



Université 20 Août 1955-Skikda

Faculté des Sciences

Département d'Informatique

THESE

En vue de l'obtention du diplôme de :

Doctorat 3^{ème} cycle (LMD) en Informatique

Option: Computation et Cognition des systèmes informatiques

Préparée et présentée par :

AZZOUZ Daouia

**Approches collectives et distribuées pour l'interprétation
d'images et la reconnaissance des formes**

Directeur de thèse : Pr. Smaine Mazouzi

Jury :

Pr.	Mohammed Redjimi	Université de Skikda,	Président
Pr.	Bachir Boucheham	Université de Skikda,	Examineur
Dr	Said Brahimi	Université de Guelma,	Examineur
Pr.	Smaine Mazouzi,	Université de Skikda,	Directeur de thèse

Remerciements

Avant toute chose, je veux rendre grâce à **DIEU**, le tout puissant, pour m'avoir donné la santé, la volonté et le courage pour achever ce travail et l'avoir mené à son terme.

C'est avec beaucoup de plaisir et de gratitude que j'exprime ici ma reconnaissance à toutes les personnes qui m'ont apporté leurs aides.

Tout d'abord je tiens à remercier infiniment mon directeur de thèse, **Pr. Smaine Mazouzi**, Professeur à l'université de Skikda, pour l'aide précieuse qu'il m'a apportée tout au long de ce chemin. Je suis ravie d'avoir travaillé avec lui et ce, pour la 2^{ème} fois dans mon cursus universitaire. Il a été toujours disponible et à l'écoute de mes nombreuses interrogations même les plus futiles. Il a été très patient et a consacré de nombreuses heures à me soutenir et me conseiller. Son investissement dans cette thèse a été mon principal moteur surtout dans mes moments de doute. Les nombreuses discussions que nous avons eues ainsi que ses conseils avisés sont pour beaucoup dans le résultat final de ce travail. Sa capacité d'analyse et son enthousiasme m'ont montré que le monde de la recherche pouvait être un univers passionnant. Enfin, ses nombreuses relectures et corrections de cette thèse ont été très bénéfiques. Pour tout cela, cette thèse lui doit beaucoup.

Je remercie également tous les membres du jury d'avoir lu et évalué mon travail et d'avoir assisté à sa présentation. A savoir, Pr. Mohamed Redjimi de l'université de Skikda, président de jury, Pr. Bachir Boucheham de l'université de Skikda et Dr Said Brahim de l'université de Guelma, examinateurs.

Je tiens aussi à remercier tous les enseignants de l'université de Skikda qui ont contribué à ma formation. Qu'ils trouvent ici l'expression de mon respect éternel.

Au terme de ce parcours, je remercie enfin celles et ceux qui me sont chers et que j'ai quelque peu délaissés ces derniers mois pour achever cette thèse. Il s'agit de tous les membres de ma famille ainsi que mes amis qui n'arrêtaient pas de me poser la question récurrente, mais combien embarrassante : « mais quand est-ce que tu vas la soutenir enfin cette thèse ? », bien qu'angoissantes, ces périodes fréquentes de doutes m'ont permis de ne jamais dévier de mon objectif final. Je suis surtout redevable à mes parents pour leur indéfectible soutien tout au long de mon parcours et pour m'avoir transmis le goût des études ainsi que pour leur soutien moral et leur confiance dans mes choix. Enfin, je remercie mon cher époux pour son soutien quotidien sans faille et son enthousiasme contagieux à l'égard de mes travaux comme dans la vie en général.

Dédicaces

Je dédie cette thèse à mes chers parents, qui m'ont poussé et motivé dans mes études, sans eux je n'aurais pu être ce que je suis, en reconnaissance de leurs efforts, leurs amours et leurs encouragements durant toutes mes études et mes recherches.

***Cher Papa**, aucun hommage ne pourrait être à la hauteur de l'amour dont tu ne cesses de me combler, enfin j'ai pu réaliser ton plus grand rêve. **Maman** pour ta générosité et ton dévouement pour nous.*

Vous n'avez jamais douté de moi. Je vous aime tant, et que Dieu vous procure bonne santé et longue vie.

*À mes **chères sœurs** et mon **petit frère adoré**.*

*À tous mes oncles et tantes, pour votre amour et votre soutien. **Tonton Lakhdar**, tu étais toujours ici pour m'encourager et me guider merci pour ton soutien et ton aide !*

À mes chers cousins et cousines. Je vous aime tous, sans exception.

Un grand merci à tous mes collègues et amis pour leur soutien et leur gentillesse.

*À ma belle-famille et mon **cher mari**, pour le soutien continu dont il a toujours fait preuve. Tu m'as toujours encouragé, incité à faire de mon mieux et notre couple a grandi en même temps que mon projet scientifique, qui a fini par le rêve que j'ai tant attendu.*

*À mes deux petits anges adorés **Jina** et **Aws** qui ont tous faits pour retarder la finalisation de ma thèse à temps mais que j'aime par-dessus tout au monde.*

*A la mémoire d'une femme qui m'a beaucoup soutenu pendant mes années d'étude universitaire, elle a eu toujours confiance en moi, **Mme Haladja Leilla**, Je garderai un souvenir chaleureux et tendre au fond de mon cœur, que dieu l'accueille dans son vaste Paradis !!*

ملخص

منذ ظهور علم الأشعة ، اكتسب التصوير الطبي مكانة هامة باعتباره الوسيلة الأساسية لتحديد التشخيصات الطبية. ومع ذلك ، فإن حجم البيانات المسجلة في صورة طبية ، وكذلك عوامل التشوه المختلفة التي تخضع لها ، تجعل معالجتها اليدوية ، من قبل الممارسين الصحيين ، إشكالية تستهلك الكثير من الوقت والجهد ، مع زيادة احتمال ارتكاب أخطاء في التفسير ، مما يؤدي إلى تشخيص خاطئ. في هذه الأطروحة، ركزنا على مسألتين متكررتين في أدبيات معالجة الصور الطبية. من ناحية ، تجزئة الصور ذات الحجم الكبير من خلال اعتماد مناهج لا تتطلب بيانات تدريب ضخمة ، وتحقيق نتائج مرضية في وقت معقول للمستخدمين. من ناحية أخرى ، معالجة بعض عوامل التشوه الخاصة بالصور الطبية ، مثل عدم انتظام الشدة (Intensity Non Uniformity :INU) ، لا سيما في صور الرنين المغناطيسي (MRI). بالنسبة للمشكلة الأولى ، اقترحنا طريقة جديدة لتجزئة الصور بالرنين المغناطيسي ، تتكون من دمج جديد من طريقتين أساسيتين ، واحدة عن طريق التجميع والأخرى حسب زيادة المنطقة (Region Growing). كلا الطريقتين ضعيفتان بطبيعتهما في الحساب ولكن أيضاً في أداء التصنيف. من ناحية أخرى ، فإن مخطط الدمج المقترح ، الذي يعتمد على أحجام الاحتمالات وفقاً للتوزيعات الإحصائية المختلفة لبيانات الصور بالرنين المغناطيسي ، سمح لنا بتحسين أداء التجزئة بشكل كبير.

بالنسبة للمشكلة الثانية ، اقترحنا طريقة جديدة لنمذجة وتصحيح مجال التحيز، وهو المسؤول عن عدم انتظام الشدة (INU) في التصوير بالرنين المغناطيسي. بادئ ذي بدء ، يتم تقسيم الحجم الكلي للصورة بشكل عشوائي إلى أحجام جزئية صغيرة متداخلة ، يخصص لكل منها عامل لتقسيمه إلى أنسجته الثلاثة التي تشكل المادة الدماغية. في مثل هذه الأحجام الجزئية ، يكون تأثير مجال التحيز ضئيلاً عملياً ، ولا يؤدي عدم انتظام الشدة المتبقي إلى تشويه وضع العلامات على الفوكسيالات (voxels) . وبالتالي ، يتم استخدام أول تجزئة ناتجة لتقدير مجال التحيز الكلي في الصورة عن طريق تقريبه عن طريق السطح دي البعد العالي لتغيرات الشدة ، والذي تم تعديله بواسطة استكمال لاغرانج (Lagrangian Interpolation) واستخدام الفوكسيالات ذات العلامات الموثوقة. بالنسبة لبقية الصورة ، يتم تقدير مجال التحيز عن طريق الاستكمال باستخدام السطح الذي تم دي البعد العالي الذي تم الحصول عليه.

أظهرت النتائج التجريبية التي تم الحصول عليها لكلا الطريقتين ، التقسيم عن طريق الجمع الاحتمالي وتصحيح INU عن طريق استكمال لاغرانج ، أهمية الطريقتين وإمكانياتهما لتصحيح INU وتجزئة موثوقة وسريعة للصور بالرنين المغناطيسي. وفقاً للمساهمتين المقدمتين ، تمكنا من التأكد من أن الجمع بين طرق التجزئة الأساسية ، المنخفضة التعقيد الحسابي و المتوسطة الأداء ، يسمح بتصميم

طرق مستحدثة ذات كفاءات معززة ، ولكن ذات التعقيد الحسابي المعقول، والمتوافق مع الاستخدام لهذه الطرق في مجال استغلال حقيقي.

الكلمات المفتاحية : تجزئة الصورة ، التصنيف الاحتمالي ، الخلط الغاوسي ، تصحيح مجال التحيز ؛
مجموعات EM ، استكمال لاغرانج

Résumé

Depuis l'avènement de la radiologie, l'imagerie médicale n'a cessé de gagner du terrain comme premier moyen pour l'établissement de diagnostics médicaux. Cependant, le volume de données enregistrées dans une image médicale, ainsi que les différents artefacts auxquels elle est sujette rendent son traitement manuel, par des praticiens de santé, problématique et consomme énormément de temps et d'effort, avec la possibilité accru de commettre des erreurs d'interprétation, conduisant à de faux diagnostics. Dans ce travail de thèse, nous nous sommes penchés sur deux problématiques co-récurrentes dans la littérature du traitement d'images médicales. D'une part, la segmentation d'images à grands volumes en adoptant des approches ne nécessitant pas de données d'apprentissage massives, et produisant des résultats satisfaisants en un temps raisonnable pour les utilisateurs. D'autre part, le traitement de certains artefacts spécifiques aux images médicales, tels que la non uniformité d'intensité (INU : Intensity Non Uniformity), notamment dans les images à résonance magnétique (IRM). Pour la première problématique, nous avons proposé une nouvelle méthode de segmentation d'IRM, consistant en un nouveau schéma de combinaison de deux méthodes de base, une par clustering et l'autre par accroissement de région. Les deux méthodes sont intrinsèquement faibles en computation mais aussi et en performance de classification. Par contre, le schéma de combinaison proposé, qui se base sur des volumes de probabilités selon différentes distributions statistiques des données IRM nous a permis d'améliorer considérablement la performance de la segmentation.

Pour la seconde problématique, nous avons proposé une nouvelle méthode de modélisation et de correction du champ de biais, responsable de la non uniformité des intensités (INU) dans les IRM. Tout d'abord le volume global de l'IRM est subdivisé aléatoirement en sous-volumes de faibles tailles qui se chevauchent, et dont chacun est affecté à un agent pour le segmenter en ses trois tissus qui composent la matière cérébrale. Dans de tels sous volumes, l'effet du champ de biais est pratiquement négligeable, et la non uniformité d'intensité résiduelle ne fausse pas l'étiquetage des voxels. Ainsi, la première segmentation qui en résulte est utilisée pour estimer le champ de biais global dans l'IRM en l'approximant par une hypersurface de variation d'intensité, ajusté par interpolation Lagrangienne et en utilisant les voxels fiablement étiquetés. Au reste de l'IRM, le champ de biais est estimé par interpolation en utilisant l'hyper surface obtenu.

Les résultats expérimentaux obtenus pour les deux méthodes, de segmentation par combinaison probabiliste et de correction de l'INU par interpolation Lagrangienne, ont montré l'intérêt des deux méthodes et leur potentiel pour une correction de l'INU et une segmentation fiable et rapide des IRMs. Selon les deux contributions réalisées, nous avons pu confirmer que la combinaison de méthodes de base de segmentation, de complexité computationnelle faible et de performances intrinsèques moyennes, permet de mettre en œuvre des méthodes avec des performances boostées, mais de complexité de calcul raisonnable, compatible avec l'utilisation de telles méthodes sur un terrain réel d'exploitation.

***Mots clé :** Segmentation d'image, classification probabiliste, mélange gaussien, correction du champ de biais, clustering EM, interpolation lagrangienne.*

Abstract

Since the advent of radiology, medical imaging has steadily gained ground as the primary tools for establishing medical diagnoses. However, the volume of data recorded in a medical image, as well as the various artifacts to which it is subject, make its manual processing, by health practitioners, problematic and consumes a lot of time and effort, with the increased possibility of committing misinterpretations, leading to false diagnoses. In this thesis work, we focused on two co-recurring issues in the medical image processing literature. On the one hand, the segmentation of images with high volumes, by adopting approaches that do not require massive learning data, and produce satisfactory results in a reasonable time for users. On the other hand, the processing of certain artifacts specific to medical images, such as intensity non-uniformity (INU: Intensity Non Uniformity), particularly in Magnetic Resonance Images (MRI). For the first problem, we proposed a new method for MRI segmentation, consisting of a new combination scheme of two basic methods, one by clustering and the other by region growing. Both methods are inherently weak in computation but also in classification performance. On the other hand, the proposed combination scheme, which is based on volumes of probabilities according to different statistical distributions of the MRI data, allowed us to considerably improve the segmentation performance.

For the second problem, we have proposed a new method for modeling and correcting the bias field, responsible for the Intensity Non-Uniformity (INU) in MRIs. First of all, the overall volume of the MRI is randomly subdivided into small overlapping sub-volumes, each of which is assigned to an agent to segment it into its three tissues that compose the cerebral matter. In such sub-volumes, the effect of the bias field is practically negligible, and the residual intensity non-uniformity does not distort the labeling of the voxels. Thus, the first resulting segmentation is used to estimate the global bias field in the MRI by approximating it by an intensity variation hyper-surface, fitted by Lagrangian interpolation and using reliably labeled voxels. For the rest of the MRI, the bias field is estimated by interpolation using the hyper surface obtained.

The experimental results obtained for the two methods, of segmentation by probabilistic combination and of correction of the INU by Lagrangian interpolation, showed the interest of the two methods and their potential for a correction of the INU and a reliable and fast segmentation of MRIs. According to the two contributions made, we were able to confirm that the combination of basic segmentation methods, of low computational complexity and of

average intrinsic performance, makes it possible to implement methods with boosted performance, but of reasonable computational complexity, compatible with the use of such methods on a real ground of exploitation.

Keyword: *Image segmentation, probabilistic classification, Gaussian mixture, bias field correction, EM clustering, Lagrangian interpolation.*

Table des matières

Introduction Générale	09
Chapitre I. Imagerie Médicale : Artefacts et traitements	14
I.1 Introduction	14
I.2 IRM	14
I.2.1 Principe de l'IRM	15
I.2.2 Dispositif physique d'acquisition	17
I.2.3 Méthodes d'acquisition	18
I.2.4 Codage	20
I.3 Artefacts en IRM	20
I.3.1 Le bruit	22
I.3.2 Effet du volume partiel	22
I.3.3 INU : Non Uniformité des Intensités	24
I.3.3.1 Nature	24
I.3.3.2 Méthodes de correction	25
I.4 Traitement en IRM	26
I.4.1 Extraction	27
I.4.2 Segmentation	28
I.4.3 Segmentation par classification des pixel/voxels	31
I.5 Travaux en référence en segmentation d'IRM	32
I.6 Travaux en référence en correction de l'INU	34
I.7 Conclusion	37
Chapitre II. Paradigmes et outils computationnels	38
II.1 Introduction	38
II.2 Classification de données	38
II.2.1 Définition	38
II.2.2 Taxonomie des méthodes de classification	39
II.2.3 Classification supervisée	39

II.2.3.1	<i>k</i> NN	40
II.2.3.2	Réseau de neurones	43
II.2.3.3	Le classifieur Bayésien naïf	44
II.2.4	Classification non supervisée	46
II.2.4.1	K-means	47
II.2.4.2	FCM	48
II.3	Les systèmes Multi-agents	50
II.3.1	Définition	50
II.3.2	Taxonomie	50
II.3.3	L'intelligence des agents	52
II.3.3.1	Réactifs	53
II.3.3.2	Cognitifs	53
II.3.3.3	Hybrides	54
II.3.4	Architecture d'agent	54
II.3.5	Architecture des SMA	57
II.4	Interpolation mathématique	57
II.4.1	Définition et objectifs	57
II.4.2	Interpolation par polynôme de Newton	58
II.4.3	Interpolation par polynôme de Lagrange	58
II.5	Conclusion	59
 Chapitre III. Combinaison probabiliste du Clustering et de la croissance des régions pour la segmentation non-supervisée d'IRM cérébrales		60
III.1	Introduction	60
III.2	L'approche proposée	60
III.2.1	Principe de l'approche	62
III.2.2	Prétraitement	63
III.2.3	2.3. Segmentation par jonction d'estimation et du clustering	64
III.2.4	Segmentation par accroissement de région	66
III.2.5	Combinaison de volumes des probabilités	68
III.3	Expérimentation	69
III.3.1	Initialisation des seuils	69
III.3.2	Résultats expérimentaux	70

III.4 Analyse et discussion	78
III.5 Conclusion	78
Chapitre IV. Une modélisation en hyper-surface et une correction du champ de biais en IRM cérébrale	80
IV.1 Introduction	80
IV.2 Formulation du problème	80
IV.3 Principe de la méthode proposée	81
IV.4 Segmentation préalable et estimation et correction du champ de biais	82
IV.4.1 Étiquetage des voxels par regroupement itératif EM par parties	85
IV.4.2 Estimation du champ de biais et correction des intensités	89
IV.5 Expérimentation	92
IV.5.1 Initialisation des seuils	93
IV.5.2 Résultats expérimentaux	94
IV.5.2.1 Evaluation de la correction de l'INU par comparaison avec la Segmentation	95
IV.5.2.2 Évaluation à l'aide du coefficient de variation	99
IV.5.3 Analyse des résultats et discussion	103
IV.6 Conclusion	104
Conclusion Générale	105
Bibliographie	108

Liste des figures

Figure 1.1. Principe de l'IRM	16
Figure 1.2. Dispositif IRM	17
Figure 1.3. Acquisition des images	19
Figure 1.4. Les séquences IRM	19
Figure 1.5. Une comparaison de deux coupes axiales	23
Figure 1.6. L'effet du volume partiel en IRM	24
Figure 1.7. Artéfact d'INU	25
Figure 1.8. T_{1w} , T_{2w} et pondérée par la densité de protons. Chaque image IRM possède son contraste différent, par exemple le contraste de la matière grise de l'image T_{1w} est inversé dans l'image T_{2w}	26
Figure 1.9. La segmentation dans un processus d'analyse	30
Figure 2.1. Illustration du principe des k-plus proches voisins	41
Figure 2.2. Représentation visuelle d'un réseau neuronal simple	43
Figure 2.3. Le Bayésien naïf pour la classification de documents	45
Figure 2.4. Vue abstraite de base d'un agent	51
Figure 2.5. Vue abstraite de l'architecture des agents	55
Figure 2.6. Structure interne d'un agent type	55
Figure 2.7. Architecture d'agent	56
Figure 2.8. Interpolation polynomiale à partir d'un ensemble de points	58
Figure 3.1. Principe de la segmentation par combinaison de volumes de probabilités..	63
Figure 3.2. Fonctions de densité des deux volumes de probabilités.....	68
Figure 3.3. Histogrammes des distributions d'images (irm0-20)	71
Figure 3.4. Résultats des étapes de segmentation (WM)	72
Figure 3.5. Résultats des étapes d'extraction des MG.....	74

Figure 3.6. Coefficients de Jaccard pour différentes combinaisons de N% et INU%...	75
Figure 3.7. Comparaison des résultats exprimés par le coefficient de Jaccard	76
Figure 3.8. Étapes de la segmentation de l'IRM réelle	77
Figure 4.1. Étiquetage erroné en présence d'un INU élevé	84
Figure 4.2. Étapes de traitement selon la méthode proposée pour l'estimation du champ de biais et la correction INU.....	85
Figure 4.3. Sélection des points de contrôle pour l'ajustement de l'hyper-surface	92
Figure 4.4. Indice moyen en fonction du seuil T_p	94
Figure 4.5. Distributions des intensités d'une IRM	95
Figure 4.6. Étapes de la correction du champ de distorsion	97
Figure 4.7. Projection du champ de polarisation dans l'espace 3D (X, Y, I) correspondant à une tranche pour laquelle Z est fixé.....	98
Figure 4.8. Coefficient de Dice selon les différents tissus et selon plusieurs combinaisons d'artefacts (N% et INU%)	99
Figure 4.9. Comparaison des coefficients de variation pour différents niveaux d'INU.	101
Figure 4.10 Champ de biais dans un échantillon d'IRM IBSR	102
Figure 4.11. CV avec IBSR	102

Liste des tableaux

Tableau 1.1 : Principaux artéfacts affectant les images médicales	21
Tableau 3.1 : Coefficients de Jaccard pour l'extraction WM.....	73
Tableau 3.2 : coefficients de Jaccard pour les différentes combinaisons du rapport de bruit N% et du biais du champ magnétique INU% avec les différents types de tissu cérébral (WM, GM et CSF).....	74
Tableau 4.1 : Initialisation du seuil T_p en fonction de l'indice pour les images MR d'entraînement.....	94
Tableau 4.2 : Coefficient de Dice pour plusieurs IRM obtenues par différentes combinaisons de bruit N% et de non-uniformité d'intensité INU% avant et après correction du champ de biais.....	96
Tableau 4.3 : Coefficient de variation obtenu par les méthodes impliquées dans la comparaison, pour différents niveaux d'INU.....	101

Liste des acronymes et d'abréviations

2D	Bidimensionnel
3D	Tridimensionnel
4D	Quadridimensionnel
BET	Brain Extraction Tool
bpp	Bit per pixel
CSF	Ceribro Spinal fluid
EM	Expectation-Maximization
FCM	Fuzzy C Mean
GM	Gray Matter
GMM	Gaussian Mixture Model
H	Hydrogène
IBSR	Internet Brain Segmentation Repository
INU	Intensity Non-Uniformity
IRM	Image à résonance magnétique
<i>k</i>NN	<i>k</i> -Nearest Neighbors
<i>k</i>pp	<i>k</i> -plus proches voisins
LCR	Liquide Céphalo-Rachidien
Log	Logarithme
MAP	Maximum A Posteriori
MB	Matière blanche
MG	Matière grise
MRF	Markov Random Field
MRI	Magnetic Resonance Image
PD	Proton density
Pixel	Picture element
RF	Radio frequency
RMN	Résonance Magnétique Nucléaire
ROI	Region Of Interest

SMA	Systemes Multi-Agents
TE	Temps d'echo
TR	Temps de repetition
Voxel	Volume element
WM	White Matter

Introduction Générale

Introduction générale

Un diagnostic fiable et précis d'une pathologie est l'ultime objectif des médecins afin de bien prescrire les traitements médicaux ou programmer les interventions chirurgicales. Sans négliger les techniques cliniques classiques de diagnostic telles que l'interrogatoire des patients, et les différentes analyses biologiques, les techniques basées sur l'imagerie médicale sont aujourd'hui les techniques de références pour le diagnostic et le suivi des patients à travers leurs pathologies. D'une part, grâce à leur aspect non invasif, ces techniques peuvent opérer au niveau de régions dont l'accès physique n'est possible qu'on mettant en danger la vie du patient lui-même. En effet, s'il est possible d'effectuer des ponctions pour en extraire un bout de tissu d'un organe donné pour une biopsie par exemple, il est impossible de réaliser un tel acte sur le cerveau. Pour ce type de situations, la seule technique exploratoire possible demeure l'imagerie médicale.

