de coupler seuillages et morphologie mathématique pour segmenter successivement le liquide céphalo-rachidien (ventricules et liquide des sillons) et la matière grise (cortex et noyaux de gris centraux) sur des images pondérées en T1. Les résultats obtenus sont jugés très corrects par l'auteur. Il modère toutefois ses propos du fait de la dépendance successive des segmentations et de la nécessaire connaissance des niveaux radiométriques pour la détermination des seuils.

La morphologie mathématique est rarement utilisée seule pour segmenter les structures cérébrales mais fait généralement partie d'une chaîne de traitements plus complexe. A notre connaissance, il n'existe pas de méthode directe de segmentation ou de détection des tumeurs par morphologie mathématique. Cette technique, qui s'appuie sur des informations *a priori* concernant la forme des objets à segmenter, ne semble donc pas adaptée à la recherche de zones tumorales, celles-ci étant, par nature, caractérisées par une grande variabilité de forme.

### 2.2.5.1.2 Approches contours

Contrairement aux approches régions, qui cherchent à former des zones homogènes, les approches contours travaillent sur les discontinuités des images afin de déterminer les contours des régions. Dans la suite, nous nous intéressons plus particulièrement aux méthodes dérivatives et aux méthodes fondées sur les modèles déformables.

#### A. Méthodes dérivatives

Les méthodes dérivatives permettent de détecter de manière simple les ruptures dans une image ou un volume. Les contours (ou surfaces en 3D) sont assimilés à des points de forts gradients ou de dérivées secondes nulles. On retrouvera alors des opérateurs tels que les filtres de Roberts [Rob65], de Sobel [Sob78] ou de Prewitt [Pre70] pour le gradient et le Laplacien pour les dérivées secondes.

Parmi la diversité des opérateurs, celui de Marr-Hildreth [Mah80] qui fournit des contours fermés, est plébiscité par de nombreux auteurs. Dans [Bom90], Boman et al. utilisent une approximation de cet opérateur dans un processus de segmentation 3D. Les régions définies à partir des contours sont ensuite manuellement labellisées. Les structures cérébrales recherchées sont alors la peau, les os, le cerveau et le système ventriculaire. Certains contours obtenus se trouvent décalés par rapport à la réalité anatomique. Dans ce cas particulier, une fermeture morphologique est recommandée.

Dans [San97], le cerveau est segmenté en combinant un filtrage anisotropique, une détection de contours par l'opérateur de Marr-Hildreth et des opérations de morphologie mathématique. Une procédure identique est utilisée dans [Sta01] comme préalable à la segmentation des différents tissus du cerveau sur les images pondérées en T1.

Les méthodes dérivatives, employées pour la segmentation des images IRM cérébrales, sont relativement peu nombreuses dans la littérature. Bien que rapides et ne nécessitant pas d'apport d'information *a priori*, elles ne permettent pas, en général, d'obtenir des contours fermés. Elles sont en effet très sensibles au bruit et à la dérive du champ radiofréquence. Leur efficacité repose sur l'existence de contrastes entre les structures recherchées. Si ceux-ci existent effectivement au niveau de la peau ou du système ventriculaire, ils sont beaucoup moins importants au niveau de la transition matière blanche/matière grise ou encore au niveau du liquide céphalo-rachidien périphérique. Enfin, ces méthodes fournissent fréquemment de la sous- ou de la sur-segmentation [Del91].

## B. Modèles déformables

Les algorithmes de segmentation fondés sur les modèles déformables dérivent des méthodes de contours dynamiques introduites par Terzopoulos [Kas88][Mci96]. Ils ont l'avantage, par rapport aux méthodes dérivatives, de fournir des contours ou surfaces fermés. Le principe de base est de faire évoluer un objet d'une position initiale vers une position d'équilibre par la minimisation itérative d'une fonctionnelle. Cette dernière permet de prendre en compte, par l'intermédiaire de forces externes et internes, des informations a priori sur la forme de l'objet à détecter. Les différentes méthodes de la littérature sont généralement dédiées, non pas à la segmentation de l'ensemble des principales structures du cerveau, mais à celle d'une structure particulière.

Dans [Mar00], Marais et al. proposent un schéma de segmentation de l'arachnoïde (surface du cortex) adapté aux images anisotropiques. La méthode se fonde sur un modèle de frontière (Active Shape Model) contraint par des informations a priori sur la frontière recherchée. Dans la même problématique, MacDonald et al. [Mac00] traitent de la segmentation de la surface corticale. Des contraintes géométriques telles que la non-intersection des surfaces du modèle déformable et des contraintes anatomiques sur l'épaisseur du cortex sont intégrées dans le problème de minimisation. La surface du cortex et une bonne localisation des sulci sont ainsi obtenues, même en cas de bruit important. La méthode, testée sur plus de 150 sujets sains, a permis la création d'une carte 3D de la moyenne et l'écart-type de la surface corticale. Dans [Bai00][Bai01], un modèle déformable est utilisé pour la segmentation du cerveau (matière blanche et matière grise). L'originalité de la méthode est de considérer l'évolution du modèle comme un problème de propagation, résolu sous la forme d'équations aux dérivées partielles. La surface 3D est alors représentée par une fonctionnelle 4D implicite qui évolue au cours du temps en se propageant vers les contours désirés. Les pas de propagation et le poids des forces de contraintes de minimisation sont mis à jour à chaque itération par une adaptation aux données. Cette dernière est obtenue par l'utilisation simultanée des informations globales sur l'image (densités de probabilités) et des informations locales (radiométrie locale des points). Sur la base de données Brainweb, la méthode s'avère efficace même lorsque l'initialisation est éloignée de la surface optimale. Sur des données réelles, l'algorithme n'a échoué que lorsque le liquide céphalo-rachidien est trop fin pour correctement séparer la matière grise de la dure-mère et de la graisse.

Les méthodes de segmentation par modèles déformables s'avèrent efficaces pour la segmentation de structures anatomiques particulières. Elles permettent en effet de s'adapter à la forme complexe des structures grâce à l'enrichissement des contraintes de

déformation. Cependant, ces méthodes restent relativement sensibles à leur initialisation (chutes dans des minima locaux). Face à ce problème, les auteurs tendent à inclure des procédures d'initialisation automatique de façon à réduire l'influence des opérateurs et augmenter la reproductibilité des résultats. De plus, nous notons leur utilisation restreinte au contexte simple-écho.

### 2.2.5.2 Etat de l'art du point de vue « Reconnaissance des formes »

Les approches de segmentation présentées jusqu'ici rentrent dans le cadre d'une analyse des données d'un point de vue strictement « image ». Les éléments recherchés sont des régions ou des contours. Un autre point de vue est celui de la reconnaissance des formes qui traite du problème de la prise de décision dans des problèmes de classements [Amb97]. De manière plus formelle, il s'agit du problème de la classification d'individus, définis par un ensemble de caractéristiques, parmi un ensemble de classes préalablement connues, définies ou non. Un problème de reconnaissance des formes nécessite alors [Sch96] :

- de définir les paramètres constituant le vecteur forme  $x$ , représentatif de l'état du système; la dimension de  $x$  est celle de l'espace des caractéristiques ;
- de définir l'ensemble des états ou classes connus pour lesquels on dispose d'informations : modèle probabiliste de comportement, ensemble de vecteurs d'échantillons, etc.;
- de construire une règle de décision qui, à un vecteur forme  $x$ , associe soit la décision d'affecter une classe, soit la décision de rejeter toutes les classes connues, soit une non décision.

Dans le cadre de la segmentation des images IRM, le vecteur forme  $x$  correspond aux niveaux radiométriques du point étudié; la taille de ce vecteur est alors égale au nombre de pondérations utilisées pour la segmentation. D'emblée, on remarque la bonne adaptation de ce formalisme aux traitements multi-échos.

Parmi les approches de reconnaissance des formes, on distingue les méthodes supervisées pour lesquelles les caractéristiques des classes sont *a priori* connues et les méthodes non supervisées qui tendent à faire - d'elles-mêmes - l'apprentissage de ces caractéristiques. Les termes « *apprentissage supervisé* » et « *apprentissage non supervisé* » sont respectivement associés aux termes « classement »<sup>4</sup> ou « discrimination », et

---

<sup>4</sup> Classification, en Anglais.

« classification »<sup>5</sup>. Parmi ces méthodes, certaines offrent la prise en compte des informations contextuelles, ce qui les positionne donc dans un processus de segmentation et non plus dans le cadre de la discrimination ou de la classification.

Enfin, chaque méthode de reconnaissance des formes peut être décrite relativement à un fondement théorique, parmi lesquels on retrouve la théorie des probabilités, la théorie des sous-ensembles flous et la théorie de l'évidence ou théorie des fonctions de croyance.

### **2.2.5.2.1 Approches probabilistes**

La théorie des probabilités, qui repose sur des bases théoriques solides et dispose d'un recul théorique et pratique important, est très prisée dans le cadre de la reconnaissance des formes. Les informations sont modélisées sous la forme d'une mesure de confiance appelée probabilité. Pour la segmentation des images IRM, ces approches probabilistes se fondent sur une modélisation statistique de la radiométrie des images. Chaque région de l'image, i.e. chaque structure anatomique, est associée à une classe dont on recherche les caractéristiques statistiques. Dans ce cadre, chaque observation est considérée comme le résultat d'un processus stochastique et est donc associée à une variable aléatoire. La problématique est alors celle de l'estimation des densités de probabilités à partir des observations et celle de la prise de décision connaissant ces densités. Nous commençons par décrire les approches paramétriques, pour lesquelles les lois de probabilités possèdent des formes établies, puis les approches non paramétriques qui ne font pas d'a priori sur la forme des distributions.

#### **A. Approches paramétriques**

Les approches statistiques paramétriques sont largement présentes dans la littérature. Ce type de méthodes s'appuie sur la définition et l'estimation de densités de probabilités des vecteurs de caractéristiques associés aux données. Un label (ou classe, ou hypothèse) est alors attribué à chaque pixel/voxel des images, à partir de leur niveau radiométrique.

L'estimation des densités de probabilités, nécessaire à la détermination des labels, est généralement résolue par des critères tels que le maximum a posteriori (MAP) ou le maximum de vraisemblance (Maximum Likelihood Estimation - MLE). La difficulté principale est alors l'estimation des probabilités a posteriori. De façon pratique, et grâce à la théorie bayésienne, le problème sera résolu par l'estimation de la probabilité a priori de chaque classe et des probabilités conditionnelles aux observations.

---

<sup>5</sup> Clustering, en Anglais.

Dans un cadre supervisé, les densités sont obtenues grâce à l'intervention d'un opérateur (segmentation par des experts, sélection manuelle de zones d'apprentissage...) [Cla93]. L'inconvénient majeur est alors la création d'un biais d'apprentissage lié à l'opérateur et le problème de la reproductibilité des résultats. La base d'apprentissage doit être suffisamment large pour estimer correctement les densités tout en étant suffisamment généraliste pour s'adapter à de nouvelles données. Dans un cadre non supervisé, un apprentissage automatique est nécessaire.

Pour traiter des images, une hypothèse classique est celle du modèle de mélange : on suppose que chaque classe, i.e. chaque région, de l'image suit une distribution particulière. La distribution de probabilité associée à l'image est alors considérée comme étant un mélange de densités de probabilités. De façon plus particulière, on retrouve en IRM cérébrale le modèle de mélange gaussien [Bez93][Gér98][Mit94][Wei96].

Afin d'améliorer la robustesse des modèles statistiques face au bruit, certains auteurs proposent d'introduire des informations contextuelles dans la modélisation par le biais de la théorie des champs de Markov [Gem84]. L'intégration d'informations de voisinage réduit alors les effets du bruit et régularise les résultats. Appliquées à la segmentation des IRM cérébraux, les structures cibles de ces méthodes sont les principales structures anatomiques [Hel97][Raj97] mais aussi les tumeurs [Jag98][Van00].

Dans [Yan95], les structures recherchées sont le liquide céphalo-rachidien, la matière blanche et la matière grise et éventuellement des tumeurs cérébrales. L'image est considérée comme un ensemble de régions homogènes ou à faibles variations radiométriques, entachée d'un bruit gaussien additif. Les paramètres de classes sont initialement estimés par l'algorithme de classification des k-moyennes [Edw65]. Les variations des niveaux radiométriques sont modélisées par l'intermédiaire de B-splines et le voisinage est pris en compte grâce aux champs de Markov. La segmentation est alors obtenue par une estimation itérative au sens du MAP qui alterne estimation des paramètres des B-splines et régularisation par l'algorithme Iterated Conditional Modes (ICM, [Bes86]).

Certains auteurs [Jag98][Rif00][Rua00][And02] enrichissent encore la modélisation des données en introduisant une distinction entre classes « pures » et classes de « mélanges ». Dans ce cas, seuls les tissus sains sont recherchés. Dans [Rua00], Ruan et al. Proposent une méthode de segmentation automatique des images pondérées en T1 en matière blanche, matière grise et liquide céphalo-rachidien. Les paramètres de ces trois classes pures et des deux classes de mélanges (matière blanche/matière grise et matière

grise/liquide céphalo-rachidien) sont estimés à partir de l'histogramme des données. Différents types de résultats sont obtenus : segmentation floue permettant l'estimation des proportions de chaque classe, segmentation en cinq classes ou segmentation en trois classes. Le passage de la segmentation en cinq classes vers celle en trois classes est obtenu par une utilisation originale de paramètres multi-fractals permettant une meilleure discrimination des tissus cérébraux.

Les méthodes de segmentation fondées sur des approches statistiques paramétriques sont nombreuses. Reposant sur des bases mathématiques solides, elles permettent d'obtenir, à partir d'hypothèses a priori sur les distributions des classes, une estimation de leur densité et donc de la classe d'appartenance des points. Afin de pallier la faible robustesse au bruit et pour régulariser les résultats, des informations contextuelles peuvent être introduites via la théorie des champs de Markov. De plus, des paramètres tels que les volumes partiels peuvent être pris en compte dans la modélisation. Cependant, un inconvénient majeur de cette théorie réside dans le fait qu'elle nécessite la connaissance parfaite des probabilités et en particulier des probabilités *a priori*. Or, dans la pratique, ces probabilités ne sont qu'estimées et portent des incertitudes et imprécisions.

### **B. Approches non paramétriques**

La particularité des approches probabilistes non paramétriques est leur capacité à discriminer les vecteurs formes en faisant peu d'hypothèses sur les densités de probabilités. Elles sont donc particulièrement bien adaptées lorsque les densités recherchées ne correspondent pas à des densités classiques ou paramétrables.

Nous nous intéressons plus particulièrement à deux algorithmes supervisés classiques : les fenêtres de Parzen et les K-Plus Proches Voisins (K-PPV) [Cov67][Dud73][Fix91]. Ces deux algorithmes se fondent sur l'estimation de la probabilité, notée  $f$ , que la réalisation  $x$  d'un vecteur aléatoire  $X$  tombe dans une région particulière. Il a été montré que l'estimateur de  $\hat{f}$  vérifie alors  $\hat{f}(x) = (r/N)/V$  où  $r$  est le nombre de vecteurs formes présents dans le volume  $V$  et  $N$  le nombre total de vecteurs formes de l'espace des caractéristiques [Fix91]. Grâce à la densité  $\hat{f}$ , il est possible d'estimer les lois a posteriori et donc de définir la classe d'appartenance associée à chaque vecteur forme :

- Ainsi, si le volume  $V$  est choisi autour de  $x$ , alors l'estimation de  $\hat{f}(x)$  nécessite de compter le nombre de vecteurs formes qui appartiennent au volume. C'est la technique des fenêtres de Parzen.
- Si le nombre  $r$  est fixé, il faut trouver le volume  $V$  autour de  $x$  qui contient  $r$  vecteurs formes. C'est la méthode des K-PPV.

D'après l'état de l'art présenté par Zijdenbos et Dawant [Zij94], peu d'auteurs utilisent les fenêtres de Parzen pour segmenter les images IRM. Dans [Ger91], des approches automatiques sont confrontées à des approches supervisées. Les résultats de classification obtenus grâce aux fenêtres de Parzen sont comparés à deux méthodes automatiques fondées respectivement sur une maximisation de vraisemblance et sur une décomposition non supervisée d'un histogramme multidimensionnel en distributions de probabilités. Les résultats ont montré l'aptitude de ces méthodes automatiques à classifier les images IRM du cerveau. Cependant, les classifications générées par ces méthodes sont estimées moins fiables que celles obtenues avec les fenêtres de Parzen.

Dans [Ger92], ces résultats sont étendus aux algorithmes de classification ISODATA [Dud73]. Un peu plus récemment, les fenêtres de Parzen sont utilisées dans [Wel96] pour estimer les densités des classes. Dans [Hel97], cette méthode est reprise dans une procédure de classification incluant une approche markovienne.

Les méthodes de classification fondées sur les K-PPV sont, quant à elles, plus présentes dans la littérature. Dans [Kik92], Kikinis et al. utilisent les K-PPV pour la quantification du liquide céphalo-rachidien. Dans [Cla93], Clarke et al. remettent en cause la modélisation des classes par des distributions gaussiennes et préconisent des algorithmes tels que les K-PPV. Dans [Bez93], une revue des méthodes de reconnaissance des formes pour la segmentation des images cérébrales est faite. L'algorithme supervisé K-PPV est alors comparé d'une part à une classification par maximum de vraisemblance et, d'autre part, à un réseau de neurones pour la détection des tumeurs sur des images multi-échocs pondérées en T1, T2 et DP. L'algorithme K-PPV s'est révélé être l'algorithme le plus efficace pour la détection de tumeur. De plus, les classifications semblent plus lisses et plus conformes aux réalités anatomiques. Toutefois, les résultats sont très dépendants de l'ensemble d'apprentissage. La formation de ce dernier nécessite notamment différentes passes, l'ensemble d'apprentissage retenu étant alors celui bénéficiant des meilleurs taux de classification.

Un des principaux avantages des méthodes probabilistes non paramétriques telles que les fenêtres de Parzen ou les K-PPV est leur grande capacité d'adaptation aux données puisqu'elles ne nécessitent pas d'apport d'informations *a priori* sur les formes des distributions. Cependant, elles souffrent de la difficulté à définir un apprentissage correct des données : la base d'apprentissage doit être suffisamment grande pour que la modélisation soit efficace, mais devient alors très fastidieuse. Elle est de plus très dépendante de l'opérateur et ne peut s'adapter aux données si ces dernières s'éloignent des données d'apprentissage ou en cas de bruit.

### 2.2.5.2.2 Approches floues

La théorie des sous-ensembles flous a été proposée par L. Zadeh en 1965 [Zed65] pour représenter les informations imprécises. La notion de sous-ensembles flous a pour but de permettre une gradation dans l'appartenance d'un élément à une classe [Bou99]. En d'autres termes, elle autorise un élément à appartenir plus ou moins fortement à une classe. L'appartenance à une classe s'exprime par l'intermédiaire d'un degré d'appartenance, compris entre 0 et 1; plus l'appartenance est forte, plus le degré est proche de 1, et inversement. Une caractéristique importante de la théorie des sous-ensembles flous est sa capacité à manipuler des informations de nature numérique (e.g. un niveau radiométrique) comme des informations de nature symbolique (e.g. proche, éloigné, au-dessus, en-dessous...).

- **Génération de fonctions d'appartenance**

Notons  $X=(x_j, j=1..N)$  l'ensemble des vecteurs forme de  $R_p$ , avec  $x_j=[x_{j1},x_{j2},...x_{jp}]^T$ , et  $B=(b_1,...b_c)$  un ensemble de vecteurs prototypes inconnus, où  $b_i$  caractérise la classe  $i$ . La génération de fonctions d'appartenance consiste à construire automatiquement des fonctions permettant d'affecter chaque  $x_j$  à une ou plusieurs classes selon certains critères. Le détail des différentes contraintes imposées sur le degré d'appartenance pour chaque algorithme est décrit dans la section ci-dessous.

#### A. L'algorithme FCM

L'objectif de cet algorithme est l'établissement d'une partition floue de l'ensemble des vecteurs formes en  $C$  classes. Le concept de la partition floue est défini de la manière suivante :

$$\left\{ \begin{array}{l} \forall i \in \{1..C\} \quad \forall j \in \{1..N\} \quad u_{ij} \in [0,1] \\ \forall i \in \{1..C\} \quad 0 < \sum_{j=1}^N u_{ij} < N \\ \forall j \in \{1..N\} \quad \sum_{i=1}^C u_{ij} = 1 \end{array} \right. \quad (2.1)$$

L'algorithme de FCM est un processus itératif qui se repose sur la recherche des valeurs prise par les centroïdes  $b_i$  des classes et par les degrés d'appartenance  $u_{ij}$  des voxels à ces classes, minimisent la fonction objective suivante :

$$J(B,U,X) = \sum_{i=1}^C \sum_{j=1}^N u_{ij}^m d^2(x_j, b_i) \quad (2.2)$$

Dans la fonction (2.2),  $m > 1$  est un coefficient réglant la dureté de la partition résultante. Les formules de mise à jour de  $U$  et  $B$  sont obtenues par introduction d'un multiplicateur de Lagrange associé à la contrainte de normalisation et en annulant les dérivées partielles du Lagrangien par rapport aux paramètres du modèle. Les solutions sont données par :

$$u_{ij} = \left[ \sum_{k=1}^C \left( \frac{d^2(x_j, b_i)}{d^2(x_j, b_k)} \right)^{\frac{2}{m-1}} \right]^{-1} \quad (2.3)$$

$$b_i = \frac{\sum_{k=1}^N u_{ik}^m x_k}{\sum_{k=1}^N u_{ik}^m} \quad (2.4)$$

L'algorithme FCM consiste donc à itérer les étapes (2.3) et (2.4) jusqu'à stabilisation de l'algorithme. Le critère d'arrêt des itérations, définissant cette stabilité, peut par exemple consister en l'étude de la norme de la matrice  $U$  ou en la stabilité des centres de classe sur deux itérations successives.

L'algorithme FCM a été largement utilisé pour la segmentation des images de cerveau, quels que soient la modalité et le type d'acquisition (mono ou multi-spectrale). De nombreux travaux ont notamment été effectués en imagerie par résonance magnétique. Dans [Vel95], l'algorithme FCM est testé et comparé à des méthodes supervisées - l'algorithme K-PPV et un algorithme de croissance de régions - pour la classification des zones tumorales sur des images multi-échos. Les résultats obtenus sur 10 volumes ont donné l'avantage au FCM, non supervisé. Bien qu'efficace dans de nombreux cas, le FCM possède les défauts caractéristiques des algorithmes de classification : choix généralement non trivial du nombre de classes, labels ne correspondant pas à une vérité sémantique, tendance à égaliser les proportions des classes.

Pour pallier ces défauts, Bensaid et al. [Ben96] proposent un algorithme semi-automatique permettant d'introduire la notion d'ensemble d'apprentissage. Cet apprentissage peut être de taille variable et son influence sur la classification plus ou moins importante. Dans [Vai95], cet algorithme, appliqué à la classification des principaux tissus cérébraux et des tumeurs à partir de volumes multi-échos, est comparé à l'algorithme de

classification FCM classique, non supervisé, et à l'algorithme K-PPV, supervisé. Les résultats obtenus sont qualifiés de prometteurs et montrent que l'algorithme cumule les avantages des méthodes supervisées et non supervisées : les classes obtenues possèdent une sémantique vis-à-vis des images traitées, la proportion des classes est mieux respectée et l'algorithme est moins sensible au biais d'apprentissage que les algorithmes supervisés.

D'autres variantes de l'algorithme FCM ont été proposées. Ainsi dans [Pha99], la fonctionnelle classique est modifiée et prend en compte un champ multiplicatif représentant le biais dû à la dérive du champ radiofréquence. L'algorithme, utilisé pour la segmentation d'images simple-écho, obtient de meilleurs résultats que l'algorithme FCM classique.

Les algorithmes FCM, quelle que soit leur variante, souffrent cependant du manque de prise en compte d'informations contextuelles et fournissent des classifications dégradées en présence de bruit. Pour pallier ce défaut, une segmentation floue Markovienne est proposée dans [Sal97] et appliquée dans [Rua02] à la segmentation des principaux tissus et d'éventuelles tumeurs sur des volumes pondérés en T1. La différence fondamentale avec une modélisation Markovienne probabiliste est de considérer qu'un voxel est constitué d'un mélange de différents tissus et non d'un tissu unique. On passe ainsi d'une classification « dure » à une classification floue. Les informations de voisinage sont alors prises en compte de la même façon que dans le cadre de la segmentation Markovienne classique. Cette méthode est testée sur des volumes de synthèse, des volumes réels sains ou présentant des tumeurs. Les résultats obtenus, comparés à l'algorithme FCM, ont alors montré une meilleure robustesse au bruit et à la dérive du champ radiofréquence.

Dans [Cla98], l'algorithme FCM et un système à base de règles coopèrent pour la détection de glioblastomes multi-formes, sur des images multi-échos. Comparés à une segmentation manuelle, les résultats ont montré une bonne adéquation avec la vérité terrain.

Dans [Bar01], Barra et Boire proposent une méthode de segmentation automatique des structures cérébrales internes par fusion d'informations sur des images pondérées en T1. Les informations utilisées sont de types morphologiques, topologiques et concernent la constitution des différents tissus anatomiques. Elles proviennent des images elles-mêmes ainsi que d'experts et sont modélisées et fusionnées par la logique floue. Des comparaisons avec des segmentations manuelles ont montré une bonne cohérence des résultats. L'avantage de ces méthodes est d'intégrer au système des informations de haut-niveau permettant en particulier de prendre en considération des informations contextuelles et

ainsi d'aboutir à une réelle segmentation. Xue et al. [Xue01], utilisent les FCM pour combiner le filtre moyen au filtre médian local afin de réaliser la segmentation locale de volumes IRM de cerveaux. L. Jiang et W. Yang [Jia03], ont utilisé un algorithme FCM modifié pour la segmentation des images IRM. Récemment dans [Zul12], l'algorithme FCM est utilisé avec une fonction objective qui intègre la probabilité spatiale des pixels voisins pour améliorer la robustesse au bruit du FCM classique.

### B. L'algorithme PCM

La définition d'une partition floue impose que la somme des degrés d'appartenance d'un élément à l'ensemble des classes soit égale à 1. Cette contrainte forte engendre un certain nombre de problèmes si l'on veut extraire les propriétés de chaque classe. Pour remédier à ces problèmes, Krishnapuram et Keller dans [Kris93] ont proposé une méthode de classification possibiliste dont la partition floue est définie de la manière suivante :

$$\begin{cases} \forall i \in \{1..C\} \quad \forall j \in \{1..N\} \quad u_{ij} \in [0,1] \\ \forall i \in \{1..C\} \quad 0 < \sum_{j=1}^N u_{ij} < N \\ \forall j \in \{1..N\} \quad \max_i u_{ij} > 0 \end{cases} \quad (2.5)$$

la fonction objective à minimiser est redéfinie comme suit :

$$J(B, U, X) = \sum_{i=1}^C \sum_{j=1}^N u_{ij}^m d^2(x_j, b_i) + \sum_{i=1}^C \eta_i \sum_{j=1}^N (1 - u_{ij})^m \quad (2.6)$$

Où  $\eta_i$  est un réel positif déterminant le carré de la distance séparant le centre de la classe  $i$  à l'ensemble des points dont le degré d'appartenance à cette classe est égale à 0.5. Il est défini comme suit :

$$\eta_i = K \frac{\sum_{j=1}^N u_{ij}^m d^2(x_j, b_i)}{\sum_{j=1}^N u_{ij}^m} \quad (2.7)$$

où  $K$  est le plus souvent pris égale à 1.

La même méthode de résolution que celle utilisée pour le FCM donne les degrés d'appartenance  $u_{ij}$  et les centres de classes :

$$u_{ij} = \frac{1}{1 + \left( \frac{d^2(x_j, b_i)}{\eta_i} \right)^{\frac{1}{m-1}}} \quad (2.8)$$

$$b_i = \frac{\sum_{k=1}^N u_{ik}^m x_k}{\sum_{k=1}^N u_{ik}^m} \quad (2.9)$$

l'algorithme résultant de l'application itérée de (2.8) et (2.9) constitue l'algorithme de classification possibiliste PCM.

L'utilisation de l'algorithme de classification possibiliste en imagerie médicale d'une manière générale, et pour la caractérisation des tissus cérébraux en particulier est peu fréquente. Schenone et Masulli [Sch99] ont proposé de combiner une approche par réseaux de neurones avec l'algorithme PCM pour segmenter les tissus cérébraux et des entités pathologiques (méningiomes). Dans [Bar00a], l'algorithme PCM est initialisé par l'algorithme FCM dans un processus de fusion de données pour segmenter les tissus sains des images IRM. Barra et Boire [Bar01b] ont également appliqué le PCM en IRM sur des vecteurs formes  $x_j$  où chaque voxel est caractérisée par l'ensemble des ses coefficients d'ondelettes. Dans [Mou07], la coopération entre les algorithmes de classification dans une architecture multi-agents est introduite. Cette dernière est basée sur la coopération entre les deux algorithmes FCM et PCM avec l'ajout de deux types de rejets : le rejet d'ambiguïté qui concerne les individus situés entre les frontières des différentes classes et le rejet d'aberrance concernant les individus dont les similarités par rapport à toutes les classes sont très éloignées. L'approche proposée est testée pour segmenter des images IRM saines et d'autres pathologiques. Les résultats obtenus sont très prometteuses.

Dans [Zou08] l'algorithme PCM est utilisé en coopération avec l'algorithme FCM pour développer une architecture de fusion de données basée sur la théorie des possibilités pour la segmentation des images IRM pondérées en T1, T2 et en DP. Les résultats obtenus sur des images de synthèse et d'autres réelles sont très encourageantes en comparaison avec chaque algorithme appliqué séparément sur les mêmes données.

### C. L'algorithme FPCM

L'algorithme FCM est reconnu par sa modélisation de l'imprécision en considérant des frontières graduelles au lieu de frontières nettes entre les classes [Raf94][Bar99a]

[Bar99b]. De plus, cet algorithme exprime de l'incertitude par le fait qu'un pixel possède aussi bien des attributs qui l'assignent à une classe qu'à une autre. La contrainte de normalisation (2.1) utilisée pour la minimisation de la fonctionnelle est source d'erreur dans l'interprétation des degrés d'appartenance issus du FCM [Bez93]. Krishnapuram et Keller [Kri96] donnent une série d'exemples simples qui illustrent les problèmes associés à cette contrainte.

Contrairement à FCM, la valeur de  $u_{ij}$  dans PCM ne dépend maintenant que de la distance du vecteur  $x_j$  à la classe  $i$ . Les degrés d'appartenance générés par PCM ne sont ainsi plus des degrés relatifs ou de partage, ils deviennent des valeurs absolues reflétant la force avec laquelle chaque vecteur appartient à toutes les classes. Malgré ces avantages, cet algorithme est limité par certains problèmes : il est très sensible à l'étape d'initialisation, à l'ajout de quelques paramètres complémentaires, et à certains fois il génère des clusters en coïncidence.

