



République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
Université de Mostaganem
Faculté des Sciences et de la Technologie
Laboratoire Signaux et Systèmes



N° d'ordre :/GE/2020

THÈSE DE DOCTORAT 3^{ème} CYCLE

Spécialité: Génie Electrique

Option: Composants, Signaux et Systèmes

Thème

Imagerie médicale

Présentée par :

MEHIDI Abdallah

M. OULD MAMMAR Madani	MCA	Président	Université de Mostaganem
Mme. BERRADJA Khadidja	MCA	Examineur	Université de Mostaganem
M. CHAMA Zawaoui	Professeur	Examineur	Université de Sidi bel Abbès
M. LOUKIL Abdelhamid	Professeur	Examineur	Université d'USTO-MB
Mme. MIMI Malika	Professeur	Encadreur	Université de Mostaganem
M. BENZOHRHA Mohammed	Professeur	Co- Encadreur	Université de Rouen, France

Année universitaire 2019/2020

Dédicace

A mon défunt très cher père, qui m'a beaucoup encouragé, décédé en 2017,

A ma très chère mère pour son sacrifice depuis mon enfance,

A mes sœurs et mes frères et à toutes les personnes qui portent, le nom MEHIDI,

Et à toutes les personnes et les amis qui m'ont aidé de près ou de loin.

Remerciements

Cette petite portion du mémoire est, consacrée a remercier ceux que sans leurs aide, leur soutien et encouragements, ce travail n'aurait jamais vu le jour, nos sincères remerciement s'adressent à :

Mes parents, mes sœurs pour leurs aides et leur soutien durant la préparation de ce mémoire de doctorat.

Je tiens à remercier chaleureusement mon directeur de thèse, la Prof. Malika MIMI directrice du Laboratoire des Signaux et des Systèmes qui a été à mon écoute, m'a accompagné, a su comprendre mes attentes, guidé durant toutes ces étapes, mon regard différent sur les études que nous avons menées. Merci pour toutes ces discussions constructives, rigoureuses, empreintes d'expériences et de savoir-faire sur des problématiques qui me tenaient à cœur et qui m'ont aidé à mieux comprendre et à avancer, merci de m'avoir fait confiance et permis d'explorer dans une grande autonomie des approches nouvelles.

Je tiens à remercier chaleureusement également mon Co-encadrant Prof. Mohamed BENZOIRA, Professeur au département réseaux et télécommunications de l'Université de Rouen qui a toujours été présent, m'encadrer, m'orienter, disponible pour répondre à mes questions, partager sa vision, ses expériences et m'aider à concevoir ce mémoire de doctorat depuis le début de notre travail.

Je remercie également tous ceux qui ont rendu possible la réalisation de ce projet par leur aide et leurs compétences. Parmi ceux-ci, je remercie particulièrement Monsieur Mr. Abed Mansour et Mme MEHIDI Aicha qui a toujours été présente.

Je remercie les membres du jury pour avoir accepté d'évaluer mes travaux de thèse. Je remercie les rapporteurs pour l'intérêt accordé à mes travaux, leurs points de vue et leurs remarques constructives dans les rapports de pré-soutenance.

Je remercie chaleureusement toutes les personnes du laboratoire des Signaux et des Systèmes qui m'ont accompagné durant ces années. Je tiens à remercier plus particulièrement Adda, Salah, Mohammed, et aux étudiants de ma promotion de doctorat, j'en oublie ...

Je n'oublie pas à remercier tous mes amis et ceux qui par leurs aident, par leurs conseils, leurs discussions, ou leurs encouragement m'ont aidé à terminer ce travail.

Imagerie médicale

Présenté par : **M^r MEHIDI Abdallah**

Thèse doctorat 3^{ème} Cycle

- **Page de garde**
- **Dédicace**
- **Remerciements**
- **Résumé**
- **Abstract**
- **Sommaire**
- **Table de matières**
- **Liste des tables**
- **Liste des figures**
- **Liste des notations**
- **INTRODUCTION GENERALE**
- **Chapitre I : ETAT DE L'ART & LA POSITION DU PROBLEME**
- **Chapitre II : ETAT DE L'ART SUR LA SEGMENTATION D'IMAGES**
- **Chapitre III : ETAT DE L'ART SUR LA FUSION D'IMAGES**
- **Chapitre IV : METHODOLOGIE**
- **Chapitre V : SIMULATION ET DISCUSSION DES RESULTATS**
- **CONCLUSIONS GENERALE**
- **Bibliographies**
- **Annexes**

Résumé	A
Abstract	B
ملخص	C
Liste des tableaux	D
Liste des figures	E
Liste des symboles	G
Introduction générale	001
Chapitre I : Etat de l'art & la position du problème	006
Chapitre II : Etat de l'art sur la segmentation d'images	036
Chapitre III : Etat de l'art sur la fusion d'images.....	067
Chapitre IV: Méthodologie	084
Chapitre V : Simulation et discussion des resultats	114
Conclusions Générale	130
Bibliographie	133
Annexe	148

TABLE DES MATIERES

Résumé	A
Abstract	B
ملخص	C
Liste des tableaux	D
Liste des figures	E
Liste des symboles	G
Introduction Générale	1
CHAPITRE I : ETAT DE L'ART & POSITION DU PROBLÈME	6
I.1. Introduction	7
I.2. Contexte médical	8
I.2.1. Le cancer du thorax et de l'abdomen	8
I.2.2. Statistiques sur le cancer du thorax	10
I.2.3. Types de cancer du poumon	11
I.2.4. Anatomie du poumon	12
I.2.5. Causes et facteurs de risque du cancer du poumon	13
I.2.6. Facteurs de pronostic/indicateurs d'avancement du cancer.....	13
I.2.7. Les limites géométriques des volumes tumoraux.....	14
I.3.1. Images de tomodensitométrie	14
I.3.1.1. Principe.....	14
I.3.1.2. Historique de la TDM.....	16
I.3.1.3. Les coefficients d'absorption	16
I.3.1.4. Avantages et l'inconvénients de la TDM	17
I.3. 2. Tomographie par Émission de Positons	18
I.3.2.1 Le principe	18
I.3.2.2 La valeur de fixation normalisée (SUV).....	19
I.3.2.3 Historique de la TEP.....	21

I.3.2.4 Déroulement d'examen	21
I.3.2.5 Avantages et l'inconvénients de la TEP	22
I.3.3. Fusion des modalités TEP/TDM.....	23
I.3.3.1. Le principe	23
I.3.3.2. Déroulement d'examen	24
I.3.3.3. Avantages et l'inconvénients de TEP/TDM	24
I.3.4. L'imagerie par résonance magnétique (IRM).....	25
I.3.4.1. Le principe	26
I.3.4.2. Les composantes matérielles d'un scanner IRM	26
I.3.4.3. Historique de l'IRM.....	27
I.3.4.4. Propriété physiques responsables de l'IRM	29
I.3.4.5. La formation des images	30
I.3.4.6. Les différentes pondérations	31
I.3.4.7. Avantages et l'inconvénients de l'IRM	33
I.4. Le choix de la nature des images TEP	33
I.5. Conclusion	35
CHAPITRE II : ETAT DE L'ART SUR LA SEGMENTATION D'IMAGE	36
II.1. Introduction	37
II.2. Principe de la segmentation	38
II.3. Différentes méthodes de segmentation	39
II.3.a. Le seuillage	39
II.3.b. L'approche de recherche de frontières	40
II.3.b.1. Les modèles déformables	41
II.3.b.2. Les méthodes dérivatives	43
II.3.b.3. Les méthodes morphologiques	48
II.3.b.4. Les méthodes markoviennes	50
II.3.c. L'approche de détection de similarité	51
II.3.c.1. Croissance de régions	51
II.3.c.2. Fusion de régions	52
II.3.c.3. Division de régions	52

II.3.c.4. La méthode de type division-fusion (Split and Merge).....	53
II.3.c.5. L'approche de type classification	53
II.3.c.5.a Méthodologie de la classification	54
II.3.c.5.a.1. La méthode des nuées dynamiques	55
II.3.c.5.a.2. La classification floue	55
II.3.c.5.a.3. Les méthodes neuronales	56
II.3.c.5.a.4. La machine à supports vecteurs (SVM)	57
II.3.c.5.a.5. La classification Bayésienne	58
II.4. Autres méthodes de segmentation	59
II.5. Quelques applications médicales des techniques de segmentation	61
II.5. Conclusion	66
CHAPITRES III : ETAT DE L'ART SUR LA FUSION D'IMAGE.	67
III.1. Introduction	68
III.2. Principe de la fusion	69
III.2.1. Les applications médicales de la fusion de données.....	70
III.2.1.1. La fusion intra sujet et intra modalité	70
III.2.1.2. La fusion intra sujet et inter modalités	71
III.2.1.3. La fusion inter sujets et intra ou inter modalités	71
III.2.1.4. La fusion sujets et modalités	71
III.2.2. Imperfections de l'information	71
III.2.3. État de l'art des techniques de fusion haut niveau en imagerie	73
III.2.3.1. La fusion par vote	73
III.2.3.2. La fusion par la théorie des probabilités	74
III.2.3.3. La fusion par la théorie des possibilités.....	75
III.2.3.4. La fusion par fonctions de croyance	76
III.2.4. État de l'art des techniques de fusion bas niveau en imagerie	78
III.2.4.1. Concaténation	79
III.2.4.2. Réduction de dimension	79
III.2.4.2.1. Les approches de filtre (filter).....	81
III.2.4.2.2. Les approches symbiose (wrapper)	81

III.2.4.2.3. Les approches intégrées (embedded)	81
III.3. Conclusion	83
CHAPITRE IV : METHODOLOGIE	84
IV.1 Introduction.....	85
IV.2. Méthodologies	87
IV.2.1. Modélisation d'une image	87
IV.2.2. L'algorithme du K-means	87
IV.2.3. L'algorithme de C-moyennes Floue (FCM).....	88
IV.2.4. L'algorithme de Fuzzy Local Information C-means Clustering.....	89
IV.2.5. La segmentation bayésienne	92
IV.2.5.1. A fuzzy locally adaptive Bayesian clustering (FLAB).....	94
IV.2.5.2. Champs de Markov cachée floue (FHMF).....	98
IV.2.5.3. Chaines de Markov cachée floue (HFMC).....	106
IV.2.5.4. C-moyenne floue généralisée automatisée (GFCM).....	110
IV.3. Conclusion	113
CHAPITRE V : RESULTATS ET DISCUSSIONS	114
V.1. Introduction	115
V.2. Critères d'évaluation d'un résultat de segmentation	115
V.2.1. Evaluation de la robustesse	116
V.2.2. Evaluation de la précision	116
V.2.3. Evaluation de la reproductibilité	116
V.3. Base de données utilisées	117
V.4. Résultats de simulation	119
V.4. Discussions et Conclusions.....	126
Conclusion Générale	130
Bibliographie	133
Annexe	148

RÉSUMÉ

L'imagerie médicale fournit des informations fonctionnelles quantitatives objectives menant à la prise de décision sur les pathologies. Les approches numériques permettent l'extraction des informations importantes en vue de la détection, la classification et l'identification des tumeurs TEP. L'étiquetage de la région d'intérêt surtout pour des images 3D (TEP) est une complication aux méthodes de segmentation automatiques ou semi-automatiques. En fait, la délimitation précise des tumeurs est cruciale en oncologie.

L'objectif de cette thèse est d'exploiter la fusion des données intrinsèquement en utilisant les techniques de segmentation, et en mettant l'accent sur le passage d'un processus de fusion mentale à un processus de fusion assistée par ordinateur. Cette thèse s'inscrit dans le cadre général d'aide au diagnostic basé sur la détection et isolation des différentes anomalies susceptibles et l'estimation précise de l'activité métabolique de la tumeur et de son volume métaboliquement actif à partir des images TEP proposées. Dans le cadre de cette thèse, nous avons atteint les objectifs suivants :

- Expérimentation des principales techniques de segmentation floues qui sont axées sur l'étude statistique et l'apprentissage par machine.
- Une étude comparative est présentée en termes d'efficacité, sensibilité d'évaluation, précision et la diminution de la variabilité due au manque de données requises. Les images cibles sont des images TEP liées exclusivement à une tumeur du thorax.
- Six algorithmes (FLAB, HFMF, FHMC, FCM, FLICM, GFCM) de segmentation de tumeur ont été appliqués à un ensemble de tumeurs TEP.

Les modèles utilisés pour les tumeurs sont extraits du radius humain, nous avons utilisé les images de la base des données du laboratoire de Rouen LITIS EA4108 qui contient un ensemble d'images TEP avec région d'intérêt à des tumeurs du thorax.

Mots clés : TEP, Segmentation, Clustering, Segmentation Bayésienne, Champs de Markov Cachés, Echantillonneur de Gibbs, Algorithme MPM, Clustering flou- norme Hilbertienne.

ABSTRACT

Medical imaging provides objective quantitative functional information leading to decision-making on pathologies. Numerical approaches allow the extraction of important information of detection, classification, and identification of PET tumors. Labeling the region of interest on all for 3D images (PET) is a complication to automatic or semi-automatic segmentation. In fact, the precise delimitation of tumors is crucial in oncology.

The objective of this thesis is to exploit data fusion intrinsically using segmentation techniques and emphasis on the passage from a manual fusion process to computer-assisted fusion process. This thesis is part of the general framework of diagnostic assistance, based on the detection and isolation of the various susceptible anomalies and the precise estimation of the metabolic activity of the tumor, and its metabolically active volume from the proposed PET images. Within the framework of this thesis, we have achieved the following objectives:

- Experimentation of the main fuzzy segmentation techniques which focus on statistical study and machine learning.
- A comparative study is presented in terms of efficiency, sensitivity, precision evaluation and the decrease in variability due to the lack of required data. The target images are PET images linked exclusively to a tumor of the thorax.
- Six algorithms (FLAB, HFMF, FHMC, FCM, FLICM and GFCM) for tumor segmentation were applied to a set of PET tumors.

The models used for the tumors are extracted from the human radius; we used the images from the Rouen laboratory database LITIS EA4108 which contains a set of PET images with region of interest for tumors of the thorax.

Keywords: PET, Segmentation, Clustering Methods, -Bayesian Segmentation, Hidden Markov Fields, Gibbs Sampler, MPM algorithm, Fuzzy C-means-Hilbertian norm.

ملخص

يوفر التصوير الطبي معلومات وظيفية كمية موضوعية تؤدي إلى اتخاذ القرار بشأن الأمراض . تسمح الأساليب العددية باستخراج المعلومات المهمة للكشف للكشف عن أورام وتصنيفها. إن تصنيف منطقة الاهتمام لجميع الصور ثلاثية الأبعاد (PET) هو تعقيد للتجزئة التلقائية أو شبه التلقائية . في الواقع، فإن التحديد الدقيق للأورام أمر حاسم في علم الأورام.

الهدف من هذه الأطروحة هو استغلال دمج البيانات بشكل جوهري باستخدام تقنيات التجزئة وكيفية الانتقال من عملية دمج مجردة إلى عملية دمج بمساعدة الكمبيوتر . هذه الأطروحة جزء من الإطار العام للمساعدة التشخيصية القائمة على الكشف عن مختلف الحالات الشاذة الحساسة وعزلها والتقدير الدقيق للنشاط الأيضي للورم وحجمه النشاط الأيضي من صور (PET) المقترحة . في إطار هذه الرسالة حققنا الأهداف التالية:

- تجربة تقنيات التقسيم الضبابي الرئيسية التي تركز على الدراسة الإحصائية والتعلم الآلي.
- يتم تقديم دراسة مقارنة من حيث الفعالية والحساسية وتقييم الدقة وانخفاض التباين بسبب نقص البيانات المطلوبة . الصور المستهدفة هي صور PET مرتبطة حصرياً بورم في الصدر.
- تم تطبيق ست خوارزميات (FLAB ، HFMF ، FHMC ، FCM ، FLICM ، GFCM) لتجزئة الأورام على مجموعة من أورام PET المستخدمة على حد سواء صور محاكاة لأورام سريرية.

يتم استخراج النماذج المستخدمة للأورام من نصف قطر الإنسان ، وقد استخدمنا الصور من قاعدة بيانات مختبر روان LITIS EA4108 التي تحتوي على مجموعة من صور PET مع منطقة الاهتمام لأورام الصدر.

الكلمات المفتاحية : التصوير مقطعي بالإصدار البوزيتروني (PET) ، تجزئة الصورة ، طرق التجميع-تجزئة بايز ، تحسين التباين ، و خوارزمية حقل ماركوف المخفية غامضة (HFMF) ، المنطق المضرب-قاعدة هيلبرتيا، تجزئة غير خاضعة للإشراف تجزئة خاضعة للإشراف ، دمج الصور.

LISTE DES TABLEAUX

	Pages
TAB. I.1– : Ordre de grandeur des temps de relaxation à 1.5 Tesla	29
TAB. II.1– L’avantages et les inconvénients des catégories des méthodes de segmentation dans divers domaines d’application.	61
TAB. II.2– L’avantage Résumé des principales caractéristiques de certains algorithmes PET avancés représentatifs (liste non exhaustive) et de leur évaluation respective	65
TAB. V.1– Les caractérisations de tumeur TEP multi-traceurs utilisées.	118
TAB. V.2– Résumé des résultats obtenus de plusieurs articles relatifs à la segmentation des images TEP par différentes méthodes.	125

LISTE DES FIGURES

	Pages
Fig. I. 1 : TDM thoraciques en coupe sagittale : formes histologiquement maligne (1) et bénigne (2). À partir de 10 cm de diamètre maximal, la probabilité d'une forme maligne est plus élevée.	10
Fig. I. 2 : Anatomie du poumon.	13
Fig. I. 3 : Principe d'acquisition des images TDM.	15
Fig. I. 4 : La répartition des intensités des images TDM en fonction du type de tissu dans échelle de Hounsfield (HU).	17
Fig. I. 5 : Radiographie thoracique de face et corrélation tomodensitométrique. Tumeur volumineuse ; opacité de l'hémothorax gauche	17
Fig. I. 6 : Un exemple d'image TEP et les traceurs s'accumulent dans le cerveau, les tumeurs, le foie et la vessie	20
Fig. I. 7 : Principe de l'imagerie TEP.	20
Fig. I. 8 : Tomographie par émission de positons au 18FDG. TFS bénigne (flèches) sans hypermétabolisme.	22
Fig. I. 9 : Tomographie par émission de positons au 18FDG. TFS maligne (flèches) avec hypermétabolisme.	22
Fig. I. 10 : Principe de la fusion TEP/TDM.	25
Fig. I. 11 : l'appareil IRM,	27
Fig. I. 12 : Image d'IRM thoracique.	32
Fig. I. 13 : TEP thoracique.	34
Fig. II. 1 : Principe de segmentation.	39
Fig. II. 2 : Segmentation par contour actif (SNAKE).	42
Fig. II. 3 : Segmentation par contour actif appliqué à une image synthétique,	42
Fig. II. 4 : La morphologie mathématique peut servir dans différentes étapes du traitement d'images.	50
Fig. II. 5 : Principe de la division de régions.	52
Fig. II. 6 : Neurone biologique.	57
Fig. III. 1 : Extraction de caractéristiques.	80
Fig. III. 2 : Sélection de variables.	80
Fig. III. 3 : Sélection des descripteurs par la méthode Filter.	82
Fig. III. 4 : Sélection des descripteurs par la méthode Wrapper.	82
Fig. III. 5 : Sélection des descripteurs par la méthode Embedded.	82

Fig. IV. 1 : Résultat de segmentation en niveau de gris de l'image synthétique : (a) image originale, (b) image bruitée, (c) selon algorithme Kmeans.	87
Fig. IV. 2 : Résultat de segmentation de l'image réelle du TEP : (a) image originale, (b) selon algorithme Kmeans.	88
Fig. IV. 3 : Résultat de segmentation de l'image réelle du TEP : (a) image originale, (b) selon algorithme FCM.	89
Fig. IV. 4 : Résultat de segmentation de l'image réelle du TEP : (a) image originale, (b) selon algorithme FLICM.	92
Fig. IV. 5 : Résultat de segmentation de l'image réelle du TEP : (a) image originale, (b) selon algorithme FLAB	98
Fig. IV. 6 : Résultat de segmentation de l'image réelle du TEP : (a) image originale, (b) selon algorithme FHMF.	106
Fig. IV. 7 : Résultat de segmentation de l'image réelle du TEP : (a) image originale, (b) selon algorithme HFMC.	110
Fig. IV. 8 : Les résultats de la segmentation floue des images TEP utilisant la méthode floue GFCM.	113
Fig. V. 1 : Quelques tranches des deux types d'acquisition de deux tranches Thorax-TAP : (a) 18F-FDG, (b) 18F-FMISO. Le contour de la tumeur du thorax est représenté en rouge.	118
Fig. V. 2 : Quelques caractéristiques des images TEP 18F-FDG.	119
Fig. V. 3 : Affichage des bi-tranches 18F-FDG et 18F-FMISO Thorax-TAP	119
Fig. V. 4 : La segmentation floue résulte pour les patients des sous-ensembles de différentes images TEP.	120
Fig. V. 5 : Erreurs de classification (CE %) des différentes méthodes de segmentation appliquées aux images en TEP.	121
Fig. V. 6 : La précision (PPV %) des différentes méthodes de segmentation appliquées aux images en TEP.	122
Fig. V. 7 : Le Coefficients de similarité (Dice %) des différentes méthodes de segmentation appliquées aux images en TEP.	123
Fig. V. 8 : Recall (R %) des différentes méthodes de segmentation appliquées aux images en TEP.	123

LISTE DES SYMBOLES

$HU_{\mu_{tissus}}$	Coefficients d'absorption
SUV	La Valeur de fixation normalisée (Standardized Uptake Value)
T1	Le temps de relaxation longitudinale
T2	Le temps de relaxation transversale
$\nabla I(x, y)$	Le vecteur gradient au point de coordonné (x, y)
h_j et h_i	Les noyaux de convolution de filtres à réponse impulsionnelle finie
B	L'image lissée
R_i	L'ensemble homogène
I	Partition de l'image
$p_{u,i}$	Le degré de croyance
FCM	Fuzzy C-means
FLICM	Fuzzy Local Information C-means Clustering
HFMF	Champs de Markov flous cachés
FHMC	Chaînes de Markov cachées floues
FLAB	A Fuzzy Locally Adaptive Bayesian Clustering
G_{iu}	Facteur de flou
d	La distance Euclidienne
$X \oplus Y$	L'addition
$X \ominus Y$	La soustraction
$N(A)$	le degré de possibilité
$Bel(A)$	La crédibilité
$Pl(A)$	La plausibilité
β	Paramètre associé aux singletons
η	Paramètres associés au bruit
C	Ensemble de cliques
c	Clique
$s = (i, j)$	Un point de coordonnées (i,j) d'une image.
δ	Fonction de Dirac
$\prod_{(A \cup B)}$	La représentation de l'imprécision
$N(A \cap B)$	La représentation de l'incertitude
m	La fonction élémentaire de croyance

E	Espérance mathématique
σ_{Fi}	La valeur associée à un niveau flou F_i
ξ	La mesure Lesbegue
γ	Fonction de partition
Ω	Ensemble de classes
MPL	La probabilité maximale à postériori
VOI	Volume fonctionnel d'intérêt
h	Masque
TEP	La Tomographie par Émission de Positons
ω_i	Classe i
Δg	L'opérateur de Laplacien
φ	Fonction potentielle
∇	Gradient d'ensemble des parties de Ω
$p(x)$	Probabilité
R	Ensemble des réels
S	Ensemble des pixels
N	La taille de S
U	Fonction énergie
Z	Constante de normalisation
V	Système de voisinage
V_s	Ensemble de voisins de s
X	Champ caché
X_s, Y_s	Variables aléatoires
Y	Champ observé
x	Réalisation de X .
GTV	Gross tumor volume
ITV	Internal tumor volume
BTV	Biological tumor volume

INTRODUCTION GENERALE

Le travail présenté dans cette thèse s'inscrit dans le contexte général de l'aide au traitement, à l'analyse et à l'interprétation des données. Les applications concernent plus essentiellement l'imagerie médicale. Notre problématique est donc de segmenter les tumeurs thoraciques à partir des images TEP. Cette segmentation doit naturellement être reproductible, précise et fiable. Ceci s'est déroulé au sein de deux laboratoires : 1) «Signals and Systems», Faculté des Sciences et Technologies, Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem, Algérie, dirigé par la Pr Malika MIMI (directrice de la thèse), 2) l'équipe du laboratoire LITIS EA4108 et Pr Mohammed BENZOHRRA du département réseaux et télécommunications de l'Université de Rouen (Co-encadrant de la thèse).

Parmi les motivations des deux groupes de recherches, Il s'agit de présenter les techniques de segmentation d'images floues utilisées pour l'imagerie TEP. L'impact de ces techniques dans la médecine diagnostique a été révolutionnaire, car il a permis aux médecins de voir l'organe interne ou vecteur organique avec précision. Nous avons également montré comment la fusion de données est effectuée intrinsèquement en utilisant ces techniques et comment passer d'un processus de fusion mentale à un processus de fusion assistée par ordinateur. Les images cibles sont des images TEP liées exclusivement aux tumeurs du thorax. Six algorithmes de segmentation tumorale sont appliqués à des ensembles de tumeurs TEP qui se caractérisent par les propriétés suivantes : niveaux de bruit, large éventail de contraste, hétérogénéité d'absorption et complexité de forme. L'un des principaux objectifs est d'offrir une meilleure délimitation du volume cible pour la planification du traitement en radiothérapie afin de faciliter l'intégration des informations de la TEP dans le suivi de la radiothérapie.

Les techniques d'imagerie médicale permettent d'observer des aspects complémentaires de l'activité cérébrale ou de l'anatomie du corps humain. Elles donnent un accès immédiat et fiable à des informations invisibles au diagnostic clinique. L'apparition de techniques avancées en imagerie a amélioré de manière significative la qualité de la surveillance médicale des patients.

Depuis le début du vingtième siècle, toutes les grandes révolutions techniques et scientifiques, de la génétique à l'informatique, de l'électronique à la mécanique quantique, ont

trouvé application dans l'étude médicale, spécialement du cerveau qui reste encore de nos jours assez inconnue. Au tout début, la découverte des rayons X en 1895 par le physicien allemand Wilhelm Conrad Röntgen a permis la mise au point de la radiographie médicale au cours des deux décennies suivantes. Il n'était alors plus nécessaire d'avoir recours à la dissection pour explorer l'intérieur du corps. Au début des années 1970, les premiers ordinateurs assez puissants et forts pour réaliser la reconstruction 3D de l'image ont permis la mise au point du scanner à rayon X (Hounsfield). L'emploi d'ultrasons (échographie) s'est développé par John Wild (docteur) et John Reid (électronicien) en 1952, à l'origine pour le diagnostic de tumeurs du cerveau. Ensuite, l'imagerie par résonance magnétique nucléaire (RMN) pour l'étude de l'anatomie cérébrale par les deux chercheurs Paul Lauterbur et Peter Mansfield en 1973 et l'IRM du tenseur de diffusion (IRMd) en 1990 pour la mise en évidence les faisceaux de fibres connectant les différentes aires cérébrales. En parallèle à ces techniques d'observation de l'anatomie cérébrale se sont développées des techniques pour l'exploration de l'activité cérébrale : l'électro-encéphalographie (H. Berger, 1929), la magnétoencéphalographie par Cohen en 1970, la TEP (1970) puis l'IRM fonctionnelle par deux physicien Seiji Ogawa et John Belliveau en 1991.

Par ailleurs, la médecine nucléaire couvre le champ d'une pratique médicale utilisant les ressources de la science physique, ses produits et ses machines. Le terme nucléaire signifiant relatif au noyau de l'atome, pour agir dans un but à la fois de diagnostique et thérapeutique. Dans les deux cas, 1) une substance contenant un radionucléide ou isotope radioactif est administrée au patient (on dit que la substance est marquée). Celle-ci s'oriente vers un organe ou un tissu biologique qu'elle reconnaît sélectivement, 2) Le substrat ou vecteur organique ou biologique auquel est greffé ce radionucléide est conçu de telle façon qu'il favorise une concentration de ce radionucléide sur le tissu ou l'organe ciblé. La radioactivité émise par ce radionucléide sera alors mise à profit soit pour visualiser sa localisation (diagnostic), soit pour initier la détérioration des cellules environnantes (thérapie). Le but de la médecine nucléaire a donc particulièrement été dédié à une aide au diagnostic au travers de toutes les techniques de scintigraphies développées à ce jour [1] [2].

Les interventions pharmacologiques et les nouveaux produits radio-pharmaceutiques ont élargi le nombre d'applications et accru la précision des tests disponibles. L'imagerie de diagnostic, appelée également scintigraphie, est réalisée à l'aide de substances marquées avec des isotopes émetteurs γ . L'évolution des technologies d'acquisition d'images associées à des

outils informatiques puissants a permis la mise au point des techniques de tomographie, images de coupes et tridimensionnelles [1].

Un cancer signifie la présence de cellules anormales qui se multiplient de façon incontrôlée. Les cancers thoraciques les plus fréquents chez la femme (ceux du sein, du côlon, du rectum, de la thyroïde et du col de) représentent près de 64% des 14 942 cas féminins. Le taux d'incidence est moindre mais reste la deuxième cause la plus fréquente de décès par cancer après le cancer du sein (0.6 millions de cas et 0.5 millions de décès). Par contre, La totalité des cancers masculins les plus diagnostiqués (ceux du côlon, du rectum, du poumon, de la prostate, de la vessie et de l'estomac). Le cancer du poumon qui l'est le type de cancer le plus répandu et le plus fréquent dans le monde tant en terme d'incidence que de mortalité et la principale cause de décès par cancer, tant chez les femmes que chez les hommes (1.2 million de cas et 1.1 millions de décès). Le cancer du thorax ne se limite pas au cancer du poumon, du sein, ou ceux du côlon, du rectum, du poumon, de la prostate, de la vessie et de l'estomac, des tumeurs peuvent se situer au niveau du médiastin, de la trachée, de la plèvre, de la paroi thoracique ou des voies nerveuses traversant la poitrine. Ces cancers sont toutefois plus rares et généralement moins graves [12].

Divers tests de diagnostic sont disponibles pour déterminer la présence et le type de tumeur thoracique ainsi que le type de traitement le plus approprié. Parmi les plus utilisés, on distingue :1) Les études d'imagerie (radiographies thoraciques, tomodensitométrie et IRM) peuvent toutes aider à déterminer la taille et l'emplacement de la tumeur, 2) Une TEP permet de savoir si la tumeur est cancéreuse, et 3) Les tests de fonction pulmonaire aident à déterminer si un patient a suffisamment de réserve pulmonaire pour tolérer une opération visant à retirer une tumeur thoracique [6].

La technique tomodensitométrie par émission de positrons (TEP) est un outil puissant dans de nombreuses applications en oncologie, y compris la définition de la cible dans la planification de la radiothérapie, et la surveillance de la thérapie, deux applications pour lesquelles la délimitation des tumeurs est une étape importante [174]. Dans ce contexte, la délimitation automatique du volume fonctionnel présente un certain nombre d'avantages par rapport à la délimitation manuelle qui est fastidieuse, chronophage et souffre d'une faible reproductibilité. Le principal défaut de l'imagerie TEP est sa résolution spatiale relativement médiocre par rapport aux autres modalités d'imagerie médicale telles que l'imagerie par résonance magnétique (IRM) ou la tomodensitométrie (CT). En outre, la grande variabilité existante dans les modèles de scanners et les algorithmes de reconstruction associés (et leur

paramétrage) conduit à des images TEP avec des propriétés variées de bruit texturée, de contraste, de résolution et de définition dans la routine clinique pratique [177].

La segmentation automatique, reproductible et précise, mais aussi robuste des volumes tumoraux est toujours difficile. De nombreuses techniques basées sur divers paradigmes de segmentation d'image, y compris mais sans s'y limiter, le seuil fixe et adaptatif, les contours actifs et les modèles déformables, la culture de régions, les modèles statistiques et markovien, la transformation des bassins versants et la classification des caractéristiques textuelles, et le clustering flou. L'avantage des approches des segmentations floues par rapport aux segmentations 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. Particulièrement bien adaptée au traitement des images médicales [5].

Le mémoire est organisé en deux parties :

Première partie : Un état de l'art contenant les trois premiers chapitres.

- Dans le premier chapitre, nous allons introduire un aperçu rapide et riche sur quelques modalités d'imagerie médicale d'une manière générale ; d'introduire ensuite les différentes techniques de réalisation et le déroulement des examens pour chaque modalité.
- Dans le second chapitre, nous allons présenter de manière détaillée la notion de segmentation et étudier les différentes méthodes existantes.
- Dans le troisième chapitre, nous allons présenter un état de l'art des directions sélectionnées dans la littérature pour la fusion en imagerie médicale, en particulier une étude des différentes imperfections étudiées et apportées par la source.

Deuxième partie : L'étude pratique regroupant les chapitres quatre et cinq.

- Le chapitre quatre contient la description des principaux algorithmes de segmentation flous étudiés, nommés : FCM, FLICM, FLAB, FHMC, FHMF et les C-moyennes floues généralisées automatisées (SPEQTACLE).
- Le cinquième chapitre décrit le matériel utilisé dans ce mémoire, le jeu de données d'image de thorax TEP multi-traceurs. Les résultats, les discussions et une étude comparative sont détaillés dans ce chapitre afin d'évaluer notre travail et d'établir le bilan de notre projet.

Ce travail s'achève par un récapitulatif des résultats de détection des tumeurs obtenus avec les méthodes de segmentation flous et par l'évocation de quelques perspectives et extensions possibles de nos travaux que nous envisageons dans l'avenir.

ETAT DE L'ART & POSITION DU PROBLÈME

Dans ce chapitre, nous allons décrire les problèmes abordés au cours de cette étude. Pour arriver à l'élaboration d'un algorithme, il faut d'abord connaître le problème. Dans ce cas, nous avons présenté l'approche médicale de l'imagerie du thorax, pour situer le contexte dans lequel l'application que nous cherchons à développer va être utilisée. Nous présentons le cancer du thorax et des changements bénins et malins qui peuvent se produire. En addition, nous donnons un aperçu rapide et riche sur quelques modalités d'imagerie médicale, d'introduire les différentes techniques de réalisation et le déroulement d'examen associé à chaque modalité. On distinguera celles qui se basent sur le principe de la résonance magnétique nucléaire et d'autres qui reposent sur le suivi et les propriétés physiques et atomiques d'un traceur radioactif après injection dans le corps. Enfin, Nous terminons par la présentation du type d'images qui est utilisé dans cadre de ce travail en nous focalisons particulièrement sur les images du TEP (La Tomographie par Émission de Positons).

I.1. Introduction

Le rêve des médecins de visualiser l'intérieur du corps humain est réalisé et devenu possible. Les modalités d'imagerie médicale sont des moyens de traitements et l'aide au diagnostic est très présent au travers de tous les appareils de scintigraphie développés de nos jours. Ces modalités occupent une place croissante pour le suivi du traitement des pathologies et le planning de traitement (radiothérapie, chirurgie), particulièrement dans la cancérologie. Pour l'analyse clinique et l'intervention médicale, l'ensemble des techniques d'imagerie permettent aujourd'hui la création visuelle de la représentation de l'intérieur du corps ainsi que celle de la fonction de certains tissus ou organes [1].

La première image médicale a été obtenue en 1895 par le physicien allemand Wilhelm Conrad Röntgen (image sous rayon X de la main de sa femme). Elle représente une richesse inestimable vue la diversité des informations qu'elle recèle. Elle donne l'accès à un ensemble de données, permettant de concevoir des modèles indispensables pour la compréhension des systèmes physiques, plus ou moins complexes. L'image médicale est donc une source de diagnostic très importante pour le médecin traitant. Les images obtenues à partir des appareils numériques, doivent être donc interprétées correctement [1, 2]. D'une manière générale, une image représente une certaine vision d'une scène obtenue par l'intermédiaire d'un capteur donné. Elle est composée d'objets, surfaces, contours, etc.

Les appareils cliniques au niveau du centre de la médecine nucléaire ou l'hôpital permettant l'observation et la visualisation des tumeurs afin d'obtenir des informations sur l'anatomie des organes sont nombreux dans nos jours. Parmi eux, on peut citer les principaux : le scanner à rayons X, le scanner hélicoïdal (CT en 1970), l'ultrason (échographie en 1952), la résonance magnétique nucléaire (RMN en 1973), l'IRM du tenseur de diffusion (IRMd en 1990), la tomographie par émission de positron (TEP en 1980), l'IRM fonctionnelle (en 1991). D'autres méthodes couplent deux techniques principales comme les techniques d'imagerie : l'imagerie TEP/TDM ou l'imagerie TEP-IRM. Dans la première méthode, elle associe les deux fonctions de tomographie à émission de positon et de tomographie bidimensionnelle dans une seule machine afin de mieux identifier des tissus anormaux et leur localisation et améliorer ainsi certains inconvénients. Dans la deuxième, elle offre une fusion de deux modalités. Elle permettra de détecter, de localiser et de faire la cartographie des lésions et des voies préservées dans l'évaluation des extensions et du suivi des tumeurs dans les investigations diagnostiques et thérapeutiques. La visualisation

simultanée des deux informations anatomiques et métaboliques sur les images de fusion d'IRM-TEP fournit des moyens efficaces en termes de précision et de performance qu'aux examens d'IRM ou de TEP pris séparément. Ces techniques d'imagerie, sans intervention directe du malade, donnent des renseignements pour la recherche médicale qui concernent la structure des organes voire la forme d'une éventuelle lésion, son volume, sa localisation et sa taille [2].

Avec la croissance du nombre d'images médicales, l'utilisation d'ordinateurs pour faciliter leur traitement et leur analyse est devenue nécessaire. En particulier les algorithmes de segmentation d'image qui jouent un rôle crucial dans plusieurs applications d'imagerie médicales en automatisant la délimitation de structures anatomiques et d'autres régions d'intérêt [1, 2, 4].

I.2. Contexte médical

I.2.1. Le cancer du thorax et de l'abdomen

Le corps humain est un organisme vivant complexe. Il est formé de différents types de cellules se divisant à l'identique au fur et à mesure des besoins assurant des fonctions spécialisées et pouvant interagir de manière à assurer les fonctions vitales : pour la croissance de l'enfant, puis à l'âge adulte, le renouvellement (cheveux, cellules sanguines, etc.), et la «réparation» de tissus (cicatrisation, etc.). Elles ont toutes un travail à faire. La durée de vie d'une cellule étant limitée, ce renouvellement est nécessaire. Lorsqu'il dérape ou que des effets toxiques conduisent à des aberrations cellulaires (perturbé) et que ces dernières se mettent à fonctionner de manière anarchique, l'organisme intervient en les détruisant. Toutefois, il arrive que certaines trouvent un terrain plus favorable et forment un nouveau tissu, une tumeur (situation de cancer). Le cancer survient lorsque les cellules commencent à se développer de manière incontrôlable. Cela provoque des problèmes dans la partie du corps où le cancer a commencé. Les cellules cancéreuses peuvent également se propager à d'autres parties du corps. Par exemple, les cellules cancéreuses dans les poumons peuvent se déplacer vers les os et s'y développer. La plupart des cancers forment une masse appelée tumeur ou croissance. Mais tous les morceaux ne sont pas cancéreux. Les médecins sortent un morceau de la masse et le regardent pour savoir s'il s'agit d'un cancer. Les masses qui ne sont pas cancéreuses sont appelées bénignes (be-NINE). Les masses cancéreuses sont appelées malignes (muh-LIG-nunt). Maligne, elle envahit les tissus sains au point d'empêcher leur fonctionnement, voire de les détruire. Ce cancer est composé de cellules anormales qui se

divisent de façon désordonnée. La maladie se propage lorsqu'elles empruntent le système lymphatique pour se réimplanter à distance, envahit d'autres organes ou tissus, et de proche en proche, se généralise. On parle de métastases (nouvelles colonies tumorales aux propriétés identiques aux cellules tumorales initiales). Bénigne, elle ne se propage pas, ne menace pas la vie de l'individu et est extraite facilement sans risque de récurrence [10] [16].

Chez l'individu en bonne santé, il existe un équilibre entre ventilation régionale et perfusion pour atteindre le maximum d'échange de gaz assuré par un organe nommé **poumon**. Elle constitue l'organe respiratoire principal et se compose de deux parties anatomiques et fonctionnelles : les voies respiratoires (la trachée, les bronches, les bronchioles) et la zone d'échange gazeux composée de sacs alvéolaires. Lorsqu'une maladie pulmonaire provoque une déficience à la fois en ventilation et en perfusion, elles sont «associées». La discordance implique un déséquilibre entre perfusion et ventilation. Ce dernier plus incident peut se situer dans la trachée, dans les voies aériennes ou dans le tissu pulmonaire lorsque les mécanismes de défense de l'organisme ne réussissent pas à détruire ces cellules cancéreuses. Donc, un cancer du poumon peut se développer dans la paroi thoracique (appelées tumeurs primaires) avec métastases (se propager) au foie est un cancer du poumon qui a évolué. Le traitement sera celui d'un cancer du poumon, non d'un cancer du foie. Généralement, le cancer du thorax ne se limite pas au cancer du poumon, des tumeurs peuvent se situer au niveau du médiastin, de la trachée, de la plèvre, de la paroi thoracique ou des voies nerveuses traversant la poitrine. Ces cancers sont toutefois plus rares et généralement moins graves [16].

L'abdomen est également le siège de nombreux cancers. Il est situé entre l'aîne et le thorax. Ces cancers touchent plusieurs organes comme le tube digestif (l'estomac, le colon ou gros intestin, et beaucoup moins l'intestin grêle), et les glandes qui lui sont associées (le pancréas et le foie) et la vésicule biliaire. Ils peuvent aussi toucher les ganglions lymphatiques ou les reins. Chez la femme, une tumeur peut également se développer dans l'utérus ou dans les ovaires. Les cancers de l'abdomen ne sont souvent diagnostiqués qu'à un stade avancé de la maladie d'où un pronostic souvent pessimiste. Par exemple, dans l'image **Fig. I.1**, le cœur (H) apparaissait en blanc au centre et les poumons (L) en noir. Une tumeur apparaissait dans le sein droit entourée par un trait clair.

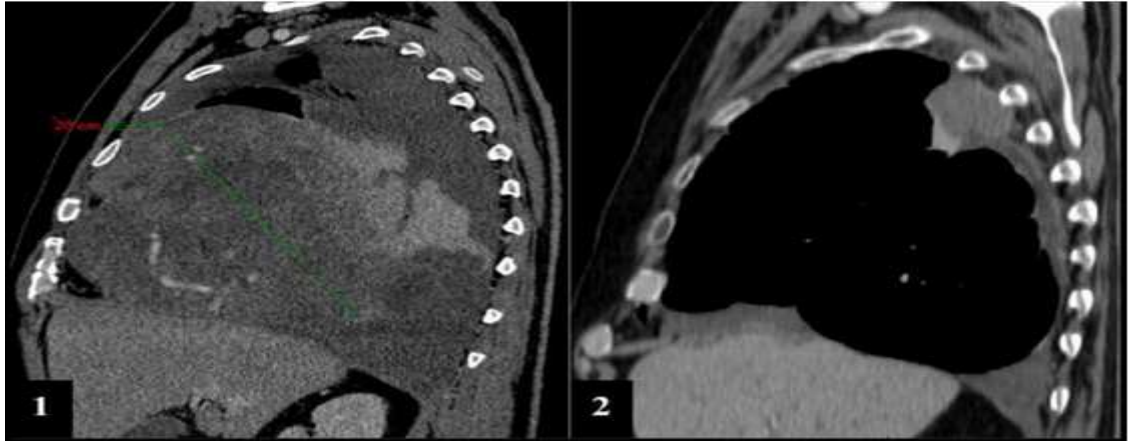


Fig. I.1 –Image de TDM thoraciques en coupe sagittale : formes histologiquement maligne (1) et bénigne (2). À partir de 10 cm de diamètre maximal, la probabilité d'une forme maligne est plus élevée [10].

I.2.2. Statistiques sur le cancer du thorax

Selon les statistiques officielles, plus de 40 000 nouveaux cas sont diagnostiqués chaque année, en Algérie. En plus, Pr Doudja Hammouda, responsable du registre national du cancer, qui a planté le décor, en annonçant lors d'une rencontre d'évaluation, organisée au centre familial de Ben Aknoun, que près de 42 000 nouveaux cas de cancer sont enregistrés chaque année, soit 103,3 pour 100 000 habitants. Chez la femme, les cancers les plus fréquents (ceux du sein, du côlon, du rectum, de la thyroïde et du col de l'utérus) représentent près de 64% des 14 942 cas féminins. Le nombre de nouveaux cas de cancer du sein seulement a, dit-on, atteint récemment 9 862 femmes. Cette statistique effarante représente presque la totalité des cancers masculins les plus diagnostiqués (ceux du côlon, du rectum, du poumon, de la prostate, de la vessie et de l'estomac). Chez l'homme, c'est celui du poumon qui est le type de cancer le plus répandu et le plus fréquent dans le monde tant en terme d'incidence que de mortalité et la principale cause de décès par cancer, tant chez les femmes que chez les hommes. Par contre, d'autres cancers comme celui de la prostate ou de la vessie semblent connaître une expansion importante.

L'organisme OMS estime à 1.6 million le nombre de cas mortels (soit 19.4% des cancers ou presque 1 cancer sur 5) et à 1.8 million le nombre d'incidences en 2012 (soit 12.9% des cancers). Chez les femmes, le taux d'incidence est moindre mais reste la deuxième cause la plus fréquente de décès par cancer après le cancer du sein (0.6 millions de cas et 0.5 millions de décès). Chez les hommes, le cancer du poumon représente le cancer à la fois le plus incident et le plus mortel (1.2 million de cas et 1.1 millions de décès) [12].

Il existe plusieurs types de cancer. Ce n'est pas juste une maladie. Le cancer peut se développer dans les poumons, le sein, le côlon ou même dans le sang. Les cancers se ressemblent à certains égards, mais ils se développent et se propagent différemment.

I.2.3. Types de cancer du poumon

Il existe 2 principaux types de cancer du poumon :

- ❖ Environ 80% à 85% des cancers du poumon sont des cancers du poumon non à petites cellules (CPNPC).
- ❖ Environ 10 à 15% sont des cancers du poumon à petites cellules (CPPC).

Un bilan tumoral précis est essentiel pour choisir la stratégie de traitement appropriée dans le cancer du poumon. En cas de CPNPC, la résection chirurgicale offre les meilleures chances de guérison. Cependant, la résection chirurgicale curable n'est possible que pour les premiers stades du CPNPC (pas de métastases controlatérales des ganglions médiastinaux, pas de métastases à distance).

En plus, Les patients atteints de CPPC sont traités par chimiothérapie et radiothérapie. Le premier traitement (chimiothérapie) est fondé sur la prise de médicaments anticancéreux comme le cisplatine ou l'étoposide. Elle est particulièrement utilisée pour traiter le carcinome du poumon à petites cellules ou pour un cancer du poumon métastatique, et le deuxième traitement du cancer utilisant des radiations pour détruire les cellules cancéreuses tout en épargnant les tissus sains périphériques.

Il existe des sous-types de CPNPC, qui partent de différents types de cellules pulmonaires. Mais ils sont regroupés en CPNPC car les approches de traitement et de pronostic (perspectives) sont souvent similaires.

Adénocarcinome : environ 40% des cancers du poumon sont des adénocarcinomes. Ces cancers malignes d'origine glandulaire commencent dans les premières versions des cellules qui sécrèteraient normalement des substances telles que le mucus. Ce type de cancer du poumon survient principalement chez les fumeurs actuels ou les anciens fumeurs, mais il s'agit également du type de cancer du poumon le plus répandu chez les non-fumeurs. Il est plus fréquent chez les femmes que chez les hommes, et il est plus probable qu'il se produise chez les personnes plus jeunes que d'autres types de cancer du poumon. Il se trouve généralement dans les parties externes du poumon. Bien qu'il ait tendance à se développer plus lentement que les autres types de cancer du poumon et qu'il soit plus probable qu'il soit détecté avant sa propagation, cela varie d'un patient à l'autre.

Carcinome épidermoïde : Ce type représente environ 25% à 30% des cancers du poumon. Ces cancers apparaissent dans les versions précoces des cellules squameuses, cellules plates qui tapissent l'intérieur des voies respiratoires des poumons. Ils sont souvent liés à des antécédents de tabagisme et ont tendance à se retrouver dans la partie centrale des poumons, près des voies aériennes principales (bronches).

Carcinome à grandes cellules (indifférencié) : Environ 10% à 15% de tous les cancers du poumon sont des carcinomes à grandes cellules. Il peut apparaître dans n'importe quelle partie du poumon. Il a tendance à se développer et à se répandre rapidement, ce qui peut compliquer le traitement. Un sous-type de carcinome à grandes cellules, appelé carcinome neuroendocrinien à grandes cellules, est un cancer à croissance rapide très similaire au cancer du poumon à petites cellules.

Autres tumeurs du poumon : Les autres types de cancer du poumon, tels que les carcinomes adénoïdes kystiques, les lymphomes et les sarcomes, ainsi que les tumeurs bénignes du poumon telles que les hamartomes sont rares. Ceux-ci sont traités différemment des cancers du poumon.

I.2.4. Anatomie du poumon

Les poumons sont deux organes ressemblant à des éponges dans la poitrine. Le poumon droit a 3 sections, appelées lobes. Le poumon gauche a 2 lobes. Le poumon gauche est plus petit parce que le cœur prend plus de place de ce côté du corps. Lorsque vous inspirez, l'air entre par la bouche ou par le nez et pénètre dans vos poumons par la trachée (trachée). La trachée se divise en tubes appelés bronches (singulier, bronches), qui pénètrent dans les poumons et se divisent en bronches plus petites. Celles-ci se divisent pour former des branches plus petites appelées bronchioles. Au bout des bronchioles se trouvent de minuscules sacs aériens appelés alvéoles. Les alvéoles absorbent l'oxygène de l'air inhalé et éliminent le dioxyde de carbone du sang. Ceci est expulsé du corps lorsque vous expirez. Prendre l'oxygène et se débarrasser du dioxyde de carbone sont les principales fonctions de vos poumons. Les cancers du poumon commencent généralement dans les cellules tapissant les bronches et des parties du poumon telles que les bronchioles ou les alvéoles. Une fine couche de revêtement appelée la plèvre entoure les poumons. La plèvre protège vos poumons et les aide à glisser contre la paroi thoracique à mesure qu'ils se dilatent et se contractent pendant la respiration. Sous les poumons, un mince muscle en forme de dôme appelé

diaphragme sépare la poitrine de l'abdomen. Lorsque vous respirez, le diaphragme monte et descend, forçant l'air à entrer et à sortir des poumons.

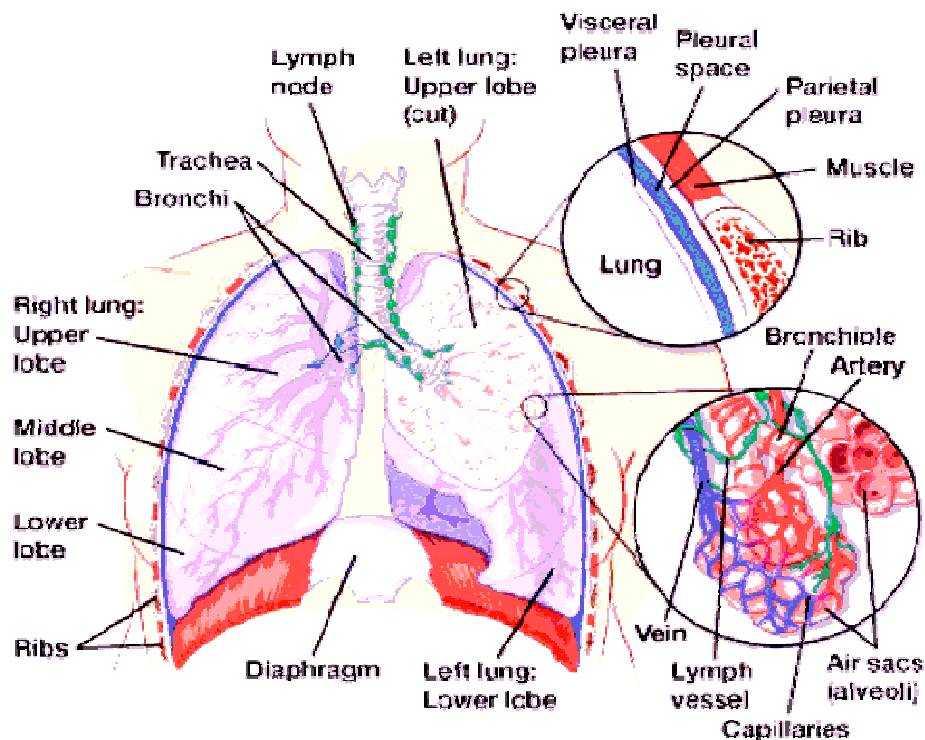


Fig. I.2 – Anatomie du poumon [15].

I.2.5. Causes et facteurs de risque du cancer du poumon

Plusieurs facteurs ont été reconnus comme pouvant être la cause du cancer du poumon. Toujours d'après l'Institut National du Cancer (INCa), le tabagisme (y compris le tabagisme passif) est de loin le principal facteur, responsable de 81% des décès par cancers du poumon dans le monde. L'exposition au radon, à l'arsenic, à l'amiante ou aux particules émises par les automobiles peut aussi augmenter le risque de cancer du poumon. Des études récentes ont également montré que des facteurs génétiques peuvent également être en cause [16], ou encore une exposition insuffisante à la lumière du soleil et aux UVB [14].