D'autre part, avec l'évolution rapide des techniques en imagerie médicale, les images qui en résultent sont de volumes importants et de haute précision, ce qui rend leurs analyse et traitement manuels par les médecins une tâche fastidieuse, consommant beaucoup de temps et d'efforts. Pour ces diverses raisons, on a commencé à soumettre les images médicales au traitement automatique grâce à l'avènement de l'informatique. Ces traitements consistent principalement à délimiter et à visualiser des régions d'intérêt dans ces images qu'on appelle communément dans le jargon informatique la segmentation d'images. En effet, la visualisation 3D des images médicales aide les médecins à mieux apprécier les régions affectées par les différentes pathologies, et même d'estimer également les tissus objets résection en cas d'intervention chirurgicale. Cependant, la détection, la délimitation, et l'extraction des régions d'intérêt, principalement les tissus affectés, restent la tache de référence en imagerie médicale. Pour ce faire, on devrait pouvoir segmenter une image médicale en différentes structures anatomiques associées à l'organe objet de l'exploration. De là est née la discipline de segmentation d'image

médicale avec ses spécificités relatives aux tissus biologiques et aux caractéristiques qui leur sont propres.

Cependant, la tâche n'est pas facile comme elle le semble à première vue. En effet, et comme nous l'avons déjà mentionné, le volume de données est tellement important que même les machines les plus puissantes nécessitent un temps considérable pour pouvoir visualiser, et surtout traiter une image telle qu'une IRM haute précision. Mais surtout, la difficulté de faire tourner une méthode de segmentation sur les données brutes de l'image à cause de la présence d'artéfacts importantes dans les images médicales. D'une part, les conditions d'acquisition ne sont généralement pas favorables, telles que le mouvement des patients et leurs particularités individuelles, et d'autre part les éléments de bruit et de déformations inhérentes aux dispositifs d'acquisition. Ainsi les images produites sont entachées d'erreurs et les traitements qui s'en suivent se trouvent considérablement affectés et de ce fait, peu fiables. De cela, on peut constater dans la littérature du domaine du traitement en imagerie médicale que la plupart des travaux traitent de la correction des différents artéfacts et ensuite aux traitements fonctionnels tels que la segmentation. Si on considère les images à résonance magnétique, objets de notre thèse, l'atténuation des artéfacts représente une grande partie des travaux publiés. Même si une méthode est dédiée à traitement fonctionnel donné (détection, segmentation, diagnostic ...), les auteurs doivent d'abord proposer ou adopter une des méthodes pour chacun des artéfacts propres à l'IRM. Certains travaux ont résolument proposé des méthodes où les corrections des artéfacts et les traitements fonctionnels sont intimement intégrés, tels que la détection et le filtrage de bruit, ou la segmentation et la correction de la non uniformité des intensités (INU pour Intensity Non Uniformity).

En suivant les deux problématiques propres à l'IRM, qui sont le volume considérable, et les artéfacts propres : le bruit et l'INU, nous avons proposé dans cette recherche deux nouvelles méthodes, respectivement pour la segmentation des IRM en leurs différents tissus d'intérêt, à savoir MG (matière grise, GM), MB (matière blanche, WM), et LCR (liquide céphalo-rachidien, CSF), et pour la correction de l'INU dans ce type d'images.

Pour remédier aux volumes de données dans les IRM et aux différents artéfacts qui les affectent ainsi que de permettre un traitement en temps raisonnables acceptés par les praticiens, nous avons proposé une nouvelle méthode de segmentation par combinaison de deux méthodes rapides et de base de segmentation. Les deux méthodes en elles-mêmes ne

sont pas reconnues pour être performantes, cependant elles sont rapides et la combinaison de leurs résultats selon un formalisme probabiliste permettra d'améliorer considérablement les résultats de segmentation. En effet, nous combinons deux méthodes de classification, à savoir un clustering par l'algorithme EM (Expectation Maximization), et un accroissement de régions à partir de graines bien sélectionnées. Chacune des deux méthodes produira une segmentation différente, et un volume propre de probabilités selon une distribution gaussienne. La combinaison des deux volumes de probabilités selon des règles que nous définissons, permettra de bien réétiqueter des ensembles de voxels qui ont été étiquetés à tort par une des deux méthodes ou par les deux méthodes ensemble.

Pour la correction de l'INU, nous sommes partis du postulat que l'INU est de faible impact dans des régions étroites et qu'elle pourrait être bien estimée dans ces régions. Ce postulat nous a permis d'adopter un modèle de l'INU représenté par une hyper-surface 4D dans l'espace (X,Y,Z,I) , à la suite duquel la correction peut être opérée. La méthode consiste à opérer des segmentations indépendantes sur des sous-volumes de tailles restreintes, effectuées par un ensemble d'agents autonomes. Les segmentations locales, ainsi obtenues, permettent de mieux étiqueter les voxels, que quand ces derniers sont étiquetés en considérant le volume total de l'IRM. Nous avons confirmé ceci expérimentalement, et théoriquement c'est acceptable d'affirmer qu'un voxel sera mieux étiqueté si l'INU est considéré faible, et c'est le cas quand on opère par sous volumes de tailles réduites. Ainsi, la localité de la méthode permet de réduire l'effet de l'INU et ainsi fiablement étiqueter les voxels dans les sous volumes, même en adoptant des modèles de classification simples dont la complexité computationnelle est basse, souhaitable pour de gros volumes de données, tels qu'en IRM. En effet, nous avons considéré un modèle de clustering modifié de l'algorithme EM (Expectation Maximization), permettant à la fois l'estimation des distributions des tissus et la segmentation du volume des voxels. Une fusion des résultats sera effectuée en prenant en compte le nombre d'occurrences d'affectation d'un voxel à un tissu particulier et en appliquant la règle du vote majoritaire au sein de l'ensemble des agents.

La méthode proposée, outre sa complexité computationnelle basse, a permis de corriger l'INU même pour les IRM fortement affectées, et les post-traitements de segmentation ont été correctement menés.

Les résultats obtenus pour les deux méthodes proposées sont satisfaisants et prometteurs, notamment si ces méthodes sont implémentées sur des architectures parallèles, car la méthode de l'étiquetage de voxels est totalement parallélisable étant donné l'indépendance des agents qui font peu de communication dans notre cas.

Le présent manuscrit est organisé en quatre chapitres en addition d'une introduction générale et d'une conclusion générale :

Après cette **introduction générale**, le **chapitre 1** traite de l'imagerie médicale, et plus particulièrement des IRM. En considérant nos contributions dans la thèse, nous nous concentrons notre présentation sur les traitements fonctionnels, la segmentation en particulier et la correction des artéfacts, dont l'INU. En fin du chapitre nous avons présenté un bref état de l'art relatif aux méthodes de segmentation des IRM, et aux méthodes de correction de l'INU. Pour les deux ensembles de méthodes nous avons essayé de les présenter selon une taxonomie permettant au lecteur de bien situer une méthode donnée en fonction du paradigme computationnel auquel elle a fait recours.

Le **chapitre 2** présente les paradigmes informatiques et les outils computationnels utilisés dans le cadre de cette thèse. Il s'agit de l'apprentissage automatique, dont la classification et le clustering, techniques auxquelles nous avons fait recours dans nos travaux, mais aussi des systèmes multi-agents desquels nous nous sommes inspirés pour implémenter la distribution de la segmentation basée sur la classification par l'algorithme EM (Expectation Maximization). En fin du chapitre nous avons présenté un court aperçu des méthodes d'interpolation mathématique, et dont nous utilisons pour modéliser le champ de biais sous forme d'une hyper-surface.

Au **chapitre 3**, nous présentons notre première contribution et qui consiste à une nouvelle méthode de segmentation basée sur la combinaison de volumes de probabilités obtenus selon deux méthodes, respectivement de clustering et d'accroissement de région. Nous montrons que chacune des deux méthodes dispose de ses propres paramètres et de ses propres distributions, ce qui induit la génération de deux volumes de probabilités différents. Cette différence nous permettrons de réétiqueter des ensembles de voxels selon un ensemble de règles que nous avons définies à cette fin. Une expérimentation étendue de

la méthode proposée est présentée en 2eme partie du chapitre, où deux bases d'images ont été utilisées pour les tests et les comparaisons.

Le **chapitre 4** introduit une nouvelle méthode de correction de l'INU en se basant sur l'interpolation polynomiale de Lagrange, et qui consiste en notre seconde contribution via ce travail de thèse. Nous commençons le chapitre par montrer comment une segmentation distribuée, opérée par un ensemble d'agents sur des sous volumes, et la fusion des résultats permettent de mieux segmenter l'IRM dans sa totalité. Ensuite, nous présentons notre méthode de modélisation de l'INU par une hyper-surface en utilisant l'interpolation Lagrangienne, et comment les intensités des voxels sont alors corrigées. Une expérimentation, également étendue, est présentée en seconde partie du chapitre, en montrant les résultats de test et de comparaison et ce en utilisant deux bases d'IRM.

La **conclusion générale** résume ce qui a été réalisé le long de ce travail de thèse et propose quelques perspectives pour nos futurs travaux de recherche en segmentation d'IRM et en corrections de l'INU.

Chapitre I.

Imagerie Médicale : Artefacts et traitements

Chapitre I

Imagerie Médicale : Artefacts et traitements

1. Introduction

L'imagerie médicale est parmi les branches de la médecine qui a considérablement progressé depuis l'avènement de l'informatique. La discipline de l'imagerie médicale consiste en l'ensemble des techniques visant à mieux comprendre le contenu des images relatives aux corps et au fonctionnement normal ou pathologique de l'être humain. Cependant, l'ultime objectif reste l'établissement des diagnostics fiables des différentes pathologies qui affectent l'organisme. Comparées à d'autres techniques d'exploration, telles que les ponctions pour effectuer des biopsies, les techniques d'imagerie médicales sont connues pour leur caractère non invasif et non agressif sur le corps humain. Néanmoins, le principal inconvénient connu à ce jour, reste leur coût relativement élevé par rapport aux autres techniques exploratoires. Dans ce premier chapitre de ma thèse, nous présentons la discipline de l'imagerie médicale, du point de vue traitement de données visuelles et en se penchant particulièrement sur les artefacts spécifiques aux images médicales en général, et aux IRM en particulier.

2. IRM

L'IRM (Imagerie par Résonance Magnétique) est un moyen de diagnostic médical puissant qui compte parmi les outils les plus importants dans le diagnostic et l'évaluation des différentes maladies. En effet, l'IRM permet de visualiser le contraste des tissus mous sans utiliser de rayonnement électromagnétique [ABBAS2000], dans le but d'éclairer les professionnels de santé en mettant à leur disposition des images ou en trois dimensions, ainsi que des coupes d'une grande précision anatomique.

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technologie d'imagerie capable de capturer et de visualiser la structure anatomique humaine grâce à l'utilisation d'un champ magnétique puissant [BROWN2014]. Au départ, lorsqu'un sujet se trouve dans une machine IRM, les protons du corps humain s'alignent avec le champ magnétique. Ensuite, une source d'ondes radio est utilisée pour stimuler les protons, ce qui les fait tourner contre le champ magnétique. Une fois la source d'ondes radio coupée, les protons reviennent à leur état initial et émettent des signaux d'ondes radio. Le temps nécessaire pour revenir à son état initial est appelé temps de relaxation. L'appareil d'IRM possède des bobines réceptrices qui détectent les signaux d'ondes radioélectriques à partir desquels se forme l'IRM.

L'IRM offre donc un moyen d'exploration, fiable et indolore, basé sur un phénomène physique de résonance magnétique nucléaire [ANDRE1992]. C'est un processus fondé sur l'observation de la résonance magnétique nucléaire (RMN) des protons de l'eau contenus dans l'organisme. En d'autres termes, les noyaux atomiques répondent aux excitations magnétiques et électromagnétiques externes.

A son apparition, cette technique utilise précisément un champ magnétique et des ondes radio pour produire des images détaillées du cerveau et du tronc cérébral. L'objectif de ce type d'examen est l'exploration intérieure du corps qui peut être en deux ou trois dimensions. Il donne aussi l'information sur des lésions qui ne seront jamais visibles sur l'échographie, les radiographies standards, ou le scanner. Nous détaillons dans notre étude l'IRM cérébral et nous commençons par présenter le principe général de fonctionnement de l'IRM.

2.1. Principe de l'IRM

Selon ce qui a été cité ci-dessus, l'IRM est une technique d'imagerie qui se base sur la constatation de la résonance magnétique nucléaire (RMN) des noyaux d'hydrogène (H) dans l'eau [LEVITT2008]. En effet, l'eau représente environ 70% du poids du corps humain et le proton H est naturellement abondant et très sensible en RMN [BOREL2001]. Par conséquent, la force du signal observé dépend de la concentration en eau et également du temps de relaxation des spins nucléaires. Ainsi, une image de la distribution d'eau dans le corps du patient peut être obtenue.

A tout voxel (*volume element*) de l'IRM, est enregistrée l'intensité qui dépend de la concentration en eau à la position du voxel en question. L'IRM en sa totalité est un volume tridimensionnel représentant la répartition de l'eau dans les tissus examinés du patient. Il est possible d'augmenter le contraste entre les voxels de densités différentes, car le temps de relaxation des spins des protons varie d'une zone à une autre. Ainsi, il serait possible de noter les variations d'intensité entre les tissus différents de la matière cérébrale, étant donné que ces tissus ont des densités en eau différentes [DUBUISSON2015].

Le but de l'IRM est de réussir des images propres et nettes du corps humain, et cela en utilisant un champ magnétique puissant, les atomes d'hydrogène, orienté aléatoirement loin du champ magnétique (Figure 1.1 A), seront orientés dans la même direction (Figure 1.1 B): Une très courte période sera suffisante pour que les ondes radio les excitent, « une mise en résonance » (Figure 1.1 C). Enfin un signal produit par la restitution d'énergie des atomes sera traité et enregistré puis reconstitué par un système informatique sous forme d'image (Figure 1.1 D).

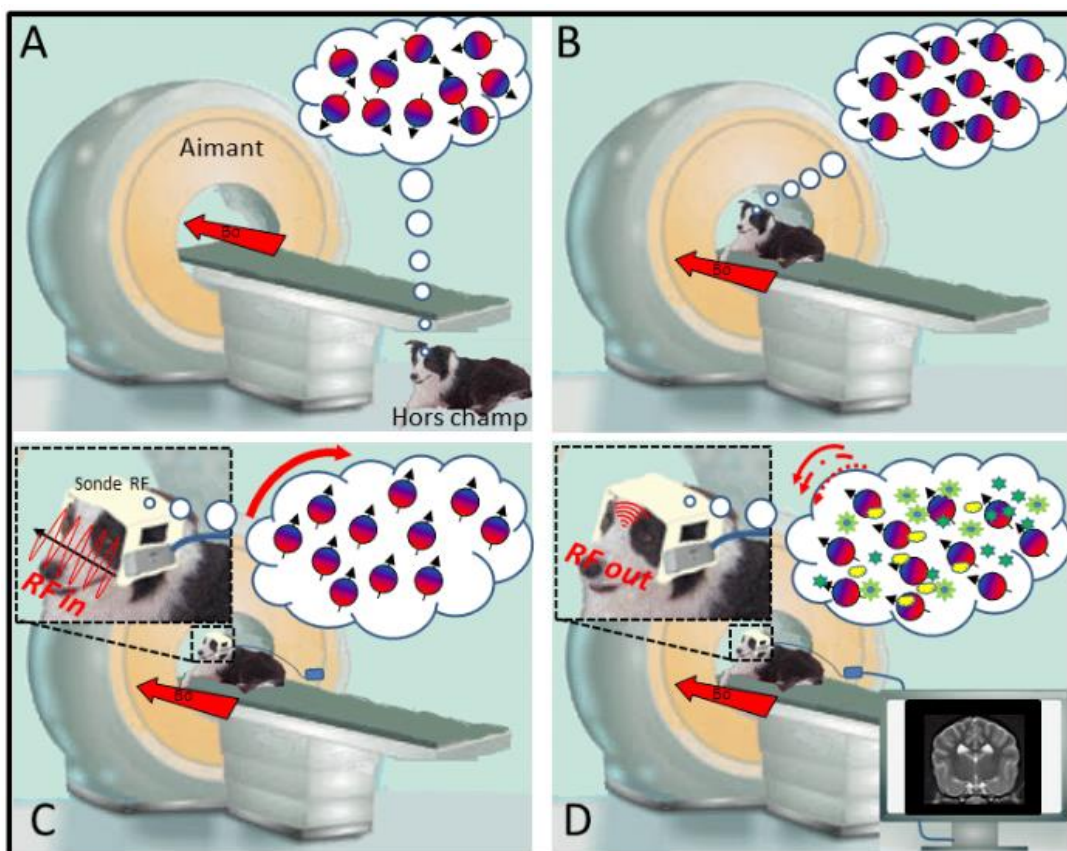


Figure 1.1 : Principe de l'IRM [DHENAIN2015]

Comme dernière étape, les images obtenues par le système informatique peuvent être converties en images tridimensionnelles (3D) de la zone numérisée, afin que l'analyse se concentre sur elle. Avec les résultats obtenus, on peut aider à l'identification des anomalies relatives aux différents organes ciblés du tronc cérébral ou du cerveau.

2.2. Dispositif physique d'acquisition

Un système d'imagerie par résonance magnétique se constitue des éléments suivants (Figure 1.2) [Achmirowicz2005]:

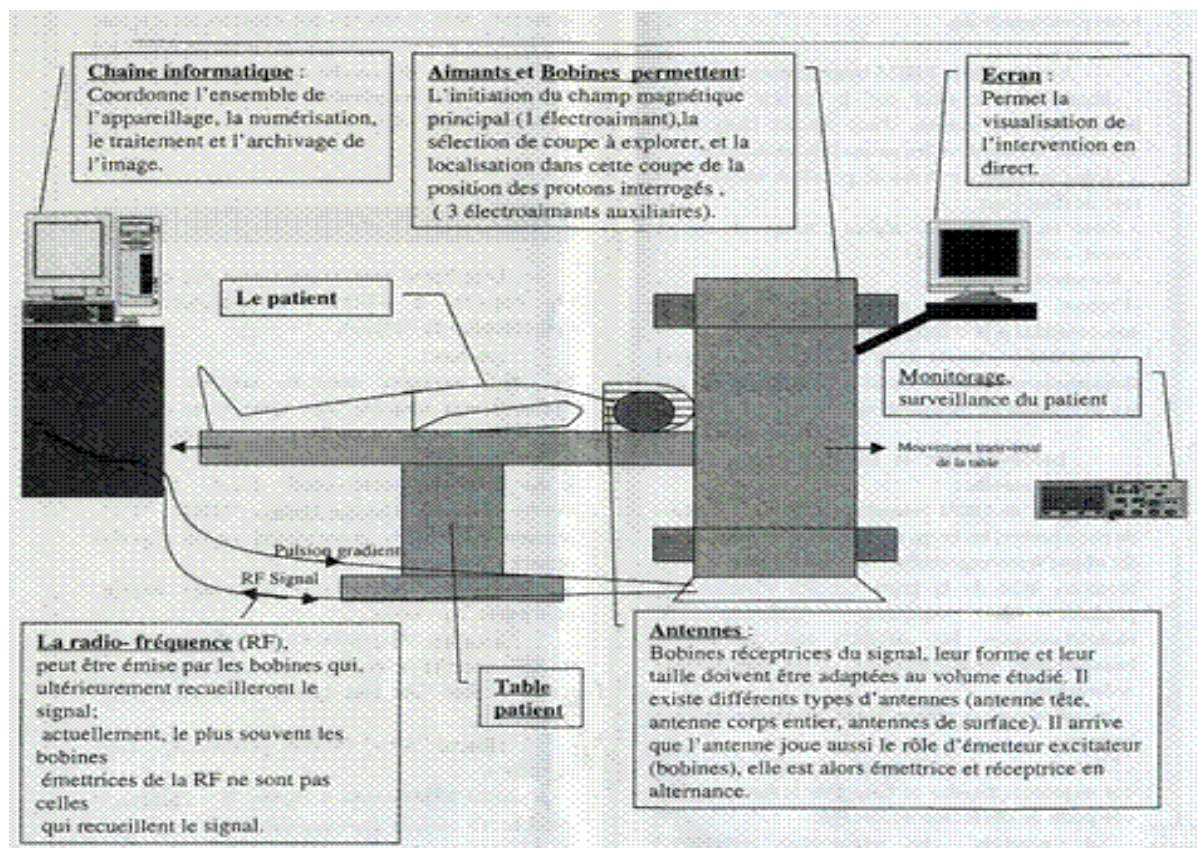


Figure 1.2. Dispositif IRM

- l'aimant (il y a trois types : résistifs, permanents et supraconducteurs) produit le champ qui doit être intense et homogène.
- les bobines de gradient de champ magnétique permettent le codage du signal dans l'espace.

- des antennes (il existe deux types : volume et surface) permettent d'une part l'émission des ondes radiofréquences et d'autre part la réception du signal.
- Et enfin, un ordinateur performant qui assure la synchronisation, l'acquisition et le traitement des signaux pour la reconstruction de l'image.

2.3. Méthodes d'acquisition

Après avoir décrit les principales composantes de l'IRM, nous allons montrer les différents types de contrastes qui peuvent permettre l'obtention des informations contenues dans de différentes images nommées modalités [LAGUEL2010]. Tout d'abord, l'IRM permet d'obtenir des images numériques en trois dimensions d'une précision inférieure au millimètre, du cortex, de la substance blanche, du liquide céphalo-rachidien et des noyaux gris centraux [KATHIRAVAN2013].

L'acquisition des images est un processus qui fournit un cycle d'imagerie et les répète plusieurs fois. L'image IRM est pondérée en T1, T2 ou en densité de protons et cela en utilisant quelques paramètres d'acquisition, réglables cliniquement.

Parmi ces paramètres, on cite les deux plus importants [ABDERREZAK2018] :

- **Le temps de répétition TR** : il signifie le temps entre deux impulsions RF consécutives.
- **Le temps d'écho TE** : il signifie le temps entre l'impulsion RF et l'acquisition du signal.

Selon ces paramètres, on parle de trois pondérations principales qui peuvent être générées comme suit [BALAFAR2010] :

1. **Pondération T1** : c'est un temps de répétition court et un d'écho court
2. **Pondération T2** : c'est un temps de répétition et d'écho longs
3. **Pénétration PD en densité de proton** : temps de répétition long et temps d'écho court.

Les trois types cités précédemment caractérisent l'acquisition. Pour conclure, on dit que : une image est pondérée en T1 quand l'acquisition se rapproche plus de type d'acquisition en T1 que des deux autres types par contre de façon similaire, on parle d'acquisition pondérée en T2 ou en PD (Figure 1.3).