Pour remédier aux différents problèmes rencontrés par les FCM et les PCM, un nouveau algorithme FPCM (*Fuzzy Possibilistic C-Means*) a été proposé par Pal et al. [Pal97], en combinant ces deux derniers algorithmes. La valeur de la fonction d'appartenance de la partition floue est importante afin de pouvoir attribuer une étiquette pour le vecteur d'entrée à classer. Mais au même temps, il est très utile d'utiliser la typicalité (possibilité) pour déplacer les centres autour des vecteurs d'entrée, en évitant les effets indésirables dus à la présence de valeurs aberrantes [Pal97].

La fonction objective qui devrait être à minimiser est :

$$J(B, U, X) = \sum_{i=1}^C \sum_{j=1}^N (u_{ij}^m + t_{ij}^\lambda) \cdot d^2(x_j, b_i) \quad (2.16)$$

avec les contraintes :

$$\forall i \in \{1..C\}, \quad \forall j \in \{1..N\} \quad \begin{cases} u_{ij} \in [0,1] \\ 0 < \sum_{i=1}^N u_{ij} < N \end{cases} \quad (2.17)$$

$$\forall j \in \{1..N\} \quad \sum_{i=1}^C u_{ij} = 1 \quad (2.18)$$

$$\forall i \in \{1..C\} \quad \sum_{j=1}^N t_{ij} = 1 \quad (2.19)$$

avec  $T=[t_{ij}]_{C \times N}$  désigne la matrice de typicalité.

La minimisation de la nouvelle fonction objective engendre alors :

$$u_{ij} = \left[ \sum_{k=1}^c \left( \frac{d^2(x_j, b_i)}{d^2(x_j, b_k)} \right)^{2/(m-1)} \right]^{-1} \quad (2.20)$$

et pour la typicalité :

$$t_{ij} = \left[ \sum_{k=1}^c \left( \frac{d^2(x_j, b_i)}{d^2(x_j, b_k)} \right)^{2/(\lambda-1)} \right]^{-1} \quad (2.21)$$

avec  $\lambda \in [3,5]$ .

la fonction de mise à jour des centres est :

$$b_i = \frac{\sum_{k=1}^N (u_{ik}^m + t_{ik}^\lambda) x_k}{\sum_{k=1}^N (u_{ik}^m + t_{ik}^\lambda)} \quad (2.22)$$

L'algorithme FPCM consiste à itérer les équations (2.20), (2.21) et (2.22) jusqu'à la stabilité de l'algorithme où le critère d'arrêt peut être déterminé par un nombre d'itération ou un seuil prédéfini.

Utilisées dans un cadre de classification, les approches floues permettent d'obtenir, de façon simple, une partition de l'espace des caractéristiques. L'avantage de ces méthodes par rapport aux classifications dites dures est de graduer l'appartenance des points aux différentes classes. Ceci permet en particulier de prendre en compte les effets de volumes partiels. Cependant, ces méthodes de classification ne tiennent généralement pas compte de contraintes contextuelles les rendant de facto très sensibles au bruit. Utilisées dans le cadre de la gestion de connaissances, la théorie des sous-ensembles flous offre un cadre adapté au traitement et à la fusion de données de nature symbolique et numérique.

### 2.2.5.2.3 Approches évidentielles

La théorie de l'évidence, plus connue sous le nom de théorie de Dempster-Shafer, est née des travaux de Dempster [Dem67] sur les bornes inférieures et supérieures. Formalisée par la suite par Shafer [Sha76], elle peut, dans une première approche, être vue comme une extension de la théorie des probabilités. Elle permet en particulier de traiter des informations imprécises et incertaines par le biais de masses de croyance qui modélisent la croyance que l'on possède sur un événement. Cette théorie, largement utilisée en fusion de

données, fournit une palette d'outils permettant de combiner les informations provenant de différentes sources en tenant compte de la confiance que l'on peut placer en chaque source ainsi que des conflits éventuels existant entre celles-ci.

La littérature relate peu de méthodes de segmentation d'images IRM du cerveau par la théorie de l'évidence. Dans [Lee90], Lee et Leahy proposent une méthode de segmentation multi-échocs par la théorie de l'évidence. Les masses de croyance sont définies par l'intermédiaire d'une modélisation probabiliste des classes intégrant la notion de voisinage par la théorie des champs de Markov. La méthode évidentielle est comparée à une segmentation par MAP. Les résultats présentés concernent un volume cérébral présentant une tumeur. D'après les auteurs, les deux méthodes produisent des résultats satisfaisants avec un avantage pour la méthode évidentielle qui, visuellement, segmente mieux la zone tumorale. Dans [Blo96], Bloch utilise la théorie de l'évidence dans un processus de classification double-échocs de cerveaux pathologiques. L'originalité de la méthode repose sur la possibilité de décider pour une hypothèse simple ou pour une composition d'hypothèses. Plus récemment, Rombaut et Zhu proposent dans [Rom02] une méthode de classification d'images IRM multi-échocs (T2 et DP) fondée sur des analyses d'histogrammes. Pour chaque écho, une analyse de l'histogramme permet la définition d'une masse de croyance, pour laquelle le nombre d'hypothèses considérées dépend du nombre de modes dans l'histogramme.

L'ensemble des masses de croyance est ensuite fusionné, permettant la prise de décision. Cet algorithme a été testé sur différents couples (T2 et DP) de coupes IRM présentant une lésion. Ces dernières sont visiblement bien détectées. On peut cependant noter que l'algorithme ne permet pas de séparer la matière blanche, la matière grise et le liquide céphalo-rachidien (seuls les ventricules latéraux sont isolés). Ceci laisse à penser que l'apprentissage automatique des classes à partir de l'histogramme n'est pas suffisamment précis pour distinguer l'ensemble des principales régions anatomiques; ceci est dû, en particulier, à l'existence nécessaire de modes bien distincts dans les histogrammes.

Les méthodes de segmentation des images IRM cérébrales fondées sur la théorie de l'évidence sont à ce jour encore peu nombreuses. Elles permettent cependant de manipuler avec une grande souplesse des données incertaines et imprécises telles que des données médicales. Leur avantage tient également en la possibilité qu'offre cette théorie pour fusionner des informations issues de différentes sources. Cependant, tout comme les méthodes précédentes, les résultats sont dépendants de la bonne modélisation des données et de leur robustesse vis-à-vis du bruit.

## 2.3 Conclusion

Dans cet état de l'art, nous avons présenté un certain nombre de méthodes dédiées à la discrimination, à la classification et à la segmentation des structures cérébrales saines, ainsi que des méthodes dédiées à la détection de pathologies cérébrales. La revue qui est faite ici n'est pas exhaustive mais nous avons essayé de mettre en évidence la diversité des approches abordées par les différents auteurs et d'en préciser les résultats les plus probants.

Cette diversité est représentative de la complexité du problème de segmentation des images IRM cérébrales, qu'il s'agisse de la segmentation des structures saines ou des structures pathologiques. Ces difficultés sont liées, d'une part, aux objets traités et, d'autre part, au particularisme des images IRM. Le cerveau est une entité complexe, composée de différentes structures enchevêtrées et sujettes à d'importantes variabilités. Les images IRM fournissent une représentation de l'anatomie cérébrale *in vivo* de qualité mais elles sont sujettes à des incertitudes et des imprécisions liées, en particulier, au bruit d'acquisition, au phénomène de dérive du champ radiofréquence du scanner, aux effets de volumes partiels.

Sans vouloir les opposer, nous avons présenté les méthodes de segmentation sous le point de vue « Traitement d'images » puis sous le point de vue « Reconnaissance des formes ». Une caractéristique intéressante du traitement d'images est d'intégrer de manière implicite la nature bidimensionnelle ou tridimensionnelle des données traitées. Principalement utilisées pour la segmentation de structures saines, ces méthodes sont relativement peu employées pour la détection des tumeurs. En effet, elles ne sont utilisables que dans des contextes limités et demandent l'intégration d'informations a priori sur la zone recherchée et l'intervention d'un opérateur pour placer les germes initiaux ou pour initialiser le contour déformable. Parmi les méthodes de reconnaissance des formes présentées, nous nous sommes limitées aux approches probabilistes, floues et évidentielles. Ces approches représentent en effet les principaux fondements théoriques utilisés pour manipuler des informations imprécises et incertaines, telles que le sont les images par résonance magnétique. Cependant, d'autres approches existent et en particulier les méthodes fondées sur les réseaux de neurones. Encore peu utilisées, elles font leur apparition dans le contexte du traitement des images IRM mais se limitent à la classification des tissus sains.

Quelles que soient la théorie sous-jacente et les régions d'intérêt recherchées, les différentes expériences et comparaisons présentes dans la littérature invitent à préférer les approches non supervisées par rapport aux approches supervisées trop dépendantes de

l'opérateur. C'est le point de vue que nous adoptons également. Qu'il s'agisse de rechercher les tissus sains, les méthodes de classification par reconnaissance des formes souffrent de la non prise en compte des informations de voisinage rendant, d'une part, les résultats plus sensibles au bruit et, d'autre part, aboutissant à une classification des données et non à une segmentation des images (ou des volumes).

La théorie de l'évidence a été jusqu'ici peu utilisée à des fins de segmentation des images médicales. Cependant, on remarquera que les différents auteurs qui ont utilisé cette théorie, l'ont fait dans l'objectif de détecter les zones tumorales à partir d'images multi-échos. Cette théorie est en effet particulièrement bien adaptée à la manipulation de données incertaines et imprécises, caractéristiques des images par résonance magnétique. De plus, elle offre un fondement théorique adapté à la fusion des informations apportées par chacune des pondérations, tout en tenant compte des conflits pouvant exister.

Ainsi, afin de répondre à notre problématique de segmentation des images IRM pour la caractérisation des tissus cérébraux, et à cause de la diversité des modalités pour les images IRM, nous proposons de définir un processus de segmentation utilisant la fusion d'informations basée sur une alternative à la théorie de l'évidence, c'est la théorie des possibilités qui permet, d'une part, de représenter l'imprécision et l'incertitude des données issues des images IRM, et d'autre part sa richesse d'un point de vue opérateurs de fusion. La problématique sera abordée d'un point de vue multi-modales permettant ainsi de multiplier les sources d'informations et d'exploiter des données plus riches apportées par les différentes pondérations des images IRM. Celles-ci devront permettre une meilleure robustesse au bruit et une réelle prise en considération de la nature volumique des données.

Avant d'aborder et de décrire ce processus de segmentation dans le chapitre 4, nous présenterons dans le chapitre 3 les principes et les fondements théoriques de la fusion d'informations.

## **Fusion de Données : Eléments Fondamentaux**

---

### **3.1 Introduction**

La fusion d'informations a beaucoup évolué ces dernières années : dans différents domaines, et en particulier en vision et en robotique, les sources d'informations se sont multipliées, qu'il s'agisse de capteurs, d'informations a priori, de connaissances génériques, etc. Chaque source d'information étant en général imparfaite, il est important d'en combiner plusieurs afin d'avoir une meilleure connaissance du «monde». La fusion d'informations peut alors se définir comme la combinaison d'informations (souvent imparfaites et hétérogènes) afin d'obtenir une information globale plus complète, de meilleure qualité, et permettant de mieux décider et agir. Parallèlement, les méthodes pour modéliser les connaissances et informations imparfaites et pour les combiner ont connu des développements théoriques importants et leurs champs d'applications se sont étendus.

Ces méthodes, souvent issues des théories de la décision, de l'incertain et de l'intelligence artificielle, peuvent être soit numériques, soit symboliques. L'ampleur que prend la fusion d'informations suit celle que prennent les technologies et le traitement de l'information en général.

Nous présentons dans la section suivante trois théories permettant d'intégrer la représentation des connaissances *incertaines* et/ou *imprécises* : la théorie des probabilités, la théorie des possibilités et la théorie des croyances. Ceci nous permet d'introduire dans un second temps le concept de fusion de données, d'exprimer cette notion dans les trois cadres théoriques.

## 3.2 Représentation des connaissances ambiguës

### 3.2.1 Théorie des probabilités

Les probabilités offrent le plus ancien formalisme permettant de gérer de façon événementielle itérative l'incertitude dans les données. Dans ce cadre, la relation entre l'information des données et les différentes hypothèses envisagées est représentée par une distribution de probabilité conditionnelle. Les probabilités bénéficient de quatre siècles de travaux et reposent donc sur des fondements mathématiques et une expérience solides, ce qui explique pourquoi c'est encore la théorie la plus utilisée pour représenter l'incertain.

#### 3.2.1.1 Cadre bayésien

Dans le cadre bayésien, la règle de Bayes permet de combiner plusieurs distributions de probabilités, estimant la probabilité de l'occurrence d'un événement futur (probabilité *a posteriori*) en observant l'occurrence d'événements similaires passés (modélisée par une distribution *a priori*). Si  $H_1, \dots, H_C$  forment un ensemble d'hypothèses mutuellement exclusives et recouvrant l'espace des hypothèses, la probabilité *a posteriori* d'un événement  $H_i$  parmi les  $C$  hypothèses connaissant l'information  $n_j$  peut ainsi être déterminée par :

$$P(H_i | n_j) = \frac{P(H_i) \cdot P(n_j | H_i)}{\sum_{k=1}^C P(H_k) \cdot P(n_j | H_k)} \quad (3.1)$$

où  $P(H_i)$  est la probabilité *a priori* de l'hypothèse  $H_i$ , et  $P(n_j | H_i)$  représente la probabilité d'observer l'information  $n_j$  lorsque l'hypothèse  $H_i$  est réalisée.

#### 3.2.1.2 Estimation des lois du modèle bayésien

Les lois  $P(n_j | H_i)$  et  $P(H_i)$  sont en pratique rarement connues. Elles sont souvent estimées à partir des données. Les probabilités  $P(H_i)$  sont déterminées par l'expérience ou par une analyse d'exemples (base d'apprentissage) et les probabilités conditionnelles  $P(n_j | H_i)$  sont estimées par des lois statistiques. Ces dernières peuvent être paramétriques, et dans ce cas une forme est choisie pour  $P(n_j | H_i)$  et ses paramètres sont estimés (par maximum de vraisemblance par exemple), ou non paramétriques (par exemple fenêtres de Parzen). Si l'hypothèse d'une forme paramétrique simplifie grandement le problème, elle est souvent peu justifiée dans les cas réels et peut induire de nombreuses erreurs (voir par exemple [CLA93] dans le cas de la segmentation d'images IRM).

### 3.2.2 Théorie des possibilités

La théorie des possibilités, introduite en 1978 par Zadeh [Zad78], puis développée par Dubois et Prade [Dub88a], constitue un cadre permettant de traiter les concepts d'imprécision et d'incertitude de nature non probabiliste. Elle peut être vue indépendamment de toute interprétation probabiliste comme une approche ordinale de l'incertain dans  $[0,1]$ , exploitée à l'aide des mesures de possibilité et de nécessité.

#### 3.2.2.1 Mesure et distribution de possibilité

Soit  $X$  un ensemble de référence. Une mesure de possibilité  $P$  attribuée à chaque sous-ensemble  $Y \in \wp(X)$  de  $X$  un réel dans  $[0,1]$  évaluant à quel point l'événement  $Y$  est possible. Ainsi,  $\Pi$  est une fonction de  $\wp(X)$ , à valeurs dans  $[0,1]$ , telle que :

$$\begin{aligned} \Pi(\emptyset) &= 0 ; \\ \Pi(X) &= 1 ; \\ (\forall (A_i) \in \wp(X)) \quad \Pi\left(\bigcup_i A_i\right) &= \text{Sup}_i \Pi(A_i) \end{aligned} \tag{3.2}$$

Dans le cas de deux sous-ensembles  $Y_1$  et  $Y_2$ , (3.2) se réduit à :

$$\Pi(Y_1 \cup Y_2) = \text{Max} (\Pi(Y_1), \Pi(Y_2)),$$

et exprime que la réalisation de l'un des deux événements  $Y_1$  ou  $Y_2$ , pris indifféremment, est affectée du même coefficient de possibilité que la réalisation de l'événement le plus possible. Une mesure de possibilité n'est donc pas additive.

Un événement est tout à fait possible si la mesure de sa possibilité est égale à 1, et impossible si elle est égale à 0. Une mesure de possibilité permet de déterminer le degré avec lequel l'union d'événements, dont on sait à quel point ils sont possibles, sera elle-même un événement possible. On ne peut rien dire sur l'intersection d'événements, sauf que la mesure de possibilité associée à l'intersection de parties de  $X$  est un réel majoré par la plus petite des mesures attribuées à chacune des parties. Si enfin on étudie un événement  $Y$  et son contraire, l'un au moins est tout à fait possible et :

$$\text{Max} (\Pi(Y), \Pi(Y^c)) = 1 ;$$

$$\Pi(Y) + \Pi(Y^c) \geq 1.$$

Une mesure de possibilité  $\Pi$  est totalement définie si toute partie de l'ensemble  $X$  se voit attribuer un réel dans  $[0,1]$ . Ainsi, si  $|X| = n$ , il faut déterminer  $2^n$  coefficients pour connaître complètement  $\Pi$ . Pour définir cette mesure plus simplement, il suffit d'indiquer les coefficients attribués aux singletons de  $X$  (un sous-ensemble quelconque de  $X$  pouvant être vu comme union de tels singletons), ramenant le problème à la détermination de  $n$  coefficients. Une telle définition repose sur la donnée d'une autre fonction, une distribution de possibilité  $\pi$ , qui attribue à tout singleton de  $X$  un réel dans  $[0,1]$ , et qui vérifie de plus (cas où  $X$  contient la vérité) :

$$\sup_{x \in X} \pi(x) = 1 \quad (3.3)$$

mesure et distribution de possibilité peuvent être associées bijectivement.

L'ensemble non flou  $\{x \in X / \pi(x) \geq \alpha\}$  est appelé  $\alpha$ -coupe de la distribution de possibilité  $\pi$ . En particulier, la 0-coupe est le support de la distribution, et la 1-coupe est le noyau de  $\pi$ .

### 3.2.2.2 Mesure de nécessité

Une mesure de possibilité  $\Pi$  donne une information sur l'occurrence d'un événement  $Y$  relatif à un ensemble de référence  $X$ , mais elle ne suffit pas pour décrire l'incertitude existante sur cet événement. Par exemple, si  $\Pi(Y) = 1$ , il est tout à fait possible que  $Y$  soit réalisé mais on peut avoir en même temps :

- $\Pi(Y^c) = 1$ , qui exprime une indétermination complète sur la réalisation de  $Y$  ;
- $\Pi(Y^c) = 0$ , qui met en évidence le fait que  $Y$  seul peut être réalisé.

Pour compléter l'information sur  $Y$ , une mesure de nécessité  $N$  permet d'indiquer le degré avec lequel la réalisation de  $Y$  est certaine.  $N$  est la grandeur duale de la mesure de possibilité. Cette mesure attribue à tout  $Y$  un réel dans  $[0,1]$ , et vérifie en outre :

$$N(\emptyset) = 0$$

$$N(X) = 1$$

$$(\forall (A_i) \in \wp(X)) \quad N\left(\bigcap_i A_i\right) = \inf_i \Pi(A_i)$$

Une mesure de nécessité  $N$  peut être obtenue à partir d'une mesure de possibilité  $\Pi$  par :

$$(\forall Y \in \wp(X)) \quad N(Y) = 1 - \Pi(Y^c)$$

Ainsi, plus  $Y$  est nécessaire, moins  $Y^C$  est possible, ce qui permet d'évaluer la certitude sur la réalisation de l'événement  $Y$ .

### 3.2.3 Théorie des fonctions de croyance

Les modèles de représentation en théorie des possibilités et en théorie des probabilités apparaissent comme cas particuliers d'une théorie plus vaste, la théorie des croyances de Shafer [Sha76]. Initiée par les travaux de Dempster, celle-ci consiste en une quantification de la crédibilité attribuée à des faits. Le formalisme mathématique repose tout d'abord sur la définition de masses accordée aux événements.

#### 3.2.3.1 Fonction de masse

Soit  $X$  un ensemble de  $N$  hypothèses  $H_i$  exclusives et exhaustives, appelé cadre de discernement.  $2^X$  désigne l'ensemble des  $2^N$  sous-ensembles  $Y_j$  de  $X$ . Une fonction de masse élémentaire  $m$  est définie de  $2^X$  dans  $[0,1]$  par :

$$m(\emptyset) = 0$$

$$\sum_{j=1}^{2^N} m(Y_j) = 1 \quad (3.4)$$

Les éléments focaux sont les sous-ensembles de  $X$  ayant une masse non nulle. Lorsque ces éléments focaux se réduisent aux seuls singletons de  $X$ , les masses coïncident avec les probabilités. L'apport de la théorie des croyances est donc typiquement de permettre l'évaluation conjointe d'ensembles quelconques de ces singletons  $H_i$ . Dès lors, les événements considérés ne sont plus nécessairement exclusifs. Il est par exemple possible d'évaluer de façon compétitive, outre les hypothèses  $H_1$ ,  $H_2$  et  $H_3$ , les hypothèses composites  $H_1 \cup H_2$  et  $H_2 \cup H_3$  de manière à prendre en compte une composante informative de la mesure propre à discriminer  $H_1$  et  $H_3$ , mais insensible à  $H_2$ . Une masse  $m(Y_j)$  est représentative de la vraisemblance attribuable à l'un des éléments du sous-ensemble  $Y_j$ , sans aucun discernement possible entre les différents éléments de  $Y_j$ . En particulier,  $m(X)$  désigne le degré d'incertitude ou d'ignorance totale.

#### 3.2.3.2 Fonctions de crédibilité et de plausibilité

Une fonction de crédibilité  $Cr$  peut être définie sur les mêmes ensembles par :

$$Cr(\emptyset) = 0 ;$$

$$Cr(X) = 1 ;$$

$$Cr(Y_k) = \sum_{Y_j \subset Y_k} m(Y_j)$$

La crédibilité de  $Y_k$  est la somme des éléments focaux  $Y_j$  qui entraînent  $Y_k$ . Elle mesure donc à quel point les informations données par une source soutiennent  $Y_k$ . Les fonctions de masse élémentaire et de crédibilité sont définies et utilisables de façon indépendante. Il existe cependant une bijection entre l'ensemble des fonctions de masse élémentaire et l'ensemble des fonctions de crédibilité, qui associe à chaque jeu de masses sur  $2^X$  un jeu de crédibilités sur le même ensemble.

La fonction de plausibilité peut également être introduite, par exemple à partir des fonctions de masse élémentaire :

$$Pl(Y_k) = \sum_{Y_j \cap Y_k \neq \emptyset} m(Y_j)$$

Cette fonction mesure à quel point les informations données par une source ne contredisent pas  $Y_k$ . En fait, il a été démontré [SHA76] que la connaissance d'une des trois fonctions ( $m$ ,  $Cr$ ,  $Pl$ ) sur  $2^X$  était suffisante pour en déduire les deux autres. De façon intuitive, la crédibilité peut être interprétée comme une mesure de vraisemblance minimale d'un événement, et la plausibilité comme une mesure de vraisemblance maximale (croyance en l'événement ajoutée à l'incertain sur sa réalisation).

Pour un événement  $Y$ , l'intervalle  $[Cr(Y), Pl(Y)]$  encadre la probabilité mal connue  $P(Y)$ .

### 3.2.3.3 Où l'on retrouve les probabilités et les possibilités

Deux conformations des éléments focaux permettent de retrouver les probabilités et la théorie des possibilités comme cas particuliers de la théorie des croyances :

- Lorsque les éléments focaux ( $Y_j$ ) sont emboîtés, i.e. tels que  $Y_1 \supseteq Y_2 \supseteq \dots$ , la fonction de plausibilité a les propriétés d'une mesure de possibilité et la fonction de croyance a les propriétés d'une mesure de nécessité ;

- Lorsque les éléments focaux sont des singletons, toute partie  $Y$  de  $X$  est telle que  $Cr(Y) = Pl(Y)$  et cette valeur commune est la probabilité de l'événement  $Y$ .

## 3.3 La fusion de données

Les notions de certitude et de précision sont souvent antagonistes. De cet antagonisme naissent souvent des contradictions en agrégation de données [Dub99] puisque si celles-ci sont précises, alors elles sont probablement incertaines et risquent d'être en contradiction.

Un système de fusion doit donc gérer incertitude et imprécision pour éviter les incohérences. Le terme « fusion » possède de nombreuses acceptions suivant la communauté de pensée et les habitudes de travail de chacun. Dans la suite de ce manuscrit, nous envisageons la fusion de données comme une agrégation d'informations ambiguës, conflictuelles, complémentaires et redondantes, autorisant une interprétation des données plus précise et/ou moins incertaine. Cette définition permet, en particulier, de lever toute ambiguïté quant à l'interprétation du terme, notamment dans le domaine de l'imagerie médicale où l'expression « fusion » est quelquefois employée pour désigner un recalage ou une superposition d'images. Nous ne considérons de plus que la fusion au niveau le plus bas de la représentation de l'information. En d'autres termes, pour le problème d'imagerie qui nous concerne, nous fusionnons les informations issues des images voxel à voxel.

D'autres techniques existent, qui permettent d'agréger des informations de plus haut niveau (primitives, objets) [Blo97a], et ne seront pas abordées dans ce manuscrit. Dans les paragraphes suivants, nous montrons comment la fusion de données peut être envisagée dans les trois cadres théoriques introduits dans les sections précédentes, puis nous explicitons et justifions le cadre formel retenu pour les applications du chapitre 5.

### **3.3.1 Caractéristiques générales des données**

Dans cette partie, nous décrivons succinctement les caractéristiques générales des informations à fusionner, qui doivent souvent être prises en compte dans un processus de fusion. Une première caractéristique concerne le type d'information à fusionner. Il peut s'agir d'observations directes, de résultats de traitements sur ces observations, de connaissances plus génériques, exprimées sous forme de règles par exemple, ou d'avis d'experts. Ces informations peuvent être exprimées sous forme numérique ou sous forme symbolique. Une attention particulière doit être portée à l'échelle utilisée pour représenter les informations, afin de garantir une commensurabilité.

Le niveau de l'information qui va être fusionnée est également un aspect très important. On distingue généralement le bas niveau (typiquement les mesures originales), d'un niveau plus élevé nécessitant des étapes préliminaires de traitement, d'extraction de primitives et de structuration de l'information.

D'autres distinctions sur les types de données sont également intéressantes à souligner, car elles donnent lieu à des modélisations et à des types de traitements différents : données fréquentes ou rares, informations factuelles ou génériques, génériques ou spécifiques, etc.

Les informations manipulées dans un processus de fusion sont d'une part les informations à fusionner, et d'autre part des informations supplémentaires qui servent à guider ou aider la combinaison. Il peut s'agir d'informations sur les informations à combiner telles que des informations sur les sources, sur leur dépendance, sur leur fiabilité, des préférences sur les informations à combiner, etc. Il peut s'agir également d'informations contextuelles, sur le domaine. Ces informations supplémentaires ne sont pas forcément exprimées dans le même formalisme que les informations à combiner, mais elles peuvent intervenir dans le choix de la modélisation des informations à fusionner.

Une des caractéristiques importantes de l'information en fusion est son imperfection. Celle-ci est toujours présente (sinon la fusion ne serait pas nécessaire). Elle peut prendre diverses formes, qui sont brièvement décrites ci-dessous, d'une manière qui convient bien au problème de la fusion, mais qui n'est sûrement pas universelle.

**L'incertitude** est relative à la vérité d'une information, et caractérise son degré de conformité à la réalité [Dub88a]. Elle fait référence à la nature de l'objet ou du fait concerné, à sa qualité, à son essence ou à son occurrence.

**L'imprécision** concerne le contenu de l'information et mesure donc sur défaut quantitatif de connaissance, sur une mesure [Dub88a].

**L'incomplétude** caractérise l'absence d'information apportée par la source sur certains aspects du problème.

**L'ambiguïté** exprime la capacité d'une information de conduire à deux interprétations. Elle peut provenir des imperfections précédentes.

**Le conflit** caractérise deux ou plusieurs informations conduisant à des interprétations contradictoires et donc incompatibles. Les situations conflictuelles sont fréquentes dans les problèmes de fusion, et posent toujours des problèmes difficiles à résoudre. Tout d'abord, la détection des conflits n'est pas forcément facile. Ils peuvent facilement être confondus avec d'autres types d'imperfection, ou même avec la complémentarité des sources. Ensuite, leur identification et leur typologie est une question qui se pose souvent, mais de manière différente suivant leur domaine. Enfin, leur résolution peut prendre différentes formes. Elle peut reposer sur l'élimination de sources non fiables, sur la prise en compte d'informations supplémentaires, etc. Dans certains cas, il peut être préférable de retarder la combinaison et d'attendre d'autres informations susceptibles de lever les conflits, ou même de ne pas fusionner du tout.

D'autres caractéristiques de l'information sont plus positives, et sont exploitées pour limiter les imperfections :

**La redondance** est la qualité de sources qui apportent plusieurs fois la même information. La redondance entre les sources est souvent observée, dans la mesure où les sources donnent des informations sur le même phénomène. Idéalement, la redondance est exploitée pour réduire les incertitudes et les imprécisions [Dub88a].

**La complémentarité** est la propriété des sources qui apportent des informations sur des grandeurs différentes. Elle vient du fait qu'elles ne donnent en général pas d'informations sur les mêmes caractéristiques du phénomène observé. Elle est exploitée directement dans le processus de fusion pour avoir une information globale plus complète et pour lever les ambiguïtés [Dub88a].

### 3.3.2 Systèmes de fusion et types d'architecture

En général, la fusion n'est pas une tâche simple. Elle peut se décomposer de manière schématique en plusieurs tâches. Nous les décrivons succinctement ici, car elles serviront de guide à la description des outils théoriques dans la partie 2. Considérons un problème général de fusion pour lequel on dispose de  $l$  sources  $S_1, S_2, \dots, S_l$ , et pour lequel le but est de prendre une décision dans un ensemble de  $n$  décisions possibles  $d_1, d_2, \dots, d_n$ . Les principales étapes à résoudre pour construire le processus de fusion sont les suivantes :

**1. Modélisation** : cette étape comporte le choix d'un formalisme, et des expressions des informations à fusionner dans ce formalisme. Cette modélisation peut être guidée par les informations supplémentaires (sur les informations et sur le contexte ou le domaine). Supposons pour fixer les idées que chaque source  $S_j$  fournisse une information représentée par  $M_i^j$  sur la décision  $d_i$ . La forme de  $M_i^j$  dépend bien sûr du formalisme choisi.

**2. Estimation** : la plupart des modélisations nécessitent une phase d'estimation (par exemple toutes les méthodes utilisant des distributions). Là encore les informations supplémentaires peuvent intervenir.