I.2.6. Facteurs de pronostic/Indicateurs d'avancement du cancer

Afin d'assurer une prise en charge optimale du patient, il est important de définir des indicateurs permettant d'extraire des caractéristiques de la tumeur et d'en déduire la meilleure stratégie à adopter pour les traiter. Ces indicateurs sont qualitatifs ou quantitatifs et sont

souvent estimés à partir des images acquises par tomodensitométrie (TDM) ou par tomographie par émission de positons (TEP).

Bien que le diagnostic repose en premier abord sur l'inspection visuelle des images (qualitative et souvent subjective), il est important de considérer également des indicateurs quantitatifs. Ceux-ci rendent possible les comparaisons entre patients différents et le suivi thérapeutique du même patient au cours du temps [13, 14].

I.2.6. Les limites géométriques des volumes tumoraux

Un des principaux facteurs relevé pour quantifier l'évolution d'un cancer est la taille des tumeurs. La tomodensitométrie permet une définition précise du volume cible lorsque la tumeur est visible. On parle alors de gross tumor volume (GTV), très important en balistique de radiothérapie. On peut aussi considérer l'internal tumor volume (ITV) qui inclut également les mouvements physiologiques de la tumeur. On s'intéresse également au volume mesuré sur les images TEP, appelé volume biologique tumoral ou biological tumor volume (BTV). Ce dernier indicateur se montre pertinent pour améliorer le pronostic, pour préciser la balistique en radiothérapie ou pour évaluer la réponse à un traitement [14].

I.3.1. Images de tomodensitométrie

La tomodensitométrie (TDM), dénommée en anglais CT (computerized tomography), est une technique d'imagerie médicale qui consiste à fournir des images bidimensionnelles ou volumiques des structures anatomiques du corps humain. Elle permettant une reconstitution tridimensionnelle 3D. Ces images représentant la mesure de l'absorption des rayons X en fonction directement de la densité absorbée par des tissus traversés.

I.3.1.1. Le principe

Le principe de base de traitement informatique et l'acquisition volumique des tranches successives de la région étudiée est le suivant : Pour une coupe axiale donnée, en faisant tourner un émetteur de rayons X (tube à rayons X) autour du patient qui doit rester immobile et allongé sur la table de appareil (**Fig. I.3** gauche). En même temps que les récepteurs (des capteurs de rayons X) situés en face mesurent l'intensité des rayons X (suivant les directions successives du faisceau de rayons X) après qu'ils aient été absorbés durant leur passage à

travers les tissus du corps du patient. Après cette étape, des coefficients d'absorption de rayons X sont mesurés. Puis, par traitement informatique des données numérisées obtenues, sont reconstruites des images des coupes (donnant la mesure de l'absorption de chaque pixel) bidimensionnelles 2D puis des vues en trois dimensions 3D des organes, en utilisant des algorithmes d'inversion de la transformée de Radon (1917), qui décrit comment il est possible de reconstruire la géométrie bidimensionnelle d'un objet à partir d'une série des projections mesurées tout autour de celui-ci. Pour acquérir les données, on utilise la méthode d'analyse tomographique ou «coupe axiale en coupe axiale», en soumettant le patient au balayage et déplaçant d'un faisceau de rayons X (le couple de émetteur-capteurs). Enfin, une image volumique 3D complète du patient peut être réalisée.

Le scanner de tomодensitométrie a bénéficié avec le temps des évolutions technologiques majeures : en physique sur le faisceau de rayons X (le couple émetteur-capteurs), et l'augmentation de la vitesse d'avance de la table par rotation du tube X ; en informatique, par le traitement de données enregistrées de tailles plus importantes ; en mathématiques pour la création et l'élaboration d'algorithmes de reconstruction plus robuste, efficaces et plus rapides. Ces évolutions ont permis d'améliorer la qualité des images TDM, sous forme bidimensionnelles puis d'obtenir des vues en trois dimension tout en réduisant leurs temps exploration et d'acquisition. Dans le paragraphe suivant, nous présentons l'historique de cet appareil TDM, ses évolutions et son développement avec le temps.

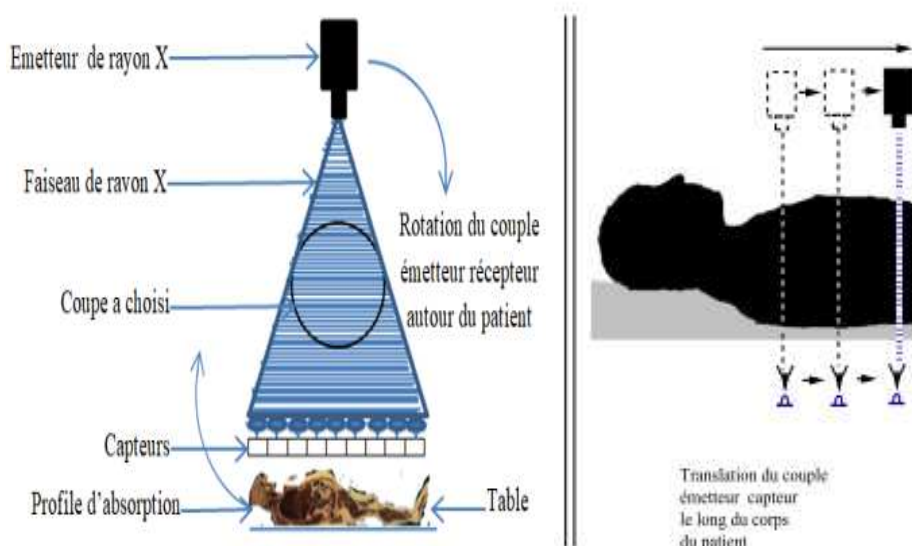


Fig. I.3 – Principe d'acquisition des images TDM.

I.3.1.2. Historique de la TDM

Nous commençons par les deux générations première et deuxième qui sont basées sur le principe d'un mouvement de rotation et de translation du couple émetteur (le tube de rayons X) et les récepteurs. Dans le premier scanner en 1970, un seul détecteur effectue un mouvement de translation puis l'ensemble effectue une rotation de degré en degré ainsi qu'une translation. Il ne comporte que deux capteurs ne permettant de réaliser que deux coupes simultanément. La durée d'acquisition d'une coupe (ou image) est de l'ordre de 5 minutes. Dans le deuxième cas en 1975, l'émetteur de rayons X ainsi qu'une barrette de détecteurs (le récepteur) effectuent des mouvements de translation à travers les tissus corps et de rotation de l'ensemble (10° à 30°). Durée d'acquisition de 15 à 20 secondes. Dans les deux cas, la largeur du faisceau de rayons X est limitée. La troisième génération a été réalisée en 1980, les appareils effectuent un seul mouvement de rotation et le mouvement de translation est supprimé. L'ensemble tube et grille de détecteurs et l'ensemble des capteurs tournent autour du patient. Le scanner caractérisé par un faisceau de rayons X est plus ouvert. Le temps d'acquisition d'une coupe est d'ordre de 5 secondes. La quantité d'informations à analyser est devenue considérable, il faudra attendre une révolution technologique de l'informatique et la fin des années 1990 pour pouvoir exploiter les images dans un temps réaliste, la quatrième génération de TDM possède un tube et un anneau de détecteurs (des capteurs) qui entourent le patient où seul l'émetteur est animé d'un mouvement de rotation. La durée d'acquisition d'une coupe est de 1 seconde. Enfin, les appareils de cinquième génération possèdent l'émetteur de rayon X placé à l'extérieur pour laisser passer les rayons incidents de l'anneau des récepteurs (des capteurs). Le gain de temps d'acquisition dans ces derniers est très faible.

I.3.1.3. Les coefficients d'absorption

Les coefficients d'absorption sont représentés par une certaine valeur dans l'échelle des niveaux de gris pour fournir des images TDM aux intensités connues pour les différents types de tissus du corps humain. Ils sont calibrés grâce à l'échelle de Hounsfield (HU) reposant sur les valeurs particulières d'absorption fixées à $\mu_{\text{eau}}=0$ pour l'eau pur, définie ainsi à zéro unité d'Hounsfield (UH), tandis que la densité pour l'air est définie à -1000 UH, aux conditions normales de pression et de température [3].

$$HU(\mu_{\text{tissus}}) = \frac{\mu_{\text{tissus}} - \mu_{\text{eau}}}{\mu_{\text{eau}} - \mu_{\text{air}}} \times 1000 \quad (\text{I.1})$$

Les coefficients d'absorption des différents tissus du corps sont exprimés dans échelle en unités Hounsfield UH comme indiqué précédemment, l'éventail varie de -1000 (fond de l'image) à $+1000$ pour les os, graisses et d'autres tissus de corps. La répartition des intensités en unité HU en fonction des types de tissus imagés est donnée **Fig. I.4** [3].

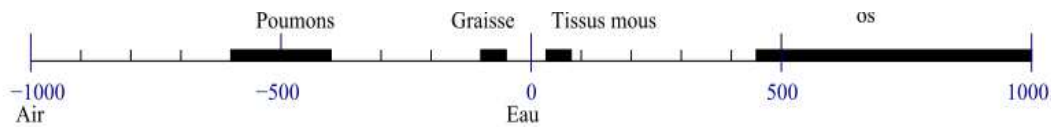


Fig. I.4 – La répartition des intensités des images TDM en fonction du type de tissu dans échelle de Hounsfield (HU) [3].

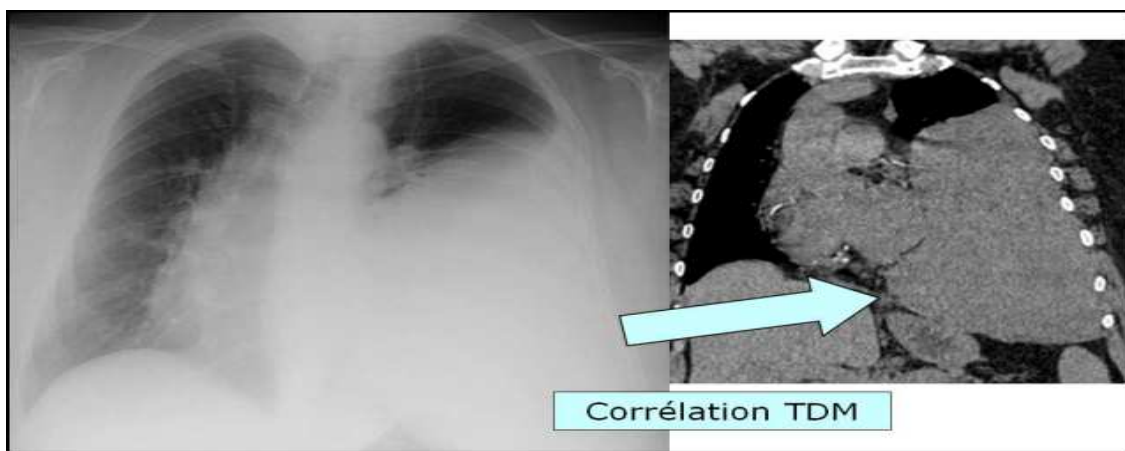


Fig. I.5 – Radiographie thoracique de face et corrélation tomodensitométrique. Tumeur volumineuse ; opacité de l'hémithorax gauche [3].

I.3.1.4. Avantages et inconvénients de la TDM

• Les avantages de la TDM

- Bonne résolution (\sim mm).
- Acquisition de l'image rapide
- Image anatomique
- Examen Rapide et petit cout de la machine unités d'Hounsfield

• Les inconvénients de la TDM

- Existence Dose de radiations (1-10msv)
- La multiplication d'examens peut être néfaste
- Mauvais pour les tissus mous (Tissus mous = 100 à 300, HU e.g. pas de différence entre matière blanche et grise)

• L'utilisation de la TDM

- Fracture osseuse, pathologies vasculaires, angiographie
- Mammographie (détection de la calcification)
- Scan thoracique, abdominal, pelvien

I.3.2. La Tomographie par Émission de Positons

La tomographie par émission de positons (TEP), dénommée en anglais PET «Positron Emission Tomography» ou est parfois connue sous le nom de PETscan, est une technique d'imagerie médicale. Elle consiste à fournir des informations fonctionnelles (métaboliques ou moléculaires) sur un organe du corps humain bidimensionnelles 2D ou en trois dimensions 3D. Cette méthode est très utilisée pour le diagnostic, l'analyse et la caractérisation chimiques ou physiques de l'activité des tissus tumoraux dans le traitement thérapeutique. Elle représente la mesure des émissions produites par les positons par une caméra TEP issus d'un produit radioactif injecté au préalable [1].

I.3.2.1. Principe

La technique TEP utilise les propriétés particulières des émetteurs qui sont injectés au patient sous forme de produits marqués par un isotope. Ce produit se liant spécifiquement aux cellules dont on veut obtenir une image radioactive du tissu. Ce dernier va préférentiellement se fixer dans les zones du corps consommant le plus de glucose parmi lesquelles on distingue : le cerveau, le foie et les tumeurs. Le marqueur est le plus souvent utilisé le fluor 18 [¹⁸F]-flurodéoxyglucose ([¹⁸F]-FDG) qui injecté par voie intraveineuse dans le bras du patient, ainsi que les autres isotopes pouvant être utilisés (azote 13 (¹³N), oxygène 15 (¹⁵O), carbone 11 (¹¹C)) ont une courte demi-vie, jusqu'à 110 minutes pour le fluor. Ces isotopes de courte durée nécessitent pour leur production un cyclotron. Ils produisent par l'annihilation des positons avec des électrons l'émission simultanée de deux photons gamma dans deux sens opposés l'un de l'autre, et en plus, ils ont la même énergie de 511 keV quel que soit l'isotope utilisé. Ces deux rayonnements de photons gamma sont captés et sont détectés par des caméras à photons, placées autour du patient comme indiquée dans **Fig. I.6** [1].

La caméra utilisée dans la technique TEP est un appareil qui a l'aspect d'une autre imagerie médicale par exemple le scanner ou d'un scanner IRM, mais son principe de fonctionnement de cet outil est différent. Elle détecte et capte des rayonnements qui

proviennent des organes du patient. Elle est équipée d'un système informatique capable de fournir des images précises de la répartition du traceur au niveau d'une partie ou de la totalité du corps et de les transformer en une image à 3 dimensions. De plus, les caméras TEP peuvent être couplées à un scanner à rayons X qui permet d'améliorer la qualité des images et de mieux visualiser les organes sur lesquels sont localisées les anomalies repérées par la scintigraphie, ce qui s'appelle l'imagerie TEP/TDM [1].

Dans cette technique, l'intensité des rayonnements observée dépend de l'activité métabolique des différents tissus du patient, mais aussi de la quantité de traceur radioactif injectée au patient, du temps écoulé entre l'examen d'imagerie et l'injection de la dose et de la concentration du traceur répartie dans les tissus du patient (c'est-à-dire du poids du patient).

I.3.2.2. La valeur de fixation normalisée (SUV)

Le SUV (Standardized Uptake Value ou prise de contraste standardisée) est une mesure sans dimension, semi quantitative liée à la répartition de la fixation au sein d'un tissu et donc de la consommation de glucose de ce tissu du corps qui peut être améliorée pour la surface corporelle, le volume partiel et la glycémie. Il ne s'agit pas d'une normalisation de l'image TEP. Cet indicateur permet de renseigner sur la captation locale du tissu du corps étudié par rapport à l'activité de la dose injectée rapportée au volume de dilution du patient (poids-taille).

$$SUV = \frac{\text{Concentration de FDG dans un volume de tissu (voxel) } c(t) \text{ en kBq/ml}}{\text{Concentration moyenne de traceur injecté / Poids – taille du patient en MBq/kg}}$$

Où $c(t)$ est la concentration du rayonnement, mesurée en Becquerel par millilitre qui dépend du temps t écoulé entre le moment d'injection du traceur et le moment de l'examen d'imagerie. En supposant que le traceur soit réparti uniformément dans le corps du patient, le SUV serait de 1 partout. Aussi les zones avec un SUV supérieur à 1 sont réputées être des zones d'hyperfixation et celles où il est inférieur à 1 d'hypofixation. Les mesures du poids du patient et la dose initiale étant invariantes, la mesure de SUV est proportionnelle à l'intensité observée des images TEP. Cela signifie en particulier qu'il est équivalent de considérer des valeurs relatives des intensités TEP et des valeurs relatives des mesures de SUV comme il est souligné dans [6] [7].

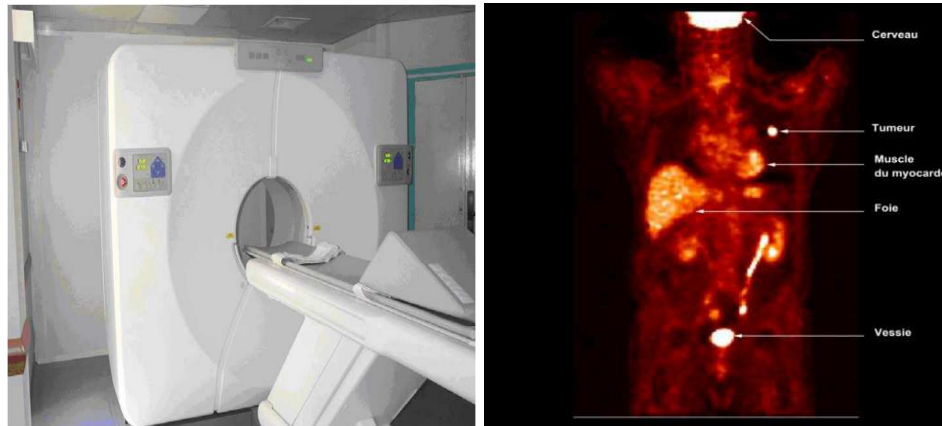


Fig. I.6 – Un exemple d'image TEP et les traceurs s'accumulent dans le cerveau, les tumeurs, le foie et la vessie [15].

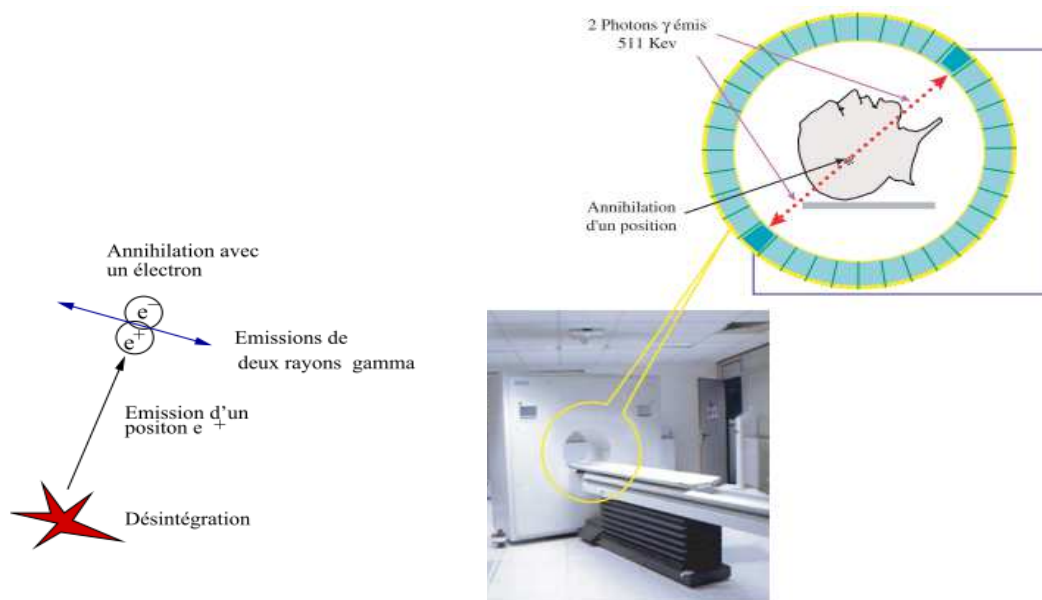


Fig. I.7 – Principe de l'imagerie TEP [15].

Plusieurs paramètres influencent les valeurs du SUV. Parmi eux, nous citons : Le choix du volume (voxel) de mesure au niveau de la lésion, la glycémie, le choix du temps d'examen, l'importance de la fixation musculaire, le pourcentage de masse maigre.

Parmi les inconvénients, le protocole d'acquisition de ces images est plus lourd que celui des images TDM. En effet, après l'injection du traceur, le patient doit prendre un temps de repos pour le laisser se diffuser et se fixer sur les structures de l'organe du corps. La procédure d'imagerie elle-même est relativement longue. Les résolutions des images fournies par les appareils TEP actuels sont de l'ordre de $(4 \times 4 \times 4) \text{ mm}^3$. Aussi pour des petites tumeurs, les images sont altérées par un fort effet de volume partiel. De plus, du fait de la

durée des examens en TEP, une apnée n'est pas impossible, et les images du thorax sont entachées d'un «flou de respiration» [6].

I.3.2.3. Historique de la TEP

Le principe de la TEP en imagerie médicale voit le jour dès les années 1950, avec la première machine construite au laboratoire de recherche en physique au Massachusetts General Hôpital (MGH), utilisée dans le cadre de la localisation de tumeurs cérébrales. Il s'agit alors d'un simple dispositif utilisant deux détecteurs opposés d'iodure de sodium. Après plusieurs versions de ce premier modèle, un scanner «hybride» fut développé dans les années 1960. Ce modèle possédait deux rangées de neuf détecteurs, chacun en coïncidence avec trois autres détecteurs de la rangée opposée, permettant d'obtenir une image bidimensionnelle (2D). Puis les premiers modèles commerciaux à anneaux furent développés avec par exemple l'ECATI d'ORTEC en 1978. Parallèlement à ces développements techniques, les radio-pharmaceutiques (ou traceurs) furent également développés. Initialement utilisés avec l'oxygène 15, l'utilisation du carbone 11, du fluor 18 ou de l'azote 13 se répandit à partir des années 1970 [15].

I.3.2.4. Déroulement d'examen

L'examen de TEP effectué au niveau de centre spécialisé en imagerie TEP ou au niveau de service de médecine nucléaire d'un hôpital. Avant de commencer l'examen, il est important qu'une femme indique au personnel du service de médecine nucléaire qu'elle allaite son enfant, qu'elle soit enceinte ou croit l'être. Le patient doit habituellement jeûner environ de 4 à 6 heures avant le commencement afin de réduire l'utilisation du glucose par les organes. Il se peut qu'on doive éviter certains médicaments.

Le produit radio-pharmaceutique qui sera injecté au patient est préparé spécialement pour le rendez-vous et doit être employé au patient à l'heure fixée. Il contient une petite quantité d'un radio-isotope mêlé à du glucose (forme de sucre). Pour les examens de TEP au fluor 18, une heure environ après l'administration par voie intraveineuse du traceur radioactif, le patient est assis ou allongé sur un plan coulissant (table d'examen) et doit rester vraiment immobile placé dans l'anneau cylindrique d'un appareil qui enregistre les rayonnements radioactifs émis et permet également la réalisation d'un scanner couplé. Avec les appareils récents, un examen neurologique, cardiaque ou par balayage du corps entier dure de 10 à 30 minutes.

Après ce test, la matière radioactive perd rapidement son effet. Elle est évacuée du corps par l'urine ou les selles (matières fécales). Selon le type de produit radio-pharmaceutique employé, de quelques heures à quelques jours peuvent être nécessaires pour qu'il soit complètement éliminé du corps.

Le but de la TEP au 18FDG est sa valeur prédictive négative (VPN) élevée (94%) pour la malignité, en l'absence d'hypermétabolisme. L'hypermétabolisme fait suspecter un caractère malin [2] comme indiquée dans les images **Fig. I.8** et **Fig. I.9**.

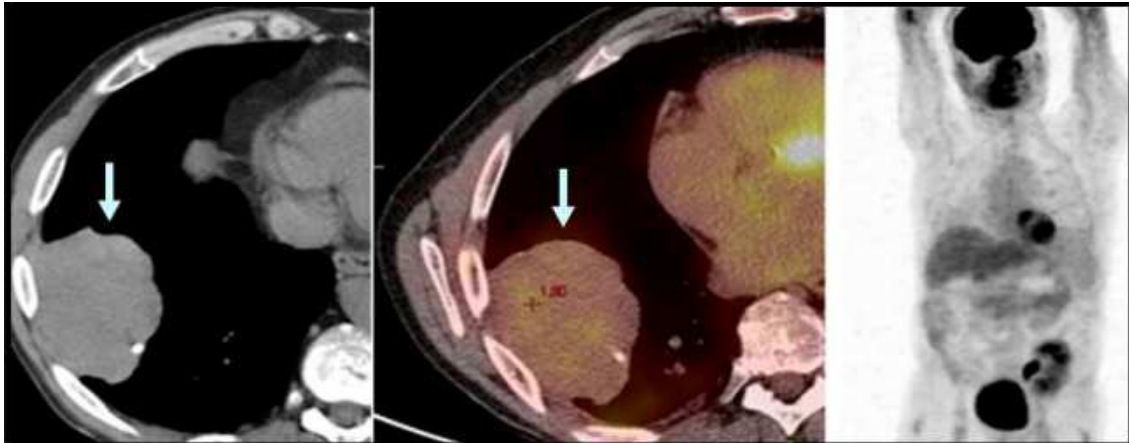


Fig. I.8 – Tomographie par émission de positons au 18FDG. TFS bénigne (flèches) sans hypermétabolisme [9].

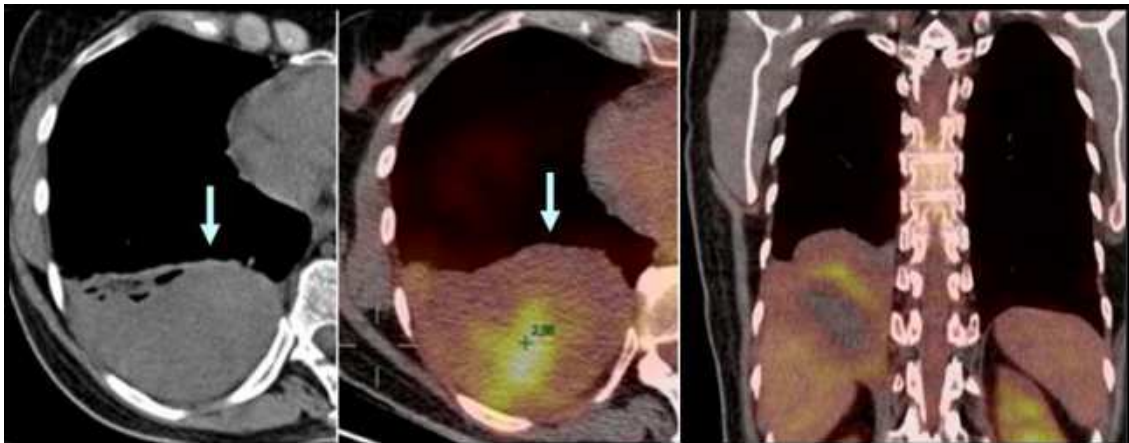


Fig. I.9 – Tomographie par émission de positons au 18FDG. TFS maligne (flèches) avec hypermétabolisme [9].

I.3.2.5. Avantages et inconvénients de la TEP

• Les avantages de la TEP

- Grande sensibilité (TEP permet de détecter de manière très sensible des accumulations de traceurs dans des lésions de petite taille).

- Images physiologiques / métaboliques

• Les inconvénients de la TEP

- Mauvaise résolution spatiale
- Dose de radiation (irradiation en dehors du milieu hospitalier)
- Acquisition d'image lente
- N'a pas l'information anatomique
- Rayonnements ionisants (radioactivité)
- Le protocole d'acquisition de ces images est plus lourd que celui des images TDM

• L'Utilisations de la TEP

- Scintigraphie osseuse
- Détection de maladie cérébrale (Alzheimer, épilepsie)
- Mesure du flux sanguin dans le cœur.
- Détection de tumeurs on oncologie, cardiologie, pathologie, et pneumologie, ...

I.3.3. Fusion des modalités

Le PET Scan ou L'imagerie TEP/TDM, est une technique d'imagerie médicale moderne en médecine nucléaire. Elle est effectuée sur une machine hybride constituée de deux appareils qui permet d'identifier, de localiser et de quantifier certaines lésions tumorales, de faire un bilan d'extension de ces lésions et de contrôler la réponse au traitement thérapeutique. Elle permet d'obtenir deux examens simultanément : 1) l'examen CT étudie l'anatomie et la morphologie en coupes par coupes de haute résolution des organes des tissus mous comme indiqué dans le paragraphe précédent. Parmi l'inconvénient de cette technique, un nodule pulmonaire et tumeur ayant la même densité, l'image ne permet pas de différencier entre les deux, tandis que 2) examen TEP enregistre les émissions de rayonnement du produit injecté par voie intraveineuse et fixé dans les tissus afin d'étudier les activités biologiques des organes. Les images TEP n'offrent pas d'informations anatomiques précises. Elles associent ces deux fonctions, les fonctions de tomographie à émission de positon et de tomographie bidimensionnelle dans une seule machine afin de mieux identifier des tissus anormaux et leur localisation et améliorer certains inconvénients. Le scanner classique échoue à localiser de petites lésions en raison des déplacements des organes causés par les mouvements du patient ou la respiration et les battements cardiaques. L'objectif de cet examen est de détecter des

activités organiques anormales comme des inflammations des lésions tumorales ou infectieuses. Il a une durée d'environ deux heures. Il permet de détecter les lésions de 2 mm et de mieux délimiter les marges des diagnostics, et permet également une synchronisation respiratoire en donnant plus de précisions, de détails et de clarté aux régions en mouvement telles que le cœur et les poumons [3].

I.3.3.1. Déroulement de l'examen

Le patient reçoit tout d'abord une injection de produits traceur (radio-pharmaceutique) qui se répartit dans tout le corps puis doit attendre environ 60 à 90 minutes au repos. Le malade doit être à jeun depuis 6 heures et au repos et s'allonge alors sur la table d'examen, qui coulisse à l'intérieur du "tube" de l'appareil comme pour un scanner. Le produit injecté est un marqueur faiblement radioactifs qui est un dérivé de glucose marqué par du fluor 18, il s'agit d'un sucre qui circule dans le corps par l'intermédiaire de la circulation sanguine, il va se fixer dans tous les organes avec une préférence pour les organes qui travaillent plus. La table se déplace ensuite lentement à travers un scanner en forme d'anneau durant l'acquisition des informations nécessaires aux images **TEP/TDM** [3].

Le patient ne ressent rien durant l'examen qui peut durer de 15 à 60 minutes. À la fin de l'examen, plusieurs médecins vérifient les résultats et la qualité des images obtenues. En outre, le scanner dispose d'un logiciel qui mémorise et superpose les lésions de manière à déceler les différences d'un examen à l'autre. Selon les cas ils peuvent demander des images complémentaires si nécessaire. Les images sont transférées sur des stations d'analyses afin d'être interprétées et analysées par des médecins spécialistes [3].

Les points forts de cette machine :

- C'est une machine très performante qui permet de détecter les lésions de petites tailles de 4 mm dans le meilleur des cas.
- C'est une machine excessivement rapide, l'examen a une durée de l'ordre de 15 minutes

I.3.3.2. Les avantages de la TEP/TDM

- Correction d'atténuation de l'imagerie TEP.
- Diminuer le temps d'examen d'environ 15 minutes par la mesure TDM de l'atténuation
- Localiser précisément les lésions.

à cause de connotations spécifiques négatives liées au mot nucléaire. L'IRM a débuté comme une technique d'imagerie tomographique qui a été découverte par Hounsfield. Cette technique produit une image du signal de RMN (résonance magnétique nucléaire) dans une fine tranche à travers le corps humain. Avec le temps, L'IRM est passée d'une technique d'imagerie tomographique à une imagerie volumique (3D). Dans chaque organe du corps, Elle recherche au niveau ;

- du cerveau : déceler d'éventuelles lésions inflammatoires ou infectieuses, des anomalies des vaisseaux (tumeur, accident vasculaire, sclérose en plaques, ...etc.).
- De la colonne vertébrale, des hernies discales.
- Des articulations, des lésions méniscales ou ligamentaires.

I.3.4.1. Principe de l'IRM

La technique IRM est basée sur l'absorption et l'émission d'énergie dans la gamme des radiofréquences du spectre électromagnétique. L'IRM exploite les propriétés physiques magnétiques des éléments constitutifs de la matière et se fonde sur les phénomènes physiques de résonance et de relaxation. Soumis à un champ magnétique défini (aimant), on éclaire le corps avec des ondes radio à large spectre l'équivalent de la lumière blanche dans le visible. L'avantage de cette méthode, Aucune radiation ionisante n'est émise et les ondes radio pénétrant sans problème à l'intérieure du corps. Elle consiste à réaliser des images du corps humain grâce aux éclairages de nombreux atomes d'hydrogène qu'il contient et renvoie une onde dont la fréquence dépend de sa position. Ensuite, il suffit d'utiliser un logiciel adéquat pour remplacer dans l'espace à 3 dimensions tous ces atomes grâce à la fréquence des photons qu'ils ont émis. Et l'on reconstitue, ainsi, une image fidèle de l'intérieur de notre corps [7].

I.3.4.2. Les composantes matérielles d'un scanner IRM

Dans la salle d'examen comme indiqué dans l'image **Fig. I.11**, on trouve :

- L'appareil qui se compose d'un tunnel formé d'un aimant qui a un rôle principalement de produire un champ magnétique stationnaire uniforme B_0 .
- Le champ stationnaire B_0 par l'aimant n'est pas tout à fait uniforme partout, alors on fait installer un rectificateur : les shims.
- Les antennes de gradients de champ pour provoquer des gradients de B_0 selon x, y et z.

- Les antennes radiofréquences (RF coils) produisent des champs B_1 afin de tourner la magnétisation de 90° ou 180° ou une autre rotation. Elles servent aussi à lire le signal émis par les protons lors de leur relaxation.
- Le lit du patient a une précision de 1 mm dans son déplacement.
- La pièce est protégée des RF provenant des radios, télévision, hôpital....

La technique consiste à faire vibrer les noyaux d'hydrogène dans l'atome qui composent les tissus de l'organisme du corps. Les noyaux de certains atomes s'alignent sur celui-ci comme de mini-aimants. En vibrants, et ils émettent des signaux RMN qui vont être détecté et captés par une antenne (récepteurs) puis être transformés en images. Cependant, les images sont directement obtenues par la transformation inverse de Fourier des signaux mesurés. Dans la salle d'examen, la malade est allongée sur un lit. L'antenne est alors concentrée et disposée sur la zone à examiner ou plusieurs zones, puis le lit effectue un mouvement de translation par glissement doucement dans le tunnel de l'appareil. Le durée de l'examen est généralement environ de 15 à 20 minutes [7, 8].

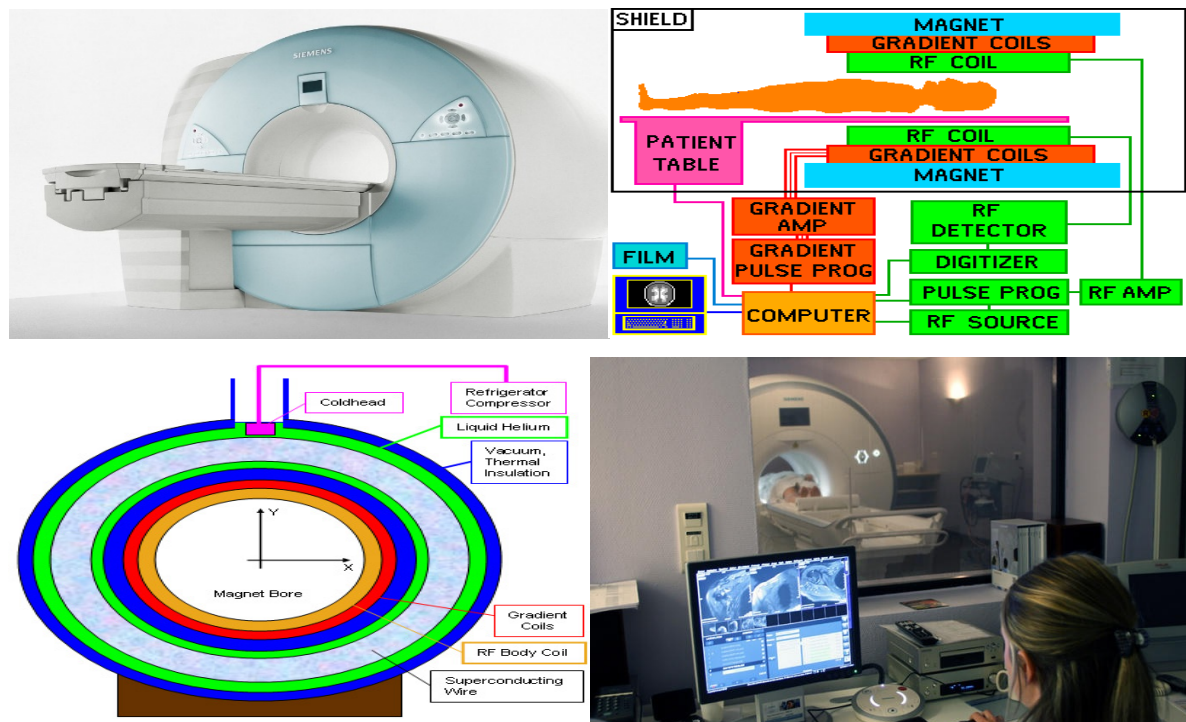


Fig. I.11 – l'appareil IRM, (a) Scanner IRM de 1.5 T, (b) Coupe d'un scanner IRM [17].

I.3.4.3. Historique de l'IRM

L'histoire de cette technique a été commencée dans les années 1940, les physiciens ont utilisé la méthode de la résonance magnétique pour étudier la matière [7].

- 1946 : Edward Purcell et Felix Bloch ont découvert le phénomène de la résonance magnétique indépendamment alors appelé la résonance magnétique nucléaire (RMN). Prix Nobel en 1952.
- Entre les années 1950 et 1970, la RMN était développée et utilisée pour l'analyse physique et chimique des molécules.
- 1971 : Raymond Damadian a démontré que les temps de relaxation de tissus normaux et de tumeurs sont différents dans utilisation de cette technique pour certaines maladies.
- 1973 : Paul Lauterbur l'a utilisé sur des petits échantillons et il a été reconstruit les images de la même manière que la tomodensitométrie (CT) basée sur les rayons X à partir des projections, découverte par Hounsfield. Prix Nobel en 2003.
- 1975 : Richard Ernst a proposé l'imagerie par l'encodage de la phase et de la fréquence et l'utilisation de la transformée de Fourier. Prix Nobel en 1991.
- 1977 : Raymond Damadian a mis au point une nouvelle méthode appelée le champ focalisant qui est la base de l'IRM moderne.
- 1977 : Peter Mansfield a développé la technique écho-planaire (EPI, Echo-Planar Imaging). Prix Nobel en 2003. EPI est devenue une technique produisant des séquences dynamiques (vidéo) plus rapide à 30 ms/image dans les années ultérieures.
- 1980 : Edelstein et ses collaborateurs ont utilisés la méthode d'Ernst pouvant acquérir une image en 5 min.
- 1986 : Le temps d'imagerie est réduit et la résolution spatiale atteint 10 mm sans sacrifier trop de qualité d'image.
- 1987 : L'imagerie médicale cardiaque ciné fut offerte par la technique EPI. Dans la même année, Richard Dumoulin a perfectionné l'IRM pour l'imagerie du flux sanguin sans agents de contraste.
- 1991 : En 1991, Richard Ernst a été récompensé pour ses réalisations en RMN à transformée de Fourier pulsée et en IRM avec le prix Nobel de chimie.
- 1992 : Développement de la technique d'IRM fonctionnelle pour les études du cerveau.
- En 1994, des chercheurs de l'Université d'État de New York à Stony Brook et à l'Université de Princeton ont démontré l'imagerie du gaz ^{129}Xe hyper-polarisé pour des études de respiration.

- En 2003, Paul C. Lauterbur de l'Université de l'Illinois et Sir Peter Mansfield de l'Université de Nottingham ont reçu le prix Nobel de médecine pour leurs découvertes concernant l'imagerie par résonance magnétique. L'IRM est clairement une science jeune mais en croissance.

I.3.4.4. Propriétés physiques responsables de l'IRM

Les images IRM reflètent la densité des protons du gras et de l'eau dans les tissus du corps humain. Les deux matières ont de nombreux atomes d'hydrogène qui nous intéressent en pratique (noyau d'hydrogène). Le corps humain est composé en moyenne de 63% atomes d'hydrogène. Dans chaque cellule du corps, il y a des molécules d'eau. Chaque molécule d'eau contient deux atomes d'hydrogène et un atome d'oxygène. Le noyau d'hydrogène est composé d'un seul proton. Ce dernier possède une propriété nommée spin qui : 1) peut être considéré comme un petit champ magnétique, et 2) qui amènera le noyau à produire un signal de RMN.

Lorsque les protons sont soumis à un champ magnétique (aimant), ils vont agir comme autant de petits aimants. On éclaire les tissus complets du corps avec application des ondes radio spécifique à large spectre l'équivalent de la lumière blanche dans le visible ; on va pouvoir ainsi changer le sens de rotation de ces atomes d'hydrogène et recevoir un rapport d'énergie sous la forme d'ondes radiofréquences de pulsation égale à leur fréquence de résonance et émises par un champ magnétique. Donc, Ils passent d'un niveau d'énergie bas à un niveau d'énergie haut : cette transition énergétique correspond au phénomène nommée résonance magnétique. Lorsque l'émission est arrêtée et on interrompt la stimulation, les spins (les protons) tendent à revenir lentement vers leur état d'équilibre ; leur retour à l'état normal se traduit par un signal mesurable de RMN qui résulte de la restitution de la radiofréquence par les protons lorsqu'ils passent de la haute énergie vers la basse énergie. Le signal est proportionnel à la différence entre les populations des deux états. Les valeurs de ces derniers dépendent des tissus biologiques rencontrés (tableau 1.2) [7, 8].

	T_1	T_2
<i>liquide céphalo-rachidien</i>	2500 ms	2000 ms
<i>matière grise</i>	900 ms	90 ms
<i>matière blanche</i>	750 ms	80 ms
<i>graisse</i>	300 ms	40 ms

Tab. I.1 –Ordre de grandeur des temps de relaxation à 1.5 Tesla [7].

I.3.4.5. La formation des images

Les noyaux d'hydrogène ont ainsi émis un signal de RMN. Donc, l'image est formée principalement par ce signal. Les images se construisent sous forme 2D ou 3D et représentent ainsi la répartition spatiale d'une grandeur physique : chaque élément d'une coupe du corps correspond à la représentation par les effets de l'aimantation nucléaire d'un volume de l'espace exploré. Ces éléments sont nommés voxels quand on considère le volume constitué de l'empilement des coupes et pixels quand on considère individuellement une coupe. Chaque voxel d'une image du corps humain contient un ou plusieurs tissus.

On améliore la qualité de l'image obtenue par l'utilisation d'agents de contraste comme le fondu de gadolinium. Ces substances permettent d'obtenir des images spécifiques beaucoup plus précises et plus détaillées de certains organes.

En plus, nous entamons maintenant le codage de l'image IRM car il est nécessaire de savoir différencier les signaux RMN issus des variétés de coupes examinés [17]. Cette localisation spatiale est réalisée grâce au couplage de trois gradients différents qui vont permettre de coder sous forme fréquentielle les positions des pixels ou voxels. Parmi eux, nous distinguons : 1) le gradient de coupe sélective qui sélectionne le plan de coupe et qui consiste à appliquer un gradient perpendiculaire à la coupe pendant l'impulsion radiofréquence d'excitation. 2) le gradient de fréquence qui sélectionne les colonnes dans le plan de coupe sélectionné et qui consiste à appliquer le gradient pendant l'acquisition ; le signal obtenu est alors la somme de fréquences que la transformation de Fourier décode sous forme d'une image. 3) le gradient de codage de phase sélectionne les lignes dans le plan de coupe sélectionné et qui produit le même signal mais point par point, en appliquant un gradient croissant pas à pas entre l'impulsion et l'acquisition du signal. Le codage par la phase produit l'imagerie dite par TF2D ; elle combine les trois méthodes pour fournir l'image d'une coupe du corps. Enfin, selon le choix du gradient de coupe sélective présenté dans le paragraphe précédent, on obtient l'orientation des coupes qui varie en fonction de la pathologie recherchée des patients. On obtient trois orientations principales : axiale, coronale et sagittale comme représenté respectivement sur la **Fig. I.11**.

I.3.4.6. Les différentes pondérations

Par conséquent, nous obtenons les séquences par la combinaison d'ondes de radiofréquence et d'impulsions de gradients. Dans la suite, nous pourrions identifier les paramètres principaux qui influencent le contraste de l'image IRM en deux grandes classes :

1) Les paramètres intrinsèques liés directement aux tissus observés. Il s'agit des temps de relaxation longitudinale T1 et transversale T2 caractéristiques (voir **Tab.I.1**), de la densité spécifique en protons ρ , de la présence d'un agent de contraste ou encore de la vitesse des fluides circulant, On peut aussi dans une séquence modifier la valeur de l'angle de bascule, introduire une impulsion d'inversion (bascule de 180), ...etc. Les écarts des temps T1 et T2 mesurés permettent de caractériser les tissus en chaque élément de l'échantillonnage discret.

2) Les paramètres liés à l'appareil lui-même (en particulier, la constance du champ magnétique) et à la séquence d'acquisition. Cette dernière dépend du temps de répétition TR séparant deux impulsions de l'onde radiofréquence et du temps d'écho TE séparant l'impulsion de la lecture du signal c'est-à-dire l'intervalle de temps entre l'excitation et la survenue du signal IRM. On distingue les séquences classique comme spin écho et écho gradient et inversion de récupération.

Le choix des paramètres d'acquisition permet de favoriser le signal d'un tissu particulier. Ils sont modulables et conduisent à l'obtention d'images dites «pondérées en T1», «pondérées en T2» ou encore «pondérées en ρ ». Nous présentons les exemples des différentes pondérations dans la **Fig. I.12**.

I.3.4.6.1. Séquence d'IRM, pondération T1 et T2

- **Images en pondération T1**

Les paramètres de la pondération : pour le temps de répétition court (TR) de l'ordre de 400 à 600 ms, le contraste qui apparaît sur l'image entre les tissus du corps dépend de leur vitesse d'aimantation, donc de T1. Pour le temps d'écho TE court d'environ 10 à 20 ms qui neutralise les différences de temps T2, les différences de décroissance du signal RMN obtenues entre les tissus du corps n'ont pas le temps de s'exprimer, donc, rendent le contraste indépendant du temps T2. Ainsi, on obtient un contraste d'image pondérée en T1. Par exemple, on cite l'image en pondération T1 sur le cerveau, où les tissus sont ordonnés par niveaux de gris décroissants en matière blanche, matière grise puis, puis, liquide céphalo-rachidien [7].

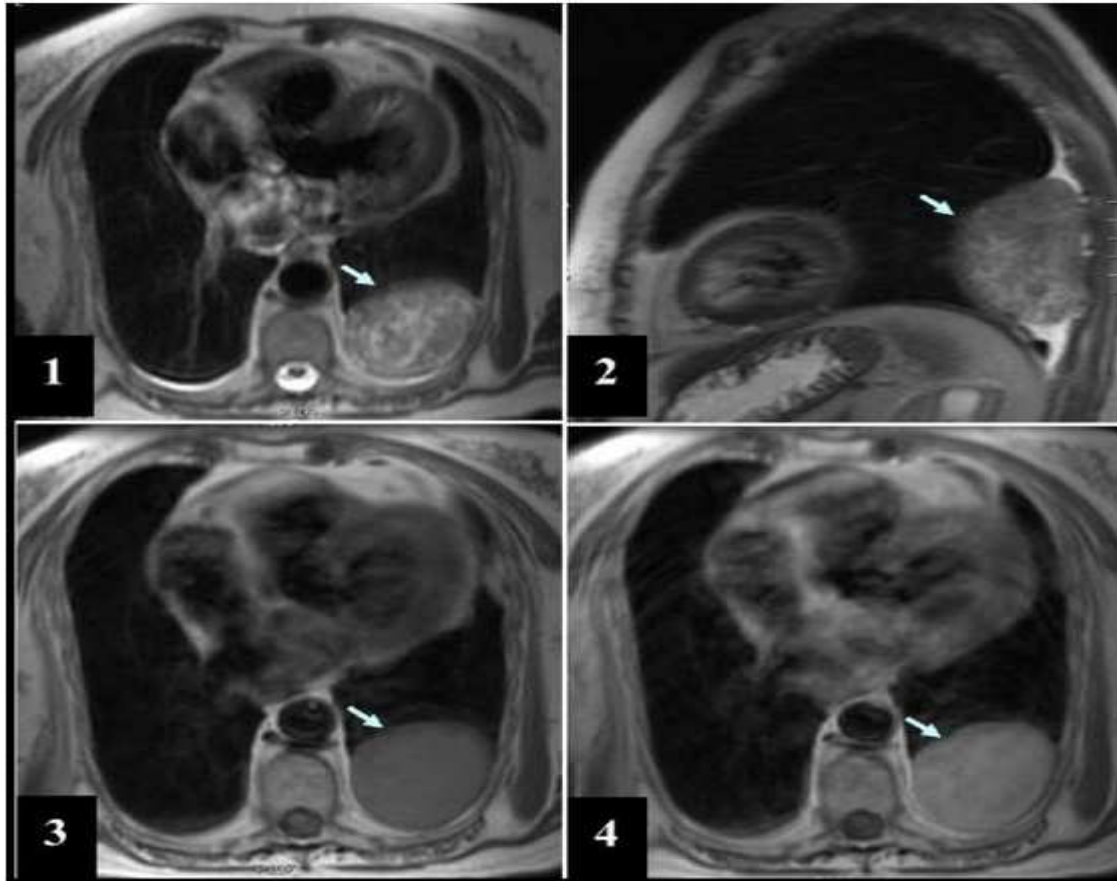


Fig. I.12 – Image IRM thoracique. Séquences T2 en coupe axiale (1) et sagittale (2), T1 sans (3) puis après injection de produit de contraste gadoliné (4). TFS (flèches) émanant de la plèvre costale postérieure gauche, de signal hétérogène en T2, se rehaussant faiblement après injection, accompagnée d'un épanchement pleural satellite. Illustrations fournies par le Professeur François LAURENT (CHU de Bordeaux) [17].

- **Image en pondération T2**

Les paramètres de la pondération : Le temps de répétition (TR) est long (supérieur à 2s), et des temps d'écho (TE) est aussi long (supérieur de 80 ms), la décroissance du signal obtenue domine la différence de densité protonique entre tissus. Alors, on obtient un contraste d'image dite pondérée en T2, dite aussi en pondération «tissulaire». Les tissus dans image en pondération T2 sur le cerveau sont ordonnés par niveaux de gris croissants en liquide céphalo-rachidien, matière grise puis matière blanche.

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

Les paramètres de la pondération : on distingue deux cas, le premier cas, en utilisant un temps de répétition (TR) long d'ordre de 2s et un temps d'écho (TE) court d'environ 10 à 20 ms (inférieur à 30 ms), on obtient un contraste d'image de pseudo densité protonique qui reflète la concentration et la localisation des noyaux d'hydrogène des atomes des différentes structures (Tissus>liquide>graisse). Dans la pondération du cerveau, la différence de densité protonique de la matière blanche et de la matière grise s'exprime. Donc, les tissus sont ordonnés par niveaux de gris croissants en matière blanche, matière grise puis liquide céphalo-rachidien. Dans le deuxième cas, en utilisant un temps de répétition plus long d'ordre de 5 ms et un temps d'écho court (inférieur à 30 ms), on obtient alors un contraste d'image de vraie densité protonique (Liquide>Tissus>graisse) [7, 17].

I.3.5.1. Avantages et inconvénients de l'IRM

- **Les avantages de l'IRM**

- Non ionisant,
- Non invasif
- Qualité de l'image pour les tissus mous

- **Les inconvénients de l'IRM**

- Ne permet pas d'imager les tissus durs
- Prix de l'équipement (~ 1 million par Tesla)
- Inconfort pendant l'examen

- **L'utilisation de l'IRM**

- Anatomie, structure, fonction, vaisseaux, etc.
- Suivre l'évolution de certaines maladies dégénératives
- neurosciences
- Scan thoracique, abdominal, pelvien

I.4. Le choix de la nature des images TEP

Dans cette thèse, nous nous intéressons à la segmentation d'image médicale, plus particulièrement des images des thorax utilisées pour la détection, la caractérisation et

l'élaboration éventuelle de plans de traitement par radiothérapie des tumeurs pulmonaires. Les images utilisées en routine clinique au niveau de service de médecine nucléaire d'un hôpital sont les images anatomiques fonctionnelles d'émission de positons (TEP). Le premier objectif est de présenter les principales techniques de segmentation d'images PET, d'extraire et de faciliter l'intégration des informations fonctionnelles quantitatives objectives sur des tumeurs menant à la prise de décision sur les maladies. Nous rapportons les résultats de la segmentation de l'image tumorale qui sont les plus utilisés dans la littérature ces dernières années. Dans le cas où un plan de la surveillance de la radiothérapie est envisagé, en plus de la segmentation des tumeurs dans images 2D ou 3D comme structures cibles (c'est-à-dire devant être irradiées), il y a besoin de délimiter les organes à risque (les organes ne devant pas recevoir d'irradiations).