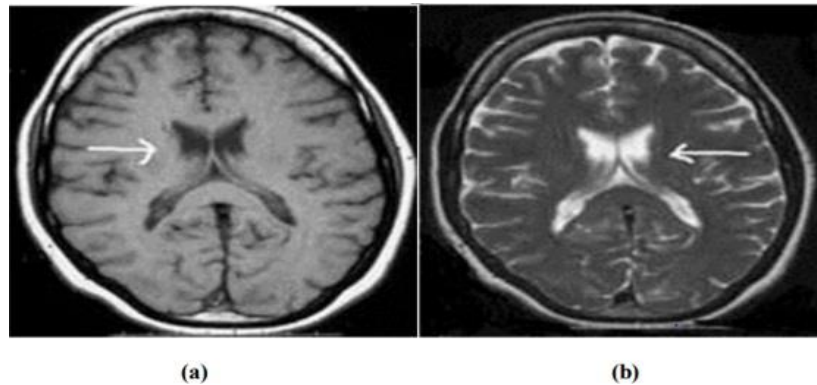


Figure 1.3. Acquisition des images IRM ; (a) : Acquisition pondérée en T1 ;(b) : Acquisition pondérée en T2

Pour chaque séquence de l'IRM des informations spécifiques sont associées et par voie de conséquence le choix entre les séquences dépend toujours de la structure étudiée.

Le signal des structures peut aussi être renforcé sur les séquences pondérées en T1 grâce à l'utilisation d'un agent de contraste tel que le gadolinium [BELAROUCI2012] (Figure 1.4).

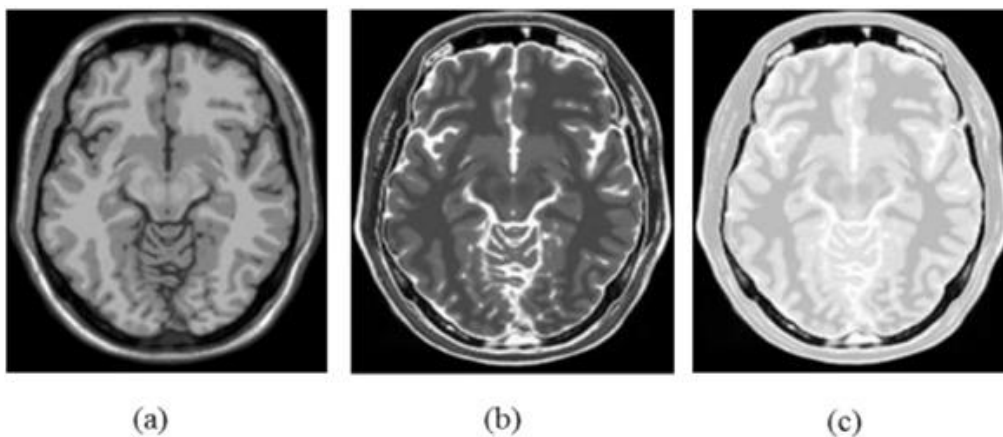


Figure1.4. Les séquences IRM avec agent de contraste en T1: (a) image pondérée en T1 ; (b) image pondérée en T2 ; (c) image pondérée en DP

Le nombre de cycles et la durée de chacun d'eux déterminent le temps total de l'acquisition de l'IRM. D'autre part, la longueur d'un cycle TR (Time of Repetition) est un facteur réglable, de quoi dépendent les types de contrastes obtenus dans l'IRM. En outre, le nombre de cycles est également réglable. De ce fait, la qualité de l'image produite dépend du nombre de cycles effectués [ABDULLAH2017].

2.4. Codage

Les images médicales aident les médecins à établir un diagnostic, à déterminer le stade clinique et à prescrire des traitements pour guérir la maladie. Cependant, un grand nombre de ces images exigent un énorme espace de stockage et une large bande passante pour la leur transmission. Ces exigences imposent le recours à des algorithmes de compression d'images médicales de haute qualité.

Les efforts visant à réduire le temps d'encodage entraînent la perte d'informations sur les lésions, ce qui conduit à un mauvais diagnostic et ne permet pas d'atteindre l'objectif recherché.

Dans la notion d'image, on dit que chaque pixel possède une valeur d'intensité correspondante à sa luminance, sa valeur se définit selon le mode de codage de cette image.

Chaque mode est caractérisé par un champ et un niveau. Aussi, un pixel/voxel est représenté sur un emplacement de taille fixe dans la mémoire, avec une unité dite bpp (bit par pixel, en anglais bit per pixel). A titre d'exemple, 8bpp veut dire que chaque pixel/voxel est codé sur huit bits [SANNEF2021].

3. Artefacts en IRM

Dans le domaine de l'imagerie médicale, l'artefact est connu comme chaque structure qui apparaît dans l'image et qui n'est pas présente réellement dans le corps examiné.

Les artefacts de l'imagerie par résonance magnétique (IRM) peuvent être causés par le matériel du scanner IRM lui-même ou par l'interaction du patient avec le matériel [GRAVES2013]. Les artefacts et corps étrangers présents dans le corps du patient peuvent être confondus avec une pathologie ou simplement réduire la qualité des examens [KRUPA2015]. De ce fait, la connaissance des artefacts et de leurs sources est extrêmement importante afin d'éviter de faux diagnostics et d'apprendre à les éliminer [KATHIRAVAN2013].

Le classement des artefacts se fait généralement par source, et il existe plusieurs artefacts d'image. Le tableau suivant en résume quelques-uns [HORNAK1996].

Tableau 1.1. Principaux artefacts affectant les images médicales

<i>ARTEFACTS</i>	<i>CAUSES</i>
<i>Offset RF et fantôme en quadrature</i>	<i>Défaillance du circuit de détection RF</i>
<i>Bruit RF</i>	<i>Défaillance de blindage RF</i>
<i>Inhomogénéité</i>	<i>Objet métallique déformant de champ magnétique</i>
<i>Pente</i>	<i>Défaillance dans un gradient de champ magnétique</i>
<i>Susceptibilité</i>	<i>Objets avec une susceptibilité magnétique supérieure ou inférieure</i>
<i>Inhomogénéité RF</i>	<i>Défaillance ou fonctionnement normal de la bobine RF et du métal dans l'anatomie</i>
<i>Mouvement</i>	<i>Mouvement de l'objet imagé pendant la séquence</i>
<i>Couleur</i>	<i>Mouvement des fluides corporels pendant la séquence</i>
<i>Changement chimique</i>	<i>Différence de déplacement chimique entre les tissus</i>
<i>Volume partiel</i>	<i>Grande taille de voxel</i>
<i>Enrouleur autour</i>	<i>Champ de vision mal choisi</i>
<i>Troncature de Gibbs,</i>	<i>Petite matrice de discontinuités de signal nettes dans une image</i>
<i>Angle magique</i>	<i>Angle entre le champ magnétique et l'axe du dipôle dans les solides.</i>

Les artefacts d'acquisition en IRM comme précédemment indiqués sont très nombreux et peuvent être liés à différents facteurs. On peut les classer selon leurs aspects informationnels ou par provenance et ce dernier se divise en trois différents types, qui sont :

- l'artefact lié au tissu,
- l'artefact lié au mouvement (artefact métallurgique et l'artefact de décalage chimique)
- l'artefact lié à la technique (artefact d'alliage ou de déformation ; l'artefact Gibbs)

Nous allons dans notre thèse nous intéresser aux artefacts informationnels et nous décrivons dans ce qui suit les problèmes liés au bruit, à la déformation et à l'INU (non uniformité des intensités).

3.1. Le bruit

Le bruit est un phénomène aléatoire dans les images qui consiste à l'ajout d'informations parasites. On le trouve spécifiquement dans les zones sombres de l'image avec un rapport signal /bruit faible. Il est la cause principale d'une diminution de netteté ou de clarté des détails de l'image [**GRAVES2013**].

On peut définir également le bruit comme la présence d'un signal non désiré dans l'image. Il est dû à plusieurs causes, relatives au patient, à l'environnement de capture ou au matériel même de capture. Le bruit est généralement quantifié par le rapport signal/bruit (RSB) qui se définit comme une fonction impliquant l'amplitude du signal observé et le niveau du bruit [**SCHERRER2008**].

3.2. Effet du volume partiel

En général, le terme artefact de volume partiel décrit est tout artefact qui se produit lorsque la taille du voxel de l'image est supérieure à la taille de la caractéristique à imager. Par exemple, si un petit voxel ne contient qu'un signal de graisse ou d'eau, et qu'un plus grand

voxel peut contenir une combinaison des deux, le grand voxel possède une intensité de signal égale à la moyenne pondérée de la quantité d'eau et de graisse présente dans ce voxel.

Une autre manifestation de ce type d'artefact est une perte de résolution causée par de multiples caractéristiques présentes dans le voxel d'image. Par exemple, un petit vaisseau sanguin traversant une tranche en diagonale peut apparaître nette dans une tranche de 3 mm d'épaisseur, mais déformé et flou dans une tranche de 5 mm ou 10 mm [HORNAK1996].

Dans la figure 1.5, une comparaison de deux coupes axiales passant au même endroit de la tête. L'une est prise avec une épaisseur de tranche de 3 mm et l'autre avec une épaisseur de 10 mm.

On note une perte de résolution dans l'image de 10 mm. La solution à un artefact de volume partiel est un voxel plus petit, mais cela peut entraîner des rapports signal/bruit plus faibles dans l'image.

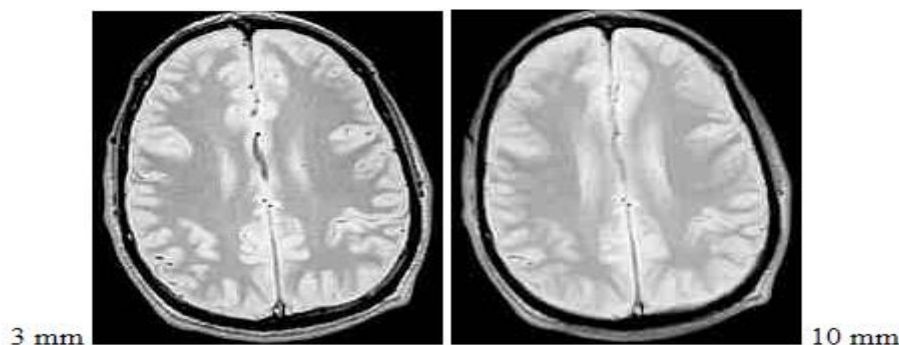


Figure 1.5 Une comparaison de deux coupes axiales montrant l'effet du volume partiel [HORNAK1996].

La production de cet effet se fait pendant la numérisation du signal dans la résolution spatiale (en voxels). Lorsque la taille du voxel dépasse la taille de certains objets de l'image ou bien dans le cas où les structures se chevauchent, le niveau de gris de ce voxel devient le mélange entre les niveaux de gris de chaque objet [SCHERRER2008] (figure 1.6).

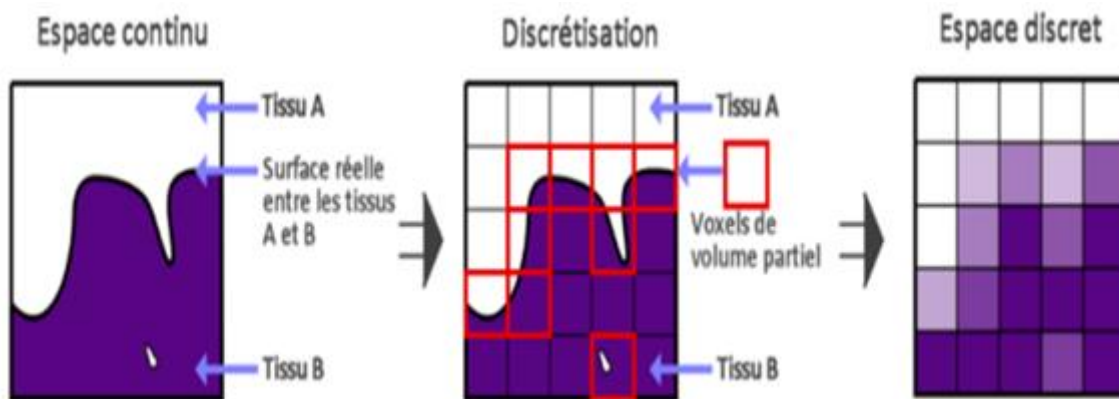


Figure 1.6. L'effet du volume partiel en IRM [SCHERRER2008]

Dans ce cas par rapport à l'imagerie médicale, l'artefact se manifeste dans les frontières entre les substances cérébrales (MG, MB, LCR, graisse, Os). De ce fait, l'utilisation d'une taille de voxel plus petite atténuera l'effet du volume partiel.

3.3. INU : Non Uniformité des intensités

3.3.1. Nature

La non-uniformité du champ magnétique due à la susceptibilité du patient est particulièrement problématique aux interfaces des tissus aériens, qui sont particulièrement abondantes à divers endroits dans l'organe. L'échec de la saturation des graisses est presque inévitable lorsque l'interface du tissu et de l'air est orientée selon l'axe Z du champ magnétique [YOSHIMITSU1995, ANZAI1992]. Une susceptibilité hétérogène chez le patient peut également entraîner un décalage de la fréquence de l'eau de sorte qu'elle tombe dans la bande passante de l'impulsion de saturation des graisses. Dans cette situation, le signal de l'eau peut également devenir saturé. Cet effet a également été rapporté dans l'angiographie thoracique avec injection de contraste [SIEGELMAN2000].

La non-uniformité de l'intensité est la variation régulière de l'intensité souvent observée dans les images RM, causée par des facteurs tels que l'inhomogénéité du champ d'excitation RF [MCVEIGH1986], la sensibilité non uniforme des bobines de réception, les courants de Foucault engendrés par les gradients de champ [SIMMONS1994], ainsi que les

interactions électrodynamiques avec l'objet souvent décrites comme des effets de pénétration RF et d'ondes stationnaires [BOTTOMLEY1978].

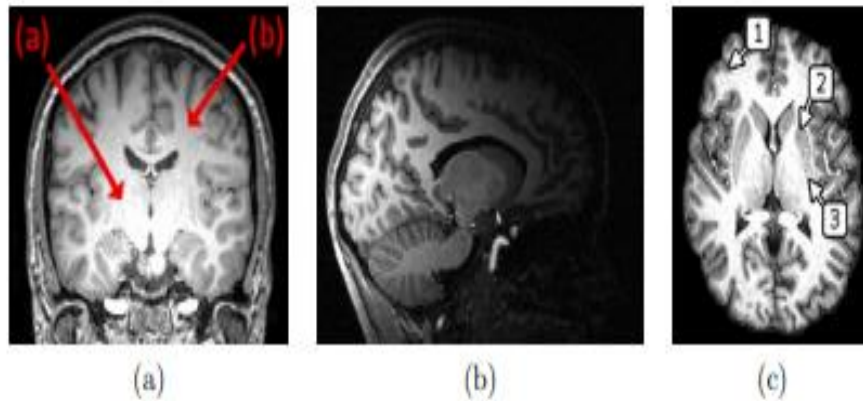


Figure 1.7. Artéfact d'INU

Dans la figure 1.7, on résume cet artefact : l'image (a) montre des variations d'intensité de la matière blanche dans le volume. L'image (b) montre le résultat d'acquisition avec une antenne de surface, ce qui en résulte en fortes inhomogénéités, alors que (c) montre des inhomogénéités causées par les caractéristiques biologiques des tissus : les marques (1), (2) et (3) pointent toutes de la matière grise, mais indiquent cependant une intensité variable à cause de compositions histologiques différentes selon les régions.

Pour conclure à propos de cet artefact, nous constatons que l'INU est une variation d'intensité très lente et que les sources de cet artefact sont nombreuses. Toutefois, les variations locales indésirables de l'angle de basculement demeurent la cause principale de ce phénomène [BELAROUSSI2005].

3.3.2. Méthodes de correction

Dans les scanners IRM modernes, ces variations sont souvent assez subtiles pour être difficiles à détecter par inspection visuelle, mais elles affectent les techniques d'analyse d'image automatisées [SLED1997], en particulier les techniques de segmentation qui supposent une homogénéité d'intensité au sein de chaque classe de tissu.

Alors que les premiers efforts pour corriger la non-uniformité de l'intensité étaient basés sur des modèles physiques ou des mesures externes des variations de champ, ces méthodes ne sont pas suffisamment précises pour améliorer les scans volumétriques

modernes, tels que ceux réalisés sur le cerveau à l'aide d'une bobine à cage d'oiseau. Au lieu de cela, les efforts récents se sont concentrés sur des stratégies axées sur les données [DAWANT1993, WELLS196] basées sur des définitions statistiques de l'uniformité de l'image. Cependant, ces méthodes sont perturbées par la variation anatomique réelle qui imite les variations causées par la non-uniformité de l'intensité. Nous consacrons en fin de ce chapitre une courte section pour une courte revue de l'état de l'art des méthodes pour la correction de l'INU, basées sur des techniques computationnelles.

4. Traitements en IRM

Pour capturer un organe du corps humain, le cerveau par exemple, en 3D, l'IRM scanne généralement des images en 2D, tranche par tranche. Les tranches sont ensuite combinées pour former un volume cérébral complet en 3D. Chaque type de tissu a un temps de relaxation différent (T_1 , T_2 et T_2^*), ce qui produit un contraste différent sur les images IRM.

Nous rappelons que l'IRM utilise une séquence d'impulsions (par exemple, T_1w , T_2w et pondérée par la densité de protons) qui manipule le temps de relaxation pour améliorer l'apparence de certains tissus (voir figure 1.8 [ABDULLAH2017]).

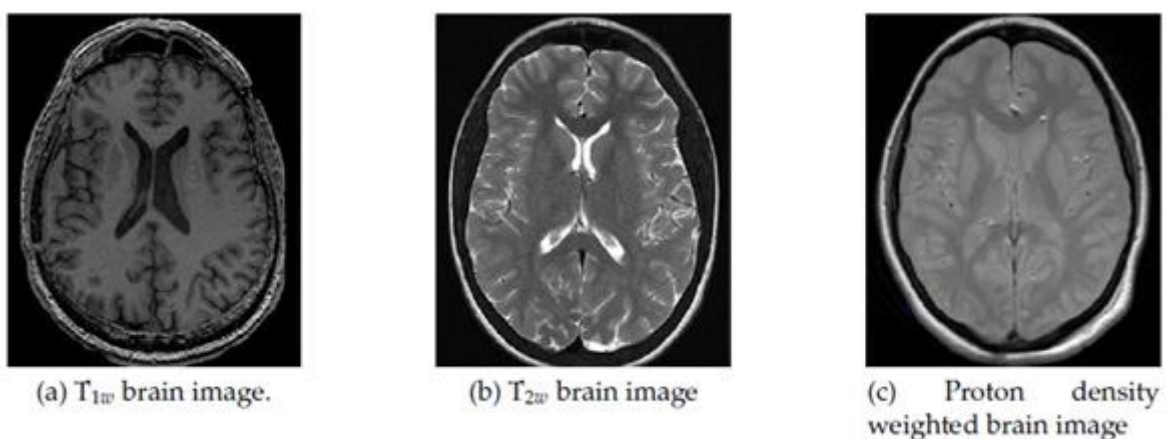


Figure 1.8. T_{1w} , T_{2w} et pondérée par la densité de protons. Chaque image IRM possède son contraste différent, par exemple le contraste de la matière grise de l'image T_{1w} est inversé dans l'image T_{2w} .

4.1. Extraction

Pour représenter une IRM cérébrale, une quantité énorme de données est nécessaire, ce qui occupe un grand espace mémoire et aussi un temps long de transfert et de traitement.

Afin de réduire la quantité de données, de mémoire et de temps, les caractéristiques sont extraites d'une image. Les caractéristiques extraites incorporent les informations pertinentes d'une image. Elles peuvent être utilisées comme entrée du classificateur pour la classification et la segmentation des images cérébrales [QURAT2010].

Les caractéristiques sont différentes entre le normal et l'anormal dans la région d'intérêt (ROI : « *Region Of Interest* ») des images IRM du cerveau. En général, l'intensité de la région tumorale est plus élevée que celle du tissu normal environnant. Les autres caractéristiques de texture sont également diverses, comme le contraste, l'entropie, l'homogénéité, etc. Il s'agit d'informations utiles lorsque ces caractéristiques sont utilisées pour distinguer la tumeur des autres tissus normaux [YU2013].

La détection de tumeurs à partir d'images IRM du cerveau dépend fortement de l'extraction de caractéristiques appropriées. Compte tenu de la perte d'information et de l'extraction appropriée des caractéristiques, trois types de paramètres sont extraits, à savoir :

- Paramètres de forme (surface, circularité, irrégularité, etc.),
- Paramètres d'intensité (moyenne, variance, écart type, etc.)
- Paramètres de texture (contraste, corrélation, entropie, etc.) [RATHI2012].

Les caractéristiques basées sur l'intensité mesurent la similarité de l'image, l'homogénéité, la luminosité, l'obscurité et calculent l'hétérogénéité qui est fortement corrélée avec les déviations des images IRM du cerveau. La caractéristique de texture classe les images de résonance magnétique du cerveau en matière grise, matière blanche, liquide céphalo-rachidien et région tumorale. Texture est un élément distinctif d'une image qui donne une caractérisation d'ordre supérieur d'une image. Elle comprend des informations sur la distribution spatiale des variations tonales ou des tons gris. Le site extraction de texture désigne l'homogénéité ou la similarité entre les régions d'une image [QURAT2010].

Des caractéristiques excessives augmentent les temps de calcul et la mémoire de stockage. De plus, elles rendent parfois la classification plus compliquée, ce que l'on appelle la malédiction de la dimensionnalité.

La multiplication ou la profusion de ces caractéristiques est source de problèmes d'où la nécessité de leur diminution. Pour la sélection des caractéristiques, le meilleur sous-ensemble contient le plus petit nombre de dimensions qui contribue à une précision élevée, tout en écartant les dimensions restantes, sans importance. Les extractions des caractéristiques essentielles des images IRM sont préparées pour la phase d'apprentissage et la phase de test. La cible du système d'identification d'images IRM est utilisée pour déterminer les similitudes entre l'échantillon d'images IRM d'apprentissage et l'échantillon d'images IRM de test [KHARAT2016].

Après la discussion ci-dessus, la combinaison de plusieurs éléments et notamment l'extraction des caractéristiques, la réduction des caractéristiques et la sélection des caractéristiques devient remarquablement déterminantes pour la détection et la classification des tumeurs à partir des images IRM du cerveau.

4.2. Segmentation

La segmentation est le processus de division d'une image en petites régions, basé sur des propriétés comme le niveau de gris, la couleur, la texture, la luminosité et le contraste. Les objectifs de la segmentation dans les images médicales sont les suivants [SELVARAJ2013] :

- Estimer la région d'intérêt (ROI)
- Examiner la structure anatomique des parties du corps.
- Calculer la taille de la tumeur.
- Aider également le radiologue à planifier la quantité de radiation avant la radiothérapie thérapeutique.

L'analyse de la performance de différentes segmentations automatiques de tumeurs, basée sur une variété de facteurs tels que [ANJANA2017] :

- L'effet de volume partiel.
- Intensité de l'homogénéité.
- Existence d'artefact.
- Différents tissus mous.

La segmentation produit deux résultats différents, soit une image d'étiquettes identifiant chaque région homogène, soit un ensemble de contours décrivant les limites des différentes régions.