**3. Combinaison** : cette étape concerne le choix d'un opérateur, compatible avec le formalisme de modélisation retenu, et guidé par les informations supplémentaires.

**4. Décision** : c'est l'étape ultime de la fusion, qui permet de passer des informations fournies par les sources au choix d'une décision  $d_i$ .

La manière dont ces étapes sont agencées définit le système de fusion et son architecture. En particulier on distingue les systèmes décentralisés dans lesquels des décisions locales sont prises au niveau de chaque source séparément puis sont fusionnées en une décision globale, et les systèmes centralisés dans lesquels on combine par une opération  $F$  tous les  $M_i^j$  relatifs à la même décision  $d_i$ , pour obtenir une forme fusionnée  $M_i = F(M_i^1, M_i^2, \dots, M_i^l)$ , puis une décision est prise sur le résultat de cette combinaison.

### 3.3.3 Classification des opérateurs de fusion

Nous considérons, dans la suite, la fusion d'informations issues de deux sources. Plus précisément, étant donné un couple d'informations  $(n_1, n_2)$  fourni par deux capteurs sur un même événement ou phénomène, nous considérons le problème de fusion qui agrège ces deux informations en exploitant au mieux l'ambiguïté et la complémentarité des données.

Cette agrégation est réalisée par un opérateur binaire  $F(.,.)$  auquel on impose une contrainte de fermeture (la valeur retournée doit être de même nature que les informations d'entrée, par exemple probabiliste). Le cas d'une fusion entre un nombre plus important de sources a été discuté par ailleurs pour les théories exposées dans [Blo96a][Dub88a][Sha76], et ne fait pas l'objet de notre propos.

Une classification des opérateurs suivant leur comportement et leur attitude vis-à-vis du contexte a été proposé dans [Blo96a]. Dans la suite, le comportement de  $F$  est qualifié de :

- sévère si  $F(n_1, n_2) \leq \min(n_1, n_2)$  ;
- prudent si  $\min(n_1, n_2) \leq F(n_1, n_2) \leq \max(n_1, n_2)$  ;
- indulgent si  $F(n_1, n_2) \geq \max(n_1, n_2)$  ;

en relation avec les notions de conjonctions ( $T$ -normes) et de disjonctions ( $T$ -conormes) développées dans [Dub85]. Un opérateur sévère suppose que les deux capteurs sont fiables et exploite l'information commune aux deux mesures. Au contraire, un opérateur indulgent agit sur des sources a priori en conflit. Il augmente la certitude sur l'événement observé (et donc augmente l'imprécision...) et exprime la redondance entre les informations.

Un opérateur prudent adopte une attitude entre ces deux extrêmes. Nous rappelons brièvement la taxinomie qui nous permettra de caractériser le comportement des fusions présentées dans les paragraphes suivants.

### 3.3.3.1 Opérateurs à comportement constant et indépendant du contexte

Cette première classe est composée d'opérateurs ayant le même comportement quelles que soient les valeurs  $n_1$  et  $n_2$  à agréger. Le résultat de la fusion est de plus indépendant du contexte de l'agrégation. L'opérateur  $F$  est donc exclusivement sévère, indulgent ou prudent. Dans la suite, cette classe sera notée *CCIC*.

### 3.3.3.2 Opérateurs à comportement variable et indépendant du contexte

Cette seconde classe regroupe les opérateurs qui ne dépendent pas du contexte mais dont le résultat est fonction des valeurs  $n_1$  et  $n_2$  (de leur valeur absolue par exemple). Cette classe sera notée *CVIC* dans la suite du manuscrit.

### 3.3.3.3 Opérateurs dépendant du contexte

Enfin, la dernière classe regroupe les opérateurs dépendant du contexte. La valeur retournée par  $F$  ne dépend plus seulement de  $n_1$  et  $n_2$ , mais aussi d'une connaissance a priori sur le système de capteurs ou le phénomène étudié. Il est ainsi possible de construire des opérateurs dont le comportement sévère (respectivement indulgent) est une fonction croissante (respectivement décroissante) de l'accord entre les deux capteurs. Cette classe d'opérateurs, qui sera notée *CDC*, nous intéressera tout particulièrement dans la suite.

### 3.3.3.4 Quelques propriétés

Nous énonçons enfin quelques propriétés qui doivent participer à la construction d'un opérateur de fusion. Outre la contrainte de fermeture, un opérateur doit être si possible associatif et commutatif (l'opérateur étant alors indépendant de l'ordre de présentation des informations), continu (ce qui assure la robustesse de la combinaison pour des couples de mesures voisins) et strictement croissant par rapport au couple  $(n_1, n_2)$ .

## 3.3.4 Fusion en théorie des probabilités

Bien que la théorie des probabilités soit plus orientée vers un objectif d'estimation (recherche d'une valeur représentative à partir d'événements observés), il est possible d'envisager une fusion purement probabiliste. Le fait de manipuler des densités de probabilité étant plus familier que d'utiliser des notions de masse ou de distribution de possibilité, cette théorie est encore largement employée [Bad98]. Nous détaillons dans la suite la méthode de fusion bayésienne. Pour une description d'un modèle de fusion probabiliste non bayésienne, le lecteur pourra par exemple se référer à [Pia96].

### 3.3.4.1 Etape de fusion

En reprenant les notations du paragraphe 3.2.1, nous considérons ici que les capteurs fournissent deux observations  $n_1$  et  $n_2$  d'un événement  $H_i$ . La règle de Bayes (3.1) permet de calculer la probabilité d'obtenir l'événement  $H_i$  en ayant effectivement mesuré  $n_1$  et  $n_2$  :

$$P(H_i | n_1, n_2) = \frac{P(H_i) \cdot P(n_1, n_2 | H_i)}{\sum_{k=1}^C P(H_k) \cdot P(n_1, n_2 | H_k)} \quad (3.5)$$

La fonction de vraisemblance  $P(n_1, n_2 | H_i)$  décrit la probabilité que le premier capteur observe  $n_1$  et que le second observe  $n_2$ , étant donnée la vraie valeur de  $H_i$ . Si les mesures  $n_1$  et  $n_2$  sont issues de variables aléatoires indépendantes, cette fonction peut s'écrire comme un produit des deux mesures  $P(n_1, n_2 | H_i) = P(n_1 | H_i) \cdot P(n_2 | H_i)$ , de sorte que (3.5) devient :

$$P(H_i | n_1, n_2) = \frac{P(H_i) \cdot P(n_1 | H_i) \cdot P(n_2 | H_i)}{\sum_{k=1}^C P(H_k) \cdot P(n_1 | H_k) \cdot P(n_2 | H_k)} \quad (3.6)$$

Dans le cas contraire, c'est l'estimation de la probabilité jointe qui réalise la fusion. En ayant estimé les probabilités conditionnelles comme proposé en 3.2.1.2, l'équation (3.6) décrit un opérateur de fusion entre les données fournies par les deux capteurs. Cet opérateur est conjonctif et *CCIC*, comme produit de probabilités. Il est de plus associatif, commutatif et continu si les probabilités composant la règle le sont. Notons que d'autres opérateurs ont été introduits dans la littérature, dont le comportement est par exemple disjonctif et *CCIC* [Dub99].

### 3.3.4.2 Décision bayésienne

Bien que de nombreux critères de décision bayésienne existent (les règles du maximum de vraisemblance, du maximum d'entropie ou du risque d'erreur minimum par exemple), la règle la plus utilisée reste celle du maximum *a posteriori*. Elle consiste à privilégier l'événement ayant la plus forte probabilité *a posteriori* à l'issue de l'étape de fusion (3.6). Le résultat pour chaque couple de mesure est une affectation à l'événement  $H_i$  le plus probable.



flous). Il est de plus, possible de construire des familles paramétrées décrivant l'ensemble des T-normes ou des T-conormes [Dub88a], mais le caractère constant de leur comportement interdit de passer d'une classe à l'autre. Au contraire, il est possible d'élaborer des opérateurs paramétrés *CVIC* décrivant l'ensemble des comportements, du plus conjonctif au plus disjonctif, suivant les valeurs des mesures des deux capteurs (par exemple certaines sommes symétriques).

Enfin, les opérateurs *CDC* prennent en compte une information contextuelle (conflit entre les sources, confiance accordée aux capteurs, contexte spatial,...) et adoptent un comportement dépendant de cette information. Des exemples de tels opérateurs se trouvent dans [Dub92] (opérateurs adaptatifs dépendant d'une mesure de conflit entre les capteurs), [Cro98] (fusion pondérée permettant de prendre en compte la fiabilité des sources), ou encore dans [Del97] (lois de fusions dissymétriques et application au traitement de l'incomplétude des données sous-marines). Sandri [San91] propose plus formellement une stratégie possibiliste de combinaison *CDC* se fondant sur la catégorisation des fiabilités des sources (une ou deux sources fiables, connues ou non, conditionnement des informations d'une source par rapport à l'autre).

D'une manière générale, la construction d'un opérateur *F* peut être contrainte pour qu'il satisfasse les propriétés énoncées dans le paragraphe 3.3.3.4, et en particulier la contrainte de fermeture. L'opérateur doit en effet créer une distribution de possibilité à partir de deux distributions données. Dans certains cas (les T-normes notamment), il peut être nécessaire de modifier *F*, puisqu'une T-norme peut produire un résultat sous-normalisé ( $\max(\pi(x)) < 1$ ), d'autant plus sous-normalisé que les sources sont en conflit. Le résultat n'est alors plus une distribution de possibilité (équation (3.3)) et deux hypothèses sont envisageables :

- supposer que les deux sources sont fiables et normaliser le résultat par une mesure de conflit (élimination des informations affirmées par une source et rejetées par l'autre). Cette règle est souvent appliquée avec diverses mesures de conflit [Dub85][San91].

- considérer que, dès qu'il y a conflit, une des deux sources se trompe et envisager une fusion à comportement disjonctif.

### 3.3.5.2 Etape de décision

La règle de décision est ici celle du maximum de possibilité. Chaque point de mesure se voit affecté à l'hypothèse pour laquelle il a le plus grand degré de possibilité. Des contraintes peuvent être ajoutées à cette règle pour modifier son comportement (test de la

validité de la décision par rapport à la valeur absolue du maximum de possibilité, test du pouvoir discriminatoire de la fusion en comparant les deux valeurs les plus grandes, ...).

### 3.3.6 Fusion en théorie des croyances

#### 3.3.6.1 Etape de fusion

Nous considérons ici que les deux capteurs fournissent chacun une information sur un même cadre de discernement  $X$ . Pour chaque capteur  $i \in \{1, 2\}$  un jeu de masse  $m_i$  est construit, exprimant au mieux l'information apportée par chaque source. En particulier, un des intérêts de la théorie des croyances est d'assigner des masses sur des hypothèses composées  $H_j \cup H_k$

lorsque le capteur  $i$  ne peut distinguer entre ces deux hypothèses. La combinaison de  $m_1$  et  $m_2$  en une masse résultante  $m$  est réalisée par la règle orthogonale de Dempster [Sha76] :

$$(\forall H \subset X, H \neq \phi) \quad m(H) = (m_1 \oplus m_2)(H) \frac{\sum_{A_1 \cap A_2 = H} m_1(A_1)m_2(A_2)}{K} \quad (3.7)$$

$$m(\phi) = 0, k = 1 - \sum_{A_1 \cap A_2 \neq \phi} m_1(A_1)m_2(A_2)$$

$K$  est une mesure d'accord entre les deux capteurs, et la quantité  $1-K$  représente la masse qui aurait été assignée à l'ensemble vide si les masses n'étaient pas normalisées (3.4). Il est très important de prendre en compte cette quantité pour évaluer la qualité de l'agrégation. En effet, si  $K$  est proche de 0, le conflit entre les sources est important et le fait même d'agrégger les masses devient discutable. De plus, la règle est discontinue pour des valeurs de  $K$  proches de 0 [Dub88a] et certains auteurs suggèrent même de ne pas normaliser [Sme90].

La règle de combinaison (3.7) implique une fusion *CCIC* conjonctive. L'opérateur est associatif, commutatif et peut être facilement généralisé au cas de la fusion de  $n$  sources. D'autres règles ont été proposées [Sme90], entraînant en particulier un comportement disjonctif (3.8), mais sont moins utilisées que la combinaison (3.7).

$$(\forall H \in X, H \neq \phi) \quad m(H) = (m_1 \oplus m_2)(H) = \sum_{A_1 \cup A_2 = H} m_1(A_1)m_2(A_2) \quad (3.8)$$

### 3.3.6.2 Etape de décision

La décision en théorie des croyances est prise en faveur d'une hypothèse simple suivant l'une des nombreuses règles proposées dans la littérature [App91]. L'hypothèse retenue peut ainsi être celle de crédibilité maximum, de plausibilité maximum, celle dont l'intervalle de confiance est de longueur minimum ou encore celle de probabilité pignistique maximum [Sem90]. Certains auteurs ont également proposé de prendre la décision en faveur d'une hypothèse composée (par exemple pour prendre en compte les effets de volume partiel en IRM [Blo96b]).

## 3.4 Conclusion

Nous avons exposé dans ce chapitre trois modèles de représentation des connaissances ambiguës : les théories des probabilités, des possibilités et des croyances. Ces dernières nous ont ensuite guidé dans l'expression de la fusion dans les cadres formels correspondant, en terme d'analyse du comportement des agrégations et de prise de décision. L'analyse de ces modèles pour les fusions envisagées dans la suite a révélé tout d'abord que la théorie des probabilités était mal adaptée, principalement en raison des effectifs d'expérimentation faibles dont nous disposons. La relative simplicité des informations à extraire dans les images et la pauvreté des modes de combinaison en théorie des croyances ont été ensuite pour nous des éléments décisifs dans le choix d'un cadre formel et nous ont fait préférer l'approche possibiliste à la théorie des croyances.

---

# **Système de Fusion Floue de Données Pour la Segmentation des Images IRM**

---

## **4.1 Introduction**

Puisque l'IRM peut fournir des informations diverses sous forme d'intensités d'images liées à l'anatomie par une variété de séquences d'excitations, (par exemple **T1**, **T2**, et **DP**), c'est un outil puissant pour améliorer le diagnostic clinique. Les images obtenues à partir des différentes séquences d'excitation, sont également appelées : images multispectrales. Puisqu'un objet volumique se compose de différents éléments biologiques, un seul type d'IRM ne peut pas fournir des informations complètes sur les éléments. Par conséquent, les experts en matière de radiologie combinent toujours l'information multispectrale d'IRM d'un même objet pour prendre une décision. La théorie de fusion d'information est donc particulièrement appropriée pour analyser les signaux multispectraux.

Notre approche se situe dans ce contexte, elle consiste à développer justement des outils issues des techniques de data mining pour l'extraction des connaissances par fusion floue de données. Il s'agit essentiellement de contribuer au développement de systèmes de classification guidés par les connaissances. L'aspect flou est pris en considération lors du processus de classification. Afin de valider l'approche développée, une application est envisagée pour la classification et la segmentation des images médicales IRM.

Notons que le concept de fusion, tel que nous l'envisageons, a été introduit dans le chapitre 3. Il s'agit pour nous « d'une agrégation d'informations ambiguës, conflictuelles, complémentaires et redondantes, autorisant une interprétation des données plus précise et/ou moins incertaine ». Cette définition exclut toute confusion avec des méthodes ne combinant pas réellement les informations et parfois qualifiées de fusion, comme le recalage ou la superposition d'images [Bar94][Con91][Lev89][Sto97]. De plus, Nous supposons dans la suite que les diverses images à fusionner sont déjà recalées, *i.e.*

placées dans un même repère géométrique. La méthode de recalage se doit d'être suffisamment précise, d'une part pour ne pas accroître l'imprécision et l'incertitude présentes dans les images, et d'autre part pour pouvoir combiner des informations provenant effectivement de la même localisation anatomique.

## **4.2 Travaux antérieurs**

Plusieurs travaux dans le domaine de la fusion d'informations sont développés et exploités dans la littérature. Un tour d'horizon sur quelques techniques est présenté dans cette section. Dans [Wal95], Waltz a présenté trois niveaux de base pour la fusion de données pour des images IRM : niveau pixel, niveau caractéristiques et niveau prise de décision qui correspond à trois architectures de traitement. I. Bloch, dans [Blo96b] a décrit quelques aspects de la théorie d'évidence de Dempster-Shafer qui peuvent être très utile en fusion d'images médicales pour des buts de segmentation ou de classification. Des exemples ont été fournis pour montrer sa capacité de tenir compte d'une grande variété de situations.

Des méthodes basées sur le recalage sont considérées comme des méthodes de fusion au niveau pixel, par exemple la fusion IRM-PET (tomographie d'émission de positron) sont présentées en [Beh98]. Quelques techniques de segmentation basée sur la connaissance a priori peuvent être considérées comme fusion au niveau de caractéristiques telle que les méthodes proposées dans [Cla98]. Dans la référence [Lef00], les auteurs ont décrit une certaines fonctions de croyance, la théorie d'incertitude, la théorie de Dempster-Shafer qui sont souvent utilisées pour la fusion au niveau de décision.

Dans [Bar00a], V. Barra a présenté l'application des aspects de fusion de données à plusieurs études concernant le cerveau humain en tenant compte une grande variété d'informations (imagerie cérébrale fonctionnelle et anatomiques, connaissances expertes de neurochirurgiens, électroencéphalogramme, etc.). Les différentes étapes du processus de fusion sont appliquées dans le cadre de fusion des images IRM, la fusion anatomique et fonctionnelle et la fusion d'une image IRM et des informations symboliques. Ces concepts ensuite sont appliqués à quatre cas cliniques : la quantification des tissus cérébraux, l'étude de maladie de type Alzheimer et l'épilepsie et segmentation de noyau sous thalamique. Les résultats obtenus sont comparés aux ceux de la littérature.

Dans [Blo00], I. Bloch a proposé un cadre unifié de fusion d'informations dans le domaine médical basé sur les ensembles flous, et permettant de représenter et traiter aussi bien les informations numériques que symboliques, la théorie des ensembles flous est

appliquée à trois niveaux : au niveau bas, pour traiter l'information numérique de base contenue dans les images, aussi bien que la possible ambiguïté entre les classes; au niveau objet, pour représenter des objets ou des structures dans les images en tant qu'objets flous, sur la frontière des objets (flou dû par exemple à l'effet de volume partiel, ou à la résolution spatiale), ou sur la variabilité inter-individuelle des structures; au niveau plus élevé, pour prendre en compte l'information structurale et les rapports spatiaux entre les objets, comme la distance, la contiguïté, et la position relative entre les objets.

Vincent Barra et Jean Yves-Boire dans [Bar01b], ont décrit un cadre général de la fusion des images médicales anatomiques et fonctionnelles. Le but de leur travail est de fusionner les informations venant des images médicales anatomiques et fonctionnelles, le processus de fusion est basé sur la théorie de possibilités permettant la gestion de l'incertitude et de l'imprécision inhérentes aux images. Les auteurs ont concentré en particulier sur l'étape d'agrégation avec l'introduction d'une nouvelle classe des opérateurs basés sur la théorie de l'information et le processus entier est finalement illustré sur deux cas cliniques : l'étude de la maladie d'Alzheimer par fusion de MR/SPECT et l'étude de l'épilepsie avec la fusion MR/PET/SPECT. Les résultats obtenus ont été très encourageants. Vincent Barra et Jean-Yves Boire dans [Bar01c] ont proposé un schéma en trois étapes de fusion de l'information basé sur la logique floue permettant une segmentation entièrement automatisée des structures cérébrales internes. Les informations sont fournies par des images IRM et par la connaissance experte, et consistent en des données morphologiques, topologiques, et de constitution des tissus. Dans la première étape, toutes les informations ambiguës, complémentaires et redondantes sont modélisées en employant la logique floue, dans la deuxième étape, les modèles sont combinés en employant des opérateurs de combinaison afin de donner les correspondances et les conflits. Finalement, une décision est prise augmentant le niveau de certitude et la précision sur la position des structures subcorticales de cerveau. La fusion multimodale des images médicales est utilisée dans [Mar02].

Les auteurs dans [Dou07] ont présenté un cadre de fusion floue d'informations pour la segmentation automatique du cerveau humain notamment en présence de tumeurs à partir des images de résonance magnétique multispectrales. Dans cette approche trois modèles flous sont présentés pour représenter les caractéristiques du tumeur pour les différentes séquences d'image IRM. Ils permettent de créer l'espace flou correspondant aux caractéristiques du tumeur. L'opérateur de fusion retenu dans ce contexte est la moyenne géométrique et la technique de croissance de région est utilisée pour améliorer le résultat de la segmentation. Maria del C. et Al [Mar10] ont proposé une nouvelle technique de

fusion de données multispectrales pour la segmentation de lésion de la matière blanche des images médicales IRM, une comparaison des résultats obtenus avec la méthode de seuil sur des images de FLAIR est illustrée.

### **4.3 Spécificités de la fusion d'images médicales**

#### **4.3.1 L'image : une information particulière**

Pour une introduction détaillée de la spécificité de la fusion d'images, le lecteur pourra avantageusement se reporter à l'article de Bloch et Maître [Blo97b]. Nous précisons cependant que l'originalité de l'image par rapport à tout autre type de données est qu'elle contient aussi une information spatiale. Il est essentiel pour nous de tenir compte de ce type de données lors du processus d'agrégation. Dans l'esprit de la fusion que nous envisageons, il nous semble en effet essentiel d'intégrer la compétence spatiale pour accroître le niveau de pertinence des informations disponibles.

#### **4.3.2 Spécificités du contexte médical**

Le problème principal lorsqu'on est amené à traiter des images médicales est que la "vérité" concernant les données n'existe pas ou n'est pas toujours accessible. D'une manière générale, l'information exprimée sur une image médicale n'est qu'une approximation ou une représentation de l'objet que l'on tente d'approcher, contrairement par exemple au traitement d'images satellite [Rou97] où une réalité de terrain peut être obtenue. Il est difficile de qualifier et de quantifier les résultats d'un traitement d'images cérébrales issus d'un processus de fusion. La méthode que nous utilisons dans le chapitre 5 et qui est souvent employée dans le domaine médical consiste en l'évaluation des résultats par rapport à un modèle numérique ou fantôme.

Une autre spécificité du contexte médical est la dimension des problèmes à traiter. En raison de la taille des images (typiquement 128 x 128 x 128 en IRM et 64 x 64 x 64 en TEM : Tomoscintigraphie par Emission Monophotonique ou TEP : Tomographie par Emission de Positron), la quantité d'information est très importante et la fusion de telles données est en général complexe. Cette complexité s'exprime également à travers la complémentarité et la redondance simultanée entre les images, qui se manifeste par exemple dans les zones saines (redondances) et pathologiques (complémentarité, conflit et ambiguïté). La complémentarité provient le plus souvent de l'utilisation d'images de types différents (anatomiques / fonctionnelles), exprimant des informations hétérogènes (morphologiques / physiologiques) mais pertinentes à propos de l'organe étudié. La fusion

se doit dans ce cas d'exploiter au mieux la redondance, sans pour autant négliger les zones ambiguës qui sont souvent essentielles pour le diagnostic.

#### **4.4 Imprécision et incertitude dans les images médicales**

Si les termes d'imprécision et d'incertitude peuvent prêter à des interprétations différentes suivant la communauté et la sensibilité de chacun, nous les illustrons ici dans le cas particulier des images médicales. Dans ce cadre, nous cherchons à mieux exprimer des indices ou arguments susceptibles de signer l'information de type «pathologie». Au niveau de la fusion, (*i.e.* avant validation clinique), nous ne disposons pas des qualifications statistiques (sensibilité, spécificité) de nos indices, et ne sommes donc pas aptes à gérer les imprécisions et incertitudes inhérentes à nos méthodes. Nous nous attachons donc à décrire les facteurs d'imprécisions et incertitudes issus de la physique de l'imagerie et des méthodes algorithmiques utilisées.

##### **4.4.1 Sources d'imprécision**

Les imprécisions proviennent ici à la fois du phénomène physiologique, des techniques d'imagerie et des algorithmes de reconstruction utilisés. Les plus importantes sources d'imprécision dans les images IRM sont :

- l'effet de volume partiel, rencontré dans toutes les modalités, qui est une imprécision sur la localisation de l'information;
- la transition réelle entre les différents tissus, surtout perceptible en IRM, qui est une imprécision due au phénomène physiologique;
- les troncatures numériques des algorithmes de reconstruction, qui sont des sources d'imprécision sur le signal mesuré dans l'image.

D'autres facteurs relatifs à des choix algorithmiques introduisent également de l'imprécision, comme par exemple le choix du filtre en rétroprojection filtrée ou la précision de la méthode de recalage.

##### **4.4.2 Facteurs d'incertitude**

Il existe de même de nombreuses causes d'incertitude dans les images médicales. Citons en particulier :

- le bruit (de l'antenne en IRM, de reconstruction en TEM et TEP) qui participe à la dégradation de l'information et donc à l'incertitude sur le signal "vrai" mesuré;
- la représentation d'informations symboliques sous forme schématique (atlas, variables linguistiques), qui est source à la fois d'imprécision et d'incertitude.

#### 4.5 Intérêt de la fusion d'images IRM

La fusion envisagée concerne l'agrégation d'images IRM issues de différentes techniques d'acquisition. Les informations à combiner sont donc homogènes, et suivant le type d'acquisition l'image offrira des contrastes plus ou moins prononcés entre les tissus ou entre parenchyme et pathologie. Un des intérêts principaux de la fusion sera alors d'exploiter en particulier la complémentarité entre les différentes images. De nombreuses applications peuvent bénéficier de cette technique. Citons entre autres :

##### *- La détection de zones tumorales*

L'IRM permet d'apprécier facilement une extension tumorale, particulièrement lorsque des produits de contraste sont utilisés. Avec certaines techniques d'acquisition, la spécificité est aussi plus grande permettant dans certains cas la distinction entre tumeur et œdème. Tout l'intérêt va donc résider en une combinaison de ces techniques avec une acquisition plus anatomique (de type pondérée en T1) pour évaluer l'extension tumorale. Par exemple, un glioblastome cérébral (tumeur affectant la plus grande partie d'un ou des deux hémisphères) peut être précisément localisé par fusion d'images pondérées en T1 et T2, où la première apporte une information anatomique et la seconde permet de mieux évaluer l'extension de la tumeur [Phi95]. De même, les anomalies superficielles (affections des méninges, encéphalites, atteintes corticales) peuvent être étudiées par fusion entre une image pondérée en T1 et une image issue d'une séquence FLAIR avec injection de produit de contraste. La pondération T1 apporte l'information anatomique et la séquence FLAIR fournit un contraste entre la pathologie et le parenchyme sans qu'il n'y ait de rehaussement des vaisseaux adjacents à circulation lente [Eri98];

##### *- La quantification des volumes de tissus cérébraux*

De par sa précision anatomique et la variété des techniques d'acquisition, l'IRM permet d'apprécier la distribution des différents tissus cérébraux suivant plusieurs contrastes. La quantification volumique de ces tissus est cliniquement fondamentale pour l'étude de nombreuses pathologies qui affectent la matière blanche, la matière grise ou le

liquide cérébro-spinal [Bra94], ou simplement pour la mesure des volumes chez des sujets sains [Raj96].

## **4.6 Approche proposée**

La diversité croissante des techniques d'acquisition d'images a motivé ces dernières années de nombreuses recherches visant l'élaboration des modèles de plus en plus efficaces de fusion de données. En effet, aussi bien en imagerie médicale, il peut arriver qu'aucune des images disponibles ne contienne à elle seule une information suffisante. D'autre part le milieu médical confie chaque type d'image à un expert qui porte un diagnostic partiel sur la modalité de sa spécialité, puis les spécialistes échangent leurs expériences et de cette confrontation naît le diagnostic final. L'exploitation de nombreuses images variées est une tâche difficile pour un seul expert.

Cette approche classique n'utilise qu'une partie de l'information issue des différentes sources d'images. Ces dernières années et pour pallier à cette lacune et à causes de la disposition d'un grand nombre de données hétérogènes, complémentaires et parfois ambiguës, la fusion de l'information est proposée comme approche puissante permettant d'extraire de chaque image toute l'information qu'elle peut apporter et d'agréger ainsi ces informations modélisées dans un cadre commun en utilisant des opérateurs de fusion pour avoir une information synthétique la plus exploitable possible.

En particulier et a cause de l'information spécifique fournie par l'IRM, nous proposons dans cette section un cadre de fusion de l'information floue qui permet la segmentation des images médicales IRM. Le processus de fusion d'images est décomposé alors en trois étapes principales :

- (1) modélisation des informations dans un cadre théorique commun ;
- (2) fusion des informations issues de la modélisation précédente ;
- (3) prise de décision.

### **4.6.1 Etape de modélisation des données**

Pour les données à modéliser, nous avons limité notre étude aux données issues des deux pondération **T2** et **DP** des images IRM car d'une part, ces séquences contiennent des informations diverses liées à l'anatomie, et d'autre part les experts en radiologie combinent toujours l'information multispectrale d'IRM d'un même objet pour prendre une décision.

#### 4.6.1.1 Méthode supervisé ou non supervisé

Nous devons, tout d'abord, préciser si l'algorithme doit être supervisé ou non. Si les méthodes manuelles présentent l'avantage de correspondre exactement aux attentes du clinicien, elles ont de nombreux inconvénients parmi lesquels la lenteur, la variabilité inter et intra-opérateur, la nécessité de faire le tracé par un expert, de positionner l'image au préalable dans un repère donné. L'emploi d'un algorithme supervisé nécessite, comme nous l'avons vu précédemment, une base d'apprentissage pour chaque classe et pour chaque patient. Cela constitue un inconvénient supplémentaire de ce type de méthodes. De plus, la littérature rapporte que les méthodes supervisées en segmentation d'images médicales peuvent être très dépendantes de la base d'apprentissage [Bez93].

Les méthodes semi-automatique présentent l'avantage d'améliorer grandement le temps d'exécution, mais restent toutefois tributaires des interventions de l'opérateur. A l'inverse, les méthodes *non supervisées* présentent l'avantage d'être totalement indépendantes de l'opérateur, de ne pas nécessiter d'apprentissage, d'être rapide et reproductibles. Pour toutes ces raisons, nous avons opté pour une méthode *non supervisée*.

#### 4.6.1.2 Choix de l'algorithme de classification

Les images de modalité IRM traitées dans cette thèse présentent deux caractéristiques, que ce soit dans les zones de transition entre tissus (effet du volume partiel, information imprécise et vague) ou en raison du bruit présent dans l'image (information incertaine). Dans ce contexte, et d'après l'état de l'art présenté dans le chapitre 2, l'approche floue est parfaitement adaptée à la manipulation de données incertaines et imprécises.