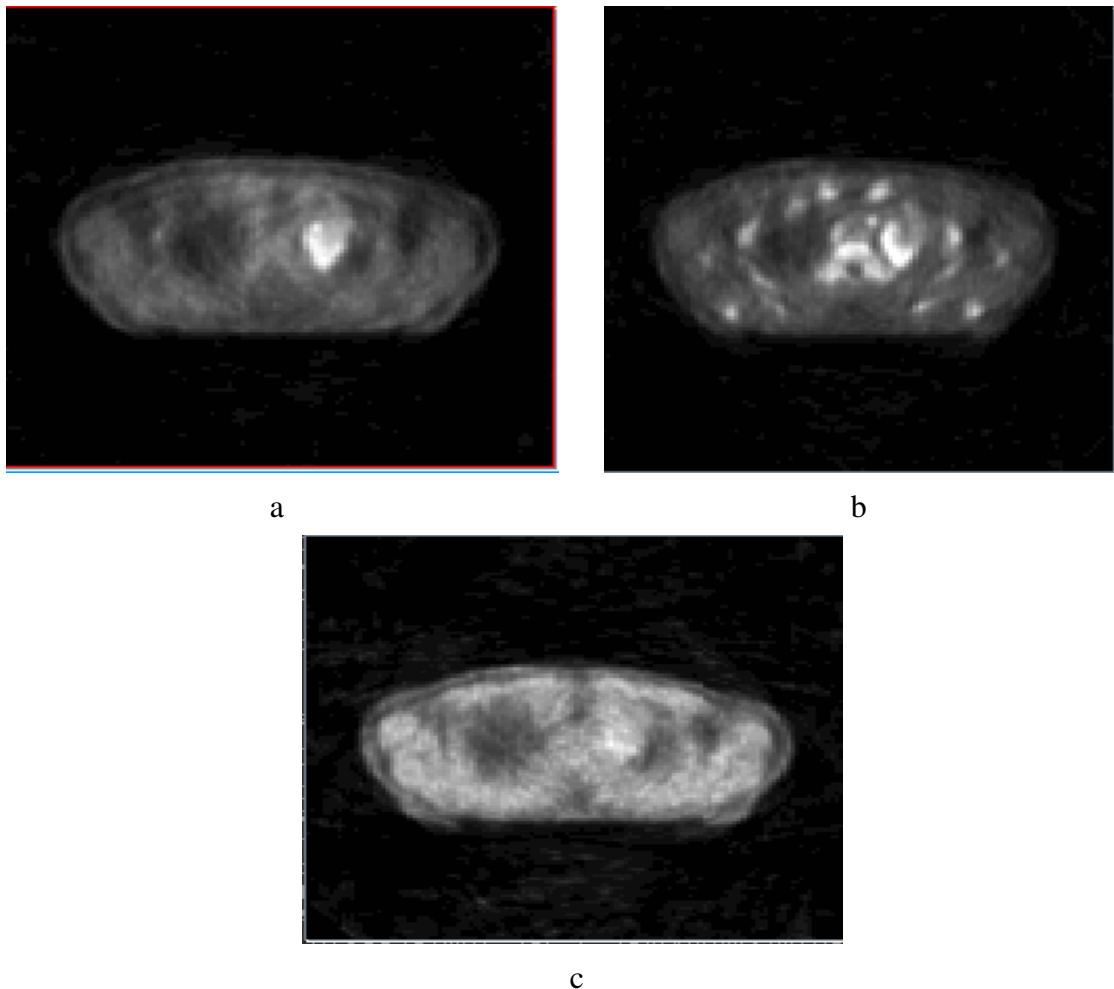


Fig. I.13 – TEP thoracique. Coupe fdg (a) et Coupe flt (b), Coupe fmiso (c).

L'imagerie fonctionnelle par Tomographie d'Emission de Positons (TEP) multi-traceurs pourrait avoir un rôle essentiel dans le traitement du cancer par radiothérapie externe. Les images TEP aux traceurs 18 Fluoro-Déoxy-Glucose (18FDG), 18 F-Fluoro-LThymidine (18 FLT) et 18 Fluoro-Misonidazole (18FMiso) sont respectivement témoins du métabolisme glucidique, de la prolifération cellulaire et de l'hypoxie (manque d'oxygénation des cellules) comme indiquées dans la **Fig. I.13**.

Le développement d'une approche de segmentation automatique ou semi-automatique des images TEP nécessite la prise en compte de plusieurs paramètres, d'une part, ceux qui sont liés au profile d'absorption ou à l'organe à définir, nous citons [15] :

- ❖ Hétérogénéité de la distribution du traceur au sein de la tumeur/organe.
- ❖ Hétérogénéité de la distribution du traceur au sein du fond physiologique.
- ❖ Contraste(s) mis en jeu entre l'objet et le fond, et au sein même de l'objet et du fond.
- ❖ Complexité de la forme de l'objet.

D'autre part, ceux qui sont liés à la nature de l'acquisition :

- ❖ Niveau de bruit
- ❖ Taille des voxels et échantillonnage spatial
- ❖ Type et modèle du scanner
- ❖ Algorithme de reconstruction et ses paramètres

I.5. Conclusion

Nous avons essayé dans ce chapitre de décrire le contexte médical général dans lequel s'inscrit cette thèse. Il présente précisément les différentes techniques d'imageries médicales existantes de nos jours dénommées TDM, TEP, L'imagerie TEP/TDM, et RMN mises en jeu pour l'application de l'oncologie du thorax en insistant sur les différences entre ces quatre modalités, et nous donnons ainsi une idée précise sur la technique utilisée en routine clinique dans cette thèse.

L'objet du chapitre suivant sera donc de présenter un état de l'art sur la segmentation des images d'une manière générale.

ETAT DE L'ART SUR LA SEGMENTATION D'IMAGE

Le chapitre II vise à établir un état de l'art des directions sélectionnées dans la littérature pour la segmentation des images d'une manière générale et de présenter les différentes techniques de réalisation. A cet effet, nous commençons par introduire la notion de segmentation et en passant en revue les principales familles d'approches pour le regroupement, en distinguant notamment celles par approche contours, celles par approche régions et certaines méthodes «hybrides». L'objectif de cette section n'est, bien sûr, pas d'étudier les approches possibles, mais présenter des techniques classiques de divers types appartenant à deux catégories principales, leur mode d'utilisation et les résultats qu'elles permettent d'obtenir. Enfin, nous terminons par quelques applications des méthodes de segmentation dans différents domaines.

II.1. Introduction

La segmentation d'une image est une opération primordiale de bas-niveau présente à la base des meilleures et nombreuses chaînes d'interprétation et de traitements des données. Elle permet de diviser et d'identifier les différents objets en nombre fini homogènes par rapport à un ou plusieurs critères utilisés, afin de donner une "cartographie" de l'image d'origine. Elle permet ainsi de faciliter ses interprétations et diagnostics. L'étiquetage des régions d'intérêt sur tous les volumes est un problème difficile pour les méthodes de segmentation automatiques indépendantes de l'être humain, à cause de la diversité des données des images existantes de nos jours (images radar, images satellitaires, images médicales ...etc.), ou semi-automatiques : dans ce cas, une intervention de la part d'un expert en analyse d'images s'avère être indispensable. Les méthodes existantes peuvent être divisées en deux catégories. Parmi elles, on distingue [39] : i) la segmentation par approche contour ou ce qu'appelle la segmentation par recherche de frontières qui s'appuient sur la variation d'intensité ou les discontinuités entre deux ensembles connexes de pixels de l'image afin de la découper en zones. Ensuite, les résultats des contours obtenus doivent être complètement fermés de façon à obtenir une partition de l'ensemble des pixels de l'image, et ii) la segmentation par approche région consiste à regrouper les pixels selon les propriétés de chaque zone et à leur attribuer une même étiquette. Les chercheurs ont développé une multitude de techniques de segmentation, selon le domaine d'application. Jusqu'à maintenant, il n'y a pas de technique de l'étiquetage efficace sur tous types d'images. Dans ce qui suit, nous allons présenter la notion de segmentation, et voir les différentes méthodes existantes.

Dans l'enchaînement de processus de segmentation, il existe une étape essentielle pour estimer et déterminer les paramètres de classes caractérisant les différents attributs de l'image. Lorsque les paramètres sont connus au préalable (donnés par un opérateur ou estimés par un algorithme), nous parlerons ici de segmentation supervisée ; au contraire, la segmentation est non supervisée si les paramètres sont estimés au sein même processus de la segmentation. Dans les premiers groupes, elles consistent à déterminer des frontières de séparations et de décisions de deux cas nommées linéaires et non-linéaires pour regrouper les données. Parmi les inconvénients des techniques supervisées, notons qu'elles ne sont pas applicables directement à des données non linéairement séparables, puisque les frontières de décisions linéaires obtenues par ces méthodes ne prennent pas correctement en compte la répartition souvent complexe des données.

Dans le cas de segmentation non supervisée, les propriétés statistiques des groupes sont inconnues et doivent être estimées. Les méthodes de groupement sont très utilisables et spécifiques à ce type de traitement parce que le processus ne nécessite pas d'étapes d'apprentissage ou la mise à disposition d'un ensemble de données préalablement étiquetées. De plus, elles ne se heurtent pas au problème de généralisation et/ou de pertinence de l'ensemble d'apprentissage.

Dans l'analyse d'images, on distingue en général deux niveaux : les traitements de bas niveau et ceux de haut niveau. Dans le premier cas, il s'agit de description de l'image par rapport aux structures qui la composent. Elles regroupent les techniques qui essaient de décrire l'image, telles que le prétraitement, la restauration, la compression, et la détection de contours ... etc. Une fois ces attributs de bas niveau extraits, ils peuvent être interprétés dans le deuxième cas par un traitement de haut niveau. La reconnaissance d'objets et la reconstruction du mouvement s'inscrivent dans cette partie [21].

II.2. Principe de la segmentation

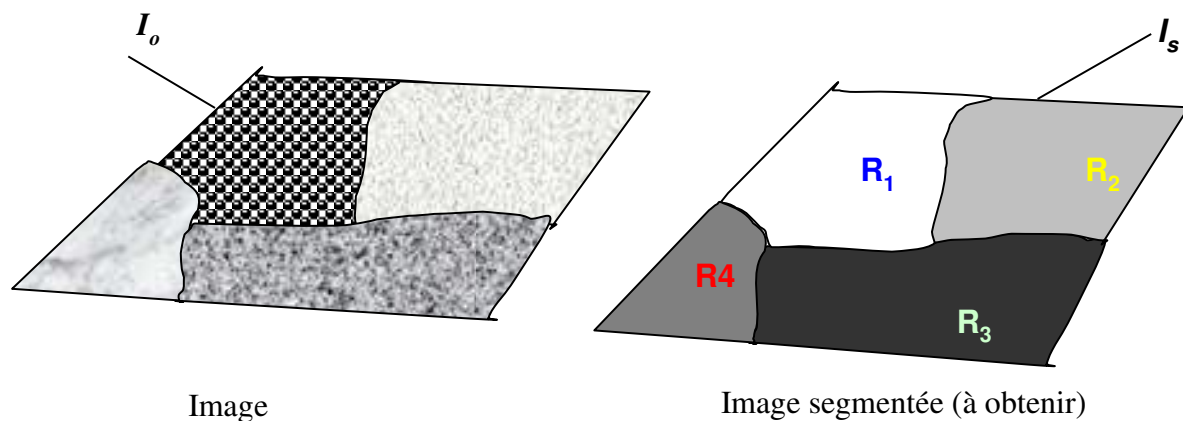
L'information véhiculée par une image est portée par bien d'autres données, la plus souvent utilisée comme grandeur physique c'est le niveau de gris retourné par chaque pixel, mais il y'a d'autres modèles de segmentation qui utilisent des critères différents par exemple : des attributs de surface, texture, intensité lumineuse, colorimétrie..., etc. Le tout étant que les attributs considérés puissent être caractérisés par des valeurs numériques. Une fois ces attributs caractérisés, le principe de la segmentation des images consiste à réaliser une partition de l'image I en sous-ensembles homogènes R_i , appelés régions, afin de donner une "cartographie" de image originale, chaque région étant repérée par une étiquette et permet de distinguer les objets d'intérêt d'une image en les isolants du fond ou des autres structures, comme illustré à la **Fig. II.1**. Ainsi, les ensembles qui composent une segmentation doivent satisfaire les critères suivants :

$$\bigcup_{i=0}^K R_i = I$$

$$R_i \neq \emptyset \forall i \in \{1,2,3, \dots \dots K\} \quad (\text{II.1})$$

$$R_i \cap R_j = \emptyset \forall i, j \text{ telle que } i \neq j$$

Après la technique de regroupement, chaque pixel se voit attribuer une région. La région est un ensemble de pixels connexes ayant des propriétés communes qui les différencient des pixels des régions voisines [21]. Actuellement, vu la facilité et la simplicité de la définition de volumes d'intérêt et la richesse des travaux effectués dans ce domaine, on pourrait penser que la segmentation d'images est un problème en grande partie résolu. Il n'en



est rien, probablement à cause de la très grande diversité des applications et des approches mathématiques. Sa mise en œuvre sur des ordinateurs toujours plus puissants permettent l'exploration de nouvelles approches autrefois trop coûteuses en temps de calcul.

Fig. II.1 – *Principe de segmentation.*

II.3. Différentes méthodes de segmentation

Plusieurs techniques de segmentation d'images ont été développées, selon le domaine d'application dans la chaîne d'analyse et de traitement. Cependant, elles sont regroupées en deux catégories : les méthodes de segmentation par approche contours et les méthodes de segmentation par approche régions, nous allons les introduire dans ce qui suit. La majorité des approches utilisées en segmentation d'image se base uniquement sur l'analyse des niveaux de gris observés.

Il existe aussi d'autres approches moins utilisées telles que les modèles mixtes, les contours actifs, et les modèles pyramidaux.

II.3.a Le seuillage

Le seuillage ou approche de seuil, est considéré comme une approche semi-automatique ; il est plus facile et direct à mettre en œuvre et à utiliser. Le principe de cet algorithme consiste à trouver une valeur d'intensité, appelée seuil (la valeur est représenté par

un niveau d'intensité à partir duquel les intensités sont considérées comme étant de premier plan). Puis, regroupe tous les pixels de l'image selon la valeur de leurs intensités ou niveaux de gris par rapport à ce seuil choisi, afin de séparer les classes désirées : l'arrière-plan et la région d'intérêt dans l'image. Il y'a d'autres approches de seuillage qui sont basées sur d'autres grandeurs physiques que le niveau de gris, tel que l'entropie [19], ou l'entropie de Tsallis [11][20]. Pour plusieurs objets ou régions d'intérêt, plusieurs seuils doivent être définis (multi-seuils). Le seuil peut être donné soit manuellement, soit à partir d'expériences empiriques, soit à l'aide d'heuristiques [18].

Les inconvénients

- Les limitations principales de cette méthode sont que dans sa forme la plus simple seulement deux classes sont produites et elle ne peut donc pas être appliquée aux images à canaux multiples.
- Le seuillage ne tient pas compte des caractéristiques spatiales d'une image.
- Cette approche est très sensible au bruit et aux inhomogénéités d'intensité, qui peuvent arriver par exemple dans les images de mammographies.

II.3.b L'approche de recherche des frontières

La segmentation par approche contour ou dénommé la segmentation par recherche des frontières (ou méthodes de détection de discontinuité), consiste à faire un balayage de tous les pixels de l'image avec une fenêtre spéciale définissant la zone d'intérêt. Elles s'appuient sur la détection de la variation d'intensité (des changements abrupts de la fonction de luminance) ou de la discontinuité entre deux ensembles connexes de pixels de l'image, afin de la découper en zones. A chaque position, un opérateur est appliqué sur les pixels de la fenêtre afin d'estimer et détecté s'il y a une transition significative au niveau de l'attribut sélectionné. A partir des pixels susceptibles d'appartenir à un contour, il est nécessaire ensuite extraire des contours fermés [11].

Nous pouvons citer plusieurs types des contours, parmi eux : un contour «saut d'amplitude» et un contour «en toit». Le premier type : ils se situent entre les pixels appartenant à des partitions qui sont caractérisées par des intensités moyennes différentes ; le deuxième type : il peut correspondre à une variation locale d'intensités présentant un maximum ou un minimum. Ensuite, les résultats des contours ainsi obtenus doivent être

complètement fermés de façon à obtenir une partition de l'ensemble des pixels de l'image [2].

Nous divisons des méthodes de segmentation par approche contour en quatre catégories :

- ❖ Les modèles déformables.
- ❖ Les méthodes dérivatives.
- ❖ Les méthodes morphologiques.
- ❖ Les Méthodes markoviennes.

II.3.b.1 Les modèles déformables

Le principe de cette technique est de délimiter les frontières de région (contour), en utilisant des surfaces ou des courbes paramétriques fermées qui se déforment sous l'influence des forces externes et internes. Dans le premier type, des forces sont calculées en ayant pour but de tirer l'image et de guider la surface ou la courbe vers des caractéristiques d'intérêt désirées. Dans le deuxième type, des forces sont calculées à l'intérieur de la surface ou de la courbe pour la tenir lisse partout dans la déformation. Ces approches s'attachent à faire évoluer un contour déjà défini vers les frontières des objets de l'image, une surface ou une courbe fermée. Elles doivent d'abord initialement être situées à proximité du contour désiré et recherché dont l'évolution aura à subir un processus de relaxation itératif de déformation contrôlé par un critère de convergence. Nous nous intéressons à travailler avec ces approches si nous traitons des images peu différentes les unes des autres, au lieu de refaire toute la méthode de segmentation et pour ne pas perdre de temps [82]. En plus, ces modèles ont une capacité de produire directement des surfaces ou des courbes paramétriques fermées dans des images, cela fournit une robustesse aux faux contours et au bruit. Parmi les inconvénients, ils exigent une interaction manuelle pour placer un modèle initial et choisir des paramètres appropriés [39]. Parmi les modèles déformables, nous pouvons citer classiquement deux types : i) les modèles explicites ou «snakes» et ii) les modèles implicites, ou nommées méthodes par ensembles de niveaux (level sets). Dans le premier modèle, qui a été proposé par Kass et al. [65], il propose de déformer une représentation explicite (approximation polygonale, ...) ou paramétrique (descripteurs de Fourier, B-spline, ...) du contour dans l'image ; la déformation est ainsi fondée sur la minimisation d'une énergie. Celle-ci est formalisée sous forme de la somme de deux termes : 1) un terme d'attache aux données (lié à l'image) et 2) un terme de régularisation (lié à la rigidité et l'élasticité du contour). Dans le deuxième modèle, il est proposé d'intégrer les changements

topologiques naturellement. L'évolution du contour est formalisée sous forme d'équations aux dérivées partielles. Il s'inspire des travaux en théorie de propagation des fronts (Osher et Sethian, [66]). Ce modèle est contraint par un champ de vitesse, construit de manière à attirer le modèle vers les objets à extraire avec certaines contraintes de régularisation. Il y a plusieurs travaux sur les constructions du champ de vitesse qui ont été proposées ; nous pouvons citer : des levels set géométriques (Caselles et al. [67]) et des level set géodésiques (Caselles et al. [68]). Ces deux approches nécessitent des algorithmes améliorés comme la méthode «Fast Marching Level Set» (Sethian, [69]) pour leur implémentation pratique [10].



Fig. II.2 –Segmentation par contour actif (SNAKE) [20].

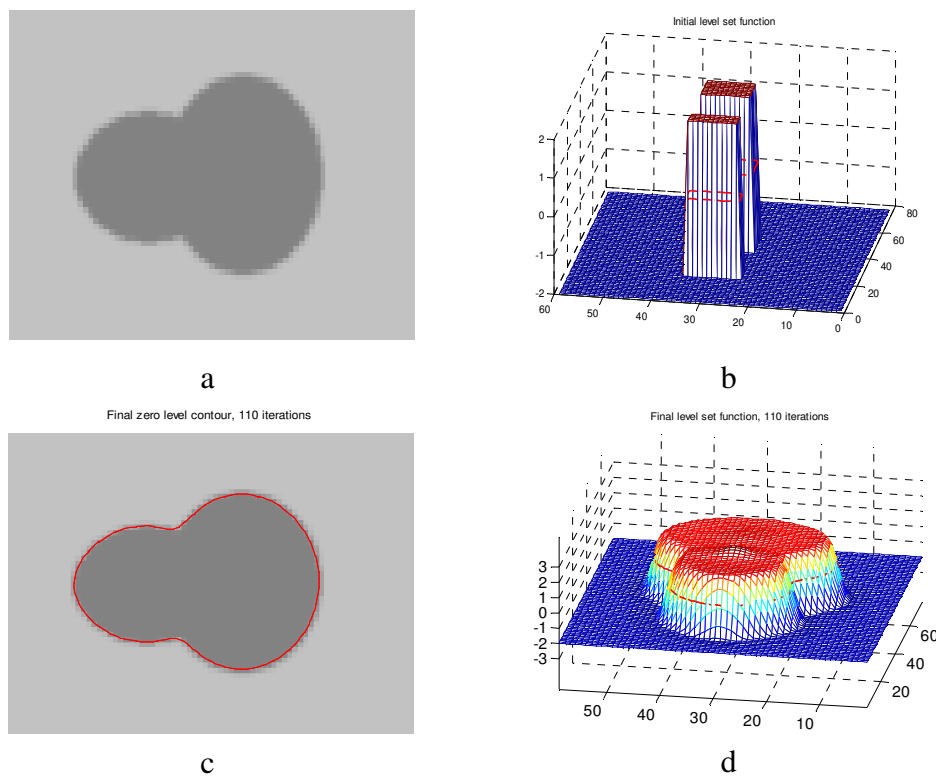


Fig. II.3 –Segmentation par contour actif appliqué a une image synthétique, a) initialement, Isocontours du level set function (LSF), b) fonction de réglage de niveau initiale, c) Contour de niveau zéro du LSF superposé sur l'image, d) LSF convergé du modèle DRLSE [11].

II.3.b.2 Les méthodes dérivatives

Dans une image, un contour se matérialise par une rupture d'intensité ou les discontinuités entre deux ensembles connexes de pixels de l'image. Ces ruptures représentent des changements de propriétés géométriques ou physiques de l'objet d'intérêt observé ou de la scène dues : des variations d'illumination, des ombres, des changements d'orientation ou de distance à l'observateur, et des variations d'absorption des rayons (lumineux, rayon X, ...etc.) [21]. Plusieurs techniques existent dans la littérature dont le but de détecter et d'isoler cette rupture. Dans la plupart des cas ; il a été utilisé une méthode simple qui s'effectue en deux étapes : la détection du contour par le calcul du gradient ou du Laplacien, et l'isolation de ce contour par seuillage [83]. Ces approches sont les plus immédiates pour détecter et localiser les variations du signal. Les contours sont assimilés aux points de fort gradient ou de dérivée seconde nulle [2].

a) Opérateurs dérivatifs du premier ordre [21]

a.1 Gradient

Pour une image $I(x, y)$, le vecteur gradient au point de coordonné (x, y) est donnée par :

$$\nabla I(x, y) = \left(\frac{\partial I}{\partial x}, \frac{\partial I}{\partial y} \right)^T \quad (\text{II.2})$$

Le module de gradient est alors donné par :

$$|\nabla I(x, y)| = \sqrt{\left(\frac{\partial I}{\partial x} \right)^2 + \left(\frac{\partial I}{\partial y} \right)^2} \quad (\text{II.3})$$

Pour les images digitales (le cas discret), les dérivées directionnelles sont approchées par des simples différences finies suivant les directions horizontale et verticale $[i, j]$:

$$|\nabla I(i, j)| = \sqrt{\left(\frac{\nabla I}{\nabla i} \right)^2 + \left(\frac{\nabla I}{\nabla j} \right)^2} \quad (\text{II.4})$$

Ou encore par :

$$|\nabla I(i, j)| = \max \left\{ \left| \frac{\nabla I}{\nabla i} \right|, \left| \frac{\nabla I}{\nabla j} \right| \right\} \quad (\text{II.5})$$

$$\frac{\partial I}{\partial x} = \frac{\nabla I}{\nabla i} = I(i, j) - I(i, j - 1) : \text{Différence horizontale} \quad (\text{II.6})$$

$$\frac{\partial I}{\partial y} = \frac{\nabla I}{\nabla j} = I(i, j) - I(i - 1, j) : \text{Différence verticale} \quad (\text{II.7})$$

Remarque : notons que ces opérateurs sont particulièrement sensibles au bruit.

a.2 Opérateurs de Prewitt et de Sobel

Pour ces opérateurs les dérivées directionnelles verticale et horizontale s'expriment sous la forme :

$$\frac{\nabla I}{\nabla j} = h_j * I(i, j) \text{ et } \frac{\nabla I}{\nabla i} = h_i * I(i, j) \tag{II.8}$$

Avec :

$$h_j = \begin{bmatrix} 1 & 0 & -1 \\ c & 0 & -c \\ 1 & 0 & -1 \end{bmatrix} \text{ et } h_i = \begin{bmatrix} 1 & c & 1 \\ 0 & 0 & 0 \\ -1 & -c & -1 \end{bmatrix} \tag{II.9}$$

Les matrices h_j et h_i , appelées aussi masques, sont les noyaux de convolution de filtres à réponse impulsionnelle finie.

Les masques de Prewitt [84] sont définis par $c = 1$ et les masques de Sobel par $c = 2$.

Rappelons que la relation entre convolution et corrélation «gabarits» $h(-j)$ et $h(-i)$ peut être traduite par ces équations précédentes des deux dérivées directionnelles suivantes :

$$\begin{aligned} h * I(i, j) &= \sum_m^M \sum_n^N h(m, n) \cdot I(i - m, j - m) \\ &= \sum_{+m}^{-M} \sum_{+n}^{-N} h(-m, -n) \cdot I(i + m, j + m) \end{aligned} \tag{II.10}$$

, où h est un noyau de convolution de taille $(2M + 1) \times (2N + 1)$ [20].

a.3 Opérateur de Roberts

Les masques de Roberts sont des versions de Δx et Δy ayant subi une rotation de -45° . Ce sont de simples différences de niveaux de gris, sans aucun lissage :

$$\frac{\nabla I}{\nabla j} = I(i + 1, j + 1) - I(i, j) \tag{II.11}$$

Et

$$\frac{\nabla I}{\nabla i} = I(i + 1, j) - I(i, j + 1) \tag{II.12}$$

Les masques de convolution de Robert sont :

$$\begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & -1 \end{bmatrix} \text{ et } \begin{bmatrix} 0 & -1 \\ 1 & 0 \end{bmatrix} \tag{II.13}$$

Ici, Le module du gradient présente des valeurs les plus élevés au niveau des frontières et quasi nulles sur les régions uniformes.

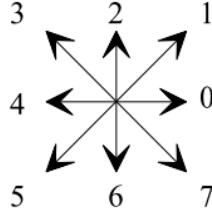
a.4 Opérateurs de gradients directionnels de Kirsh

Il existe d'autres opérateurs comme l'opérateur de Kirsh [70] qui est un opérateur à huit masques correspondant chacun à une direction préférentielle et obtenu par rotation de

$\pi/4$ de l'opérateur de base h_0 (la numérotation des masques est faite dans l'ordre des directions de Freeman en 8-connextité) [21] :

$$h_0 = \begin{bmatrix} 5 & 5 & 5 \\ -3 & 0 & -3 \\ -3 & -3 & -3 \end{bmatrix} \quad h_1 = \begin{bmatrix} 5 & 5 & -3 \\ 5 & 0 & -3 \\ -3 & -3 & -3 \end{bmatrix} \quad (\text{II.14})$$

Avec le codage de Freeman suivant :



Le gradient retenu est donné par :

$$\max_i \{|h_i * A|; i = 0,7 \} \quad (\text{II.15})$$

Et l'orientation sera donnée par : $\frac{\pi}{4} * \operatorname{argmax}_i \{|h_i * A|; i = 0, \dots, 7 \}$

a.5 Opérateurs MDIF et NAGDIF.

Ces deux opérateurs sont la combinaison de deux opérations de lissage et de dérivation. Le premier est linéaire et le second non-linéaire.

a.5.1 Opérateur MDIF

Il s'agit de la combinaison d'un filtre moyennier de noyau m et d'un dérivateur utilisant les masques directionnels de Prewitt h_0 et h_2 :

$$m = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{bmatrix} \quad h_0 = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \\ -1 & -1 & -1 \end{bmatrix} \quad h_1 = \begin{bmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 1 & 0 & -1 \\ 1 & 0 & -1 \end{bmatrix} \quad (\text{II.16})$$

Les approximations des composantes du gradient peuvent être calculées après le lissage ou directement en appliquant les masques suivants de taille 5×5 :

$$m_j = m * h_2 = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & -1 & 0 \\ 1 & 2 & 0 & -2 & -1 \\ 1 & 3 & 0 & -3 & -1 \\ 1 & 2 & 0 & -2 & -1 \\ 1 & 2 & 0 & -2 & -1 \end{bmatrix}, \quad m_i = m * h_1 = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 1 & 1 & 0 \\ 1 & 2 & 3 & 2 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -1 & -2 & -3 & -2 & -1 \\ 0 & 1 & 1 & 1 & 0 \end{bmatrix} \quad (\text{II.17})$$

Soient $I_j = I * m_j$ et $I_i = I * m_i$ les images obtenues par convolution de l'image originale I avec les deux masques m_j et m_i . Il est possible comme précédemment de calculer

la norme et l'orientation du gradient. On extrait ensuite les maximums locaux de la norme dans la direction du gradient.

a.5.2 Opérateur NAGDIF

L'opérateur NAGDIF présenté dans [26] est la combinaison d'un lissage non-linéaire de Nagao suivi d'une dérivation effectuée par l'opérateur suivant :

$$\text{Contour si } \max\{\mathbf{B}[i, j] - \mathbf{B}[i - \varepsilon_1, j - \varepsilon_2]\} > \text{seuil} \tag{II.18}$$

Ou, ε_1 et ε_2 sont des valeurs entières de l'intervalle $[-1, 1]$ et \mathbf{B} est l'image lissée.

Cet opérateur étend une approche reposée sur un lissage non-linéaire avec des domaines carrés. Par conséquent, Il donne des contours fins de l'objet d'intérêt mais moins réguliers que l'opérateur MDIF. Cependant, il faut mentionner que les contours fins obtenus avec opérateur de MDIF résultent d'une extraction des maximums locaux dans l'image de la norme du gradient.

Les deux opérateurs (MDIF, NAGDIF) sont intéressants pour des types images peu bruitées (quel que soit le type de bruits) contenant des transitions de «largeur» inférieure à 3 pixels. Le deuxième opérateur NAGDIF a tendance à «raidir» les transitions ; en conséquence, il donne généralement des contours fins et n'exigent pas une étape d'extraction de maximums locaux. Par contre, sur les transitions lentes, cela crée l'effet «d'escalier» ou de «dentelle».

b) Opérateurs dérivatifs du deuxième ordre

Les contours peuvent être localisés par les passages par zéros du Laplacien

$$\Delta I(x, y) = \frac{\partial^2 I(x,y)}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 I(x,y)}{\partial y^2} \tag{II.19}$$

En coordonnées polaires, cet opérateur s'exprime sous la forme :

$$\Delta I(r, \theta) = \frac{\partial^2}{\partial r^2} + \frac{1}{r} \frac{\partial I}{\partial r} + \frac{1}{r^2} \frac{\partial^2 I}{\partial \theta^2} \tag{II.20}$$

On remarque ainsi qu'il est invariant par rotation.

b.1 Opérateur du Laplacien

L'approximation discrète la plus simple du Laplacien calculée sur un voisinage de 3x3, correspond aux masques suivants [20] :

$$\begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & -4 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} 0 & -1 & 0 \\ -1 & 4 & -1 \\ 0 & -1 & 0 \end{bmatrix} \text{ ou } \begin{bmatrix} -1 & -1 & -1 \\ -1 & 8 & -1 \\ -1 & -1 & -1 \end{bmatrix} \tag{II.21}$$

➤ **Opérateur de Marr et Hildreth.**

L'image $I(x, y)$ peut être prétraitée en effectuant un lissage par un filtre gaussien $g(x, y)$. Ensuite, on calcule la dérivée seconde dans la direction n du gradient et on recherche les passages par zéro dans l'image B définie par [27] :

$$B(x, y) = \frac{\partial^2(I * g(x, y))}{\partial n^2} \quad (\text{II.22})$$

Pour simplifier, on suppose que les passages par zéro de la dérivée seconde directionnelle coïncident avec ceux du Laplacien décrit dans le paragraphe précédemment. On peut alors utiliser le Laplacien et l'expression (II.21) devient :

$$B(x, y) = \Delta(I * g(x, y)) \quad (\text{II.23})$$

Cela revient à appliquer directement sur l'image l'opérateur Laplacien d'une gaussienne $\Delta g(x, y)$ qui peut être approché valablement par la différence de deux gaussiennes (opérateur DOG). En effet, en monodimensionnel, l'opérateur DOG s'écrit :

$$DOG(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{x^2}{2\sigma^2}} - \frac{1}{\sigma_i\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{x^2}{2\sigma_i^2}} \quad (\text{II.24})$$

En posant $\sigma_i = \sigma + \delta\sigma$, il vient :

$$\sqrt{2\pi}DOG(x) = \frac{1}{\sigma} e^{-\frac{x^2}{2\sigma^2}} - \frac{1}{\sigma + \delta\sigma} e^{-\frac{x^2}{2(\sigma + \delta\sigma)^2}} \quad (\text{II.25})$$

Il apparaît que :

$$\sqrt{2\pi}DOG(x) \approx \delta\sigma \frac{\partial}{\partial \sigma} \left(\frac{1}{\sigma} e^{-\frac{x^2}{2\sigma^2}} \right) = -\left(\frac{1}{\sigma^2} - \frac{x^2}{\sigma^4} \right) e^{-\frac{x^2}{2\sigma^2}} \quad (\text{II.26})$$

Or:

$$\left(\frac{1}{\sigma^2} - \frac{x^2}{\sigma^4} \right) e^{-\frac{x^2}{2\sigma^2}} = \frac{\partial^2 g(x)}{\partial x^2} \quad (\text{II.27})$$

Donc, $DOG(x)$ est la dérivée seconde de $g(x)$ si σ et σ_i sont voisins.

L'objectif est de réaliser un opérateur différentiel à bande étroite. En étudiant le filtre DOG, on observe que la bande passante est pratiquement constante pour un rapport $\sigma/\sigma_i < 1.6$. Sachant que le gain croît quand σ/σ_i augmente, on choisit pratiquement σ/σ_i voisin de 1,6.

b.2 Opérateur de Huertas-Médioni

Huertas et Médioni [65] proposent un filtre qui est une décomposition en filtres séparables de l'opérateur Laplacien d'une gaussienne $\Delta g(x, y)$.

$$\frac{1}{g} \left(2 - \frac{x^2 + y^2}{\sigma^2} \right) e^{-\frac{x^2 + y^2}{2\sigma^2}} \quad (\text{II.28})$$

Où, g_0 est un coefficient de normalisation.

$\Delta g(x, y)$ peut s'exprimer sous la forme :

$$\Delta g(x, y) = g_1(x)g_2(y) + g_2(x)g_1(y) \quad (\text{II.29})$$

Avec :

$$g_1(x) = \frac{1}{\sqrt{2}g_0} \left(1 - \frac{x^2}{\sigma^2} \right) e^{-\frac{x^2}{2\sigma^2}} \quad (\text{Dérivée seconde d'une gaussienne}) \quad (\text{II.30})$$

Et :

$$g_2(x) = \frac{1}{\sqrt{2}g_0} e^{-\frac{x^2}{2\sigma^2}} \quad (\text{II.31})$$

L'implantation de ces filtres est faite sous forme de filtres numériques à réponse impulsionnelle finie à coefficients entiers.

c) Opérateurs optimaux

L'opérateur de Sobel introduit une pondération au niveau des moyennes locales calculées de chaque côté du pixel central. Plusieurs travaux ont cherché à optimiser cette pondération. Canny a proposé en 1983 trois critères de bonne détection de contours [21] :

- Robustesse au bruit ;
- Bonne localisation ;
- Faible multiplicité des maxima dus au bruit.

En supposant qu'un contour peut se modéliser comme un échelon perturbé par un bruit blanc additif, Canny a traduit chaque critère en termes mathématiques, ces critères sont utilisés ensuite pour optimiser le filtre de lissage $f(x)$ et le filtre différentiel correspondant :

$$g(x) = \frac{\partial f(x)}{\partial x} \quad (\text{II.31})$$

L'optimisation de la robustesse au bruit et de localisation, sous la contrainte d'une distance moyenne minimale entre les réponses multiples, a donné un filtre différentiel g qui ressemble à la première dérivée d'une gaussienne [9].

II.3.b.3 Les méthodes morphologiques

Les approches morphologiques permettent de détecter les contours via des opérations de morphologie mathématique. Ces dernières ont été développées à l'école des Mines de Paris Tech, entre 1964 et 1968, par Georges Matheron et ont été promues plus tard par Jean Serra.

Initialement, les développements de cette branche mathématique ont été utilisés pour résoudre les problèmes industriels, surtout dans le but de répondre à des problèmes liés à l'exploitation minière. Puis, ces développements ont apporté une contribution importante qui a été inspirée par divers problèmes dans les domaines suivants : biologiques, l'imagerie médicale, le multimédia, ... etc.

Le domaine d'analyse des images en constitue un de ses principaux champs d'application grâce à un ensemble d'outils fournis comme la quantification, le filtrage, la modélisation et la segmentation d'images. Les méthodes de segmentation morphologiques reposent sur l'étude des ensembles et permettent d'analyser les structures géométriques (taille, forme...) et les caractéristiques des objets dans l'image grâce à utilisation des opérations morphologiques élémentaires qui sont deux concepts : l'érosion et la dilatation [27].

Par définition, une image binaire (I) est représentée par un ensemble S de sites s correspondant aux pixels ; notons X un sous-ensemble de l'ensemble S et B un élément structurant. Notons B_s tel que $s \in S : B_s = \{b + s/b \in B\}$, le translaté de s par b .

a. La soustraction et addition de Minkowski

La soustraction et addition de Minkowski de l'ensemble X par l'ensemble Y est définie par les relations suivants :

$$\text{La soustraction } X \ominus Y = \bigcap_{y \in Y} X_y \quad (\text{II.32})$$

$$\text{L'addition } X \oplus Y = \{x + y, x \in X, y \in Y\} \quad (\text{II.33})$$

b. Les Opérations d'Erosion et Dilatation

Une opération de dilatation sur l'image consiste à faire passer l'élément structurant B , changer la valeur de l'ensemble des pixels S et garder tous les pixels $s \in S$ satisfaisants la condition de l'intersection (si le résultat de la convolution de S avec I est supérieur à une valeur prédéterminée). La dilatation du sous ensemble X par l'élément structurant B notée $\delta_B(X)$ est définie par l'équation suivant : $\delta_B(X) = \{s \in S/B_s \cap X \neq \emptyset\}$.

Comme pour la dilatation, l'opération d'érosion mathématique sur une image par l'élément structurant B notée $\varepsilon_B(X)$ est définie par $\varepsilon_B(X) = \{s \in S/B_s \subset X\}$. Il s'agit dans cette situation de satisfaire la condition d'inclusion.

c. Dilatation conditionnelle

L'opération de dilatation est utilisée avec une condition posée qui consiste à prendre en considération les pixels qui sont à 1 (allumés) dans une image complète sur laquelle l'opération de dilatation est conditionnée, ces pixels vont être allumés (mis à 1) par l'opération de dilatation. Cette approche est équivalente à masquer le résultat de la dilatation par une autre image.

d) Ouverture et fermeture

Une opération d'ouverture mathématique consiste à appliquer une opération d'érosion suivie par une dilatation conditionnelle afin de faire un masque avec le résultat de l'érosion avec le même élément structurant. L'opération de fermeture quant à elle, est une opération de dilatation suivie par une érosion avec toujours le même élément structurant appliqué sur l'image [71].

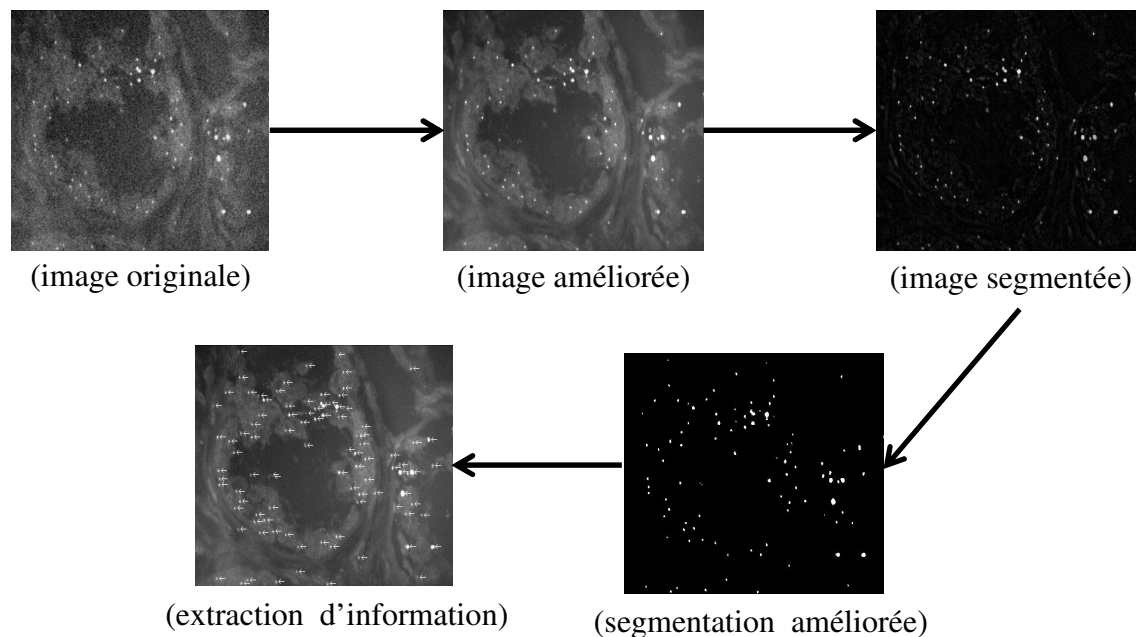


Fig. II.4 – La morphologie mathématique peut servir dans différentes étapes du traitement d'images.

II.3.b.4 Les méthodes markoviennes

Le modèle des champs de Markov consiste à fournir un modèle mathématique permettant de prendre en compte les différents niveaux d'interprétation. Dans les premiers travaux, les chercheurs ont utilisé ce modèle dans un cadre Bayésien qui consiste à construire un modèle nommé a priori portant sur le processus estimation (ou à reconstruire) et un modèle de déformation ayant conduit à l'observation faite. L'inconvénient principal dans utilisation

des champs de Markov est le temps de calcul qui est liés à la complexité de la tâche à effectuer plus qu'à l'approche stochastique elle-même et à la forme de l'énergie utilisée. Ces temps permettant de calculer les estimateurs des processus recherchés dans la chaîne de processus de segmentation [15]. Des applications différentes de ce modèle ont été utilisées en vision par ordinateur [24], surtout dans le cas de détection de contours, citées par exemple dans [25].

II.3.c. L'approche de détection de similarité

Les méthodes par approche régions consistent à regrouper et détecter les zones des pixels selon les propriétés d'homogénéité de chaque zone afin de vérifier un critère de similitude et d'homogénéité et leur attribuer une même étiquette. Parmi les techniques par approche régions, on distingue les méthodes de la classification, de la division-fusion et de la croissance de régions. Nous divisons les méthodes de segmentation par approche région en quatre catégories :

- ❖ Croissance de régions
- ❖ Fusion de régions
- ❖ Division de régions
- ❖ Division-fusion (Split and Merge)
- ❖ Les méthodes Markoviennes

II.3.c.1 Croissance de régions

La segmentation par croissance de régions, nommée en anglais Region Growing, est une méthode de segmentation qui demande au départ de définir un point appelé point de graine (point amorce (seed)) et on l'étend en ajoutant les points de la frontière de région d'intérêt, puis on les regroupe suivant un critère d'homogénéité. Si ce dernière critère est local c'est-à-dire la valeur du pixel candidat est comparable à celle des pixels de la frontière ; c'est ce qu'on appelle la méthode linéaire. Le point amorce peut être choisi manuellement soit par un opérateur, ou soit de manière automatique à condition d'éviter les zones de fort contraste (gradient important) afin d'extraire tous les pixels connectés au point de graine initiale avec la même valeur d'intensité. Cette technique est utilisée en particulier pour la délimitation de structures petites et simples, tels que les lésions et les tumeurs. Son inconvénient est qu'il exige l'interaction manuelle pour donner le point de graine. Ainsi, pour chaque région qui doit être extraite dans l'image, le point amorce doit être planté. L'accroissement de régions peut

être aussi sensible au bruit, cela à cause des régions extraites ayant des trous ou qu'elles deviennent, même, déconnectées [28].

II.3.c.2 Fusion de régions

La segmentation par fusion de région, nommée en anglais Merge, est une méthode de segmentation qui construit directement des régions d'image, contrairement à d'autres approches qui recherchent les frontières (discontinue) entre régions. Le principe de l'algorithme consiste à faire fusionner progressivement les régions connexes qui vérifient des critères appropriés qui sont détaillés dans, en partant d'abord d'un état initial où chaque pixel de l'image constitue une région élémentaire. Cette technique est employée dans le cas où l'image contient des régions dont l'homogénéité n'est pas vérifiée. Il y a deux types d'algorithmes [30] : 1) le premier appelé segmentation progressive consiste à fusionner lors du balayage de l'image que, seulement, deux régions connexes, 2) et le deuxième nommé segmentation par priorité consiste lors du balayage de l'image à segmenter toutes les régions connexes qui satisfont les conditions retenues.

II.3.c.3 Division de régions (region splitting)

La segmentation par la division de région consiste à partitionner l'image entière en régions homogènes connexes selon un critère donné (la plus utilisée est le niveau de gris par exemple dans le cas des images médicales). Le principe de l'algorithme est de considérer l'image elle-même comme région initiale et utiliser ensuite les histogrammes des valeurs des caractéristiques dans cette région. Après, on détermine une valeur de seuil sur une caractéristique, qui par la suite sera divisée en sous-régions. Le processus de division est réitéré sur chaque nouvelle région (issue de la division) jusqu'à l'obtention de classes homogènes [29]. Le résultat peut être représenté sous forme d'un arbre appelé Quad-tree [31].

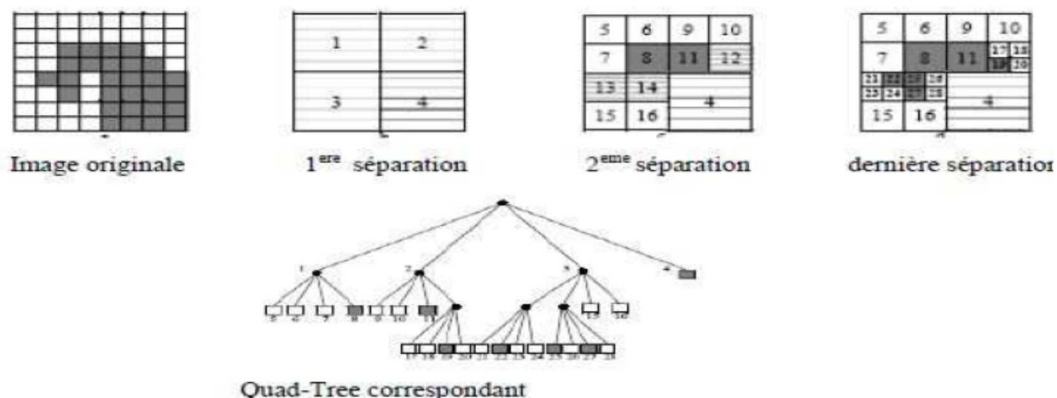


Fig. II.5 –Principe de la division de régions (division en 4 classes) [31].

II.3.c.4 La méthode de type division-fusion (Split and Merge)

Cette approche a été proposée pour la première fois en 1974 par les chercheurs Pavlidis et Horowitz [32] dans un cadre de segmentation, afin de pallier l'inconvénient de la sur-segmentation issue de la division de régions. Cette technique combine les deux approches décrites précédemment : 1) une phase de division de régions qui consiste de découper itérativement l'image jusqu'à avoir des petites régions homogènes contenant exclusivement des pixels similaires (une image divisée en plusieurs régions), 2) une phase de fusion intervient afin de corriger et améliorer le résultat obtenu par la première étape, en regroupant les régions connexes similaires. Ce procédé est répété jusqu'à l'obtention d'une bonne segmentation et les régions respectent un prédicat d'homogénéité. Le processus de segmentation employé est la structure pyramidale du Quad-tree. Lorsque l'étape de fusion est terminée, une phase supplémentaire est ajoutée dans le but d'examiner les classes adjacentes qui n'étaient pas au niveau similaire de la division (le Quad-tree) pour vérifier le critère d'homogénéité [33].

II.3.c.5 L'approche de type classification

La segmentation d'images par classification, qu'elle soit supervisée ou non supervisée, est issue du domaine de classification des données multidimensionnelles [33]. Elle permet de réaliser une partition de l'espace des intensités des pixels en un ensemble de classes, telle que chaque région rassemble des pixels connexes selon un ou des vecteurs de caractéristiques [38]. En plus, cette technique repose généralement sur les valeurs des pixels et ne considère que le vecteur de caractéristiques utilisé sans tenir compte de la disposition spatiale. Elles affectent à chaque pixel une étiquette précise indiquant la région à laquelle il appartient, et peuvent elles identifier ces classes qui sont présentes dans l'image. Par conséquent, les approches de segmentation par classification sont considérées comme étant des méthodes limitées. Jusqu'à maintenant, on ne trouve pas une technique de classification efficace qui peut s'appliquer à tout type d'image dans tout le domaine (médicale, satellitaire, ...etc) et donner un partitionnement final optimal le plus naturel possible [27]. Elles se différencient suivant deux critères, à savoir : 1) les approches basées sur la fonction de distance (par exemple distance euclidienne, distance de Bhattacharya, distance 1L ..., etc) afin de regrouper les pixels en des classes, 2) les approches basées sur la fonction objective avec pour but d'évaluer la qualité de la classification obtenue par la stratégie de regroupement [33].

Les techniques de classification peuvent être regroupées en deux catégories principales, on distingue : 1) la classification hiérarchique qui consiste à fournir une hiérarchie de partitions afin de créer une hiérarchie de classes (régions). Elle regroupe les approches descendantes, ascendantes et combinées. Dans ce type de classification, les objets (pixels) plus similaires sont regroupés dans des partitions aux plus bas niveaux, tandis que les objets moins similaires se rassemblent dans des partitions aux plus hauts niveaux, 2) la classification non hiérarchique (partitionnelle), le choix du nombre de classes (régions) a priori est nécessaire. Les classes sont appelées et étiquetées a posteriori. Dans cette méthode il n'y a pas de hiérarchie. On choisit les points d'initialisation parmi les points de nuage pris arbitrairement et au hasard, ils doivent être placés le plus loin possible les uns des autres, ou parmi les centroïdes d'une division préalable. Nous divisons la deuxième catégorie (partitionnelle) en deux types de classification :

- Classification dure : chaque élément (pixel) ne peut appartenir qu'à un groupe (classe) unique. Dans ce type de classification, l'image à segmenter est supposée être une réalisation $Y = y$ du champ Y et la segmentation recherchée est une réalisation invisible $X = x$ du champ X . Chaque Y_s est à valeurs \mathbb{R}^d , avec d nombre naturel, et en segmentation classique.
- Classification floue : chaque élément (pixel) appartient simultanément aux éléments de l'ensemble discret à K éléments. Ce modèle de classification combine à la fois deux termes : l'imprécision et l'incertitude [39] :
 - ❖ Le concept de modèle «flou» modélise le terme imprécision portant sur l'appartenance d'un pixel à une partition de l'image. Il suppose qu'il peut être impossible de choisir la partition d'appartenance avec précision ;
 - ❖ Le concept de modèle «probabilité» prend en compte l'incertitude sur la classification des éléments (pixel) [32][34]. Il suppose que l'élément est clairement identifié, mais les données traitées sont bruitées.

II.3.c.5.a Méthodologie de la classification

La procédure de classification comporte deux phases fondamentales [34] : 1) une phase d'apprentissage permettant de construire une règle de décision, soit en élaborant une frontière, soit à partir d'un modèle, et de déterminer les paramètres discriminants (comme la moyenne et variance) ; ces dernières sont capables de caractériser chaque partition d'objets. 2)

une phase de reconnaissance au cours de laquelle on affecte à une classe chacun des objets inconnus (pixels) dans l'espace de représentation recherché durant la phase d'apprentissage. Parmi les méthodes de classification, nous pouvons citer quelques techniques :

- La méthode des nuées dynamiques (K-means).
- La classification floue.
- Les méthodes neuronales.
- La classification basée sur Machines à Support Vecteurs (SVM).
- La classification Bayésienne.
- ...etc.