La segmentation d'images peut être effectuée sur des images 2D, des séquences d'images 2D ou des images volumétriques 3D. La plupart des recherches sur la segmentation d'images se sont concentrées sur les images 2D. Si les données sont définies dans un espace 3D (par exemple, obtenues à partir d'une série d'images IRM), chaque "tranche" d'image est généralement segmentée individuellement, "tranche par tranche". Ce type de segmentation de volumes d'images 3D nécessite souvent une étape de post-traitement pour connecter les tranches 2D segmentées en un volume 3D ou une surface continue. De plus, la segmentation résultante peut contenir des incohérences et une surface non lisse en raison de l'omission d'informations anatomiques importantes dans l'espace 3D. Par conséquent, le développement d'algorithmes de segmentation 3D est souhaité pour une segmentation plus précise de l'imagerie volumétrique.

Segmenter une image a pour finalité la description de son contenu de telle sorte qu'elle soit représentative et de ce fait, facilement exploitable en comparaison à un ensemble de points (pixels ou voxels). D'une manière générale, ça consiste en l'extraction des indices visuels (primitives) pertinentes, suffisamment corrélés avec les entités qui composent la scène où l'image est prise [KERMAD97]. L'étape de segmentation est si importante pour le processus d'analyse et d'interprétation des images, car elle permet le passage d'une représentation brute difficilement exploitable à une représentation symbolique qui permet la compression du contenu des images (voir Figure 1.9).

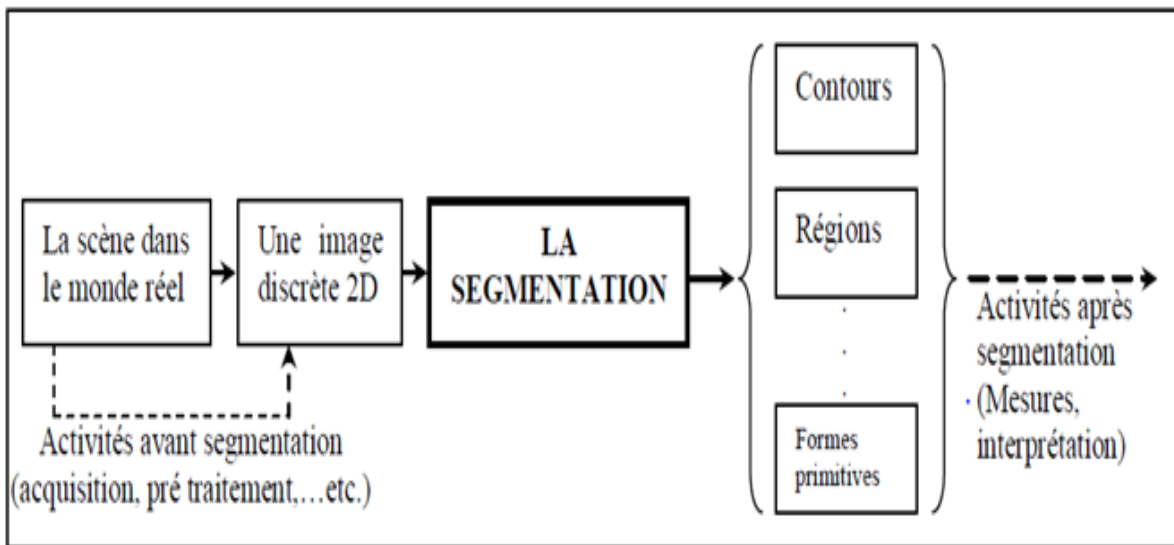


Figure 1.9. La segmentation dans un processus d'analyse d'image [CHAN05]

Formellement, la segmentation d'une image I utilisant un prédicat d'homogénéité P est définie par 'Horowitz' [MONGA90] comme une partition $S=R_1, R_2, \dots, R_n$ de I tel que :

1. $I = \cup R_i, i \in [1..n]$
2. R_i est connexe, $\forall i \in [1..n]$
3. $P(R_i) = \text{vrais}, \forall i \in [1..n]$
4. $P(R_i \cup R_j) = \text{faux}, \forall i \neq j$, pour tout couple (R_i, R_j) de régions connexes.

A partir de cette définition permettant l'obtention de nombreuses segmentations possibles, il en découle, que le résultat de la segmentation ne dépend pas seulement des données contenues dans l'image, mais également d'autres facteurs tels que l'ordre des opérations et également la façon de traiter ces données.

Il est à noter qu'il n'existe pas une méthode universelle de segmentation, et que le choix de la technique dépend principalement de plusieurs facteurs et notamment :

- Des spécificités de l'image à traiter : homogénéité des régions, état des contours, présence de texture, niveau et nature du bruit, effets d'éclairage, dispositif d'acquisition, etc.) ;
- Du type des primitives recherchées (contours, régions, formes primitives, etc.);

- De l'objectif de la segmentation : classification, reconstruction 3D, reconnaissance de formes, suivie automatique d'objets, etc.) ;
- Des ressources informatiques disponibles (complexité algorithmique, temps de calcul, capacité de stockage, matériel de capture,...etc.).

4.3. Segmentation par classification des pixels/voxels

La classification est la procédure permettant de classer des entités en entrée dans les classes auxquelles elles devraient appartenir. Plusieurs types de méthodes de classification sont disponibles pour la classification des tissus, mais le taux de détection n'est toujours pas satisfaisant. En outre, le partitionnement précis d'une image en régions significatives est la principale clé du succès ou de l'échec de la classification d'images [ANJANA2017].

Les composantes fondamentales de l'analyse structurelle de l'IRM du cerveau comprennent la classification des données IRM en types de tissus spécifiques ainsi que l'identification et la description de structures anatomiques spécifiques. La classification consiste à attribuer à chaque élément de l'image une classe de tissu, les classes étant définies à l'avance.

Concrètement, la classification consiste en le regroupement des éléments en entrée dans un nombre de classes et ce en fonction de leur similarité, qui se définit par un ensemble de caractéristiques des éléments à classer. Si le nombre de classes est connu à l'avance on parle de classification supervisée sinon ça sera de la classification non supervisée.

En imagerie numérique, la segmentation consiste à regrouper les pixels dans des classes distinctes et ce en utilisant l'intensité de ces pixels. Dans la mesure où la classification et la segmentation sont fondées sur des principes similaires, plusieurs méthodes de segmentation sont basées sur des techniques de classification.

Les techniques de classification peuvent également être scindées en deux groupes [OLIVA2019]: 1) Les techniques dures, où un pixel est affecté à une seule classe ; et 2) les techniques floues où à chaque pixel, sont associés des degrés d'appartenance à différentes classes, indiquant les probabilités d'appartenir à ces classes.

Dans cette optique, la segmentation consiste à étiqueter les pixels selon les classes auxquelles ils appartiennent. Il en résulte un regroupement qui s'est fait sur la base de l'ensemble des caractéristiques représentées dans l'image et extraites en utilisant des opérateurs de traitement de bas niveau [DUDA1973].

La segmentation ainsi que la classification ont des problèmes liés l'un à l'autre car la segmentation implique une classification, tandis qu'un classificateur segmente implicitement une image. Dans le cas de l'IRM du cerveau, les différents éléments d'une image sont typiquement classés en trois types de tissus principaux qui sont: la matière blanche (MG), la matière grise (MG) et le liquide céphalo-rachidien (LCR). Les résultats de la segmentation sont ensuite utilisés dans différentes applications telles que l'analyse des structures anatomiques, l'étude des régions pathologiques, la planification chirurgicale et enfin la visualisation.

5. Travaux de référence en segmentation d'IRM

Après plus de quatre décennies de traitement automatique des images [HOROWITZ1974], la segmentation efficace des images reste un défi en vision par ordinateur, en raison du bruit et des autres artefacts qui entachent les données visuelles. Le problème est plus complexe avec les images médicales, en raison de la grande variété des tissus organiques d'une part, et des problèmes d'acquisition spécifiques à ces images d'autre part. En effet, en plus d'un ensemble d'artefacts inhérents aux données visuelles qui déforment les données radiologiques, la superposition des organes, qui ont souvent des densités similaires, ainsi que la faible résolution des appareils d'acquisition, font de la délimitation des tissus une tâche difficile, même pour un médecin radiologue.

L'imagerie par résonance magnétique est l'une des modalités les plus utilisées en imagerie médicale car il s'agit d'une modalité non invasive, sans conséquences néfastes de la radioactivité. Cependant, les images obtenues sont de faible résolution, ce qui entraîne des ambiguïtés plus ou moins importantes, notamment aux limites des tissus cérébraux (problème de l'effet de volume partiel). De tels problèmes produisent des résultats de segmentation erronés [MELTZER1999, BALLESTER2002, TOHKA2014].

Pour faire face à ces problèmes, plusieurs approches ont été proposées pour la segmentation de l'IRM. Presque toutes les méthodes appartiennent à la classification supervisée [BAUER2013, BALAFAR2014]. La classification supervisée implique des connaissances préalables sur les tissus d'intérêt, et leurs caractéristiques spécifiques, qui sont souvent estimées par apprentissage automatique lorsqu'une certaine vérité terrain est disponible. Dans ce cas, la segmentation de l'IRM consiste à étiqueter chaque voxel, en considérant les différentes classes de tissus, prédéfinies dans l'image. L'un des algorithmes les plus populaires est l'algorithme Fuzzy C Mean (FCM) qui a été largement utilisé pour la segmentation de l'IRM [BALAFAR2010].

La classification bayésienne a également été largement utilisée pour la segmentation en IRM [BAUER2013, BALAFAR2014, PATENAUDE2011]. Les méthodes basées sur la classification nécessitent une étape d'apprentissage afin d'estimer les paramètres du modèle (connaissance préalable nécessaire à l'étiquetage). De plus, des travaux récents en segmentation d'IRM modélisent les connaissances préalables spatiales par des atlas, puis utilisent ces derniers comme une connaissance préalable spatiale lors de l'étiquetage des voxels. Ceci nécessite une étape de recalage image-atlas, qui est souvent très longue, et dépend toujours des IRM utilisées pour produire l'atlas [KILIAN2006, IGLESIAS2015].

Plusieurs approches sont proposées pour le traitement des images RM. Les approches basées sur les motifs locaux dans l'image se sont avérées insatisfaisantes depuis les premiers travaux en traitement d'images médicales [SUETENS1983], étant donné la grande variété de formes géométriques locales qui sont souvent déformées. Les modèles déformables sont introduits plus tard avec l'intégration de contraintes géométriques, modélisées comme des connaissances a priori [MACDONALD2000, SHEN2011]. D'autres approches basées sur l'apprentissage ont émergé depuis les années 80 [GEMAN1984, BESAG1986], [HELD1997, RICHARD2004, SHEN2005]. Elles sont globalement basées sur des modèles probabilistes pour classer les voxels de l'image selon les différentes classes de tissus. On distingue les approches basées sur des statistiques paramétriques, où les densités de distribution des probabilités sont préalablement connues, et les approches basées sur des statistiques non-paramétriques, où aucune hypothèse n'est faite ni sur la nature des lois de probabilité ni sur leurs densités de distribution [HELD1997, FARZINFAR2010].

La tâche de segmentation en imagerie médicale 3D consiste à classer les voxels d'une image en fonction des structures anatomiques ou fonctionnelles des différents tissus [PHAM2000]. Les méthodes les plus performantes proposées dans la littérature sont celles basées sur l'apprentissage, où un ensemble d'images, en général avec une réalité terrain, est utilisé pour exprimer la distribution radiométrique des données de l'image. Le cadre bayésien MAP (maximum a posteriori) a été largement utilisé, puis des modèles de Markov ont été introduits pour capturer les contraintes géométriques locales dans les images [GEMAN1984, HELD1997]. L'introduction de contraintes locales via les champs aléatoires de Markov (MRF pour *Markov Random Field*) a permis de définir un nouveau cadre (MAP-MRF), qui a été utilisé par un très grand nombre de travaux en traitement d'images et en vision par ordinateur [STAN2001]. Habituellement, la segmentation d'IRM consiste à étiqueter les voxels de l'image en considérant un modèle paramétrique pour les données radiométriques d'images, et en définissant des modèles markoviens pour représenter les spécificités géométriques, caractérisant les différentes formes que l'on peut trouver dans l'image. Les travaux récents en segmentation d'IRM sont basés sur des atlas multiples, où les connaissances a priori sont modélisées comme un ensemble d'atlas, obtenus avec l'aide d'experts. Toutes les approches basées sur les atlas visent à renforcer la décision lorsque les voxels sont étiquetés, en prenant en compte les connaissances radiométriques et géométriques [CABEZAS2011].

L'étiquetage des pixels sans connaissance a priori est un défi, car il est difficile d'estimer de manière fiable les paramètres statistiques, généralement les moyennes et les écarts-types des différentes régions de l'image, en considérant uniquement l'image traitée. Le nombre de pixels à prendre en compte pour chaque région est dans ce cas crucial, et la fiabilité de l'étiquetage en dépend fortement. Nous nous sommes concentrés sur cet aspect, en essayant de rendre les paramètres de décision plus fiables, au lieu de considérer des connaissances a priori, qui peuvent ne pas exister, ou bien ils sont construits en utilisant un ensemble particulier de sujets, donc ces connaissances sont spécifiques à ces derniers.

6. Travaux de références en correction de l'INU

Plusieurs auteurs ont proposé différentes méthodes pour la correction du champ de biais dans les images RM. Certaines méthodes, en particulier les plus anciennes, étaient

basées sur le filtrage [VOVK2007]. Pour ces méthodes, le champ de biais est supprimé en le considérant comme un artefact à basse fréquence, comparé aux structures anatomiques à haute fréquence [MURAKAMI1996, NARAYANA1995]. Les méthodes basées sur le filtrage souffrent de deux problèmes communs qui conduisent à une suppression moins précise du champ de biais et donc à un post-traitement moins efficace de l'image : Premièrement, elles altèrent considérablement l'image près des bords des régions (effet Halo), de sorte qu'un traitement spécial doit être envisagé pour préserver la netteté des bords [ARDIZZONE2014, HABEEB2021]. Deuxièmement, ils effacent les structures de basse fréquence en raison du filtrage aveugle spatial. Pour faire face à ce problème, certains auteurs, comme ceux dans [LUO2005], ont réussi à préserver les structures basses fréquences par une combinaison de fonctions de singularité. Suivant la même approche, les auteurs de [SREENIVASAN2015] ont appliqué le filtrage par homomorphisme pour la correction du champ de biais. Leur méthode consiste à extraire le *Log* du biais par un filtrage passe-bas, puis ce dernier est soustrait de l'image logarithmique afin d'obtenir l'image *Log* corrigée. Dans le but de préserver les détails de l'image pendant la correction du champ de distorsion, les auteurs dans [QIN2017] suppriment le champ de biais en extrayant les détails de l'image après un filtrage gaussien multicouches.

La formulation par les *Level-sets* a été utilisée par Li et al. pour corriger conjointement le champ de biais et segmenter l'image [LI2011]. En minimisant la fonctionnelle de des *Level-sets* qui définit le critère de regroupement, la segmentation de l'image et la correction du champ de biais sont effectuées conjointement. Dans un autre travail, Chang et al. ont proposé un nouveau modèle de variation pour la correction de l'INU pour les IRM du cerveau de rongeurs [CHANG2017]. En se basant sur la fonction de Mumford-Shah, les auteurs définissent plusieurs termes à minimiser, visant à extraire le masque de biais. Un traitement morphologique est également appliqué afin d'améliorer le masque obtenu. En se basant sur des informations locales et globales, Cong et al. ont proposé un nouveau modèle pour la segmentation de l'IRM et la correction des INU [CONG2016]. L'information de voisinage définit les contraintes locales et la régularisation globale est effectuée sur la base de l'information spatiale globale. Dans un travail récent, Shan et al. [SHAN2018] ont proposé un modèle de contour actif basé sur les régions avec segmentation d'image entrelacée et correction d'INU. Une fonction d'énergie globale, obtenue en combinant les énergies locales,

est ajustée grâce à une méthode de *Level-sets*, où deux termes de régularisation permettent d'ajuster la fonction d'énergie de l'image.

D'autres auteurs ont supposé que l'intensité d'un tissu donné ne change pas dans l'ensemble de l'image, sauf à cause du champ de biais. Ainsi, le champ de biais est estimé comme la variation d'intensité au sein d'un même type de tissu. Cette variation est souvent représentée par une surface qui doit être ajustée, souvent par des approximations de type *B-spline*. Dans [MADABHUSHI2006], les auteurs utilisent un polynôme du second ordre pour modéliser l'intensité au sein d'un tissu dominant, extrait automatiquement. Un modèle gaussien du tissu dominant avait déjà été proposé dans [VEMURI2005]. Le principal inconvénient de ces méthodes est qu'elles ont été conçues pour un tissu dominant. Pour les autres tissus, le champ de biais n'est pas estimé ou tout au plus approximativement. Dans [SONG2019], le champ de biais a été pris en compte dans la mesure de similarité qui permet d'améliorer la séparabilité des données IRM. De plus, la fonction objective formulée de l'algorithme Fuzzy C-Means (FCM) intègre un terme de régularisation qui compense le champ de biais. Prakash et al. ont combiné l'algorithme FCM et l'algorithme *Expectation-maximization* (EM) pour la segmentation d'IRM du cerveau avec correction du biais [PRAKASH2017]. Dans leur implémentation, ils prennent en compte l'information spatiale, en l'incorporant par convolution de la probabilité postérieure pendant l'étape *Expectation* de l'algorithme EM. Mishro et al. ont également opté pour le fuzzy clustering pour la correction de l'INU dans les IRM du cerveau [MISHRO2020]. Ils incorporent également des informations spatiales en modifiant la matrice d'appartenance du FCM standard, dans le but d'atténuer l'effet du bruit et de l'INU. Ainsi, les pixels équidistants sont affectés à un seul cluster.

Récemment, des méthodes de correction des INU basées sur l'apprentissage profond ont commencé à être proposées. Dai et al. [DAI2020] ont proposé un algorithme de correction de l'INU basé sur l'apprentissage profond, appelé réseau adversatif génératif de cycle résiduel (GAN res-cycle), qui consiste à calculer la transformation inverse entre les IRM non corrigées et corrigées de l'INU ; il sera ainsi possible de calculer les IRM corrigées de l'INU.

7. Conclusion

L'imagerie médicale en général et l'IRM en particulier sont des outils de références pour l'établissement de diagnostics fiables et précis des différentes pathologies qui peuvent affecter le corps humain. Cependant, et dû aux dispositifs et aux conditions d'acquisition, les images médicales, dont les IRM, sont affectées par différents artefacts qui peuvent nuire aux traitements de ces images.

Dans ce chapitre, nous avons essayé de donner une nouvelle présentation de la discipline de l'imagerie médicale en prêtant une attention particulière aux IRM. Nous nous sommes penchés principalement sur la correction des artefacts, dont l'INU, et la segmentation des IRMs, particulièrement par les méthodes de classification. Au chapitre suivant, nous aborderons les paradigmes et les outils dont nous nous sommes servis pour proposer de nouvelles méthodes de correction des INU et de segmentation des IRM. Ces dernières seront présentées respectivement aux chapitres 3 et 4.

Chapitre II.

Paradigmes et outils computationnels

Chapitre II

Paradigmes et outils computationnels

1. Introduction

Etant donné que l'image numérique est un objet mathématique, représenté par une structure 2D ou 3D d'éléments scalaires ou vectoriels, différents outils computationnels et différents paradigmes ont été utilisés par les chercheurs pour proposer les différents traitements d'images. Ces traitements sont nécessaires à la compréhension des images, mais nécessitent des capacités de mémorisation et de calcul importantes, d'où le recours à différents paradigmes pour pouvoir représenter et traiter les images. Récemment, les méthodes d'apprentissage automatique ont pris le dessus sur les méthodes classiques basées sur différents modèles et les différentes heuristiques. Ceci n'était possible que par la disponibilité grandissante des bases d'images fournies avec étiquetage et annotation de leur contenu, produits par des experts humains. Dans ce deuxième chapitre, nous allons présenter les paradigmes et les outils computationnels auxquels nous avons eu recours pour modéliser et mettre en œuvre les différentes méthodes de traitements et d'interprétation en imagerie à résonance magnétique (IRM). En effet, l'IRM est un outil prometteur pour explorer le corps humain dans ses moindres détails. Elle est fréquemment utilisée par les médecins en radiologie pour l'évaluation et le diagnostic des différentes pathologies humaines et de la santé de manière générale.

2. Classification de données

2.1. Définition

La classification est une des techniques qui permettent d'assigner les pixels d'une image à différentes catégories, et qui peut même se faire sans avoir d'informations préalables ou de données d'apprentissage. En général, c'est l'ensemble de procédures qui permettent de classer des modèles en entrée dans les classes auxquelles ils appartiennent.

En traitement d'image, la classification a un rôle de répartir les pixels avec une probabilité maximale que ces pixels appartiennent réellement aux classes auxquelles ils sont affectés. En phase d'apprentissage les caractéristiques des pixels sont associées aux propriétés des différentes classes. La classification des images est effectuée par les propriétés numériques des caractéristiques de l'image en organisant les données en catégories. Les algorithmes de classification sont construits en considérant deux étapes de traitement : l'apprentissage et le test.

Lors de l'apprentissage, les caractéristiques des éléments typiques de l'image sont extraites et, sur cette base, une description unique de chaque catégorie de classification, c'est-à-dire la classe d'apprentissage, est créée. Dans la phase de suivante, ces partitions de l'espace des caractéristiques sont utilisées pour classer les caractéristiques des images.

2.2. Taxonomie des méthodes de classification

Plusieurs approches de classification ont été proposées pour différents traitement en imagerie médicale, mais les performances obtenues restent toujours insatisfaisantes. En outre, le partitionnement précis d'une image en régions significatives est la clé essentielle du succès ou de l'échec de la classification d'images [SELVARAJ2013]. Le choix d'un classificateur pertinent et adéquat exige de prendre en considération de multiples facteurs ou éléments, notamment :

- La précision de la classification
- La performance de l'algorithme
- Les ressources informatiques
- Le temps de traitement

Il existe essentiellement deux types de classification. L'une est connue sous le nom de classification non supervisée (automatique) et l'autre sous le nom de classification supervisée.

2.3. Classification supervisée

La classification supervisée est le processus qui consiste à utiliser des échantillons d'identités connues pour classifier des échantillons d'identités inconnues. Dans notre cas, il s'agit donc d'un ensemble d'images étiquetées manuellement en plusieurs classes par un ou plusieurs experts dont chaque classe est affectée à un ensemble d'apprentissage

[BARRA1999]. Ce modèle de classification est dépendant de l'opérateur et nécessite toujours la création d'une base d'apprentissage.

Dans ce qui suit on cite les aspects qui caractérisent l'apprentissage supervisé :

- Nécessite une connaissance détaillée des données d'apprentissage.
- Les modèles d'entrée sont fournis avec les étiquettes
- Capable de détecter des erreurs graves en examinant les données d'apprentissage pour déterminer si elles ont été correctement classées.

Dans la classification supervisée, des processus statistiques (c'est-à-dire basés sur une connaissance a priori des fonctions de distribution de probabilité) ou des processus sans distribution peuvent être utilisés pour extraire les descripteurs des classes. Dans la suite de la section, nous passons en revue les principales méthodes relevant de la classification supervisée.

2.3.1. *k*NN

Parmi les algorithmes d'apprentissage connus, *k*NN (*k*-Nearest Neighbors, ou *k*-plus proches voisins *kpp*) est le plus renommé et le plus simple d'utilisation par rapport aux autres algorithmes.