L'algorithme FCM (*Fuzzy C-Means*) a été largement utilisé pour la segmentation des images de cerveau, quels que soient la modalité et le type d'acquisition (mono ou multimodale) et de nombreux travaux ont notamment été effectués en imagerie par résonance magnétique [Bar00a][Bra94][Cla94]. De plus, un grand nombre d'algorithmes est dérivé du FCM ; utilisant des métriques différentes ou des prototypes de dimensions supérieures. Citons les FCV (*Fuzzy C-Variétés*), FCE (*Fuzzy C-Elliptotypes*)[Bez81], AFCE (*Adaptive Fuzzy C-Elliptotypes*) [Dav92]. Les FCM et ses algorithmes dérivés souffrent de plusieurs inconvénients :

- Les degrés d'appartenance sont des degrés relatifs. Autrement dit, l'appartenance d'un individu à une classe dépend de l'appartenance de cet individu aux autres classes. Les fonctions d'appartenance construites sont donc interdépendantes. Aussi, les estimations des centres des classes ne correspondent pas aux centres réels ou typiques.
- Les points aberrantes (éloignés) peuvent avoir des valeurs d'appartenances élevées et ils peuvent affecter de façon significative l'estimation des centres de classes.

- Ces algorithmes modélisent dans la phase de classement l'hésitation ou l'ambiguïté entre classes à partir des règles de décision floues fixées a priori [Mic98]. Dans la phase de classification, les points ambigus ou non représentatifs des classes peuvent alors affecter la position des centres.

Pour pallier aux ces problèmes, l'algorithme PCM a été développé [Kri93]. Cet algorithme est reconnu comme étant un algorithme plus robuste que celui du FCM [Mic98]. Le principal avantage de cet algorithme est qu'il relâche la contrainte probabiliste imposée par l'algorithme FCM et qui consiste à définir les degrés d'appartenances d'une manière relative. Ces degrés d'appartenance appelés également degrés de typicalités représentent les mesures de ressemblances absolues entre les différents individus et les centres de classes relatives. Les points aberrants (les points très éloignés de toutes les classes) se voient alors dotés de petits poids pour toutes les classes et dont l'influence dans la phase de classification est réduite. Le PCM souffre, cependant, du problème de coïncidence de classes [Hop00]. On peut avoir, dans certains cas, des classes confondues tandis que des sous-groupes de données normaux seront négligés.

Pour résoudre le problème de coïncidence des classes dans le PCM, Pal et al. [Pal97][Pal04] ont proposé de combiner les deux algorithmes ensemble : le FCM et le PCM. Leur raisonnement repose sur le fait que les coefficients représentant les degrés d'appartenance sont nécessaires pour grouper les points dans une même classe et que les coefficients possibilistes réduisent l'influence des points aberrants présents dans les données. Par conséquent, ils tiennent compte de la ressemblance relative et absolue pour les centres des classes.

Pour toutes ces raisons, nous nous sommes orientés vers l'algorithme de classification floue FPCM (Fuzzy Possibilistic C-Means) pour caractériser les tissus cérébraux et pour gérer mieux les artefacts affectant les images IRM.

#### ***4.6.1.3 Choix des paramètres de l'algorithme***

Nous utilisons l'algorithme de classification FPCM pour segmenter les tissus cérébraux dans les images IRM. Pour cela, il nous faut définir les différents paramètres gouvernant la méthode, à savoir les valeurs de  $m$  et  $C$ , le choix du degré de typicalité  $\lambda$ , la métrique utilisée et enfin les vecteurs forme représentant les pixels des images.

##### ***a) Détermination du nombre de classes***

Nous nous plaçons ici dans une problématique de caractérisation de tissus cérébraux. Notre objectif donc consiste à segmenter l'encéphale en ses trois tissus : la matière blanche (MB), la matière grise (MG), le liquide cérébro-spinal (LCS) et éventuellement le fond de l'image. Dans le reste de ce manuscrit,  $C$  sera donc pris égal à trois ou quatre. Cependant, suivant le cas étudié, rien n'empêche d'ajouter plusieurs classes pour détecter des éventuelles entités pathologiques (tumeurs, etc.) [Phi95].

**b) Choix des paramètres  $m$  et  $\lambda$**

Le paramètre  $m$  contrôle le degré de flou de la partition floue  $U$ . Si  $m$  est proche de 1, la partition résultante est quasiment non floue, chaque vecteur  $x_j$  est assigné à une classe  $i$  et une seule avec un degré d'appartenance  $u_{ij} = 1$ . Inversement, alors que la croissance de  $m$  dans le FCM tend à augmenter le degré de partage des vecteurs aux classes (les degrés d'appartenance de  $x_j$  à chacune des  $C$  classes sont égaux à  $1/C$  lorsque  $m$  tend vers l'infini). Selon Barra dans [Bar00a], il n'existe pas de méthode pour optimiser de manière générale ce paramètre, chaque problème appelle un choix dépendant de la nature des données. Des valeurs comprises dans l'intervalle  $[1.5,3]$  pour  $m$ , et dans l'intervalle  $[3,5]$  pour  $\lambda$  sont généralement acceptées afin d'assurer la convergence de l'algorithme. De ce fait et après certaines expérimentations sur les valeurs de  $m$  et  $\lambda$  nous avons choisi  $m=2$  et  $\lambda =3$  dans le cadre de notre étude.

**c) Choix de la distance**

Pour notre cas, nous avons opté d'utiliser l'algorithme FPCM avec la distance la plus usuelle et la plus rapide à calculer, qui est la distance euclidienne (définition initiale de PCM [Kri93]). Nous supposons donc que la forme des nuages de points représentant les classes de tissus est quasi-sphérique [Bar00a].

**d) Choix des vecteurs forme**

Le choix des vecteurs forme est fondamental puisque leur pertinence va permettre de discriminer les pixels entre eux. Ce choix est défini suivant le type de modalité. L'image anatomique que nous utilisons est l'IRM. L'imagerie par résonance magnétique est une modalité d'imagerie multi-spectrale donnant accès à un grand nombre de paramètres et donc de vecteurs forme. La première caractéristique qui peut être exploitée est le signal lui-même, principalement par l'intermédiaire d'images pondérées en T1, T2 et en densité de protons. Le vecteur forme  $x_j$  d'un pixel  $j$  est alors formé des niveaux de gris de ce pixel dans toutes les images. Cette information est très largement utilisée en segmentation d'images, en particulier dans un cadre flou [Suc99] ou non flou [Moh99].

**4.6.1.4 Etapes de l'algorithme utilisé dans la phase de modélisation**

Les principales étapes de l'algorithme FPCM retenu pour la modélisation sont :

1. La fixation aléatoire d'une matrice d'appartenance  $U$ .
2. La fixation aléatoire d'une matrice de typicalité  $T$ .
3. Le calcul des centroïdes des classes  $B$ .
4. Le réajustement des deux matrices  $U$  et  $T$  suivant les positions des centroïdes.
5. Evaluation du critère de minimisation et retour à l'étape 3 s'il y a non convergence de critère.

Le pseudo-code de cet algorithme est dressé dans la table 4.1 ci-dessous :

**Table 4.1 : Algorithme FPCM**

**Etape 1 :** Fixer les paramètres.

**Les entrées :**  $X = (x_j, j=1..N)$  l'ensemble des vecteurs formes,

$C$  : nombre de classes

$\varepsilon = 0.005$

// Seuil représentant l'erreur de convergence

$m \in [1.5, 3]$

// Degré de flou

$\lambda \in [3, 5]$

// Degré de typicalité

- Etape 2 :**
- 2.1 Initialiser la matrice de degrés d'appartenances  $U$  par des valeurs aléatoires dans l'intervalle  $[0,1]$ .
  - 2.2 Initialiser la matrice de degrés de typicalité  $T$  par des valeurs aléatoires dans l'intervalle  $[0,1]$ .

**Etape 3 :** 3.1 Mettre à jour la matrice prototype  $B$  par la relation

$$b_i = \frac{\sum_{k=1}^N (u_{ik}^m + t_{ik}^\lambda) x_k}{\sum_{k=1}^N (u_{ik}^m + t_{ik}^\lambda)}$$

3.2 Calculer la fonction objective  $J$  comme suit :

$$J^{Ancien} = \sum_{i=1}^C \sum_{j=1}^N (u_{ij}^m + t_{ij}^\lambda) \cdot d^2(x_j, b_i)$$

**Etape 4 :** 4.1 Mettre à jour la matrice des degrés d'appartenance  $U$  par la relation

$$u_{ij} = \left[ \sum_{k=1}^C \left( \frac{d^2(x_j, b_i)}{d^2(x_j, b_k)} \right)^{2/(m-1)} \right]^{-1}$$

4.2 Mettre à jour la matrice des degrés de typicalité  $T$  par la relation

$$t_{ij} = \left[ \sum_{k=1}^C \left( \frac{d^2(x_j, b_i)}{d^2(x_j, b_k)} \right)^{2/(\lambda-1)} \right]^{-1}$$

4.3 Mettre à jour la fonction objective  $J$  comme suit :

$$J^{Nouveau} = \sum_{i=1}^C \sum_{j=1}^N (u_{ij}^m + t_{ij}^\lambda) \cdot d^2(x_j, b_i)$$

**Etape 5 :** Répéter les étapes (3), (4) et (5) jusqu'à satisfaction du critère d'arrêt qui s'écrit :

$$\|J^{Nouveau} - J^{Ancien}\| \leq \varepsilon$$

**Les sorties :** Les deux matrices  $U$ ,  $T$  et les centres des classes  $B$ .

## 4.6.2 Etape de fusion de données

De nombreux auteurs ont comparé les théories des probabilités, des possibilités et des croyances, et ont détaillé les transformations permettant de passer d'un formalisme à l'autre [Blo5a][Meu95][Dub99][Fab96][Las99][San91]. Notre propos ici n'est pas de comparer les théories de façon formelle, mais plutôt de choisir le cadre le plus adéquat à la représentation des informations du chapitre 5. Nous justifions donc ici l'orientation théorique du reste de ce manuscrit. En particulier, nous montrons pourquoi nous avons retenu la théorie des possibilités. Ce choix est motivé d'une part par les limitations et les inadaptations des autres modèles aux problèmes rencontrés dans le chapitre 5, et d'autre part par les qualités intrinsèques de la théorie des possibilités vis-à-vis des fusions que nous envisageons dans la suite.

### 4.6.2.1 Choix du cadre théorique de fusion

La théorie la plus utilisée dans la littérature pour modéliser l'information extraite des images est sans conteste la théorie des probabilités, associée à la théorie bayésienne de la décision [Dud73]. Cependant, si les probabilités représentent bien l'incertain qui entache cette information, elles ne permettent pas aisément de représenter son imprécision [Blo94][Wal91]. Il est par exemple, parfois difficile de distinguer sur une image médicale la surface du cerveau de l'enveloppe crânienne[Blo96b]. De plus :

- dans les images IRM multispectrales qu'on veut traiter, les informations sont à la fois incertaines et imprécises. Or la théorie des probabilités ne peut pas bien prendre en compte l'imprécision des données [Dub99];

- le formalisme, notamment introduit dans la règle de Bayes, requiert des connaissances *a priori* sur l'occurrence de chaque phénomène par l'intermédiaire des probabilités conditionnelles et des probabilités *a priori* des événements. Des modèles peuvent représenter ces connaissances mais imposent alors des hypothèses fortes sur les étapes de modélisation (densités, hypothèse d'indépendance...) et de fusion. Quelques tests ont été proposés pour valider chacune des hypothèses [Cha95], mais la restriction du comportement des intensités dans les images à des lois paramétriques nous a paru contraignante et peu justifiable;

- la connaissance qui n'est pas probabiliste par nature est difficile à inclure. Par exemple, nous pouvons savoir qu'un capteur a une dérive dans ses mesures, mais ne pas connaître la loi de dérive par rapport au temps ou à la position. Cependant, ce phénomène doit être pris en compte pour gérer l'incertitude des données.

Le deuxième cadre théorique fréquemment utilisé pour la fusion des images médicales IRM est le cadre crédibiliste basé sur la théorie de croyances. Cette théorie introduite par Dempster-Shafer permet également de représenter les deux natures de l'information : l'incertitude et l'imprécision, à l'aide de fonctions de masse induisant des fonctions de plausibilité et des fonctions de crédibilité[Gua91][Sha76]. Malheureusement, ce cadre de fusion souffre des limitations suivantes :

- la théorie de l'évidence prend en compte les ensembles composés de plusieurs classes, ce qui permet de considérer le doute entre les classes. Il n'est pas toujours évident de choisir l'appartenance d'un élément  $x$  entre deux classes [Lec05].

- la richesse de l'étape de modélisation des données en théorie des croyances est indéniable et sa flexibilité en fonction des contraintes peut être particulièrement adaptée à la représentation des connaissances en imagerie médicale (choix d'hypothèses composées pour représenter le volume partiel, ou l'incomplétude de l'information). Dans les applications d'images IRM, nous n'aurons cependant pas l'opportunité d'utiliser des hypothèses composées mais des singletons, puisque les informations que nous extrairons de ces images pourront directement être modélisées par des hypothèses simples ou par des distributions de possibilité [Bar00a].

- elle est Moins riche d'un point de vue d'opérateurs de fusion. En effet, l'étape de combinaison en théorie des croyances se résume la plupart du temps à l'application de l'opérateur orthogonal, dans le cas où toutes les ambiguïtés peuvent être introduites à l'étape de modélisation.

Alternativement aux modèles précédents, la théorie des ensembles flous de Zadeh [Zad65] offre un cadre déterministe riche pour représenter l'imprécision, et la théorie des possibilités [Dub88b] permet de représenter à la fois l'imprécision et l'incertitude. Nous retenons ce formalisme de fusion pour deux raisons essentielles : D'une part, cette théorie offre une grande variété d'opérateurs ayant des comportements différents suivant la situation présentée (hétérogénéité des sources, conflit, information contextuelle). Dans les informations que nous aurons à traiter, deux images pourront être tantôt concordantes (par exemple dans les zones saines) et tantôt en conflit (par exemple dans les zones pathologiques). De plus, certaines images seront plus susceptibles que d'autres d'extraire une information pertinente sur un événement (par exemple l'IRM pour la localisation du liquide cérébro-spinal). Le fait de prendre en compte dans la combinaison le conflit et la fiabilité des sources nous a paru fondamental, en particulier pour préserver l'information

pertinente pour le diagnostic [Bar00a]. D'autre part, cette théorie nous semble la plus adaptée au problème considéré dans le sens de représentation de l'information.

#### 4.6.2.2 *Choix de l'opérateur de fusion*

L'étape d'agrégation est la phase la plus fondamentale pour une exploitation pertinente des informations issues des images IRM à traiter en particulier les deux séquences T2 et DP. Etant donnée la modélisation proposée au paragraphe précédent, l'opérateur doit combiner, pour un tissu  $T$  donné, les distributions de possibilité  $\pi^{T2}$  et  $\pi^{DP}$ , en soulignant les redondances et en gérant les ambiguïtés et les complémentarités.

De plus, Les images IRM sont supposées recalées et un même voxel correspond donc à une localisation anatomique identique dans les deux images. Bien que les techniques d'acquisition fournissent des contrastes différents dans l'image, l'imagerie anatomique renseigne sur la distribution des tissus et les informations issues des deux images doivent alors être pratiquement partout concordantes. Les désaccords et ambiguïtés doivent *a priori* se situer dans les zones de transition entre tissus (contraste plus ou moins prononcé des différentes interfaces entre tissus suivant les acquisitions) et dans les zones pathologiques (expression d'une pathologie plus prononcée dans une image acquise avec injection de produit de contraste par exemple).

L'opérateur retenu doit donc souligner les redondances entre images (*conjunctivité*) sans pour autant négliger de garder trace du conflit existant, puisque celui-ci peut être fondamental pour l'étude d'une pathologie. En se référant à la taxinomie introduite dans le paragraphe 3.3.3, nous avons donc éliminé les opérateurs *CCIC* et *CVIC* qui ne nous ont pas semblé adaptés. Nous avons alors choisi un opérateur dépendant du contexte (*CDC*) par l'intermédiaire d'une mesure de conflit entre les sources.

#### 4.6.3 **Etape de décision**

L'étape finale du processus de fusion, a pour objectif de la prise de décision quant à l'appartenance d'un voxel à une classe. Deux critères de décision sont couramment utilisés :

- Le critère de maximum de possibilité : dans ce cas, la solution est celle pour laquelle la distribution fusionnée atteint son maximum de degré de possibilité ;

- Le critère de seuil : cette règle consiste à choisir un seuil de degré de possibilité, et les valeurs du paramètre pour lesquelles le degré de possibilité  $y$  est supérieur représentent les solutions.

Pour notre cas d'étude nous devons avoir une solution unique, pour cette raison nous avons choisi le critère de maximum de possibilité. Appliquons donc cette règle et affectons chaque voxel à la classe de tissu pour laquelle il a la plus grande appartenance. Nous créons ainsi une image *SYNT* étiquetée en  $C$  classes :

$$((\forall v \in SYNT) \quad v \in T) \Leftrightarrow ((\forall S \neq T) \quad \pi_S(v) \leq \pi_T(v))$$

L'image *SYNT* peut alors être utilisée par exemple pour quantifier les volumes de tissus sains, pathologiques, ou suivre l'évolution d'une tumeur dans des images acquises à différents temps.

L'architecture du système de fusion floue de données proposé pour la segmentation d'images médicales IRM est représentée dans la figure 4.1 ci-dessous :

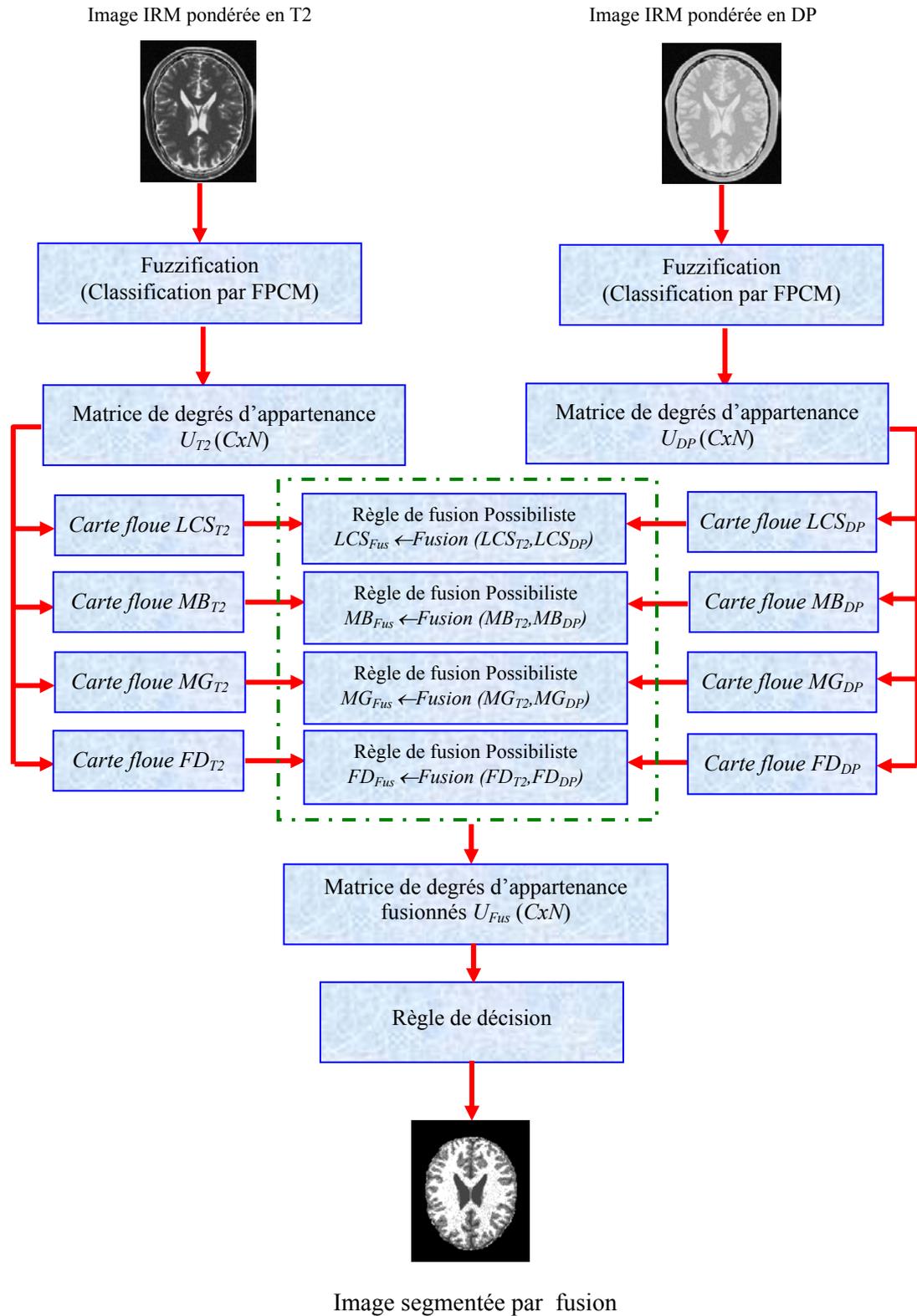


Figure 4.1 : Schéma du système de fusion proposé.

L'algorithme générale utilisé pour la fusion est décrite dans la table 4.2 suivant :

**Table 4.2 : Algorithme général de fusion**

<b>Modélisation des images</b>	
<b>Pour <math>i</math> dans <math>\{T2, DP\}</math> faire</b>	
FPCM (i)	<i>{Calcul des degrés d'appartenance pour les deux images T2 et DP}</i>
<b>Fin Pour</b>	
<b>Fusion</b>	
Fusion possibiliste	<i>{Entre chaque classe de T2 et la même classe de l'image DP en utilisant un opérateur de fusion}</i>
<b>Décision</b>	
Image segmentée	<i>{Application du règle «maximum de possibilité»}</i>

## 4.7 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons expliciter en détail les différentes étapes de la fusion de données de l'approche proposée pour répondre à la problématique de l'extraction des connaissances par fusion floue/possibiliste de données.

Tout d'abord nous avons présenté les particularités des données issues des images médicales IRM. De plus, plusieurs argumentations par rapport aux d'autres algorithmes de classification ont été discutées afin de choisir l'algorithme FPCM pour la phase de modélisation des données. Ce choix est motivé essentiellement par les avantages apportés par cet algorithme pour palier les problèmes majeurs des algorithmes FCM et PCM notamment le problème des points aberrants et la coïncidence des centres de classes.

Après la phase de modélisation, nous avons précisé le cadre théorique de fusion retenu, nous avons opté pour la théorie des possibilités qui offre une panoplie d'opérateurs de fusion à comportements différents. Pour la dernière étape, nous avons introduit la règle de décision choisie, permettant d'exploiter les résultats de la fusion.

Dans le chapitre suivant nous allons évaluer notre système de fusion proposé.

---

## **Résultats et Evaluation**

---

### **5.1 Introduction**

Les résultats obtenus par le système de fusion précédemment décrit sont évalués quantitativement dans ce chapitre, sur des images simulées mises à disposition par l'Institut Neurologique de l'Université McGill de Montréal sur le site internet Brainweb<sup>6</sup>. Ces fantômes permettent de quantifier les performances de notre approche proposée, pour différentes valeurs des paramètres, sur des images réalistes du point de vue anatomique, qui contiennent du volume partiel et sur lesquelles les niveaux de bruit et d'hétérogénéités d'intensité peuvent être choisis.

Ce chapitre est organisé en quatre parties : Les images simulées sont présentées dans un premier temps. La méthodologie de choix de l'opérateur de fusion retenu est illustrée en deuxième temps. Le fonctionnement de système est présenté dans un troisième temps sur un exemple d'une coupe IRM simulée. Des résultats obtenus sur des volumes de fantômes lorsque les niveaux de bruit augmentent sont finalement présentés.

### **5.2 Description des volumes traités**

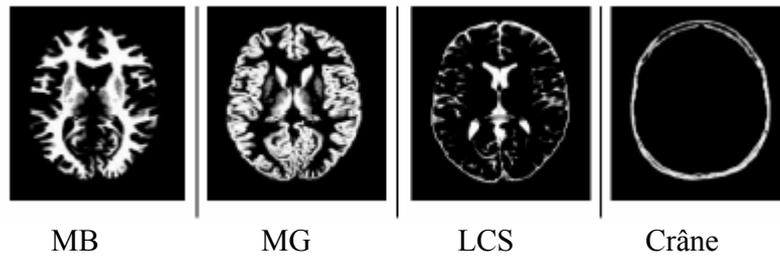
#### **5.2.1 Données de synthèse**

Les volumes de synthèse utilisés proviennent de l'Institut Neurologique de l'Université McGill de Montréal. Ce dernier met en effet à disposition des volumes cérébraux de synthèse correspondant à différentes pondérations d'acquisition. Cette base de données est plus connue sous le nom de Brainweb. Chaque volume cérébral, pour lequel les

---

<sup>6</sup> <http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb>

caractéristiques en termes de niveaux de bruit et de dérive du champ radiofréquence sont connues, est constitué de liquide cérébro-spinal, de matière blanche, de matière grise, de neuroglie (tissu localisé autour des parois des ventricules), de muscle, de graisse, de peau et du crâne. La vérité terrain est connue sous forme de fractions tissulaires et la figure 5.1 présente une coupe des cartes floues de MB, MG, LCS et du crâne. L'étiquette finale attribuée à chaque voxel correspond alors au tissu majoritaire. La connaissance des défauts des images ainsi que de la vérité terrain présente évidemment un intérêt certain pour évaluer l'efficacité de notre approche.



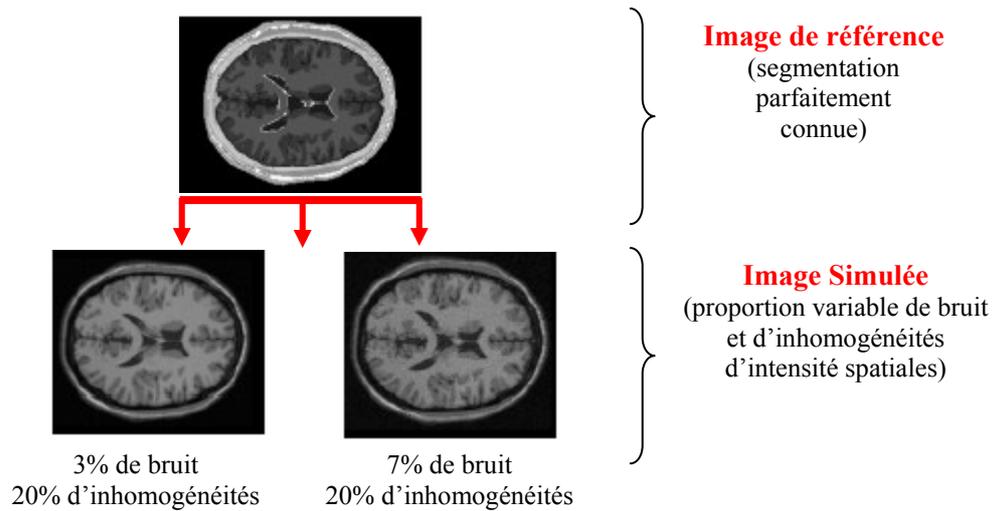
**Figure 5. 1** : Exemple de cartes floues du fantôme [Kwa96].

Pour chaque volume de données, constitué de l'empilement de 181 coupes, les paramètres d'acquisition (temps d'écho, de répétition, taille des voxels, épaisseur des coupes, distance intercoupes...) sont connus. Chaque coupe se compose  $217 \times 181$  voxels, ces derniers sont isométriques et de dimensions  $1 \times 1 \times 1$  mm. On rappelle que, pour chaque volume, le niveau de bruit simulé ainsi que le niveau de dérive du champ radiofréquence sont connus.

### 5.2.2 Constructions des images simulées

A partir des cartes floues de tissu du fantôme et à l'aide des équations de Bloch [Blo46], des images IRM peuvent être simulées en différentes pondérations, telles que T1, T2, DP et aussi il est possible de contrôler à volonté les paramètres d'épaisseur de coupe, de bruit et d'hétérogénéité (figure 5.2) afin d'obtenir des images réalistes dont le bruit dans l'image est un bruit blanc gaussien qui est exprimé comme un pourcentage de son écart type à l'intensité moyenne du signal. Chaque volume de données est constitué de 181 images de taille  $181 \times 217$  pixels tout comme le fantôme.

Les principales étapes mises en oeuvre afin de transformer le volume initial en un fantôme permettant de générer des simulations sont les suivantes :



**Figure 5.2 :** *Le simulateur Brainweb.*

- *la correction des non-uniformités* : avant tout traitement du volume initial, un algorithme de correction des non-uniformités des niveaux de gris a été appliqué afin de réduire au maximum les risques d'erreurs de classification.

- *la classification* : la classification a été réalisée à partir d'un ensemble d'apprentissage décrivant des exemples de pixels appartenant aux différents tissus recherchés et marqués par un expert. Plusieurs algorithmes de classification ont été testés et le principe des plus proches moyennes a été retenu comme fournissant le meilleur résultat. Afin de construire un fantôme réaliste, les effets de volume partiel sont pris en compte. Ainsi pour chaque pixel du volume, un vecteur décrit la proportion de chacun des tissus qui le constituent. Le résultat de la classification est finalement constitué par 9 volumes décrivant chacun l'un des tissus recherchés (matière blanche et grise, liquide cérébro-spinal, graisse, muscles, crâne, air,...). Au sein de chaque volume, l'intensité d'un pixel représente sa fraction pour le tissu correspondant.

- *les corrections manuelles* : un ensemble de corrections manuelles ou semi-automatiques a été réalisé afin d'améliorer le résultat de la segmentation. Ainsi, le fantôme final est composé de 9 volumes de tissus corrigés et la carte de référence qui lui est associée correspond en chaque pixel au tissu le plus représenté. Ce fantôme permet de décrire une géométrie réaliste de cerveau humain. L'étape suivante consiste à définir les niveaux de gris de chaque voxel afin de compléter la simulation.

- *les simulations* : les niveaux de gris simulés pour chaque voxel du volume ont été obtenus par résolution des équations de Bloch. Le simulateur [Kwa99] permet la prise en compte des effets de volume partiel, de l'hétérogénéité et du bruit.