II.3.c.5.a.1 la méthode des nuées dynamiques

Les approches des nuées dynamiques sont très souvent employées pour leur rapidité en temps, leur facilité d'implantation et leur simplicité de calcul. Permis ces méthodes, nous citons par exemple la méthode des K-moyennes ou nommée algorithme des centres mobiles [72]. C'est une technique basée sur le regroupement (clustering) de pixels ou de points d'une manière itérative en fonction d'une métrique d (distance euclidienne, ou distance de Bhattacharya, ou distance 1L ...). Initialement, on choisit la position des centres des classes au hasard parmi les pixels de l'image et ils doivent être placés le plus loin possible les uns des autres de façon à optimiser l'algorithme. L'observation est partitionnée en plusieurs sous-régions (groupes) tels que les éléments d'une même région soient les plus proches possibles et connecté par une caractéristique, c'est la métrique d (il minimise la somme des distances entre chaque objet et le centroïde de son cluster) et ceux de régions différents soient les plus différents possibles.

II.3.c.5.a.2 La classification floue

Les approches floues ont été employés avec succès à l'application de classification d'images dans un cadre déterministe [13][48]. Le principe de cette approche est d'attribuer un élément (pixels) à classer non pas à un groupe mais à tous les groupes avec un certain degré. La logique floue a été proposé par Lukasiewicz en 1920, possèdent trois valeurs de vérité suivantes : "vrai", "faux" et "doute". Ces valeurs ont été représentées par l'ensemble $\{0, 1, 0.5\}$, et ont été ensuite étendues à l'intervalle $[0,1]$. Toutefois, Zadeh [34] qui a inventé l'idée d'appartenance partielle d'un élément à plusieurs classes, a formellement introduit la logique floue. Ce modèle de classification est basé sur la théorie des sous-ensembles flous du domaine

de l'algèbre abstraite. Il consiste à modéliser le langage naturel et de gérer les deux facteurs l'incertain et l'imprécis. Pour modéliser ce type d'approche, certains auteurs ont appliqué des méthodes de classifications fondées sur la théorie des ensembles flous dont l'idée initiale a été inventée par Lotfi Zadeh [34] en 1965. Cette théorie repose sur la notion de degré d'appartenance afin de représenter l'imprécision relative à certaines classes d'objets. Dans image, ce degré d'appartenance est une valeur qui exprime l'appartenance incertaine d'un pixel à une région. Ce dernier se situe dans l'intervalle $[0,1]$ et les classes obtenues ne sont pas forcément disjointes. Ce type de classification autorise le chevauchement des régions. Une classification non floue peut être obtenue par affectation de chaque pixel à la classe pour laquelle son degré d'appartenance est maximal. Ces techniques font principalement l'objet essentiel de notre étude et notre comparaison, nous y reviendrons plus en détail dans le chapitre III.

II.3.c.5.a.3 Les méthodes neuronales

Comme nous l'avons indiqué plus haut, classer un ensemble d'objets (points), c'est attribuer à chacun une classe parmi plusieurs classes définies à l'avance qui ont des propriétés similaires, mesurées sur des observations. Les réseaux de neurones artificiels sont des classificateurs non paramétriques. Ils ont été très employés avec succès dans un certain nombre d'applications telles que le traitement du signal, la reconnaissance de formes, l'apprentissage par l'exemple, la généralisation, la mémorisation et dans le domaine de la classification d'images en télédétection. Ces modèles sont capables d'agir comme des classificateurs. En effet, la première application industrielle des réseaux de neurones étaient relatives à la reconnaissance de formes qui a été proposée par [35]. Un algorithme qui réalise automatiquement une classification est nommé classifieur. La puissance de ces modèles tient non pas dans le terme de la capacité de calcul, mais précisément dans le nombre de leurs interconnexions et en plus dans le parallélisme de l'algorithme. Ce sont des réseaux de traitement de façon parallèle (processeurs élémentaires fortement connectés fonctionnant en parallèle) où leurs nœuds d'implantation simulent un apprentissage biologique. J. Mc Culloch et W. Pitts en 1943 [37] sont les premiers qui ont proposé une modélisation du neurone au comportement simplement binaire comme un neurone biologique. Ils ont montré que des modèles réseaux de neurones formels peuvent réaliser des fonctions arithmétiques et logiques. Le type de modèle le plus commun de neurone biologique se présente comme une cellule dont le corps est doté de deux types de prolongements [36] comme indiqué la **Fig. II.6** :

- Les dendrites : buissonnantes et avec des ramifications courtes.
- L'axone : Une longue fibre qui se finit par une arborisation.

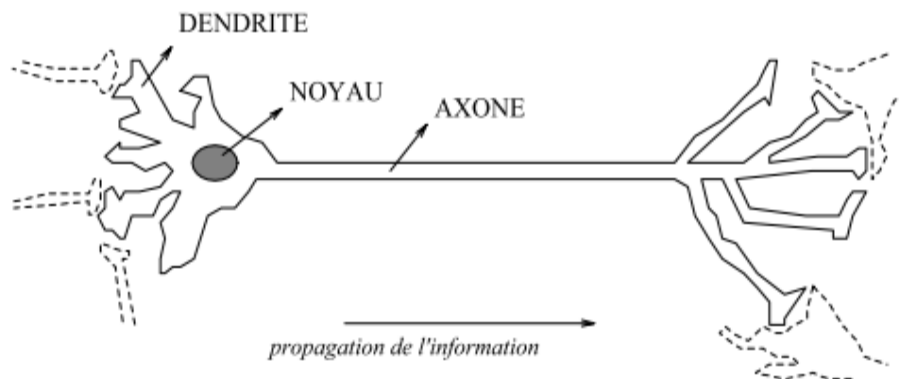


Fig. II.6 – *Le neurone biologique* [36].

Chacun de ces nœuds qui se trouvent dans ces modèles est capable d'exécuter des calculs élémentaires. Il réalise des tâches de calcul par l'adaptation du poids w , abréviation de weight (poids en anglais) assignés aux connexions entre nœuds (représentatif de la force de la connexion) [35].

Les réseaux de neurones artificiels sont construits sur une structure de type paradigme pour une machine d'apprentissage et peuvent être utilisés dans une variété de voies comme l'application en imagerie médicale telles que l'analyse d'images (segmentation, classification, ...). L'utilisation la plus largement appliquée sur image est celle d'un classificateur où les poids w (weight) sont déterminés en employant des données d'apprentissage. Ensuite, le réseau neuronal est alors utilisé pour segmenter de nouvelles données.

Parmi les applications de ce modèle sur les images, nous citons le cas de la classification supervisée de textures ; cela consiste à prédéfinir les classes (par exemple : terre, habitations, ciel, ...) où l'on dispose *a priori* d'échantillons représentatifs de ces textures. Il existe des méthodes de classification non-supervisée qui segmentent une image en régions connexes comme une méthode de cluster aussi bien que des modèles déformables. À cause de beaucoup d'interconnexions employées dans un réseau neuronal, l'information spatiale peut facilement être incorporée dans ses procédures de segmentation [12].

II.3.c.5.a.4 La Machine à Supports Vecteurs (SVM)

La technique des machines à support vecteurs appelée aussi séparateurs à vaste marge, en anglais support vector machine (SVM) [40], est une technique d'apprentissage statistique

non-linéaire élégante qui consiste à chercher la séparation optimale entre deux classes. Elle se base sur une référence théorique solide reposée sur le principe de maximisation de la marge, ce qui lui confie une grande capacité de généralisation [41]. Elle utilise des classificateurs qui se basent sur deux idées et qui permettent de traiter des problèmes de discrimination non linéaire, c'est-à-dire décider à quelle classe appartient un échantillon, ou de régression, et de réécrire le problème de classement comme un problème d'optimisation quadratique [43]. En effet, les méthodes SVM emploient un noyau (simple fonction analytique), ou une combinaison de deux ou plusieurs noyaux simples à intégrer, afin de linéariser les données observées et obtenir un hyperplan séparant les partitions. Cette approche est souple d'emploi notamment grâce à la construction de noyaux spécifiques et particuliers à une problématique posée mais elle reste supervisée. D'autre part, les algorithmes génétiques [42] sont des approches d'optimisation possible reposant sur la théorie de l'évolution biologique. Elles peuvent explorer un très grand espace de solutions et leur but est d'obtenir une solution minimisant une fonction d'erreur (fonction d'adaptation) par une série de croisements, de mutations des individus constituant la population. Ces individus qui permettent de minimiser la fonction d'erreur sont conservés tandis que ceux ne s'adaptant pas au problème sont éliminés lors d'une étape de sélection. Les recherches ont été concentrées durant la dernière décennie sur l'adaptation de la technique à des problèmes particuliers non résolus tel que le clustering et la détection des nouveautés ainsi que sur l'amélioration continue de ses performances (parallélisation et optimisation) et son application dans différents domaines tels que l'imagerie (la reconnaissance des visages, des textes manuscrits), la parole, la biologie, les banques, ... etc.

II.3.c.5.a.5 La classification Bayésienne

Les méthodes statistiques et les modélisations probabilistes telles que l'approche de la classification Bayésienne est un moyen de la classification dure généralement retenu [72]. Elles bénéficient d'un large succès dans les problèmes liés au traitement d'images. Ces techniques reposent sur la théorie de Bayes représentant un fondement théorique pour les approches statistiques de résolution des problèmes de classification. Le problème de la classification Bayésienne consiste à estimer le champ «invisible» non observable Z du champ observé Y . La loi du couple (Z, Y) est donnée par la probabilité *a priori* $p(z)$ et la loi de Y conditionnelle $p(y|z)$. Z est dans la plupart des cas mieux décrit par un modèle markovien, ce qui permet une prise en compte du contexte spatial pour aboutir à des classifications plus

régulières et les chaînes de Markov cachées, ou en considérant d'autres hypothèses dans le cas flou telles qu'elles seront vues pour les cas suivants [39, 175, 180]. Par exemple, on peut utiliser le critère de probabilité postérieure des étiquettes maximales et rechercher une meilleure configuration qui maximise la probabilité $p(Z = z|Y = y)$. La règle de Bayes permet d'écrire :

$$p(Z = z|Y = y) = \frac{p(Z = z|Y = y)p(Z = z)}{p(Y = y)}$$

(II.34)

II.3.d. Autres méthodes de segmentation

Il existe de nombreuses autres méthodes de segmentation. Parmi eux, nous citons : une série de techniques dérivées des modèles neuronales dans le but de classifier les données de façon non-supervisée. Par exemples le cas des réseaux de Kohonen [43] et des algorithmes ART (Adaptive Resonance Theory) [44] permettant d'organiser d'une manière automatique les connaissances en structure afin de résoudre le problème de combinaison (stabilité-plasticité). Le premier terme la stabilité qui correspond à la capacité du système à organiser les données en structure, et le deuxième terme la plasticité qui correspond à la capacité du système à appréhender et maîtriser des nouvelles données traitées. D'autres techniques ont été proposées par les chercheurs [45] se basant sur la morphologie mathématique telle que les opérateurs dérivés des fermetures et ouvertures morphologiques. Ces techniques ne prennent pas en considération le bruit de l'image, pouvant être porteur d'information, qui est filtré dans une phase préalable dans le processus de segmentation.

Les récents progrès de l'apprentissage automatique, en anglais Machine Learning, en particulier de l'apprentissage profond plus précisément «apprentissage approfondi», en anglais (deep learning, deep structure de learning, hierarchical learning), permettent d'identifier, de classer et de quantifier les images médicales. A l'essence de ces avancées se trouve la capacité d'exploiter des représentations de caractéristiques hiérarchiques apprises uniquement à partir de données, plutôt que des caractéristiques conçues à la main en fonction de connaissances spécifiques à un domaine. Ces modèles ont permis des progrès importants et rapides par rapport à d'autres techniques de segmentation. Ils permettent d'améliorer les performances et leurs succès est réel en ce qui concerne l'enregistrement d'images, la détection de structures anatomiques et cellulaires, la segmentation tissulaire, le diagnostic et le pronostic des maladies assistées par ordinateur, ... etc.

La représentation éparses (fragmentée), en anglais «Sparse Representation» ou les méthodes d'apprentissage de dictionnaire, en anglais «Dictionary Learning» qui ont été décrites dans la littérature trouvent encore des schémas informatifs ou des régularités inhérentes aux données avec une architecture peu profonde, limitant ainsi leur pouvoir de représentation. Cependant, l'apprentissage approfondi a surmonté cet obstacle en intégrant l'étape d'ingénierie des caractéristiques dans une étape d'apprentissage [76]. En d'autres termes, au lieu d'extraire manuellement les caractéristiques, l'apprentissage approfondi n'exige qu'un ensemble de données avec un prétraitement mineur, si nécessaire, puis découvre les représentations informatives de manière autodidacte [77] [78]. Par conséquent, le fardeau de l'ingénierie des fonctionnalités est passé de l'homme aux ordinateurs, permettant aux non-experts en apprentissage automatique d'utiliser efficacement l'apprentissage en profond pour leurs propres recherches et/ou applications, notamment dans l'analyse d'images médicales.

Le succès de ce modèle d'apprentissage approfondi est dû principalement aux facteurs suivants. Parmi eux, on peut citer : (a) des avancées dans les outils informatiques, les unités centrales de traitement de haute technologie et les unités de traitement graphique (GPU) pour paralléliser massivement les calculs au moment de l'apprentissage, (b) la disponibilité d'une énorme quantité de données (c'est-à-dire des données volumineuses), (c) l'évolution des algorithmes d'apprentissage [79]. Techniquement, l'apprentissage approfondi peut être considéré comme une amélioration par rapport aux réseaux de neurones artificiels classiques en ce sens qu'il permet la construction de réseaux à plusieurs (plus de deux) couches. Les réseaux de neurones profonds peuvent découvrir des représentations d'entités hiérarchiques telles que des entités de niveau supérieur puissent être dérivées d'entités de niveau inférieur [78]. Ces techniques permettent aux représentations hiérarchiques d'être apprises uniquement à partir de données, l'apprentissage approfondi a permis d'obtenir des performances record dans diverses applications d'intelligence artificielle [80] et de grands défis [81]. En particulier, l'amélioration de la vision par ordinateur a incité à l'apprentissage approfondi dans l'analyse d'images médicales, comme la segmentation de l'image [82], l'enregistrement d'images [83], la fusion d'images [84], l'annotation d'image [85], le diagnostic assisté par ordinateur (CADx), le pronostic [86], la détection des lésions/tumeurs [87] [88] et l'analyse microscopique de l'image [87] [89].

Les deux catégories de segmentation présentées précédentes sont complémentaires et aucune approche n'a prouvé sa performance et sa supériorité par rapport à l'autre, chacune

ayant des avantages et les inconvénients dans divers domaines d'application. Parmi eux, nous pouvons citer :

	Les avantages	Les inconvénients
Les segmentations par approche contour	<ul style="list-style-type: none"> - Rapidité de la segmentation ; - Précision de la segmentation. 	<ul style="list-style-type: none"> - Existence de faux contours ; - Les contours ne sont généralement pas fermés.
Les segmentations par approche régions	<ul style="list-style-type: none"> - La fermeture des contours ; - La densité de l'information extraite. 	<ul style="list-style-type: none"> - Les régions ne correspondent pas toujours aux objets contenus dans l'image ; - Les limites des régions sont généralement imprécises.
le seuillage	<ul style="list-style-type: none"> - Faciles à mettre en œuvre et à utiliser. 	<ul style="list-style-type: none"> - ils ne font aucune hypothèse sur la forme des régions segmentées. - ils ne prennent pas en compte les informations spatiales entre les intensités susceptibles d'aider le processus de segmentation.

TAB. II.1 – *L'avantages et les inconvénients des catégories des méthodes de segmentation dans divers domaines d'application.*

II.4. Quelques applications médicales des techniques segmentations

De nombreuses techniques de segmentation automatiques ou semi automatiques ont été appliquées dans plusieurs domaines, nous pouvons citer, 1) la segmentation des structures cérébrales, plus précise sur l'évaluation d'anomalies cérébrale [46] et sur l'étude d'entités pathogènes [47]. En plus, ils sont passés par le mapping d'activations fonctionnelles profondes sur l'anatomie cérébrales [48], et encore en neurochirurgie [49], l'étude des pathologies comme la maladie de parkinson [50], l'hydrocéphalie [51] et la schizophrénie [52]. D'autres applications ont été proposées dans la littérature dans le but d'identifier et de mieux interpréter les structures ou les lésions d'intérêt en déformant les images, des atlas ou des références de forme à l'aide de déformations élastiques non-linéaire [52][53] ou de modèles déformables [54]. Ce type de méthode a conduit à des résultats très efficace lorsqu'il s'agit d'opérer dans le cas de petites déformations locales, mais il donne aussi de très faible résultats dans le cas de grandes déformations [55], de trop petites structures ou de faibles contrastes

des lésions à segmenter. Les inconvénients de ces approches sont souvent coûteux à mettre en œuvre. Il existe d'autres techniques basées principalement sur des algorithmes qui reposent sur des règles [56][57], des approches de traitements d'images (la technique de morphologie mathématique [58], analyse d'histogramme [59], croissance de régions contrôlée [14], réseaux de neurones, champs de Markov [60], algorithmes de classification [61]) ou des coopérations d'approches [62]. Finalement, il y a des approches en segmentation de structures qui se basent sur la détection et le tracé manuel du contour des régions d'intérêt dans une image, guidé [63] ou non [64].

D'après les travaux présentés dans le **TAB. II.2** que nous avons examiné et résumé les principales caractéristiques de certains algorithmes TEP avancés représentatifs et de leur évaluation respective au niveau de la précision, de la robustesse, évaluation de la répétabilité. En plus, la plupart des algorithmes existants reposent d'abord sur l'identification de la tumeur, par l'utilisateur qui dessine un volume d'intérêt (VOI) autour de la tumeur à délimiter [64]. Certains des algorithmes ont été appliqués à la segmentation d'images TEP. Un exemple est l'utilisation d'un modèle multi-résolution appliqué à la décomposition en ondelettes des images TEP dans un cadre de champ de Markov [23]. Une autre méthode est un mélange de distributions gaussiennes pour la classification sans modélisation spatiale [96]. Bien que ces modèles soient robustes pour les distributions bruitées de voxels (chaque voxel a une étiquette attribuée, mais son observation est bruitée), ils ne prennent pas explicitement en compte l'imprécision des données acquises (un voxel donné peut contenir un mélange de différentes classes). Par conséquent, ils n'incluent pas la modélisation de la nature floue des images TEP. Par conséquent, pour être appliqués efficacement aux images TEP, qui sont non seulement intrinsèquement bruitées mais aussi floues en raison de l'effet de volume partiel (PVE), des modèles plus récents peuvent être utilisés qui permettent la modélisation de l'imprécision dans le cadre statistique, en utilisant une combinaison de classes «dures» et d'une mesure floue. Dans un tel modèle, l'image réelle, X ne prend pas ses valeurs dans un nombre défini de classes, mais dans un intervalle continu $[0,1]$: la mesure floue de Lebesgue étant associée à l'intervalle ouvert $(0,1)$ et au mesure de Dirac associée à $\{0\}$ et $\{1\}$ [113]. Un tel modèle a été proposé en utilisant les chaînes de Markov et les champs [116] et en utilisant également des voisinages locaux sans modélisation markovienne. Ces modèles conservent la flexibilité et la robustesse par rapport au bruit, avec la possibilité supplémentaire de traiter des distributions plus complexes, en raison de la présence de classes dures et floues dans les images. La méthode floue localement adaptative bayésienne (FLAB) tire parti de ce modèle [177], qui

avait été proposé dans le cadre des chaînes de Markov [183]. De plus, la modélisation FLAB a été étendue pour prendre en compte les distributions d'absorption hétérogènes en considérant trois classes et leurs transitions floues associées au lieu de seulement deux classes et une transition floue. Le modèle FLAB étendu a été validé sur des acquisitions fantômes et des tumeurs simulées, ainsi que sur des ensembles de données cliniques [183].

Réf (s)	Segmentation D'images	Interaction de l'utilisateur ¹	Étapes de pré et post-traitement	Application visée ²	Données de validation et vérité terrain ³	Évaluation sur des tumeurs réalistes : la précision ⁴ , la robustesse ⁵ , de la répétabilité		
Tylski et al. 2006 ⁹⁰	Ligne de partage des eaux (Watershed)	Std+placement de plusieurs marqueurs	Aucune	Globale	PA(1): Vol. and CiTu images	Non	Non	Non
Werner-Wasik, et al.2012 ⁹¹	Basé sur gradient	Std+initialisation à l'aide de diamètres tracés.	Inconnue	Globale	PA(5): Diam. 31 MCST: Vol.	Oui	Oui	Oui
Geets, et al.2007 ⁹²	Basé sur gradient	Std+initialisation	Étapes de débruitage et de déconvolution	Globale	PS(1) and PA(1): Vol. + Diam. 7 CiTuH: Complete	Non	Non	Non
El Naqa, et al.2008 ⁹³	AT+Contours actifs	Std+plusieurs paramètres à régler	Aucune	Globale	PA(1): Vol. 1 CiTu - Ø	Oui	Non	Oui
El Naqa, et al.2007 ⁹⁴	Contours actifs multimodaux (PET / CT)	Std + initialisation de la forme du contour, sélection des poids	Normalisation et enregistrement des images TEP et CT, déconvolution des images TEP.	Définition GTV sur PET / CT	PA(1): Vol. 2 CiTu: MC(1), FT	Oui	Non	Non
Dewalle-Vignion, et al.2011 ⁹⁵	Théorie des possibilités appliquée aux projections MIP	Std	Aucune	Globale	PA(1): Vol. 5 MCST: Vox. 7 CiTuH: Complete	Oui	Non	Non
Belhassen and Zaidi 2010 ²²	C-Means Fuzzy amélioré (FCM)	Interprétation a posteriori des classes résultantes dans la segmentation de l'image	Débruitage, décompositions en ondelettes	Globale	AST: Vox. 21 CiTuH: Diam. 7 CiTuH: Complete	Oui	Non	Non
Aristophanous, et al. 2007 ⁹⁶	Modélisation de mélanges gaussiens sans contraintes spatiales	Std + initialisation du modèle et sélection du nombre de classes	Aucune	Tumeurs pulmonaires	7 CiTu: Ø	Non	Non	Oui
Montgomery, Et al.2007 ²³	Segmentation de champ de Markov à plusieurs échelles	Interprétation a posteriori de la segmentation résultante sur l'image entière	décompositions en ondelettes	Globale	PA(1) : Vol. 3 CiTu: Ø	Non	Non	Non
Hatt, et al.2007 ¹⁸³	Chaînes de Markov floues et cachées	Std	Aucune	Global	PS(1) and PA(2): Vox.	Non	Non	Non

Hatt, et al. 2009 ¹⁷⁷ , 2010 ¹⁸⁰ , 2011 ¹⁹¹	Fuzzy locally adaptive Bayesian	Std	Aucune	Globale	PS(1) and PA(4): Vox. 20 MCST: Vox. 18 CiTuH: Diam.	Oui	Oui	Oui
Day, et al. 2009 ⁹⁷	Région en croissance basée sur la moyenne et l'écart-type de la région	Std + optimisation sur chaque scanner	Aucune	Tumeurs rectales	18 CiTu: MC(1)	Non	Non	Non
Yu, et al. 2009 ⁹⁸ Markel, et al. 2013 ⁹⁹	Arbre de décision construit sur la base de l'apprentissage des caractéristiques de texture PET et CT	Interprétation a posteriori de la segmentation résultante sur l'image entière	Apprendre à construire l'arbre de décision	Définition GTV de H&N et tumeurs pulmonaires	10 CiTu: MC(3) 31 CiTu: MC(3)	Non	Non	Non
Sharif, et al. 2010 ¹⁰⁰ , 2012 ¹⁰¹	Réseau neuronal	Interprétation a posteriori de la segmentation résultante sur l'image entière	Apprendre pour construire le réseau neuronal	Globale	PA(1): Vol. 3 AST: Vox. 1 CiTuH: Diam.	Non	Non	Oui
Sebastian, et al. 2010 ¹⁰²	Décalage sphérique moyen	Std	Rééchantillonnage dans un domaine spatial différent	Globale	280 AST: Vox.	Non	Non	Non
Janssen, et al. 2009 ¹⁰³	Classification des voxels basée sur la courbe temps-activité	Std+Initialisation et choix du nombre de classes	Uniquement sur les étapes d'imagerie dynamique, de débruitage et de déconvolution	Tumeurs rectales en imagerie dynamique	PA(1): Vol. + Diam. 21 CiTu: MC(1)	Non	Non	Non
Bernardi, et al. 2010 ¹⁰⁴	Combiné avec PVE (image reconstruction)	Std + initialisation	Modèle PSF du scanner et accès aux données brutes obligatoire	Globale	PA(1): Vol.	Non	Oui	Non
Bagci, et al. 2013 ¹⁰⁵	Marche aléatoire multimodale	Std	Enregistrement d'images multimodales	Global pour PET / CT ou PET / MR	77 CiTu: MC(3) PA(1)	Oui	Non	Non
Onoma, et al. 2014 ¹⁰⁶	Amélioration de la marche aléatoire	Std	Aucune	Globale	PA(1), 4 AST: Vox, 14 CiTu: MC(2)	Oui	Non	Non
Song, et al. 2013 ¹⁰⁷	Champ de Markov +Coupe (théorie des graphes)	Std	Aucune	Globale	3 CiTu: MC(3)	Oui	Non	Non
Hofheinz, et al. 2013 ¹⁰⁸	Seuillage adaptable localement	Std+ un paramètre à déterminer sur les acquisitions fantômes	Aucune	Globale	30 AST: Vox.	Oui	Non	Non
Abdoli, et al. 2013 ¹⁰⁹	Contours actifs	Std+ plusieurs paramètres à optimiser	Décompositions en ondelettes	Globale	1 AST: Vox. 9 CiTuH: Complete. 3 CiTuH: Complete 2 CiTuH: Complete	Non	Oui	Non
Mu, et al. 2015 ¹¹⁰	Ligne de niveau+ FCM de PET/CT	Std	Aucune	Spécifique au col de l'utérus	7 AST: Vox, 27 CiTu: MC(2)	Oui	Non	Non
Cui, et al. 2015 ¹¹¹	Coupe graphique améliorée avec la modélisation de la topologie	Std+ un paramètre précédemment optimisé	Registration de PET/CT	Spécifique aux tumeurs pulmonaires et TEP / TDM	20 PA(1), 40 CiTu(2)	Oui	Non	Non

Lapuyade-Lahorgue, et al. 2015 ¹⁷⁴	Generalized fuzzy C-means with automated norm estimation	Std	Aucune	Globale	PA(4): Vol. 34 MCST: Vox. 9 CiTu: MC(3).	Oui	Oui	Oui
Devic, et al. 2016 ¹¹²	Histogrammes de volume d'absorption différentielle pour identifier les sous-volumes biologiques cibles.	Sélection de trois ROI couvrant la zone averse de PET; itératif décomposition d'histogrammes d'absorption différentielle en plusieurs fonctions gaussiennes	Aucune	Isolement de sous-volumes biologiques induits par le phénotype du glucose spécifiques au NSCLC,	Aucune	Non	Non	Non
Berthon, et al. 2016 ¹¹³	Apprentissage basé sur l'arbre de décision utilisant neuf approches de segmentation différentes (croissance de région, seuils, FCM, etc.) dans le but de sélectionner la méthode la plus appropriée compte tenu des caractéristiques de l'image	Std	Aucune	Globale	85 NSTuP: Vox.	Oui	Non	Non
Schaefer, et al. 2016 ¹¹⁴	Consensus entre les contours de 3 méthodes de segmentation orienté contraste, théorie des possibilités, seuillage adaptatif) basé sur le vote majoritaire ou STAPLE	Std	Aucune	Globale	22 CiTuH; Complete 10 CiTu: MC(4) 10 CiTu: MC(1)	Oui	Non	Oui

TAB. II.2–Résumé des principales caractéristiques de certains algorithmes PET avancés représentatifs (liste non exhaustive) et de leur évaluation respective.

¹Std = interaction «standard» (c'est-à-dire que le volume métabolique d'intérêt est d'abord isolé manuellement dans une région d'intérêt qui est utilisée comme entrée pour l'algorithme.)

²Global = non spécifique à l'application.

³PA (x) = Fantôme (sphères) Acquisitions sur x scanners différents ; PS (x) = Fantôme (sphères) Simulations sur x scanners différents ; AST = tumeurs analytiquement simulées ; MCST = Monte Carlo Simulated Tumors; NSTuP =Tumeurs non sphériques simulées dans fantômes (inserts à paroi mince, fantômes imprimés, etc.). CiTu = Tumeurs cliniques ; CiTuH = tumeurs cliniques avec histopathologie ; FT = seuil fixe, AT = seuil adaptatif.

Vol. = volume uniquement ; Vox. = voxel par voxel ; Diam = diamètre maximal histopathologie ; Complete= reconstruction histopathologique 3D; MC (x) = contournage manuel par x experts;

Formes très hétérogènes et complexes, faibles contrastes et vérité de terrain rigoureuse.

⁴Nécessite plusieurs acquisitions sur différents systèmes et un grand nombre de paramètres.

⁵par rapport aux différents scanners et protocoles.

II.5. Conclusion

Dans ce chapitre, nous exposons la notion d'étiquetage et la diversité des techniques existantes dans la littérature. Nous donnons une idée sur la difficulté du problème de segmentation des images médicales. Les méthodes existantes peuvent être divisées en différentes catégories. Parmi les plus connues, on distingue : i) Les approches orientées contours et ii) Les approches orientées régions, en mettant l'accent sur la classification floue. Puis, nous nous sommes attelés aux méthodes Bayésiennes et aux méthodes qui respectent la cohérence spatiale des classes dans l'image. Enfin, nous avons terminé par présenter quelques applications de ces techniques dans les différents domaines.

L'objet du chapitre suivant sera donc de présenter la fusion d'images.

ETAT DE L'ART SUR LA FUSION D'IMAGE

Le chapitre III vise à établir un état de l'art des directions sélectionnées dans la littérature pour la fusion en imagerie médicale, en particulier une étude des différentes imperfections étudiées et apportées par la source dans les problèmes de fusion. A cet effet, nous commençons par présenter les applications médicales de la fusion de données et ensuite nous passons en revue les principales familles d'approches haute niveau et de bas niveau de fusion d'images d'une manière générale. Enfin, Nous terminons par quelques applications des approches de la fusion des images TEP multi-traceurs.

III.1. Introduction

L'imagerie médicale fournit des informations fonctionnelles quantitatives et objectives conduisant à la prise de décision sur les maladies. Certes le médecin spécialiste reste encore lecteur et arbitre, mais c'est les techniques informatiques et de traitements images qui révèlent l'anatomie. Les images médicales ont pour propriétés d'être très sensible au bruit et d'avoir une plus faible résolution spatiale. Ces défauts ont pour résultats respectifs d'induire la présence d'informations imprécises et incertaines dans les images ; c'est ce qu'on appelle imperfections de l'information. Pour cette raison, il est nécessaire de mettre à la disposition du corps médical un moyen de fusion de ces images et de segmentation. Notons que la qualité des résolutions des différentes images, entre elles ou acquises par un même système d'observation, s'exprime par les deux termes de résolution 'plus faible' ou 'plus élevée' [117].

Comme la haute résolution spatiale et la plus basse résolution spatiale des informations structurelles et anatomiques sont fournies par les images médicales différentes comme l'IRM, CT, et TEP ; le problème qui se pose ici devient celui d'une synthèse d'images médicales issues de plusieurs sources de différents types possédant la résolution spatiale la plus élevée disponible au sein du jeu de données. Un des intérêts essentiels de la technique de fusion d'informations est d'exploiter la complémentarité des informations entre les différentes images dans le but par exemple de quantifier les volumes de tissus ou de détecter des tissus tumoraux [118].

Le terme de fusion d'informations englobe de nombreuses définitions qui ont été disponibles dans la littérature. Il considère que la fusion de données est une combinaison d'informations pertinentes, redondantes, liées, obligatoires et ambiguës, permettant une interprétation plus et/ou moins incertaine [160]. En plus, les travaux qui ont été proposées par Piella et al. [119], Zheng et al. [120], Redondo et al. [121], Chen et Varshney [122], définissent la fusion image comme une combinaison d'informations pertinentes de deux images médicales placées en entrée, l'information nommé «information pertinente» dépendant de l'application cherchée [77]. Certains de ces chercheurs montrent des exemples réels d'images fournies par un même capteur mais caractérisées par des focales différentes. Ils considèrent la technique de fusion comme la synthèse d'une image entière qui serait focalisée en tout point (pixel ou voxel). Cette idée de fusion d'informations se retrouve dans le domaine

de l'imagerie médicale puisque des images radio, acquises par scanner de tomographie par émission de positons (TEP) ou encore par résonance magnétique nucléaire IRM, délivrent des images très différentes sur le corps humain [123]. La fusion d'informations qui a été proposé par Bloch et al. [124] consiste à combiner les informations pertinentes provenant de plusieurs sources afin d'améliorer la prise de décision sur les maladies. On veut combiner les informations pertinentes que va nous fournir la modalité TEP (Tomographie par émission de positons) et une IRM (image à résonance magnétique) [124]. En outre, le voxel lui-même est considéré comme une source d'information en raison de la dépendance spatiale entre les pixels ou les voxels voisins dans l'image. Il peut aussi être considéré qu'il existe de nombreuses sources de données qui interviennent dans le choix d'une classe pour un voxel dans son voisinage. La technique de fusion consiste à superposer les informations pertinentes issues de différentes sources pour l'aide au diagnostic. Cette définition de complémentarité des informations exige de ne pas prendre en considération des caractéristiques d'une seule source (capteur) en particulier [77].

C'est un des objectifs de notre thèse, nous nous intéressons à la fusion d'images médicales. Plus précisément, nous voulons combiner les informations pertinentes que va nous offrir le scanner TEP multi-traceurs (Tomographie par émission de positons).

III.2. Principe de la fusion

La fusion d'images, qu'elle soit disjonctive ou conjonctive, est un outil qui présente une exploitation conjointe des informations pertinentes issues de sources différents afin d'améliorer la prise de décision et d'obtenir une information de plus grande qualité [125]. Cette technique permet l'alliance d'informations issues de plusieurs relations spatiales provenant de l'origine [124].

La procédure de la fusion de données comporte principalement deux approches fondamentales [126] : i) l'approche «bas niveau» consiste à opérer une fusion à l'échelle de la petite unité (pixel ou voxel) qui constitue l'image, et ii) l'approche «haut niveau» permet d'extraire des objets de formes variées : primitives, linéiques, surfaciques ...etc, qui seront fusionnés. Mais d'après les auteurs dans [127], les techniques de fusion peuvent s'appliquer en trois phases différentes en fonction du travail recherché : soit à l'échelle d'unité (pixel ou voxel), soit après l'étape de segmentation au niveau des caractéristiques des objets de l'image,

soit dans la phase finale d'identification des objets extraits. En résumé, la technique fusion d'informations peut se diviser en trois étapes qui sont les suivantes [142] :

- i. Modélisation des informations dans un cadre théorique commun ;
- ii. Combinaison des informations provenant de la modélisation précédente ;
- iii. Prise de décision.

Dans notre travail, nous nous concentrons plus particulièrement sur l'étape (ii) et (iii) du processus de fusion avec pour but d'exploiter la complémentarité de l'information fonctionnelle de l'image TEP afin de faciliter la localisation et de préciser les volumes d'intérêts biologiques et physiologiques.

III.2.1 Les applications médicales de la fusion de données

Les applications médicales de la fusion peuvent être classés en quatre grandes catégories suivant la localisation de sites malins, l'évolution d'un patient et l'aide à la visualisation chirurgicale ; elles ont été citées en détail dans [5] : 1) la fusion intra sujet et intra modalité, 2) la fusion intra sujet et inter modalité, 3) la fusion inter sujet et 4) la fusion sujet et modalités.

III.2.1.1 La fusion intra sujet et intra modalité

Dans cette première catégorie, la fusion est réalisée entre différents ensembles de données provenant de la même modalité d'imagerie. À cette classe, les applications correspondent à trois objectifs cliniques majeurs [128].

❖ Le suivi dans le temps de modifications dans l'anatomie du patient. Par exemple, étudier l'évolution ou suivre la croissance d'une zone lésionnelle ou des tumeurs ou les effets pour la planification d'un traitement de radiothérapie.

❖ La comparaison entre les différents états. Par exemple en IRM fonctionnelle, les mesures d'activations fonctionnelles de cette modalité peuvent être réalisées par la comparaison statistique d'images acquises respectivement dans les phases successives de repos et d'activité [129].

❖ L'imagerie par soustraction. Dans ce contexte, la fusion se fonde sur le calcul d'une différence entre des images de la même modalité afin de faire une étude comparative acquises dans deux états différents sans ou avec traceur ou agent de contraste.

III.2.1.2 La fusion intra sujet et inter modalités

Cette deuxième série d'applications peut s'utiliser sur l'ensemble des données multi-modalité d'imagerie d'un même sujet. En plus, elle permet de bénéficier de la nature complémentaire des diverses modalités pour distinguer des zones anatomiques (cœur [130], thorax [131], foie ou abdomen ..., etc.). Par exemple, la complémentarité entre des données des deux modalités IRM et CT permet de faciliter la localisation anatomique conjointe des tissus mous et des structures osseuses [132].

III.2.1.3 La fusion inter sujets et intra ou inter modalités

Cette troisième série d'applications peut s'employer entre l'ensemble des données multi ou mono-modalité d'imagerie concernant des sujets différents. Les applications permettent ici d'étudier la variabilité fonctionnelle ou anatomique au sein d'une population de sujets traités (sujets patients ou sains). Dans la plupart cas, ce contexte de fusion d'image sert de cadre à des techniques de segmentation [133] qui reposent sur l'utilisation de modèles.

III.2.1.4 La fusion sujets et modalités

La dernière catégorie de fusion peut s'utiliser en combinant entre les données d'images ou de mesures pré ou intra opératoires, l'espace du sujet réel et les outils (comme les systèmes robotiques, les outils chirurgicaux ou les systèmes d'imagerie interventionnelle).

III.2.2 Imperfections de l'information

Il est essentiel de combiner deux ou plusieurs sources information dans le but d'avoir une excellente perception du moment et de remédier les défauts que l'on a observés car les informations apporté par la source sont généralement imparfaites. L'imperfection liée à la source ou à l'information apportée peut être présentée selon nombreuses formes, permis elles, nous citons [134] [135] :

- **Incertitude** : l'incertitude relative de l'exactitude et de la justesse de la source d'information (capteurs) désigne le degré de conformité ou d'authenticité d'informations par rapport à la réalité. Ce terme peut également correspondre à la confiance à ce qui est attribué à la source d'information. Elle est due à la connaissance partielle des faits et actes. Dans le domaine de l'imagerie médicale, on peut avoir de l'incertitude dans une image en raison de bruits dû à un grand nombre de phénomènes physiques parasites présents lors de l'opération de l'acquisition.

- **Imprecision** : l'imprécision est spécifique au contenu de l'information qui présente une insuffisance sur l'exactitude et la ponctualité, en raison des défauts quantitatifs de la connaissance. Cette dernière ne doit pas être confondue avec le terme d'incertitude précédemment mentionnée. En imagerie médicale, elle peut également correspondre à l'incapacité d'un système proposé à définir de manière précise les contours d'un objet détecté en raison d'un manque de précision du système d'acquisition.
- **Ambiguïté** : l'ambiguïté est spécifique à la source d'information, mais peut provenir d'une autre imperfection liée à la source ou au contenu de l'information telle que l'imprécision ou l'incertitude, ...etc, mais pas toujours nécessairement. Elle correspond à l'information qui mène à différentes interprétations. Cela peut aussi provenir d'un conflit entre des sources multiples d'information. En imagerie médicale, la présence de données ambiguës dans image génère des confusions dans la classification des voxels en raison de la présence d'effet de volume partiel et de bruit [118].
- **Incomplétude** : Elle est déterminée par un manque d'information ou d'une partie indispensable à l'interprétation et à la compréhension apporté par la source ; elle peut engendrer la présence d'imperfections comme l'incertitude et l'imprécision. En imagerie médicale, cette imperfection pourra apparaître si le protocole d'acquisition des données (images) ne se déroule pas d'une manière normale.
- **Redondance** : des sources ou des informations sont redondantes si elles fournissent la même information plus d'une fois ou présente sous plusieurs formes. Elle peut être considérée comme avantage parce qu'elle rend l'information plus exacte et plus confirmée. Ainsi, l'application de la fusion de sources redondantes est importante puisqu'elle permet de confirmer et de remédier aux défauts ce que l'on a observé.
- **Conflit ou Incohérence** : un conflit des sources d'information notamment indique l'incohérence si elles sont contradictoires. Ce conflit correspond à l'observation de phénomènes distincts. Ces phénomènes peuvent être dus à la présence d'un artefact dans l'image (de sources non fiables).
- **Complémentarité** : des sources des données sont complémentaires si l'information qu'elles apportent est de nature distincte. La complémentarité d'information est notamment intéressante car elle fournit tout son sens à la fusion afin d'éliminer certaines ambiguïtés.

III.2.3 État de l'art des techniques de fusion haut niveau en imagerie médicale

Dans cette section, nous présentons l'état de l'art des directions sélectionnées dans la littérature pour de fusion d'information, en imagerie médicale. Nous proposons quelques approches principales de fusion haute niveau d'information existantes. Parmi elles, nous citons : la fusion par le vote, la fusion par la théorie des probabilités, la fusion par la théorie des possibilités et la fusion par la théorie des fonctions de croyance.

III.2.3.1 La fusion par vote

III.2.3.1.1 Principe

La fusion par le vote est une approche la plus simple à réaliser et la plus naturelle. Le principe de cette méthode consiste à choisir dynamiquement la meilleure classe qui possède le plus d'occurrences à partir de décisions, fréquemment binaires, émises par plusieurs sources information, sans avoir recours aux algorithmes d'apprentissage. L'un des outils de processus de vote est d'employer plusieurs classifieurs afin d'obtenir une décision binaire à la sortie de chaque classifieur pour chaque classe. Cette technique est très utilisée dans les travaux de vérification de signature et reconnaissance d'écriture [136] [137]. Le nombre de sources d'information considérées souvent est réduit et, par conséquent, la performance de cette technique est limitée. Tous les approches de vote peuvent être dérivées de la règle majorité avec seuil, exprimée par :

$$E(x) = \begin{cases} c_i & \text{si } \sum_i e_i = \max_{c_i \in \{1, \dots, M\}} \sum_j e_j \geq \alpha K \\ \text{rejet} & \text{sinon} \end{cases} \quad (\text{III.1})$$

, où k représente différents classifieurs nécessitant la fusion et α est un paramètre contrôlant la manière de voter :

- ❖ Majorité unanime : l'ultime décision est prise si toutes les décisions sont unanimement en accord, autrement il y a rejet ($\alpha = 1$) (c'est l'une des sorties rejet).
- ❖ Majorité absolue : si plus de la moitié des décisions optent pour cette résolution ($\alpha = 0.5$) ; c'est-à-dire représente une majorité absolue lorsque la classe finale est choisie si plus de la moitié des classifieurs l'ont opté.
- ❖ Majorité simple : dans ce cas, la classe la plus présente parmi les classifieurs la remporte ($\alpha = 0$) ; c'est-à-dire on dit qu'on a une majorité simple où le résultat de la fusion est la classe la plus présente parmi les K classifieurs.

Il existe d'autres cas, la majorité pondérée où un coefficient est affecté à chaque classifieur selon son rendement.

Plusieurs travaux montrent que la fusion par l'approche du vote reste moins performante que les techniques basées sur des méthodes possibilistes, probabilistes ou par la théorie des fonctions de croyance [138]. Dans le domaine d'imagerie, nous ne trouvons pas beaucoup de travaux qui reposent sur la fusion par vote. Parmi eux, nous citons, la segmentation supervisée qui a été proposée par les auteurs dans [139], appliqué sur les images médicales de la rétine par l'approche d'un ensemble d'arbres de décision. L'approche est plus importante parce qu'elle permet un gain en généralité. D'autres auteurs reprennent la fusion par le vote dans le but de classifier des images médicales de type alvéoles pulmonaires. Le vote, appliqué à la combinaison des sorties des classifieurs, est importante en vue de classifier ou de segmenter des images [140].

III.2.3.2 La fusion par la théorie des probabilités

III.2.3.2.1 Principe

La théorie des probabilités permet de modéliser l'imperfection comme l'incertitude en attribuant à une donnée une probabilité d'appartenance à chaque partition d'image. Elle fait plus référence à la combinaison des informations qu'à l'estimation. Il y a une confusion entre les deux imperfections : 1) les imprécisions dues à un manque de connaissance, 2) les incertitudes dues au bruit. Dans la technique probabiliste, ces deux défauts sont indûment appelées incertitudes. Cependant, cette théorie a l'avantage de posséder un formalisme de base précis régie par le théorème de Bayes. La théorie Bayésienne ne permet de modéliser que le défaut de l'incertitude. Elle a été inventée dans le but de répondre à une problématique posée de classification des images dont le principe est de rechercher une meilleure configuration qui maximise la probabilité une classe donnée connaissant les observations. Elle est l'une des principales techniques utilisées dans la fusion d'images au niveau pixel afin de combiner les probabilités estimées à partir de plusieurs sorties des sources d'information, le recours à l'utilisation de la règle de Bayes permet d'écrire dans le chapitre précédent :

$$P(Z | Y_1, \dots, Y_N) = \frac{P(Y_1, \dots, Y_N | Z)P(Z)}{P(Y_1, \dots, Y_N)} \quad (\text{III.2})$$

, où Z sont les classes, Y_1, \dots, Y_N l'ensemble des sources d'information à fusionner. De nombreux travaux sont trouvés dans la littérature appliquée dans le domaine du traitement d'images multi-spectrales [141]. En plus, il existe d'autres opérateurs de combinaison comme le minimum, le maximum, la moyenne des probabilités estimées de chaque source [116]. Dans ce cas, l'auteur a proposé d'utiliser l'opérateur de Dempster-Shafer pour la fusion de probabilités dans un cadre markovien [134].

Le problème essentiel de cette approche probabiliste est qu'elle exploite seulement l'incertitude et maltraite l'imprécision. Ceci entraîne une confusion entre les deux termes. En plus, elle a la réputation d'être instable ; les performances sont très vite diminuées si l'apprentissage est mauvais, et pour cela, la méthode impose d'utiliser un modèle robuste nommé le modèle gaussien. Ce dernier a été trouvé dans de nombreuses applications pratiques. Il est très important lorsqu'on emploie l'approche Bayésienne [135].

III.2.3.3 La fusion par la théorie des possibilités

La théorie des possibilités a été inventée par Zadeh en 1978 et promue plus tard par Dubois [137]. Elle dérive de la théorie des sous-ensembles flous. Cette théorie permet de modéliser à la fois une représentation des incertitudes et des imprécisions de l'information contrairement à la méthode probabiliste qui a l'aptitude de modéliser l'incertitude. La méthode floue a l'aptitude de modéliser l'imprécision en employant une mesure qui permet de décrire le degré d'appartenance d'une donnée relative à une hypothèse, surtout dans le domaine de la reconnaissance de formes. Cette théorie se base sur les mesures de possibilité et de nécessité. La mesure de possibilité permet de décrire un événement A parmi l'ensemble des hypothèses considérées Ω par le degré de possibilité. Elle permet de présenter l'imprécision.

$$\Pi(A \cup B) = \max(\Pi(A), \Pi(B)) \quad (\text{III.4})$$

La mesure de nécessité notée $N(A)$ s'interprète comme le degré de possibilité de l'évènement contraire (la mesure d'impossibilité). Elle permet de représenter l'incertitude. Cette mesure a pour propriété :

$$N(A \cap B) = \min(N(A), N(B)) \quad (\text{III.5})$$

Ces deux mesures présentées précédemment sont liées par la relation suivante :

$$N(A) = 1 - \prod(\bar{A}), \quad A \subseteq \Omega \quad (\text{III.6})$$

La modélisation des incertitudes est réalisée de façon implicite sans que l'on recherche à la modéliser, on utilise la relation (III.6) parce qu'elle consiste à déduire une mesure nécessité à partir d'une mesure possibilité.

L'avantage de la théorie de possibilité est d'offrir un excellent choix d'opérateurs de fusion. Parmi eux, nous citons, les opérateurs t-normes et t-conormes, qui généralisent les deux opérateurs d'union et d'intersection de la théorie des ensembles [142]. Leur comportement est disjonctif et conjonctif. D'autres opérateurs existent de type moyenne peuvent être employés, et ont pour but d'être idempotent. Le comportement de ces opérateurs est dit hybrides (c'est-à-dire ni conjonctif ni disjonctif) [143]. Les auteurs dans [144] proposent un autre opérateur de combinaison pondéré afin de prendre en compte la fiabilité des sources d'informations.

De nombreux travaux existent dans littérature concernant utilisation de méthode de fusion par la théorie des possibilités appliquée dans le domaine de l'imagerie médicale. Le modèle de segmentation flou a été proposé par Dou et al. [145] et appliqué sur les images IRM cérébrales pondérées en T1, T2 et Densité de Protons (DP). Les auteurs proposent de combiner les trois types pour obtenir des résultats de segmentation pertinents. Le modèle flou a été utilisé pour chaque modalité d'images à partir de l'intégration de connaissances a priori. Il permet d'attribuer à chaque voxel un poids entre 0 et 1 relatif à l'appartenance de chaque voxel à la tumeur. BouSSION et al. [146] proposent une technique de détection des foyers épileptogènes. Les auteurs ont utilisées quatre modalités d'image : deux modalités de type TEP acquises avec les deux traceurs 18FDG et Flumazenil et deux modalités type TEMP acquises en présence et en l'absence de crise d'épilepsie afin de considérer l'imprécision induite, causée par la présence d'effet de volume partiel et la faible résolution des images. La fusion par la théorie des possibilités se trouve également dans l'enchaînement d'autres travaux [147].

III.2.3.4 La fusion par fonctions de croyance

La théorie des fonctions de croyance, nommé théorie de l'évidence ou théorie de Dempster-Shafer, introduit par Dempster [148] sur les bornes supérieures et inférieures est

développée par la suite par Shafer [149]. Elle est considérée comme une forme générale de la théorie Bayésienne présentée précédemment avec la gestion de deux termes l'incertain et l'ignorance. Le principe de cette approche est de permettre d'affecter un jeu de masses (des degrés de confiance) à des hypothèses simples, ou à des groupes d'hypothèses si la connaissance n'existe que sur un ensemble d'hypothèses sans plus de précision. Elle permet en particulier de mieux modéliser l'imprécision et l'incertitude par le biais de fonctions de degrés de croyance qui modélisent la croyance en un évènement. Elle prend en considération des conflits et des ambiguïtés entre les sources afin de fournir une meilleure représentation des connaissances. Cette théorie est très utilisée en fusion de données, parce qu'elle offre une palette d'outils, permettant de fusionner les connaissances provenant de différentes sources. Elle se fait par l'intermédiaire d'une règle nommée règle de Dempster de sommation orthogonale. Cette règle se fait sur le jeu de masses final ; elle prend en considération la confiance que l'on peut placer en chaque source. Dans le cadre du modèle de croyances transférables (MCT) qui se distingue par son aspect non probabiliste [5], une opinion ou un état de croyance provenant d'une source S (un agent, un expert, un capteur...etc.) est caractérisé par une masse de croyance. Cette croyance est décrite par une fonction élémentaire de croyance $m(\cdot)$ définie par les relations suivantes [151] :

$$m: 2^\Omega \rightarrow [0, 1] \quad (\text{III.7})$$

$$\sum_{A \subseteq \Omega} m^\Omega(A) = 1 \quad (\text{III.8})$$

Pour toute proposition A de 2^Ω , $m(A)$ désigné la croyance placée strictement dans la proposition A à un instant t donné. On ne pourrait quantifier $m(A)$ des sous-parties de A que par l'apport de nouvelles connaissances.

Il est possible de dériver de nouvelle fonction de croyance. En particulier, les deux fonctions de plausibilité Pl (Plausibility fonction) et de crédibilité Bel (Belief fonction) calculées à partir de $m(\cdot)$ la masse de croyance élémentaire. Donc les deux fonctions sont définies par :

$$Bel(A) = \sum_{B \subseteq A, B \neq \emptyset} m(B), \quad \forall A \subseteq \Omega, \quad (\text{III.9})$$

$$Pl(A) = Bel(\Omega) - Bel(\bar{A}) \quad (\text{III.10})$$

La plausibilité $Pl(A)$ représente la quantité de croyance potentiellement attribuée à la proposition A , i.e. incluant la croyance de toutes les propositions qui ne la discréditent pas. La crédibilité $Bel(A)$ désigne toute la croyance placée strictement dans la proposition A .