Il est assez simple et facile à mettre en œuvre, et son principe est de mémoriser l'ensemble d'apprentissage, puis de prédire l'étiquette de toute nouvelle instance sur la base des étiquettes de ses plus proches voisins dans l'ensemble d'apprentissage. Le raisonnement qui sous-tend cette méthode repose sur l'hypothèse que les caractéristiques utilisées pour décrire les points du domaine sont pertinentes pour leur étiquetage d'une manière qui rend les points proches susceptibles d'avoir la même étiquette. En outre, dans certaines situations, même lorsque l'ensemble d'apprentissage est immense, la recherche d'un plus proche voisin peut être effectuée extrêmement rapidement.

Mathématiquement $\rho: X * X \rightarrow \mathbb{R}$, est une fonction qui renvoie la distance entre les deux points de X (x_i, x'_i). La distance euclidienne entre deux points peut être calculée par la formule suivante :

$$\rho(x, x') = |x - x'| = \sqrt{\sum_{i=1}^d (x_i - x'_i)^2}, \quad (2.1)$$

Où k dans la formulation du k NN est le nombre de points de données les plus proches de l'individu qui doit être assigné à une classe. Par exemple, si $k = 1$, l'algorithme affectera un nouvel individu à la classe du plus proche ; si $k = 4$, l'algorithme choisira les quatre individus voisins les plus proches et affecte le point à la classe majoritaire. L'idée peut être mieux illustrée par la figure 2.1.

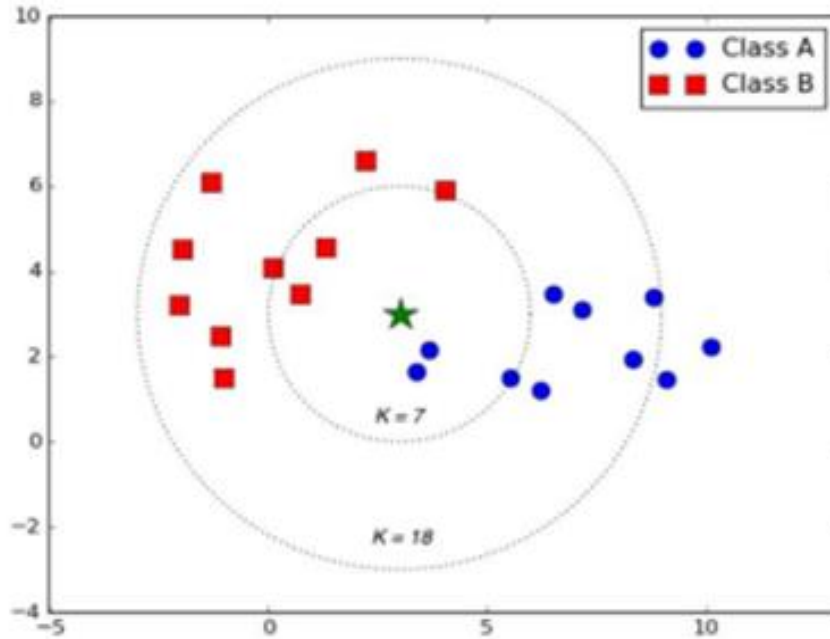


Figure2.1 Illustration du principe du k NN[ABUELQUMSAN2019]

Cette figure montre que la couleur rouge indique la classe B, et la couleur bleue la classe A. Avec choisi $k = 7$, cela signifie que le vote majoritaire sera favorable à la classe rouge ; le nouvel échantillon sera donc classé dans la classe rouge en fonction des quatre votes pour la classe rouge contre les trois votes pour la classe bleue [ABUELQUMSAN2019].

Cover et Hart [COVER1967] montrent que l'erreur de la règle du plus proche voisin est limitée au-dessus par deux fois l'erreur de Bayes sous certaines hypothèses raisonnables. De plus, l'erreur de la méthode générale k NN se rapproche asymptotiquement de l'erreur de Bayes et peut être utilisée pour l'approcher.

Avantages

- Pas d'étape d'apprentissage proprement dite: k NN est un processus d'apprentissage fondé sur le principe l'instance, il est nommé Lazy Learner. Il n'apprend rien pendant l'étape d'apprentissage. Autrement dit, k NN se caractérise par une absence d'étape d'apprentissage. Il stocke l'ensemble de données d'apprentissage et n'en tire des enseignements qu'au moment des prédictions. Cela rend l'algorithme k NN beaucoup plus rapide que d'autres algorithmes qui nécessitent un apprentissage, par exemple SVM, régression linéaire, etc.
- Puisque l'algorithme k NN ne nécessite pas d'entraînement avant de faire des prédictions, de nouvelles données peuvent être ajoutées sans interruption, et sans aucune conséquence sur le degré de précision de l'algorithme.
- k NN est très facile à mettre en œuvre : Seuls deux paramètres sont nécessaires pour le mettre en œuvre, à savoir la valeur de k et la fonction de distance (par exemple, Euclidienne ou Manhattan, ou autres.).

Inconvénients

- Moins bien fonctionnel avec les grands ensembles de données : Sa mise en œuvre avec les grands ensembles de données n'est pas pertinente dans la mesure où le coût du calcul de la distance entre le nouveau point et chaque point existant est exorbitant. De ce fait, les performances de l'algorithme sont altérées.
- N'est pas bien efficace avec des dimensions élevées : données à haute dimensionnalité. En effet, pour un nombre élevé de dimensions, le calcul de la distance devient compliqué.
- L'utilisation de l'algorithme est tributaire à une mise à l'échelle des caractéristiques des données. Une telle mise à l'échelle, qui implique une standardisation et une normalisation est un impératif sans cela k NN peut conduire à des prédictions erronées.
- Sensible aux données bruyantes, aux valeurs manquantes et aux valeurs aberrantes : L'une des caractéristiques de k NN est sa sensibilité au bruit qui entache l'ensemble des données. il faut également inférer automatiquement ou affecter manuellement les valeurs manquantes et ôter les valeurs aberrantes.

2.3.2. Réseaux de neurones

Les réseaux neuronaux s'inspirent du processus d'apprentissage qui se produit dans le cerveau humain. Un réseau de neurones se constitue d'un réseau artificiel de fonctions, appelées paramètres. Il permet à l'ordinateur d'apprendre et de s'affiner en analysant de nouvelles données. Chaque paramètre, parfois aussi appelé neurone, est une fonction qui produit une sortie, après avoir reçu une ou plusieurs entrées. Ces sorties sont ensuite transmises à la couche suivante de neurones, qui les utilisent comme entrées de leur propre fonction et produisent d'autres sorties. Ces sorties sont ensuite transmises à la couche suivante de neurones, et ainsi de suite jusqu'à ce que chaque couche de neurones ait été prise en compte et que les neurones terminaux aient reçu leur entrée.

Ainsi, le résultat final du modèle en question est représenté au niveau ces neurones terminaux.

La figure 2.2 schématise un exemple de réseau de neurones. L'entrée initiale est E , qui est ensuite transmise à la première couche de neurones (formée de 2 neurones intermédiaire I_{11} et I_{12}), où deux fonctions considèrent l'entrée qu'elles reçoivent et génèrent les deux sorties. Ces sorties sont ensuite transmises à la deuxième couche intermédiaire (formées de 3 neurones I_{21} , I_{22} , I_{23}). Delà, et sur la base de la sortie de cette dernière couche, est générée la sortie finale (S).

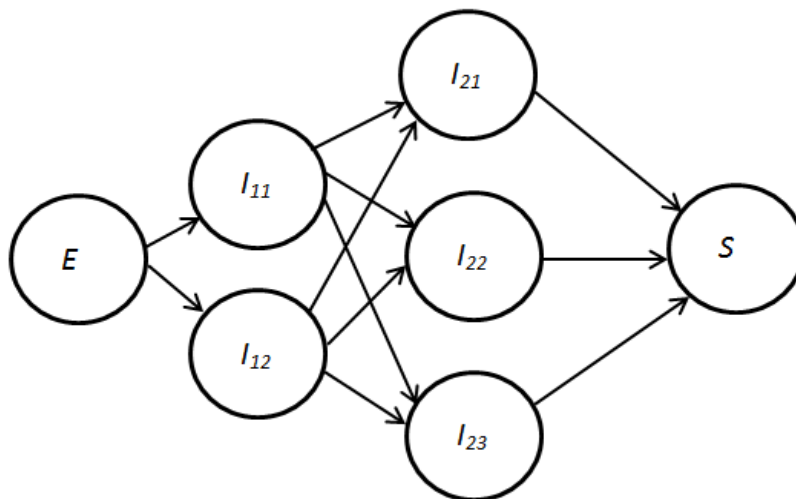


Figure 2.2. Représentation visuelle d'un réseau neuronal

Citons ici les différents avantages ainsi que les inconvénients qui incombent à l'utilisation des réseaux de neurones :

Avantages

- C'est l'un des classifieurs les plus précis (s'il est bien paramétré).
- L'apprentissage des poids est automatique.
- La Possibilité de faire du parallélisme (par rapport aux éléments de chaque couche).
- Une très bonne résistance aux pannes (le non fonctionnement d'un neurone ne perturbe pas le réseau).

Inconvénients

- Pas de formalisme pour la détermination de l'architecture du réseau.
- Les paramètres et le fonctionnement sont très difficiles à interpréter (boite noire)
- Le paramétrage du nombre de neurones dans la couche cachée est difficile à réaliser

2.3.3. Le classifieur Bayésien naïf

Il s'agit d'une technique de classification basée sur le théorème de Bayes avec une hypothèse d'indépendance entre les prédicteurs, d'où la qualification de naïf. Autrement dit, un classificateur de Bayes n'exige pas la présence concomitante de plusieurs caractéristiques dans une classe donnée. Il présume l'absence de liaison entre les aprioris. Il existe trois principaux types d'algorithmes de Bayes : Bayes gaussiens, Bayes multinomiaux et Bayes de Bernoulli.

Le modèle Bayes est facile à construire, il est particulièrement utile pour les très grands ensembles de données. Outre sa simplicité, le modèle Bayes est connu pour ses performances supérieures à celles de plusieurs méthodes de classification.

Le théorème de Bayes permet de calculer la probabilité à postériori $P(c/x)$ à partir de $P(c)$, $P(x)$ et $P(x|c)$. Soit l'équation ci-dessous :

$$P(c/x) = \frac{p(x/c)P(c)}{P(x)} \quad (2.2)$$

D'où

$$P(c/X)=P(X_1/c) \times P(X_2/c) \times \dots \times P(X_n/c) \times P(c) \quad (2.3)$$

Tel que :

- $P(c/x)$ est la probabilité à postériori de la classe (c , cible) étant donné l'apriori (x , attribut)
- $P(c)$ est la probabilité a priori de la classe
- $P(x/c)$ est la vraisemblance qui est la probabilité que l'apriori x appartienne à la classe c .
- $P(x)$ est la probabilité antérieure de l'apriori, et est fixe pour tous les aprioris.

La figure 2.3 montre un schéma illustratif d'un classifieur bayésien de documents. Les documents sont en deux catégories (Noirs ou blanc), d'où les probabilités à priori $P(\text{Catégorie})$, qui sera soit $P(\text{Noir})$ ou $P(\text{Blanc})$. La probabilité $P(\text{Document}/\text{Catégorie})$ pourra être de distribution normale, en utilisant des variables numériques contenues définissant les caractéristiques des documents.

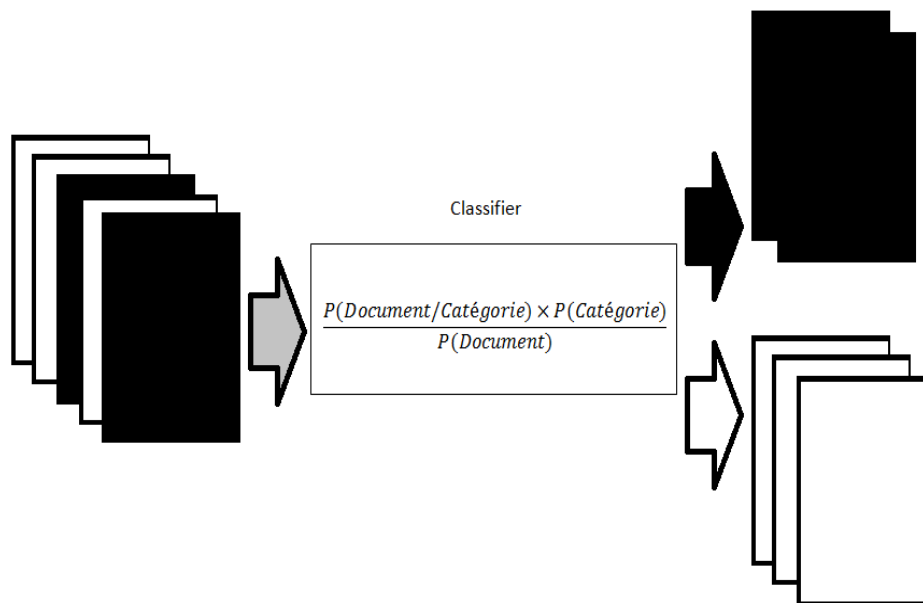


Figure 2.3 : Le Bayésien naïf pour la classification de documents en 2 catégories

Avantages

- Il est facile et rapide de prédire la classe d'un ensemble de données de test. Il est également performant dans la prédiction multi-classes.

- Lorsque l'hypothèse d'indépendance est vérifiée, un classificateur de Bayes naïf est plus performant que d'autres modèles comme la régression logistique, car on aura besoin de moins de données d'entraînement.
- Il donne de bons résultats dans le cas de variables d'entrée catégorielles par rapport aux variables numériques. Pour les variables numériques, la distribution normale est supposée.

Inconvénients

- Si une variable catégorielle possède une catégorie (dans l'ensemble de données de test) qui n'a pas été observée dans l'ensemble de données d'apprentissage, le modèle attribuera une probabilité nulle, et sera incapable de faire une prédiction. On appelle souvent ce phénomène « fréquence zéro ».
- Le classifieur de Bayes est connu comme étant un estimateur faible, ce qui implique que les probabilités en sortie ne doivent pas être considérées comme fiables.
- Une autre limite ce classifieur est l'hypothèse d'indépendance des aprioris. En réalité, obtenir un ensemble d'aprioris qui soient entièrement indépendants relève du domaine de l'improbable.

2.4. Classification non-supervisée

La classification non supervisée est l'identification de groupes naturels, ou structures, au sein de données souvent multidimensionnels [QURAT2010]. En traitement d'image, ça peut être un regroupement automatique des pixels/voxels sans aucune base préalable d'apprentissage et aucune tâche d'étiquetage. Quand le processus se termine, l'expert compare les classes obtenues avec les classes réelles.

Dans ce qui suit on cite les caractéristiques qui s'appliquent à la classification non-supervisée :

- Aucune connaissance préalable détaillée des caractéristiques des classes n'est requise.
- De nombreuses décisions détaillées requises pour la classification supervisée ne sont pas nécessaires pour la classification non-supervisée, ce qui réduit les possibilités d'erreur pour l'opérateur.
- La classification non-supervisée permet de reconnaître des classes uniques comme des unités distinctes.

La classification non-supervisée s'appuie sur des algorithmes de regroupement pour segmenter automatiquement les données d'apprentissage en classes prototypes.

2.4.1. *k*-means

k-means (ou *k*-moyennes) est un algorithme d'apprentissage non-supervisé des plus simples des algorithmes, et à utiliser pour résoudre le problème général du partitionnement. La procédure suivie pour classer un ensemble donné d'individus à travers un certain nombre de classes est très simple.

Dans *k*-means, *k* centres sont définis, un pour chaque cluster. Ces centres doivent être placés très loin les uns des autres. L'étape suivante consiste à prendre un point appartenant à un ensemble de données et de l'associer au centre le plus proche.

Lorsqu'aucun point n'est en attente, la première étape est terminée et un regroupement précoce est effectué. En seconde étape on recalcule les *k* nouveaux barycentres des clusters obtenus à l'étape précédente. Après avoir obtenu *k* nouveaux centroïdes, une nouvelle liaison doit être effectuée entre les mêmes points de l'ensemble de données et le nouveau centre le plus proche. Une boucle est alors définie, et en conséquence de cette boucle, les *k* centres changent d'emplacement pas à pas jusqu'à ce que les centres ne bougent plus [DHANALAKSHMI]. Enfin, cet algorithme vise à minimiser une fonction objectif connue sous le nom de fonction d'erreur quadratique, exprimée par :

$$J(V) = \sum_{i=1}^c \sum_{j=1}^{C_i} \|x_i - v_j\|^2 \quad (2.4)$$

Où :

- $\|x_i - v_j\|$ est la distance euclidienne entre x_i et v_j
- 'C_i' est le nombre de points de données dans le $i^{\text{ème}}$ cluster
- 'C' est le nombre de centres de clusters (également nombre de clusters) .

Algorithme k -means**Entrées** : x_1, x_2, \dots, x_N // vecteurs des N points à partitionner C : nombre de clusters-Initialiser aléatoirement les C centres de clusters v_1, v_2, \dots, v_C **Répéter**

- Affecter chaque individu i ($i=1..N$) au cluster dont le centre est le plus proche
- Recalculer les centres des clusters v_j ($j=1..C$) en fonction des clusters obtenus

Jusqu'à : centres des clusters invariants**Sortie** : un cluster v_j pour chaque individu i **Fin**

L'algorithme k -means est rapide, robuste et plus facile à comprendre. Il donne également de meilleurs résultats lorsque les ensembles de données sont bien séparés les uns des autres. Mais s'il y a des données qui se chevauchent fortement, l'algorithme k -means ne sera pas en mesure de déterminer s'il y a autant de clusters.

2.4.2. FCM

FCM est une méthode de classification non-supervisée (partitionnement) de données. Il s'agit d'un algorithme qui attribue une appartenance à chaque point de données correspondant à chaque centre de cluster sur la base de la distance entre le centre de cluster et le point de données. Le point de données proche du centre du cluster a plus d'appartenance à ce cluster. En général, la somme des appartenances de chaque point de données doit être égale à 1 [MINAJAGI2016]. Après chaque itération, les appartenances et les centres de clusters sont mis à jour selon la formule :

$$V_j = \frac{(\sum_{i=1}^n (\mu_{ij})^m X_i)}{(\sum_{i=1}^n (\mu_{ij})^m)}, \forall j = 1, 2, 3, \dots, c \quad (2.5)$$

$$\mu_{ij} = \frac{1}{\sum_{k=1}^c \left(\frac{d_{ij}}{d_{ik}}\right)^{\left(\frac{2}{m-1}\right)}} \quad (2.6)$$

Où

n : le nombre de points de données

V_j : le centre du j^{eme} cluster

m : index de fuzzification $m \in [1, +\infty[$

C : nombre de clusters

μ_{ij} : degré d'appartenance du i^{eme} point de donnée au j^{eme} cluster

d_{ij} : distance euclidienne entre le i^{eme} point de donnée et le j^{eme} cluster

x_i : vecteur des mesures du i^{eme} individu

c_j : centre du cluster j

$\|*\|$ est une norme quelconque exprimant la similarité entre toute donnée mesurée et le centre.

$$J(U, V) = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^{c_i} (\mu_{ij})^m \|x_i - v_j\|^2 \quad 1 \leq m < \infty \quad (2.7)$$

Où :

$\|x_i - v_j\|$ est la distance euclidienne entre le i^{eme} point de donnée et j^{eme} centre de cluster.

L'algorithme FCM fournit un résultat optimal pour les ensembles de données superposés et génère également un meilleur résultat que l'algorithme k -means. Ici, le point de données peut appartenir à plus d'un cluster. Par contre, FCM souffre de quelques inconvénients dont nous citons les principaux :

- a) La somme des valeurs d'appartenance d'un point de données x_i dans tous les clusters doit être égale à 1, mais les points de déviation ont une valeur associative plus importante. L'algorithme a donc du mal à gérer les points de déviation.
- b) Conséquence de l'ensemble des données, les centres des clusters ont tendance à dériver vers le centre de tous les points de données. En imagerie, il ne mesure que l'intensité de l'image, générant ainsi des résultats décevants dans les images bruyantes. De nombreux algorithmes sont proposés pour concevoir un FCM robuste contre le bruit et mais il n'est toujours pas parfait.

3. Les systèmes Multi-agents

3.1. Définition

On définit un système multi-agents comme un système informatisé formé de plusieurs agents intelligents en interaction ou en interdépendance dans un environnement donné. Ces dernières années, les systèmes multi-agents ont fait l'objet de nombreuses recherches notamment en médecine, en biologie, en physique, en mathématiques appliquées, en mécanique et en théorie du contrôle.

Les systèmes multi-agents (SMA) ont émergé, en tant que domaine scientifique, et des efforts de recherche antérieurs en intelligence artificielle distribuée (IAD), qui ont débuté au début des années 80. Les SMA sont désormais considérés comme une tendance majeure de la recherche et développement, principalement liés à l'intelligence artificielle et aux techniques de calcul distribué. Cette recherche a attiré l'attention dans de nombreux domaines d'application où des problèmes difficiles et intrinsèquement distribués doivent être résolus [OLIVEIRA1999].

3.2. Taxonomie

Il existe de nombreuses définitions de la signification d'agent, trouvées dans la littérature, et que nous allons énumérer quelques-unes ci-dessous :

- ✓ "Celui qui est autorisé à agir pour ou à la place d'un autre" [WEBSTR].

- ✓ "Un agent logiciel est une entité logicielle autonome qui peut interagir avec son environnement" [CENTER2000] (Figure 2.4).

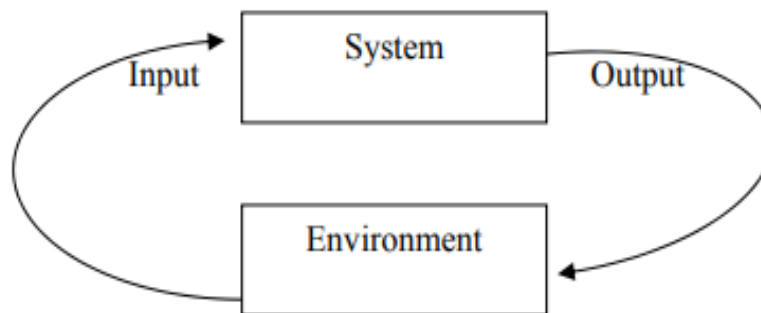


Figure2.4. Vue abstraite de base d'un agent

- ✓ "Un agent est un logiciel qui exécute une tâche donnée en utilisant des informations prises de son environnement pour agir de manière appropriée afin de mener à bien cette tâche. L'agent doit être capable de s'adapter aux changements survenant dans son environnement, de sorte qu'un changement de circonstances produise toujours le résultat escompté" [HERMANS1996].
- ✓ "Un agent autonome est un système situé à l'intérieur d'un environnement et en faisant partie, qui perçoit cet environnement et agit sur lui, au fil du temps, dans la poursuite de son propre agenda et de manière à affecter ce qu'il perçoit dans le futur. " [FRANKLIN1996]
- ✓ « Dans le livre intitulé « Les Systèmes Multi-Agents : Vers une Intelligence Collective », Ferber a choisi une définition qui regroupe les composants suivants [FERBER1997] :
 - Un environnement E : c'est-à-dire un espace qui contient une métrique.
 - Un ensemble d'objets O situés : c'est-à-dire pour tout objet, il est possible, d'associer une position dans E à un moment donné. Un objet de l'environnement peut être créé, perçu, modifié ou supprimé.
 - L'ensemble des agents A est un sous-ensemble particulier d'agents, représentant les entités actives du système.
 - Un ensemble de relations, notées R qui relient les objets et les agents entre eux.