Pour nos évaluations, nous avons choisi des volumes avec une épaisseur de coupe de  $1\text{mm}$ , taille couramment utilisée pour générer des images anatomiques. Le choix du bruit proposé sur le site Brainweb est compris entre 0% et 9% et celui des valeurs du paramétrage d'hétérogénéité entre 0% et 40%. Pour des raisons de réalisme, la valeur de 9% produit des images à l'allure très artificielle et nous l'avons écartée. Nous avons utilisé dans nos simulations les valeurs 0%, 3% et 5%. La valeur du paramètre d'inhomogénéité (HC) a été fixé à 20%. La valeur 0% n'a pas été retenue. De même, La valeur de 40% a été écartée car elle perturbe trop les distributions des niveaux de gris dans les images et que dans la réalité l'inhomogénéité se situe plutôt aux environs de 10%. Le tableau 5.1 résume les paramètres de simulation qui ont été utilisés dans nos études :

Paramètres d'acquisition	Séquences d'IRM		
	T1	T2	DP
TI(ms)	-	-	-
TR(ms)	18	3300	3300
TE(ms)	10	120	35
Angle	30	90	90
Résolution( $m^3$ )	1 x 1 x 1	1 x 1 x 1	1 x 1 x 1
HC(%)	20	20	20

**Tableau 5.1 :** Paramètres utilisés pour simuler les images IRM en pondérations T1, T2 et DP.

Donc, un jeu particulier est constitué d'un volume multi-échocs composé des pondérations en T2 et en densité de protons DP. Pour chaque niveau de bruit (0%, 3%, 5%) un seul niveau de dérive du champ radiofréquence est utilisé (20%), constituant ainsi une base d'évaluation de 3 volumes. Par la suite, si on désigne par Brain xyz le volume multi-échocs caractérisé par : une épaisseur de coupe  $x=1\text{ mm}$ , un bruit de  $y\%$  et de dérive de  $z\%$ , alors les volumes générés sont notés respectivement par Brain 1020, Brain 1320 et Brian 1520.

### 5.3 Critères d'évaluation

Pour tester la méthode développée de façon pertinente, nous jugeons la qualité de la segmentation obtenue par rapport à plusieurs estimateurs souvent utilisés dans la littérature [Ric04] :

– **Sensibilité (SE)** : elle correspond à la proportion de vrais positifs par rapport à l'ensemble des structures qui devraient être segmentées :

$$SE = \frac{TP}{TP + FN}.$$

La sensibilité tend vers 1 (resp. 0) s'il y a peu (resp. beaucoup) de faux négatifs. Cet indicateur permet d'évaluer dans quelle mesure l'intégralité d'une structure recherchée est segmentée.

– **Spécificité (SP)** : elle correspond à la proportion de vrais négatifs par rapport à l'ensemble des structures qui ne devraient pas être segmentées :

$$SP = \frac{TN}{TN + FP}.$$

La spécificité tend vers 1 (resp. 0) s'il y a peu (resp. beaucoup) de faux positifs. Cet indicateur permet d'évaluer dans quelle mesure l'intégralité du complémentaire d'une structure recherchée n'est pas segmentée.

– **Recouvrement (RE)** : il correspond à la proportion de vrais positifs par rapport à l'ensemble des structures qui ont été ou devraient avoir été segmentées :

$$RE = \frac{TP}{TP + FP + FN}.$$

Le recouvrement tend vers 1 (resp. 0) s'il y a peu (resp. beaucoup) de faux positifs et de faux négatifs. Cet indicateur permet d'évaluer dans quelle mesure la structure recherchée correspond quantitativement et qualitativement à la segmentation.

– **Similarité (SI)** : elle correspond à la proportion de vrais positifs par rapport à l'ensemble des structures qui ont été et devraient avoir été segmentées :

$$SI = \frac{2.TP}{2.TP + FP + FN}.$$

La similarité tend vers 1 (resp. 0) s'il y a peu (resp. beaucoup) de faux positifs et de faux négatifs. A l'instar du recouvrement, cet indicateur permet d'évaluer dans quelle mesure la structure recherchée correspond quantitativement et qualitativement à la segmentation.

Notations employées :

- TP : vrais positifs (true positive) ;
- FP : faux positifs (false positive) ;
- TN : vrais négatifs (true negative) ;
- FN : faux négatifs (false negative).

## 5.4 Méthodologie de choix de l'opérateur de fusion

Afin de fixer l'opérateur de fusion le plus adéquat pour notre approche proposée, plusieurs opérateurs ont été testés, les tests ont porté sur la fusion d'images IRM acquises en pondération T2 et en densité de protons DP. Ils ont été effectués sur un fantôme numérique de cerveau Brain1020 décrit dans le paragraphe 5.2.2. Pour un couple d'images et un tissu  $T$  donnés ( $LCS, MG, MB, FD$ ), nous avons fusionner pour tous les voxels  $v$  les 2 distributions de possibilités  $\pi_T^{T2}(v)$  et  $\pi_T^{DP}(v)$  par les trois opérateurs suivants :

$$\text{FOP1 : } \pi_T(v) = \min(\pi_T^{T2}(v), \pi_T^{DP}(v)) + 1 - h$$

$$\text{FOP2 : } \pi_T(v) = \max\left(\frac{\min(\pi_T^{T2}(v), \pi_T^{DP}(v))}{h}, 1 - h\right)$$

$$\text{FOP3 : } \pi_T(v) = \min\left(1, \frac{\min(\pi_T^{T2}(v), \pi_T^{DP}(v))}{h} + 1 - h\right)$$

avec :

$$h = 1 - \sum_{v \in \text{Image}} \left| \pi_T^{T2}(v) - \pi_T^{DP}(v) \right| / |\text{Image}|$$

La quantité  $h$  est une mesure d'accord entre les deux distributions de possibilité (distance moyenne entre les deux cartes d'appartenance au tissu  $T$ ). Nous avons choisi cette mesure de conflit pour permettre à l'opérateur de fusion de prendre en compte une quantité globale de conflit dans les images.

Les opérateurs FOP1, FOP2, FOP3 ont été décrits dans [Dub92]. Leur comportement de combinaison est assez similaire et obéit à une certaine logique de construction, illustrée ici sur l'opérateur FOP3. Si les deux images sont fiables, alors une T-norme renormalisée  $(\min(\pi_T^{T2}(v), \pi_T^{DP}(v))/h)$  est utilisée pour une combinaison conjonctive. Dans le cas contraire, hypothèse est faite qu'au moins une des deux images est fiable et l'opérateur agit prudemment. La confiance est graduellement reportée sur le support de l'union de  $\pi_T^{T2}(v)$  et  $\pi_T^{DP}(v)$ , soulignant ainsi la difficulté d'extraire une information pertinente. La quantité  $(1-h)$  est une estimation du conflit entre les deux cartes floues et le terme  $\text{Min}(\text{Max}(\pi_T^{T2}(v), \pi_T^{DP}(v)), 1-h)$  limite son influence aux supports des deux distributions.

Les résultats de l'étape de modélisation des données sur la coupe 94 du volume Brain 1020 sont présentés dans la figure 5.3 ci-dessous :



(a)

LCS			
MB			
MG			
	Vérité terrain	T2	DP

(b)

**Figure 5.3 :** (a) Images IRM en pondérations T2 et DP (coupe 94) illustrants la fusion.  
 (b) Cartes floues des tissus LCS, MB et MG obtenues par l'algorithme FPCM et celles données par la vérité terrain pour les images T2 et DP.

Les cartes floues de tissus fusionnés à l'aide des trois opérateurs FOP1, FOP2 et FOP3 sont présentées dans la figure 5.4 suivante :

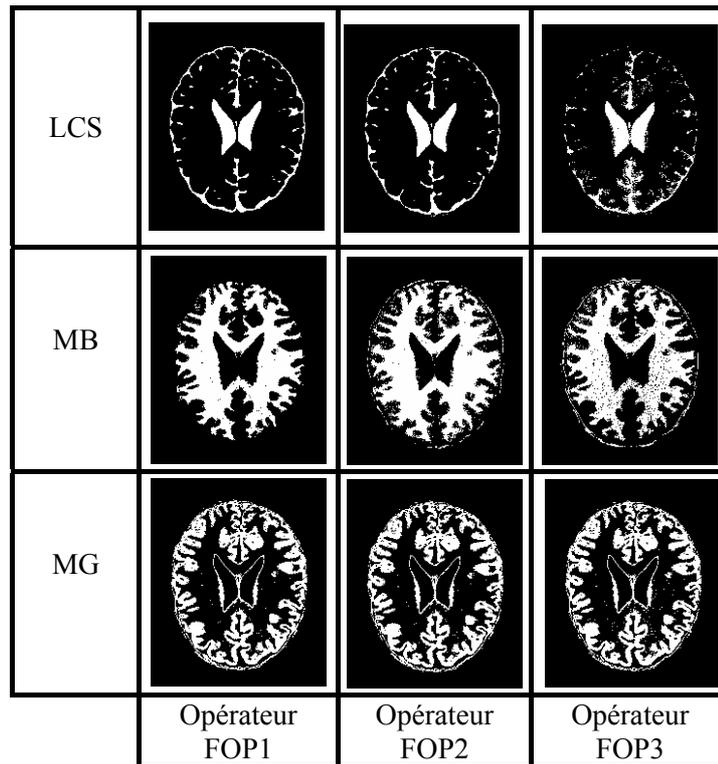


Figure 5.4 : Cartes floues obtenues par les différents opérateurs.

Les résultats de l'évaluation quantitative de la fusion sur le volume Brain 1320 complet en utilisant les estimateurs de comparaison SE, SP, RE et SI sont présentés sur les figures 5.5, 5.6 et 5.7 :

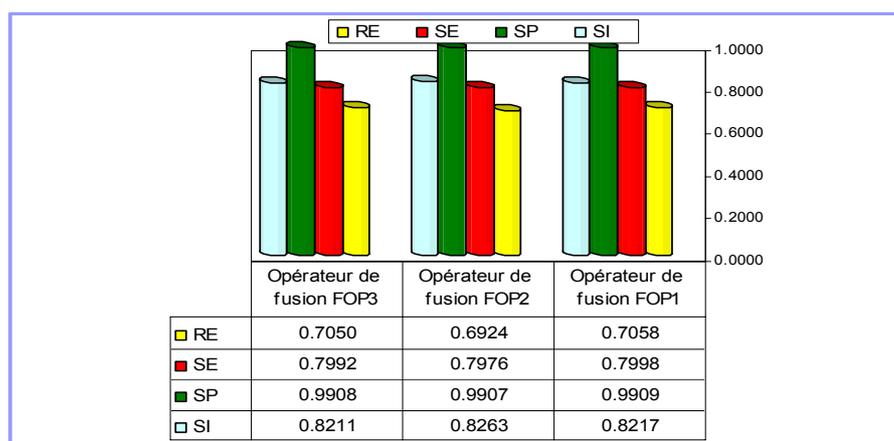


Figure 5.5 : Mesures de performance pour le liquide cérébro-spinal LCS.

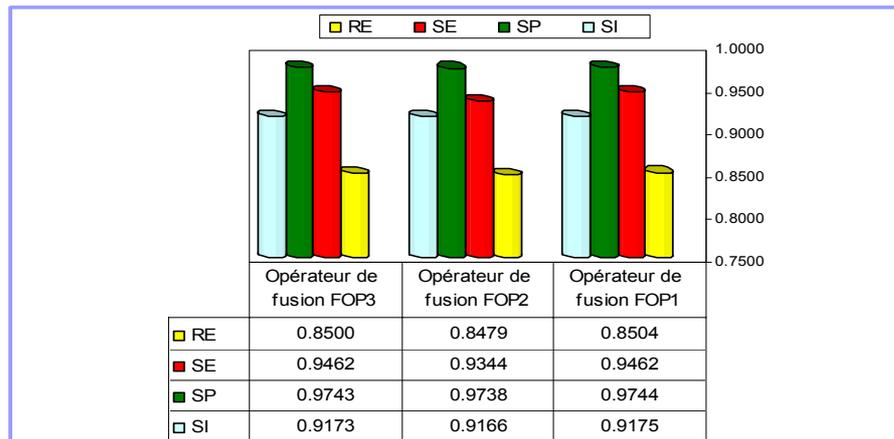


Figure 5.6 : Mesures de performance pour la matière blanche MB.

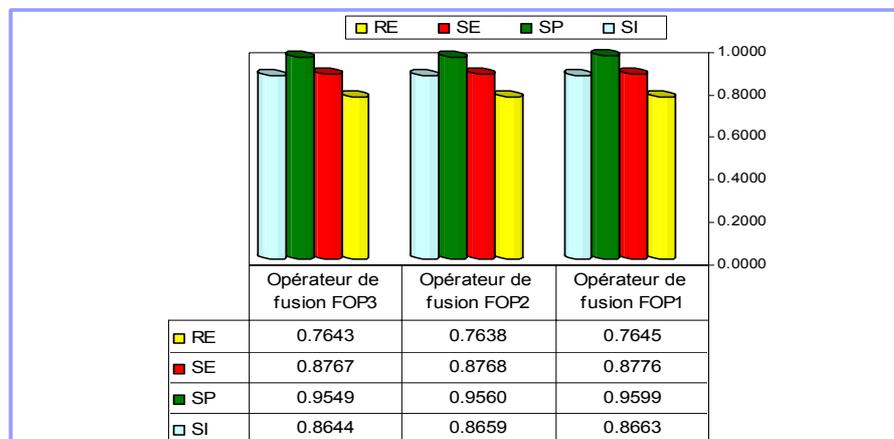


Figure 5.7 : Mesures de performance pour la matière grise MG.

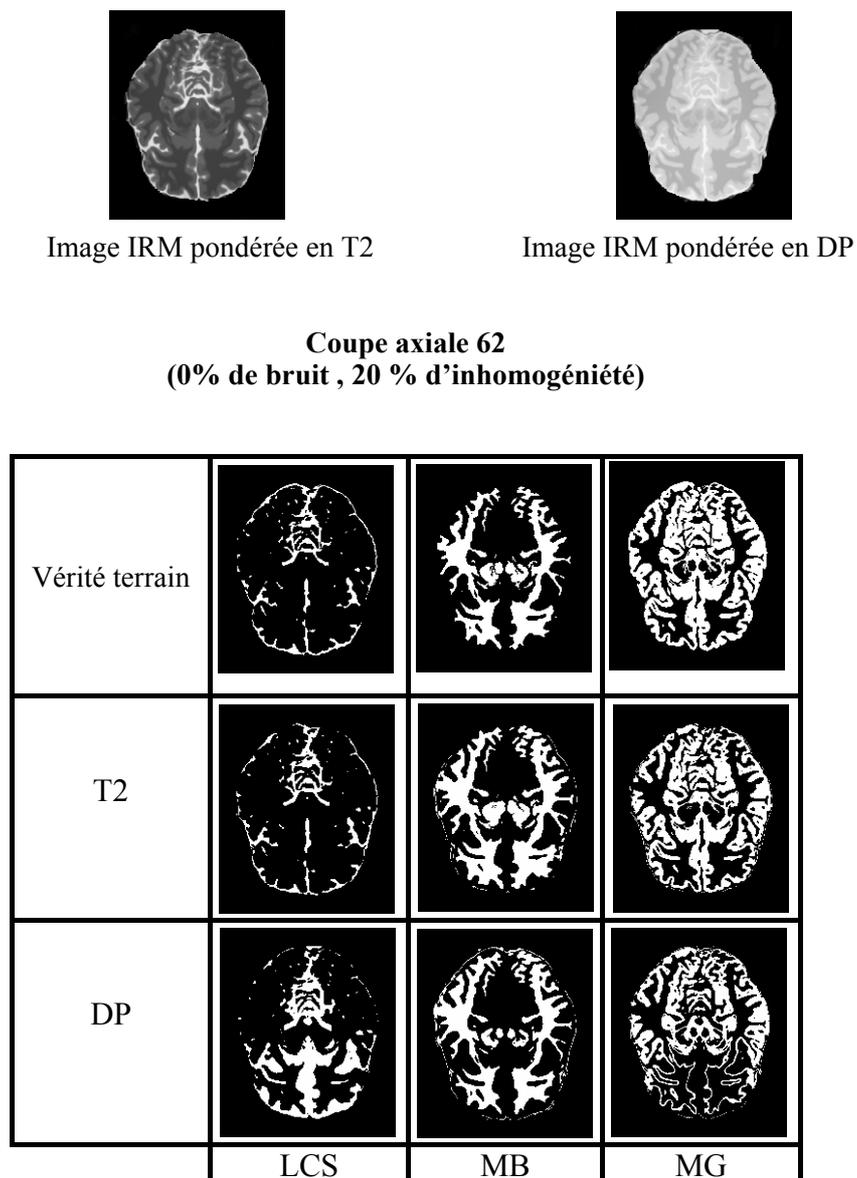
Visuellement, les cartes fusionnées se sont révélées peu différentes les une des autres, quelle que soit la classe de tissu. L'analyse des opérateurs en fonctions des différentes mesures de comparaison suggère également un comportement quasiment identique des opérateurs. Nous notons cependant une légère affirmation de l'opérateur FOP1 par rapport aux deux autres opérateurs FOP2 et FOP3. Nous proposons donc de fusionner les cartes de tissus avec cet opérateur.

### 5.5 Résultats de la classification et évaluation du système proposé

Dans cette section nous présentons les expérimentations que nous avons réalisé sur des images de synthèse issues de Brainweb. Afin d'expliciter le fonctionnement de l'approche proposée, les résultats de chaque étape de la fusion sont présentés sur trois coupes axiales de Brainweb pour les deux pondérations T2 et DP dont l'objectif est de distinguer les trois classes à séparer : la matière blanche, la matière grise et le liquide cérébro-spinal.

### 5.5.1 Création de modèles de tissus

Cette phase consiste à modéliser les images IRM à fusionner. Pour créer les cartes floues de tissus des différentes images IRM en particulier les deux pondérations T2 et DP, nous avons appliqué l’algorithme de classification FPCM sur chaque image, en représentant les voxels par leurs niveaux de gris. Les différents paramètres de cet algorithme sont décrits dans la section 4.6.1.3 du chapitre 4. Les résultats sur les coupes 62, 86 et 100 de Brainweb sont présentés sur les figures 5.8, 5.9 et 5.10 respectivement.



**Figure 5.8 :** Les classes LCS, MB et MG extraites par FPCM et de la vérité terrain.

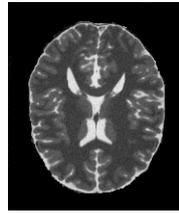


Image IRM pondérée en T2

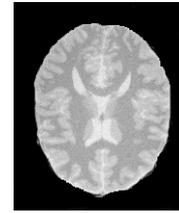


Image IRM pondérée en DP

**Coupe axiale 86**  
**(3% de bruit , 20 % d'inhomogénéité)**

Vérité terrain			
T2			
DP			
	LCS	MB	MG

**Figure 5.9** : Les classes LCS, MB et MG extraites par FPCM et de la vérité terrain.



**Coupe axiale 100**  
(5% de bruit , 20 % d'inhomogénéité)

Vérité terrain			
T2			
DP			
	LCS	MB	MG

**Figure 5.10** : Les classes LCS, MB et MG extraites par FPCM et de la vérité terrain.

L'image T2 donne un bon contraste entre LCS et (MB/MG), c'est pourquoi la carte floue LCS issue de T2 est très proche du modèle de référence (vérité terrain). La carte MG quant à elle caractérise les principales structures de ce tissu (cortex et noyaux gris centraux), mais quelques problèmes subsistent comme par exemple la faible définition de certains noyaux gris (putamen). Enfin, la carte MB est surestimée et assigne des degrés d'appartenance non nuls aux voxels de certains noyaux gris centraux (putamen et globus pallidus). L'image DP fournit enfin un faible contraste entre LCS et MG, mais différencie bien (MG/LCS) de MB (où l'on distingue l'effet de l'hétérogénéité de champ, les appartenances n'étant pas uniformes sur l'ensemble de la matière).

Ainsi, les cartes de tissus issues des différentes techniques d'acquisition apportent des informations complémentaires et redondantes. L'étape de fusion va permettre dans le paragraphe suivant de gérer ces imprécisions de classification, et de ne retenir pour chaque tissu que l'information la plus pertinente. Nous allons donc fusionner les deux cartes floues issues des images T2 et DP pour un tissu donné afin d'avoir une meilleure segmentation par rapport à l'image étiquetée du vérité terrain.

### 5.5.2 Fusion des cartes d'appartenance et prise de décision

Cette étape consiste à agréger les cartes floues des tissus MB, MG et LCS à l'aide de l'opérateur FOP1 introduit dans le paragraphe 5.4. La règle de maximum de possibilité est retenue dans notre étude. L'application de cette règle permet de créer l'image segmentée par fusion. Les cartes de tissus fusionnées et le résultat finale de la segmentation sont présentés sur la figure 5.11 ci-dessous :

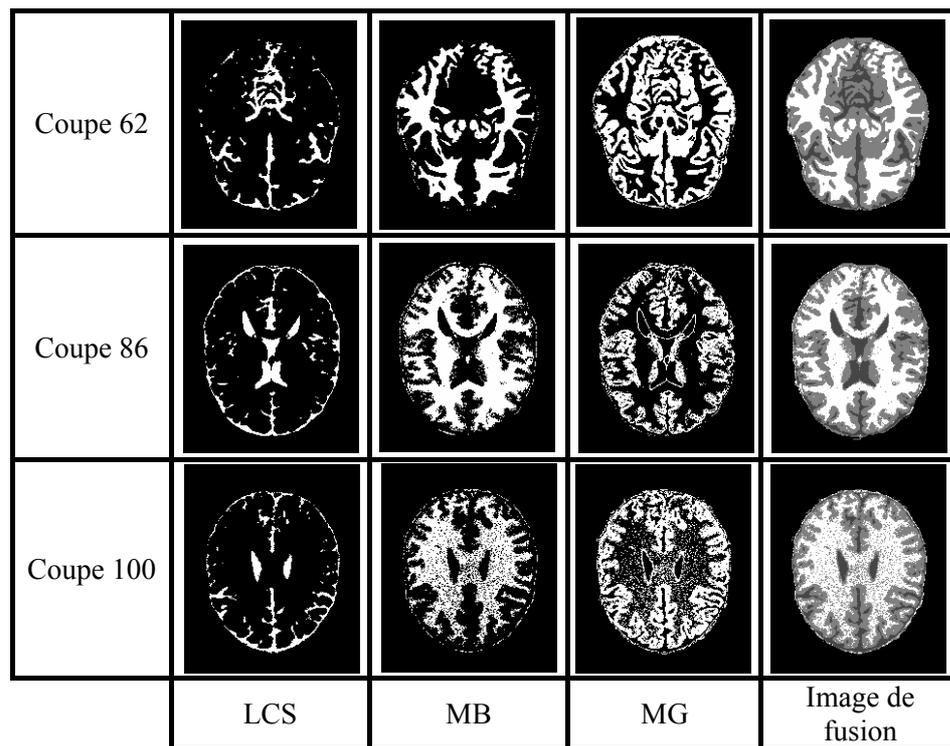
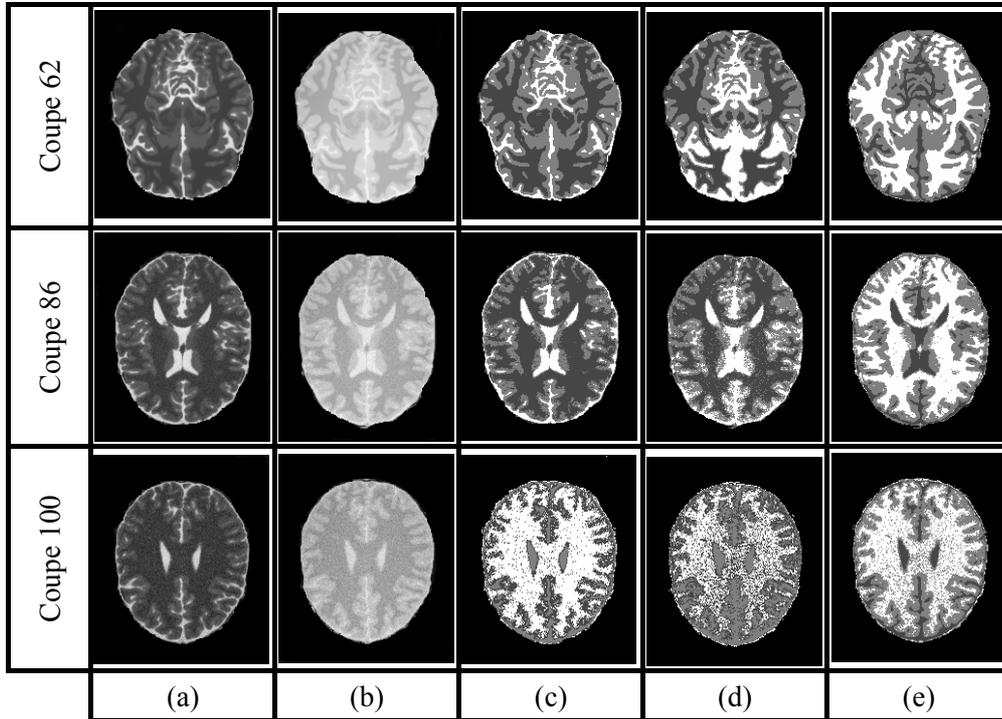


Figure 5.11 : Résultat de la fusion des coupes 62, 86 et 100.

Les différentes segmentations des images T2 et DP obtenues par l'algorithme FPCM et par l'approche proposée sont illustrées sur la figure 5.12 ci-dessous :



**Figure 5.12 :** Résultats de la segmentation : (a) Image originale pondérée en T2. (b) Image originale pondérée en DP. (c) Résultat de la segmentation de T2 seule par FPCM. (d) Résultat de la segmentation de DP seule par FPCM. (e) Résultat de la segmentation par l'approche proposée.

Les résultats en figures 5.8, 5.9, 5.10, 5.11 et 5.12 entraînent les commentaires suivants :

- La carte LCS issue de la fusion n'est pas conforme à celle du vérité terrain. Le manque d'informations sur les petits sillons et la mauvaise discrimination LCS/MG de l'image DP font que la carte LCS fusionnée pour les trois coupes représente mal la distribution du liquide.

- Une amélioration significatif est remarquée pour la carte MB après la fusion par rapport à celle obtenue par l'utilisation de l'image T2 seule. Ceci est dû à l'utilisation conjointe des deux images T2 et DP et du comportement de l'opérateur de fusion qui agit ici comme un opérateur conjonctif.

- La carte MG fusionnée est fortement améliorée notamment par rapport à celle obtenue par l'utilisation de l'image DP seule. De plus, le processus de fusion permet de réduire l'effet de bruits dans les images, ceci est pour les trois coupes.

- Enfin, et malgré le bruitage élevé des images on peut constater visuellement que l'image segmentée par fusion paraît meilleure que les segmentations obtenues si en prend chaque modalité seule.

L'évaluation quantitative des résultats joue un rôle important dans la segmentation d'image [Zha94]. L'utilisation d'images de synthèse permet de comparer quantitativement la segmentation obtenue par rapport à une segmentation de référence (vérité terrain). La robustesse des systèmes de segmentation peut ainsi être étudiée et comparée pour différents niveaux de bruit et d'hétérogénéité d'intensité des images simulées. Il est également possible pour un même système de segmentation de tester quantitativement l'influence du choix de certains paramètres sur les résultats de la segmentation.

Pour évaluer l'approche proposée et sa performance vis à vis du bruit, nous présentons dans ce qui suit les expérimentations que nous avons réalisé sur les trois volumes des images IRM simulées : Brain 1020, Brain 1320 et Brain 1520 qui sont décrits dans le paragraphe 5.2.2. Les résultats obtenus sont comparés avec ceux des approches classiques en particulier une segmentation floue par l'algorithme de classification FPCM sur l'image T2 seule et DP seule, en utilisant les mêmes données. Ces résultats sont présentés sur les figures 5.13, 5.14, 5.15, 5.16, 5.17 et 5.18.

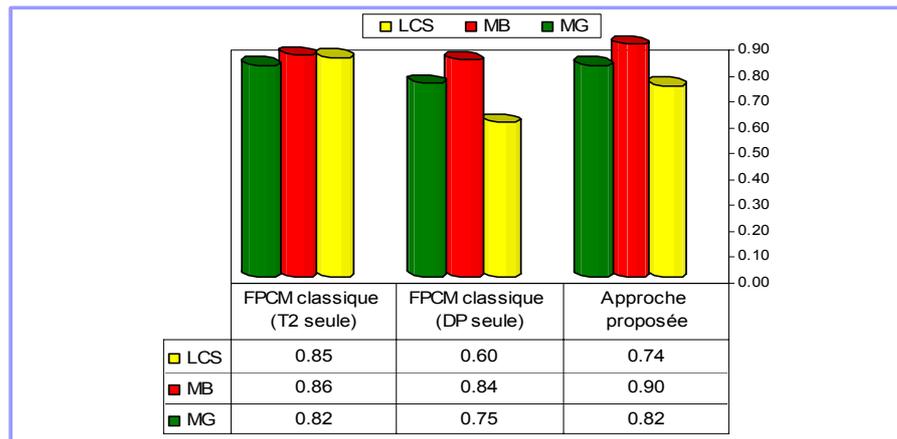


Figure 5.13 : Comparaison des taux de recouvrement obtenus par différents algorithmes pour le volume Brain1020.

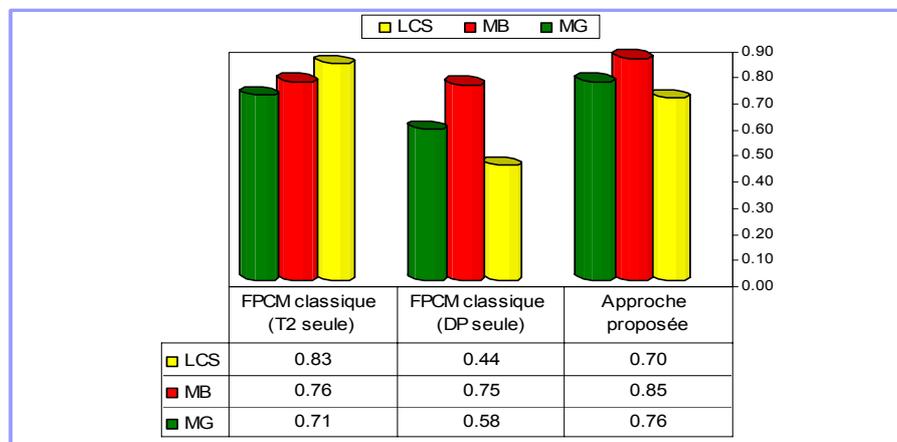


Figure 5.14 : Comparaison des taux de recouvrement obtenus par différents algorithmes pour le volume Brain1320.

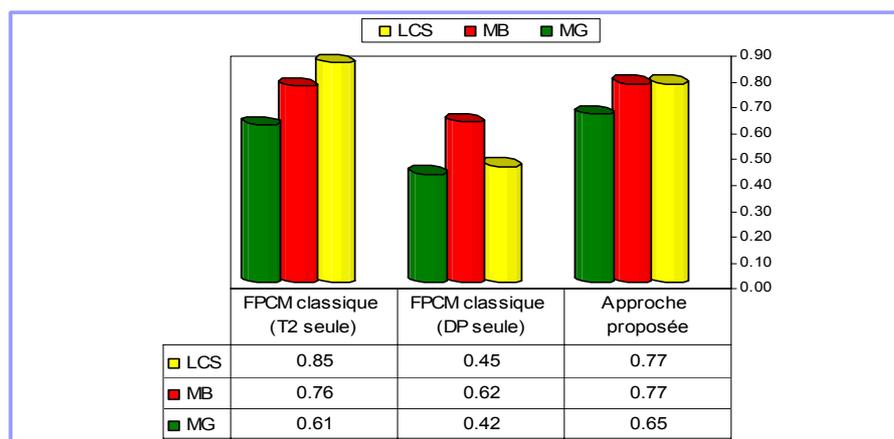


Figure 5.15 : Comparaison des taux de recouvrement obtenus par différents algorithmes pour le volume Brain1520.