Les techniques de segmentation des images médicales trouvées dans la littérature et basées sur la théorie de la croyance sont à ce jour encore peu nombreuses. Parmi elles, nous citons, l'approche de segmentation multi-échocs basée sur la théorie de l'évidence-croyance, qui a été proposée par les deux chercheurs Lee et Leahy [152]. Les degrés de croyance sont déterminés par l'intermédiaire d'une modélisation probabiliste des régions d'image complète intégrant le terme de voisinage entre les pixels par la théorie des champs de Markov. Une étude comparative entre la méthode évidentielle et la segmentation par MAP est présentée à la fin de ce travail. Par conséquent, les deux approches offrent des résultats satisfaisants avec un avantage léger pour l'approche évidentielle qui segmente et détecte mieux la zone tumorale. Bloch [153] a proposé une méthode de segmentation double-échocs de cerveaux pathologiques, basée sur la théorie de l'évidence. L'auteur propose d'employer la théorie des fonctions d'évidence pour affecter des degrés de croyance non nuls sur des hypothèses simples et pour une composition d'hypothèses, respectivement correspondantes aux deux informations non-ambiguës et ambiguës sur les images. D'autres auteurs dans [154], utilisent la théorie de l'évidence pour la segmentation de la colonne vertébrale à partir d'images IRM. La théorie des fonctions de l'évidence est utilisée afin de mesurer l'appartenance des points (les pixels) d'un contour actif au contour de chaque vertèbre. Ils proposent de combiner, pour chaque pixel d'un contour actif, deux distributions de masses liées aux deux distances les séparant des contours actifs sur les deux coupes inférieure et supérieure. Plus récemment, une technique de classification appliquée sur différents couples (T_2 et ρ) d'images IRM multi-échocs présentant une lésion, a été inventée par [155]. Elle se base sur des analyses d'histogrammes. Une analyse de l'histogramme pour chaque écho permet de déterminer la masse de croyance, pour laquelle le nombre d'hypothèses considérées dépend du nombre de modes dans l'histogramme. Ensuite, l'ensemble des degrés de croyance est fusionné afin de permettre la prise de décision.

III.2.4 État de l'art des techniques de fusion bas niveau en imagerie médicale

Pour améliorer la résolution spatiale des images médicales multi-spectrales, plus précisément les images TEP, de nombreuses techniques de fusion bas niveau, nommées en

anglais «Low-Level Feature LLF» (au niveau du voxel ou du pixel) ont été utilisées afin de produire une complémentarité et une compétitivité entre les descripteurs, avec la création d'un vecteur unique en choisissant l'une des deux techniques suivantes [135] :

- **Statique** : une simple concaténation ou l'utilisation d'opérateurs simples.
- **Dynamique** : une réduction de dimensionnalité.

D'autre part, lorsque les données sont représentées sur des échelles de valeurs différentes, il est obligatoire d'ajouter une étape de normalisation des données. Cette étape devient indispensable quand l'algorithme d'apprentissage utilisé fait intervenir des distances afin d'éviter l'émergence d'une composante sur les autres.

III.2.4.1 Concaténation

C'est l'un des opérateurs le plus simple à réaliser et à utiliser pour une combinaison des descripteurs bas-niveau, avec la construction d'un vecteur unique, en anglais merged fusion (Dmerged). Les descripteurs ici doivent avoir représenté la même dimension sinon il est nécessaire d'utiliser la méthode de normalisation décrite précédemment. Il est aussi important d'effectuer une pondération pour formuler la confiance liée à chacune des caractéristiques.

III.2.4.2 Réduction de dimension

Cette stratégie a pour but de produire un nombre de variables réduit par rapport au nombre de bases initiales qui caractérisent bien les prototypes étudiés. La taille d'une base est généralement évaluée avec deux mesures, le nombre d'échantillons et le nombre de variables. Ces derniers peuvent représenter des valeurs très élevées, posant un énorme handicap pour l'exploration et l'analyse de ces données. Des techniques et des outils de traitement de données sont nécessaires afin d'apporter des éléments de réponse à ce problème ; d'autant plus, qu'ils permettent d'éliminer les informations redondantes et non-pertinentes selon le critère employé. L'intérêt majeur de cette stratégie est d'extraire un sous-ensemble optimal de caractéristiques pertinentes pour un critère fixé auparavant [135][156].

Toutes les méthodes mathématiques de stratégie de réduction de dimension sont regroupées dans l'un de ces deux concepts suivants : 1) l'extraction de traits qui consiste à choisir des caractéristiques dans un espace de projection (dans un espace transformé) comme illustré dans la **Fig. III.1**, et 2) La sélection de variables qui visent à sélectionner des caractéristiques dans l'espace de mesure comme illustré dans la **Fig. III.2**. Dans [135], les

auteurs ont décrit deux méthodes de fusion afin d'utiliser dans le premier concept : i) la méthode l'Analyse en Composantes Principales (ACP) et l'Analyse en Composantes Indépendantes (ACI). La premier méthode ACP est une approche non-supervisée; elle recherche les axes (facteurs principaux) qui permettent une dispersion maximale des données, puis projette les données dans le nouvel espace réduit obtenu [157, 158]. La deuxième méthode nommée ACI est une analyse non-supervisée ; elle recherche les axes qui sont les plus statistiquement indépendants les uns des autres (et donc décorrés, mais pas forcément orthogonaux). ii) l'Analyse Discriminante Linéaire (LDA) ou aussi appelée analyse discriminante de Fisher, introduite par Fisher [158], par opposition à la technique de l'ACP; elle consiste à rechercher les axes (décorrés et orthogonaux) représentant le mieux les données. L'analyse Linéaire Discriminante (LDA) a été utilisée avec pour objectif de réduire le nombre de dimensions tout en préservant au maximum les classes.

Dans la littérature, ils existent d'autres approches nommées non linéaires, par opposition aux approches linéaires présentées précédemment, qui se basent sur l'utilisation de distances euclidiennes accordées au produit scalaire. Ces méthodes reposent sur la théorie des espaces de Hilbert permettant de proposer d'autres produits scalaires, fondés sur des fonctions noyaux $k(x, y)$. Ici, le noyau k détermine implicitement une application de l'espace d'origine vers d'autres espaces appelés "espace de caractéristiques" de dimension plus grande; la valeur de k est une mesure de similarité entre les points de l'ensemble à traiter [135].

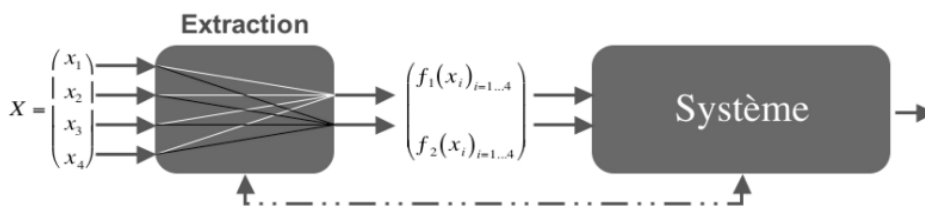


Fig. III.1 – Extraction de caractéristiques [135].

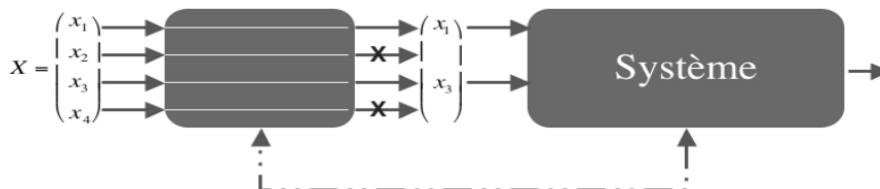


Fig. III.2 – Sélection de variables [135].

Le deuxième concept de stratégie de réduction de dimension s'appelle «Sélection de descripteurs»; il a pour intérêt de choisir uniquement les descripteurs les plus informatifs

parmi d'autres qui sont individuellement discriminants et de faible redondance pour augmenter la vitesse de calcul et réduire le problème de sur-apprentissage [159]. Avant de présenter les différentes techniques de sélection de variables, il faut passer par la définition de la pertinence d'une variable accordée au pouvoir discriminant. Dans le domaine de la classification, il s'agit de découvrir les variables avec lesquelles on peut offrir une meilleure séparation entre les différentes partitions. Le critère d'évaluation de cette pertinence entre les variables repose sur le calcul du taux de reconnaissances des partitions en absence ou en présence d'une variable donnée.

Les méthodes de sélection sont regroupées dans trois grandes classes : 1) les approches de filtre (filter), 2) les approches symbiose (wrapper) et 3) les approches intégrées (embedded) qui sont présentées par les auteurs dans [135].

La première méthode de filtre «filter» se fonde sur une heuristique qui prend en considération l'utilité individuelle de chaque variable et de sa corrélation avec les autres variables. Cette corrélation entre les variables est déterminée selon une métrique comme la divergence de Kullback-Leibler, la corrélation de Pearson, l'information mutuelle, ... etc [159]. Cette approche sélectionne un sous-ensemble de variables en-prétraitement des données d'un modèle, et indépendamment du choix de l'approche de classification comme illustré dans la **Fig. III.3**.

Les méthodes de symbiose «wrapper», nommées aussi les méthodes à adaptateur, ont été introduites par John et al. [135]. Le principe de wrapper est de générer les sous-ensembles d'attributs et évaluer en fonction des performances d'un classifieur. Cette évaluation est faite par la prise en compte d'un score comme un score d'un ensemble qui sera un compromis entre le taux de réussite de la classification, pour juger la pertinence d'une caractéristique, et le nombre de variables éliminées. À chaque sélection d'une variable, les auteurs ont fait appel plusieurs fois à l'algorithme de classification car un mécanisme de validation croisée est fréquemment utilisé pour comparer les performances des classifieurs entraînés sur chaque sous-ensemble. Le principe de la sélection de cette approche se fait soit par additions successifs d'attributs (ascendante : forward selection) soit par retraits successifs d'attributs (descendante : backward selection) [135] comme indiqué dans la **Fig. III.4**.

Le troisième groupe des méthodes intégrées (embedded), intègre directement la sélection dans le processus de l'apprentissage du classifieur dans l'espoir d'explorer automatiquement les descripteurs utiles pour la classification. Un sous-ensemble de

descripteurs est pris à chaque fois durant l'apprentissage du classifieur et évalue l'importance d'une variable en cohérence guidée par l'erreur d'apprentissage ; le critère employé pour évaluer la pertinence globale du modèle est illustré dans la **Fig. III.5**.

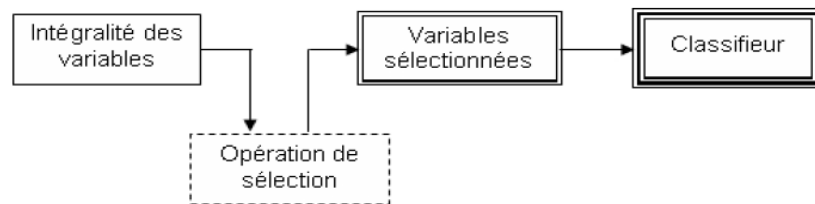


Fig. III.3 – Sélection des descripteurs par la méthode Filter [135].

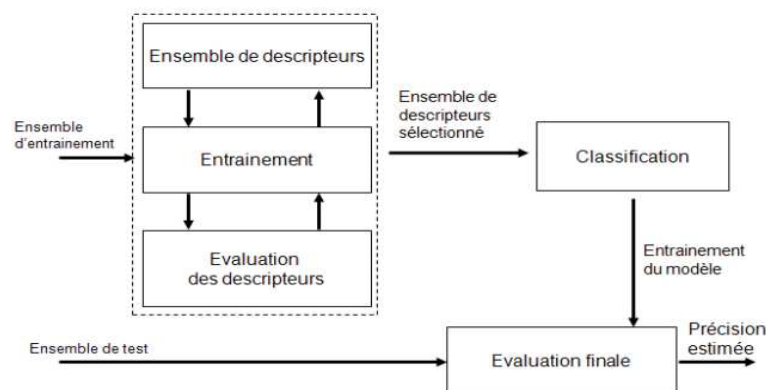


Fig. III.4 –Sélection des descripteurs par la méthode Wrapper [135].

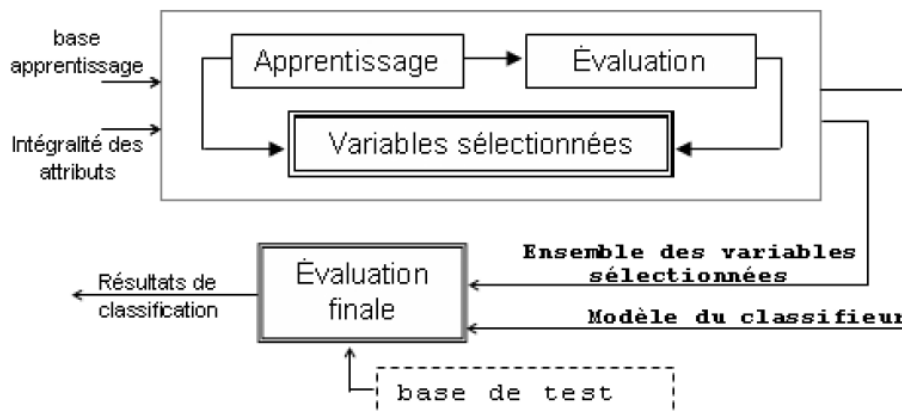


Fig. III.5 –Sélection des descripteurs par la méthode embedded [135].

L'imagerie fonctionnelle par Tomographie d'Emission de Positons (TEP) multi-traceurs pourrait avoir un rôle intéressant dans le traitement du cancer par radiothérapie externe. Les images TEP aux traceurs ^{18}F Fluoro-Déoxy-Glucose (^{18}F FDG), ^{18}F -Fluoro-L Thymidine (^{18}F FLT) et ^{18}F Fluoro-Misonidazole (^{18}F FMiso) sont respectivement témoins du métabolisme glucidique, de la prolifération cellulaire et de l'hypoxie (manque d'oxygénation

des cellules). Dans notre travail, la fusion aura pour but de combiner l'information fonctionnelle de l'image TEP multi-résolution afin de préciser et de faciliter la localisation des anomalies physiologiques et biologiques, il est donc plus approprié de réaliser la fusion au niveau du voxel.

III.3 Conclusion

L'imagerie médicale multimodale est de nos jours de plus en plus utilisée par l'expert médical à des fins de diagnostic, de suivi thérapeutique, ou de traitement par chirurgie, chimiothérapie et par radiothérapie. L'étude théorique des différentes méthodes de fusion, en début de chapitre, dans un premier temps, a permis de présenter un aperçu des différentes approches de la littérature et leur capacité à tenir compte des imperfections contenues dans les images médicales. Dans un second temps, nous avons présenté un état de l'art des techniques de fusions haut niveau et bas niveau en imagerie médicale.

METHODOLOGIE

Les images TEP multi-traceurs ont pour caractéristique d'être très bruitées et d'avoir une faible résolution spatiale. Ces défauts ont pour conséquence respective d'induire la présence d'informations incertaines et imprécises dans les images. Dans ce cas, l'étiquetage des régions d'intérêt sur tous ces volumes est un problème pour les méthodes de segmentation automatique ou semi-automatique. Dans le présent chapitre, nous présentons les principales techniques de segmentation floue d'images TEP. Nous commençons par présenter les méthodes clustering tels que la méthode de C-moyennes floue (FCM) et la méthode de C-moyennes locale information floue (FLICM), puis nous décrivons les méthodes de segmentation Bayésienne floues comme la technique Bayésienne adaptative localement floue (FLAB), les chaînes de Markov floues cachées (FHMC) et champs de Markov flous cachés (HFMF). Pour finir, nous présentons dans la dernière sous-section une méthode récente de C-moyennes floues généralisées automatisées (SPEQTACLE).

IV.1. Introduction

La segmentation est l'un des problèmes les plus étudiés et les plus importants dans le domaine de l'imagerie. L'objectif de ce chapitre est de traiter les principales techniques de segmentation floues d'images TEP. La plupart de ces techniques sont axées sur les statistiques et l'apprentissage automatique. Grâce aux progrès de l'informatique en matière de puissance et de rapidité de calcul, les méthodes proposées peuvent être appliquées au domaine du traitement d'images. Elles peuvent être divisées en différentes catégories. On distingue :

- i) Les méthodes statistiques citées dans [161–163] qui tiennent compte de la répartition probabiliste des intensités de voxels et,
- ii) Les méthodes de regroupement comprenant les méthodes C-Means floues (FCM) introduites par L. Dunn [164] et JC Bezdek [165].

La FCM a connu plusieurs améliorations et généralisations. Par exemple, M. Ahmed et al. [166] ont proposé une méthode FCM prenant en compte la dépendance spatiale entre pixels. Dans [167], une amélioration est proposée en considérant l'utilisation de filtres moyens et médians. L. Szilagyi et al. [168] ont proposé la FCM améliorée (EnFCM) en utilisant l'histogramme de niveau de gris au lieu de l'image complète. Parmi les extensions de l'algorithme FCM, de nombreux autres auteurs ont introduit les termes de régularisation. Par exemple, R. P. Li [169] a suggéré d'utiliser une approche à entropie maximale alors que les chercheurs dans [170, 171] ont introduit un terme de régularisation quadratique. Contrairement aux algorithmes qui utilisent des pixels dans les calculs de la classification, J. Zexuan et al. [172] ont utilisé une classification basée sur les patches, qui a ensuite été étendue par Z. Zaixin et al. [173]. A. Nitesh et al. [171] ont utilisé une combinaison d'informations spatiales locales et non locales. Selon cette méthode, les informations spatiales locales influenceront l'indice de similarité pour les informations à faible bruit et les informations non locales influenceront le cas de bruit élevé afin d'améliorer la précision de l'étiquetage. Récemment, J. Lapuyade-Lahorgue et al. [174] ont proposé d'utiliser la norme hilbertienne l^p -Norm au lieu de la norme euclidienne dans la FCM classique. Le but est d'éviter l'optimisation empirique et de réduire l'intervention de l'utilisateur dans le traitement de radiothérapie. D'autres auteurs ont considéré la coexistence de pixels durs et flous (de la mesure floue) dans la même image. Ce modèle a intégré la mesure floue dans un modèle statistique permettant de combiner le terme d'imprécision des données cachées et l'incertitude des données observées à

l'aide de méthodes probabilistes. Dans cette approche, la régularisation est obtenue par une distribution a priori. Cette dernière peut être définie de différentes manières en fonction de l'application visée. Par exemple, dans les champs de Markov flous cachés (HFMF), une distribution a priori floue est utilisée pour modéliser la dépendance spatiale entre les pixels [175] et les chaînes de Markov floues cachées (FHMC), en particulier pour les séries temporelles ou les séries chronologiques [176]. Enfin, dans la méthode Bayésienne adaptative localement floue (FLAB), la 3D d'un voisinage de voxel donné a été utilisée pour estimer le flou local du bruit pour chaque mesure de voxel [174, 177].

Les progrès récents dans l'apprentissage automatique, en particulier en ce qui concerne le modèle d'apprentissage approfondi, aident à classer, identifier et quantifier les modèles dans les images TEP. L'essence de ces avancées est la capacité d'exploiter les représentations des caractéristiques hiérarchiques apprises à partir de données, en particulier d'une manière non supervisée, plutôt que d'extraire des fonctionnalités manuellement sur la base de connaissances spécifiques au domaine [75]. Les auteurs dans [74] ont utilisé leur recherche pour trouver des représentations hiérarchiques en combinant des modalités hétérogènes pendant l'apprentissage de la représentation des entités, au lieu de l'apprentissage par classifieur. Plus précisément, ils employaient une machine approfondie de Boltzmann (DBM) qui est construite en empilant plusieurs machines de Boltzmann restreintes (RBMs) de manière hiérarchique [84]. Le modèle DBM utilisé pour trouver une représentation de fonction hiérarchique latente à partir d'un patch 3D, a permis de concevoir une approche systématique pour une représentation de la fonction conjointe à partir des patches appariés de PET et IRM avec une DBM multimodale.

Ce chapitre contient la description des principaux algorithmes étudiés, à savoir : FCM, FLICM, FLAB, FHMC, FHMF et C-moyennes floues généralisées automatisées (SPEQTACLE). Ces six algorithmes de segmentation sont appliqués à un ensemble de tumeurs en image PET caractérisées par les propriétés suivantes : niveaux de bruit, large plage de contraste, hétérogénéité d'absorption et complexité de la forme en considérant les cas de tumeurs cliniques.

IV.2. Méthodologies

IV.2.1 Modélisation d'une image

Une image peut être modélisée comme une famille $(I_u)_{u \in V}$, où V est un sous-ensemble fini de l'ensemble Z^3 et $I_u \in E$ est un espace vectoriel réel à dimensions finies [178].

IV. 2.2 L'algorithme du K-means

L'algorithme K-means est une technique itérative permettant de minimiser la distance entre chaque valeur du pixel ou voxel de l'image et les centres de gravité des différentes classes dans l'image, en k classes ($k \in \Omega$), selon leur niveau de gris, k étant fixé par l'utilisateur. Les pixels ou voxels sont affectés dans la classe pour laquelle la distance du centre de la classe est minimale. Il permet de partitionner une collection d'objets. Initialement, ces centres de gravité doivent être placés le plus loin possible les uns des autres afin d'obtenir un meilleur résultat. Les étapes de l'algorithme K-means sont décrites comme suit :

- Initialiser k noyaux (centres des classes) d'une manière aléatoire.
- A chaque itération n , balayer l'image.
- Affecter x_s à la classe w_i si : $\|x_s - \mu(w_i)\| = \min \|x_s - \sum_i^k \mu(w_i)\|$ (IV.1)
- Recalculer le centre de chaque classe par : $\mu(w_i) = \frac{1}{|\Omega|} \sum_{x \in \Omega} x$ (IV.2)

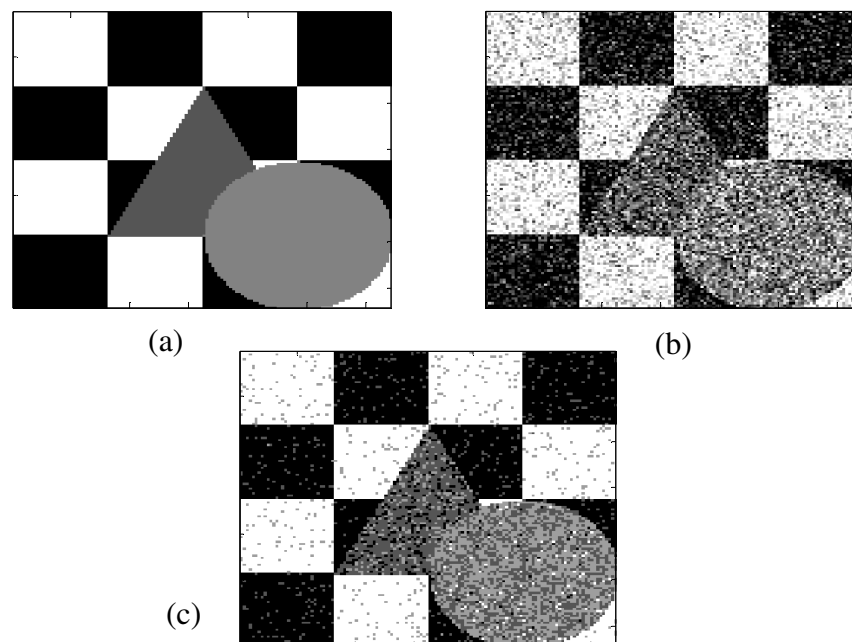


Fig.IV.1 -Résultat de segmentation en niveau de gris de l'image synthétique : (a) image originale, (b) image bruitée, (c) selon algorithme Kmeans.

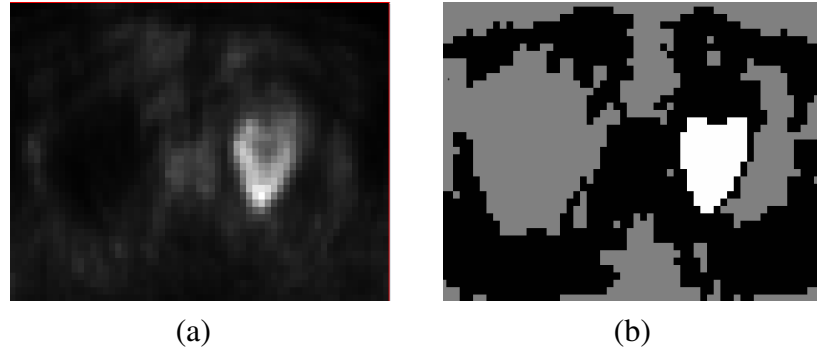


Fig.IV.2-Résultat de segmentation de l'image réelle du TEP : (a) image originale, (b) selon algorithme Kmeans.

IV. 2.3 C-moyennes Floue (FCM)

L'algorithme de C-moyennes floue, en anglais Fuzzy C-means (FCM), a été introduit par Dunn [164] en 1973 et amélioré par Bezdek en 1981 [165]. Le principe de cet algorithme est basé sur le calcul de la distance entre les pixels et le centre des clusters d'une manière itérative et de minimiser la fonction de coût. Il a été noté que l'algorithme met l'accent sur la nécessité de prendre en considération l'information «intensité» dans l'image et ne tient pas compte de l'information «spatiale», et par conséquent, il est très sensible au bruit dans le traitement de l'image.

L'algorithme FCM divise un ensemble de points de données $Y = \{y_1, y_2, \dots, y_n\}$ en sous-ensembles flous $i \in \{1, \dots, C\}$, pour $2 \leq C \leq n$, où C est le nombre de clusters recherchés, basé sur une optimisation itérative qui minimise la fonction d'objectif quadratique donnée par :

$$J_{FCM} = \sum_{u=1}^n \sum_{i=1}^C p_{u,i}^m d^2(y_u, \mu_i) \quad (IV.3)$$

Où, $p_{u,i}$ est le degré de croyance (le degré d'appartenance du pixel y_u au centre i) qui vérifie la relation suivante : $\forall i \sum_{i=1}^C p_{u,i}^m = 1$, $0 < p_{u,i}^m < 1$. y_u représente le niveau d'intensité de pixel u_{th} dans l'espace des fonctionnelles, $m \in [1, +\infty]$ est le paramètre flou (un paramètre entier contrôlant le degré de flou) et généralement choisi $m = 2$, d est la distance Euclidienne, calculée entre le vecteur attribut des données et les prototypes de groupes (centre de classe) $\mu_i \in \mathcal{R}$.

Cet algorithme se déroule en deux étapes : Une étape d'assignation des pixels aux centres les plus proches et une deuxième étape qui consiste à calculer des nouveaux centres μ_i .

Selon l’algorithme FCM [164, 165], la fonction objectif atteindra une valeur minimale en mettant à jour la fonction d’appartenance floue et le centre de cluster comme suit :

$$p_{ui} = \frac{(\|y_u - \mu_i\|)^{-2/(m-1)}}{\sum_{j=1}^c (\|y_u - \mu_j\|)^{-2/(m-1)}} \quad (IV.4)$$

$$\mu_i = \frac{\sum_{u=1}^n p_{u,i}^m y_u}{\sum_{u=1}^n p_{u,i}^m} \quad (IV.5)$$

Le processus de minimisation de la FCM est réalisé de manière récursive jusqu’à convergence :

- 1- Fixer les paramètres suivants : nombre de classes C , le facteur de flou m et ε seuil représentant l’erreur de convergence.
- 2- Initialiser la matrice de partition floue U^0 des fonctions d’appartenance à des valeurs aléatoires.
- 3- Mettre à jour la matrice prototype μ_i par la relation (IV.5)
- 4- Mettre à jour μ_i^0 en utilisant : $p_{ui}^q = \frac{(\|y_u - \mu_i^{(q+1)}\|)^{-2/(m-1)}}{\sum_{j=1}^c (\|y_u - \mu_j^{(q+1)}\|)^{-2/(m-1)}}$
- 5- La règle d’arrêt est une valeur de seuil fixe lorsque le maximum $\max \{U^{(q+1)} - U^q\} < \varepsilon$.

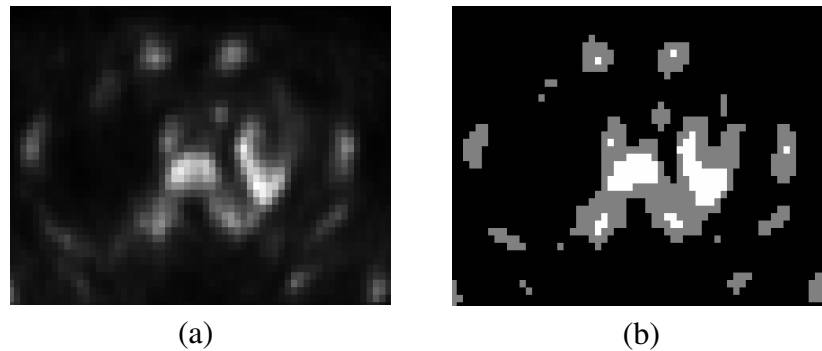


Fig.IV.3 -Résultat de segmentation de l'image réelle du TEP : (a) image originale, (b) selon algorithme FCM.

IV. 2.4 Fuzzy Local Information C-means Clustering (FLICM)

Krinidis et Chatzis ont proposé une amélioration de l’algorithme classique du C-moyennes floue (FCM), appelée Informations Locales Fuzzy C-means (FLICM) [179]. Ils ont incorporé les informations spatiales et niveau de gris locaux d’une manière floue par une fonction d’énergie. Ainsi, chaque pixel est étiqueté selon ces deux paramètres afin d’assurer la préservation de l’insensibilité de bruit et du détail d’image ; et c’est aussi efficace et efficient. L’impact est pondéré en fonction de la distance du pixel central, c’est-à-dire,

$$J_{FLICM} = \sum_{u=1}^n \sum_{i=1}^c p_{u,i}^m d^2(y_u, \mu_i) + G_{iu} \quad (IV.6)$$

Où, G_{iu} facteur de flou est défini comme suit :

$$G_{iu} = \sum_{\substack{j \in N_u \\ j \neq u}} \frac{(1-p_{i,j})^m d^2(y_j, \mu_i)}{d_{uj}+1} \quad (IV.7)$$

G_{iu} est ainsi le facteur qui contrôle l'équilibre entre le bruit de l'image et les détails de l'image. u_{th} est le centre de la fenêtre locale, i_{th} est le cluster de référence, et j_{th} le pixel appartenant à l'ensemble des voisins N_u , N_u l'ensemble des pixels dans le voisinage immédiat autour u_{th} et d_{uj} est la distance euclidienne spatiale entre les pixels u_{th} et j_{th} [179].

Afin d'obtenir les centres du cluster $\mu_i, \forall i \in \{1, \dots, C\}$ et la fonction d'appartenance floue $p_{u,i}, \forall i \in \{1, \dots, C\}, \forall u \in \{1, \dots, N\}$, Les contraintes dans l'équation $\sum_{i=1}^c p_{u,i}^* = 1$ sont intégrées dans énergie à l'aide des multiplicateurs de Lagrange λ_u comme suit :

$$J_m = \sum_{u=1}^N (\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m d^2(y_u, \mu_i) + G_{iu}) + \lambda_u (1 - \sum_{i=1}^c p_{u,i}) \quad (IV.8)$$

$$= \sum_{u=1}^N (\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m d^2(y_u, \mu_i) + \sum_{\substack{j \in N_u \\ j \neq u}} \frac{(1-p_{i,j})^m d^2(y_j, \mu_i)}{d_{uj}+1} + \lambda_u (1 - \sum_{i=1}^c p_{u,i})) \quad (IV.9)$$

En supposant que le $p_{u,i}$ est égal à la distance carrée entre les données y_u et le centre de cluster μ_i (le carré de la distance euclidienne), c'est-à-dire $d^2(y_u, \mu_i) = (\mu_i - y_u)(\mu_i - y_u)'$, selon l'algorithme de FLICM sont les minimas itératifs de l'équation (IV.9) :

$$p_{u,i}^* = \frac{(\|y_u - \mu_i\| + G_{ui})^{-1/(m-1)}}{\sum_{j=1}^c (\|y_u - \mu_j\| + G_{uj})^{-1/(m-1)}} \quad (IV.10)$$

$$\mu_i^* = \frac{\sum_{u=1}^n p_{u,i}^m y_u}{\sum_{u=1}^n p_{u,i}^m} \quad (IV.11)$$

IV. 2.4.1 Dérivation alternative des formules itératives de l'algorithme FLICM

En utilisant l'optimisation alternée et la fixation de toutes les variables à la fois, la minimisation locale des deux paramètres μ_i^* et $p_{u,i}^*$ pour μ_i et $p_{u,i}$ peut respectivement être obtenue à partir des équations suivantes :

$$\left. \frac{\partial J_m}{\partial \mu_i} \right|_{\mu_i = \mu_i^*, \text{ fixe } p_{u,i}} = 0 \quad (IV.12)$$

Et

$$\left. \frac{\partial J_m}{\partial p_{u,i}} \right|_{p_{u,i} = p_{u,i}^*, \text{ fixe } \mu_i} = 0 \quad (IV.13)$$

Où :

$$\frac{\partial J_m}{\partial \mu_i} = 2 \sum_{u=1}^N (p_{u,i}^m (\mu_i - y_u) + \sum_{\substack{j \in N_u \\ j \neq u}} \frac{(1-p_{i,j})^m d^2(y_j, \mu_i)}{d_{uj}+1}) \quad (IV.14)$$

$$\frac{\partial J_m}{\partial \mu_i} = m p_{u,i}^{m-1} d^2(y_u, \mu_i) - m(1 - p_{-(u,i)})^{m-1} d^2(y_u, \mu_i) \sum_{\substack{j \in N_u \\ j \neq u}} \frac{1}{d_{uj}+1} - \lambda_u \quad (IV.15)$$

Ainsi, en utilisant les deux équations (IV.12, IV.14), la minimisation locale de μ_i^* est obtenue par la relation suivante :

$$2 \sum_{u=1}^N (p_{u,i}^m (\mu_i^* - y_u) + \sum_{\substack{j \in N_u \\ j \neq u}} \frac{(1-p_{i,j})^m (\mu_i^*, y_j)}{d_{uj}+1}) = 0 \quad (IV.16)$$

Donc, On tire μ_i^* à partir l'eq (IV.16), on obtient :

$$\mu_i^* = \frac{\sum_{u=1}^N (p_{u,i}^m y_u + \sum_{\substack{j \in N_u \\ j \neq u}} \frac{(1-p_{i,j})^m}{d_{uj}+1} y_j)}{\sum_{u=1}^N (p_{u,i}^m + \sum_{\substack{j \in N_u \\ j \neq u}} \frac{(1-p_{i,j})^m}{d_{uj}+1})} \quad (IV.17)$$

De même, à l'aide de (IV.13, IV.15), la minimisation locale de $p_{u,i}^*$ est obtenue par :

$$m(p_{u,i}^*)^{m-1} d^2(y_u, \mu_i) - m(1 - p_{u,i}^*)^{m-1} d^2(y_u, \mu_i) \sum_{\substack{j \in N_u \\ j \neq u}} \frac{1}{d_{uj}+1} - \lambda_u = 0 \quad (IV.18)$$

$$(p_{u,i}^*)^{m-1} - (1 - p_{u,i}^*)^{m-1} \sum_{\substack{j \in N_u \\ j \neq u}} \frac{1}{d_{uj}+1} = \frac{\lambda_u}{m d^2(y_u, \mu_i)} \quad (IV.19)$$

Où, $\alpha = \sum_{\substack{j \in N_u \\ j \neq u}} \frac{1}{d_{uj}+1}$ est une constante par rapport u .

L'équation (IV.19) est alors un polynôme de fonction $p_{u,i}^*$ de l'ordre (m-1). Ainsi, la minimisation locale de $p_{u,i}^*$ a des solutions de forme fermée pour des valeurs finies de m, par exemple m = 2 :

$$p_{u,i}^* - (1 - p_{u,i}^*)\alpha = \frac{\lambda_u}{2d^2(y_u, \mu_i)} \quad (IV.20)$$

$$p_{u,i}^* = \frac{\frac{\lambda_u}{2d^2(y_u, \mu_i)} + \alpha}{1 + \alpha} \quad (IV.21)$$

Donc, la valeur de λ_u est obtenue à partir de la contrainte $\sum_{i=1}^C p_{u,i}^* = 1$:

$$\sum_{i=1}^C \frac{\frac{\lambda_u}{2d^2(y_u, \mu_i)} + \alpha}{1 + \alpha} = 1, \quad (IV.22)$$

Enfin, on tire la valeur de λ_u à partir de l'éq(IV.22) :

$$\lambda_u = 2 \frac{1+(1-c)\alpha}{\sum_{i=1}^C \frac{1}{d^2(y_u, \mu_i)}} \quad (IV.23)$$

A l'aide des deux équations (IV.23) et (IV.22), la forme explicite de la minimisation de $p_{u,i}^*$ pour $m = 2$ est donnée par la relation suivante :

$$p_{u,i}^* = \frac{\frac{1+(1-c)\alpha}{\sum_{j=1}^C \frac{d^2(y_{u,\mu_i})}{d^2(y_{u,\mu_j})} + \alpha}}{1+\alpha} \quad (\text{IV.24})$$

Enfin, le processus de minimisation de l'algorithme FLICM est atteint récursivement jusqu'à la convergence et contient les étapes suivantes :

- 1- Fixer les paramètres suivants : nombre de classes C , le facteur de flou m et ε représentant l'erreur de convergence.
- 2- Initialiser la matrice de partition floue U^0 des fonctions d'appartenance à des valeurs aléatoires.
- 3- Mettre à jour la matrice prototype V par la relation (II.23)
- 4- Mettre à jour U^{q+1} en utilisant : $p_{u,i} = \frac{(\|y_u - \mu_i\|^2 + G_{ui})^{-1/(m-1)}}{\sum_{j=1}^C (\|y_u - \mu_j\|^2 + G_{uj})^{-1/(m-1)}}$
- 5- La règle d'arrêt est une valeur de seuil fixe lorsque le $\max \{U^{(q+1)} - U^q\} < \varepsilon$.

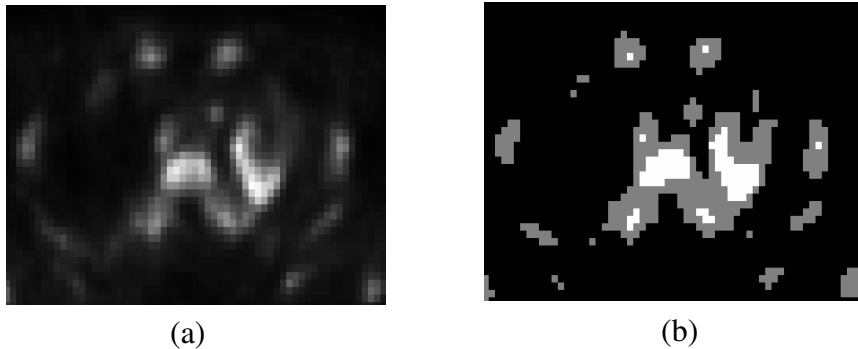


Fig.IV.4 -Résultat de segmentation de l'image réelle du TEP : (a) image originale, (b) selon algorithme FLICM.

IV. 2.5 La segmentation Bayésienne

Les méthodes de segmentation Bayésienne et les distributions statistiques fournissent de meilleurs résultats de regroupement d'images en raison des points suivants [39, 174, 180, 181] :

- Les intensités sont modélisées en résumant les histogrammes des images et en considérant un nombre réduit de paramètres à estimer.
- Ces méthodes sont moins sensibles au bruit que les autres méthodes de segmentation en raison de l'approche statistique.

- Ces méthodes ne peuvent être obtenues que par des approches statistiques régularisées car la probabilité a priori limite la solution.
- Les paramètres nécessaires à la segmentation de l'image estimée de manière itérative ne sont pas supervisés afin d'éviter l'intervention l'utilisateur pour saisir le nombre de classes recherchées dans l'image.
- Les images floues simulées sont visuellement satisfaisantes. De plus, lorsque les données réelles sont floues, la méthode proposée est plus efficace que la méthode classique.

Le problème de la segmentation est d'estimer le champ inobservable, ou "caché", $Z = z$ à partir du champ observé, ou "bruité" $Y = y$, y étant l'image numérique à segmenter. La procédure d'estimation généralement adoptée est la classification Bayésienne. La loi du couple (Z, Y) est donnée par la loi de Z (probabilité a priori $p(z)$), et les lois de Y conditionnelles à Z (la probabilité conditionnel $p(y|z)$). Dans la plupart des cas, Z est mieux décrite par un modèle Markovien dans les Champs de Markov flous cachés (HFMF) et les Chaînes de Markov cachées floues (FHMC), ou en considérant d'autres hypothèses comme on le verra pour le (FLAB) [175, 180, 182]. Par exemple, on peut utiliser le critère maximale-probabilité étiquetée a posteriori et mieux rechercher la configuration \hat{z} qui maximise la probabilité conditionnelle de $p(z = z | Y = y)$. La règle de Bayes est donnée par :

$$P(Z = z / Y = y) = \frac{P(Y=y/Z=z)P(Z=z)}{P(Y=y)} \quad (\text{IV.25})$$

Des travaux récents proposent l'application de méthodes HFMF, FHMC et FLAB à la segmentation d'images PET. Ces approches considèrent la coexistence de voxels durs et flous (de la mesure floue) dans la même image. L'intégration de la mesure floue dans le modèle statistique permet de combiner l'imprécision des données cachées et l'incertitude des données observées. Le cas de HFMF, décrit par l'énergie calculée sur les fonctions des cliques et la distribution a priori floue, est utilisé pour modéliser la dépendance spatiale entre pixels [175, 184, 186]. Dans HFMC, la distribution a priori a été modélisée à l'aide d'une console HMC floue et a été décrite par une densité de joint calculée sur des pixels voisins [176, 185, 186]. Dans FLAB [177, 180, 187], la 3D d'un voisinage de voxel donné a été utilisée pour estimer le flou local du bruit pour chaque mesure de voxel (en utilisant un cube glissant de $3 \times 3 \times 3$ voxels). Le but était d'améliorer la robustesse des mesures de volume d'absorption

fonctionnelle et de fournir une segmentation précise, en particulier pour les petites structures. Nous présentons les trois méthodes mentionnées dans le paragraphe précédemment dans la section suivante.

IV. 2.5.1 Fuzzy Locally Adaptive Bayesian Clustering (FLAB)

Les méthodes standards de segmentation floue mentionnées précédemment ont donné des résultats efficaces, mais elles ont quelques inconvénients [177, 180, 187, 188] :

- Les méthodes de regroupement n'ont pas assez de force dans le cas des petites lésions ou des objets par exemple la détection de micro calcification dans l'image de mammographie et les lésions ≤ 2 mm dans l'image TEP.
- Afin de rendre l'algorithme plus robuste au bruit, ils ont introduit certains paramètres entre robustesse au bruit et efficacité pour préserver les détails de l'image à segmenter.
- L'utilisation de méthodes statistiques a priori pourrait entraîner la perte des détails de l'image segmentée.

Le modèle de FLAB est une méthodologie statistique non supervisée qui prend place dans le cadre Bayésien. Afin d'améliorer les résultats de la clustering et s'attaquer aux inconvénients mentionnés ci-dessus, en particulier pour les petits détails :

- La mesure floue permet la coexistence de pixels durs et floue (de la mesure floue) dans la même image.
- Le voisinage 3D d'un voxel donné est utilisé pour estimer localement la mesure floue de chaque voxel.
- FLAB combine une mesure floue avec un modèle de mélange gaussien et une estimation stochastique des paramètres à partir d'une initialisation basée sur FCM.

FLAB exploite une nouvelle mesure v qui est basée sur l'hypothèse suivante :

$$v = \delta_0 + \delta_1 + \xi \quad v \in [0, 1] \quad (\text{IV.26})$$

Où, δ_0 et δ_1 sont les mesures de Dirac associées aux valeurs 'Hard' 0 et 1, et ξ est la mesure de Lesbegue sur l'intervalle $]0, 1[$. En considérant la formule (IV.26), $v \in [0, 1]$, la distribution a priori $p(z)$ de chaque z_s peut être définie par une fonction h sur $[0,1]$ dans \mathcal{R} , par rapport à v . Si nous considérons Z comme processus stationnaire, la distribution de chaque Z_s peut être uniforme (permis les autres formes familles de densité de distribution du système de Pearson) sur la classe floue et peut être formulée comme suit :

$$\begin{aligned} h(0) &= P[Z_s = 0] = p_0 \\ h(1) &= P[Z_s = 1] = p_1 \\ h(\varepsilon) &= P[Z_s = \varepsilon] = 1 - p_0 - p_1 \quad \text{avec} \quad \varepsilon \in]0,1[\end{aligned} \quad (IV.27)$$

Pour définir la loi de Y conditionnelles à Z (la probabilité conditionnelle $p(y|z)$), les lois des observations font appel à deux variables aléatoires indépendantes y_0 et y_1 , associées aux valeurs 'Hard' 0 et 1, dont les densités f_0 et f_1 sont définies par leurs moyennes et variances respectives (μ_0, σ_0^2) et (μ_1, σ_1^2) pour simuler les deux classes y_0 et y_1 . La distribution y est égale en générale :

$$Y_s = Z_s Y_1 + (1 - Z_s) Y_0 \quad (IV.28)$$

Où, les Y_0 et Y_1 sont le bruit des classes 0 et 1 respectivement. Enfin, la densité qui détermine la distribution $P(Y_s/Z_s = \varepsilon)$ (la distribution de Y_s conditionnelle à $Z_s = \varepsilon$) est la densité normale $f(Z/\varepsilon)$ caractérisée par :

- Le premier moment (Mean)

$$\mu_{Fi} = \mu_0(1 - \varepsilon_i) + \varepsilon_i \mu_1 \quad (IV.29)$$

- Le deuxième moment (Sigma)

$$\sigma_{Fi}^2 = \sigma_0^2(1 - \varepsilon_i)^2 + \varepsilon_i^2 \sigma_1^2 \quad (IV.30)$$

Où, ε_i est la valeur associée à un niveau flou Fi .

C. hatt et al. [177] ont proposé l'étude du système de Pearson qui contient huit autres distributions (pour plus de détails, voir l'annexe 7.1.3). Ainsi, une étape supplémentaire est introduite dans l'algorithme principal pour détecter quelle est la meilleure loi adaptée à la classe réelle du voxel de l'image. Dans le modèle de la chaîne de Markov cachée floue (FHCM) [39], l'hypothèse considérée est que le bruit pour chaque classe de données d'observation peut s'adapter à une distribution gaussienne. Ainsi, une densité de distribution f dans \mathfrak{R} appartient au système Pearson si elle satisfait :

$$\frac{1}{f(y)} \frac{df(y)}{dy} = \frac{y+a}{c_0+c_1y+c_2y^2} \quad (IV.31)$$

Les formes diverses de cette distribution sont fournies par des variations de coefficient a , c_0 , c_1 et c_2 qui sont liés au skewness et au kurtosis et aux deux premiers moments empiriques (pour plus de détails, voir l'annexe 7.1.1 et l'annexe 7.1.2).

IV. 3.5.1.1 Estimation des paramètres.

Le processus de segmentation nécessite une étape d'estimation de deux paramètres ; a priori (A) et bruit (B) ;

$$A = (p_0, p_1)$$

$$B = (\mu_0, \sigma_0^2, \mu_1, \sigma_1^2)$$

Ces paramètres sont inconnus et peuvent varier d'une image à l'autre. L'algorithme de maximisation de l'espérance stochastique (SEM) [184]; une stochastique de l'algorithme EM [185] crée itérativement des réalisations a posteriori et recalcule les paramètres des classes associées à la fonction f. Ceci est obtenu par l'échantillonnage d'une réalisation de z selon la distribution a posteriori $p(Z|Y)$ et calcule des valeurs empiriques des paramètres d'intérêt en utilisant la réalisation [177]. Les fréquences empiriques sont considérées comme estimateurs des paramètres a priori et des paramètres de bruit respectivement, qui définit $[Z_1, Z_2, \dots, Z_t]$ et $[Y_1, Y_2, \dots, Y_t]$ l'estimateur $\hat{\delta}$ de δ .

Donc, considérons $Q_0 = \{t|Z_t = 0\}$, $Q_1 = \{t|Z_t = 1\}$

$$\hat{p}_{c,t} = \frac{1}{\text{card}(C_t)} \sum_{j \in C_t} \delta(Z_j = c)$$

$$\hat{\mu}_c = \frac{\sum_{j \in Q_c} Y_t}{\text{card}(Q_c)}$$

$$\hat{\sigma}_c^2 = \frac{\sum_{t \in Q_c} (Y_t - \hat{\mu}_c)^2}{\text{card}(Q_c)} \quad \text{avec : } c=0, 1, \tag{IV.32}$$

Où, C_t est l'estimation du cube centré de voxel t et δ le symbole de Kronecker. Les mises à jours des paramètres sont obtenus en prenant l'espérance conditionnelle à $(Y_1, Y_2, \dots, Y_t) = (y_1, y_2, \dots, y_t)$ en fonction des valeurs actuelles de l'estimateur. Cela ne peut être fait que lorsque qu'il y a lieu de déterminer le type de distribution du système Pearson comme une étape supplémentaire (pour plus de détails, voir l'annexe 7.1.3) :

$$p_{c,t}^q = \frac{1}{\text{card}(C_t)} \sum_{j \in C_t} \delta(Z_j^q = c) \tag{IV.33}$$

Où, $p_{c,t}^{q-1}$ la probabilité a priori du voxel t appartenant à la classe c estimée à l'itération q, en mettant $p_0 = p_{t,0}^{q-1}$, $p_1 = p_{t,1}^{q-1}$ et $p_\varepsilon = 1 - p_{t,0}^{q-1}$, on obtient la distribution a posteriori d qui est donnée par :

$$d^q(c|y_t) = \frac{\frac{d^2(c|y_t)}{p_{t,c}^{q-1} f^{q-1}(y_t|c)}}{p_{t,0}^{q-1} f^{q-1}(y_t|0) + p_{t,1}^{q-1} f^{q-1}(y_t|1) + (1 - p_{t,0}^{q-1}) \int_0^1 f^{q-1}(y_t|\theta) d\theta} \tag{IV.34}$$

Où, $f^{q-1}(y_t|c)$ est la densité dont le type de distribution est choisi à l'aide du système Pearson et dont la moyenne et la variance ont été estimées à l'itération $q - 1$ et $p_{t,c}^{q-1}$ est la probabilité a priori du voxels appartenant à la classe c estimé à l'itération $q - 1$ [180].

Toutefois, dans le cadre adaptatif non supervisé, l'information spatiale est prise en compte au moyen de l'étape d'estimation. En fait, l'a priori peut être ré-estimée par la fenêtre locale de voisinage d'un voxel donné dans l'image (fenêtre voisine locale avec les a priori $q_{t,c}$ selon la position t du voxel dans l'image).

IV. 2.5.1.2 Processus de segmentation

La segmentation individuelle du voxel implique l'utilisation d'un critère pour classer chaque voxel comme une partie du volume fonctionnel d'intérêt (VOI) ou d'arrière-plan. Donc, il a été proposé d'utiliser la probabilité maximale à postériori (MPL) comme suggéré par [177] et cela a été comparé avec d'autres méthodes dans [186]. Le MPL semble bien adapté au modèle FLAB. En fait, le principe du MPL exige des paramètres a priori de chaque classe pour chaque voxel. Les méthodes alternatives de MPL sont la stochastique espérance-maximisation qui utilise la stochastique-perturbation avec succès pour éviter des maxima locaux et l'algorithme estimation conditionnelle itérative (ICE) qui ne fait pas référence à la probabilité de vraisemblance.

L'algorithme MPL fonctionne comme suit : Il s'agit de trouver la distribution à postériori $d(\varepsilon|y_t)$ par l'algorithme d'estimation de SEM donné par la relation (IV.34). Initialement, en mettant $(F|y_t) = 1 - d(0|y_t) - d(1|y_t)$, par la suite, la règle de décision assignant la classe c ou le niveau flou F_t de voxel t connaissant la valeur observée y_t est donnée par la formule (IV.34) à condition que : $\hat{z}_t = \hat{S}(y_t)$.

- Initialement, en considérant que $c_t = \operatorname{argmax}_{n \in \{0,1,F\}} d(n|y_t)$. Si $c_t \in \{0,1\}$ mettant $\hat{S}(y_t) = c_t$ (c'est à dire le voxel appartient à la classe dure 0 ($c_t = 0$) ou 1 ($c_t = 1$)). Si $c_t = F$ (c'est-à-dire le voxel appartient à la classe floue).
- $\hat{S}(y_t) = \operatorname{argmax}_{t \in \{0,1\}} d(t|y_t)$.
- La règle s'exécute comme suit : maximisation $d(\varepsilon|y_t)$, si le pixel appartient à la classe dure ou floue : si elle est 0 ou 1, arrêter ; Si elle est floue, déterminer sa valeur exacte en maximisant les restrictions de $d(t|z_s)$ sur $]0,1[$.

Enfin, une méthode de segmentation non supervisée bien adaptée au modèle de FLAB est obtenue en ajoutant le processus de segmentation et la méthode estimation de paramètre (SEM) dans les sections précédentes.

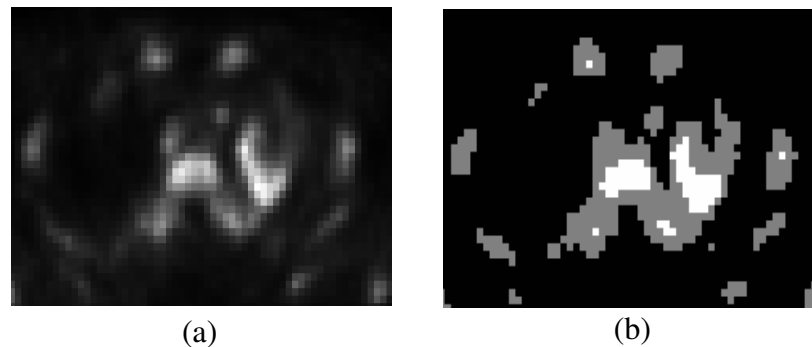


Fig.IV.5 -Résultat de segmentation de l'image réelle du TEP : (a) image originale, (b) selon algorithme FLAB.