- Un ensemble d'opérations, notées Op qui donnent aux agents les facultés de perception, de production, de consommation, de transformation et en général de manipulation des objets.
 - Un ensemble d'opérateurs pour effectuer les opérations et traduire leur effet sur le monde (environnement et objets dont les agents eux-mêmes)».
- ✓ Comme un SMA pourra être défini par : "... un système informatique matériel ou (plus généralement) logiciel qui jouit des propriétés suivantes :
- **Autonomie** : les agents fonctionnent sans intervention humaine et ont une certaine forme de contrôle sur leurs actions et leur état interne ;
 - **Capacité sociale** : les agents interagissent avec d'autres agents (et éventuellement des humains) via une sorte de langage de communication entre agents ;
 - **Réactivité** : un agent perçoit son environnement et doit répondre en temps utile aux changements qui y arrivent ;
 - **La proactivité** : les agents n'agissent pas simplement en réponse à leur environnement, ils sont capables d'adopter un comportement orienté vers un but en prenant l'initiative" [RARES1999].

La définition de Wooldridge et Jennings [WOOLBRIDGE1995, JENNINGS1998], en plus de préciser l'autonomie, la détection et l'action, permet une gamme étendue, mais limitée, d'environnements. Ils ajoutent également une exigence de communication. Cette dernière définition a été largement acceptée.

3.3. L'intelligence des agents

Malgré que ShenZhiqi [ZHIQI2005] l'a déclaré dans sa thèse de doctorat, un agent n'est pas nécessairement intelligent. Cependant, les agents dotés d'intelligence, appelés agents intelligents, sont considérés comme l'un des types d'agents les plus importants. L'intelligence peut être classée en deux contextes, à savoir le comportement et la structure. Dans le contexte comportemental, l'intelligence peut être considérée comme la capacité d'un système à exécuter un ensemble d'actions qui sont reconnus par les humains comme les symptômes nécessaires de l'intelligence. Dans le contexte structurel, l'intelligence est une propriété à la fois de l'architecture fonctionnelle et du mécanisme de raisonnement d'un système abstrait. Les

processus internes complexes d'un système provoquent de nombreux comportements intelligents observés de l'extérieur [GADOMSKI1994].

L'intelligence d'un agent se compose principalement de trois aspects :

- 1) La représentation des connaissances,
- 2) La capacité d'apprendre,
- 3) La capacité à déduire.

L'intelligence d'un agent n'est pas isolée des autres caractéristiques de l'agent, par exemple les agents sont orientés vers un but. C'est l'intelligence qui permet à un agent de décider des actions appropriées qu'il doit entreprendre dans un environnement changeant afin d'atteindre ses objectifs de manière autonome [ZHIQI2005].

3.3.1. Agent Réactif :

Un agent réactif [WOOLDRIDGE1995] est un agent qui est capable de réagir aux changements dans son environnement et qui peut maintenir des interactions avec celui-ci. En général, il réagit dans le but de réaliser l'objectif qu'il s'est fixé. Le comportement de ce type d'agent est typiquement appelé comportement réflexe, sans intelligence (sans anticipation, sans planification). Il réagit par stimulus-réponse à l'état courant de l'environnement. Son comportement est un ensemble de règles conditions-actions telles que lorsque les conditions d'une règle sont satisfaites par la perception de l'environnement et/ou par son état interne, les actions sont lancées (Pas de représentation explicite, Organisation implicite/induite, communication via l'environnement).

3.3.2. Agent Cognitif :

Les agents cognitifs puisent dans l'intelligence artificielle symbolique. Ce type d'agent possède une représentation explicite et symbolique de son environnement, des agents avec qui il interagit, des actions qui peuvent être menées ainsi que, son propre état interne. Etant donné que les buts de l'agent cognitif sont représentés par des états internes, l'agent procède par raisonnement explicite à sélectionner les actions à exécuter pour atteindre ses buts. Ainsi, le problème à résoudre pour ce type d'agents est un problème de planification. Par ailleurs, il est indispensable de considérer plusieurs attributs lors du raisonnement, tels que les croyances de l'agent, celles des autres agents, et son propre cycle de vie. Cependant, la

considération de plusieurs attributs lors du raisonnement peut rendre ce dernier compliqué, et ce qui aura un impact négatif sur la performance de ce type d'agents. Enfin, on peut noter qu'un système multi-agent cognitif se compose d'un nombre réduit d'agents qui sont généralement de natures hétérogènes, et ce contrairement aux systèmes multi-agents réactifs.

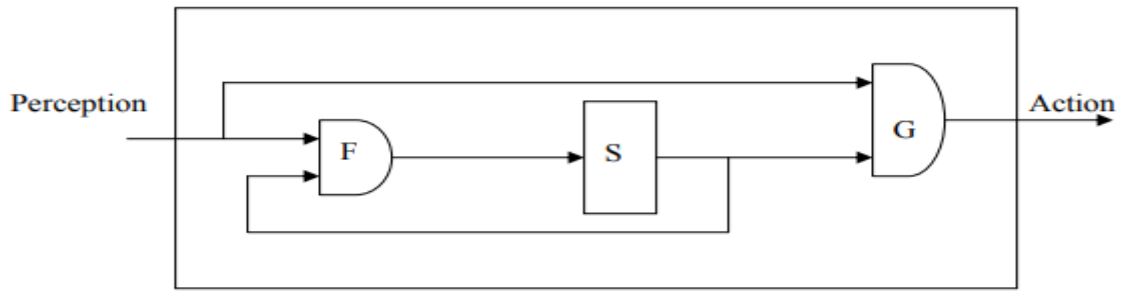
Cet agent est spécialisé dans son propre domaine et sait communiquer avec les autres. Il possède des buts et des plans explicites qui lui permettent d'atteindre ses buts (Représentation explicite de soi, environnement et les autres agents, organisation explicite et interaction explicite et élaborée).

3.3.3. Agent Hybride :

Il est utopique de croire que qu'un agent ne peut être que purement réactif ou purement cognitif. En effet, il est possible de se trouver dans des situations où l'agent est soit cognitif soit réactif, cependant un agent en général est doté des deux aspects, d'être réactif et cognitif à la fois, ce qui amène les développeurs de systèmes multi-agents à combiner les deux classes, et de mettre en œuvre des agents hybrides. Un agent hybride est généralement conçu en couches. Les couches inférieures assurent l'aspect réactif, dont l'interaction avec l'environnement, et les couches supérieures assurent l'aspect cognitif, dont le raisonnement et la communication entre agents. Selon ce schéma, des couches intermédiaires responsables de transformer les données issues des couches inférieures en connaissances pour qu'elles soient manipulées dans les couches supérieures.

3.4. Architecture d'agent

Selon l'architecture d'un agent, la méthodologie de conception assure la construction d'un agent autonome. La construction d'un agent peut être décomposée en un ensemble de modules qui doivent être amenés à interagir. Ces deux aspects définissent comment les données des capteurs et l'état interne actuel de l'agent déterminent les actions et l'état interne futur de l'agent [WOOLDRIDGE2002], comme le montre la figure 2.5 [MOSTAFA2013].



F : fonction de mise à jour de l'état, S : état interne, G : fonction de sortie

Figure 2.5. Vue abstraite de l'architecture des agents

La structure interne d'un agent peut être constituée de plusieurs unités comme le montre la figure 2.6 [RARES1999] :

- Des unités d'entrée, pour recevoir les données entrantes.
- Les unités de sortie, pour délivrer les résultats de l'agent.
- Unités de planification, pour déterminer la stratégie de traitement.
- Les unités d'évaluation, pour vérifier la qualité des opérations de traitement.
- Unité d'apprentissage, pour l'acquisition de connaissances et comportement adaptatif.
- Les unités de contrôle, qui mettent en œuvre le plan élaboré par les unités de planification et coordonnent l'exécution.

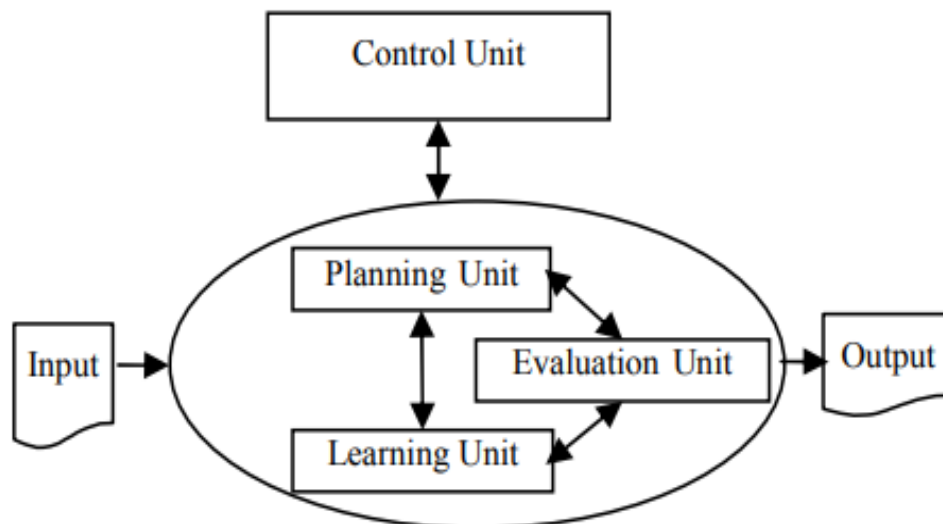


Figure 2.6. Structure interne d'un agent type

Il existe trois types d'architectures d'agents qui sont :

- Architecture réactive (réflexe), axée sur des réactions/réponses rapides aux changements détectés dans l'environnement.
- Architecture délibérative (symbolique), axée sur la planification à long terme des actions, centrée sur un ensemble d'objectifs de base.
- Architecture hybride, combinant un côté réactif et un côté délibératif.

L'architecture interne typique d'un agent, est illustrée dans la figure suivante :

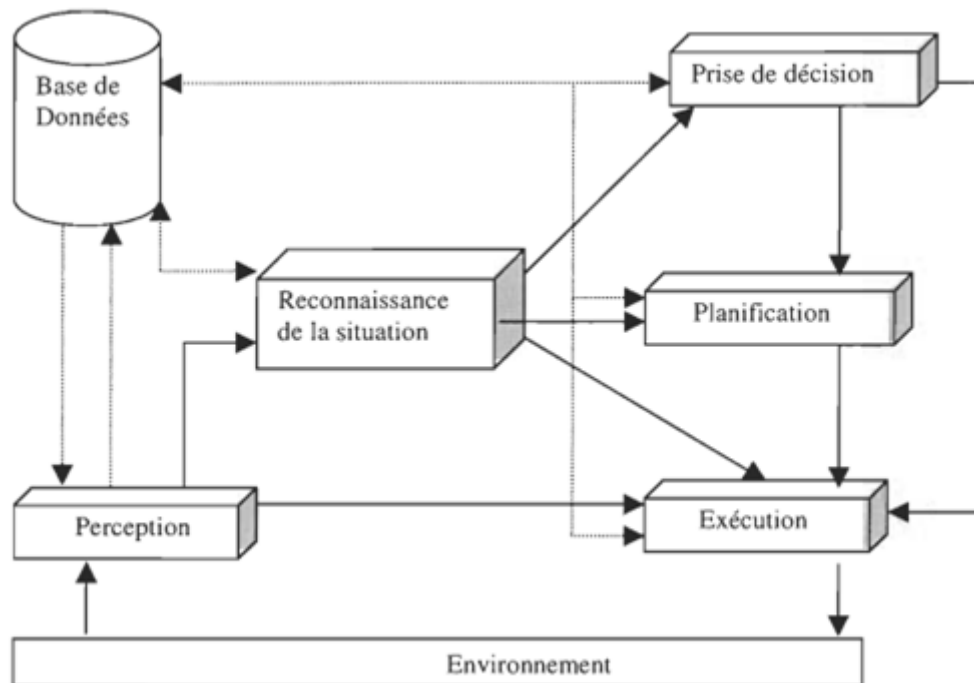


Figure 2.7. Architecture d'agent [COTE1999]

Quand un agent perçoit une situation d'intérêt dans l'environnement, il essaie de la comprendre. Si cette situation lui est reconnue, il entame un processus lui permettant de résoudre le problème associé à cette situation. L'agent peut également appréhender la situation en termes d'actions de ce fait, il entame l'exécution de la tâche qui est associée à cette situation (Reconnaissance-Exécution). Devant une situation habituelle, il intervient de manière réactive en passant directement à l'action correspondante à cette situation. Pour cela, il peut faire recours à son comportement réactif en enclenchant immédiatement l'action (Perception-Exécution). En cas de situation non-familière, il déclenche un processus de

collaboration qui consiste à demander l'aide aux autres agents (Reconnaissance-Prise de décisions).

3.5. Architecture des SMA

Un système multi-agents (SMA) est défini comme un ensemble d'agents interagissant dans un environnement commun afin de résoudre une tâche commune et cohérente. Ces agents essaient d'atteindre des objectifs individuels qui sont parfois contradictoires [GIOVANNA2011]. Les systèmes multi-agents fournissent une approche pour résoudre un problème logiciel en décomposant le système en un certain nombre d'entités autonomes intégrées dans un environnement afin d'atteindre les exigences fonctionnelles et de qualité du système [WEYNS2006].

Les systèmes multi-agents sont des systèmes composés de plusieurs entités qui ont un comportement mutuel comme la coopération, la coordination et la négociation. Dans [MOSTAFA2013], les systèmes multi-agents sont adaptés à la résolution de problèmes avec de multiples méthodes et entités. Ils ont l'avantage de résoudre des problèmes distribués et simultanés. Par conséquent, dans un système multi-agent, chaque entité connaît son environnement par la coopération, la coordination et la négociation pour atteindre rapidement son objectif. Les systèmes multi-agents sont largement utilisés dans divers domaines tels que la robotique et l'imagerie en raison de leur facilité de construction et de maintenance, des avantages de l'architecture parallèle, de la résolution de problèmes hétérogènes et de leur fiabilité [CREVIER1996].

4. Interpolation mathématique

4.1 Définition et objectifs

En analyse numérique, une fonction f sans définition explicite peut être définie uniquement en un ensemble fini de points x_0, x_1, \dots, x_d ; ou évaluable seulement par l'exécution d'un programme coûteux. Cependant, on pourra être amené à effectuer des opérations (dérivation, intégration, ...) sur la fonction f . Il est demandé donc produire une expression approximative de f en faisons recours une fonction f_t , qui soit simple et facile à calculer à partir des données discrètes fournies de f . Il est souhaitable que la fonction f_t ne soit pas distante de la fonction f pour tous les points où f pourra être calculée (figure 2.8).

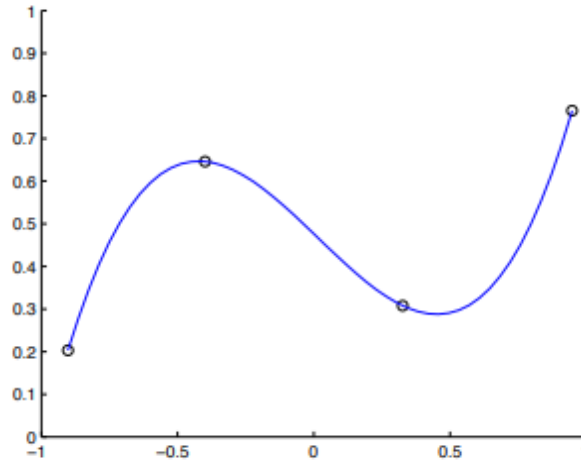


Figure 2.8. Interpolation polynomiale à partir d'un ensemble de points

Plus précisément, étant donnés $d+1$ points d'abscisses distinctes $M_i=(a^i, f_i), i=0,1,\dots,d$ dans le plan, l'interpolation polynomiale dans ce cas, consiste à calculer un polynôme de degré m dont le graphique passe par les $d + 1$ points M_i , c'est-à-dire trouver $p \in P_m$ tel que $p(a_i) = f_i, \forall i = 0, 1, \dots, d$.

4.2 Interpolation par polynôme de Newton

On note $A = \{a_0, a_1, \dots, a_d\} \subset [a, b]$ un ensemble de $d + 1$ réels distincts et f la fonction à interpoler, définie au moins sur A . Afin d'éviter de recalculer l'interpolation en cas d'ajout de d'un point (comme pour le polynôme de Lagrange, dont nous présentons par la suite), on introduit l'interpolation polynomiale de Newton. Elle donne une expression récurrente du polynôme d'interpolation, ce qui permet d'ajouter un point sans recalculer tout le polynôme.

La forme générale du polynôme de Newton est donc :

$$L[A; f](x) = \sum_{j=0}^d f[a_0, a_1, \dots, a_j](x - a_0)(x - a_1)\dots(x - a_{j-1}) \quad (2.8)$$

4.3 Interpolation par polynôme de Lagrange

Soit trois points d'abscisses deux à deux distinctes et on demande de calculer le polynôme d'interpolation de degré 2, le problème est à peine plus difficile. Le graphe du polynôme cherché est généralement une parabole (correspondant à un polynôme de degré 2). Cependant, si les 3 points sont alignés, il en résulte une droite correspondant au cas $d=1$ (2 points).

L'expression de Lagrange dans le cas général de $d+1$ points se calcule comme suit :

Soit $A = \{a_0, a_1, \dots, a_d\}$ un ensemble de $d + 1$ réels distincts.

On définit, pour $j = 0, 1, \dots, d$,

$$l_{j,d}(x) = \frac{(x - a_0)(x - a_1)\dots(x - a_{j-1})(x - a_{j+1})\dots(x - a_d)}{(a_j - a_0)(a_j - a_1)\dots(a_j - a_{j-1})(a_j - a_{j+1})\dots(a_j - a_d)} = \prod_{\substack{k=0 \\ k \neq j}}^d \frac{x - a_k}{a_j - a_k} \quad (2.9)$$

Quels que soient les $d + 1$ réels f_0, f_1, \dots, f_d , le seul polynôme $p \in P_d$ tel que $p(a_i) = f_i, \forall i = 0, 1, \dots, d$ se met sous la forme (dite de Lagrange) :

$$p = \sum_{j=0}^d f_j l_{j,d}. \quad (2.10)$$

Et on démontre que :

$$p(a_i) = \sum_{j=0}^d f_j l_{j,d}(a_i) = \sum_{j=0}^d f_j \delta_{ji} = f_i \quad (2.11)$$

6. Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons abordé les outils et les paradigmes computationnels, en rapport avec nos contributions dans le cadre de cette thèse. Il s'agit principalement de la classification de données, des systèmes multi-agents et de l'interpolation mathématique. La classification de données est utilisée comme méthode de segmentation d'images IRM, dont on combine une méthode non-supervisée (k -means) et une supervisée (classifieur Bayésien) pour proposer une nouvelle méthode de classification des tissus cérébraux. L'interpolation mathématique est utilisée pour représenter la fonction du champ de biais affectant les intensités dans les IRM. Nous nous sommes inspirés des SMA pour proposer une segmentation localisée parallèle et rapide des IRM où le champ de biais pourra être négligé et le temps de calcul a été donc considérablement réduit.

Chapitre III.

**Combinaison probabiliste de Clustering et
d'accoissement de région pour la segmentation non-
supervisée d'IRM cérébrales**

Chapitre III

Combinaison probabiliste du Clustering et de la croissance des régions pour la segmentation non-supervisée d'IRM cérébrale

1. Introduction

Nous introduisons dans ce chapitre une nouvelle approche probabiliste, combinant une méthode de clustering probabiliste basée sur l'algorithme EM (Expectation Minimisation), et l'accroissement de régions (region-growing) pour la segmentation structurelle de l'IRM du cerveau. Selon notre approche, il n'est pas nécessaire de posséder des connaissances préalables, une situation fréquemment rencontrée en pratique par les radiologues et les médecins. La proposition consiste à combiner deux méthodes classiques de segmentation, à savoir : le clustering probabiliste des voxels de l'image à l'aide de l'algorithme EM, en supposant que les données d'image suivent un modèle de mixture gaussienne, et la méthode classique de croissance de région à partir d'une graine sélectionnée de manière optimale. L'objectif est d'extraire les régions d'intérêt qui forment la matière cérébrale. L'intégration des résultats des deux méthodes se fait selon un formalisme probabiliste assurant une décision optimale, et permettant d'améliorer les résultats de segmentation. L'expérimentation menée, en utilisant des images fantômes issues de la base de données « *Brain Web* », ainsi que des images réelles de la base *IBSR*, a montré le potentiel de l'approche pour améliorer significativement la segmentation des images IRM du cerveau.

2. L'approche proposée

En considérant les limites des approches les plus utilisées, en particulier le problème des connaissances préalables, difficiles à acquérir, et si elles existent, elles sont spécifiques à

des sujets dont les images ont servi à la construction des connaissances préalables (ex. atlas), nous proposons dans ce travail, une nouvelle méthode de segmentation d'images RM qui consiste à combiner, selon un schéma probabiliste, deux méthodes classiques de segmentation.

La première est une adaptation de l'algorithme EM (Expectation Maximization) [DEMPSTER1977] pour un regroupement probabiliste des voxels de l'image, en supposant que les données suivent un modèle de mélange gaussien (plusieurs types de tissus). La seconde est une méthode d'extraction des tissus cérébraux d'intérêt par accroissement de région. Le clustering effectué permet une bonne estimation des caractéristiques des différents tissus d'intérêt, mais surtout, produit une première segmentation du cerveau. Pour chacune des deux méthodes, une image de probabilités est produite. A chaque voxel de ces images sont enregistrées respectivement les probabilités que ce voxel appartienne au tissu d'intérêt, auquel l'utilisateur s'intéresse.

Le calcul d'une image de probabilité combinée, et son seuillage, permettent de délimiter efficacement le tissu d'intérêt. Plusieurs expériences ont été menées en modifiant divers paramètres d'artefacts, notamment le degré de bruit, et le niveau de la non-uniformité des intensités, nous ont permis de montrer le potentiel de la méthode proposée pour la délimitation efficace et rapide des tissus cérébraux, sans tenir en compte d'aucun a priori concernant les données radiométriques ou spatiales des images traitées. Une application importante de la segmentation d'IRM du cerveau en plusieurs tissus est le calcul de la volumétrie cérébrale, qui est à son tour un outil nécessaire pour le diagnostic de plusieurs maladies du cerveau, dont l'Alzheimer [GHOLIPOUR2011].

Dans ce travail, nous proposons une nouvelle méthode stochastique pour la segmentation des IRM cérébrales. Le principe de la méthode consiste en une catégorisation probabiliste des voxels en classes correspondant aux tissus cérébraux. Deux segmentations différentes sont produites, puis une combinaison probabiliste des résultats est effectuée. Les deux méthodes de segmentation de base utilisées sont :

- 1) Une adaptation de l'algorithme EM pour un regroupement de voxels et une estimation des paramètres des régions.
- 2) Un algorithme probabiliste de croissance des régions produisant des résultats pondérés.