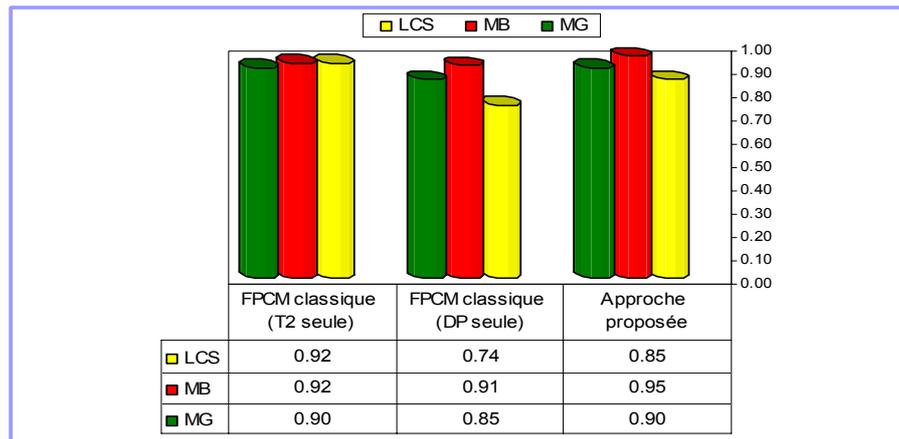


Figure 5.16 : Comparaison des taux de similarité obtenus par différents algorithmes pour le volume Brain1020.

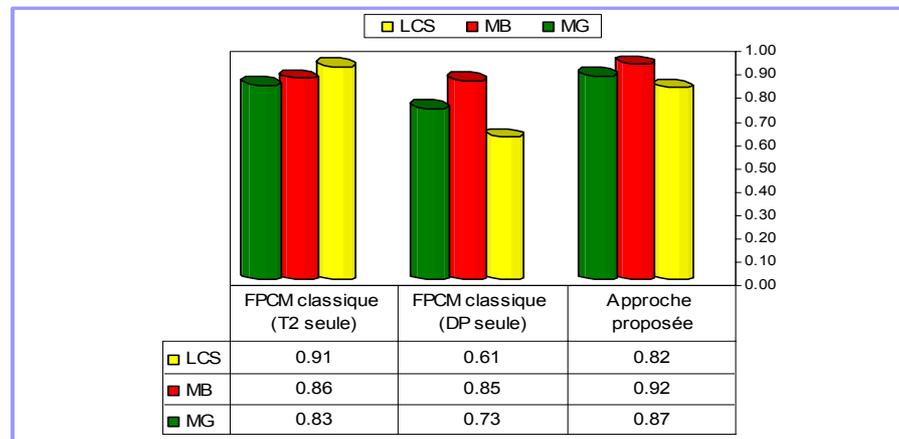


Figure 5.17 : Comparaison des taux de similarité obtenus par différents algorithmes pour le volume Brain1320.

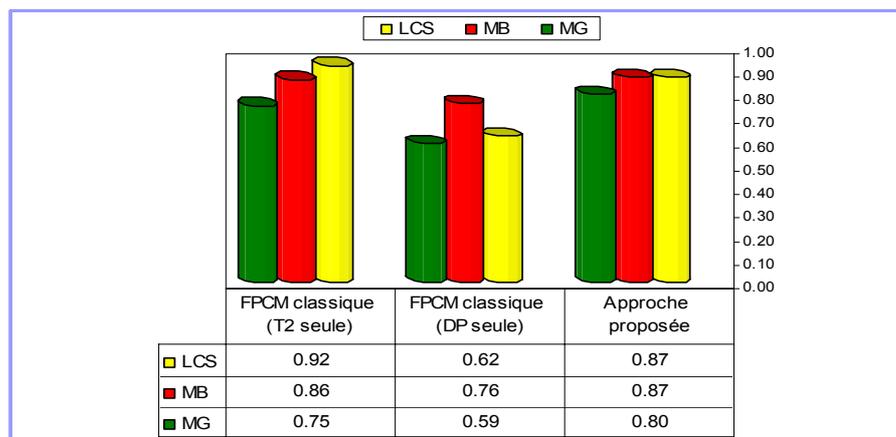


Figure 5.18 : Comparaison des taux de similarité obtenus par différents algorithmes pour le volume Brain1520.

## 5.6 Analyse des résultats

Les graphiques comparatifs des résultats en figures 5.13, 5.14, 5.15, 5.16, 5.17 et 5.18 permettent de souligner les remarques suivantes :

Les résultats obtenus après le calcul des différents critères d'évaluation à savoir le taux de recouvrement et le taux de similarité donne l'avantage du système proposé pour la fusion de données issues des deux images T2 et DP par rapport aux approches classiques tel que l'algorithme de classification FPCM appliqué à chacune des images séparément.

En effet, le processus de fusion augmente considérablement le taux de recouvrement de la matière blanche MB obtenue par l'algorithme de classification FPCM sur l'image T2 seule. Le pourcentage d'amélioration est de 4% pour un niveau de bruit égale à 0%, de 9% pour un niveau de bruit fixé à 3% et de 1% quand le niveau de bruit atteint 5%. De même, on peut remarquer une légère amélioration estimée à 4% de la matière grise MG pour les deux niveaux de bruit 3% et 5%.

De plus, l'approche proposée rendre le taux de recouvrement de la matière blanche MB très significatif par rapport au taux obtenu par l'application de l'algorithme FPCM sur l'image DP seule, en effet, et dans ce cas un pourcentage d'amélioration de 6% est remarqué pour un niveau bruit de 0%, il devient 10% quand le niveau de bruit passe à 3% et atteint 15% si le pourcentage de bruit augmente à 5%. D'autre part, la matière grise MG est bien localisée par le système de fusion développé, et les pourcentages d'amélioration deviennent 7%, 18% et 23% selon les niveaux de bruit 0%, 3% et 5% respectivement.

Enfin, il faut noter que l'approche de fusion proposée est réussie de séparer le liquide cérébro-spinal par rapport à localisation de cette matière si on utilise que l'image DP seule, ceci est justifié par l'information apportée par l'image T2 pendant le processus de fusion. En effet, la fusion fait passer le taux de recouvrement de LCS de 0.60 à 0.74, de 0.44 à 0.70 et de 0.45 à 0.77 pour les trois niveaux de bruit 0%, 3% et 5% respectivement.

Il faut signaler aussi que le liquide cérébro-spinal est mieux localisé par l'algorithme FPCM appliqué sur T2 seule car la mauvaise discrimination LCS/MG de l'image DP influe grandement au niveau de l'étape de fusion entre les deux cartes LCS extraites des images T2 et DP.

## 5.7 Etude comparative et discussion

Afin de disposer non seulement d'une évaluation absolue, mais aussi d'une évaluation relative par comparaison à des solutions existantes dans la littérature, les résultats obtenus par le système de fusion floue de données proposé ont été comparés avec ceux fournis par deux approches de segmentation des images IRM basées sur la fusion d'informations. Le premier est un modèle de fusion possibiliste décrit dans [Bar00b], le deuxième est un modèle de fusion dans le cadre évidentiel décrit dans [Hon04].

Dans la section suivante on va décrire brièvement chaque modèle de fusion, les données exploitées et les critères de comparaison utilisés.

### a) Comparaison avec le modèle de fusion possibiliste de [Vincent Barra, 2000]

Cette approche est décrite dans [Bar00b], où une architecture d'un système de fusion de données est proposée pour l'amélioration de la segmentation des images IRM saines en utilisant les deux modalités T2 et la densité de protons DP. L'objectif principal est de séparer les trois matières du cerveau : la matière grise (MG), la matière blanche (MB) et le liquide cérébro-spinal (LCS). Un tel processus de fusion consiste à modéliser les données issues des deux modalités en utilisant l'algorithme de classification possibiliste PCM introduite dans [Kri93]. Dans l'étape de fusion, Les informations modélisées sont agrégées par un opérateur conjonctive de fusion, ce type d'opérateurs est introduit dans [Dub92]. Enfin, la segmentation finale est générée en affectant les pixels aux classes en retenant la règle de maximum de possibilité. Notons que cette approche est testée sur le volume Brain1020 du Brainweb et le critère utilisé pour la comparaison avec cette méthode est l'indice de Tanimoto [Dud73] donnée par :

$$Tanimoto = \frac{TP}{TP + FP + FN}.$$

Cet indice a été proposé pour comparer deux segmentations d'une façon plus pertinente que la comparaison simple des volumes. Il est défini pour un tissu donné par le rapport entre le nombre de voxels affectés simultanément au même tissu sur les deux images sur le nombre de voxels affectés au tissu dans les deux images étiquetées. L'indice est donc proche de 1 pour des images étiquetées similaires et proche de zéro si les différences sont importantes. Les résultats de comparaison sont montrés en tableau 5.2 ci-dessous :

Estimateurs de comparaison		Fusion Possibiliste [Bar00b]			Approche proposée		
		0%	3%	5%	0%	3%	5%
Indice de Tanimoto	LCS	0.77	-	-	0.74	0.70	0.77
	MB	0.88	-	-	0.90	0.85	0.77
	MG	0.72	-	-	0.82	0.76	0.65

**Tableau 5.2 :** Comparaison entre le modèle de fusion proposé et le modèle de fusion possibiliste décrit dans [Bar00b].

Les résultats du tableau 5.2 donne l'avantage au système de fusion proposé par rapport au modèle de fusion décrit dans [Bar00b]. En effet, une grande amélioration (10%) est remarquée pour la matière grise, de même une légère amélioration est signalée pour la matière blanche, ceci est dû à l'algorithme de classification FPCM utilisé dans la phase de modélisation et ainsi l'opérateur de fusion retenu. Notons aussi que notre système n'a pas réussi de séparer correctement le liquide cérébro-spinal, mais il s'agit d'une différence très petite (environ de 0.03) par rapport à la valeur 0.77 donnée par le modèle de V. Barra.

#### **b) Comparaison avec le modèle de fusion évidentiel de [Hongwei Zhu et al., 2004]**

Cette approche est détaillée dans [Hon04], cette dernière est une hybridation entre trois méthodologies de fusion de données : les approches de fusion basées sur la théories des probabilités, les approches de fusion basées sur la théorie des ensembles flous et celles qui utilisent la théorie de l'évidence de Dempster-Shafer, donc, cette méthode est considérée comme une version généralisée de la théorie de l'évidence de Shafer où les éléments focaux sont représentés par des ensembles flous.

La méthode développée est une méthode de raisonnement flou adaptative pour la segmentation des images médicale IRM multimodale, où les trois modalités T1, T2 et la densité de protons DP sont prises en compte. Ces modalités sont considérées comme différentes sources d'informations, où chacune d'elles fournit deux types d'évidences : l'évidence probabiliste (en termes de probabilités a posteriori) et une évidence floue (en termes de règles floues ou des ensembles flous).

Une nouvelle mesure d'information, appelée entropie hybride, est définie pour l'évaluation de l'incertitude globale contenue dans la structure de l'évidence floue. Pour un raisonnement adaptatif, deux stratégies sont introduites pour gérer les conflits potentiels entre les éléments de la structure d'évidence probabiliste et ceux de l'évidence floue.

La première stratégie est une « stratégie locale », elle est basée sur la distance de Kullback-Leibler entre les deux types des structures d'évidence précédemment construites. Par contre, la deuxième stratégie dite « stratégie globale » prend en compte la qualité des sources pour régler les conflits par l'utilisation de la moyenne entre l'entropie de Shannon et l'entropie hybride.

L'approche développée est appliquée à la segmentation des tissus cérébraux des images IRM multi-modalités. Où la règle de décision retenue est la règle MCD (Maximum Commonality Decision). Les tests sont faits sur 31 coupes (de la coupe 80 à la coupe 110) des volumes Brain1320 et Brain1940 du Brainweb et le critère d'évaluation utilisé est le coefficient d'exactitude (Accuracy) donné par :

$$Accuracy = (TP + TN) / (TP + TN + FP + FN)$$

Notons que l'approche FDS est validée selon les deux stratégies utilisées pour régler le conflits entre les deux structures de l'évidence, par conséquent l'approche est notée par FDS1 quand la stratégie locale est utilisée, et FDS2 dans le cas de l'introduction de la stratégie globale. Les résultats de comparaison sont reportés dans le tableau 5.3 ci-dessous :

Estimateurs de comparaison		Approche FDS1 [Hon04]			Approche proposée		
		0%	3%	5%	0%	3%	5%
Accuracy (Acc.)	Min Acc.	-	95.95	-	96.93	96.89	94.24
	Acc.	-	96.95	-	97.42	97.06	94.75
	Max Acc.	-	97.51	-	97.90	97.99	95.08
		Approche FDS2 [Hon04]			Approche proposée		
Accuracy (Acc.)	Min Acc.	-	96.11	-	96.93	96.89	94.24
	Acc.	-	97.04	-	97.42	97.06	94.75
	Max Acc.	-	97.58	-	97.90	97.99	95.08

**Tableau 5.3 :** Comparaison entre le modèle de fusion proposé et le modèle de fusion évidentiel décrit dans [Hon04].

D'après le tableau 5.3 on peut remarquer clairement que les résultats obtenus par le système de fusion proposé sont meilleures que ceux produits par le système de fusion décrit dans [Hon04], ceci est quelque soit la stratégie utilisée pour la régulation des conflits et pour les deux versions de fusion FDS1 et FDS2. En effet, notre système fait varier le

coefficient de l'exactitude de 96.89 % à 97.99 % avec une valeur moyenne estimée à 97.06 %. Par contre le système de fusion développé dans [Hon04] fait passer la valeur du coefficient d'exactitude de 95.95 % à 97.51 % avec une valeur moyenne de 96.95 % pour FDS1. De même, ces valeurs sont passées de 96.11 % à 97.58 % avec une valeur moyenne de 97.04 % dans le cas de FDS2.

Donc le système de fusion flou de données dans le contexte de la théorie des possibilités proposé permet d'améliorer significativement les résultats de fusion avec un taux de 11 % par rapport aux résultats obtenus par FDS1, et avec un taux un peu léger estimé à 2% par rapport aux résultats obtenus par FDS2.

Ces résultats sont dus à la fusion dans le cadre possibiliste qui utilisent les pixels de l'image comme des singletons versus le cadre évidentiel qui traitement des sous-ensembles au lieu des singletons. De plus, l'opérateur de fusion retenu qui permet de mieux gérer les informations redondantes, complémentaires et ambiguës générées par les images IRM.

## 5.8 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons présenté une série d'expérimentations pour valider le système de fusion de données proposé dans le chapitre 4 afin de segmenter des images médicales IRM en vue d'améliorer la qualité de la segmentation. Nous avons appliqué notre approche sur un ensemble de volumes des images IRM simulés pour la segmentation des tissus sains afin de séparer les trois tissus mous du cerveau tel que la matière blanche, la matière grise et le liquide cérébro-spinal. Une étude comparative est menée en premier temps avec la segmentation monomodale en particulier la modalité T2 seule et DP seule. En second temps le modèle développé est comparé avec quelques modèles de fusion de la littérature. Les résultats obtenus après le calcul des différents critères d'évaluations à savoir la sensibilité, la spécificité, le recouvrement, la similarité ainsi que l'exactitude (accuracy) sont meilleurs, et indiquent que le système proposé semble efficace d'avoir une segmentation de qualité à cause du modèle de représentation des données utilisé et à l'opérateur de fusion choisi. Ces résultats obtenus sont assez encourageantes et soulignent le potentiel de la fusion de données dans le domaine médicale. Les avantages de notre approche sont les suivants :

1. Elle est totalement automatique.
2. Elle satisfait aux contraintes de l'application.
3. Elle est robuste moyennement en présence des points aberrants et aux bruits.
4. C'est un système basé sur la théorie floue et possibiliste et extensible à ajouter une autre modalité IRM tel que la pondération en T1.

---

---

## Conclusion et Perspectives

---

Le recueil de données diverses, issues tant de l'imagerie que de connaissances expertes ou de signaux physiologiques, est devenu courant dans les services cliniques pour l'étude d'une pathologie donnée. L'exploitation de l'ensemble de ces renseignements, effectuée par le clinicien qui analyse et agrège les données en fonction de ses connaissances, conduit généralement à un diagnostic plus précis, plus clair et plus fiable. La principale motivation de ce travail était de modéliser ce processus d'agrégation, à l'aide de techniques empruntées à la fusion de données.

Dans cette thèse, nous nous sommes intéressés en particulier à la fusion d'informations floues fournies par une modélisation des connaissances *a priori* venant de différentes séquences d'IRM pour réaliser la segmentation du cerveau dans le cas des tissus normaux. Les travaux de cette thèse se concentrent sur une méthode automatique de segmentation des tissus sains en vue d'aider le médecin par une fusion automatique des différentes informations et connaissances *a priori* présentes dans les images obtenues par le biais de différentes séquences d'IRM.

Après avoir effectué une revue bibliographique sur la fusion d'informations dans l'introduction générale et à travers cette thèse, nous avons démontré l'importance et les difficultés de ces travaux de segmentation d'images IRM. Ces difficultés viennent de ce que la donnée issue de l'acquisition IRM est sensible au bruit de fond et à l'échantillonnage. Ainsi un voxel peut appartenir à des tissus de différentes natures ce qui cause l'effet dit de volume partiel.

Cependant les signaux IRM présentent un avantage puisque l'ensemble des différentes séquences d'IRM offrent des informations complémentaires pour un même voxel. Les idées innovantes présentées dans ce travail apportent une solution au délicat problème de la segmentation automatique de tissus cérébraux en profitant de l'avantage de pouvoir utiliser différentes séquences IRM pour qualifier un voxel.

Nous avons tout d'abord décomposé l'approche de fusion de données en trois étapes fondamentales :

Dans la première étape, nous avons modélisé des informations numériques issue des différentes séquences IRM participant à la fusion dans un cadre mathématique commun, permettant de prendre en compte les ambiguïtés, les imprécisions et les incertitudes présentes dans les différentes images. Pour cela nous sommes optés de choisir l'algorithme de classification FPCM qui combine entre les avantages apportés par l'algorithme de classification flou FCM et l'algorithme possibiliste PCM afin de rendre l'algorithme plus robuste face aux imprécisions et aux données aberrantes. Cet algorithme permet entre autre de générer un degré d'appartenance reflétant la réalité de distribution des pixels.

En deuxième étape, nous avons fusionné les différentes données modélisées. Cette opération d'agrégation a été réalisée par un opérateur choisi en fonction de propriétés mathématiques souhaitées, de considérations intuitives sur la nature des données et certaines comparaisons quantitatives des opérateurs de combinaison floue.

En dernier lieu, nous avons présenté ces informations fusionnées. Ici encore, nous avons proposé une solution, soit sous la forme d'une structure étiquetée, soit sous la forme d'une nouvelle image de synthèse.

Nos travaux ont été évalués dans le chapitre 5, dans le cadre de l'imagerie médicale IRM pour la segmentation d'images IRM simulées avec différents niveaux de bruits où l'étude est limitée pour segmenter des tissus sains en vue d'améliorer la qualité de la segmentation. Ces évaluations ont été produites par comparaison avec des résultats déterminés par les fantômes du cerveau présentant des cartes floues des différents tissus. Nous avons aussi comparé nos travaux avec d'autres méthodes tel que l'algorithme de classification FPCM qui utilise seulement une seule séquence T2 ou DP. En comparant avec des niveaux de bruit à 0%, 3% et 5% sur les images simulées, les résultats obtenus montrent l'apport de la segmentation par fusion floue de données par rapport à la segmentation monomodale des images médicales IRM. De plus, ces résultats indiquent

bien que notre approche est moins sensible en fonction de bruits que les deux autres méthodes en particulier pour la matière blanche et la matière grise.

De même, est pour montrer la performance de notre modèle de fusion proposé par rapport aux travaux réalisés dans la littérature en vue de la segmentation des images médicales IRM. Une comparaison est effectuée avec deux modèles de fusion de données : le premier est le modèle de fusion développé par Vincent Barra [Bar00b], ce dernier est basé sur la théorie des possibilités et utilise comme sources d'informations les deux modalités T2 et la densité de protons DP. Le deuxième est ce proposé par Hongwei et al. [Hon04], ce système de fusion de données est basé la théorie de l'évidence de Dempster-Shafer pour combiner les différentes informations issues des trois séquence d'IRM tel que T1, T2 et DP. La série des comparaisons faites prouve clairement que la performance de notre méthode est meilleure que celle des méthodes de fusion proposées dans [Bar00b] et [Hon04].

Comme perspective de ce travail et au niveau de la modélisation nous souhaiterions d'intégrer d'autres informations numériques ou symboliques afin d'augmenter la masse de connaissances disponibles. De plus, et comme l'architecture de fusion proposée dans cette thèse a été partiellement réalisée car nous n'avons utilisé que de deux séquences d'IRM, il sera intéressant d'intégrer les autres séquences d'IRM, notamment le signal de spectroscopie (SPECT) qui est très couramment utilisé dans le milieu clinique pour le diagnostic des tumeurs ou la séquence T1 afin augmenter la qualité de la segmentation. et ainsi d'utiliser des algorithmes de représentation de données plus efficaces et plus robustes.

En ce que concerne l'étape de fusion nous pensons qu'il est souhaitable de concevoir des opérateurs de fusion adaptatifs pour la combinaison de données dans le domaine médicale.

## **ANNATOMIE DU CERVEAU**

---

### **A.1 Introduction**

Malgré les avancées technologiques dans le domaine médical et en particulier en imagerie médicale, l'étude du cerveau humain est un problème ardu et reste un sujet de recherche de forte actualité, du fait d'une compréhension de son fonctionnement encore incomplète et de la mise à disposition de systèmes informatiques de plus en plus puissants avec l'évolution des techniques d'imagerie, la grande capacité de calcul des machines...etc.

Une des modalités d'imagerie les plus couramment utilisées, à laquelle nous nous sommes intéressées dans le cadre de ce travail, est l'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM), qui est devenue un outil indispensable pour tout examen clinique. Elle présente l'avantage d'être non invasive et permet l'acquisition d'images bi ou tridimensionnelles sur lesquelles différents contrastes sont possibles. Cette modalité permet en outre la réalisation d'études du cerveau aussi bien anatomiques que fonctionnelles.

A travers cette annexe, nous présentons quelques notions d'anatomie cérébrale qui vont nous permettre d'introduire les différentes structures anatomiques qui doivent être localisées et identifiées sur les images.

### **A.2 Système nerveux central**

Le système nerveux central est constitué de la moelle épinière logée dans le canal vertébrale et de l'encéphale. Dans ce qui suit nous décrivons l'anatomie de ce dernier, et notamment les composants qui nous intéressent dans le cadre de notre étude.

### A.2.1 L'encéphale

L'encéphale (du grec *en*, dans, et *képhalê*, tête; qui est placé dans la tête) est la partie du système nerveux contenue dans la boîte crânienne et reposant sur la base du crâne. Il comprend le cerveau, le cervelet et le tronc cérébral (Figure A.1). L'ensemble flotte dans un coussin protecteur de liquide céphalo-rachidien (cérébrospinal : LCS). Une coupe transversale de l'encéphale est illustrée dans la figure A.2 ci-dessous.

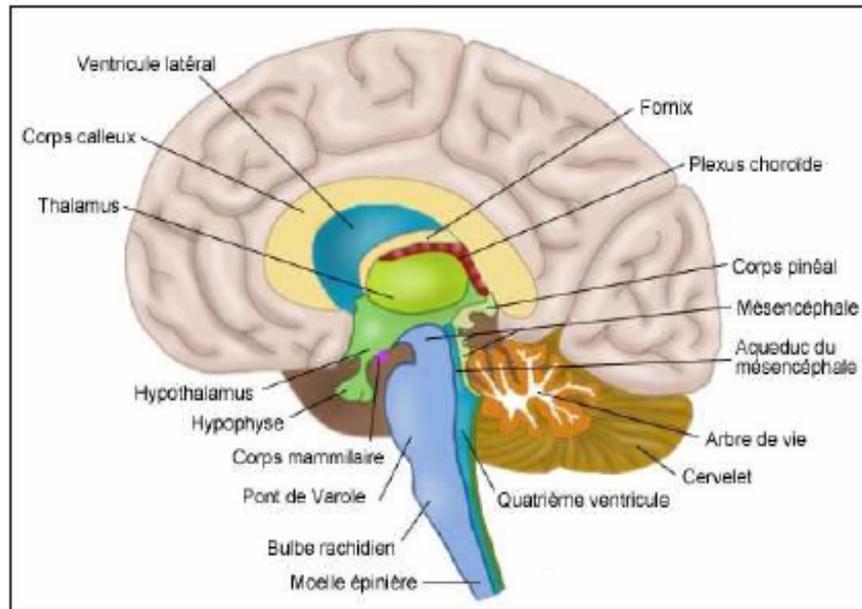


Figure A.1 : Encéphale.

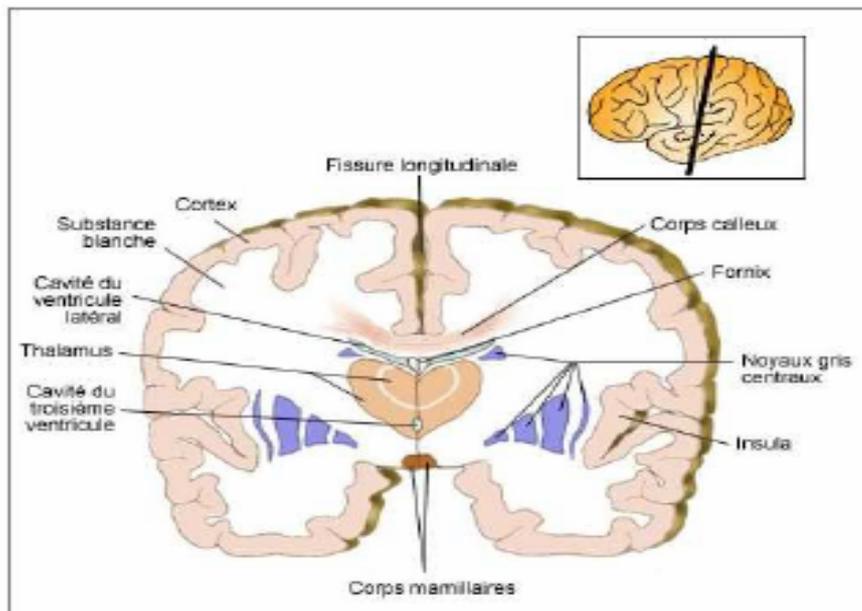
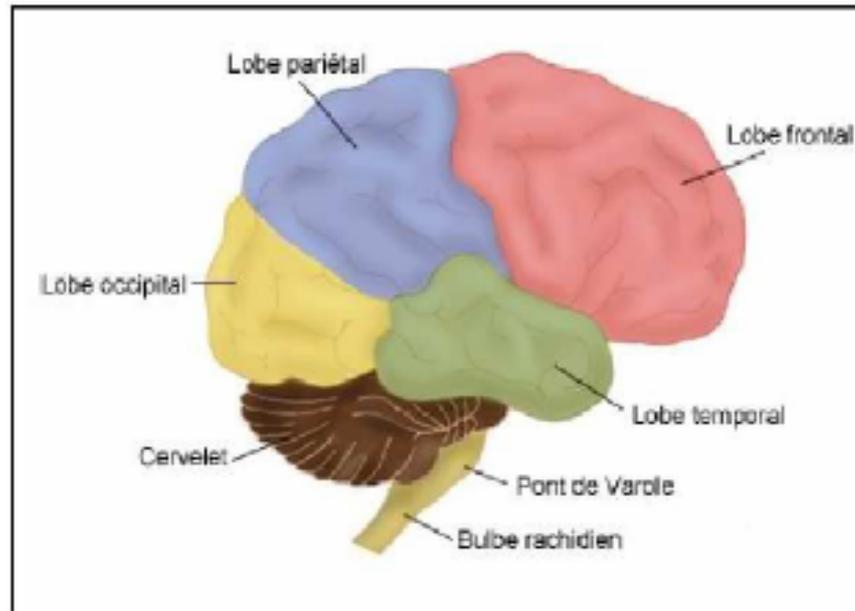


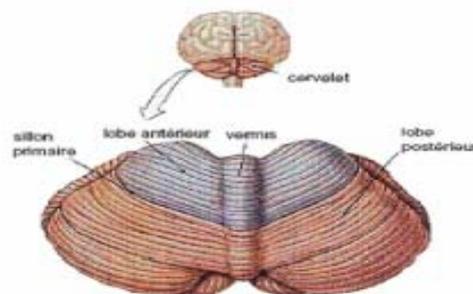
Figure A.2 : Coupe transversale de l'encéphale.

**A.2.1.1 Le cerveau** : (du latin *cerebrum*) occupe la majeure partie de l'encéphale et est divisé en 2 hémisphères cérébraux : l'hémisphère droit et l'hémisphère gauche. La surface du cerveau présente de nombreux replis, avec un grand nombre de circonvolutions limitées par des sillons. Certains sillons plus profonds, les scissures, permettent de diviser chaque hémisphère en 4 lobes (Figure A.3): le lobe frontal, le lobe pariétal, le lobe temporal et le lobe occipital. Chaque lobe comprend des zones bien précises impliquées dans des fonctions spécifiques (motricité, sensibilité, ...).



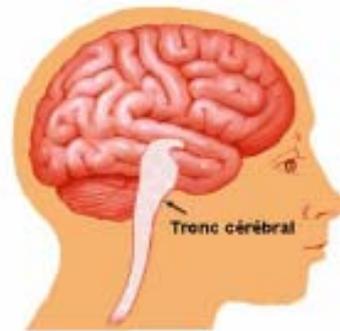
**Figure A.3** : Lobes du cerveau.

**A.2.1.2 Le cervelet** : (du latin *cerebellum*, diminutif de *cerebrum*) est situé en parallèle sur deux grandes voies nerveuses : celles qui amènent les messages sensoriels vers les zones du cortex qui en font l'analyse; et celles qui partent du cortex et descendent vers les muscles pour les faire se contracter. Le cervelet est en partie impliqué dans la coordination des mouvements du corps (Figure A.4).



**Figure A.4** : Cervelet.

**A.2.1.3 Le tronc cérébral** : représente un carrefour majeur du système nerveux central entre le cerveau et le cervelet. Il est responsable en particulier de la régulation de la respiration et du rythme cardiaque. C'est également un centre de passage des voies motrices et sensitives, ainsi qu'un centre de contrôle de la douleur.