IV. 2.5.2 Champs de Markov Cachée Floue (HFMF)

Le modèle de champs de Markov caché floue, en anglais Hidden Fuzzy Markov Fields (HFMF), est une méthodologie statistique Bayésienne non supervisée très utilisée dans l'analyse d'image [175, 192, 193]. Dans ce modèle, les auteurs ont proposé une modélisation markovienne des champs aléatoires flous des classes généralisant ainsi le modèle classique des champs aléatoires des classes dures. Cette technique consiste à inclure les mesures de Dirac et Lebesgue afin de permettre la coexistence de pixels durs et de pixels flous dans la même image. En outre, les propriétés statistiques des classes sont inconnues et doivent être estimées. Pour résoudre ce problème de l'estimation des paramètres associés à ce modèle, on utilise une méthode d'estimation générale récente appliquée dans le cas de données cachées, appelée Estimation Itérative Conditionnelle (ICE) [175]. Cet algorithme a été appliqué avec succès dans la segmentation classique basée sur des champs de Markov cachés. Afin de compléter le processus de segmentation floue, l'algorithme MPM de segmentation dure est généralisable au modèle flou. Lorsque les données sont floues la nouvelle méthode «MPM flou» permet d'obtenir de meilleurs résultats [175].

IV. 2.5.2.1 Principe

Soit S un ensemble de pixels ou voxels de cardinal N , $Z = (Z_s)_{s \in S}$, $Y = (Y_s)_{s \in S}$ deux champs aléatoires correspondant respectivement au champ caché et champ observé. Chaque variable aléatoire Z_s est à valeurs dans l'ensemble fini de classes $\Omega = \{1, \dots, K\}$ et chaque variable aléatoire Y_s est réellement évaluée. Considérons le cas de deux situations :

- Dans le cas dure, les Z_s prennent leurs valeurs dans $\Omega_h = \{0,1\}$, où les nombres 0 et 1 correspondent aux classes dures.
- Dans le cas flou, les Z_s prennent leurs valeurs dans $\Omega_f = [0,1]$, où les nombres 0 et 1 correspondent aux classes dures et $]0,1[$ correspondent aux classes floues.

Autrement, toutes les valeurs $z_s \in [0,1]$ modélisent la proportion de la classe "0" dans le pixel lié à Z_s , où $1 - z_s$ correspond à la proportion de la classe "1". La distribution de chaque variable aléatoire Z_s est donnée par une densité h_s en respectant une mesure comprenant des composants discrets (durs) (fonctions Dirac δ_0, δ_1 on $\{0,1\}$) et un composant continu (flou) (la mesure de Lebesgue ξ sur $[0, 1]$).

$$v = \delta_0 + \delta_1 + \xi \quad v \in]0, 1[\tag{IV.35}$$

Distribution de Z. Soit Z un champ aléatoire indexé par l'ensemble $\Omega = \{0,1\}$. La probabilité a priori $P(Z = z)$ est égale à :

$$P(Z = z) = h(z) = C \exp (-U(z)) \tag{IV.36}$$

Où, U est une fonction appelée «énergie» et se décompose en une somme de potentiels sur les cliques définis par :

$$U(z) = \sum_{c \in C} U_c(z) \tag{IV.37}$$

Avec C l'ensemble des cliques liées au système de voisinage V , U_c un potentiel en tenant compte des interactions entre les sites de la même clique. Si on admet que ces fonctions ne dépendent pas de la position de la clique considérée dans l'ensemble des pixels, l'énergie est déterminée par trois fonction $\varphi_v: \Omega^2 \rightarrow \mathfrak{R}$ (v pour les voisins verticaux), $\varphi_h: \Omega^2 \rightarrow \mathfrak{R}$, (h pour les voisins horizontaux) et $\varphi_1: \Omega \rightarrow \mathfrak{R}$ (pour les singletons). L'énergie U s'écrit :

$$U(z) = \sum_{\substack{t,s \text{ voisins} \\ \text{verticaux}}} \varphi_v(z_t, z_s) + \sum_{\substack{t,s \text{ voisins} \\ \text{horizontaux}}} \varphi_h(z_t, z_s) + \sum_{s \in S} \varphi_1(z_s) \tag{IV.38}$$

Notons que cette modélisation décrite dans l'équation (IV.48) ne permet pas de prendre en considération des anisotropies éventuelles (contraire d'isotropie) de l'image selon les bissectrices. Ces anisotropies peuvent prendre en compte la Markovianité par rapport aux plus proches voisins ; apparaissent alors des cliques contenant des pixels voisins selon les bissectrices [175]. Si on suppose que les fonctions définies sur les cliques de cardinal supérieur à deux sont nulles, l'énergie U s'écrit :

$$U(x) = \sum_{\substack{t,s \text{ voisins} \\ \text{verticaux}}} \varphi_v(z_t, z_s) + \sum_{\substack{t,s \text{ voisins} \\ \text{horizontaux}}} \varphi_h(z_t, z_s) + \sum_{\substack{t,s \text{ voisins} \\ \text{selon 1re} \\ \text{bissectrice}}} \varphi_{b_1}(z_t, z_s) + \sum_{\substack{t,s \text{ voisins} \\ \text{selon 2re} \\ \text{bissectrice}}} \varphi_{b_2}(z_t, z_s) + \sum_{s \in S} \varphi_1(z_s) \tag{IV.39}$$

Nous allons exposer ici le principe de la généralisation de champs de Markov au cas flou, la démarche proposée étant généralisable aux champs définis par (IV.39).

$$U(z) = \sum_{t,s \text{ voisins}} \varphi(z_t, z_s) \quad (\text{IV.40})$$

Avec φ de la forme :

$$\varphi(x_t, x_s) = \begin{cases} -\alpha & \text{si } z_t = z_s \\ \alpha & \text{si } z_t \neq z_s \end{cases} \quad (\text{IV.41})$$

Où, α le paramètre déterminé par la loi de Z.

Le but des modélisations markoviennes en segmentation d'image dure est important, cela est dû à la possibilité de la simulation, par des procédures itératives comme l'échantillonneur de Gibbs et des réalisations de Z. Si le cardinal de l'ensemble S est trop grand, la relation des énergies (IV.36) n'est en effet pas directement exploitable (c inconnu). Notons que les difficultés sont encore plus grandes en segmentation floue [175]. Si on cherche à définir la loi d'un couple (Z_t, Z_s) , on est amené à considérer la densité $h(z_t, z_s)$ de la loi de couple (Z_t, Z_s) par rapport à la mesure v^2 :

$$v^2 = v \otimes v = (\delta_0 + \delta_1 + \xi) \otimes (\delta'_0 + \delta'_1 + \xi') = \delta_0 \otimes \delta'_0 + \delta_0 \otimes \delta'_1 + \delta_0 \otimes \xi' + \delta_1 \otimes \delta'_0 + \delta_1 \otimes \delta'_1 + \delta_1 \otimes \xi' + \xi \otimes \delta'_0 + \xi \otimes \delta'_1 + \xi \otimes \xi' \quad (\text{IV.42})$$

Cette mesure v^2 comporte quatre masses de Dirac aux points (0,0), (0,1), (1,0), (1,1), quatre mesures de Lebesgue définies sur les côtés du carré unité et une mesure de Lebesgue sur le carré]0,1[². En plus, si nous voulons définir la loi d'un triplé (X_s, X_t, X_u) par une densité par rapport à la mesure v^3 , cette mesure sera définie par huit masses de Dirac sur les sommets du cube unité, douze mesures de Lebesgue définies sur les segments reliant ces sommets, six mesures de Lebesgue définies sur les faces du cube et une mesure de Lebesgue définies sur son intérieur du cube. On remarque que la généralisation de cette mesure v^N est difficile à manipuler et à réaliser pour $N \geq 3$. En plus, notons que tel n'est pas le cas en segmentation dure, v est dans ce cas la mesure de dénombrement et v^N est accessible pour $N \leq 7$ environ. Ce fait peut avoir une importance en segmentation d'image contextuelle. Dans le cas dur, il est possible de considérer plusieurs voisins dont le nombre peut aller, dans le cas de deux classes, jusqu'à quatre. En segmentation floue, il semble difficile de pouvoir tenir compte de plus d'un voisin [175].

Ainsi, si C est une clique de forme donnée par $n = \text{Card}(C)$, la fonction associée φ_C sera une fonction de $\{0,1\}^n$ dans \mathbb{R} . D'autre part, pour chaque pixel s , la distribution de Z_s est une distribution sur $\Omega = \{0,1\}$.

Les auteurs dans [175] ont généralisé ce modèle de telle manière que pour chaque pixel s , la distribution de Z_s est une distribution sur $\Omega_f = [0,1]$ donnée par une densité par rapport à la mesure ν définie dans (IV.35),

$$h_f(z) = h(z) = C \exp(-U_f(z)) \tag{IV.43}$$

Où, N est le nombre de pixels. Considérons la fonction (IV.43) définie sur $\Omega_f^N = [0,1]^N$, La fonction U_f est de la même forme que la fonction U avec la différence suivante : C est un système de clique $n = \text{Card}(C)$ qui sera associée à $\varphi_{f,C}$, fonction définie sur $\Omega_f^n = [0,1]^n$ au lieu de $\Omega^n = \{0,1\}^n$. Après, $h_f(z)$ la densité a priori de P_z par rapport à mesure ν^N est donnée par:

$$P_z = h_f \nu^N \tag{IV.44}$$

Remarque : Dans le cas d'un champ stationnaire, le cas où les fonctions U dépendent uniquement de la forme de cliques et ne dépendent pas de leur position dans l'ensemble des pixels.

Pour simplifier l'étude, les champs de Markov flous peuvent être considérés comme des cas particuliers de champs de Markov durs dans le sens suivant : la distribution de chaque champ de Markov dur est une limite de distribution des champs de Markov flous. Pour être plus précis, considérons un champ Markov dur donné par la famille de fonctions φ_C définie comme suit :

$$\varphi_{f,C}^\lambda(z_C) = \begin{cases} \varphi_C(z_C), & \text{si } z_C \text{ dur} \\ \lambda, & \text{si } z_C \text{ flou} \end{cases} \tag{IV.45}$$

Où, z_C dur signifie que tous les composants $z_s, s \in C$ sont durs et z_C signifie qu'au moins l'un de ces composants est flou. Nous devons insister sur le fait qu'une image est floue lorsqu'un pixel est au moins flou (elle peut contenir des pixels durs). Par conséquent, cette image se compose de deux ensembles E_h (ensemble des durs) and E_f (ensemble des flous). Nous donnons ci-dessous un résultat qui génère légèrement deux propositions présentées dans [175] (Pour plus de détails, voir l'Annexe 7.2). La densité h_f^λ de P_z par rapport à ν^N est donnée par :

$$h_f^\lambda(z) = c(\lambda) \exp(-U_f^\lambda(z)) \leq M \cdot \exp(-(a + \lambda)) \quad (IV.46)$$

Avec : $P_z[z \in E_h] \leq v^N[z \in E_f] \cdot M \cdot \exp(-(a + \lambda))$. Finalement, avec $M = \exp(U(z_0))$ et $a \in \mathbb{R}$ $P_z[z \in E_f] \leq (3^N - 2^N) \cdot M \cdot \exp(-(a + \lambda))$, tel que $\sum_{c \in C'} \varphi_C(y_c) \geq a$.

Le modèle proposé en [175] est basé sur des champs de Markov floue cachés HFMF par rapport à huit types de voisins correspondant aux singletons, la diagonale horizontale (nord-est ou sud-ouest), la deuxième diagonale (nord-ouest ou sud-est) et la direction verticale, nous avons besoin de quatre paires $(\alpha^h, \alpha^f) \in (\mathbb{R}^2)$ et deux pour les singletons η pour décrire le champ Z .

$$(z_s) = \begin{cases} \eta_0 & \text{si } z_s = 0 \\ \eta_1 & \text{si } z_s = 1 \end{cases} \text{ et } \varphi(z_s) = \lambda \text{ si } z_s \in]0, 1[\quad (IV.47)$$

Si $(z_s, z_t) \in \{0, 1\}^2$ (les deux pixels sont durs) :

$$\varphi_{hor}(z_s, z_t) = \begin{cases} -\alpha_{hor}^h & \text{si } z_s = z_t \\ \alpha_{hor}^h & \text{si } z_s \neq z_t \end{cases} \quad (IV.48)$$

Si $(z_s, z_t) \in [0, 1]^2 - \{0, 1\}^2$ (au moins un pixel pixels flou) :

$$\varphi_{hor}(z_s, z_t) = -\alpha_{hor}^f(1 - 2|z_s - z_t|) \quad (IV.49)$$

et la même formule pour les voisins verticaux, nord-est et nord-ouest avec des paramètres correspondants $(\alpha_{ver}^h, \alpha_{ver}^f, \alpha_{en}^h, \alpha_{en}^f, \alpha_{wn}^h, \alpha_{wn}^f)$. Enfin, la distribution priori de Z est définie par le paramètre global $\alpha = (\eta_0, \eta_1, \lambda, \alpha_{hor}^h, \alpha_{hor}^f, \alpha_{ver}^h, \alpha_{ver}^f, \alpha_{en}^h, \alpha_{en}^f, \alpha_{wn}^h, \alpha_{wn}^f)$.

Distribution de (Z, Y) . La loi du couple (Z, Y) est donné par la loi a priori de Z (probabilité a priori $p(z)$), et les lois de Y conditionnelles à Z (la probabilité conditionnel $p(y|z)$). En supposant que les distributions de (Z_s, Y_s) sont indépendantes de s et dénotant par $N(\mu, \sigma^2)$ la distribution normale de la moyenne μ et la variance σ^2 , la distribution de Y_s conditionnelle sur $Z_s = z_s \in [0, 1]$ est définie par les expressions suivants :

$$\begin{aligned} &N(\mu_{fi}, \sigma_{fi}^2) \\ &\mu_{fi} = (1 - z_s)\mu_0 + z_s\mu_1 \\ &\sigma_{fi}^2 = \sigma_0^2(1 - z_s)^2 + z_s^2 \end{aligned} \quad (IV.50)$$

Où, $\mu_0, \mu_1, \sigma_0^2, \sigma_1^2$ sont des paramètres donnés (ils ont défini toutes les distributions de Y conditionnel sur Z). Pour $\mu_0, \mu_1, \sigma_0^2, \sigma_1^2$ fixe, la densité gaussienne définie par:

$$\psi(z, y) = ke^{-U_f(z)} \prod_{s \in S} \psi_{z_s}(y_s) \quad (\text{IV.51})$$

Où, $\psi(z, y)$ est la densité de la distribution de (Z, Y) par rapport à $v^N \otimes \xi^N$ défini par l'Eq (IV.48), ξ la mesure Lebesgue sur R et N le nombre de pixels. L'équation (II.52) nous permet d'écrire la probabilité à postériori comme suit :

$$\psi(z, y) = ke^{-W_y(z)} \quad (\text{IV.52})$$

Où, W_y La somme de deux quantités d'énergie U_f et V_z .

Avec $\prod_{s \in S} \psi_{z_s}(y_s) = e^{\sum_{s \in S} \log \psi_{z_s}(y_s)} = e^{-V_s(y)}$.

La densité de la distribution de Z à postériori (conditionnelle sur $Y = y$) par rapport à v^N est donc donnée par :

$$\psi^y(z) = \frac{ke^{-W_y(z)}}{\int ke^{-W_y(z)} dv^N(z)} \quad (\text{IV.53})$$

L'équation (IV.53) se réécrit sous la forme suivante :

$$\psi^y(z) = k(y)e^{-W_y(z)} = k(y)e^{-(U_f(z)+V_z(y))} \quad (\text{IV.54})$$

Ainsi, l'énergie dans l'Eq (IV.53) est de la même forme que dans l'Eq (IV.38) avec l'addition de la quantité $V_z(y) = -\sum_{s \in S} \log \psi_{z_s}(y_s)$ où ψ_{z_s} est Gaussien avec la moyenne $(1 - z_s)\mu_0 + z_s\mu_1$ et la variance $(1 - z_s)\sigma_0^2 + z_s\sigma_1^2$. Comme dans le cas du champ de Markov dur, la nature de Markov de la distribution à postériori de Z est préservée et on peut utiliser l'échantillonneur Gibbs afin de simuler ses réalisations.

IV. 2.5.2.2 Echantillonneur de Gibbs flou

La possibilité d'effectuer des tirages selon les lois conditionnelles décrites ci-dessus permet la simulation des réalisations de Z par un échantillonneur de Gibbs «flou», dont le principe est le même que celui de l'échantillonneur de Gibbs couramment utilisé dans le cas dur. Dans ce dernier cas la démarche est la suivante [175] :

1. On se donne une configuration arbitraire Z^0
2. On numérote les pixels $1, 2, \dots, N$. La loi de Z_1 conditionnelle à la réalisation de tous les autres Z_i , donnés par la configuration Z^0 , est explicitement calculable : on effectue un tirage, selon cette loi, dans l'ensemble $\{0,1\}$. On remplace la classe figurant sur le pixel 1 dans la configuration Z^0 par la classe obtenue par le tirage (qui peut être, éventuellement, la même). On passe au pixel 2 et on calcule la loi Z_2 conditionnelle à tous les autres Z_i , en tenant compte de la nouvelle valeur, éventuellement différente de

la valeur précédente, de Z_1 . Comme précédemment, on effectue un tirage, selon cette loi, dans l'ensemble $\{0,1\}$. On remplace la classe figurant sur le pixel 2 dans la configuration Z^0 par la classe obtenue par tirage, et ainsi de suite. Après N tirages, on aura effectué un «balayage complet» de l'image, soit Z^1 . Dans le cas des images simples, l'aspect de l'image se stabilise après une quinzaine de balayages. Nous proposons exactement la même démarche en remplaçant $\{0, 1\}$ par $[0, 1]$.

Dans le cas dur, on montre que la suite aléatoire des Z^1, Z^2, \dots, Z^N ainsi construite converge en lois vers la loi de probabilité par (IV.36) [169]. Le résultat reste valable lorsque l'espace des états, i , e l'ensemble dans lequel chaque Z_s prend ses valeurs, est compact [39]. Notre modélisation se situe dans ce cadre, en effet l'espace des états est $[0, 1]$. Notons que ce résultat reste valable lorsqu'on considère la loi a posteriori de Z définie dans la section suivante.

IV. 2.5.2.3 Estimation des paramètres par ICE

Le rôle de L'algorithme ICE est de créer de manière itérative des réalisations a priori et de recalculer les paramètres des classes associées à $\psi(\mu, \sigma)$ et à la régularité de l'espace [184]. Supposons maintenant que nous observons une réalisation (z, y) de la paire (Z, Y) . Dans une classification dure, le moment empirique $\hat{\theta} = \hat{\theta}(Z, Y)$ est un estimateur du paramètre θ correspondant à la probabilité maximale sous l'hypothèse des lois gaussiennes conditionnelles. Lorsque nous utilisons une segmentation floue, il suffit d'estimer les paramètres relatifs aux classes dures. Nous généraliserons la méthode proposée par [175] en appliquant les moments empiriques aux pixels durs. Notons α l'ensemble des paramètres caractéristiques U_f qui donne la distribution a priori de Z , et par $\beta = (\mu_0, \mu_1, \sigma_0, \sigma_1)$ les paramètres caractéristiques de la distribution de Y conditionnelle sur Z . Considérons des problèmes d'estimation de α et β séparément. Pour $i = 0, 1, Q_i = \{s \in S / Z_s = i\}$, les ensembles des pixels qui appartiennent aux classes dures. Notre objectif est d'estimer l'ensemble des paramètres $\hat{\beta} = \hat{\beta}(Z, Y)$ de β . L'application de la méthode du moment empirique sur les pixels durs est donnée par :

$$\hat{\mu}_i(Z, Y) = \frac{\sum_{s \in Q_i} Y_s 1_{[Z_s=i]}}{\sum_{s \in Q_i} 1_{[Z_s=i]}} \tag{IV.55}$$

$$\hat{\sigma}_i^2(Z, Y) = \frac{\sum_{s \in Q_i} (Y_s - \hat{\mu}_i) 1_{[Z_s=i]}}{\sum_{s \in Q_i} 1_{[Z_s=i]}} \tag{IV.56}$$

Et supposons que z soit une réalisation du champ floue Z . Donc, l'estimateur de $p(z)$ est basé sur un algorithme de gradient stochastique [188] :

$$\begin{aligned} \alpha_0, Z = z_0 \text{ donné} \\ \alpha_{n+1} = \alpha_n + \frac{c}{(n+1)} [U_f'(z_{n+1}) - U_f'(z_n)] \end{aligned} \quad (\text{IV.57})$$

Les quantités de U_f' sont les gradients de U selon le paramètre α . z_{n+1} est une réalisation de Z simulé par l'échantillonneur de Gibbs flou, selon sa distribution a priori et en utilisant le paramètre courant α_n .

Ainsi $\hat{\theta} = \hat{\theta}(Z, Y)$ est défini par (IV.55)-(IV.57). L'estimation de θ de Y est fait par l'algorithme ICE (Pour plus de détails, voir l'Annexe 7.3).

IV. 2.5.2.4 Segmentation non supervisée.

Après les étapes de l'estimation des paramètres avec l'algorithme ICE. La deuxième étape de ce modèle se concentre sur une décision/segmentation. Le processus de décision finale est effectué avec une approche Bayésienne comme suit : considérons une fonction de perte $L^*: [0, 1]^N \times [0, 1]^N \rightarrow \mathbb{R}^+$. La fonction $L^*(z, z')$ modélise le degré de gravité que l'on accorde à l'erreur «choix erroné de z au lieu de la vraie valeur z' ». Par la suite, une stratégie \hat{s}_B qui minimise la sévérité moyenne des erreurs commises lors de l'utilisation sur un long \hat{s} est égale à $E[L^*(Z, \hat{s}(Y))]$. Plusieurs fonctions de coût peuvent être considérées, menant à des estimateurs différents. Plusieurs stratégies ont été utilisées, parmi elles, 1) MAP a été introduite par [175], qui visent à maximiser la probabilité globale à posteriori, 2) MPM qui a été inventé par Marroquin [192], qui consiste à maximiser la distribution marginale à postérieure. Cependant, il est possible d'adapter le critère MPM [185] au contexte flou. Pour l'algorithme MPM flou, la fonction de perte globale L^* dépend d'une fonction de perte locale $L_s^*(z, z')$ définie à chaque site s : $\text{For}(z_s, z'_s) \in [0, 1]: L_s^*(z, z') = \sum_{s=1}^N L_s(z_s, z'_s)$. Dans le cas dur, les choses sont relativement simples : pour les classes k , L_s donnée par une matrice $k \times k$. Dans le cas flou qui nous concerne, il existe deux natures différentes de pixels (dures et floues) et L dépendra de ce que nous recherchons. Avec cette situation, les choses sont plus compliquées.

Pour une L donnée, la recherche pratique du \hat{s}_B Bayésien est comme la suivante. Pratiquement, pour une réalisation $Y = y$, nous minimisons une espérance conditionnelle dans l'Equation (IV.58) afin d'obtenir une valeur optimale de Z_s .

$$E[L^*(Z, \hat{s}(Y))] = E \left[E[L^*(Z, \hat{s}(Y)) / Y] \right] = \sum_{s \in S} E \left[E[L^*(Z_s, \hat{s}_s(Y)) / Y] \right] \quad (\text{IV.58})$$

Où, \hat{s}_B est la solution qui minimise l'espérance conditionnelle (IV.59) pour chaque réalisation $Y = y$

$$E[L^*(Z_s, \hat{s}_s(Y))/Y = y] \tag{IV.59}$$

Le calcul de (IV.59) nécessite donc une connaissance de la distribution à postériori de chaque Z_s . Dans le cas flou, ces dernières distributions sont données par des densités $h_{s,y}$. Où, $Y = y$, par rapport à v . Si on suppose ces densités connues, (IV.59) s'écrit :

$$E[L^*(Z, \hat{s}(Y))] = E[E[L^*(Z, \hat{s}(Y)) / Y]] = \sum_{s \in S} E[E[L^*(Z_s, \hat{s}_s(Y)) / Y]] \tag{IV.60}$$

Bien qu'il existe de nombreuses possibilités dans le choix de la fonction de perte, la distance absolue $L(z_s, z'_s) = |z_s - z'_s|$, offre des résultats meilleurs pour les tâches de segmentation.

$$h_{s,y}(0)|\hat{s}_s(y)| + h_{s,y}(1)|1 - \hat{s}_s(y)| + \int_0^1 h_{s,y}(t)|t - \hat{s}_s(y)|dt \tag{IV.61}$$

Enfin, la segmentation est effectuée en attribuant à chaque $s \in S$ un nombre $\hat{s}_{B,s}(y) \in [0, 1]$ qui minimise (IV.61), ce dernier problème étant résolu numériquement. Pour cela, nous avons cité deux algorithmes ALG1 et ALG2 pour atteindre cette dernière étape (pour plus de détails, voir l'Annexe 7.4).

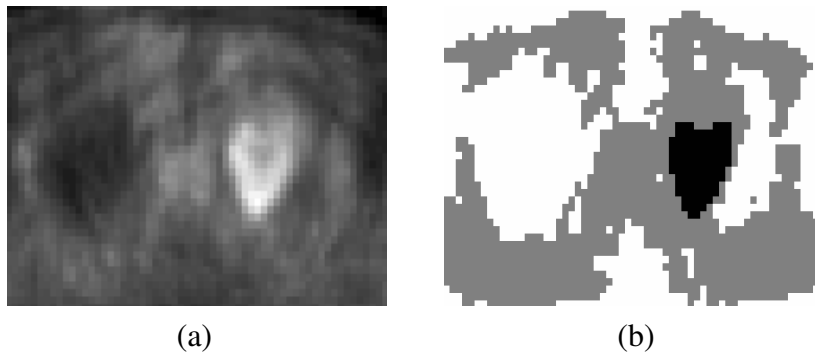


Fig.IV.7-Résultat de segmentation de l'image réelle du TEP : (a) image originale, (b) selon algorithme HFMF.

IV. 2.5.3 Chaîne de Markov Cachée Floue (FHMC)

Le modèle de chaîne de Markov caché floue est une méthodologie statistique non supervisée très utilisé pour la segmentation d'image [189, 190]. Le principe de cette méthode consiste à inclure les mesures Dirac et Lebesgue au niveau de la chaîne de classe afin de permettre la coexistence de pixels durs et de pixels flous dans la même image. Un modèle de chaîne de Markov flou, basé sur une densité non paramétrique comme mesure positive et utilisant l'intégration Lebesgue, a été introduit dans [191]. L'utilisation de chaîne de Markov dans l'analyse d'une image complète est toujours possible afin d'extraire les données en tant que vecteur [187, 188]. Cette technique a donné d'excellents résultats lorsqu'elle est appliquée

pour les chaînes dures de Markov dans le contexte des observations mono-bande et multi-bandes [182].

IV. 2.5.3.1 Principe

Nous considérons maintenant le chaîne de Markov, $Z = Z_s$ avec $1 \leq s \leq N$, $Z_s \in [0, 1]$. Dans ce contexte, à chaque site s , nous avons la condition suivante sur la densité de transition :

$$P(z_s/z_1, \dots, z_{s-1}) = P(z_s|z_{s-1}) \quad \text{for : } 1 < s \leq S \quad (\text{IV.62})$$

Elle implique que la distribution des classes floues du site s est indépendante des états a priori conditionnellement du site $s - 1$. Pour définir la distribution $\Pi(z)$ de la variable Z , nous avons besoin de la densité $p(z_1)$ de la distribution initiale, et des densités de transition $p(z_s|z_{s-1})_{1 \leq s \leq N}$ qui sont données par la relation suivante :

$$P(z_1, z_2, \dots, z_N) = p(z_1) \cdot p(z_2|z_1) \dots p(z_N|z_{N-1}) \quad (\text{IV.63})$$

IV. 2.5.3.2 Densité a priori jointe :

La densité a priori jointe $p(z_s, z_{s+1})$ est définie sur des paires de valeurs $(z_s, z_{s+1}) \in [0, 1]^2$. Donc, la densité est donnée selon une mesure $\nu \otimes \nu$, la condition de normalisation est :

$$\int_{]0,1[} \int_{]0,1[} p(a, b) d(\nu \otimes \nu)(a, b) = 1 \quad (\text{IV.64})$$

Remarque : lorsque la chaîne est stationnaire, toutes les distributions a priori peuvent être déduites d'une densité de joint.

Les auteurs dans [180], ont proposé un modèle général pour le définir :

$$p(\varepsilon_1, \varepsilon_2) = c\varphi(\varepsilon_1, \varepsilon_2) + d \quad \text{avec : } \varphi(\varepsilon_1, \varepsilon_2) = \varphi(\varepsilon_2, \varepsilon_1)(c, d) \in \mathbb{R}^2;$$

La fonction $\varphi(\varepsilon_1, \varepsilon_2)$ est appliquée lorsqu'au moins une étiquette est floue, c.-à-d., $\varepsilon_1 \in]0, 1[$. si les deux étiquettes sont dures, on notera $p(0, 0) = \pi_{00}$, $p(1, 1) = \pi_{11}$, $p(0, 1) = \pi_{01}$, $p(1, 0) = \pi_{10}$. Après, nous modélisons une fonction paramétrée analogue à la fonction clique φ_C du champ de Markov flou. Cette dernière est donnée par la relation (IV.65) comme suit :

$$\varphi(\varepsilon_1, \varepsilon_2) = (1 - |\varepsilon_1 - \varepsilon_2|)^r \quad r \in \mathbb{R} \quad (\text{IV.65})$$

Ainsi, plus les valeurs de ε_1 et ε_2 sont éloignées, plus la probabilité a priori jointe correspondante sera faible. En outre, quand r augmente, la probabilité d'avoir deux pixels voisins similaires augmente.

Le paramètre r a un effet sur l'homogénéité de l'image. Dans F. Salzenstein et al. [181], plusieurs cas ont été étudiés avec différentes valeurs $1 < r < 50$. Les conditions limites sont données par la relation (IV.66) :

$$p(0, 1) = p(1, 0) = b = \pi_{10} = \pi_{01} \quad (IV.66)$$

L'application de l'éq (IV.66) conduit à l'état général suivant :

$$p(0, 0) + p(1, 1) + p(0, 1) + p(1, 0) + 2 \int_{]0,1[} p(0, a) da + 2 \int_{]0,1[} p(1, a) da + \int_{]0,1[} \int_{]0,1[} p(a, b) dadb = 1 \quad (IV.67)$$

Cette équation donne une relation entre tous les paramètres a priori ($\pi_{00}, \pi_{11}, \pi_{01}, \pi_{10}, a, b$). La densité a priori jointe est déterminée par la fonction (IV.65). Nous calculons la fonction comme indiqué dans la relation (IV.67) en utilisant une quantification de l'intervalle $[0,1]$ en M valeurs à distance: $\left\{ \varepsilon_0 = 0, \varepsilon_1 = \frac{1}{M}, \dots, \varepsilon_i = \frac{i}{M}, \dots, \varepsilon_M = 1 \right\}$. Ensuite, nous dérivons la densité initiale $p(z_1)$, qui correspond à la distribution marginale (IV.41) :

$$p(z_1) = \int_0^1 p(z_s, \varepsilon) dv(\varepsilon) = p(z_s, 0) + p(z_s, 1) + \int_{]0,1[} p(z_s, \varepsilon) d\varepsilon \quad (IV.68)$$

Dans cette section, nous voyons que F. Salzenstein et al. [181] ont introduit un nouveau modèle de chaîne de Markov aléatoire flou. Ils ont défini des probabilités initiales et transitoires associées à la densité jointe a priori. Nous présentons maintenant la loi des observations conditionnelles à Z .

L'étape de segmentation finale nécessite le jeu de paramètre $\theta = (\theta_Z, \theta_Y)$, où les paramètres a priori θ_Z d'énergie de Markov flou sont les densités a priori de la chaîne de Markov. Les paramètres $\theta_Y = ((\mu_0, \mu_1); (I_0, I_1))$ sont définis par la distribution des données pilotées conditionnellement à Z . Pour le FMF décrit dans la section précédente, nous utilisons l'estimation conditionnelle itérative (ICE) [175] pour calculer $(\hat{\theta}_Z, \hat{\theta}_Y)$ grâce à l'espérance conditionnelle $E(\hat{\theta}(Z, Y)/Y)$, avec $\hat{\theta}(Z, Y) = (\hat{\theta}_Z(Z), \hat{\theta}_Y(Z, Y))$ un estimateur de θ pour les données complètes. Bien que nous n'observions aucune réalisation de la variable cachée Z , il

est possible de simuler N_{ICE} réalisations de Z en fonction de sa distribution conditionnée sur $Y = y$, afin de rapprocher l'espérance conditionnelle $E_{\theta^{[p]}}[\hat{\theta}_Y(Z, Y)|Y = y]$.

1. Initialement $\theta^0 = \theta_{ini}$
2. Etape p : $\theta^{[p+1]} = (\hat{\theta}_Z^{[p+1]}, \hat{\theta}_Y^{[p+1]})$
3.
$$\hat{\theta}_Z^{[p+1]} = \frac{1}{N_{ICE}} (\hat{\theta}_Z(z_1^{[p]} + \dots + \hat{\theta}_Z(z_{N_{ICE}}^{[p]})) \tag{IV.69}$$

4.
$$\hat{\theta}_Y^{[p+1]} = \frac{1}{N_{ICE}} (\hat{\theta}_Y(z_1^{[p]}, y) + \dots + \hat{\theta}_Y(z_{N_{ICE}}^{[p]}, y)) \tag{IV.70}$$

Où $z_i^{[p]}$ représente une réalisation cachée selon le paramètre actuel $\theta^{[p]} = (\hat{\theta}_Z^{[p]}, \hat{\theta}_Y^{[p]})$. Pour chaque réalisation a posteriori du modèle FMC, un estimateur SEM (fréquences empiriques et moments) est utilisé pour estimer les hyper-paramètres. Toutes les valeurs sont ensuite moyennées par N_{ICE} réalisations postérieures en utilisant (IV.69) et (IV.70). Nous arrêtons la procédure lorsque la séquence $\theta^{[p]}$ s'approche de l'état stationnaire (par exemple 1% du changement relatif des valeurs). Examinons maintenant le problème en estimant θ_Z et θ_Y séparément.

IV. 2.5.3.3 Estimation des paramètres a priori.

Supposons que nous observons une réalisation z de Z . Le paramètre a priori θ_Z correspond aux densités initiales et aux densités de transition. Pour une chaîne stationnaire, ils peuvent déduire la densité jointe, comme on l'a vu dans la section précédente. Nous considérons deux hypothèses :

- La densité a priori dépend d'une fonction paramétrée φ .
- C'est une densité non paramétrée.

Dans le contexte d'une densité paramétrée, nous estimons l'ensemble des paramètres $(\pi_{00}, \pi_{11}, \pi_{10}, \pi_{01}, a, b)$, qui est réduit à $(\pi_{00}, \pi_{11}, a, b)$ grâce à la condition (IV.66). Le paramètre a par exemple peut être déduit par les autres paramètres, afin de respecter l'état de la normalisation (IV.68). Enfin, nous estimons (π_{00}, π_{11}, b) , de la manière suivante :

$$\pi_{00} = \frac{\sum_{s=1}^{S=N-1} \delta(z_s, 0) \delta(z_{s+1}, 0)}{N} \tag{IV.71}$$

$$\pi_{11} = \frac{\sum_{s=1}^{S=N-1} \delta(z_s, 1) \delta(z_{s+1}, 1)}{N} \tag{IV.72}$$

$$b = \frac{\sum_{s=1}^{S=N-1} \delta(z_s, i) \delta(z_{s+1}, j)}{N} \quad i, j \in \{0, 1\}, \quad i \neq j \tag{IV.73}$$

La densité paramétrée minimise la quantité des paramètres a priori et permet de construire une classe floue homogène. Cependant, cette hypothèse semble trop stricte, et il convient d'estimer une densité non paramétrique. Nous calculons la probabilité jointe empiriques de $M \times M$ à partir de l'éq (IV.68) selon différentes configurations de voisinage :

$$p(Z_s \in I_i, Z_{s+1} \in I_j) = \int_{I_i} \int_{I_j} p(a, b) d(v \otimes v)(a, b) \quad (\text{IV.74})$$

On déduit la densité jointe pour différentes configurations de pixels ou voxels voisins.

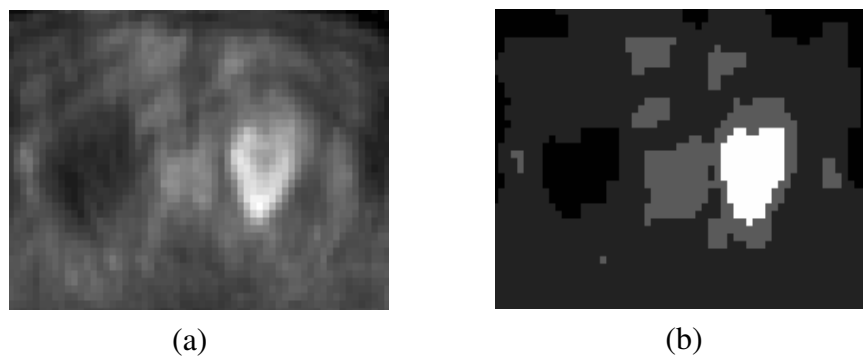


Fig.IV.6 -Résultat de segmentation de l'image réelle du TEP : (a) image originale, (b) selon algorithme FHMC.

IV.2.6 C-moyennes Floue Généralisée Automatisée (GFCM)

Les méthodes de classification floue mentionnées précédemment ont donné des résultats efficaces. Ces techniques équivalentes à un estimateur du maximum a posteriori lorsque les observations suivent une distribution gaussienne conditionnelle aux paramètres. Cependant, elles présentent les inconvénients suivants [174] :

- La méthode de classification floue (FCM) conduit à une estimation inexacte lorsque les données ne sont pas gaussiennes.
- FCM suppose que les observations sont conditionnellement indépendantes des paramètres, ce qui entraîne une segmentation inexacte en présence de dépendances spatiales.

Pour améliorer les résultats du regroupement et remédier aux inconvénients mentionnés ci-dessus, J. L. Lahorgue et al. [174] ont proposé de généraliser la méthode classique de la FCM, appelée en anglais Spatial Positron Emission Quantification of Tumor-AutomatiC Lp-norm Estimate (SPECTAQL). Ils ont incorporé l'utilisation de la norme hilbertienne l^p -Norm au lieu de la norme euclidienne. En effet, les auteurs dans [174] ont mis en œuvre une estimation automatique de la norme pour la délimitation optimale du volume

fonctionnel basée sur l'analyse image par image de l'approche FCM, ce qui permet d'améliorer la précision et les performances de segmentation des images de TEP.

IV.2.6.1 Principe de l'algorithme GFCM

Dans l'algorithme de la GFCM, le critère de minimisation devient :

$$J_{SPEQTACLE} = \sum_{u=1}^n \sum_{i=1}^c p_{u,i}^m |y_u - \mu_i|^\alpha, \tag{IV.75}$$

Où, α est le paramètre de la norme. Pour résoudre l'équation (IV.75), il faut d'abord trouver la valeur de α :

- ❖ Si $\alpha = 1$: aucune solution n'est disponible et les centres de la classe μ_i ne peuvent pas être estimés.
- ❖ Si $\alpha = 2$: Ceci correspond au FCM standard (FCM classique) et un centre est égal à
$$\mu_i = \frac{\sum_{u=1}^n p_{u,i}^m y_u}{\sum_{u=1}^n p_{u,i}^m}.$$
- ❖ Si $\alpha > 2$ ou $\alpha < 2$: Les centres sont calculés en utilisant les algorithmes de Newton-Raphson et la descente de gradient, respectivement.

IV.2.6.2 Distribution gaussienne généralisée.

Le FCM peut également être réécrit afin de mettre en évidence une distribution a priori concernant les paramètres $(p_{u,i})_{1 \leq i \leq c}$ et $(\mu_i)_{1 \leq i \leq c}$ et une probabilité associant les observations avec les paramètres. Cette idée a déjà été exploitée en choisissant des distributions a priori pour optimiser l'estimation, la minimisation de l'équation (IV.3) équivaut à la maximisation, qui correspond à $\alpha = 2$.

$$P = f(\sum_{u=1}^n \sum_{i=1}^c p_{u,i}^m |y_u - \mu_i|^2), \tag{IV.76}$$

Où, f est une fonction positive, et P est une densité de probabilité en fonction des variables observées $(y_u)_{u \in V}$ appelées probabilités (pour plus de détails, voir l'annexe 7,5). Nous supposons que conditionnellement sur les paramètres $(\mu_i)_{1 \leq i \leq c}$ et $(p_{u,i})_{1 \leq i \leq c}$, l'observation est approximativement distribuée comme une distribution gaussienne généralisée, dont la densité est $y \rightarrow \frac{\alpha}{2\sigma\Gamma(\frac{1}{\alpha})} \exp\left(-\frac{|y-\mu|^\alpha}{\sigma^\alpha}\right)$ paramétrée par un centre

$$\mu_i = \frac{\sum_{u=1}^n p_{u,i}^m y_u}{\sum_{u=1}^n p_{u,i}^m}, \text{ une dispersion } \sigma = \frac{1}{(\sum_{u=1}^n p_{u,i}^m)^{\frac{1}{\alpha}}} \text{ et une forme } \alpha.$$

IV.2.6.3 Estimation de la norme

Dans le cas gaussien, l'expression (IV.76) peut être exprimée sous la forme d'un produit de deux termes : $\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m$ et $|y_u - \beta|^\alpha$, avec $\alpha = 2$ (pour plus de détails, voir l'annexe 7,5). Cependant, l'idée est de généraliser la distribution gaussienne présentée précédemment, en particulier lorsque les données ne sont pas distribuées de manière gaussienne. Ceci ne peut être réalisé que si $p_{u,i} = 1$ valable pour une seule classe. Cette approximation est valable tant que les probabilités ($p_{u,i}$) sont très proches de la configuration par rapport à $p_{u,i} = 1$. Les preuves détaillées sont fournies dans [174, 195]. En conséquence, la région d'intérêt pour l'estimation de la norme est définie de telle sorte que la condition $p_{u,i} = 1$ soit vérifiée. La méthode d'estimation présentée dans la section suivante est basée sur la distribution gaussienne généralisée ci-dessus.

Dans les applications pratiques, cette région d'intérêt a été automatiquement choisie en utilisant une technique de soustraction de fond. Cette dernière fournit une première estimation de la région tumorale. Les paramètres d'estimation μ et σ présentés dans la section suivante sont calculés en utilisant la maximisation de la vraisemblance. Nous pouvons supposer que ces valeurs dépendent de deux hypothèses : 1) ces valeurs de paramètres ne dépendent pas de u et 2) la distribution des observations y_u est approximativement la distribution gaussienne généralisée dans la zone choisie. Soit $(y_u)_{u \in W}$ l'échantillon de la zone choisie W , les estimateurs du maximum de vraisemblance de μ , σ et α notés $\hat{\mu}_{ML}$, $\hat{\sigma}_{ML}$ et $\hat{\alpha}_{ML}$ sont des solutions du système :

1. $\sum_{u \in W} \text{sgn}(y_u - \hat{\mu}_{ML}) |y_u - \hat{\mu}_{ML}|^{\hat{\alpha}_{ML}-1} = 0;$
2. $\hat{\sigma}_{ML}^{\hat{\alpha}_{ML}} = \hat{\alpha}_{ML} \times \frac{1}{|W|} \sum_{u \in W} |y_u - \hat{\mu}_{ML}|^{\hat{\alpha}_{ML}};$
3. $\frac{\hat{\alpha}_{ML} + \psi(\frac{1}{\hat{\alpha}_{ML}})}{\hat{\alpha}_{ML}} = \frac{1}{|W|} \sum_{u \in W} \log \frac{|y_u - \hat{\mu}_{ML}|}{\hat{\sigma}_{ML}} \frac{|y_u - \hat{\mu}_{ML}|^{\hat{\alpha}_{ML}}}{\hat{\sigma}_{ML}^{\hat{\alpha}_{ML}}}$

Ces équations ne sont pas linéaires et ne peuvent être résolues indépendamment. Par conséquent, la solution est estimée à l'aide d'une combinaison d'une méthode variationnelle et de l'algorithme de Newton-Raphson, comme indiqué ci-dessous :

1. Soit $\mu^{(0)}$, $\sigma^{(0)}$ et $\alpha^{(0)}$ les valeurs initiales ;
2. À partir de $\alpha^{(P)}$, calculez $\mu^{(P+1)}$ en résolvant

$$\sum_{u \in W} \text{sgn}(y_u - \hat{\mu}_{ML}) |y_u - \hat{\mu}_{ML}|^{\hat{\alpha}_{ML}-1} = 0 \text{ à l'aide de l'algorithme de Newton-Raphson;}$$

3. À partir de $\alpha^{(P)}$ et $\mu^{(P+1)}$, calculez $\sigma^{(P+1)} = \alpha^{(P)} \times \frac{1}{|W|} \sum_{u \in W} |y_u - \mu^{(p+1)}|^{\alpha^{(P)}}$
4. À partir de $\mu^{(P+1)}$ et $\sigma^{(P+1)}$, calculez $\alpha^{(P+1)}$ en résolvant $\frac{\alpha^{(P+1)} + \psi(\frac{1}{\alpha^{(P+1)}})}{\alpha^{(P+1)}} = \frac{1}{|W|} \sum_{u \in W} \log \frac{|y_u - \mu^{(P+1)}|}{\sigma^{(P+1)}} \frac{|y_u - \mu^{(P+1)}|}{(\sigma^{(P+1)})^{\alpha^{(P+1)}}} \hat{\alpha}_{ML}$

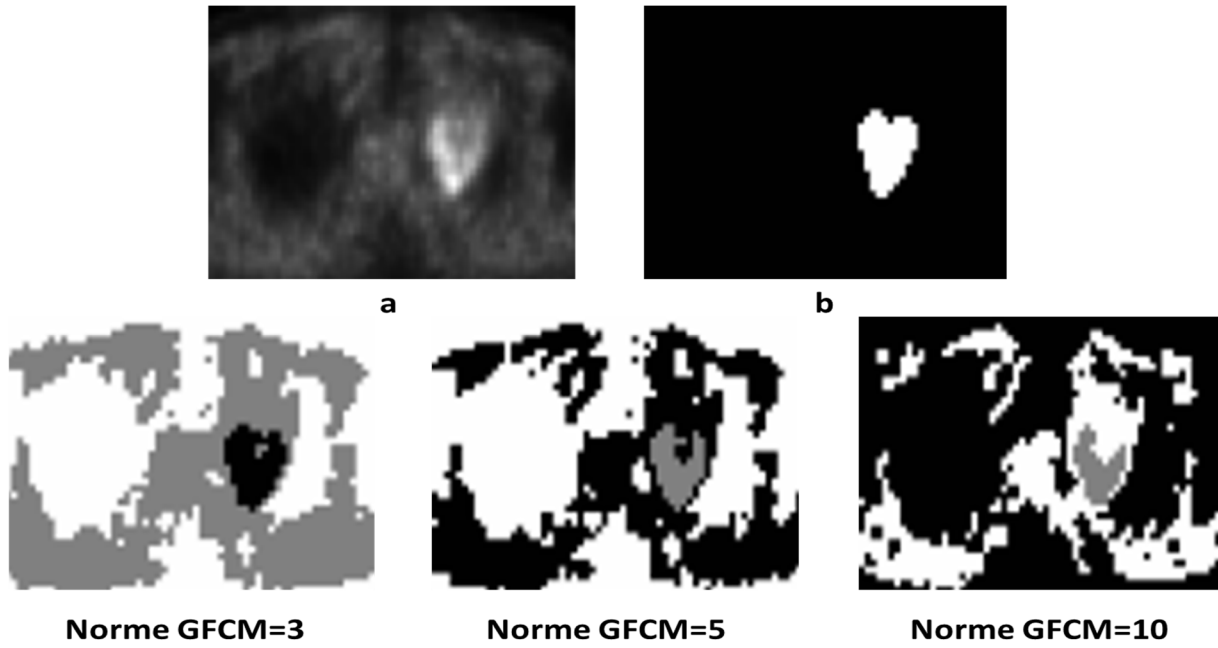


Fig.IV.8 -Les résultats de la segmentation floue de l'image TEP utilisant la méthode floue GFCM avec ces configurations se sont avérés correspondre à des valeurs de norme estimées croissantes : 3, 5 et 10

IV.3 Conclusion

La modélisation informatique pour l'analyse d'images médicales a eu un impact significatif sur les applications cliniques et la recherche scientifique. Les techniques statistiques et l'apprentissage automatique ont permis d'atteindre des performances variantes dans différentes applications médicales ; Cependant, il y a encore de la place à l'amélioration, surtout avec l'utilisation de méthodes récentes nommées apprentissage approfondi, en anglais Deep learning. Ce chapitre contient la description des principaux algorithmes de segmentation floue d'image médicale : FCM, FLICM, FLAB, FHMC, FHMF et les C-moyennes floues généralisées automatisées (SPEQTACLE). En plus, quelques résultats de segmentation des images TEP sont présentés après chaque algorithme.

CHAPITRE V

SIMULATION ET DISCUSSION DES RESULTATS

Dans les chapitres précédents, les méthodes de clustering FCM et FLICM et les méthodes de segmentation Bayésienne tels que FLAB, FHMC, HFMF, et GFCM ont été présentées et analysées. Nous consacrons ce chapitre à l'application de ces approches à la segmentation statique d'images de TEP pour la détection des tumeurs dans les images de Thorax. En outre, une étude comparative détaillée des méthodes les plus connues est fournie en termes d'évaluation de la précision, de la sensibilité, et de la reproductibilité pour de multiples applications cliniques d'images TEP.

V.1. Introduction

Dans ce chapitre, nous présentons les résultats de simulation des méthodes de segmentation flous appliquées sur les images TEP, pour mettre en évidence la précision et la performance de chaque algorithme présenté dans le chapitre précédent en traitement de radiothérapie. Pour cette raison, nous détaillons dans un premier temps le principe général du critère d'évaluation d'un résultat de segmentation. Dans ce cadre d'évaluation, l'objectif de cette thèse est de présenter et d'analyser les principales techniques de segmentation des images TEP et de fournir une étude comparative de toutes les méthodes en termes d'évaluation de la précision, de la sensibilité et de diminution de la variabilité par rapport au manque de données requises. Nous rapportons les résultats de la segmentation de l'image tumorale qui sont les plus utilisés dans la littérature ces dernières années. Six algorithmes de segmentation des images sont appliqués à un ensemble de tumeurs en TEP caractérisées par les propriétés suivantes : niveaux de bruit, large plage de contraste, hétérogénéité d'absorption et complexité de la forme en considérant les cas de tumeurs cliniques.

V.2. Critère d'évaluation d'un résultat de segmentation

Dans le cas général, nous expérimentons et évaluons nos algorithmes de segmentation en utilisant les images réelles TEP afin de comparer à une vérité terrain. La délimitation manuelle de volume métabolique est très importante pour le suivi d'évolution d'une tumeur des patients par un médecin expert. Elle ne permet pas d'engendrer une vérité terrain satisfaisante qui est dû à la variabilité inter comme intra utilisateurs [174, 178]. En effet, La seule solution pour obtenir une relative vérité terrain (Ground Truth GT) des objets d'intérêt au sein du patient imagé par le scanner TEP est une procédure chirurgicale au cours de laquelle la tumeur est retirée puis examinée lors d'une étude histologique. La tumeur est figée dans de la paraffine, puis découpée en tranches fines pour être analysée. Ceci ne peut toutefois être envisagé que sur un nombre limité de patients. En plus, notons que la vérité terrain d'exterminée par histologie n'est pas non plus une correspondance voxel à voxel parfaite avec l'image à segmenter, mais uniquement des informations de dimensions, comme le diamètre maximal ou le volume total. Seules les simulations permettent d'obtenir une vérité terrain avec une correspondance parfaite voxel à voxel entre l'image à segmenter et l'image de vérité terrain. Dans ce contexte, la vérité terrain obtenue grâce à un consensus statistique en utilisant l'algorithme automatique nommée STAPLE (Simultaneous Truth and Performance

Level Estimation) appliqué à trois délimitations manuelles des volumes effectuées de chaque tranche par tranche, avec des paramètres d'affichage libres par des experts ayant une formation et une expérience similaires [175].

V.2.1. Evaluation de la robustesse

La robustesse a été définie comme la capacité de l'algorithme automatique proposé à donner des résultats de segmentation cohérents sur diverses acquisitions par l'appareil TEP scan avec l'utilisation des algorithmes de reconstruction du même objet d'intérêt donné dans une image, en considérant diverses propriétés d'image telles que le contraste, l'échantillonnage spatial (taille de voxel), le SNR, la texture ... etc.