2.1. Principe de l'approche

Partant du constat que les résultats de la segmentation d'images, produits par différentes méthodes, sont naturellement différents. Ceci est dû au principe même qui est propre à chaque méthode, ainsi qu'à ses propres paramètres. La combinaison des résultats obtenus, selon une logique de correction mutuelle, permet de produire un résultat final plus fiable. En effet, dans ce travail, nous extrayons un tissu cérébral d'intérêt en utilisant deux méthodes de segmentation différentes. La première consiste en une classification des voxels de l'image, en utilisant des paramètres statistiques obtenus sur un large ensemble de voxels, représentant le tissu d'intérêt. La seconde méthode consiste en une croissance de région, à partir d'une graine, obtenue par une recherche aléatoire considérant les paramètres du tissu d'intérêt, obtenus dans la première étape. Pour chaque méthode, un volume de probabilités est produit, dans lequel chaque voxel enregistre la probabilité que ce voxel appartienne ou non au tissu d'intérêt.

Ensuite, les deux volumes de probabilités sont combinés, en considérant les deux fonctions de densité des deux volumes de probabilité, supposées être chacune une distribution gaussienne, avec des jeux de paramètres différents, pour produire un volume de probabilité résultant de la combinaison des deux volumes. Après discrétisation et seuillage du volume obtenu, ce dernier ne contient que les voxels correspondant au tissu d'intérêt. Le calcul des paramètres du tissu d'intérêt prend en compte un grand ensemble de voxels, appartenant à ce tissu. Cet ensemble est l'un des clusters obtenus par l'algorithme EM adapté, qui n'admet en entrée que le nombre de tissus d'intérêt pouvant exister dans la matière cérébrale (matière grise (MG), matière blanche (MB) et liquide céphalo-rachidien (LCR)). La figure 3.1 montre les différentes étapes de la méthode de segmentation proposée.

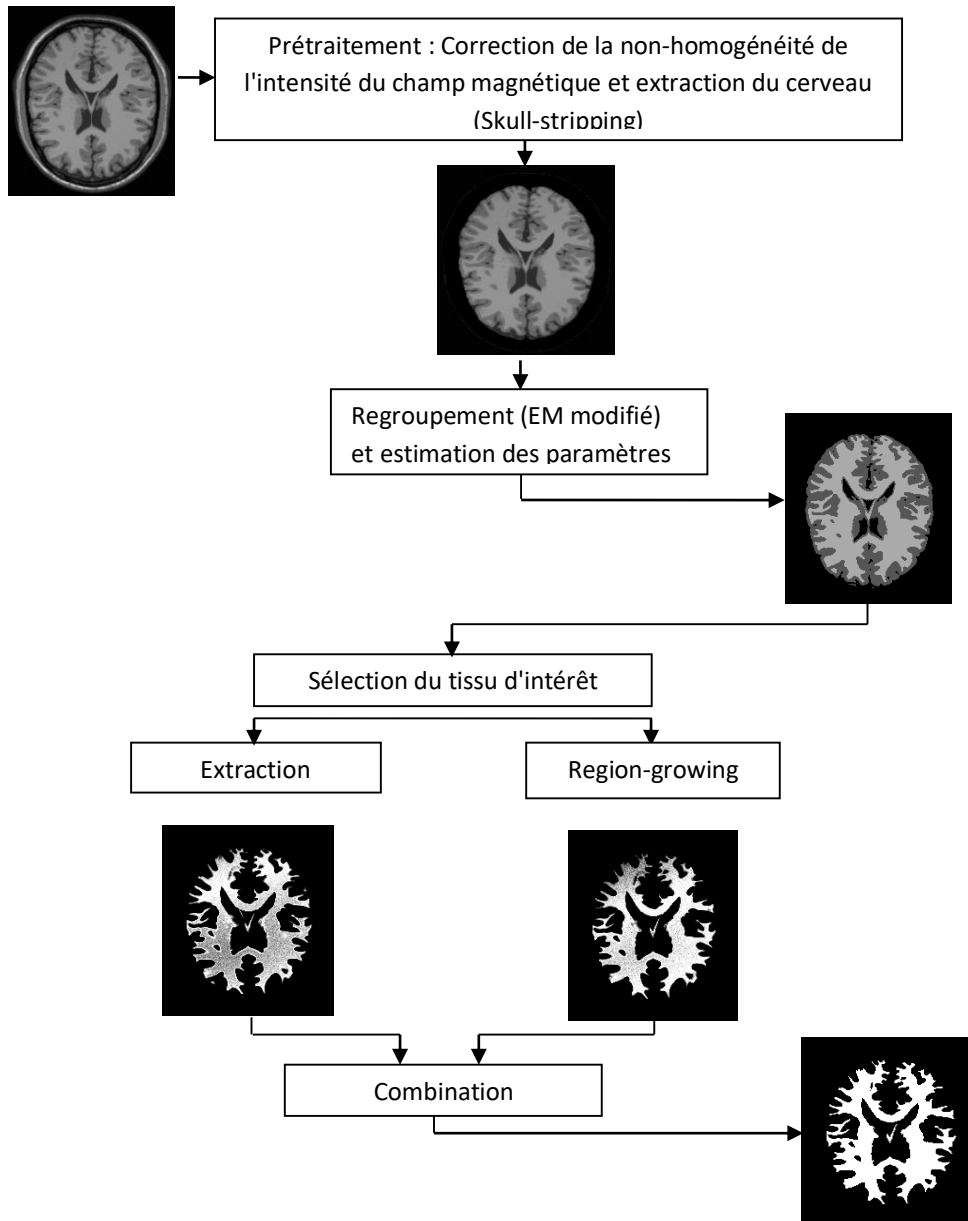


Figure 3.1. Principe de la segmentation par combinaison de volumes de probabilités.

2.2. Prétraitement

Tout d'abord, le champ de biais, dû à la variation de l'intensité du champ magnétique, a été corrigé en utilisant la méthode introduite dans [SLED1998], et qui est largement utilisée dans la littérature. De plus, dans la mesure où nous nous intéressons à l'extraction des tissus cérébraux, à savoir la matière grise (MG), la matière blanche (MB) et le liquide céphalo-

rachidien (LCR), dont on segmente habituellement un cerveau, nous devons extraire la matière cérébrale du reste des tissus présents dans l'IRM, tels que le crâne, la peau, les muscles et d'autres tissus. Pour ce faire, nous avons utilisé le « *FSL Brain Extraction Tool* » (BET) pour réaliser cette tâche [SMITH2002].

Cependant, aucun traitement n'est effectué pour le débruitage des images. En effet, nous supposons que tout traitement de filtrage ou de lissage aggrave le problème du volume partiel, dont souffrent les méthodes de segmentation d'IRM [DUCHE2015].

2.3. Segmentation par jonction d'estimation des paramètres et du clustering

Nous avons adapté l'algorithme EM en considérant que les données d'image sont dérivées d'un mélange gaussien, relatif aux 3 classes de tissus GM (Gray Matter), WM (White Matter), et CSF (Cerebro-Spinal Fluid). L'EM a été utilisé dans la littérature pour estimer des paramètres et pour inférer des variables latentes, en supposant des distributions de probabilité des différentes variables. Dans notre cas, nous adaptons l'algorithme EM à la fois pour estimer les paramètres $\{\mu_c, \sigma_c, c \in \{1,2,3\}\}$ représentant respectivement les moyennes et les écarts types des données d'images relatives aux différents tissus {GM, WM, CSF}. Nous considérons également qu'il s'agit d'un modèle de mélange gaussien, et dont la densité de probabilité est donnée par :

$$f_c(x_i; \mu_c; \sigma_c) = \frac{1}{\sigma_c \sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(x_i - \mu_c)^2 / \sigma_c^2} \quad (3.1)$$

Le mélange gaussien s'exprime comme suit :

Étant donné les probabilités des clusters $\pi_c, c=1...3$,

L'adéquation de l'élément i à la composante c du mélange s'exprime comme suit :

$$p_i^c = \frac{\pi_c f_c(x_i; \mu_c; \sigma_c)}{\sum_{j=1}^k \pi_j f_j(x_i; \mu_j; \sigma_j)} \quad (3.2)$$

En fonction de la probabilité d'adéquation, les paramètres sont estimés comme suit :

$$\mu_c = \frac{1}{n_c} \sum_i p_i^c x_i \quad (3.3)$$

$$\sigma_c = \frac{1}{n_c} \sum_i p_i^c (x_i - \mu_c)^2 \quad (3.4)$$

$$\pi_c = \frac{n_c}{n} \quad (3.5)$$

Où :

n et n_c sont respectivement la taille de l'ensemble des voxels à partitionner, et le nombre de voxels dans le cluster c . L'algorithme oignant l'estimation des paramètres et le clustering sont exprimé selon le pseudo-code suivant :

Algorithm Joint-Estimate-Cluster

k : number of classes

forc=1,*k*

Begin

Randomly set μ_c, σ_c, π_c

End

 // Expectation

fori=1,*n*

Begin

forc=1,*k*

Begin

$$p_i^c = \frac{\pi_c f_c(x_i; \mu_c, \sigma_c)}{\sum_{j=1}^k \pi_j f_j(x_i; \mu_j, \sigma_j)}$$

End

End

 // Parameter estimation

forc=1,*k*

Begin

$$\mu_c = \frac{1}{n_c} \sum_i p_i^c x_i$$

$$\sigma_c = \frac{1}{n_c} \sum_i p_i^c (x_i - \mu_c)^2$$

$$\pi_c = \frac{n_c}{n}$$

End

End

Notons qu'un clustering ainsi réalisé permet de mieux partitionner les voxels selon les différents tissus, qu'avec un algorithme non probabiliste tel que les k -means. Ce dernier, par

exemple, ne permet pas d'utiliser un modèle de mélange gaussien. De plus, les clusters résultants nous permettent d'estimer de manière fiable les paramètres des distributions statistiques au sein des images.

A l'issue de cette étape, nous obtenons une première segmentation de l'image, avec un étiquetage probabiliste des voxels, pour tous les tissus du cerveau. Nous disposons également pour chaque tissu d'une moyenne (μ_c) et d'un écart-type (σ_c), qui seront utilisés pour le calcul des paramètres de segmentation par accroissement de région. Pour chaque tissu, les voxels appartenant à ce tissu sont sélectionnés par seuillage des probabilités. Une image des probabilités de clustering I_{cl}^c où $I_{cl}^c(x,y,z)$ représente la probabilité que le voxel (x,y,z) appartienne au tissu c , est disponible en sortie.

Un voxel (x, y, z) est considéré comme appartenant au tissu c , si

$$I_{cl}^c(x, y, z) \in [\mu_c - \sigma_c, \mu_c + \sigma_c].$$

En d'autres termes, en considérant le volume de probabilités I_{cl}^c , la condition d'appartenance peut être exprimée comme suit :

$$I_{cl}^c > \frac{1}{\sigma_c \sqrt{2\pi_c}} e^{-\frac{1}{2}} \quad (3.6)$$

Évidemment, le clustering ainsi obtenu, produit des régions ayant les mêmes caractéristiques statistiques, sans nécessairement qu'elles soient contiguës, et ne formant que le tissu d'intérêt, puisqu'aucune contrainte spatiale n'a été utilisée. En effet, la combinaison des résultats des deux méthodes à savoir le clustering et l'accroissement de région règle ce problème, puisque la dernière étape prend en compte cette contrainte spatiale dans l'image.

2.4. Segmentation par accroissement de région

Dans cette partie, nous procédons chaque fois par un seul tissu d'intérêt. La segmentation de l'image va consister à effectuer autant d'extractions de tissus qu'il y a de tissus dans l'image (typiquement 3 : GM, WM, et CSF). A partir des paramètres statistiques du tissu d'intérêt c , une recherche de la graine de la région à croître est effectuée selon un motif aléatoire. Une position est prise arbitrairement dans le volume, et elle sera considérée comme une graine pour la croissance si, d'une part, la moyenne des valeurs des voxels dans le

voisinage est suffisamment proche de la moyenne calculée dans l'étape de clustering, et l'écart-type correspondant est inférieur à celui utilisé dans le clustering. Ces deux conditions sont exprimées comme suit :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{|u_{c,seed} - \mu_c|}{u_{c,seed} + \mu_c} < T \\ \text{Et} \\ \sigma_{c,seed} < T^2 \sigma_c \end{array} \right. \quad (3.7)$$

Où : $\mu_{c,seed}$, et $\sigma_{c,seed}$, sont respectivement la moyenne et l'écart-type des voxels formant la graine. A partir de la graine sélectionnée, un agrandissement de région est effectué en utilisant un test de similarité de voxels, tel que celui de la formule (3.6), en considérant les paramètres $\mu_{c,seed}$, et $\sigma_{c,seed}$, pour le calcul de la probabilité.

Algorithm RegionGrowing

Input MRI, Id of region

Output extracted region

Repeat

Random search for an accepted seed (x_s, y_s, z_s) ;

If seed found then

while Grow (x_s, y_s, z_s) do;

Until no seed found

End

Function Grow (x, y, z) : Boolean

if $f(I(x, y, z), \mu_{c,seed}, \sigma_{c,seed}) \geq \sigma_{c,seed} \sqrt{2\pi}$

then

$I_{Gr^c}(x, y, z) = f(I(x, y, z), \mu_{c,seed}, \sigma_{c,seed})$

Grow=True;

for every (x', y', z') neighboring (x, y, z) do

Grow (x', y', z') ;

else

Grow=false;

End

La croissance des régions produit un volume de probabilité I_{Gr}^c , où à chaque voxel(x,y,z) est enregistrée la probabilité que ce voxel appartienne au tissu d'intérêt c . Notez dans ce cas que toutes les sous-régions obtenues pour chaque graine sont contiguës, étant donné la nature de l'algorithme d'accroissement de région.

2.5. Combinaison de volumes de probabilités

A l'entrée de cette étape, nous disposons des deux volumes de probabilité, I_{cl}^c , et I_{Gr}^c , dont les deux fonctions de distribution sont représentées sur la figure 3.2, et dont les paramètres sont respectivement (μ_c, σ_c) et $(\mu_{c,seed}, \sigma_{c,seed})$.

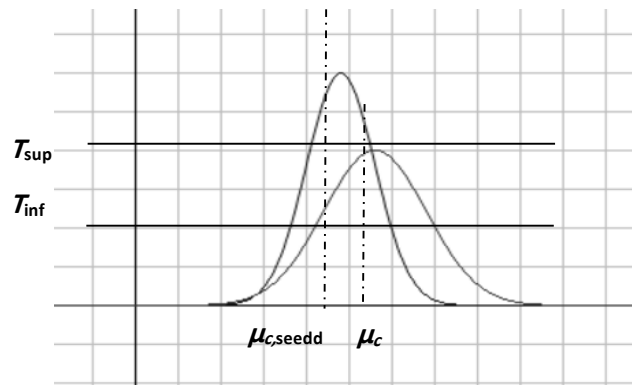


Figure 3.2. Fonctions de densité des deux volumes de probabilités.

Soit $P_c(x,y,z)$, et $P_g(x,y,z)$ les deux probabilités que le voxel (x, y, z) appartienne au tissu d'intérêt, respectivement prises dans les volumes I_{cl}^c , et I_{Gr}^c .

En utilisant des seuils de probabilité T_{inf} et T_{sup} , nous définissons les règles de combinaison suivantes :

- 1) Si $P_c > T_{sup}$, et $P_g > T_{sup}$ alors le voxel est retenu comme appartenant au tissu d'intérêt.
- 2) Si $P_c \leq T_{inf}$, et $P_g \leq T_{inf}$, alors le voxel est considéré comme n'appartenant pas au tissu d'intérêt.
- 3) Si $P_g \leq T_{inf}$ (cas typique nul) et $P_c > T_{inf}$, alors le voxel est considéré comme n'appartenant pas au tissu d'intérêt. En effet, il s'agit de voxels ayant une valeur

radiométrique proche de celle du tissu d'intérêt, mais qui se trouve en dehors de ce dernier.

- 4) Si $P_g < T_{inf}$, et $P_c > (T_{inf} + T_{sup})/2$; alors le voxel ayant un problème de volume partiel, et considéré comme appartenant au tissu d'intérêt.
- 5) Si $P_c \leq T_{inf}$ et $P_g \geq (T_{inf} + T_{sup})/2$, alors le voxel est considéré hors du tissu d'intérêt.
- 6) Si $P_g, P_c \in]T_{inf}...T_{sup}[$ alors le voxel est considéré comme appartenant au tissu d'intérêt si $P_c + P_g > T_{inf} + T_{sup}$.
- 7) Pour toutes les autres possibilités, le voxel est considéré comme n'appartenant pas au tissu d'intérêt.

Cet ensemble de règles, exprimées à l'aide des deux seuils T_{inf} et T_{sup} , permet, premièrement, de retirer de l'union des deux volumes les voxels qui ont des valeurs radiométriques similaires à celles du tissu d'intérêt, mais qui en sont éloignés. Deuxièmement, il permet d'inclure dans l'union les voxels qui n'ont pas été considérés comme appartenant au tissu d'intérêt à cause du problème des volumes partiels (voir les résultats dans la section suivante).

3. Expérimentation

Nous avons expérimenté notre méthode en utilisant, tout d'abord, des images IRM obtenues à partir de la plateforme " *Brain Web* " décrite dans [KWAN1999], puis des images réelles de l'*IBSR (Internet Brain Segmentation Repository)* décrites dans [ROHLFING2012]. La taille de toutes les images MR de *Brain Web* utilisées était de $181 \times 217 \times 181$, et celle d'*IBSR* était de $256 \times 256 \times 128$. Dans ce travail, et puisque nous n'utilisons aucun ensemble d'apprentissage pour l'estimation des paramètres, nous n'effectuons pas de filtrage du bruit, par exemple par une gaussienne, et ce afin de ne pas intensifier le problème du volume partiel. Par contre, le problème de la non-uniformité des intensités du au champ de biais est traité par la méthode proposée dans [SLED1998]. Pour toutes nos expériences, nous avons traité l'ensemble du volume IRM 3D. Les résultats visuels sont présentés évidemment en considérant des tranches 2D du volume 3D.

3.1. Initialisation des seuils

Afin de donner à la méthode une efficacité de segmentation sans connaissance préalable des paramètres des distributions statistiques des données radiométriques qui sont

habituellement obtenues par un ensemble d'images avec une segmentation de réalité terrain, nous avons utilisé seulement 3 seuils, à savoir : T , T_{inf} , T_{sup} qui représentent, respectivement, la similarité des paramètres statistiques, les seuils min, et max des probabilités de clustering et d'accroissement des régions.

T est fixé à 0,9. Cette valeur assure une meilleure homogénéité de la graine de région, par rapport à l'homogénéité du cluster correspondant ($T^2=0.81$) :

$$\sigma_{c,seed} < 0.81 \sigma_c \quad (3.8)$$

T_{inf} et T_{sup} sont fixés comme suit :

$$T_{sup} = \frac{0.95}{\sigma_c \sqrt{2\pi}} \quad ; \quad T_{inf} = \frac{0.85}{\sigma_c \sqrt{2\pi}} \quad (3.9)$$

Ces deux valeurs assurent une décision optimale lors de l'adoption ou du rejet d'un voxel dans le volume résultant de la combinaison. Elles varient d'une image à l'autre, puisqu'elles dépendent de l'écart-type σ_c .

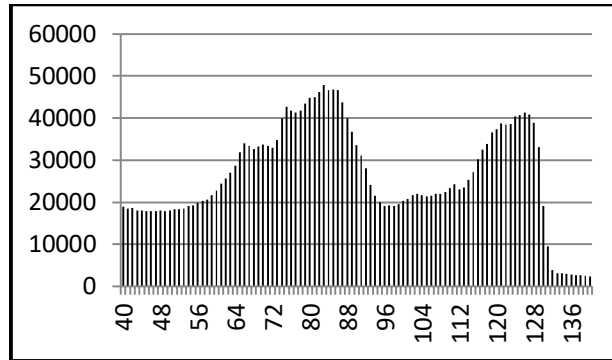
Les tests réalisés dans ce travail concernent des images de cerveaux sains. Pour une image de cerveau sain, la segmentation consiste en l'extraction des 3 tissus cérébraux, à savoir la matière grise (GM), la matière blanche (WM) et le liquide céphalo-rachidien (CSF).

3.2. Résultats expérimentaux

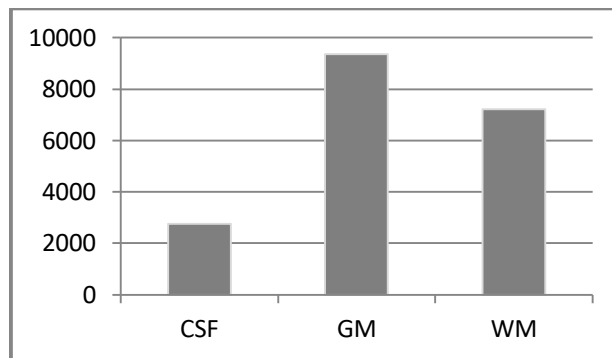
Nous ne considérons que les IRMs correspondant à des sujets sains, où l'objectif est d'extraire les 3 régions de l'IRM (GM, WM, CSF). Si l'utilisateur devait choisir le tissu d'intérêt, le calcul de la moyenne μ_c et de l'écart-type σ_c qui sont effectués en considérant tous les voxels agrégés dans le même cluster correspond au tissu d'intérêt. L'utilisateur ne sélectionne, qu'un seul voxel au sein du cluster d'intérêt. La moyenne $\mu_{c,seed}$ et l'écart-type $\sigma_{c,seed}$ doivent vérifier les conditions de la formule (3.3).

Pour une segmentation entièrement automatique, tous les clusters sont pris en compte étant donné que le cluster correspondant à la matière grise est celui qui correspond au plus grand nombre de voxels, et celui correspondant au liquide céphalorachidien est le plus petit en nombre de voxels (voir Figure 3.3). L'amas correspondant à la matière blanche (WM) est

généralement légèrement plus petit que celui de la matière grise (GM), mais beaucoup plus grand que celui du liquide céphalo-rachidien (CSF) [DESPOTOVIĆ2015].



(a)



(b)

Figure 3.3. Histogrammes des distributions d'images (irm0-20) :

a) IRM brute : les modes correspondent de gauche à droite respectivement au CSF (LCR), à la GM(MG) à la WM (MB), b) Histogramme d'une segmentation de réalité terrain de la même image (irm0-20).

La Figure 3.4. montre les étapes de l'extraction de la matière blanche dans une image IRM, tirée de l'ensemble d'images de test (mri3-40), avec un rapport de bruit = 3%, et une INU égale à 40%.