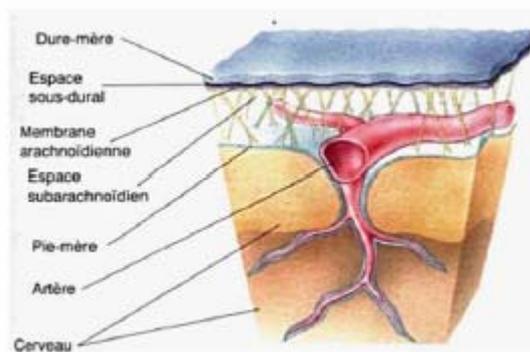


**Figure A.5 :** *Tronc cérébral.*

Le poids moyen de l'encéphale est de 1400 à 1800 grammes. Il est enveloppé et protégé par des membranes appelées méninges. Elles sont constituées de trois membranes successives (Figure A.6) :

- La plus interne de ces membranes est la pie-mère, fine, compacte, qui contient les structures veineuses qui ramènent le sang du cerveau vers le cœur ;
- La membrane intermédiaire est l'arachnoïde, ainsi appelée en raison de sa ressemblance avec une toile d'araignée (le LCS circule entre celle-ci et la pie-mère) ;
- La membrane la plus externe est la dure-mère, dure et résistante, formée de tissu conjonctif qui protège les couches sous-jacentes des os les entourant.

Les méninges, qui sont des membranes protectrices retiennent également le liquide céphalo-rachidien, servant lui-même de matelas protecteur. Il comprend deux types de tissus nerveux : la substance grise et la substance blanche.



**Figure A.6 :** *Méninges.*

## **A.2.2 Les principales substances présentes dans l'encéphale**

Outre la présence de veines cérébrales, de tissus servant de parois, ou de nombreuses petites structures telles des glandes, l'encéphale contient principalement trois substances.

### **A.2.2.1 Le liquide cérébro-spinal (LCS)**

Est le liquide dans lequel baignent le cerveau et le cervelet. D'un volume moyen de 150 ml, il est absorbé par le système veineux cérébral et continuellement renouvelé. Ses principaux rôles sont :

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

### **A.2.2.2 La matière grise (MG)**

On peut distinguer plusieurs structures composées de matière grise (MG). D'une part, on trouve le cortex, situé à la périphérie du cerveau et d'autre part les noyaux gris centraux. La matière grise est essentiellement composée de neurones et constitue donc le siège de l'activité cérébrale.

- **Le cortex** : Il est le centre de la conscience. Le cortex recouvre la totalité du cerveau. Sa surface est importante (environ 22 000 cm<sup>2</sup>) car il suit toutes les convolutions externes du cerveau, appelées sillons. Son épaisseur est d'environ 2 à 3 millimètres.
- **Les noyaux gris centraux** : Situés au plus profond du cerveau, ils gèrent certaines fonctions vitales, ainsi que la mémoire. La densité en neurones des noyaux est moins importante que celle du cortex. On distingue les noyaux du télencéphale et les noyaux du diencephale.

### **A.2.2.3 La matière blanche (MB)**

Cette matière est comprise entre le cortex, les noyaux gris centraux et les ventricules. Elle correspond à la gaine de myéline qui recouvre les axones des neurones pour en accélérer la conduction. Les axones myélinisés s'assemblent en faisceaux pour établir des connexions entre groupes de neurones.

---

# IMAGERIE PAR RESONANCE MAGNETIQUE

---

## B.1 Introduction

L'imagerie par résonance magnétique est une technique d'imagerie médicale basée sur le phénomène de résonance magnétique nucléaire (RMN, terme créé en 1930 par Isidor Isaac Rabi; prix Nobel de Physique en 1944). Ce phénomène fut observé pour la première fois en 1945 de façon simultanée par deux équipes américaines, l'équipe de Felix Bloch à Stanford et celle de Edward Mills Purcell à Harvard, qui publièrent leurs résultats en 1946 [Blo46][Pur46] (prix Nobel de physique conjoint en 1952). Destinée à l'origine à analyser la structure moléculaire, la résonance magnétique nucléaire permet l'analyse du comportement des protons soumis d'une part à un champ magnétique, et d'autre part à une impulsion de radiofréquence. En 1971 Damadian posa les premières pierres de l'imagerie par RMN en observant des différences de paramètres RMN (les temps de relaxation) entre tissus sains et tissus pathologiques [Dam71]. La première image par RMN fut publiée en 1973 par Paul Christian Lauterbur [Lau73]. De manière indépendante, Peter Mansfield proposa une technique semblable utilisant des gradients de champ magnétique pour séparer spatialement les signaux RMN [Man73]. Leurs travaux fondamentaux pour l'émergence de l'imagerie par résonance magnétique leur ont valu le prix Nobel de médecine en 2003.

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



Figure B.1 : Acquisition par IRM.

## B.2 Principe physique de la résonance magnétique nucléaire (RMN)

Le phénomène de résonance magnétique nucléaire repose sur les propriétés magnétiques des noyaux des atomes. Un noyau ayant un nombre impair de protons possède en effet un moment magnétique, appelé spin nucléaire (Otto Stern et Walter Gerlach, 1922). En l'absence de champ magnétique extérieur, ces spins sont orientés de façon aléatoire dans l'espace (Figure B.2-a). La résultante magnétique des spins des noyaux est nulle.

**Champ polarisant  $B_0$**  : Placés dans un champ magnétique constant  $B_0$  (qui définit arbitrairement la direction  $z$  de l'espace), les spins s'alignent suivant  $B_0$  selon deux orientations : l'une dans le sens de  $B_0$  (parallèle) et l'autre dans le sens contraire (anti-parallèle) (Figure B.2-b). Le nombre de spins parallèles étant plus important que celui d'anti-parallèles (et ce d'autant plus que l'intensité de  $B_0$  est élevée), l'aimantation globale  $M$  résultante devient non nulle. Les spins se mettent dans un état d'équilibre énergétique, et adoptent un mouvement de précession autour de  $B_0$  (Figure B.2-c). La vitesse de précession, proportionnelle à l'intensité du champ magnétique, est caractérisée par la fréquence angulaire de précession  $\omega_0 = \gamma B_0$  (précession de Larmor), avec le rapport gyromagnétique de l'atome considéré (pour l'hydrogène  $\gamma = 42.58 \text{MHz} / T$ ).

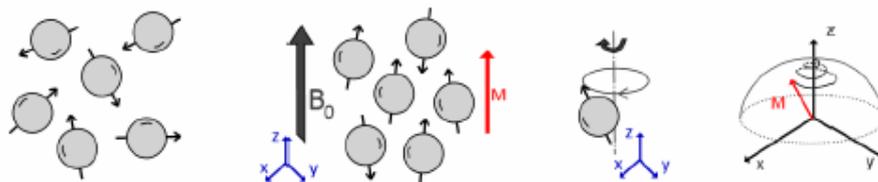


Figure B.2 : Principe de résonance magnétique nucléaire.

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

**Phase de relaxation.** Lorsque l'émission RF est interrompue, le système restitue l'énergie absorbée pour retourner à l'état d'équilibre de départ. L'aimantation globale  $M$  s'aligne à nouveau dans la direction du champ  $B_0$ , en décrivant une spirale (Figure B.2-d) dont l'évolution peut être décrite par les équations de Bloch [Blo46]. La relaxation longitudinale croît exponentiellement selon une constante de relaxation *spin-réseau*  $T_1$ . Elle correspond à un transfert d'énergie d'un spin vers son environnement. La relaxation transversale décroît exponentiellement selon une constante de relaxation *spin-spin*  $T_2$ . Elle correspond à des interactions entre spins.

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

### B.3 Application à l'imagerie médicale

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

### a) Encodage spatial

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

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

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

### b) Formation de l'image

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

## B.4 Contrastes et séquences d'image

En modifiant les paramètres d'acquisition, en particulier le temps de répétition entre deux excitations (TR) ou le temps entre le signal d'excitation et la réception de l'écho (temps d'écho, TE), on peut modifier la pondération de l'image. En effet, les tissus ont des temps de relaxation longitudinale (temps  $T_1$ ) et transversale (temps  $T_2$ ) caractéristiques (voir Tableau B.1).

		$T_1$ (ms)	$T_2$ (ms)
MB	frontale	640	90
	occipitale	640	
MG	noyaux	900	100
	cortex	1100	
LCS		$\geq 2000$	1400
Graisse		260	85

**Tableau B.1 :** *Ordre de grandeur des temps de relaxation à 1.5T pour différents tissus [War02].*

Les écarts de temps  $T_1$  et  $T_2$  mesurés permettent de caractériser les tissus en chaque élément de l'échantillonnage discret. On peut aussi dans une séquence modifier la valeur de l'angle de bascule, introduire une impulsion d'inversion (bascule de  $180^\circ$ ), etc...

Chaque séquence est alors une combinaison d'ondes de radiofréquence et d'impulsions de gradients. Le choix des paramètres permet de favoriser le signal d'un tissu particulier, d'être sensible à la susceptibilité magnétique (IRMf), de favoriser une acquisition rapide, de favoriser une résolution fine, de limiter certains artefacts, d'améliorer le rapport signal sur bruit, etc... Il existe plusieurs dizaines de séquences différentes : T1, T2, Flair, T2\*, Echo de spin, Echo de spin rapide, Echo de gradient, Echo planar, Diffusion,... offrant un large panel de possibilités d'exploration à l'imageur IRM.

Pour une séquence donnée, les variations locales des paramètres caractéristiques des tissus créent des contrastes entre les différentes régions de l'image. Souvent les paramètres d'acquisition sont choisis de façon à ce que seul l'un de ces paramètres soit prédominant. Trois types de contrastes peuvent donc être obtenus (Figure B.3):



**Figure B.3 :** *Images IRM, pondérées en densité de protons, en T1 et en T2.*

Pour les images pondérées en densité de protons  $\rho$  : le contraste est obtenu lorsque l'intensité de l'image dépend essentiellement de la densité locale de protons et beaucoup moins des contrastes de relaxation  $T_1$  et  $T_2$ . il est obtenu en utilisant un  $TR$  long et un  $TE$  court.

*Pour les images pondérées en T1 (contraste T1) :* une image est pondérée en T1 lorsque le TR et le TE sont courts. Plus le  $T_1$  du tissu est court, et plus ce tissu apparaît avec une intensité élevée sur l'image.

*Pour les images pondérées en T2 (contraste T2) :* le contraste en T2 est obtenu en utilisant un TE long et un TR long. Contrairement au contraste T1, les régions de T2 court apparaissent alors plus sombres sur l'image.

## **B.5 L'imageur IRM**

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

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

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

### **B.5.1 Imperfections de l'acquisition**

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

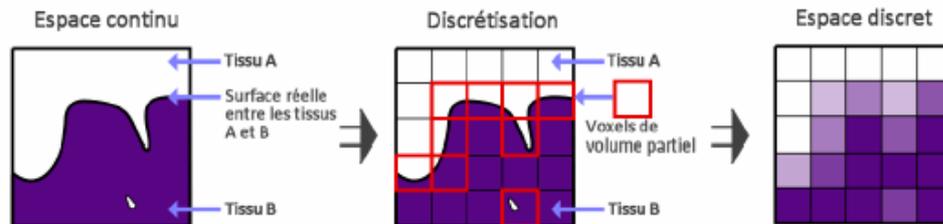
### a) Le bruit

Comme tout dispositif de mesure physique, les données sont entachées de bruit. Il provient à la fois du patient (agitation thermique des protons à l'origine d'émissions parasites) et de la chaîne de mesure (convertisseurs analogique-numérique, antenne, ...). La perturbation par le bruit est généralement quantifiée par le rapport signal sur bruit (RSB), fonction de l'amplitude du signal observé par rapport à l'importance de la variation du bruit. Ce rapport, et donc la qualité de l'image, peut être amélioré en considérant différentes antennes, un champ magnétique  $B_0$  plus intense, une matrice de résolution moins fine, ou encore une multiplication des mesures. Néanmoins, il restera toujours un bruit dans l'image reconstruite finale.

On peut considérer que le bruit dans l'image suit une distribution Ricienne [Kis02] qui, avec un rapport signal sur bruit suffisant (typiquement  $RSB > 3$ ), peut être approximé par un bruit gaussien [Sij98]. Cette approximation est valide dans la matière grise et la matière blanche, et dans une moindre mesure dans le LCS. Elle est cependant peu vérifiée dans les régions sans signal comme l'air.

### b) Le volume partiel

L'effet de volume partiel est lié à la discrétisation de l'espace : lorsque la surface entre plusieurs objets se trouve dans un même élément de volume discret (le voxel), la mesure dans ce voxel résulte d'un mélange des contributions des différents objets (Figure B.4).



**Figure B.4** : Artéfact de volume partiel dû à la discrétisation de l'espace.

Cet effet se manifeste principalement à l'interface entre les matières (MG, MB, LCS, graisse, os) ou lors de la présence de structures trop fines pour être visibles à la résolution de l'image : vaisseaux sanguins (diamètre de  $40\mu\text{m}$  à quelques millimètres), structures grises fines, ... L'effet de volume partiel est particulièrement présent à l'interface LCS-MG dans les replis du cortex, car l'épaisseur des sillons corticaux est généralement inférieure à la résolution des images.

### c) Les inhomogénéités RF

Les inhomogénéités dans le champ magnétique principale et dans le champ généré par les impulsions RF peuvent provoquer une inhomogénéité dans la distribution des intensités des images obtenues en IRM, qui handicape les approches purement photométriques.

Ce type d'artéfacts n'est pas foncièrement gênant pour le clinicien. Par contre il peut être problématique pour un système de traitement d'image automatique.

### d) Autres artéfacts

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

- **L'artéfact lié à un défaut de linéarité des gradients**, source de distorsions géométriques. Ou **l'artéfact de décalage chimique**, lié à des interactions entre les protons et leur environnement, source d'apparition de faux contours mais qui se manifeste peu en imagerie cérébrale.

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

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

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

## B.5.2 Correction partielle des artéfacts

Certains artéfacts peuvent être corrigés, ou minimisés, lors de l'acquisition. Par exemple, les hétérogénéités de champ  $B_0$  peuvent être minimisées grâce à une rapide acquisition de calibrage, en réglant manuellement le courant dans les «bobines de shim» correctrices d'homogénéité de  $B_0$ . L'utilisation de séquences particulières permet aussi de minimiser certains artéfacts. Par exemple, l'introduction dans la séquence d'une impulsion d'inversion  $180^\circ$  permet de corriger les hétérogénéités de champ constantes au sein d'un voxel : le déphasage constant s'annule de lui-même. S'il est crucial de corriger au maximum les artéfacts lors de l'acquisition, l'image finale sera toujours perturbée par certains d'entre eux. Il est alors fondamental de les prendre en compte dans tout traitement automatique.

---

## Bibliographie

---

- [Agr93] R. Agrawal, T. Imielinski, and A. Swami, "Mining association rules between sets of items in large database," Proceedings of the ACM SIGMOD International Conference on Management of Data, Washington, DC, pp 207–216, May 26–28, 1993.
- [Ama04] H. Amoury, Modèles et techniques en Inférence Grammaticale Probabilistes : de la gestion du bruit à l'extraction des Connaissances. Thèse de Doctorat, Université Jean Monnet de Saint-Etienne, 2004.
- [Ama92] S. Amatur, D. Piriano, and Y. Takefuji, "Optimization neuronal networks for the segmentation of magnetic resonance," IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 11, pp. 215–221, 1993.
- [Amb97] C. Ambroise, Introduction à la reconnaissance statistique des formes. Technical report, École des Mines de Paris, 1997.
- [And02] A.H. Andersen, Z. Zhang, M.J. Avison, and D.M. Gash, "Automated segmentation of multispectral brain MR images," Journal of Neuroscience Methods, vol. 122, pp. 13–23, 2002.
- [And05] E. André, L'intégration des données, le data mining (fouille de données) et le support à la décision. IBM research Lab-Zurich, 2005.
- [App91] A. Appriou, "Probabilités et incertitude en fusion de données multi-senseurs," Revue Scientifique et Technique de la Défense, vol. 1, pp. 27–40, 1991.
- [Ary99] N. Arya, K. Michael, and K. W. Simon "Segmentation of meningiomas and low grade gliomas in MRI," LNCS, vol. 1679, pp. 1–10, 1999.
- [Bac99] V. Bachelet, Métaheuristiques parallèles hybrides : Application au QAP. PhD thesis, USTL LIFL France, 1999.
- [Bad98] A. Dromigny-Badin, Fusion d'Images par la Théorie de l'Evidence en Vue d'Applications Médicales et Industrielles, Thèse de Doctorat, Institut National des Sciences Appliquées de Lyon, 1998.
- [Bai00] C. Baillard, C. Barrillot, and P. Bouthemy. Robust Adaptive Segmentation of 3D Medical images with Level Sets. Technical Report 1369, IRISA, France, November 2000.
- [Bai01] C. Baillard, P. Hellier, and C. Barillot, "Segmentation of brain 3D MR images using level sets and dense registration," Medical Image Analysis, vol. 5, pp. 185–194, 2001.

- [Bar00a] V. Barra, *Fusion d'Images 3D du Cerveau : Etude de Modèles et Applications*, Thèse de Doctorat, Université d'Auvergne, Clermont-Ferrand (France), 2000.
- [Bar00b] V. Barra, "MR images fusion for brain tissues volume measurement," *Proceedings of 3<sup>rd</sup> International Conference on Computer Vision, Pattern Recognition and Image Processing*, Atlantic City, pp. 362–366, 2000.
- [Bar01a] V. Barra, and J. Y. Boire, "Tissue characterization on MR images by a possibilistic clustering on a 3D wavelet representation," *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, vol. 11, pp. 267–278, 2000.
- [Bar01b] V. Barra, and J. Y. Boire, "A general framework for the fusion of anatomical and functional medical images," *NeuroImage*, vol. 13, pp. 410–424, 2001.
- [Bar01c] V. Barra, and J. Y. Boire, "Automatic segmentation of subcortical brain structures in MR images using information fusion," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, pp. 549–558, 2001.
- [Bar94] C. Barillot, D. Lemoine, L. Le Briquer, F. Lachmann, and B. Gibaud, "Data fusion in medical imaging: merging multimodal and multipatient images, identification of structures and 3D display aspects," *Yearbook of Medical Informatics*, vol. 1, pp. 290–294, 1994.
- [Bar99a] V. Barra, and J. Y. Boire, "Fusion de Données en Imagerie 3D du Cerveau," *Journées de l'Incertitude et l'Imprécision en Fusion d'Informations: Théories et Applications*, Clermont-Ferrand, 16 Juin 1999.
- [Bar99b] V. Barra, V., and J. Y. Boire, "Segmentation floue des tissus cérébraux en IRM 3D: une approche possibiliste versus autres méthodes," *Rencontres Francophones sur la Logique Floue et ses Applications*, Eds Cépaduès, pp. 193–198, 1999.
- [Bau98] R. Baumgartner, E. Moser, and C. Windischberger, "Quantification in functional magnetic resonance imaging : fuzzy clustering vs. correlation analysis," *Magnetic Resonance imaging*, vol. 16, pp. 115–125, 1998.
- [Beh98] F. Behloul, M. Janier, P. Croisille, C. Poirier, A. Boudraa, R. Unterreiner, J. C. Mason, and D. Revel, "Automatic assessment of myocardial viability based on PET-MRI data fusion," *Eng. Med. Biol. Mag., Proceedings of 20<sup>th</sup> Ann. Int. Conf. IEEE*, vol. 1, pp. 492–495, 1998.
- [Ben96] A.M. Bensaid, L.O. Hall, J.C. Bezdek, and L.P. Clarke, "Partially supervised clustering for image segmentation," *Pattern Recognition*, vol. 29, n5, pp. 859–871, 1996.
- [Bes86] J. Besag, "On the statistical analysis of dirty pictures," *Journal of the Royal Statistical Society*, vol. 48, n3, pp. 259–302, 1986.
- [Bez81] J. Bezdek, *Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms*, Plenum Press : New York, 1981.
- [Bez93] J. Bezdek, L. Hall, and L. Clarke, "Review of MR image segmentation techniques using pattern recognition," *Medical Physics*, vol. 20, pp. 1033–1048, 1993.
- [Blo00] I. Bloch, "Fusion of numerical and structural image information in medical imaging in the framework of fuzzy sets," in *Fuzzy Systems in Medicine*, P. Szczepaniak et al., Eds. Springer Verlag, 2000, pp. 429–447.

- [Blo03] I. Bloch, *Fusion d'Informations en Traitement du Signal et des Images*, Hermes Science Publication, Janvier 2003.
- [Blo46] F. Bloch, W. Hansen, and M. Packard, "The nuclear induction experiment," *Physical Review*, vol. 70, pp. 474–485, 1946.
- [Blo94] I. Bloch, and H. Maitre, "Fusion de données en traitement d'images: modèles d'informations et décisions," *Traitement du Signal*, vol. 11, 1994.
- [Blo96a] I. Bloch, "Information combination operators for data fusion: a comparative review with classification," *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, vol. 1, pp. 52–67, 1996.
- [Blo96b] I. Bloch, "Some aspects of Dempster-Shafer evidence theory for classification of multi-modality medical images taking partial volume effect into account," *Pattern Recognition Letters*, vol. 17, pp. 905–913, 1996.
- [Blo97a] I. Bloch, and H. Maitre, "Fusion of image information under imprecision," in *Aggregation and Fusion of Imperfect Information*, B. Bouchon-Meunier, Ed, Series Studies in Fuzziness, Physica Verlag: Springer, 1997, pp. 189–213.
- [Blo97b] I. Bloch, and H. Maitre, "Data fusion in 2D and 3D image processing: An overview," *Proceedings of X Brazilian symposium on computer graphics and image processing*, Campos do Jordao, Brazil, pp. 127–134, 1997.
- [Bom90] M. Bomans, K.H. Höhne, U. Tiede, and M. Riemer, "3-D segmentation of MR images of the head for 3-D display," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 9, pp. 177–183, 1990.
- [Bos03] M. Bosc, "Contribution à la détection des changements dans les séquences IRM 3D multimodales," *Thèse de Doctorat. Université Louis Pasteur Strasbourg*, 2003.
- [Bou99] B. Bouchon-Meunier. *La Logique Floue. Que sais-je*, PUF Edition, 1999.
- [Boy02] R. Boyle, M. Sonka, and V. Hlavac, *Image Processing, Analysis and Machine Vision*, 2<sup>nd</sup> edition, Brooks/Cole, 2002.
- [Bra94] M. Brandt, T. Bohan, L. Kramer, and J. Fletcher, "Estimation of csf, white and gray matter volumes in hydrocephalic children using fuzzy clustering of MR images," *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 18, pp. 25–34, 1994.
- [Bru93] M.E. Brummer, R.M. Mersereau, R.L. Eisner, and R.J. Lewine, "Automatic detection of brain contours in MRI data sets," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 12, pp. 153–166, 1993.
- [Cha95] S. Chauvin, "Evaluation des performances du modèle Bayésien de fusion appliqué à l'imagerie satellitaire," *Colloque GRETSI*, pp. 949–952, 1995.
- [Cio02] K. J. Cio, and G. W. Moor, "Uniqueness of medical data mining," *Artificial Intelligence in Medicine*, 2002.
- [Cla93] L. Clark, V. Elthuizen, S. Phuphanich S, J. Schellenberg, J. Arrington, and M. Silbiger, "MRI : Stability of three supervised segmentation techniques," *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 1, pp. 95–106, 1993.
- [Cla94] M. Clark, L. Hall, D. Goldgof, L. Clark, R. Velthuizen R., and M. Silbiger, "MRI

- segmentation using fuzzy clustering techniques,” *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, pp. 730–742, 1994.
- [Cla98] L. Clark, C. Matthew, D. B. Goldgof, R. Velthuizen, F. R. Murtagh, and M. S. Silbiger, “Automatic tumor segmentation using knowledge-based techniques,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 17, pp. 187–201, 1998.
- [Coc95] J. Cocquerez and S. Philips, *Analyse d’Images : Filtrage et Segmentation*, Masson, 1995.
- [Con91] B. Condon, “Multi-modality image combination: Five techniques for simultaneous MR-SPECT display,” *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 5, pp. 311–318, 1991.
- [Cov67] T.M. Cover and P.E. Hart, “Nearest neighbor pattern classification,” *IEEE Transactions on Information Theory*, vol. 13, n1, pp. 21–27, 1967.
- [Cro98] G. Cron, and B. Dubuisson, “A weighted fuzzy aggregation method,” *Fuzz-IEEE 98*, Anchorage, Etats-Unis, 1998.
- [Dam71] R. Damadian, “Tumor detection by nuclear magnetic resonance,” *Science*, vol. 171, pp. 1151–1153, 1971.
- [Dav92] R. Dave, “Boundary detection through fuzzy clustering,” *Proceedings of First IEEE International Conference on Fuzzy Systems*, San Diego, 1992.
- [Del91] S. Dellepiane, “Image segmentation : Errors, sensitivity and uncertainty,” *Proceedings of 13th IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, vol. 13, pp. 253–254, 1991.
- [Del97] M. Delplanque, A. M. Desodt-Jolly, D. Jolly, and J. Jamin, “Fusion dissymétrique d’informations incomplètes pour la classification d’objets sous-marins,” *Traitement du Signal*, vol. 14, pp. 512–521, 1997.
- [Dem67] A. Dempster, “Upper and lower probabilities induced by multivalued mapping,” *Annals of Mathematical Statistics*, vol. 38, pp. 325–339, 1967.
- [Dmi98] B. G. Dmitry, R. Velthuzen, F. R. Murtagh, M. S. Silbiger, M. C. Clark, and O. L. Hall, “Automatic tumor segmentation using knowledge-based techniques,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 17, n2, pp. 187–201, 1998.
- [Dou07] W. Dou, S. Ruan, Y. Chen, D. Bloyet, and J. M. Constans, “A framework of fuzzy information fusion for the segmentation of brain tumor tissues on MR images,” *Image and vision Computing*, vol. 25, pp. 164–171, 2007.
- [Dub85] D. Dubois, and H. Prade, “A review of fuzzy set aggregation connectives,” *Information Sciences*, vol. 36, pp. 85–121, 1985.
- [Dub88a] D. Dubois, and H. Prade, *Possibility Theory, an Approach to the Computerized Processing of Uncertainty*, Plenum Press: New-York, 1988.
- [Dub88b] D. Dubois, H. and Prade, *Théorie des Possibilités, Application à la Représentation des Connaissances en Informatique*, Masson: Paris, 1988.
- [Dub92] D. Dubois, and H. Prade, “Combination of information in the framework of possibility theory,” in *Data Fusion in Robotics and Machine Intelligence*, M. Al Abidi et al., Eds. Academic: New-York, 1992.

- [Dub99] D. Dubois, H. Prade, and R. Yager, "Merging fuzzy information," in *Fuzzy Sets in Approximate Reasoning and Information System, The Handbook of Fuzzy Sets Series*, Kluwer Academic Publishers, 1999.
- [Dud73] R. Duda, and P. Hart, *Pattern Classification and Scene Analysis*, New-York: Willey, 1973.
- [Dun74] J. Dunn, "A fuzzy relative of the Isodata process and its use in detecting compact wellseparated clusters," *Journal of Cybernetics*, vol. 3, pp. 32–57, 1974.
- [Edw65] A. Edwards and L. Cavalli Sforza, "A method for cluster analysis," *Biometrics*, vol. 21, pp. 362–376, 1965.
- [Eri98] B. Erickson, and R. Avula, "An algorithm for automatic segmentation and classification of MR brain images," *Journal of Digital Imaging*, vol. 11, pp. 74–82, 1998.
- [Fab96] P. Fabiani, *Représentation Dynamique de l'Incertain et Stratégie de Prise en Compte d'Informations pour un Système Autonome en Environnement évolutif*, Thèse de Doctorat, Département d'Etude et de Recherche en Automatique, ONERA, 1996.
- [Fay96] U. Fayyad, G. Piatetsky-Shapiro, and P. Smyth, "From data mining to knowledge discovery in databases," *Dans aimag KDD overview*, pp 1–34, 1996.
- [Fay98] U. Fayyad, G. Piatetsky-Shapiro, P. Smyth P, "From data mining to knowledge discovery in databases, advices in knowledge discovery and data mining," MIT Press, vol. 1, pp 1–36, 1998.
- [Fio06] C. Fiot, *Quelques techniques de fouille de données*, Master Pro, 2005/06.
- [Fix91] E. Fix and J. Hodges, *Discriminatory analysis, non parametric discrimination : consistency properties*, Technical report, US Air Force School of Aviation Medecine, Randolf Field, Texas, 1951. Reprinted in Dasarathy (1991).
- [Fre02] J. Freixenet, X. Munoz, D. Raba, J. Marti, and X. Cufi, "Yet another survey on image segmentation : region and boundary information interaction," *Proceedings of 7th European Conference on Computer Vision, Part III*, 2002.
- [Gem84] S. Geman and D. Geman, "Stochastic relaxation, Gibbs distribution, and the Bayesian restauration of images," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 6, pp. 721–741, 1984.
- [Ger91] G. Gerig, J. Martin, R. Kikinis, O. Kübler, M. Shenton, and F.A. Jolesz, "Automated segmentation of dual-echo MR head data. In Colchester ACF and Hawkes DJ, *Lecture Notes on Computer Science Series*, pages 175–197, 1991.
- [Ger92] G. Gerig, J. Martin, R. Kikinis, O. Kübler, M. Shenton, and F.A. Jolesz, "Unsupervised tissue type segmentation of 3D dual-echo MR head data," *Image and Vision Computing*, pp. 10, pp. 349–360, 1992.
- [Gér98] T. Géraud, *Segmentation des structures internes du cerveau en imagerie par résonance magnétique tridimensionnelle*. Thèses de Doctorat, École Nationale Supérieure des Télécommunications, France, 1998.
- [Ger99] L. Germond, *Trois principes de coopération pour la segmentation en imagerie de*

- résonance magnétique cérébrale, Thèse de Doctorat, Université Joseph Fournier, France, 1999.
- [Gua91] J. Guan, D. A. Bell, Evidence Theory and its Applications, Amsterdam, North-Holland, 1991.
- [Had02] M. Haddad, Extraction et impact des connaissances sur les performances des systèmes de recherche d'information. Thèse de Doctorat, Université Joseph Fourier-Grenoble1, 2002.
- [Hel97] K. Held, E. Kops, B. Krause, W. Wells, R. Kikinis, and H. Müller-Garter, "Markov Random Field Segmentation of Brain MR Images," IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 16, n6, pp. 878–886, 1997.
- [Hoj01] A. Hojjatoleslami and F. Kruggel, "Segmentation of large brain lesions," IEEE Transactions on Medical Imaging, 20(7):660–669, July 2001.
- [Hon04] Z. Hongwei and O. Basir, "Adaptive fuzzy evidential reasoning for automated brain tissue segmentation," Proceedings of 7<sup>th</sup> International Conference on Information Fusion, Sweden, 2004.
- [Hop00] F. Hoppner, F. Klawonn, R. Kruse, and T. Runkler, Fuzzy Cluster Analysis Methods for Classification, Data Analysis and Image Recognition, Wiley, 2000.
- [Jag97] C. Jaggi, S. Ruan, J. Fadili, and D. Bloyet, "Approche markovienne pour la segmentation 3D des tissus cérébraux en IRM," Actes du 16<sup>ème</sup> colloque GRETSI, pp. 327–330, 1997.
- [Jag98] C. Jaggi, Segmentation par Méthode Markovienne de l'Encéphale Humain en Imagerie par Résonance Magnétique : Théorie, Mise en Œuvre et Evaluation, Thèse de Doctorat, Université de Caen, 1998.
- [Jam08] J. James and H. Harrison, Introduction to the Mining of Clinical Data. Division of Clinical Informatics, Department of public health sciences and pathologies, University of Virginia, 2008.
- [Jia03] L. Jiang, and W. Yang, "A modified fuzzy c-means algorithm for segmentation of magnetic resonance images," Proceedings of 7<sup>th</sup> Digital Image Computing: Techniques and Applications, 10–12 December, Sydney, 2003.
- [Jia05] L. H. P. Jianzhong, and W. Zhang, Mining interesting association rules in medical images. Dept. of Computer Science, Harbin institute of Technology, Harbin, P. R., China, 2005.
- [Jin00] X. Jinghao, J. Fadili, D. Bloyet, S. Ruan, and C. Jaggi, "Brain tissue classification of magnetic resonance images using partial volume modeling," IEEE transactions on Medical Imaging, vol. 19, n12, pp. 1179–1187, 2000.
- [Jou03] L. Joudan, Métaheuristiques pour l'extraction des connaissances : application à la génomique, PhD thesis, Université des sciences et technologies de Lille, 2003.
- [Jud97] L. R. Judith, C. R. Jagath, and J. N. Giedd, "Statistical approach to segmentation of single-channel cerebral MR images," IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 16, n2, pp. 176-186, 1997.
- [Kan03] M. Kantardzic, "Data Mining—Concepts, Models, Methods, and Algorithms," IEEE Press, Piscataway, NJ, USA, 2003.