V.2.2. Evaluation de la précision

La précision a été définie comme la capacité de l'algorithme automatique à définir la forme, la position, ainsi que le volume de la tumeur ; et, pour l'évaluer, on a besoin de disposer d'une vérité terrain. Afin d'évaluer l'exactitude de la nouvelle technique par rapport aux méthodes courantes dans la délimitation du volume fonctionnel des cas plus difficiles, par exemple des tumeurs relativement grandes, de formes complexes et/ou hétérogènes comme les tumeurs réalistes simulées en cas cliniques. Pour l'évaluation de la précision, la classification erreur nommée CE a été utilisée selon les deux cas de données simulées (fantômes) et cliniques suivants : 1) dans le premier cas, la CE a été calculée par rapport à la vérité terrain connue, 2) Dans le deuxième cas, la CE a été calculée par rapport à un substitut de vérité obtenu par un consensus statistique, en utilisant l'algorithme STAPLE. La classification erreur fondée sur deux contributions qui sont : les faux négatifs (le nombre de voxels mal classés dans la vérité terrain), et les faux positifs (le nombre de voxels mal classés en dehors de la vérité terrain). La CE est alors calculée comme la somme des voxels mal classés positifs et négatifs, divisée par le nombre de voxels définissant la vérité terrain.

V.2.3. Evaluation de la reproductibilité

L'évaluation de la reproductibilité peut se faire par la répétition de l'exécution de l'algorithme de la segmentation sur les mêmes données (images TEP). On peut ainsi la comparer avec la variabilité observée avec la définition manuelle ou un substitut de vérité terrain obtenu par un consensus statistique (STAPLE). Le coefficient de similarité Dice

présente une mesure synthétique utile du chevauchement spatial, qui peut être appliquée à des études d'exactitude et de reproductibilité dans la segmentation d'images.

Différentes mesures, citées par exemple dans [174, 188, 191, 192], peuvent être utilisées pour évaluer l'exactitude, la précision, la sensibilité et la reproductibilité de la méthodologie considérée. Parmi eux, l'erreur de classification (CE %), la précision (valeur prédictive positive PPV %), le coefficient de similarité (Dice %) et le rappel (R %) (Sensibilité) sont utilisés :

$$CE(\%) = \frac{NCE + PCE}{V_{oIL}} \times 100, \quad Precision(\%) = PPV(\%) = \frac{TP}{TP+FP} \times 100 \quad (V.1)$$

$$DICE(\%) = \frac{2(V_{est}+V_{ref})}{V_{est}+V_{ref}} \times 100, \quad Recall(\%) = R(\%) = \frac{TP}{TP+FN} \times 100 \quad (V.2)$$

Où V_{est} et V_{ref} représentent l'ensemble des voxels étiquetés par une segmentation automatique et vérité terrain, NCE et PCE sont respectivement les erreurs faux négatives et faux positives et V_{oIL} est le nombre de voxels reflétant la vérité terrain. TP est le vrai positif (intersection entre la vérité terrain et la segmentation), FP est le faux positif (parties segmentées ne chevauchant pas avec la vérité terrain), et FN est le faux négatif (parties manquées de la vérité terrain).

V.3. Base de données utilisées

Dans ce travail, la base de données utilisés pour évaluer la précision et la performance de chaque algorithme sont constitués d'images TEP de thorax contenant les deux tranches ^{18}F -FDG et ^{18}F -FMISO Thorax-TAP, décrites respectivement dans les première et deuxième colonnes des **Fig.V.1** et **Fig.V.3**. Les tumeurs de l'image Thorax-TAP ont été développées dans le centre institutionnel H. Becquerel-CHU de Rouen (France), et ont été choisies pour leur nature difficile caractérisée par l'hétérogénéité et des formes complexes. Les données TEP 3D ont été acquises sur scanner Philips GEMINI TEP/CT sans correction de mouvement, 44 ± 4 minutes après l'injection de 5MBq/kg de ^{18}F -FDG, sachant que le patient jeûne au moins 5 heures avant la procédure. Les images ont été reconstruites avec l'algorithme 3D RAMLA caractérisé par : 2 itérations, un paramètre de relaxation de 0.05, un noyau de convolution Kernel post-filtrant : XYZ avec un FWHM gaussien de 5 mm et un volume de voxel utilisé pour la reconstruction de $(4 \times 4 \times 4) \text{ mm}^3$, en utilisant une correction d'atténuation basée sur CT, une dispersion et une correction aléatoire comme illustré dans **Fig.V.2**. Nous expérimentons

les six méthodes de segmentation décrites dans la section 2 sur des séries de vraies images de TEP-thorax-TAP. Le **Tab.V.1** résume les caractérisations des tumeurs TEP multi-traceurs associées aux ensembles des données étudiées.

Les exemples des données traitées sont des images TEP de taille différentes représentés dans le **Tab.V.1**. Pour toutes les techniques, le volume fonctionnel d'intérêt est d'abord segmenté et isolé dans une région d'intérêt 3D (ROI) contenant la tumeur dans cette série d'expérimentations et concerne des images réelles, comme précédemment détaillé pour FLAB [175]. Les classes/clusters utilisés étaient de 2 pour l'évaluation de la robustesse (sphères homogènes) et 3 pour la précision d'évaluation, afin de prendre en compte l'hétérogénéité potentielle d'absorption tumorale. Les deux classes de tumeurs ont ensuite été unifiées pour le calcul de l'erreur par rapport à la vérité binaire (tumeur/fond). Ainsi, tous les algorithmes ont été appliqués en considérant le même nombre de classes/clusters pour une image donnée.

Jeu de données	Séquences d'images TEP multi-traceurs		Type d'imagerie médicale	Commentaires
	$^{18}\text{F-FDG}$	$^{18}\text{F-FMISO}$		
Patient 1	47	47	TEP (Thorax-TAP)	présence d'anomalie (tumeur)
Patient 2	41	41	TEP (Thorax-TAP)	présence d'anomalie (tumeur)
Patient 3	41	41	TEP (Thorax-TAP)	présence d'anomalie (tumeur)
Patient 4	54	54	TEP (Thorax-TAP)	présence d'anomalie (tumeur)
Patient 5	77	77	TEP (Thorax-TAP)	présence d'anomalie (tumeur)

Tab.V.1 - Les caractérisations de tumeur TEP multi-traceurs utilisé.

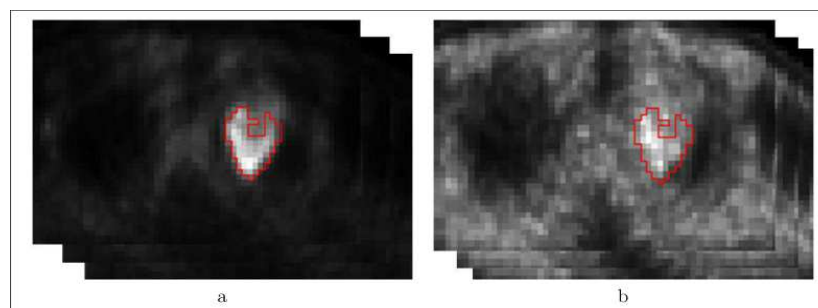


Fig.V.1- Quelques tranches des deux types d'acquisition de deux tranches Thorax-TAP : (a) $^{18}\text{F-FDG}$, (b) $^{18}\text{F-FMISO}$. Le contour de la tumeur du thorax est représenté en rouge.

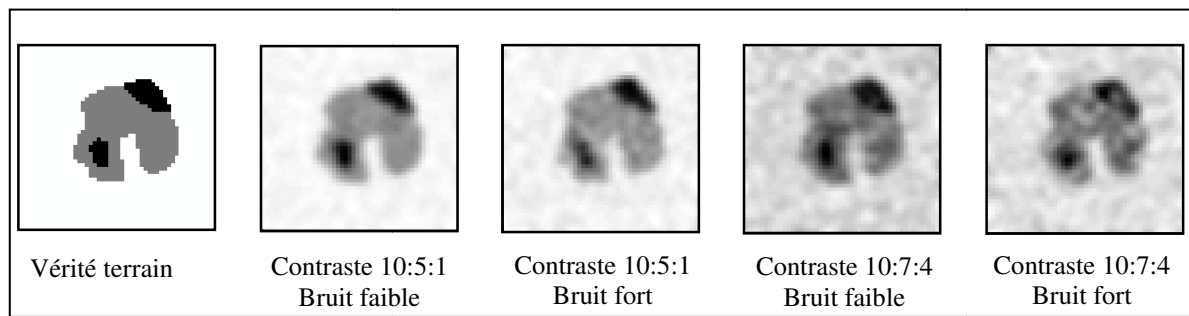


Fig.V.2- Quelques caractéristique des images TEP ^{18}F -FDG [180].

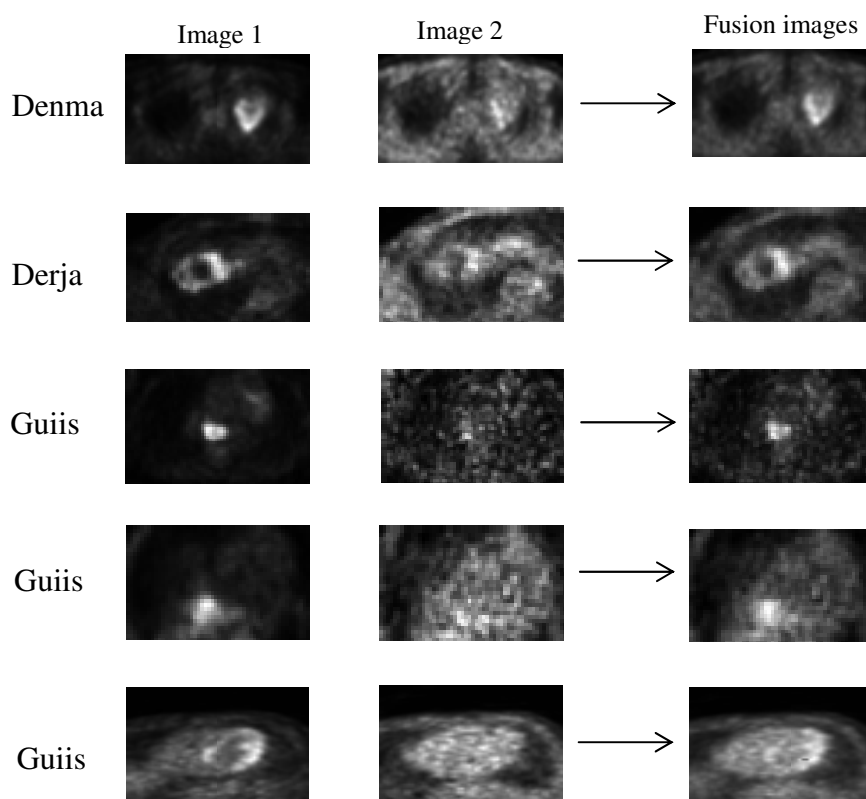


Fig.V.3- Affichage des bi-tranches ^{18}F -FDG et ^{18}F -FMISO Thorax-TAP (respectivement les première et deuxième colonnes) et des résultats de leur fusion (troisième colonne).

V.4. Résultats de simulation

La Fig.V.4 contient les résultats de la segmentation floue pour les sous-ensembles de différentes images TEP obtenues par les six méthodes de comparaison décrites à la section 2. Les configurations de la GFCM correspondent à des valeurs de norme estimées croissantes : 3, 5 et 10, telles qu'elles sont représentées respectivement dans les huitième, neuvième et dixième rangées de la Fig.V.4.

DATA SET	Image 1		Image 2		Image 3		Image 4		Image 5	
	¹⁸ F-FDG TEP	¹⁸ F-FMISO TEP	¹⁸ F-FDG TEP	¹⁸ F-FMISO TEP	¹⁸ F-FDG TEP	¹⁸ F-FMISO TEP	¹⁸ F-FDG TEP	¹⁸ F-FMISO TEP	¹⁸ F-FDG TEP	¹⁸ F-FMISO TEP
Tumors TEP image										
GT										
FCM										
FLICM										
FLAB										
FHMF										
FHMF										
GFCM Norm=3										
GFCM Norm=5										
GFCM Norm=7										

Fig.V.4- La segmentation floue résulte pour le patient cinq des sous-ensembles de différentes images TEP. Les bi-tranches Thorax-TAP sont indiquées dans la première rangée. La vérité terrain des résultats est montrée dans la deuxième rangée. Les résultats de la segmentation floue des données images TEP utilisant les six méthodes floues sont décrits dans les lignes 3 à 7. Les configurations de GFCM correspondant aux valeurs de norme estimées croissantes : 3, 5 et 10 sont affichées dans les huitième, neuvième et dixième lignes, respectivement.

Les Fig.V.5 et Fig.V.6 contiennent les erreurs de classification et la précision calculée pour différentes images TEP obtenues par les six méthodes présentées dans le chapitre précédent, qui ont été divisées en deux sous-ensembles : 1) Norme < 3 et 2) 3 < Norme < 11. Nous rappelons qu'une valeur de norme de 2 correspond à la méthode FCM (1). Pour les premiers sous-ensembles, le FLAB conduit à des résultats supérieurs en particulier pour les plus petits volumes tumoraux, avec des erreurs significativement inférieures ($CE = 20,53 \pm 8,29\%$) et une grande précision ($PPV = 92,53\%$) par rapport aux méthodes courantes dans la délimitation fonctionnelle du volume tels que FHMF ($CE = 27,83 \pm 5,62$, $PPV = 81,3\%$) et de FHMC ($CE = 48,68 \pm 16,14$, $PPV = 67,08\%$), ainsi que par rapport aux autres approches comme FCM ($CE = 40,00 \pm 12,52$, $PPV = 70,50\%$) et GFCM. Le FLICM algorithm conduit

à des erreurs CE supérieures ($CE = 61.09 \pm 21.62\%$) et une faible précision ($PPV = 62.90\%$) pour les conditions d'imagerie les plus difficiles et les formes complexes. Cela s'explique par le fait que le FLICM est plus restrictif et conduit donc à une plus petite surestimation pour les plus petits volumes de tumeurs dans l'image de TEP. Pour les deuxièmes sous-ensembles, les configurations de GFCM correspondent à des valeurs de norme estimées croissantes de 3 à 10 et fournissent les meilleurs résultats ($CE = 19,75 \pm 7,52$, $PPV = 96,53\%$) surperformant toutes les autres techniques. Dans certains cas des patients, GFCM et FLAB ont des résultats similaires concernant les petites tumeurs TEP. Aucun résultat erroné de plus de 39% n'a été observé pour deux approches GFCM et FLAB. Les limites supérieures des valeurs de PPV qui ont été trouvées sont égales à 98.29% et 96.02%, respectivement. D'autre part, HFMF et FHMC fournissent des erreurs inférieures à 68%, alors que leurs valeurs de PPV atteignent les limites supérieures de 92,15% et 82,35%, respectivement. FLICM a même un cas avec une erreur d'environ 98% et la limite supérieure de PPV est 79,41%. Des résultats similaires pour la GFCM sont observés pour la norme= 9 et la norme= 10.

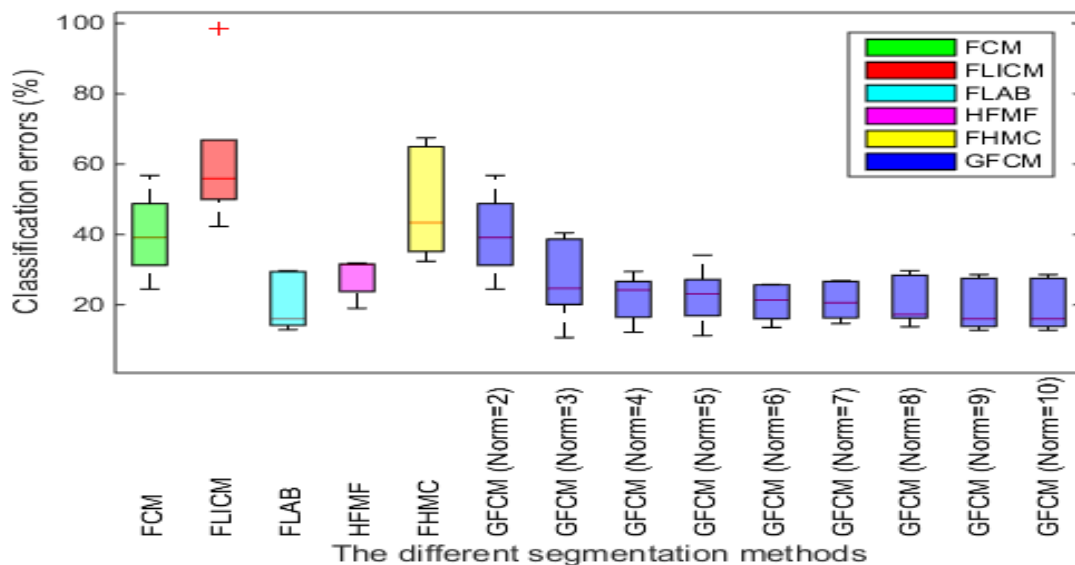


Fig.V.5- Erreurs de classification des différentes méthodes de segmentation appliquées aux images en TEP.

Le coefficient de similarité Dice présente une mesure de synthèse utile du chevauchement spatial, qui peut être appliquée aux études de précision et de reproductibilité dans la segmentation d'images. Par conséquent, dans la deuxième partie de notre étude, la **Fig.V.7** et la **Fig.V.8** contiennent les coefficients de similarité Dice et le rappel R calculés pour différentes images de TEP obtenues par les six méthodes étudiées comme pour la classification de CE.

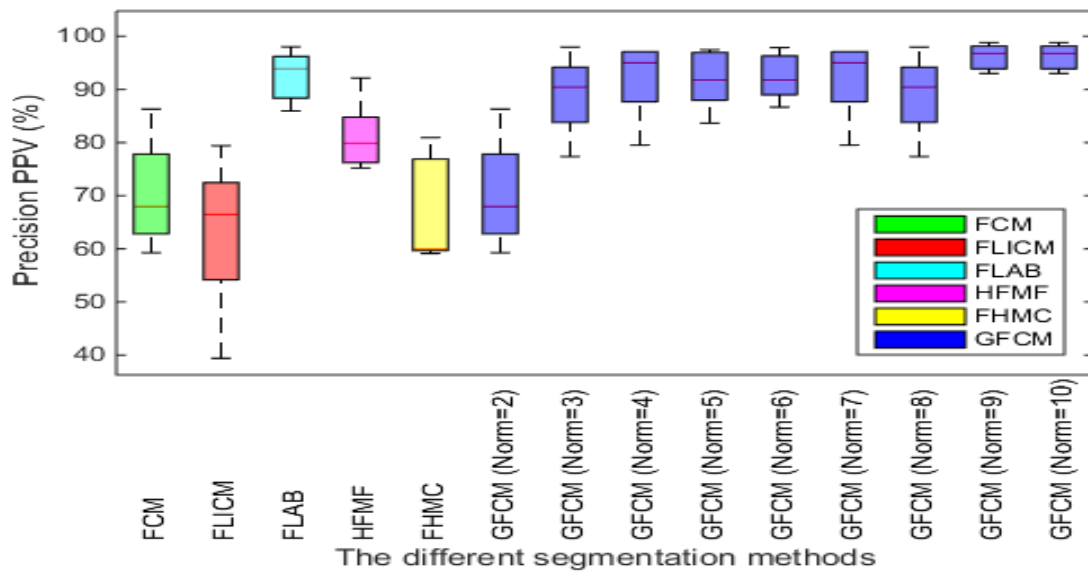


Fig.V.6- La précision des différentes méthodes de segmentation appliquées aux images en TEP.

Dans les premiers sous-ensembles, les résultats obtenus montrent que la FLAB (Dice>87%, R = 92.66%) est beaucoup plus efficace en reproductibilité et sensibilité, ce qui conduit à une segmentation plus précise des petits volumes, tandis que la méthode GFCM donne des résultats très similaires et peu différents avec les résultats de la FLAB. Pour les conditions d'imagerie les plus difficiles, le FLICM conduit à des résultats plus faibles avec un maximum de Dice d'environ 58.22% et une faible sensibilité d'environ 66.67%. Cela s'explique par le fait que cet algorithme fournit une surestimation plus petite pour les plus petits volumes de tumeurs par TEP. En plus, quelques résultats concernant la répétabilité et la sensibilité sont également présentés : Le modèle HFMF produit une Dice> 80% et une sensibilité atteignant une valeur maximale R= 86,63% par rapport aux valeurs Dice> 64.765% et Rmax = 83,63% pour HFMC grâce au niveau de la région d'intérêt de régularisation qui utilise les principes de connectivité floue. Dans les deuxièmes sous-ensembles, GFCM permet de donner une segmentation et une reproductibilité plus précises, ainsi qu'une meilleure sensibilité, avec une similarité de Dice> 92% et des valeurs de sensibilité atteignant 96.15% sur les deux images concernant les patients 1, 3 et 4. In certain cases, FLAB donne des résultats très similaires et non différents de la GFCM.

D'après les publications pertinentes présentées dans le **Tab.V.2** que nous avons examinées dans ce travail, il apparaît que les techniques floues de segmentation d'images TEP progressent vers des approches entièrement automatiques qui sont plus réalisables sur le plan

clinique en raison de leur efficacité, de leur robustesse, de leur précision et de la diminution de la variabilité.

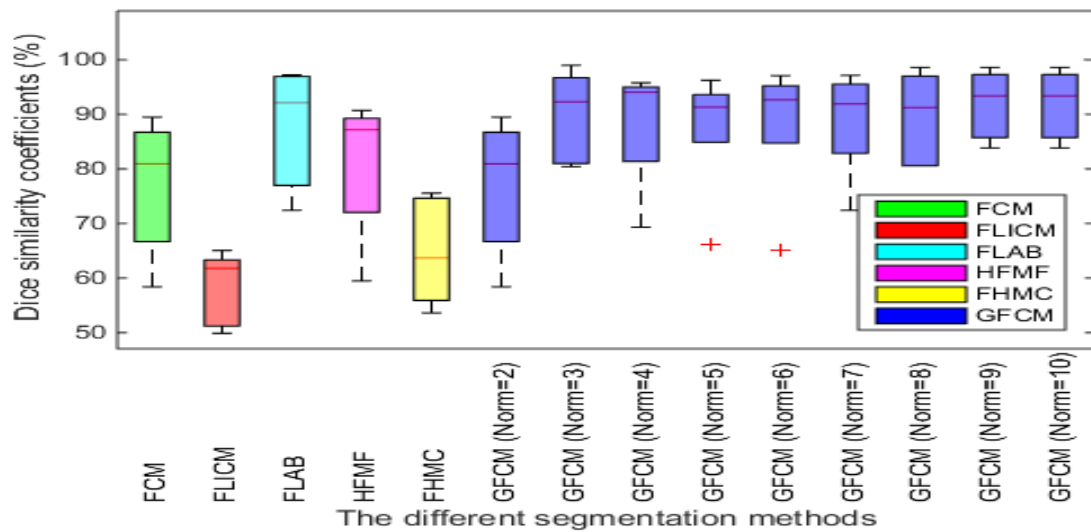


Fig.V.7- Le Coefficients de similarité (Dice %) des différentes méthodes de segmentation appliquées aux images en TEP.

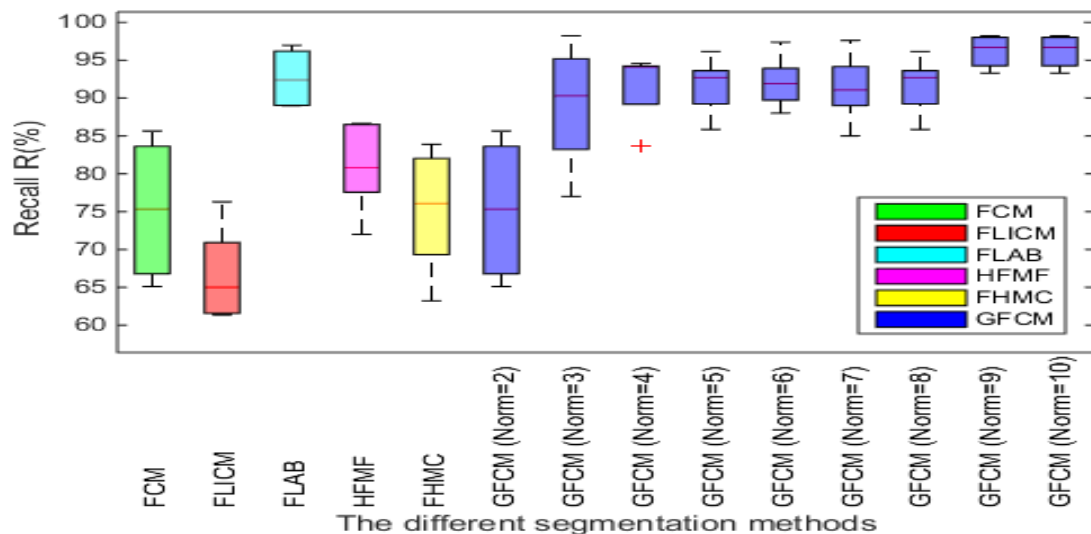


Fig.V.8- Recall (R %) des différentes méthodes de segmentation appliquées aux images en TEP.

Pour l'évaluation de la précision, la méthode FLAB [177] s'est révélée supérieure aux autres méthodes dans le cas des tumeurs de formes complexes et de distributions non homogènes. Dans l'évaluation de la robustesse, la technique SPEQTACLE [174] a donné des résultats supérieurs pour l'ensemble des fantômes NEMA contenant des sphères des différentes tailles (37 à 17 mm), caractérisées par les propriétés suivantes : formes complexes et très hétérogènes. Cet algorithme avec des écarts types SD de 5,4%, 16,9%, 12,7% et 26,6% était

très similaire et non statistiquement différent du FLAB avec des écarts types de 5,4%, 11,5%, 20,3% et 19,3% et 68,9%, 40,9%, 43,7%, 26,8% pour le FLICM. En effet, les auteurs dans [174] ont mis en œuvre une estimation de la norme sur la généralisation de la méthode FCM qui permet d'améliorer sa précision et sa capacité à traiter des tumeurs de formes complexes dans l'image TEP.

Récemment, SPEQTACLE [174] a donné des résultats satisfaisants en termes de robustesse dans le cas de formes très hétérogènes et complexes pour toute la gamme de fantômes NEMA contenant des sphères de différentes tailles (37, 28, 22 et 17mm) ; SPEQTACLE est alors très similaire et non statistiquement différent ($p=0,15$) de FLAB et de FLICM avec des écarts-types de 5,4%, 16,9%, 12,7% et 26,6% pour SPEQTACLE contre 5,4%, 11,5%, 20,3% et 19,3% pour FLAB et 68,9%, 40,9 %, 43,7%, 26,8% pour FLICM. En effet, les auteurs ont mis en place une estimation de la norme sur la généralisation et l'automatisation complète de l'approche FCM (SPEQTACLE) afin d'améliorer sa précision et sa capacité à traiter des images TEP et la détection des tumeurs de forme complexe.

Après avoir présenté la distribution des valeurs de norme pour les paramètres estimés par GFCM (SPEQTACLE), nous rapportons la précision pour l'ensemble des jeux de données étudiés dans [174] (34 images réelles de TEP), qui a été divisées en deux sous-ensembles : 1) norme < 3 (15 cas) et 2) norme > 3 (19 cas). Pour le premier sous-ensemble, l'approche SPEQTACLE a donné des résultats excellents ($10,5 \pm 8,5\%$, médiane de 8,3%, plage 1,3 à 31%) avec des erreurs moins importantes que la méthode FLICM ($15,3 \pm 9,1\%$, médiane 12,9%, plage 4,2 à 34,8 %). Cependant, aucune différence significative n'a été trouvée entre les deux techniques SPEQTACLE et FLAB ($14,5 \pm 13,6\%$, médiane de 9,5%, plage 1,2 à 46,1%). Pour le deuxième sous-ensemble de cas, les mêmes résultats ont été obtenus : ($17,4 \pm 8,5\%$, médiane 11,3%, plage 1,3 à 31%) pour SPEQTACLE vs ($27,6 \pm 22,2\%$, médiane de 8,3%, plage 1,3 à 31%) pour ($39,9 \pm 34,6\%$, médiane de 9,5%, plage 1,2 à 46,1%) pour le FLAB.

L'évaluation de la robustesse des deux algorithmes (FHCM, FHMF) a été largement rapportée dans [176]. Le FHMF a permis d'obtenir de meilleurs résultats dans les volumes d'intérêt calculés, en particulier pour le niveau de bruit et différentes tailles de lésions indépendamment du taux de contraste par rapport à l'algorithme FCM [192]. L'algorithme FHMC a conduit à des résultats supérieurs par rapport à la délimitation actuelle du volume fonctionnel de FCM. En outre, FHMC a fourni les erreurs de classification les plus réduites par rapport aux autres algorithmes, à savoir FCM [177], T42 [183] et HMC [194]. La sphère de 10 mm reste problématique, surtout avec un contraste faible. L'erreur minimale est atteinte

avec des valeurs d'erreur très élevées pour toutes les méthodes (50% pour FLAB [193] avec un contraste de 4 pour 1, 25% pour un contraste de 8 pour 1, 50% pour FHMC avec un contraste de 4 pour 1 et 200% pour un contraste de 8 pour 1, avec des voxels de 2 mm). Avec des voxels plus grands, aucune méthode ne parvient à extraire la plus petite sphère de l'arrière-plan.

La plupart des études ne fournissaient pas d'informations pertinentes sur les aspects de robustesse et de répétabilité, à l'exception de deux catégories : les méthodes Bayésienne et de classification. Quelques résultats concernant la répétabilité et la similarité sont également disponibles dans le cas de FLAB [191], FHMF [150] avec un coefficient de similarité Dice de 0.8 et la différence de volume dans plusieurs articles [174, 150, 192, 194]. FLAB [191] a présenté des résultats hautement reproductibles <4%, comparé à une variabilité de 8 à 20% observée sur la segmentation manuelle.

The performance of classification algorithms in PET segmentation		
Methods, Ref	Results	Datasets
SPEQTACLE, FLICM, FLAB [14]	Classification errors (%): 14.4 ± 10.6, 21.8 ± 19.8, 29 ± 29 (34 images) 10.5 ± 9.1, 14.5 ± 13.6, 15 ± 9.1 (15 clinical cases with the estimated norm was <3) 17.4 ± 11.3, 27.6 ± 22.2, 39.9 ± 34.6 (19 clinical cases with the estimated norm was >3)	34 PET tumor images
3-FLAB, FLAB, FCM [20]	mean CE and STD (%): 9 ± 8, 15 ± 11, 20 ± 12, 17 ± 14	18 images of lung tumors
FHMF, FHMC (r=30) [16]	Fuzzy rate (%): 24.72, 53.96	PET image
FHMF, FCM [35]	Volume determination errors (%): < 10 (for lesions sizes > 1cm) 20- 100(for lesions sizes > 1cm)	oncology PET and Phantoms image
3D U-net convolutional neural Networks (CNN) [42]	Dice similarity coefficient(DSC)(%): 0.724 in the training Set 0.8231 in the validation Set Sensitivity(%): 0.88 specificity(%): 0.99	37 ¹⁸ F-FET PET PET Brain image
PIC-CNN, FCN automatic threshold, region-growing [46]	Dice similarity coefficient(DSC)(%): 0.84, 0.77, 0.59, 0.52	50 ¹⁸ F-FDG PET cervical cancer patients

Tab.V.2. Résumé des résultats obtenus de plusieurs articles relatifs à la segmentation des images TEP par différentes méthodes.

D'autre part, dans certaines publications sont utilisé d'autres facteurs de comparaison. Dans le contexte de la segmentation des images TEP, les approches étudiées ont montré une plus grande précision [192], avec des erreurs de volume moyennes VE de $2\pm 1\%$ et $12\pm 37\%$, une sensibilité moyenne de $0,86\pm 0,06\%$ et $0,88\pm 0,05\%$, et le coefficient prédictif positif moyen (PPV) de $0,87\pm 0,06\%$ et $0,83\pm 0,15\%$ pour les techniques FLAB et FCM, respectivement. Les dernières surperforment les méthodes basées sur les seuils (Le seuillage), nommées T42, A1 et A2, qui ont pour résultat une VE moyenne de $-2\pm 107,0\%$, $-35\pm 27,0\%$ et $-31\pm 26,0\%$, une sensibilité moyenne de $0,66\pm 0,26\%$, $0,61\pm 0,24\%$ et $0,64\pm 0,22$ et une précision (PPV) de $0,89\pm 0,23$, $0,96\pm 0,06$ et $0,96\pm 0,06$, respectivement.

Les progrès récents dans l'apprentissage automatique, en particulier en ce qui concerne le modèle d'apprentissage approfondi, aident à classer, identifier et quantifier les modèles dans les images TEP. L'essence de ces avancées est la capacité d'exploiter les caractéristiques hiérarchiques de représentations apprises à partir de données, en particulier de manière non supervisée, plutôt que d'extraire manuellement des caractéristiques basées sur des connaissances spécifiques à un domaine [75]. Les auteurs [74] ont utilisé leurs recherches pour trouver des représentations de caractéristiques hiérarchiques en combinant des modalités hétérogènes au cours de l'apprentissage de la représentation de caractéristiques, au lieu d'un apprentissage par classificateur. Spécifiquement, ils ont utilisé une machine approfondie Boltzmann (DBM) construite en empilant plusieurs machines Boltzmann restreintes (RBM) de manière hiérarchique [84]. Le modèle DBM avait l'habitude de trouver une représentation hiérarchique à partir d'un patch 3D, puis a mis au point une approche systématique pour une représentation conjointe des fonctionnalités des patches appariés de TEP et d'IRM avec un DBM multimodal.

De plus, la technique de réseau de neurones convolutionnel 3D U-Net (CNN) [196] a permis d'obtenir de meilleurs résultats pour l'ensemble des 37 images $^{18}\text{F-FET}$ TEP de cerveau associées à la méthode d'optimisation Adam à gradients stochastiques dans la mesure de la précision, avec le coefficient de similarité (DSC) de 0,7924 (26 [70%] dans l'ensemble de formation) et de 0,7911 (11 [30%] dans l'ensemble de validation). L'algorithme PIC-CNN [73] donne une DSC de 0,88 pour l'ensemble des 50 images $^{18}\text{F-FDG}$ de cancer du col utérin.

V.5. Discussions et Conclusions

Dans cette thèse, nous avons présenté et analysé les techniques de segmentation d'images utilisées pour l'imagerie TEP, ainsi que les progrès récents des techniques

applicables à différentes images : IRM-TEP, TEP et TEP-CT. En outre, une étude comparative détaillée des méthodes les plus connues est fournie en termes d'évaluation de la précision, de la sensibilité et de la reproductibilité pour de multiples applications cliniques d'images TEP. L'un des principaux objectifs est de proposer une meilleure délimitation du volume cible pour la planification du traitement en radiothérapie, afin de faciliter l'intégration des informations TEP au suivi de la radiothérapie. Bien que plusieurs algorithmes automatiques ou semi-automatiques soient proposés dans la littérature comme indiqué dans le **Tab.V.2**, les méthodes de segmentation sont présentées dans des cas simples (absorptions sphériques et/ou homogènes) et les cas cliniques sont basés sur les techniques de segmentation floue incluant les méthodes Bayésienne et de clustering.

Dans les travaux présentés, nos résultats prouvent que les méthodes Bayésiennes telles que GFCM, FLAB, HFMF et FHMC sont plus efficaces que les méthodes de clustering telles que FCM et FLICM. Leur précision a été évaluée sur des images cliniques de formes complexes, sujettes à des activités non homogènes et à de petites régions, surtout dans le cas de FLAB. Cet algorithme fournit les meilleurs résultats surpassant toutes les autres techniques lorsque les valeurs de norme estimées sont inférieures à 3. En fait, la précision améliorée obtenue par FLAB est essentiellement due à l'estimation adaptative de la probabilité a priori utilisant tout le voisinage 3D de chaque voxel [177]. Ensuite, l'amélioration de la précision est effectuée dans [221] avec trois classes de tumeurs non homogènes (3-FLAB).

Dans le cadre du processus d'évaluation, plus de 3 conduit à une précision plus grande et plus précise en termes d'erreur relative, de chevauchement et de sensibilité par rapport à FCM, FLICM, HFMF, FHMC et FLAB sur des ensembles de données cliniques, en particulier pour des volumes tumoraux très complexes et non homogènes. D'autre part, la GFCM fournit des résultats similaires et non statistiquement différents de la méthode FLAB pour des objets d'intérêt plus simples ($\text{norme} > 3$) chez certains patients. Cet algorithme bénéficie de l'estimation entièrement automatique de la multi-classe en tant que développement futur améliorant les performances et la précision de l'algorithme FCM [174]. L'estimation de la norme s'est également avérée robuste en ce qui concerne la détermination initiale légèrement plus petite ou plus grande de la classe de tumeur en utilisant une méthode de soustraction de fond. Par conséquent, la répétabilité de cette méthode s'est avérée parfaite avec une variabilité nulle des résultats sur la segmentation répétée de la même image associée à la convergence de l'estimation de la norme et déterministe, ce qui est un point important pour garantir l'acceptation clinique de l'utilisation par les médecins.

Par rapport aux autres méthodes Bayésiennes, l'algorithme HFMF fournit une précision supérieure et des valeurs raisonnables de précision et de sensibilité par rapport à l'autre algorithme FHMC de segmentation avancée [193]. Par conséquent, l'utilisation de champs de Markov au lieu de la modélisation en chaîne permet de prendre en compte le problème spécifique de la corrélation spatiale et de corriger les inhomogénéités des images. L'algorithme HFMF, décrit par une distribution a priori floue et un terme d'énergie calculé sur des fonctions de clique, est plus robuste vis-à-vis du bruit. D'autres formes d'informations peuvent facilement être incorporées dans le modèle de champs de Markov (MRF) au moyen de termes énergétiques appropriés, tels que l'entropie de Kullback-Leibler. D'autre part, le FHMC produit des résultats raisonnablement bons sur l'ensemble de données de précision. Cela s'explique par le fait que la méthode FHMC conduit à une surestimation plus petite et que la corrélation spatiale est perdue pour les plus petites tumeurs TEP pour les raisons suivantes : 1) la combinaison des niveaux de bruit d'image et du petit nombre de voxels associés au volume fonctionnel, et 2) l'utilisation du parcours de Hilbert-Peano pour transformer l'image entière en une chaîne de Markov. Elle permet de former une classe différenciée de l'arrière-plan, parce que les voxels liés à l'objet d'intérêt sont très éloignés les uns des autres [174, 177]. De même, pour cette raison, l'approche FLAB améliore clairement les résultats de FHMC [194].

Cependant, comparée aux autres techniques de regroupement, la FCM s'avère beaucoup moins précise et présente des performances limitées en précision et en sensibilité par rapport aux autres méthodes présentées ci-dessus (FLAB, GFCM, HFMF). En effet, la segmentation échoue pour certaines des configurations de l'ensemble de données avec des lésions <17 cm. Cet algorithme met l'accent sur la nécessité de prendre en compte les informations d'intensité dans l'image et ne prend pas en compte les informations spatiales [177, 178, 191–193]. L'inconvénient de cette méthode est qu'elle est très sensible au bruit dans l'image en cours de traitement et les autres objets images [174, 183]. D'autre part, FLICM s'est avéré beaucoup moins robuste. La principale raison de l'absence d'évaluation de la robustesse de FLICM est liée aux deux paramètres suivants : la taille du noyau Kernel environnant et le paramètre de régularisation qui sont difficiles à interpréter et par conséquent difficiles à corriger, l'estimation de ces paramètres est ainsi intraitable. De plus, les résultats numériques obtenus avec les deux techniques (GFCM et FLAB) montrent leur bonne compétitivité par rapport aux avancées récentes de l'apprentissage automatique, notamment en ce qui concerne le modèle d'apprentissage en profondeur [74, 75, 84, 196]. L'avantage de

ce dernier réside dans sa capacité à exploiter des représentations de caractéristiques hiérarchiques apprises uniquement à partir de données, au lieu de caractéristiques conçues à la main en fonction de connaissances spécifiques à un domaine. Cependant, un avantage important des techniques de segmentation floue réside dans le fait que seule une petite base de données est nécessaire pour fournir des performances de détection élevées, contrairement aux méthodes basées sur l'apprentissage en profondeur qui nécessitent une base de données très grandes.

Compte tenu du temps d'exécution, les algorithmes FHMC et HFMF sont plus lents que les autres méthodes (FCM, FLICM et SPEQTACLE), qui segmentent les plus grandes sphères en moins de quelques minutes avec une implémentation temporaire du logiciel Matlab. Une fois implémenté en C/C ++, nous pouvons nous attendre à une exécution beaucoup plus rapide.

CONCLUSION GÉNÉRALE

L'évaluation objective des performances exactes des techniques de traitements d'images est un problème crucial.

En effet, la majorité des évaluations récentes se résume généralement à éditer des planches de résultats d'une ou plusieurs travaux proposés. Toutefois, cela ne constitue en rien une manière efficiente de validation évidente de telle ou telle approche.

Or, l'essor applicatif de ces techniques, presque inévitable à la vue de l'énorme avancé numérique, ne pourra que se baser sur des évaluations précises et objectives de leur fiabilité et robustesse. Dans ce cadre, nous avons décidé de nous lancer dans une étude comparative des techniques de segmentation floue les plus répondu en littérature citons : FCM, FLICM, GFCM, FLAB, HFMF et FHMC (bien qu'il existe une multitude de techniques de segmentation, cette étude reste certes non exhaustive). Ces dernières approches sont fondées sur la combinaison de la modélisation statistique dans le cadre de l'inférence Bayésienne avec une mesure floue, pour prendre en compte la problématique spécifique aux images d'émission du bruit et du flou due aux effets de volume partiel.

Une question importante se pose alors : quelles sont les motivations qui nous ont poussés à choisir la segmentation plutôt qu'une autre étape de traitement des images médicale. Nous avons pensé que la segmentation qui est un outil habituellement situé en amont de la phase de traitement d'image médicale constitue une étape cruciale dans le développement des nouvelles technologies de l'imagerie médicale.

L'objectif principal est de guider le chercheur vers la méthode la plus performante qui donne des meilleurs résultats même avec des bases de données réduites lors de l'analyse des images médicales tel que celle du PET-Thorax-TAP. Et cela dans le cadre d'aide au diagnostic, traitement des tumeurs. Nous avons également montré comment la fusion de données est effectuée intrinsèquement en utilisant ces techniques et comment passer d'un processus de fusion mentale à un processus de fusion assistée par ordinateur. Plus précisément, on a voulu de combiner les informations pertinentes fonctionnelles que va nous offrir le scanner TEP multi-traceurs afin de faciliter la localisation et de préciser les volumes d'intérêts.

Les images cibles sont des images TEP liées exclusivement aux tumeurs du thorax contenant les trois séries tranches ^{18}F -FDG, ^{18}F -FLT et ^{18}F -FMISO Thorax-TAP. Les séries images TEP aux 3 radio-traceurs sont respectivement témoins du métabolisme glucidique, de la prolifération et de l'hypoxie (manque d'oxygénation des cellules).

Les techniques de segmentations susmentionnées ont été testées sur des images TEP d'un thorax touché par une tumeur. Ces images médicales sont de type compliqué (tumeurs avec des formes complexes et une hétérogénéité d'absorption).

Dans cette thèse nous avons travaillé sur les axes suivants :

- Dans un premier temps, nous avons expérimenté les principales techniques de segmentation floues qui sont axées sur l'étude statistique et l'apprentissage par machine. Six algorithmes (FLAB, HFMF, FHMC, FCM, FLICM, GFCM) de segmentation ont été appliqués à un ensemble des tumeurs en image TEP. Ces méthodes de segmentation fondées sur la théorie des ensembles flous. La mesure floue permet de plus de considérer que certains voxels puissent appartenir à deux classes, c'est à dire qu'elle modélise l'imprécision inhérente aux données cachées.
- Dans un second temps, une étude comparative est présentée en termes d'efficacité, sensibilité d'évaluation, précision et la diminution de la variabilité due au manque de données requises.
- Offrir une meilleure délimitation du volume cible pour la planification du traitement en radiothérapie afin de faciliter l'intégration des informations de la TEP dans le suivi de la radiothérapie.

Les résultats de simulations ont montré que le GFCM fournit les meilleurs résultats (précision élevée, reproductibilité et marge d'erreur minime) surtout lorsque les valeurs des normes estimées sont supérieures à 3 (par exemple la Norme = 10). Cette performance a surpassé largement celles des autres techniques de segmentation testées dans cette étude. Cependant, pour les Normes < 3 le GFCM a donné des résultats semblables à ceux de FLAB.

Les perspectives de cette thèse sont nombreuses :

- Les méthodes étudiées présentées dans cette thèse sont des méthodes statistiques non supervisées. Les travaux futurs porteront sur les techniques d'apprentissage automatique supervisé en termes de fiabilité et de complexité de calcul.
- Détection automatique de la tumeur dans l'image.
- Détection automatique du nombre de classes
- Les futures extensions des méthodes de segmentation Bayésienne pour d'autres familles de lois (Gamma, Beta, Exponentielle...).
- Ces approches prometteuses seront étendues aux images multimodales pour la TEP / TDM, la TEP / IRM, à l'estimation multi-classes et d'autres applications d'imagerie médicale multimodales.
- Une segmentation en 3D des zones fonctionnelles (séquences d'images 3D).

BIBLIOGRAPHIE

- [1] Zimmermann, R. (2012). *La médecine nucléaire : La radioactivité au service du diagnostic et de la thérapie*. EDP sciences.
- [2] Scherrer, B. (2008). *Segmentation des tissus et structures sur les IRM cérébrales : agents markoviens locaux coopératifs et formulation bayésienne (Doctoral dissertation, Institut National Polytechnique de Grenoble-INPG)*.
- [3] Wojak, J. (2010). *Analyse d'images multi-modales TEP-TDM du thorax. Application à l'oncologie : segmentation de tumeurs, d'organes à risque et suivi longitudinal pour la radiothérapie (Doctoral dissertation)*.
- [4] Yankam Njiwa, J. A. (2007). *Reconstruction d'images de résonance magnétique à partir de l'espace k partiel (Doctoral dissertation, Lyon, INSA)*.
- [5] Capelle-Laizé, A. S. (2003). *Segmentation des images IRM multi-échos tridimensionnelles pour la détection des tumeurs cérébrales par la théorie de l'évidence (Doctoral dissertation, Université de Poitiers)*.
- [6] Buvat, I. (2007). *Les limites du SUV*. Médecine Nucléaire, 31(4), 165-172.
- [7] Hornak, J. P. (2006). *The basics of MRI*. <http://www.cis.rit.edu/htbooks/mri>.
- [8] Hornak, J. P. (2010). *Magnetic resonance imaging of printed text*. Concepts in Magnetic Resonance Part A, 36(6), 347-348.
- [9] Hatt, M., Bousson, N., Cheze-Le Rest, C., Pradier, O., & Visvikis, D. (2011). *Metabolically active volumes automatic delineation methodologies in PET imaging: review and perspectives*. Cancer Radiothérapie, in-press.
- [10] Guiraudet, P., Venissac, N., Pop, D., Hofman, V., Butori, C., & Mouroux, J. (2012). *Tumeurs fibreuses solitaires de la plèvre : à propos d'une série de 27 patients opérés*. Chir Thorac Cardio-Vasc, 16, 88-94.
- [11] Eziddin, W. (2012). *Segmentation itérative d'images par propagation de connaissances dans le domaine possibiliste : application à la détection de tumeurs en imagerie mammographique (Doctoral dissertation, Télécom Bretagne, Université de Bretagne Occidentale)*.
- [12] Kornprobst, P. (1996). *Segmentation de régions*, Projet Odysée. INRIA.
- [13] Devi, B. B., & Sarma, V. V. S. (1985). *Estimation of fuzzy memberships from histograms*. Information Sciences, 35(1), 43-59.
- [14] Saeed, N., & Puri, B. K. (2002). *Cerebellum segmentation employing texture properties and knowledge based image processing: applied to normal adult controls and patients*. Magnetic resonance imaging, 20(5), 425-429.

➤ **Webgraphie :**

[15] [http://www.larousse.fr/encyclopedie/medical/tomographie par emission de positons/](http://www.larousse.fr/encyclopedie/medical/tomographie_par_emission_de_positons/)

[16] <http://www.cancer.ca/fr-ca/cancer-information/diagnosis-and-treatment/tests-and-procedures / positron-emission-tomography-pet-scan/?region=qc#ixzz5HIPKYC4u>

[17] <http://tpe-argus.e-monsite.com/pages/iii-irm.>



[18] Sezgin, M., & Sankur, B. (2004). *Survey over image thresholding techniques and quantitative performance evaluation*. Journal of Electronic imaging, 13(1), 146-166.

[19] Liao, P. S., Hsu, B. C., Lo, C. S., Chung, P. C., Chen, T. S., Cheng, L., & Chang, C. I. (1996, December). *Automatic detection of microcalcifications in digital mammograms by entropy thresholding*. In Proceedings of 18th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (Vol. 3, pp. 1075-1076). IEEE.

[20] Mohanalin, J., Kalra, P. K., & Kumar, N. (2009, April). *Tsallis entropy based contrast enhancement of microcalcifications*. In 2009 International Conference on Signal Acquisition and Processing (pp. 3-7). IEEE.

[21] Bolon, P., Chassery, J. M., Cocquerez, J. P., Demigny, D., Graffigne, C., Montanvert, A., ... & Maître, H. (1995). *Analyse d'images: filtrage et segmentation*.

[22] Belhassen, S., & Zaidi, H. (2010). A novel fuzzy C-means algorithm for unsupervised heterogeneous tumor quantification in PET. Medical physics, 37(3), 1309-1324.

[23] Montgomery, D. W., Amira, A., & Zaidi, H. (2007). Fully automated segmentation of oncological PET volumes using a combined multiscale and statistical model. Medical physics, 34(2), 722-736.

[24] Kindermann, R. (1980). *Markov random fields and their applications*. American mathematical society, Math. Soc., vol. 1, 1 -142.

[25] Blake, A., & Zisserman, A. (1987). *Visual reconstruction*. MIT press, Cambridge-MA.

[26] Cocquerez, J. P., & Devars, J. (1985). *Détection de contours dans les images aériennes : nouveaux opérateurs*. Traitement du signal, 2(1), 45-65.

[27] Marr, D., & Hildreth, E. (1980). *Theory of edge detection*. Proc. R. Soc. Lond. B, 207(1167), 187-217.

[28] Comaniciu, M. (2002). *A robust approach toward feature space analysis [J]*. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 24(5), 313-329.

[29] Baillie, J. C. (2003). *Segmentation. Cours Traitement d'Image et Vision Artificielle*. ENSTA.

- [30] Zohra, M. A., Mourad, M. H., & Youcef, M. H. *Segmentation d'images couleur par fusion de régions*.
- [31] Akrou, N. Chabi, L. (2009). *Bioseg : Une plateforme évolutive pour le développement d'approches biométriques en segmentation d'images*. Thèse pour l'obtention du diplôme d'ingénieur d'état en informatique, Ecole Supérieure Nationale d'Informatique.
- [32] Hammouche, A. (2008). *Systèmes multi-Agents appliquées en segmentation d'images* (Doctoral dissertation, Université Mouloud Mammeri).
- [33] Zadeh, L. A. (1965). *Fuzzy sets*. Information and control, 8(3), 338-353.
- [34] Lumia, R., Haralick, R. M., Zuniga, O., Shapiro, L., Pong, T. C., & Wang, F. P. (1983). *Texture analysis of aerial photographs*. Pattern recognition, 16(1), 39-46.
- [35] Ouzet, C. (1992). *Les réseaux de neurones artificiels, introduction au connexionnisme*. EC2.
- [36] Burel, G. (1991). *RESEAUX DE NEURONES EN TRAITEMENT D'IMAGES-Des Modèles théoriques aux Applications Industrielles* (Doctoral dissertation, Université de Bretagne occidentale-Brest).
- [37] McCulloch, W. S., & Pitts, W. (1943). *A logical calculus of the ideas immanent in nervous activity*. The bulletin of mathematical biophysics, 5(4), 115-133.
- [38] Patton, M. Q. (1990). *Qualitative evaluation and research methods*. SAGE Publications, inc.
- [39] Salzenstein, F., Collet, C., & Petremand, M. (2004). *Champs de markov flous pour images multispectrales*. Trait Signal, 21, pp-37.
- [40] Cristianini, N., & Shawe-Taylor, J. (2000). *An introduction to support vector machines and other kernel-based learning methods*. Cambridge university press.
- [41] Djeflal, A. (2012). *Utilisation des méthodes Support Vector Machine (SVM) dans l'analyse des bases de données* (Doctoral dissertation, Université Mohamed Khider-Biskra).
- [42] Goldberg, D. E. (1989). *Genetic algorithms in search. Optimization, and Machine Learning*.
- [43] Kohonen, T. (1988). *Clustering, taxonomy, and topological maps of patterns*. In Proc. of 6th Int'l. Conf. Pattern Recognition IEEE Computer Society Press (pp. 114-128). Silver Spring.
- [44] Carpenter, G. A. (1991). *An adaptive resonance algorithm for rapid category learning and recognition*. Neural Networks, 4, 439-505.
- [45] Soille, P. (2004). *Erosion and dilation*. In Morphological Image Analysis (pp. 63-103). Springer, Berlin, Heidelberg.