- [Kap90] I. Kapouleas, "Automatic detection of white matter lesions in magnetic resonance brain images," *Computer Methods and Programs in Biomed.*, 32:17–35, 1990.
- [Kas88] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos, "Snakes: Active contour models," *International Journal of Computer Vision*, pp. 321–331, 1988.
- [Kho97] L. Khodja, *Contribution à la classification floue non supervisée*. Thèse de Doctorat, Université de Savoie, France, 1997.
- [Kik92] R. Kikinis, M. Shenton, G. Gerig, J. Martin, M. Anderson, D. Metcalf, C. Guttman, R. McCarley, W. Lenrenson, H. Cline, and F. Jolesz, "Routine quantitative analysis of brain and cerebrospinal fluid spaces with MR imaging," *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, vol. 2, pp. 619–629, 1992.
- [Kis02] S. J. Kisner, R. M. Talavage, and J. L. Ulmer, "Testing a model for MR imager noise," *Proceedings of the the 2<sup>nd</sup> Joint Meeting of the IEEE EMBS and the BMES Conference*, vol. 2, IEEE Piscataway, Houston, Texas, pp. 1086–1087, 2002.
- [Kod98] Y. Kodratoff, "techniques et outils de l'extraction de connaissances à partir des données," *Signaux*, vol. 92, pp 38–43, Mars 1998.
- [Kri93] R. Krishnapuram, and J. Keller, "A possibilistic approach to clustering," *IEEE Transactions on Fuzzy. Systems*, vol. 1, pp. 98–110, 1993.
- [Kri96] R. Krishnapuram, and J. Keller, "The possibilistic c-means algorithm : insights and recommendations," *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, vol. 4, pp. 385–393, 1996.
- [Kwa96] R. Kwan, A. Evans, and G. Pike, "An extensible MRI simulator for post processing evaluation," *SPIE, Visualization in Biomedical Computing*, vol. 1131, pp. 135–140, 1996.
- [Kwa99] R. Kwan, A. Evans, and G. Pike, "MRI simulation-based evaluation of image-processing and classification methods," *IEEE Trans. Medical Imaging*, vol. 18, pp. 1085–1097, 1999.
- [Las99] V. Lasserre, *Modélisation Floue des Incertitudes des Mesures de Capteurs*, Thèse de Doctorat, Université de Savoie, 1999.
- [Lau73] P. C. Lauterbur, "Image formation by induced local interactions : examples employing nuclear magnetic resonance," *Nature*, vol. 242, pp. 190–191, 1973.
- [Leb05] P. Leblond, J. F. Mari, and B. Aigle, "Fouille de données du génome à l'aide de modèles de Markov cachés," *EGC 2005*, Paris, France, 2005.
- [Lec05] G. Lecomte, *Analyse d'Images Radioscopiques et Fusion d'Informations Multimodales pour l'Amélioration du Contrôle de Pièces de Fonderie*, Thèse de Doctorat, Institut National des Sciences Appliquées de Lyon, 2005.
- [Lee90] R.H. Lee and R. Leahy, "Multi-spectral classification of MR images using sensor fusion approaches," In *SPIE Medical Imaging IV: Image Processing*, vol. 1233, pp. 149–157, 1990.
- [Lef00] E. Lefevre, P. Vannoorenberghé, and O. Colot, "About the use of Dempster-Shafer theory for color image segmentation," *Proceedings of the First International*

- Conference on Color in Graphics and image processing, Saint-Etienne, France, 2000.
- [Lev89] D. Levin, X. Hu, K. Tan, A. Galhotra, C. Pelizzari, G. Chen, R. Beck, M. Cooper, and J. Mullan, “The brain: integrated 3D display of MR and PET Images,” *Radiology*, vol. 172, pp. 783–789, 1989.
- [Lie07] J. Lieber, *Fouille de données : notes de cours*, 2007.
- [Lim89] K.O. Lim and A.J. Pfferbaum, “Segmentation of MR brain images into cerebrospinal fluid spaces, white and gray matter,” *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 13, pp. 588–593, 1989.
- [Lur03] C. Lurette, *Développement d’une technique neuronale auto-adaptative pour la classification dynamique de données évolutives : Application à la supervision d’une presse hydraulique*. Thèse de Doctorat, Université des ST de LILLE, 2003.
- [Mac00] D. MacDonald, N. Kabani, D. Avis, and A.C. Evans, “Automated 3-D extraction of inner and outer surfaces of cerebral cortex from MRI,” *NeuroImage*, vol. 12, pp. 340–356, 2000.
- [Mac93] R. Maciunas, M. Ozkan, and B. M. Dawant, “Neural network based segmentation of multi-modal medical images : A comparative and perspective study,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 12, n3, pp. 534–544 , 1993.
- [Mag99] V. Magnotta, D. Heckel, N. Andresen, T. Cizaldo, P. Corson, J. Ehrhardt, and W. Yuh , “Measurement of Brain Structures with Artificial Neural Networks: 2D and 3D Applications,” *Radiology*, vol. 211, pp. 781–790, 1999.
- [Mah80] D. Mahr, and E. Hildreth, “Theory of edge detection,” *Proceedings of the Royal Society of London*, pp. 197–217, 1980.
- [Man73] P. Mansfield, and P. K. Grannell, “NMR diffraction in solids,” *J Phys C : Solid State*, vol. 6, pp. L422–L426, 1973.
- [Man98] J-F. Mangin, O. Coulon, and V. Frouin, “Robust brain segmentation using histogram scale-space analysis and mathematical morphology,” *Proceedings of First International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention*, pp. 1230–1241, 1998.
- [Mar00] P. Marais and J.M. Brady, “Detecting the brain surface in sparse MRI using boundary models,” *Medical Image Analysis*, vol. 4, pp. 283–302, 2000.
- [Mar02] M. Aguilar, and R. Joshua, “New fusion of multi-modality volumetric medical imagery, *Proceedings of ISIF*, pp. 1206–1212, 2002.
- [Mar03] F. Marius and D. Patrice, *Traitement de l’information médicale : méthodes et application hospitalières*, Chapter7, *Données et décisions médicales*, 2003.
- [Mar10] D. C. Maria, V. Hernández, J. Karen, M. Francesca, and M. Joanna, “New multispectral MRI data fusion technique for white matter lesion segmentation: method and comparison with thresholding in FLAIR images,” *Eur Radiol*, vol. 20, pp. 1684–1691, 2010.
- [Mar94] R. A. Margolin, A. C. Palmer, A. P. Zijdenbos, and B. M. Dawant, “Morphometric analysis of white matter lesions in MR images: method and validation,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 13, n4, pp. 716–724

- 1994.
- [Mat65] G. Matheron, *Random Sets and Integral Geometry*. Wiley: New York, 1965.
- [Mci96] T. McInerney and D. Terzopoulos, "Deformable models in medical image analysis: A survey," *Medical Image Analysis*, vol. 1, n2, pp.91–108, 1996.
- [Meu95] B. Bouchon-Meunier, *La Logique Floue et ses Applications*, Addison-Wesley, 1995.
- [Mic98] M. Michel, "The fuzzy c+2 means : solving the extended ambiguity reject in clustering," *IEEE transactions on fuzzy systems*, vol. 1, pp. 195–203.
- [Mit94] J.R. Mitchell, S.J. Kalik, D.H. Lee, and A. Fenster, "Computer-assisted identification and quantification of multiple sclerosis lesions in MR imaging volumes in the brain," *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, vol. 4, pp. 197–208, 1994.
- [Moh99] N. Mohamed, M. Ahmed, and A. Farag, "Modified fuzzy c-means in medical image segmentation," *Proceedings of IEEE Engineering in Medicine and Biology Society 20th Annual International Conference*, vol. 3, pp. 1377–1380, 1998.
- [Mou07] S. Moussa, *Système Coopératif Hybride de Classification dans un SMA : Application à la segmentation d'images IRM*, Mémoire de Magister, Université Farhat Abbas, Setif, 2007.
- [Ovc98] S. Ovchinnikov, "An analytic characterization of some aggregation operators," *International Journal of Intelligent Systems*, vol. 13, pp. 1–7, 1998.
- [Pal04] N. Pal, K. Pal, J. Keller, and J. Bezdek, "A new hybrid c-means clustering model," *Proceedings of Fuzz-IEEE'04*, pp.179–184, 2004.
- [Pal97] N. R. Pal, K. Pal, and J. C. Bezdek, "A mixed c-means clustering model," *Proceedings of the Sixth International Conference on Fuzzy Systems*, vol. 1, pp. 11–21, 1997.
- [Pen94] L. Peng, S. Lee, P. D. Bretschneider, A. Shah, J. D. Henderer, T.E. Schlaepfer, G.D. Pearson, G. J. Harris, and P. E. Parta, "MR volume segmentation of gray matter and white matter using manual thresholding: Dependence on image brightness," *Neuroradiol*, vol. 5, n2, pp. 225–30, 1994.
- [Pen99] J. Pena, J. Lozano, and P. Larranaga, "An empirical comparison of four initialization methods for the k-means algorithm," *Pattern Recognition Letters*, vol. 20, pp. 1027–1040, 1999.
- [Pfe89] A. Pfefferbaum and K. O. Lim, "Segmentation of MR brain images into cerebrospinal fluid spaces, white and gray matter," *Journal of Comput. Assist. Tomogr.*, vol. 13, n4, pp. 588–593, 1989.
- [Pha99] D.L. Pham and J. Prince, "Adaptative fuzzy algorithm for image segmentation in presence of intensity inhomogeneities," *Pattern Recognition Letters*, vol. 20, pp. 57–68, 1999.
- [Phi95] W. Philipps, R. Velthuisen, S. Phuphanich, L. Hall, L. Clarke, and M. Silbiger, "Application of fuzzy c-means algorithm segmentation technique for tissue differentiation in MR images of a hemorrhagic glioblastoma multiforme," *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 13, pp. 277–290, 1995.

- [Pia96] E. Piat, *Fusion de Croyances dans le Cadre combiné de la Logique des Propositions et de la Théorie des Probabilités. Application à la Reconstruction de Scène en Robotique mobile*, Thèse de Doctorat, Université de Compiègne, 1996.
- [Pre70] J.M.S Prewitt, *Picture Processing and Psychophysics*, chapter Object Enhancement and Extraction, Academic Press: New York, 1970, pp. 75–149.
- [Pur46] E. M. Purcell, H. C. Torrey, and R. V. Pound, “Resonance absorption by nuclear magnetic moments in solids,” *Physical Review*, vol. 69, 1946.
- [Raf94] U. Raff, A. Scherzinger, P. Vargas, and J. Simon, “Quantification of grey matter, white matter and cerebrospinal fluid from spin-echo magnetic resonance images using an artificial neural network Technique,” *Medical Physics*, vol. 12, pp. 1933–1942, 1994.
- [Raj96] J. Rajapakse, C. Decarli, A. McLaughlin, J. Giedd, A. Krain, S. Hamburger, and J. Rapoport, “Cerebral magnetic resonance image segmentation using data fusion,” *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 20, pp. 206–218, 1996.
- [Raj97] J.C. Rajapakse, J.N. Giedd, and J.L. Rapoport, “Statistical approach to segmentation of single-channel cerebral MR images,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 16, n2, pp. 176–186, 1997.
- [Rif00] H. Rifai, I. Bloch, S. Hutchinson, J. Wiart, and L. Garnerro, “Segmentation of the skull in MRI volumes using deformable model and taking the partial volume effect into account,” *Medical Image Analysis*, vol. 4, pp. 219–233, 2000.
- [Rob65] L.G. Roberts, *Machine Perception of Three-Dimensional Solids*, MIT Press: Cambridge, 1965, pp. 159–197.
- [Rom02] M. Rombaut and Y.M. Zhu, “Study of Dempster-Shafer theory for image segmentation and applications,” *Image and Vision Computing*, vol. 20, pp.15–23, 2002.
- [Rou97] L. Roux, *Fusion d'Informations Multi-Sources pour la Classification d'Images Satellite*, Thèse de Doctorat, Université Paul Sabatier, Toulouse, 1997.
- [Rua00] S. Ruan, C. Jaggi, J. Xue, J. Fadili, and D. Bloyet, “Brain tissue classification of magnetic resonance images using partial volume modeling,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 19, n12, pp. 1179–1187, 2000.
- [Rua02] S. Ruan, B. Moretti, J. Fadili, and D. Bloyet, “Fuzzy markovian segmentation in application of Magnetic Resonance Images,” *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 85, pp. 54–69, 2002.
- [Sal97] F. Salzenstein and W. Pieczynski, “Parameter estimation in hidden fuzzy Markov random fields and image segmentation,” *Graph. Models Process*, vol. 59, pp. 205–220, 1997.
- [Sam97] L. S. Samarasekera, Y. Miki, M. A. Van Buchem, R. I. Grossman, J. K. Udupa, and L. Wei, “Multiple sclerosis lesion quantification using fuzzy-connectedness principals,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 16, n5, pp. 598–609, 1997.
- [San91] S. Sandri, *La Combinaison d'Informations incertaines et ses Aspects Algorithmiques*, Thèse de Doctorat, Université Paul Sabatier, Toulouse, 1991.

- [San97] S. Sandor and R. Leahy, "Surface-based labelling of cortical anatomy using a deformable database," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16:41–54, 1997.
- [Sch01] H.G. Schnack, H.E. HulshoffPol, W.F.C. Baare, M.A. Viergever, and R.S. Kahn, "Automatic segmentation of the ventricular system from MR images of the human brain," *neuroImage*, vol. 14, pp. 95–104, 2001.
- [Sch93] M. Schmitt and J. Mattioli. *Morphologie Mathématique*. Masson, 1993.
- [Sch96] J. Schürmann, *Pattern classification. A unified view of statistical and neural approaches* John Wiley & Sons, 1996.
- [Sch99] A. Schenone, and F. Masuli, "A fuzzy clustering based segmentation system as support to diagnosis in medical imaging," *Artificial Intelligence in Medicine*, pp. 129–147, 1999.
- [Ser82] J. Serra. *Image Analysis and Mathematical Morphology*, vol. 1. Academic Press : London, 1982.
- [Sha02] Z.Y. Shan, G.H. Yue, and J.Z. Liu, "Automated histogram-based brain segmentation in T1-weighted three-dimensional magnetic resonance head images," *NeuroImage*, pp.1587–1598, 2002.
- [Sha76] G. Shafer, *A Mathematical theory of Evidence*, Princeton University Press, 1976.
- [Sha91] G. Piatetsky-Shapiro, "Discovery, analysis, and presentation of strong rules," in *Knowledge Discovery in databases*, G.Piatetsky-Shapiro and W. J. Frawley, Eds. AAAI/ MIT press, 1991, pp. 229–238.
- [Sij98] J. Sijbers, A. J. den Dekker, P. Scheunders, and D. Van Dyck, "Maximum likelihood estimation of rician distribution parameters," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 17, pp. 357–361, 1998.
- [Sob78] I. Sobel, "Neighbourhood coding of binary images for fast contour following and general array binary processing," *Computer Graphics and Image Processing*, vol. 8, pp. 127–135, 1978.
- [Sta01] D.W. Stattuck, S.R. Sandor-Leahy, K.A. Schaper, D.A. Rottenberg, and R.M. Leahy, "Magnetic resonance image tissue classification using a partial volume model," *NeuroImage*, pp. 856–876, 2001.
- [Sto97] R. Stokking, K. Zuiderveld, H. Hulshoff Pol, P. Van Rijk, and M. Viergever, "Normal fusion for three-dimensional integrated visualisation of SPECT and MR brain images," *Journal of Nuclear Medicine*, vol. 38, pp. 624–629.
- [Suc99] J. Suckling, T. Sigmundsson, K. Greenwood, and E. Bullmore, "A modified fuzzy clustering algorithm for operator independent brain tissue classification of dual echo MR images," *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 17, pp. 1065–1076, 1999.
- [Thi97] J.P. Thiran, V. Warscott, and B. Macq, "A queue-based region growing algorithm for accurate segmentation of multi-dimensional digital images," *Signal Processing*, vol. 60, pp. 1–10, 1997.
- [Tsa95] C. Tsai, B. Manjunath and R. Jagadeesan, "Automated segmentation of brain MR images," *Pattern Recognition*, vol. 28, n12, pp. 1825–1837, 1995.
- [Tuf02] S. Tufféry, *Data mining et scoring, Bases de données et gestion de la relation*

- client, Groupe bancaire Français, Universités de Rennes 1 et paris-Dauphine, 2002.
- [Tuf05] S. Tufféry, *Data mining et statistique décisionnelle, l'intelligence dans les bases de données*, Groupe bancaire Français, Universités de Rennes 1 et paris-Dauphine, 2005.
- [Vai95] M. Vaidyanathan, L.P. Clarke, R.P. Velthuizen, S. PhuPhanich, A.M. Bensaid, L.O. Hall, J.C. Bezdek, A. Trotti, and M. Silbiger, "Comparison of supervised MRI segmentation methods for tumor volume determination during therapy," *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 13, n5, pp. 719–725, 1995.
- [Van00] K. Van Leemput, F. Maes, D. Vandermeulen, A. Colchester, and P. Suetens, *Automated Segmentation of Multiple Sclerosis Lesions by Model Outlier Detection*, Technical report, Katholieke Universiteit Leuven, 2000.
- [Vel95] R. Velthuizen, L. Clarke, S. Phuphanich, L. Hall, A. Bensaid, J. Arrington, H. Greenberg, and M. Silbiger, "Unsupervised Measurement of Brain Tumor Volume on MR Images," *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, vol 5, pp. 594–605, 1995.
- [Vig04] R. Vigario and E. karp, "Unsupervised MRI tissue classification by support vector machines," *Proceedings of Biomedical Engineering*, Innsbruck, Austria, 2004.
- [Wal90] E. Waltz, and J. LLinas, *Multisensor Data Fusion*, Artech House, 1990.
- [Wal91] P. Walley, *Statistical Reasoning with Imprecise Probabilities*, Chapman and Hall: London, 1991.
- [Wal95] E. Walts, *The principals and practice of image and spatial data fusion in : Davis L, Hall, James llinas (Eds), Proceedings of the 8<sup>th</sup> National Data Fusion Conference ,(Dalls, TX. March 15–17, 1995) Handbook of Multisensor Data Fusion, CRC pess, West Bam Beach, FL,1995, pp. 257–278. (p4–1–4–18).*
- [War02] J. Warnking, M. Dojat, A. Guérin-Dugué, C. D. Delon-Martin, S. Olympie, N. Richard, A. Chéhikian, and C. Segebarth, "fMRI retinotopic mapping - step by step," *NeuroImage*, vol. 17, pp. 65–83, 2002.
- [War95] S. Warfield, J. Dengler, J. Zaers, C. Guttmann, W. Wells III, G.J. Ettinger, J. Hiller, and R. Kikinis, "Automatic identification of grey matter structures from MRI to improve the segmentation of white matter lesions," *The Journal of Image Guided Surgery*, vol. 1, n6, pp. 326–338, 1995.
- [Wel96] W. Wells, W.E.L. Grimson, R. Kikinis, and F.A. Jolesz, "Adaptive segmentation of MRI data," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 15, pp. 429–442, 1996.
- [Yan95] M.X.H. Yan and J.S. Karp, "An Adaptative Bayesian Approach to Three-Dimensional MR Brain Segmentation," *Information processing in Medical Imaging*, pp. 201–21, 1995.
- [Zad65] L. A. Zadeh, "Fuzzy sets," *Information and Control*, vol. 8, pp. 338–353, 1965.
- [Zad78] L. Zadeh, "Fuzzy sets as a basis for theory of possibility," *International Journal of Fuzzy Sets and Systems*, vol. 1, pp. 3–28, 1978.
- [Zha94] Y. Zhang, "Objective and quantitative segmentation evaluation and comparison,"

Signal Processing, vol. 39, pp. 43–54, 1994.

- [Zig00] D. A. Zighed, G. Duru, and J. P. Auray, “Sipina, méthode et logiciel,” Lacassagne, 2000.
- [Zig01] D. A. Zighed, Y. Kodratoff, and A Napoli, “Extraction de connaissance à partir d’une base de donnée,” Bulletin AFIA’01, 2001.
- [Zij94] A. Zijdenbos and B.M. Dawant, “Brain Segmentation and white matter lesion detection in MR Images,” Critical reviews in Biomedical Engineering, vol. 22, pp. 401–465, 1994.
- [Zou08] H. Zouaoui, Clustering par fusion floue de données appliqué à la segmentation d’images IRM, Mémoire de Magister, Université M’hamed Bouguerra, Boumerdès , 2008.

---

# Bibliographie Personnelle de l'Auteur

---

## 1. Revues internationales

- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Improvement of brain tissue segmentation using information fusion approach," International Journal of Advanced Computer Science and Applications, ISSN: 2156-5570, Vol. 2, No. 6, pp. 84-90, July 2011.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Evaluation of the segmentation by multispectral fusion approach with adaptive operators: application to medical images," International Journal of Advanced Computer Science and Applications, ISSN: 2156-5570, Vol. 2, No. 9, pp. 1-7, September 2011.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Segmentation of MR brain images using a data fusion approach," International Journal of Computer Applications, Impact Factor = 0.835, ISSN: 0975-8887, Vol. 36, No. 12, pp. 27-32, December 2011.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Three Models Based Data Fusion Approach for the Segmentation of MR Images: A Comparative Study," International Journal of Computer Science Issues (IJCSI), 2011 Impact Factor = 0.242, ISSN: 1694-0814, Vol. 9, Issue 5, No. 2, pp. 87-94, September 2012.

## 2. Congrès internationaux avec comité de lecture et publication des actes

- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Segmentation d'images médicales IRM par fusion d'informations dans un contexte possibiliste," Actes des Journées Franco-algériennes en Imageries Médicales (JETIM'2008), Université de Blida, 22-24 Novembre 2008.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Data fusion approach for the segmentation of MR images : A study and an evaluation," Proceedings of International Conference on Signal, Image, Vision and their Applications (SIVA'11), University of Guelma, November 21- 24, 2011.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Apport de la fusion de données : application aux images médicales IRM," Actes de la Conférence Maghrébine sur l'Extraction et la Gestion des Connaissances (EGC M2011)," ENSA de Tanger, Maroc, 23- 25 Novembre 2011.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Data fusion approach in the fuzzy logic context : application to the segmentation of MR images, Actes des Journées Internationales sur l'Algèbre Appliqué (JIAA'2011), Université de M'sila, 29- 30 Novembre et le 01 Décembre 2011.

- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Data fusion approach in the possibilistic context : application to the segmentation of MR images," Actes de la Conférence Internationale sur l'Informatique et ses Applications (CIIA'11), Indexée par DBLP, Université de Saida, 13- 15 Décembre 2011.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Multispectral fusion approach the segmentation of MR images," Proceedings of International Congress on Telecommunication and Application (ICTA'12), University of Bejaia, April 11- 12, 2012.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Segmentation of MR images using multispectral fusion approach : a study and an evaluation," Proceedings of International Conference on Education & E-Learning Innovations (ICEELI' 2012), July 1-3, 2012, Sousse, Tunisia.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Evaluation of a model based data fusion technique for the segmentation of MR images," Proceedings of Biomedical Engineering International Conference (BIOMEIC'12), October 10-11, 2012, University of Tlemcen, Algeria.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Automatic segmentation approach based possibility theory for the classification of brain tissues," Proceedings of First International Workshop on Mathematics and Computer Science (IWMCS' 2012), December 16-17, 2012, University of Tiaret, Algeria.

### **3. Congrès nationaux avec comité de lecture et publication des actes**

- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Elaboration d'un système de fusion floue d'informations pour la segmentation d'images médicales IRM," Actes des 2<sup>èmes</sup> Doctoriales (STIC'11), Université de Tébessa, 20- 21 Avril 2011.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "MRI brain image segmentation by multispectral fusion technique," Actes du 2<sup>ième</sup> Edition de la Conférence Nationale de l'Informatique Destinée aux Etudiants de Graduation et de Post-Graduation (JEESI'12), Ecole Supérieur d'Informatique, 16 Avril 2012.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Multispectral fusion approach based fuzzy logic theory for the segmentation of MR images : A study and an evaluation," Actes du Colloque National sur les Sciences Mathématiques (CNSM'2012), Université de Tébessa, 17-18 Septembre 2012.

### **4. Autres communications**

- C. Lamiche, and H. Belouadeh, "Le problème d'ordonnancement sur une machine avec périodes d'indisponibilités," Actes des Rencontres d'Analyse Mathématique et ses Applications (RAMA5), Université de M'sila, 10-12 Avril 2006.
- C. Lamiche, and A. Moussaoui, "Metaheuristiques pour la résolution d'un problème d'ordonnancement sur une machine avec périodes d'indisponibilité," Proceedings of International Conference on Computer Related Knowledge (ICCRK' 2012), July 5-7, 2012, Sousse, Tunisia.

---

---

## *Résumé*

Avec le développement des techniques d'acquisition d'images, une grande masse de données de différentes sources d'image devient disponible. La fusion multimodale d'images cherche à combiner l'information de différentes images pour obtenir plus d'inférences que peuvent être dérivées d'une modalité seule. Dans les champs d'application basés sur l'imagerie médicale, la fusion d'images a émergé comme un domaine prometteur de recherche depuis la fin du dernier siècle.

Dans cette étude nous proposons une architecture d'un système de fusion d'informations basée sur la théorie de possibilité pour la segmentation d'une cible à partir de sources d'image multiples. Notre application principale concerne la segmentation des images IRM multispectrales. Le processus de fusion est décomposé en trois phases. Nous modélisons l'information extraite à partir des images T2 et DP dans un cadre commun, le formalisme retenu est l'algorithme FPCM (*Fuzzy Possibilistic C-means*). Nous combinons alors cette information avec un opérateur de fusion en tenant compte la redondance et la complémentarité. Nous construisons dans la dernière phase une information synthétique permettant d'exploiter les résultats de la fusion. Quelques résultats sont présentés et discutés.

**Mots clés :** *Fusion d'informations, théorie de possibilité, segmentation, IRM, FPCM.*

---

---

## *Abstract*

With the development of acquisition image techniques, more and more data coming from different sources of image become available. Multi-modality image fusion seeks to combine information from different images to obtain more inferences than can be derived from a single modality. In medical imaging based application fields, image fusion has emerged as a promising research area since the end of the last century.

In this study we propose an architecture of an information fusion system based on the possibility theory for the segmentation of a target from multiple image sources. Our main application concerns the segmentation of multispectral MR images. The fusion process is decomposed into three basic phases. We model the information extracted from T2-weighted and PD-weighted images within a common framework, the retained formalism is the algorithm FPCM (*Fuzzy Possibilistic C-means*). We then combine this information with an operator of fusion taking into account redundancy and complementarities. We construct in the last phase a synthetic information allowing to exploit the results of fusion. Some results are presented and discussed.

**Keywords :** *Information fusion, possibility theory, segmentation, MR images, FPCM.*

---

---

---

---

## ملخص

مع التطور الحاصل في مجال تقنيات التقاط الصور، كتلة من المعطيات الناتجة عن الصور الصادرة من عدة مصادر أصبحت متوفرة. الدمج المتعدد للصور يبحث كيفية دمج معلومات صادرة عن صور متعددة من أجل تحسين النتيجة المتحصل عليها عند استعمال صورة واحدة. في مجالات البحث الخاصة بالصورة الطبية، دمج الصور أصبح ميدان بحث مهم في أواخر القرن الحالي.

الهدف من العمل قيد الأطروحة هو إقتراح وتصميم هندسة لنظام دمج المعلومات بالإعتماد على نظرية الإمكانية من أجل تجزئة البيانات الناتجة عن هدف متعدد المصادر. العمل تم تطبيقه حصرا على الصور الطبية المتمثلة في صور الرنين المغناطيسي. طريقة دمج البيانات يمكن تلخيصها في ثلاث مراحل : في المرحلة الأولى نقوم بتمثيل مختلف البيانات المستخرجة من مختلف مصادر الصورة في نموذج تمثيلي مشترك ، حيث اعتمدنا في هذا العمل على خوارزم المتوسطات الضبابية والممكنة من أجل تمثيل البيانات المستخرجة من الصورتين T2 و DP. بعدها وكمرحلة ثانية يتم دمج هذه البيانات بواسطة معامل دمج يأخذ بعين الإعتبار معالجة البيانات المتكررة والمتكاملة. في المرحلة الأخيرة والخاصة باتخاذ القرار نتحصل على الصورة التركيبية التي تسمح باستغلال نتيجة الدمج مع تقديم بعض النتائج ومناقشتها.

**كلمات مفتاحية:** دمج المعلومات، نظرية الإمكانية، التجزئة، صور الرنين المغناطيسي، خوارزم المتوسطات الضبابية و الممكنة.

---

---