- [46] Shenton, M. E., Kikinis, R., Jolesz, F. A., Pollak, S. D., LeMay, M., Wible, C. G., ...& McCarley, R. W. (1992). *Abnormalities of the left temporal lobe and thought disorder in schizophrenia: a quantitative magnetic resonance imaging study*. *New England Journal of Medicine*, 327(9), 604-612.
- [47] Filipek, P. A., Kennedy, D. N., & Caviness Jr, V. S. (1991). *Volumetric analyses of central nervous system neoplasm based on MRI*. *Pediatric Neurology*, 7(5), 347-351.
- [48] Pelizzari, C., Chen, G., & Togaš, A. W. (2008). *Relating structure to function in vivo with tomographic imaging*. *Exploring brain functional anatomy with positron tomography*, 163, 93.
- [49] Kikinis, R., Shenton, M. E., Iosifescu, D. V., McCarley, R. W., Saiviroonporn, P., Hokama, H. H., ... & Donnino, R. M. (1996). *A digital brain atlas for surgical planning, model-driven segmentation, and teaching*. *IEEE Transactions on visualization and computer graphics*, 2(3), 232-241.
- [50] Barra, V., Lemaire, J. J., Durif, F., & Boire, J. Y. (2001, October). *Segmentation of the Subthalamic Nucleus in MR Images Using Information Fusion-A Preliminary Study for a Computed-Aided Surgery of Parkinson's disease*. In *Proceedings of the 4th International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention* (pp. 1183-1184). Springer-Verlag.
- [51] Brandt, M. E., Bohant, T. P., Kramer, L. A., & Fletcher, J. M. (1994). *Estimation of CSF, white and gray matter volumes in hydrocephalic children using fuzzy clustering of MR images*. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 18(1), 25-34.
- [52] Iosifescu, D. V., Shenton, M. E., Warfield, S. K., Kikinis, R., Dengler, J., Jolesz, F. A., & McCarley, R. W. (1997). *An automated registration algorithm for measuring MRI subcortical brain structures*. *Neuroimage*, 6(1), 13-25.
- [53] Hartmann, S. L., Parks, M. H., Martin, P. R., & Dawant, B. M. (1999). *Automatic 3-D segmentation of internal structures of the head in MR images using a combination of similarity and free-form transformations. II. validation on severely atrophied brains*. *IEEE transactions on medical imaging*, 18(10), 917-926.
- [54] Duta, N., & Sonka, M. (1998). *Segmentation and interpretation of mr brain images. an improved active shape model*. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(6), 1049-1062.
- [55] Bajcsy, R., & Kovačič, S. (1989). *Multiresolution elastic matching*. *Computer vision, graphics, and image processing*, 46(1), 1-21.
- [56] Dellepiane, S., Venturi, G., & Vernazza, G. (1992). *Model generation and model matching of real images by a fuzzy approach*. *Pattern Recognition*, 25(2), 115-137.
- [57] Li, H., Deklerck, R., De Cuyper, B., Hermanus, A., Nyssen, E., & Cornelis, J. (1995). *Object recognition in brain CT-scans: knowledge-based fusion of data from multiple feature extractors*. *IEEE Transactions on medical imaging*, 14(2), 212-229.

- [58] Dokládal, P., Bloch, I., Couprie, M., Ruijters, D., Urtasun, R., & Garnero, L. (2003). *Topologically controlled segmentation of 3D magnetic resonance images of the head by using morphological operators*. *Pattern recognition*, 36(10), 2463-2478.
- [59] Worth, A. J., Makris, N., Patti, M. R., Goodman, J. M., Hoge, E. A., Caviness, V. S., & Kennedy, D. N. (1998). *Precise segmentation of the lateral ventricles and caudate nucleus in MR brain images using anatomically driven histograms*. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(2), 303-310.
- [60] Held, K., Kops, E. R., Krause, B. J., Wells, W. M., Kikinis, R., & Muller-Gartner, H. W. (1997). *Markov random field segmentation of brain MR images*. *IEEE transactions on medical imaging*, 16(6), 878-886.
- [61] Wang, D., & Doddrell, D. M. (2002). *MR image-based measurement of rates of change in volumes of brain structures. Part I: method and validation*. *Magnetic resonance imaging*, 20(1), 27-40.
- [62] Jang, D. P., Lee, D. S., & Kim, S. I. (1997, October). *Contour detection of hippocampus using dynamic contour model and region growing*. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 1997. Proceedings of the 19th Annual International Conference of the IEEE (Vol. 2, pp. 763-766)*. IEEE.
- [63] Nowinski, W. L., & Thirunavuukarasuu, A. (2001). *Atlas-assisted localization analysis of functional images*. *Medical image analysis*, 5(3), 207-220.
- [64] Gunning-Dixon, F. M., Head, D., McQuain, J., Acker, J. D., & Raz, N. (1998). *Differential aging of the human striatum: a prospective MR imaging study*. *American Journal of Neuroradiology*, 19(8), 1501-1507.
- [65] Kass, M., Witkin, A., & Terzopoulos, D. (1988). *Snakes: Active contour models*. *International journal of computer vision*, 1(4), 321-331.
- [66] Osher, S., Sethian, J. A. (1988). *Fronts propagating with curvature-dependant speed : Algorithms based on Hamilton-Jacobi formulations*. *Journal of Computational Physics* 19 (1), 12-49. 27.
- [67] Aliouche, W., Djadi, N. (2008). *Reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées : Application aux images médicales*. Institut National de Recherche en Informatique (I.N.I), (Mémoire d'Ingénieur).
- [68] Belarouci, S., & Benmokhtar, S. (2012). *Méthode coopérative pour la segmentation d'images IRM cérébrales basée sur les techniques FCM et Level Set* (Doctoral dissertation).
- [69] Prewitt, J. M. (1970). *Object enhancement and extraction*. *Picture processing and Psychopictorics*, 10(1), 15-19.
- [70] Kirsch, R. A. (1971). *Computer determination of the constituent structure of biological images*. *Computers and biomedical research*, 4(3), 315-328.

- [71] Dougherty, E. R., & Lotufo, R. A. (2003). *Hands-on morphological image processing* (Vol. 59). SPIE press.
- [72] Manthey, B., & Röglin, H. (2013). *Worst-Case and Smoothed Analysis of k-Means Clustering with Bregman Divergences*. *JoCG*, 4(1), 94-132.
- [73] Chen, L., Shen, C., Li, S., Maquilan, G., Albuquerque, K., Folkert, M. R., & Wang, J. (2018, March). *Automatic PET cervical tumor segmentation by deep learning with prior information*. In *Medical Imaging 2018: Image Processing* (Vol. 10574, p. 1057436). *International Society for Optics and Photonics*.
- [74] Salakhutdinov, R. (2015). *Learning deep generative models*. *Annual Review of Statistics and Its Application*, 2, 361-385.
- [75] Shen, D., Wu, G., & Suk, H. I. (2017). *Deep learning in medical image analysis*. *Annual review of biomedical engineering*, 19, 221-248.
- [76] Schmidhuber, J. (2015). *Deep learning in neural networks: An overview*. *Neural networks*, 61, 85-117.
- [77] Bengio, Y. (2009). *Foundations and Trends® in Machine Learning*. *Foundations and Trends® in Signal Processing*, 7(3-4).
- [78] Lecun, Y., Bengio, Y., & Hinton, G. (2015). *Deep learning*. *nature*, 521(7553), 436-444.
- [79] Hinton, G. E., & Salakhutdinov, R. R. (2006). *Reducing the dimensionality of data with neural networks*. *science*, 313(5786), 504-507.
- [80] Collobert, R., & Weston, J. (2008, July). *A unified architecture for natural language processing: Deep neural networks with multitask learning*. In *Proceedings of the 25th international conference on Machine learning* (pp. 160-167).
- [81] Russakovsky, O., Deng, J., Su, H., Krause, J., Satheesh, S., Ma, S., ... & Berg, A. C. (2015). *Imagenet large scale visual recognition challenge*. *International journal of computer vision*, 115(3), 211-252.
- [82] Zhang, W., Li, R., Deng, H., Wang, L., Lin, W., Ji, S., & Shen, D. (2015). *Deep convolutional neural networks for multi-modality iso-intense infant brain image segmentation*. *NeuroImage*, 108, 214-224.
- [83] Wu, G., Kim, M., Wang, Q., Munsell, B. C., & Shen, D. (2015). *Scalable high-performance image registration framework by unsupervised deep feature representations learning*. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 63(7), 1505-1516.
- [84] Suk, H. I., Lee, S. W., Shen, D., & Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative. (2014). *Hierarchical feature representation and multimodal fusion with deep learning for AD/MCI diagnosis*. *NeuroImage*, 101, 569-582.

- [85] Shin, H., Roberts, K., Lu, L., Demner-Fushman, D., Yao, J., Summers, R. M. 2016. *Learning to read chestX-rays: recurrent neural cascade model for automated image annotation*. In Proceedings of the 2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, pp. 2497–506. Washington, DC: IEEE.
- [86] Suk, H. I., Lee, S. W., Shen, D., & Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative. (2015). *Latent feature representation with stacked auto-encoder for AD/MCI diagnosis*. Brain Structure and Function, 220(2), 841-859.
- [87] Pereira, S., Pinto, A., Alves, V., & Silva, C. A. (2016). *Brain tumor segmentation using convolutional neural networks in MRI images*. IEEE transactions on medical imaging, 35(5), 1240-1251.
- [88] Van Tulder, G., & de Bruijne, M. (2016). *Combining generative and discriminative representation learning for lung CT analysis with convolutional restricted Boltzmann machines*. IEEE transactions on medical imaging, 35(5), 1262-1272.
- [89] Chen, H., Dou, Q., Wang, X., Qin, J., & Heng, P. A. (2016, February). *Mitosis detection in breast cancer histology images via deep cascaded networks*. In Proceedings of the 30th AAAI Conference on Artificial Intelligence, pp. 1167–73. Palo Alto, CA: AAAI.
- [90] Tylski, P., Bonniaud, G., Decenciere, E., Stawiaski, J., Coulot, J., Lefkopoulos, D., & Ricard, M. (2006, November). *¹⁸F-FDG PET images segmentation using morphological watershed: a phantom study*. In 2006 IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record (Vol. 4, pp. 2063-2067). IEEE.
- [91] Werner-Wasik, M., Nelson, A. D., Choi, W., Arai, Y., Faulhaber, P. F., Kang, P., ... & Piper, J. W. (2012). *What is the best way to contour lung tumors on PET scans? Multiobserver validation of a gradient-based method using a NSCLC digital PET phantom*. International Journal of Radiation Oncology* Biology* Physics, 82(3), 1164-1171.
- [92] Geets, X., Lee, J. A., Bol, A., Lonneux, M., & Grégoire, V. (2007). *A gradient-based method for segmenting FDG-PET images: methodology and validation*. European journal of nuclear medicine and molecular imaging, 34(9), 1427-1438.
- [93] El Naqa, I. (2008). *Radiotherapy informatics: targeted control*. Enterprise Imaging & Therapeutic Radiology Management, 18, 39-42.
- [94] El Naqa, I., Yang, D., Apte, A., Khullar, D., Mutic, S., Zheng, J., ... & Deasy, J. O. (2007). *Concurrent multimodality image segmentation by active contours for radiotherapy treatment planning a*. Medical physics, 34(12), 4738-4749.
- [95] Dewalle-Vignion, A. S., Betrouni, N., Lopes, R., Huglo, D., Stute, S., & Vermandel, M. (2010). *A new method for volume segmentation of PET images, based on possibility theory*. IEEE transactions on medical imaging, 30(2), 409-423.
- [96] Aristophanous, M., Penney, B. C., Martel, M. K., & Pelizzari, C. A. (2007). *A Gaussian mixture model for definition of lung tumor volumes in positron emission tomography*. Medical physics, 34(11), 4223-4235.

- [97] Day, E., Betler, J., Parda, D., Reitz, B., Kirichenko, A., Mohammadi, S., & Miften, M. (2009). *A region growing method for tumor volume segmentation on PET images for rectal and anal cancer patients*. *Medical physics*, 36(10), 4349-4358.
- [98] Yu, H., Caldwell, C., Mah, K., & Mozeg, D. (2008). *Coregistered FDG PET/CT-based textural characterization of head and neck cancer for radiation treatment planning*. *IEEE transactions on medical imaging*, 28(3), 374-383.
- [99] Markel, D., Caldwell, C., Alasti, H., Soliman, H., Ung, Y., Lee, J., & Sun, A. (2013). *Automatic segmentation of lung carcinoma using 3D texture features in 18-FDG PET/CT*. *International journal of molecular imaging*, 2013(11): 980769
- [100] Sharif, M. S., Abbod, M., Amira, A., & Zaidi, H. (2010). *Artificial neural network-based system for PET volume segmentation*. *International Journal of Biomedical Imaging*, 2010 (11), ID 105610.
- [101] Sharif, M. S., Abbod, M., Amira, A., & Zaidi, H. (2012). *Artificial neural network-statistical approach for PET volume analysis and classification*. *Advances in Fuzzy Systems*, 2012.
- [102] Sebastian, T. B., Manjeshwar, R. M., Akhurst, T. J., & Miller, J. V. (2006, October). *Objective PET lesion segmentation using a spherical mean shift algorithm*. In *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention* (pp. 782-789). Springer, Berlin, Heidelberg.
- [103] Janssen, M. H., Aerts, H. J., Öllers, M. C., Bosmans, G., Lee, J. A., Buijsen, J., ... & Dekker, A. L. (2009). *Tumor delineation based on time-activity curve differences assessed with dynamic fluorodeoxyglucose positron emission tomography-computed tomography in rectal cancer patients*. *International Journal of Radiation Oncology* Biology* Physics*, 73(2), 456-465.
- [104] De Bernardi, E. L. I. S. A. B. E. T. T. A., Gallotta, F. F., Gianoli, C., Zito, F., Gerundini, P., & Baselli, G. (2010). *ML segmentation strategies for object interference compensation in FDG-PET lesion quantification*. *Methods of information in medicine*, 49(05), 537-541.
- [105] Bagci, U., Udupa, J. K., Mendhiratta, N., Foster, B., Xu, Z., Yao, J., ... & Mollura, D. J. (2013). *Joint segmentation of anatomical and functional images: Applications in quantification of lesions from PET, PET-CT, MRI-PET, and MRI-PET-CT images*. *Medical image analysis*, 17(8), 929-945.
- [106] Onoma, D. P., Ruan, S., Thureau, S., Nkhali, L., Modzelewski, R., Monnehan, G. A., ... & Gardin, I. (2014). *Segmentation of heterogeneous or small FDG PET positive tissue based on a 3D-locally adaptive random walk algorithm*. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 38(8), 753-763.
- [107] Song, Q., Bai, J., Han, D., Bhatia, S., Sun, W., Rockey, W., ... & Wu, X. (2013). *Optimal co-segmentation of tumor in PET-CT images with context information*. *IEEE transactions on medical imaging*, 32(9), 1685-1697.

- [108] Hofheinz, F., Langner, J., Petr, J., Beuthien-Baumann, B., Steinbach, J., Kotzerke, J., & van den Hoff, J. (2013). *An automatic method for accurate volume delineation of heterogeneous tumors in PET*. *Medical physics*, 40(8), 082503.
- [109] Abdoli, M., Dierckx, R. A. J. O., & Zaidi, H. (2013). *Contourlet-based active contour model for PET image segmentation*. *Medical physics*, 40(8), 082507.
- [110] Mu, W., Chen, Z., Shen, W., Yang, F., Liang, Y., Dai, R., ... & Tian, J. (2015). *A segmentation algorithm for quantitative analysis of heterogeneous tumors of the cervix with 18 F-FDG PET/CT*. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 62(10), 2465-2479.
- [111] Cui, H., Wang, X., Zhou, J., Eberl, S., Yin, Y., Feng, D., & Fulham, M. (2015). *Topology polymorphism graph for lung tumor segmentation in PET-CT images*. *Physics in Medicine & Biology*, 60(12), 4893.
- [112] Devic, S., Mohammed, H., Tomic, N., Aldelaijan, S., De Blois, F., Seuntjens, J., ... & Faria, S. (2016). *FDG-PET-based differential uptake volume histograms: a possible approach towards definition of biological target volumes*. *The British Journal of Radiology*, 89(1062), 20150388.
- [113] Berthon, B., Marshall, C., Evans, M., & Spezi, E. (2016). *ATLAAS: an automatic decision tree-based learning algorithm for advanced image segmentation in positron emission tomography*. *Physics in Medicine & Biology*, 61(13), 4855.
- [114] Schaefer, A., Vermandel, M., Baillet, C., Dewalle-Vignion, A. S., Modzelewski, R., Vera, P., & Nemer, U. (2016). *Impact of consensus contours from multiple PET segmentation methods on the accuracy of functional volume delineation*. *European journal of nuclear medicine and molecular imaging*, 43(5), 911-924.
- [115] Hatt, M., Lee, J. A., Schmidlein, C. R., Naqa, I. E., Caldwell, C., De Bernardi, E., ... & Jeraj, R. (2017). *Classification and evaluation strategies of auto-segmentation approaches for PET: Report of AAPM task group No. 211*. *Medical physics*, 44(6), e1-e42.
- [116] Pieczynski, W. (2003). *Modèles de Markov en traitements d'images Markov models in image processing*. *Traitement du signal*, 20(3), 255-278.
- [117] Thomas, C. (2006). *Fusion d'images de résolutions spatiales différentes* (Doctoral dissertation, École Nationale Supérieure des Mines de Paris).
- [118] Barra, V. (2004). *Modélisation, classification et fusion de données biomédicales* (Doctoral dissertation, Université Blaise Pascal-Clermont-Ferrand II).
- [119] Piella, G. (2003). *A general framework for multiresolution image fusion: from pixels to regions*. *Information fusion*, 4(4), 259-280.
- [120] Zheng, Y., Essock, E. A., Hansen, B. C., & Haun, A. M. (2007). *A new metric based on extended spatial frequency and its application to DWT based fusion algorithms*. *Information Fusion*, 8(2), 177-192.

- [121] Redondo, R., Sroubek, F., Fischer, S., & Cristobal, G. (2005, September). *Multifocus fusion with multisize windows*. In Applications of Digital Image Processing XXVIII (Vol. 5909, p. 59091B). International Society for Optics and Photonics.
- [122] Chen, H., & Varshney, P. K. (2007). *A human perception inspired quality metric for image fusion based on regional information*. Information fusion, 8(2), 193-207.
- [123] Profanter, C., Prommegger, R., Gabriel, M., Moncayo, R., Wetscher, G. J., Lang, T., & Bale, R. (2004). *Computed axial tomography–MIBI image fusion for preoperative localization in primary hyperparathyroidism*. The American journal of surgery, 187(3), 383-387.
- [124] Bloch, I., Géraud, T., & Maître, H. (2003). *Representation and fusion of heterogeneous fuzzy information in the 3D space for model-based structural recognition—application to 3D brain imaging*. Artificial Intelligence, 148(1-2), 141-175.
- [125] Wald, L. (1999). *Some terms of reference in data fusion*. IEEE Transactions on geoscience and remote sensing, 37(3), 1190-1193.
- [126] Bloch, I., & Maître, H. (1994). *Fusion de données en traitement d'images : modèles d'information et décisions*. TS. Traitement du signal, 11(6), 435-446.
- [127] Pohl, C., & Van Genderen, J. L. (1998). *Review article multisensor image fusion in remote sensing: concepts, methods and applications*. International journal of remote sensing, 19(5), 823-854.
- [128] Jannin, P., Grova, C., & Gibaud, B. (2001). *Fusion de données en imagerie médicale : revue méthodologique basée sur le contexte clinique*. ITBM-RBM, 22(4), 196-215.
- [129] Friston, K. J., Holmes, A. P., Worsley, K. J., Poline, J. P., Frith, C. D., & Frackowiak, R. S. (1994). *Statistical parametric maps in functional imaging: a general linear approach*. Human brain mapping, 2(4), 189-210.
- [130] Hotz, B., & Thirion, J. P. (2000, October). *HeartPerfect: data mining in a large database of myocardial perfusion scintigraphy*. In International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (pp. 367-374). Springer, Berlin, Heidelberg.
- [131] Boes, J. L., & Meyer, C. R. (1999, September). *Multi-variate mutual information for registration*. In International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (pp. 606-612). Springer, Berlin, Heidelberg.
- [132] Lloret, D., López, A. M., Serrat, J., & Villanueva, J. J. (1999). *Creaseness-based computer tomography and magnetic resonance registration: comparison with the mutual information method*. Journal of electronic Imaging, 8(3), 255-263.
- [133] Collins, D. L., Holmes, C. J., Peters, T. M., & Evans, A. C. (1995). *Automatic 3-D model-based neuroanatomical segmentation*. Human brain mapping, 3(3), 190-208.

- [134] Benazzouz, M. (2014). *analyse intelligente des images médicales : application aux images microscopiques de cytologie* (Doctoral dissertation, Thèse Doctorat, abou bekr belkaid tlemcen).
- [135] Franke, J., & Mandler, E. (1992, January). *A comparison of two approaches for combining the votes of cooperating classifiers*. In 11th IAPR International Conference on Pattern Recognition. Vol. II. Conference B: Pattern Recognition Methodology and Systems (pp. 611-614). IEEE.
- [136] Kimura, F., & Shridhar, M. (1991). *Handwritten numerical recognition based on multiple algorithms*. *Pattern recognition*, 24(10), 969-983.
- [137] Xu, L., Krzyzak, A., & Suen, C. Y. (1992). *Methods of combining multiple classifiers and their applications to handwriting recognition*. *IEEE transactions on systems, man, and cybernetics*, 22(3), 418-435.
- [138] Yager, R. R. (1987). *On the Dempster-Shafer framework and new combination rules*. *Information sciences*, 41(2), 93-137.
- [139] Lelandais, B., Désir, C., Petitjean, C., Heutte, L., & Thiberville, L. (2010, January). *Classification d'images alvéoscopiques par extra-trees*.
- [140] Chauvin, S. (1995). *Evaluation des performances du modèle Bayésien de fusion appliqué à l'imagerie satellitaire*. In 15^e Colloque sur le traitement du signal et des images, FRA, 1995. GRETSI, Groupe d'Etudes du Traitement du Signal et des Images.
- [141] Jiang, D., Zhuang, D., Huang, Y., & Fu, J. (2011). *Survey of multispectral image fusion techniques in remote sensing applications*. *Image fusion and its applications*, 1-23.
- [142] Zimmermann, H. J., & Zysno, P. (1980). *Latent connectives in human decision making*. *Fuzzy sets and systems*, 4(1), 37-51.
- [143] Dubois, D., Lang, J., & Prade, H. (1987, August). *Theorem proving under uncertainty: a possibility theory-based approach*. In Proceedings of the 10th international joint conference on Artificial intelligence-Volume 2 (pp. 984-986).
- [144] Dou, W., Ruan, S., Chen, Y., Bloyet, D., & Constans, J. M. (2007). *A framework of fuzzy information fusion for the segmentation of brain tumor tissues on MR images*. *Image and vision Computing*, 25(2), 164-171.
- [145] Boussion, N., Cinotti, L., Barra, V., Ryvlin, P., & Mauguier, F. (2003). *Extraction of epileptogenic foci from PET and SPECT images by fuzzy modeling and data fusion*. *Neuroimage*, 19(3), 645-654.
- [146] Colin, A., & Boire, J. Y. (1999). *MRI-SPECT fusion for the synthesis of high resolution 3D functional brain images: a preliminary study*. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 60(2), 107-116.

- [147] Montagner, J., Barra, V., & Boire, J. Y. (2005, June). *Modeling of a multimodal image aggregation process using discrete geometry*. In Proceedings of the 1st Open International Conference on Modeling and Simulation (pp. 431-439).
- [148] Smets, P., & Kennes, R. (1994). *The transferable belief model*. Artificial intelligence, 66(2), 191-234.
- [149] Smets, P., & Kruse, R. (1997). *The transferable belief model for belief representation*. In Uncertainty Management in Information Systems (pp. 343-368). Springer, Boston, MA.
- [150] Amira, A., Chandrasekaran, S., Montgomery, D. W., & Uzun, I. S. (2008). *A segmentation concept for positron emission tomography imaging using multiresolution analysis*. Neurocomputing, 71(10-12), 1954-1965.
- [151] Bloch, I. (2008). *Defining belief functions using mathematical morphology—application to image fusion under imprecision*. International journal of approximate reasoning, 48(2), 437-465.
- [152] Gautier, L., Taleb-Ahmed, A., Rombaut, M., Postaire, J. G., & Lecllet, H. (2001). *Aide à la décision de segmentation d'image par la théorie de Dempster-Shafer: application à une séquence d'images IRM*. ITBM-RBM, 22(6), 378-392.
- [153] Rombaut, M., & Zhu, Y.M. (2001). *Study of Dempster-Shafer theory for image segmentation and applications*. Image and Vision Computing, 20, 15–23.
- [154] Liu, J., Lu, X., Li, Y., Chen, X., & Deng, Y. (2015). *A new method based on Dempster-Shafer theory and fuzzy c-means for brain MRI segmentation*. Measurement Science and Technology, 26(10), 105402.
- [155] Dasarathy, B. V. (1997). *Sensor fusion potential exploitation-innovative architectures and illustrative applications*. Proceedings of the IEEE, 85(1), 24-38.
- [156] Loève, M. (1945) : *Fonctions aléatoires de second ordre*. CR Acad. Sci. Paris, 220, 380. (Cité page 89).
- [157] Fisher, R. A. (1936). *The use of multiple measurements in taxonomic problems*. Annals of eugenics, 7(2), 179-188.
- [158] Torkkola, K. (2003). *Feature extraction by non-parametric mutual information maximization*. Journal of machine learning research, 3(Mar), 1415-1438.
- [159] John, G. H., Kohavi, R., & Pfleger, K. (1994). *Irrelevant features and the subset selection problem*. In Machine Learning Proceedings 1994 (pp. 121-129).
- [160] Lelandais, B. (2013). *Fusion d'informations et segmentation d'images basées sur la théorie des fonctions de croyance : application à l'imagerie médicale TEP multi-traceurs* (Doctoral dissertation, Université de Rouen).

- [161] Geman, S., Geman, D. 1984. *Gibbs distributions, and the Bayesian restoration of images*. IEEE Trans Patt Anal & Mach Int, 6 (20): 721-741.
- [162] Brunel, N. B., Lapuyade-Lahorgue, J., & Pieczynski, W. (2009). *Modeling and unsupervised classification of multivariate hidden Markov chains with copulas*. IEEE Transactions on Automatic Control, 55(2), 338-349.
- [163] Bellone, E., Hughes, J. P., & Guttorp, P. (2000). *A hidden Markov model for downscaling synoptic atmospheric patterns to precipitation amounts*. Climate research, 15(1), 1-12.
- [164] Dunn, J. C. (1973). *A fuzzy relative of the ISODATA process and its use in detecting compact well-separated clusters*. Journal of Cybernet, 3, 32–57.
- [165] Bezdek, J. C. (1981). *Objective function clustering*. In Pattern recognition with fuzzy objective function algorithms (pp. 43-93). Springer, Boston, MA.
- [166] Ahmed, M. N., Yamany, S. M., Mohamed, N., Farag, A. A., & Moriarty, T. (2002). *A modified fuzzy c-means algorithm for bias field estimation and segmentation of MRI data*. IEEE transactions on medical imaging, 21(3), 193-199.
- [167] Chen, S., & Zhang, D. (2004). *Robust image segmentation using FCM with spatial constraints based on new kernel-induced distance measure*. IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part B (Cybernetics), 34(4), 1907-1916.
- [168] Szilagyai, L., Benyo, Z., Szilágyi, S. M., & Adam, H. S. (2003, September). *MR brain image segmentation using an enhanced fuzzy c-means algorithm*. In Proceedings of the 25th annual international conference of the IEEE engineering in medicine and biology society (IEEE Cat. No. 03CH37439) (Vol. 1, pp. 724-726). IEEE.
- [169] Li, R. P., & Mukaidono, M. (1995, March). *A maximum-entropy approach to fuzzy clustering*. In Proceedings of 1995 IEEE International Conference on Fuzzy Systems. (Vol. 4, pp. 2227-2232). IEEE.
- [170] Miyamoto, S., & Umayahara, K. (1998, May). *Fuzzy clustering by quadratic regularization*. In 1998 IEEE International Conference on Fuzzy Systems Proceedings. IEEE World Congress on Computational Intelligence (Cat. No. 98CH36228) (Vol. 2, pp. 1394-1399). IEEE.
- [171] Pham, D. L. (2002, September). *Fuzzy clustering with spatial constraints*. In Proceedings. International Conference on Image Processing. IEEE. Vol, 62(2): pp. II-65–II-65. (Vol. 2, pp. II-II)
- [172] Ji, Z., Xia, Y., Chen, Q., Sun, Q., Xia, D., & Feng, D. D. (2012). *Fuzzy c-means clustering with weighted image patch for image segmentation*. Applied soft computing, 12(6), 1659-1667.
- [173] Zaixin, Z., Lizhi, C., & Guangquan, C. (2013). *Neighbourhood weighted fuzzy c-means clustering algorithm for image segmentation*. IET Image processing, 8(3), 150-161.

- [174] Lapuyade-Lahorgue, J., Visvikis, D., Pradier, O., Cheze Le Rest, C., & Hatt, M. (2015). *SPEQTACLE: An automated generalized fuzzy C-means algorithm for tumor delineation in PET*. *Medical physics*, 42(10), 5720-5734.
- [175] Salzenstein, F., & Pieczynski, W. (1997). *Parameter estimation in hidden fuzzy Markov random fields and image segmentation*. *Graphical models and image processing*, 59(4), 205-220.
- [176] Salzenstein, F., & Collet, C. (2006). *Fuzzy Markov random fields versus chains for multispectral image segmentation*. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 28(11), 1753-1767.
- [177] Hatt, M., Le Rest, C. C., Turzo, A., Roux, C., & Visvikis, D. (2009). *A fuzzy locally adaptive Bayesian segmentation approach for volume determination in PET*. *IEEE transactions on medical imaging*, 28(6), 881-893.
- [178] Forbes, F., & Peyrard, N. (2003). *Hidden Markov random field model selection criteria based on mean field-like approximations*. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 25(9), 1089-1101.
- [179] Krinidis, S., & Chatzis, V. (2010). *A robust fuzzy local information C-means clustering algorithm*. *IEEE transactions on image processing*, 19(5), 1328-1337.
- [180] Hatt, M., Le Rest, C. C., Descourt, P., Dekker, A., De Ruyscher, D., Oellers, M., ... & Visvikis, D. (2010). *Accurate automatic delineation of heterogeneous functional volumes in positron emission tomography for oncology applications*. *International Journal of Radiation Oncology* Biology* Physics*, 77(1), 301-308.
- [181] Khemila, H., & Rhaimi, C. B. (2016, December). *Bayesian fusion: Application in medical imaging*. In 2016 17th International Conference on Sciences and Techniques of Automatic Control and Computer Engineering (STA) (pp. 87-92). IEEE.
- [182] Foster, B., Bagci, U., Mansoor, A., Xu, Z., & Mollura, D. J. (2014). *A review on segmentation of positron emission tomography images*. *Computers in biology and medicine*, 50, 76-96.
- [183] Hatt, M., Lamare, F., BouSSION, N., Turzo, A., Collet, C., Salzenstein, F., ... & Visvikis, D. (2007). *Fuzzy hidden Markov chains segmentation for volume determination and quantitation in PET*. *Physics in Medicine & Biology*, 52(12), 3467.
- [184] Amoura, L., & Pieczynski, W. (1998, August). *Hierarchical markov fields and fuzzy image segmentation*. In *Proceedings Second IEEE International Conference on Intelligent Processing Systems* (pp. 154-158).
- [185] Cai, W., Chen, S., & Zhang, D. (2007). *Fast and robust fuzzy c-means clustering algorithms incorporating local information for image segmentation*. *Pattern recognition*, 40(3), 825-838.

- [186] Carincotte, C., Derrode, S., & Bourennane, S. (2005, May). *Multivariate fuzzy hidden Markov chains model applied to unsupervised multiscale SAR image segmentation*. In The 14th IEEE International Conference on Fuzzy Systems, 2005. FUZZ'05. (pp. 288-293). IEEE.
- [187] Caillol, H., Pieczynski, W., & Hillion, A. (1997). *Estimation of fuzzy Gaussian mixture and unsupervised statistical image segmentation*. IEEE Transactions on Image Processing, 6(3), 425-440.
- [188] Hatt, M., Visvikis, D., Albarghach, N. M., Tixier, F., Pradier, O., & Cheze-le Rest, C. (2011). *Prognostic value of 18 F-FDG PET image-based parameters in oesophageal cancer and impact of tumour delineation methodology*. European journal of nuclear medicine and molecular imaging, 38(7), 1191-1202.
- [189] Bouveyron, C., & Girard, S. (2009). *Classification supervisée et non supervisée des données de grande dimension*. La revue de Modulad, 40, 81–102.
- [190] Marroquin, J., Mitter, S., & Poggio, T. (1987). *Probabilistic solution of ill-posed problems in computational vision*. Journal of the american statistical association, 82(397), 76-89.
- [191] Hatt, M., Le Rest, C. C., Albarghach, N., Pradier, O., & Visvikis, D. (2011). *PET functional volume delineation: a robustness and repeatability study*. European journal of nuclear medicine and molecular imaging, 38(4), 663-672.
- [192] Le Maitre, A., Hatt, M., Pradier, O., Cheze-le Rest, C., & Visvikis, D. (2012). *Impact of the accuracy of automatic tumour functional volume delineation on radiotherapy treatment planning*. Physics in Medicine & Biology, 57(17), 5381.
- [193] Ruan, S., Moretti, B., Fadili, J., & Bloyet, D. (2002). *Fuzzy Markovian segmentation in application of magnetic resonance images*. Computer vision and image understanding, 85(1), 54-69.
- [194] Hatt, M., Boussion, N., Lamare, F., Collet, C., Salzenstein, F., Roux, C., & Visvikis, D. (2006, April). *Fuzzy versus hard hidden Markov chains segmentation for volume determination and quantitation in noisy PET images*. In 3rd IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: Nano to Macro, 2006. (pp. 1376-1379). IEEE.
- [195] Gath, I., & Geva, A. B. (1989). *Unsupervised optimal fuzzy clustering*. IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence, 11(7), 773-780.
- [196] Blanc-Durand, P., Van Der Gucht, A., Schaefer, N., Itti, E., & Prior, J. O. (2018). *Automatic lesion detection and segmentation of 18F-FET PET in gliomas: a full 3D U-Net convolutional neural network study*. PLoS One, 13(4), e0195798.

ANNEXE



ANNEXE

7. Les méthodes segmentation Bayésienne floues

7.1. Distributions du système de Pearson

7.1.1. Moments empiriques

Les quatre moments statistiques d'une partition Y_p de Y définis par : pour $m=1, 2,3$ et 4

$$\mu_1 = [Y_p] \text{ et } \mu_p = E[(Y_p - E[Y_p])]^m \text{ for } m \geq 2$$

7.1.2. Kurtosis et Asymétrie

Nous avons défini deux paramètres γ_1 et γ_2 comme suit : $\gamma_1 = \frac{\mu_3^2}{\mu_2^3}$ et $\gamma_2 = \frac{\mu_4}{\mu_2^2}$,

Où, $\sqrt{\gamma_1}$ est appelé skewness et γ_2 est le kurtosis. D'après les équations des moments et les paramètres de quatrième ordre et la kurtosis, nous pouvons extraire ces coefficients c_0 , c_1 et c_2 pour résoudre l'éq(IV.31) comme suit:

- $a = \frac{(\gamma_2+3)\sqrt{(\gamma_1\mu_2)}}{10\gamma_2-12\gamma_1-18} - \mu_1$
- $c_0 = \frac{\mu_2(4\gamma_2-3\gamma_1)-\mu_1(\gamma_2-3)\sqrt{(\gamma_1\mu_2)}}{10\gamma_2-12\gamma_1-18} + \frac{\mu_1^2(2\gamma_2-3\gamma_1-6)}{10\gamma_2-12\gamma_1-18}$
- $c_1 = \frac{(\gamma_2-3)\sqrt{(\gamma_1\mu_2)}-2\mu_1(2\gamma_2-3\gamma_1-6)}{10\gamma_2-12\gamma_1-18}$
- $c_2 = \frac{(2\gamma_2-3\gamma_1-6)}{10\gamma_2-12\gamma_1-18}$

7.1.3. Définition des familles de densités de distribution

Les distributions de Pearson sont définies par λ :

$$\lambda = \frac{\gamma_1(\gamma_2 + 3)^2}{4(4\gamma_2 - 3\gamma_1)(2\gamma_2 - 3\gamma_1)(2\gamma_2 - 3\gamma_1 - 6)}$$

En fait, en utilisant λ , γ_1 et γ_2 pour définir les huit familles de densité de distribution du système de Pearson :

- $f \in f_1 \Leftrightarrow \lambda < 0$: Beta des premières familles (I)
- $f \in f_2 \Leftrightarrow \gamma_1 = 0$ et $\gamma_2 < 3$: Type (II)
- $f \in f_3 \Leftrightarrow 2\gamma_2 - 3\gamma_1 - 6 = 0$ et $\gamma_2 < 3$: Gamma (III)

- $f \in f_4 \Leftrightarrow 0 < \lambda < 1$: Type (IV)
- $f \in f_5 \Leftrightarrow \lambda = 1$: Gamma inverse (V)
- $f \in f_6 \Leftrightarrow \lambda > 1$: BetaII (VI)
- $f \in f_7 \Leftrightarrow \gamma_1 > 0 \text{ and } \gamma_1 > 3$: Type (VII)
- $f \in f_8 \Leftrightarrow \gamma_1 = 0 \text{ and } \gamma_2 = 3$: Normale (Gaussian) (N)

Les relations suivantes entre les paramètres α , β et les paramètres de chaque classe c (β et μ) sont utilisées afin d'estimer la moyenne et la variance obtenu à travers l'algorithme SEM :

- $\mu_c = \frac{\alpha}{\alpha + \beta}$
- $\sigma_c^2 = \frac{\alpha\beta}{(\alpha + \beta)^2(\alpha + \beta + 1)}$
- $\alpha = \hat{\mu}_c \left(\frac{\hat{\mu}_c(1 - \hat{\mu}_c)}{\hat{\sigma}_c^2} - 1 \right)$
- $\beta = (1 - \hat{\mu}_c) \left(\frac{\hat{\mu}_c(1 - \hat{\mu}_c)}{\hat{\sigma}_c^2} - 1 \right)$

Ou, $\hat{\mu}_c$ et $\hat{\sigma}_c^2$ sont l'estimation la moyenne et la variance de la classe c

7.1.4. Recette pour l'identification de la meilleure famille pour répartir les classes de classe

Considérons le voxel y_1, y_2, \dots, y_t et leurs partitions Q_0 et Q_1 en deux classes. Les moments peuvent être estimés à partir de moments empiriques, et nous utilisons ce qui suit pour détecter quelle famille est la meilleure pour chaque répartition :

- Considérons les partitions Q_0 et Q_1 de (y_1, y_2, \dots, y_t) définies par $i \in Q_0 \Leftrightarrow y_0 = 0$ et $i \in Q_1 \Leftrightarrow y_1 = 1$
- Pour chaque classe i utilisé Q_i afin d'estimer $u_{m,i}$ moments empiriques par :

$$u_{i,1} = \frac{\sum_{t \in Q_i} Y_t}{\text{card}(Q_i)}$$

$$u_{p,1} = \frac{\sum_{t \in Q_i} (Y_t - \mu_{1,i})^m}{\text{card}(Q_i)} \quad \text{for } m=2,3, 4$$

For $m=2,3, 4$

- Pour chaque classe i , calculer $\gamma_{1,i}$ et $\gamma_{2,i}$ l'estimé $u_{m,i}$ ($m = 1, 2, 3, 4$) selon (moments empiriques).
- Pour chaque classe i , utilisation $\gamma_{1,i}$ et $\gamma_{2,i}$ pour déterminer à quelle famille appartient sa densité f .

Enfin, l'algorithme de SEM diffusé se déroule comme suit.

- Compte tenu d'une valeur initiale des paramètres $w^0 = [p_{t,0}^0, p_{t,1}^0, \mu_0^0, (\sigma_0^2)^2, \mu_1^0, (\sigma_1^2)^1]$ en utilisant l'algorithme K-means pour le bruit et les probabilités égales pour les priori.
- À chaque itération q , w^q est obtenue w^{q-1} et les données (y_1, y_2, \dots, y_t) en utilisant :

Pour procéder à la segmentation nous utilisons le maximum Posterior Likelihood (MPL). Il s'agit de calculer la densité a posteriori en chaque voxel telle que définie par équation (IV.34) et affecter à chaque voxel la classe ou le niveau de flou qui maximise cette densité. Pour ce faire, la procédure est la suivant :

- ✓ Calculer pour chaque voxel la probabilité a posteriori $p(z_t = c|y_t)$
- ✓ Si $p(z_t = c|y_t)$ est maximale avec $c = 1$ ou $c = 0$, affecter la classe 1 ou 0.
- ✓ Sinon, choisir le niveau de flou qui maximise $p(z_t = \epsilon_i|y_t)$

Appelons y_t de l'échantillonneur (y_1, y_2, \dots, y_t) la réalisation a posteriori obtenue en utilisant $p(z_t \in]0, 1[|y_t) = (1 - d^q(0|y_t) - d^q(1|y_t))$ et en procédant au tirage aléatoire parmi 0, 1, F(pour les pixels flous). Les valeurs des paramètres du modèles sont ré-estimées sur une partition de y_t définie comme suivant :

Indiquons $\epsilon_1^q, \dots, \epsilon_t^q$ les réalisations obtenues.

- Laisser $Q_0^q = t|\epsilon_t^q = 0$, $Q_1^q = t|\epsilon_t^q = 1$, réestimer les paramètres de bruit par :
- $\hat{\mu}_c^{q+1} = \frac{\sum_{t \in Q_c^q} y_t}{\text{card}(Q_c^q)}$
- $(\hat{\sigma}_c^2)^{q+1} = \frac{\sum_{t \in Q_c^q} (y_t - \hat{\mu}_c^{q+1})^2}{\text{card}(Q_c^q)}$ For : $c = 0, 1$

7.2. La probabilité a priori pour le modèle HFMF

Considérons deux ensembles $E_f \subset [0, 1]^N$, $E_h \subset [0, 1]^N$ (qui sont flous (lorsqu'un au moins des pixels est flou dans l'image) et des images rigides respectivement),

$$[z = (z_1, \dots, z_N) \in E_f] \Leftrightarrow [\exists 1 \leq i \leq N \text{ such that } z_i \in]0, 1[]$$

$$[z = (z_1, \dots, z_N) \in E_h] \Leftrightarrow [\exists 1 \leq i \leq N \text{ such that } z_i \in \{0, 1\}]$$

Afin de déterminer la probabilité a priori, nous avons utilisé deux propositions suivantes :

Proposition : Il existe une constante positive A telle que, $z \in E_h$

$$P_z[E_h] \geq 1 - A \exp(-\lambda)$$

En conséquence $\lim_{\lambda \rightarrow \infty} P_z[E_h] = 1$ et $\lim_{\lambda \rightarrow \infty} P_z[E_f] = 0$

Preuve : Pour $z_i \in E_f$. La densité de (IV.44) est écrite

$$h_f^\lambda(z) = c(\lambda) \exp(-U_f^\lambda(z)) \quad (4)$$

Où $c(\lambda)$ est délimité par une constante qui ne dépend pas de λ . Pour chaque $z_0 \in E_h$ le nombre $h_f^\lambda(z_0)$ est correspond la probabilité z_0 ; $h_f^\lambda \leq 1$.

$$c(\lambda) \leq M$$

La densité $h_f^\lambda(z)$ est égale :

$$h_f^\lambda(z) = c(\lambda) \exp(-U_f^\lambda(z)) \leq M \exp(-(a + \lambda))$$

Où, $h_f^\lambda(z)$ est la densité de p_z en accord avec la mesure v^N .

$$P_z[z \in E_h] \leq v^N[z \in E_f] M \exp(-(a + \lambda))$$

Finalement :

$$P_z[z \in E_f] \leq (3^N - 2^N) M \exp(-(a + \lambda)), \text{ avec } A = (3^N - 2^N) M \exp(-(a + \lambda)).$$

7.3. ICE l'estimation de θ de Y

L'ICE floue de champ Markov flou se déroule de manière suivant :

- Initialisation $\theta^0 = (\alpha^0, \beta^0) = \theta_{\text{initialisation}}$.

A l'étape courante de la procédure, calcul de l'espérance conditionnelle $\theta^{k+1} = E_{\theta^k}[\hat{\theta}(Z, Y) | Y = y]$ est contourné par approximation de type de Monte-Carlo en simulant N réalisations cachées du champ selon la loi à posteriori. Cela donne :

- Initialisation $\theta^0 = \theta_{\text{initialisation}}$.
- calculer $\theta^{k+1} = (\alpha^{k+1}, \beta^{k+1})$:

$$\alpha^{k+1} = \frac{1}{N} [\hat{\alpha}(z_1^k) + \hat{\alpha}(z_2^k) + \dots + \hat{\alpha}(z_N^k)]$$

$$\beta^{k+1} = \frac{1}{N} [\hat{\beta}(z_1^k) + \hat{\beta}(z_2^k) + \dots + \hat{\beta}(z_N^k)]$$

Où les z_i^k sont des réalisations du champ caché à l'étape k obtenues au moyen u paramètre courant $\theta^k = (\alpha^k, \beta^k)$.

7.4. Algorithmes ALG1, ALG2

Afin de résoudre le problème sur la minimisation (IV.61), nous avons utilisé un algorithme appelé **ALG1**. Sa démarche est la suivant :

- Choix dans $\{0, 1, F\}$ (F pour « floue ») selon la règle Bayésienne classique : l'élément choisi maximise la probabilité $h_{s,y}(0), h_{s,y}(1), 1 - h_{s,y}(0) - h_{s,y}(1)$.
- Si l'élément choisi est dans $\{0, 1\}$ (appartient à la classe dure) on arrête, sinon on choisit dans $]0, 1[$ l'élément maximisant la restriction de $h_{s,y}$ à cet ensemble

Le deuxième algorithme proposé sera appelé ALG2. Comme dans le cas dure, les densités $h_{s,y}$ ne peuvent pas être calculées analytiquement et nous devons les estimer dans une étape précédente. Cette estimation est réalisée à partir des réalisations de Z simulées selon sa distribution postérieure par un échantillonneur de Gibbs, d'une manière analogue à celle suivie dans le MPM dure.

7.5. FCM comme méthode d'inférence bayésienne

Du point de vue général de la mise en œuvre de l'algorithme de clustering FCM dans le cadre bayésien, nous pouvons réécrire la FCM afin de mettre en évidence la distribution a priori par rapport aux paramètres μ_i et $p_{u,i}$, et une vraisemblance associant les paramètres aux données d'observation.

La minimisation de (1) équivaut à la maximisation de probabilité de la densité P selon les variables observées $(y_u)_{u \in V}$ appelées vraisemblance comme suit :

$$P = f(\sum_{u=1}^n \sum_{i=1}^c p_{u,i}^m |y_u - \mu_i|^2)$$

Où, f est une fonction positive en fonction de la densité de probabilité P . Statistiquement, si la densité de $(y_u)_{u \in V}$ maximise l'entropie de Shannon, donc, la maximisation de P équivaut à une maximisation de vraisemblance. En outre, la formule de P peut être considérée comme une distribution elliptique dont elle est déterminée par son paramètre fonctionnel f avec la moyenne $\frac{\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m \mu_i}{\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m}$ et la dispersion par $\sigma = \frac{1}{(\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m)^{0.5}}$.

En conséquence, la minimisation de (IV.1) équivaut à la maximisation de :

$$P = \exp\left(-\frac{1}{2}\sum_{u=1}^n \sum_{i=1}^c p_{u,i}^m |y_u - \mu_i|^2\right) = \prod_{u \in V} \exp\left(-\frac{1}{2}\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m |y_u - \mu_i|^2\right)$$

En plus :

$$\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m |y_u - \mu_i|^2 = \left(\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m\right) \times \left[y_u^2 - 2 \frac{\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m \mu_i y_u}{\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m} + \frac{\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m \mu_i^2}{\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m}\right]$$

Par conséquent, conditionnellement aux paramètres, les observations y_u que vous êtes indépendantes et gaussiens distribués est égale :

$$P(y_u | (\mu_i)_{1 \leq i \leq c}, (p_{u,i}^m)_{1 \leq i \leq c}) := N\left(\frac{\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m \mu_i}{\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m}, \frac{1}{\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m}\right)$$

Les paramètres de la distribution a priori est donnée par :

$$P((\mu_i)_{1 \leq i \leq c}, (p_{u,i}^m)_{1 \leq i \leq c}) \propto \prod_{u \in V} \frac{1}{\sqrt{\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m}} \exp\left[-\frac{1}{2} \left[\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m \mu_i^2 - \frac{(\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m \mu_i)^2}{\sum_{i=1}^c p_{u,i}^m}\right]\right]$$

7.6. Algorithme de Newton-Raphson

Il est important de noter que la méthode de Newton-Raphson est une procédure itérative qui essaie d'approximer la racine d'une fonction f donnée. Plus précisément, cette méthode dérive du fameux développement en séries de Taylor d'une fonction au voisinage d'un point.

Soit f est une fonction dérivable dans \mathfrak{R} à \mathfrak{R} , Nous avons utilisé l'algorithme de Newton-Raphson afin de trouver la solution a une telle que $f(a) = 0$. (Géométriquement, il suffit de calculer l'intersection de la ligne tangente avec l'axe des abscisses). Le Newton-Raphson définie comme suivant :

Formellement, on part d'un point a_0 appartenant à l'ensemble de définition de la fonction et on construit par récurrence la suite : $a_{n+1} = a_n - \frac{f(a_n)}{f'(a_n)}$

7.7. Étape de minimisation de la GFCM

Pour le paramètre de norme α et le paramètre de poids $(p_{u,i})_{1 \leq i \leq c}$, le centre μ_j est estimée en minimisant : $\sum_{u \in V} p_{u,j}^m |y_u - \mu_j|^\alpha$, qui est équivalent à résoudre l'équation suivante :

$$f'(\mu) = 0 \text{ avec } f(\mu) = \sum_{u \in V} p_{u,j}^m |y_u - \mu|^\alpha.$$

On obtient donc ::

$$f'(\mu) = -\alpha \sum_{u \in V} (p_{u,i})^m \operatorname{sgn}(y_u - \mu) |y_u - \mu|^{\alpha-1} \text{ et } f''(\mu) = \alpha(\alpha - 1) \sum_{u \in V} (p_{u,i})^m |y_u - \mu|^{\alpha-2}.$$

On peut facilement montrer que l'algorithme de Newton-Raphson ne converge pas lorsque $\alpha < 2$. En conséquence, l'étape de minimisation de la GFCM avec le paramètre Norme fixe fonctionne comme suit :

- Soit $p_{u,i}^{(0)}$, $\mu_i^{(0)}$ sont les valeurs initiales ;
- Si $\alpha > 2$ calcule $\mu_j^{(q+1)}$ par l'algorithme Newton-Raphson :
 - ✓ Initialiser avec $\mu_j^{(q+1,0)}$;
 - $\mu_j^{(q+1, K+1)} = \mu_j^{(q+1, K)}$
 - ✓ Répéter : $\frac{\sum_{u \in V} (p_{u,i}^q)^m \operatorname{sgn}(y_u - \mu_j^{(q+1,k)}) |y_u - \mu_j^{(q+1,k)}|^{\alpha-1}}{(\alpha-1) \sum_{u \in V} (p_{u,i}^q)^m |y_u - \mu_j^{(q+1,k)}|^{\alpha-2}}$ jusqu'à la convergence. $\mu_j^{(q+1)}$ est la limite de cette séquence.
- Si $\alpha < 2$, calcule $\mu_j^{(q+1)}$ par l'algorithme gradient descente :
 - ✓ $\mu_j^{(q+1,k+1)} = \mu_j^{(q+1,k)}$
 - ✓ Répéter : $+\varepsilon \sum_{u \in W} (p_{u,i}^q)^m \operatorname{sgn}(y_u - \mu_j^{(q+1,k)}) |y_u - \mu_j^{(q+1,k)}|^{\alpha-1}$ avec ε est un pas temporel fixe. $\mu_j^{(q+1)}$ est la limite de cette séquence.
- Calcule $p_{u,i}^{(q+1)} = \frac{1}{\sum_{k=1}^C \left(\frac{|y_u - \mu_j^{(q+1)}|}{|y_u - \mu_k^{(q+1)}|} \right)^{\frac{\alpha}{m-1}}}$

7.8. Fonctions d'Euler

La fonction d'Euler est définie dans le demi-plan complexe de partie réelle strictement positive par l'intégrale suivante :

$$\Gamma(z) = \int_0^{+\infty} t^{z-1} \exp(-t) dt$$

Pour tout positif entier, nous avons $\Gamma(n) = (n - 1)!$, par exemple, $\Gamma(1) = 1$ et $0! = 1$. Pour tout z complexe tel que $\operatorname{re}(z) > 0$, on a $\Gamma(z) = \frac{\Gamma(z+1)}{z}$. Par conséquent, Γ admet une extension analytique au plan complexe dont les singularités sont des entiers négatifs ou nuls. Le produit infini Γ est donné par :

$$\Gamma(z) = \frac{e^{-\gamma z}}{z} \times \prod_{n=1}^{\infty} \frac{e^{\frac{\gamma}{n}}}{1 + \frac{z}{n}}, \text{ Où, } \gamma = \lim_{n \rightarrow \infty} \left[\sum_{k=1}^n \frac{1}{k} - \log(n) \right].$$