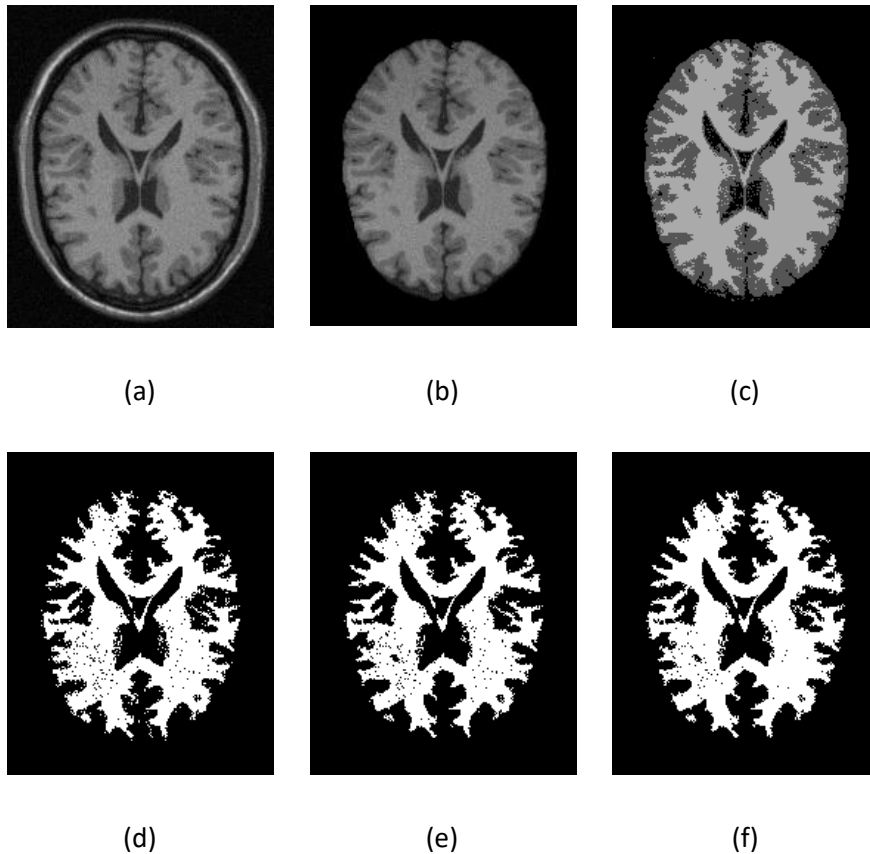


Figure 3.4. Résultats des étapes de segmentation (WM) : (a) IRM brute, (b) extraction du cerveau, (c) clustering, (d) extraction du tissu d'intérêt, (e) accroissement de région, et (f) combinaisons des volumes de probabilités, et seuillage.

Les paramètres de la distribution statistique des données radiométriques, calculés après le clustering et la sélection du tissu d'intérêt, et pendant la l'accroissement de région, pour l'image en question et pour la matière blanche, sont les suivants :

$$\mu_c = 139.66 , \text{ et } \sigma_c = 9.05$$

et

$$\mu_{c,seed} = 131.08 , \sigma_{c,seed} = 6.13$$

La différence entre les moyennes d'une part et les écarts types d'autre part des deux traitements permet de combiner les résultats. La croissance des régions est faite de manière plus stricte que le clustering $\sigma_{c,seed} < \sigma_c$. Cela signifie qu'à l'intérieur du tissu d'intérêt, on ne risque pas d'inclure à tort des voxels voisins, qui pourraient ne pas appartenir à la région en

Chapitre III. Combinaison probabiliste du Clustering et de la croissance des régions pour la segmentation non-supervisée d'IRM cérébrale

croissance. Cependant, aux frontières de la région, où il y a un problème de volume partiel, dû au mélange de tissus sur les voxels correspondants, le clustering permet de sélectionner ces voxels comme appartenant aux tissus d'intérêt, à condition que les probabilités correspondantes obtenues par l'accroissement de région, le permettent.

Quantitativement, le coefficient de Jaccard [JACCARD1901] permet de quantifier la performance de la segmentation, en considérant une vérité terrain correspondante.

Il s'exprime comme suit :

$$Jaccard = \frac{TP}{TP+FP+TN} \quad (3.10)$$

Où :

TP, FP, et TN sont respectivement le nombre de voxels correctement étiquetés, de voxels faussement étiquetés au tissu d'intérêt, et de voxels appartenant au tissu d'intérêt et qui n'ont pas été étiquetés ainsi.

Le tableau suivant montre les valeurs du coefficient de Jaccard pour les résultats obtenus après chaque étape de segmentation (clustering, accroissement de région, et combinaison).

Tableau 3.1 : Coefficients de Jaccard pour l'extraction de la WM.

Clustering	Region-growing	Combinaison
0.86	0.84	0.88

Pour la même image IRM (mri3-40), la figure 3.5 montre les résultats de l'extraction de la matière grise.

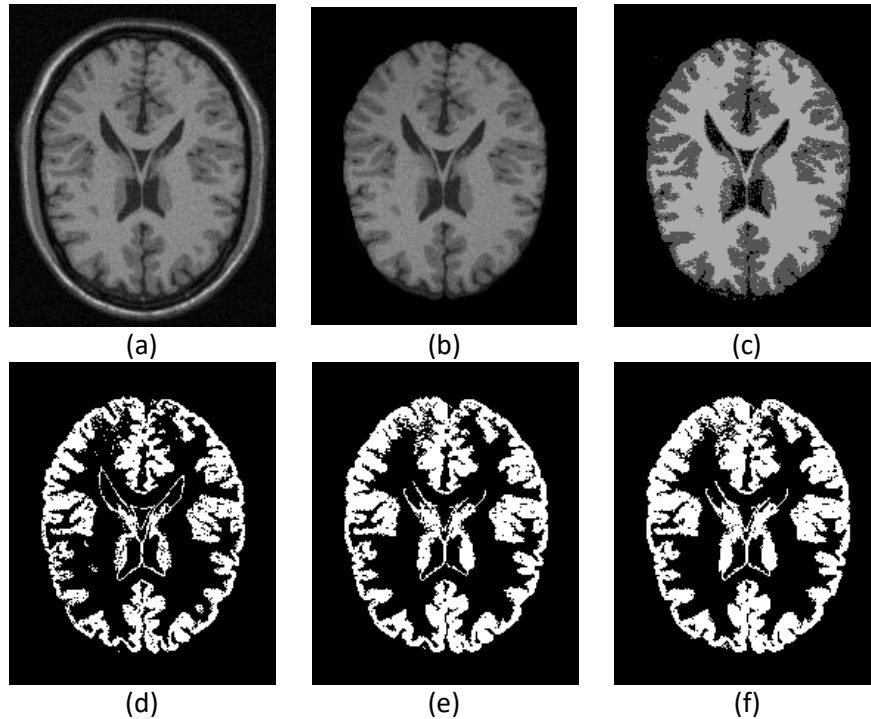


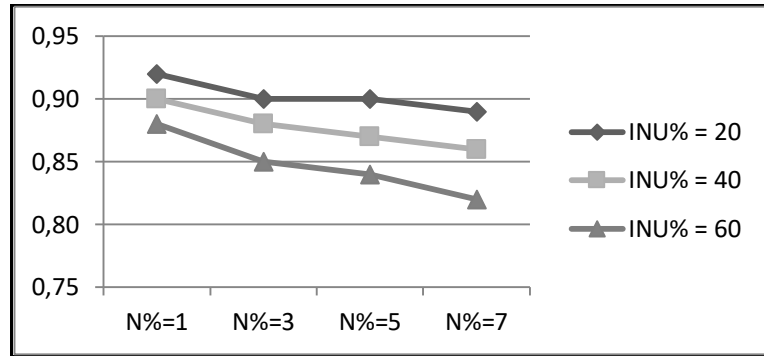
Figure 3.5. Résultats des étapes d'extraction des GM. (a) IRM brute, (b) extraction du cerveau, (c) clustering, (d) extraction du tissu d'intérêt, (e) accroissement de région, et (f) combinaison des volumes.

Afin de quantifier globalement la méthode proposée pour l'extraction des tissus cérébraux à partir de l'IRM, nous avons utilisé un ensemble de 12 images résultant de la variation du rapport de bruit (N%) dans l'ensemble {1,3,5,7}, et de la non-uniformité des intensités INU% dans l'ensemble {20,40,60}. Le tableau 3.2 résume la fiabilité de l'extraction en utilisant le coefficient de Jaccard.

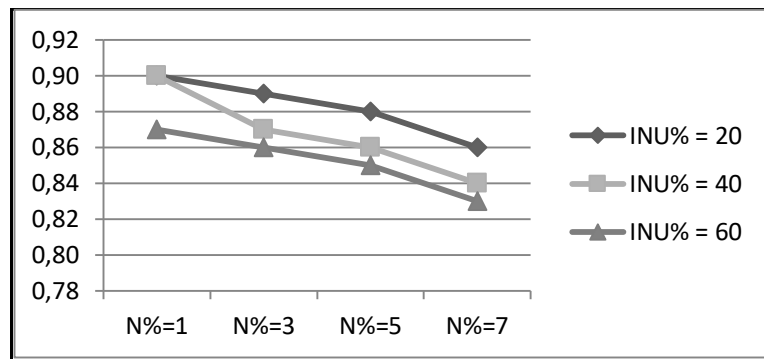
Tableau 3.2 : coefficients de Jaccard pour les différentes combinaisons du rapport de bruit N% et de la non-uniformité des intensités INU% avec les différents types du tissu cérébral (WM, GM et CSF).

		N%=1	N%=3	N%=5	N%=7
INU% = 20	J (WM)	0,92	0,90	0,90	0,89
	J (GM)	0,90	0,89	0,88	0,86
	J (CSF)	0,85	0,84	0,84	0,82
INU% = 40	J (WM)	0,90	0,88	0,87	0,86
	J (GM)	0,90	0,87	0,86	0,84
	J (CSF)	0,84	0,83	0,83	0,81
INU% = 60	J (WM)	0,88	0,85	0,84	0,82
	J (GM)	0,87	0,86	0,85	0,83
	J (CSF)	0,84	0,81	0,81	0,80

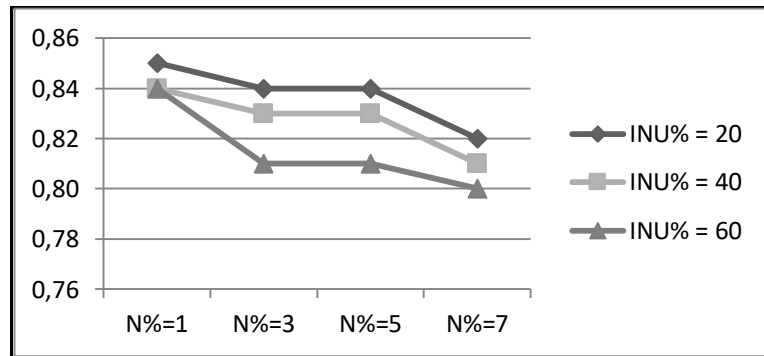
Les courbes de la figure 3.6 montrent la variation du coefficient de Jaccard en fonction du niveau de bruit N%, et de la non-uniformité des intensités INU%.



(a)



(b)

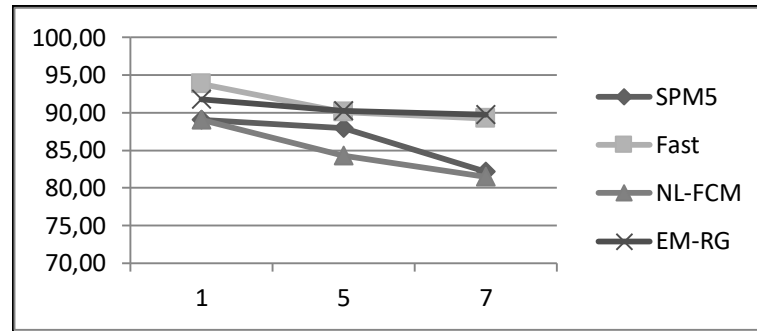


(c)

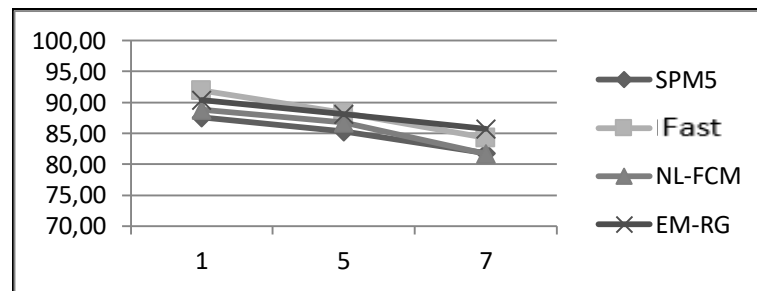
Figure 3.6. Coefficients de Jaccard pour différentes combinaisons de N% et INU% :
(a) WM, (b) GM, (c) CSF.

Afin de montrer l'efficacité de notre méthode, que nous appelons EM-RG (pour EM-Region growing combination), nous avons comparé nos résultats avec ceux de certains algorithmes, largement référencés dans la littérature. La figure 3.7 présente nos résultats

exprimés à l'aide du coefficient de Jaccard, comparés aux résultats des différentes méthodes utilisées dans la comparaison, à savoir : SMP5 [ASHBURNER2005], Fast [ZHANG2001], et NL-FCM [CALDAIROU2011]. La comparaison concerne des images avec un niveau de bruit $N\%=3$, et un niveau de non-uniformité des intensités $INU\%=20\%$.



(a)



(b)

Figure 3.7. Comparaison des résultats exprimés par le coefficient de Jaccard : (a) pour MB, (b) pour MG.

Nous pouvons constater que, tant pour la matière blanche que pour la matière grise, nos résultats sont compétitifs par rapport aux meilleurs résultats (Fast). De plus, la méthode proposée est robuste contre le bruit par rapport à toutes les méthodes (SPM5, NL-FCM, et Fast).

Nous avons également expérimenté notre méthode avec des images réelles, obtenues à partir de l'Internet Brain Segmentation Repository (*IBSR* : <http://www.nitrc.org/projects/ibsr>) [ROHLFING2012]. Nous avons utilisé des images dont le cerveau a déjà été extrait (images de crâne). Il s'agit d'un ensemble d'images RM de taille $256 \times 256 \times 128$ et de différentes résolutions. La figure 3.8 montre les résultats des différentes étapes de segmentation (clustering, accroissement de région, et combinaison). Nous pouvons voir, que même avec des

images réelles où aucun traitement de débruitage n'a été effectué, les régions correspondant à la matière grise et à la matière blanche sont bien délimitées. En observant les images (d) et (e) de la figure 3.8, nous pouvons voir comment la combinaison probabiliste des deux volumes a permis d'ajouter à la région d'intérêt (matière blanche) plusieurs voxels qui avaient été écartés à cause de l'effet du volume partiel (bas gauche des deux images). C'est le même cas avec les images (g) et (h) pour la matière grise.

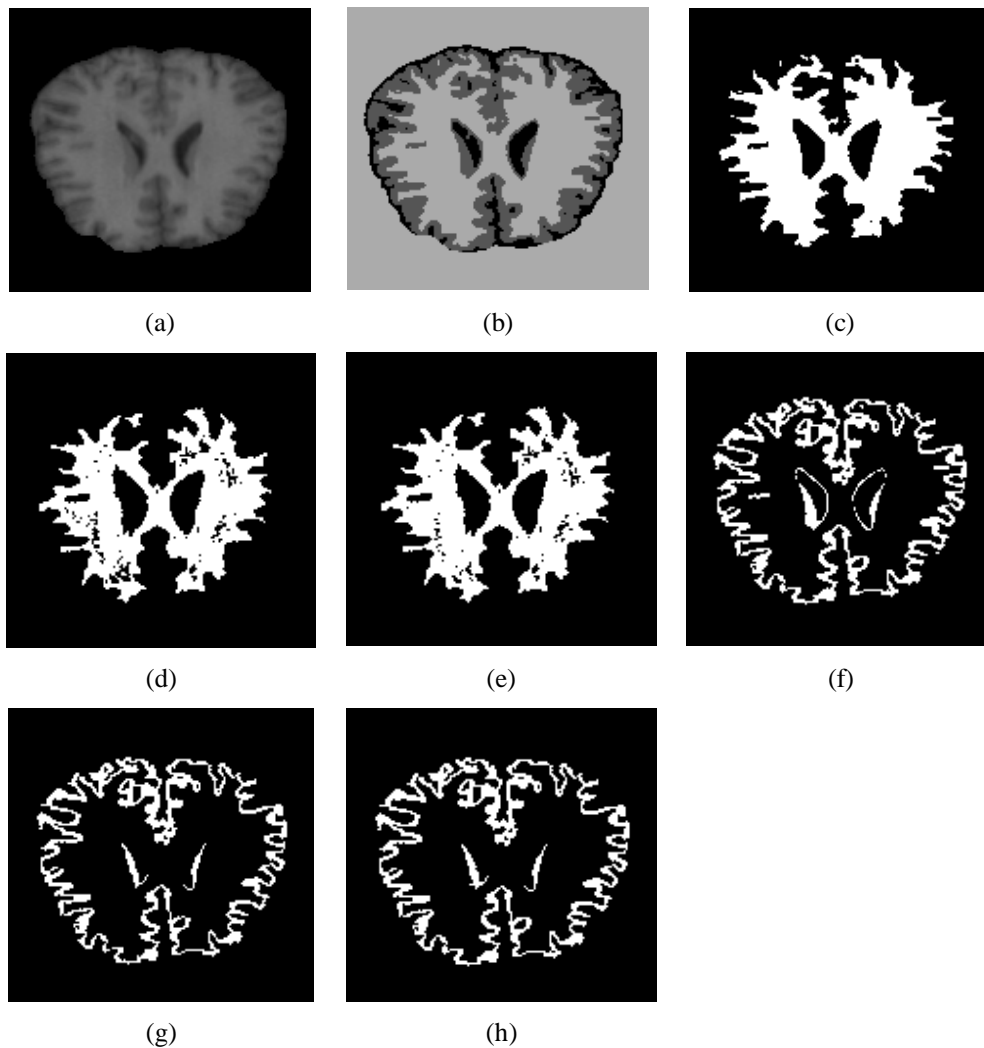


Fig. 3.8 : Étapes de la segmentation de l'IRM réelle :

(a) IRM réelle, (b) Clustering, (c) Extraction du tissu d'intérêt (WM), (d) Accroissement de région pour WM, (e) Combinaison pour WM, (f) Extraction du tissu d'intérêt (GM), (g) Accroissement de région pour GM, et (h) combinaison de volumes pour GM

3.3. Analyse et discussion

Nous rappelons tout d'abord que la méthode proposée ne nécessite pas de connaissances préalables pour pouvoir effectuer la segmentation d'une IRM. Nous avons pu surmonter le problème de l'estimation des paramètres, en combinant les algorithmes EM et d'accroissement de région. Les paramètres sont calculés sur la base d'un grand ensemble de voxels, obtenus par l'algorithme EM $(\mu_c, \sigma_c, \mu_{c,seed}, \sigma_{c,seed})$. Il est également à noter qu'aucun prétraitement de débruitage des images n'a été effectué, afin de ne pas accentuer l'effet du volume partiel caractérisant les images RM. Par ailleurs, le temps moyen de segmentation sur une machine Pentium I5 Duo-core, avec une fréquence de 1.60 GHz, et une RAM de 04 GO, pour les images de la base « Brain Web », a été de 46 secondes, ce qui nous permet de qualifier notre méthode de méthode rapide du point de vue du praticien de la santé, car ça permet à la segmentation d'être produite juste après l'acquisition.

Comme indiqué dans la section précédente, la force de la méthode réside dans la combinaison des résultats obtenus de deux manières différentes. D'une part, le clustering permet une première estimation des paramètres statistiques, et une première extraction de la région d'intérêt. Cependant, les résultats obtenus sont relativement grossiers, comparés à ceux obtenus par l'accroissement de région. D'autre part, l'accroissement de région procède de manière plus restrictive quant à la sélection des voxels appartenant à la région d'intérêt. Cependant, il échoue à inclure certains voxels qui sont à la frontière des régions, à cause de l'effet du volume partiel. La combinaison des résultats utilisant deux seuils de probabilité permet, d'une part, d'exclure certains voxels pris à tort par l'une des méthodes, et d'en inclure d'autres qui n'ont pas été inclus, également à tort par l'une des méthodes.

4. Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons introduit une nouvelle méthode d'extraction de tissus d'intérêt dans les IRM cérébrales. Le principe de la méthode consiste à combiner deux volumes de probabilités, résultant respectivement d'un clustering probabiliste, et d'un accroissement de région probabiliste. Etant donné la nature non supervisée de l'approche, le clustering des voxels de l'image a été utilisé afin de fournir les paramètres des distributions statistiques. Les paramètres ainsi obtenus permettent, d'une part, une extraction relaxée des tissus, et d'autre part, un accroissement de région au sein de ces derniers. La diversité des

Chapitre III. Combinaison probabiliste du Clustering et de la croissance des régions pour la segmentation non-supervisée d'IRM cérébrale

résultats obtenus à chaque étape, due aux différents jeux de paramètres, a permis de combiner les résultats, permettant à son tour une extraction précise des tissus du cerveau.

Les expérimentations réalisées sur des IRM utilisées dans la littérature, ainsi que la comparaison des résultats obtenus avec ceux des méthodes les plus citées, ont montré le fort potentiel de la méthode proposée pour une segmentation efficace et rapide des IRM cérébrales.

Chapitre IV.

**Une modélisation en hyper-surface et une
correction du champ de biais en IRM cérébrale**

Chapitre IV

Une modélisation en hyper-surface et une correction du champ de biais en IRM cérébrale

1. Introduction

Le traitement des différents artefacts dans les images médicales est nécessaire pour effectuer plusieurs tâches, y compris la segmentation. Nous présentons dans ce chapitre une nouvelle méthode de correction du champ de biais dans les images par résonance magnétique (IRM). En utilisant les résultats de segmentation obtenus par un clustering modifié par maximisation de l'espérance (Expectation Maximization), le champ de biais est ajusté comme une hyper-surface dans un hyper-espace 4D. La segmentation s'effectue selon un schéma distribué, inspiré des systèmes multi-agents, où un agent opère une segmentation dans une sous-image dans laquelle on suppose que l'INU est négligeable. Le résultat global de segmentation s'obtient par vote majoritaire au sein des agents. Ensuite, le champ de biais est corrigé sur la base du fait que les voxels appartenant au même tissu devraient avoir la même intensité dans l'ensemble de l'image. Ainsi, après avoir effectué un étiquetage non supervisé rapide et grossier des voxels par clustering distribué par parties, le champ de biais est calculé pour les voxels étiquetés de manière fiable. Pour les voxels étiquetés de manière moins fiable, le champ de biais est interpolé en utilisant une hyper-surface, estimée par une interpolation Lagrangienne 4D.

2. Formulation du problème

L'un des artefacts spécifiques à l'imagerie par résonance magnétique (IRM) est la non-uniformité de l'intensité (INU) dans le volume de données. Cet artefact consiste en une variation lente et régulière de l'intensité, quand elle devrait être la même pour tous les voxels

d'un même tissu. La non-uniformité de l'intensité (INU) est causée par plusieurs facteurs combinés, dont les deux principaux sont le manque de sensibilité de la radiofréquence (RF) des bobines et l'atténuation du signal RF à l'intérieur des tissus [SLED1998] (voir chapitre I). La difficulté d'un tel problème est qu'il ne peut pas être considéré comme un bruit gaussien additif classique qui peut être efficacement éliminé par des méthodes de débruitage. Ainsi, la non-uniformité de l'intensité, produite sous la forme d'un champ de biais, est un problème très difficile qui nécessite des méthodes spécifiques d'estimation et de correction. Les méthodes de segmentation ou de recalage d'images doivent prendre en compte le champ de biais et le traiter afin de fournir des résultats de traitement fiables. Certaines de ces méthodes procèdent conjointement à la correction du champ de biais et à la segmentation ou au recalage des images [ASHBURNER2005, SCHERRER2009, CALDAIROU2011, QIN2017, DORA2017]. Néanmoins, la plupart d'entre elles considèrent la correction du champ de biais comme une tâche de prétraitement qui précède la segmentation ou le recalage [BALAFAR2010, GONZÁLEZ-VILLÀ2016, DORA2017]. La difficulté du problème réside dans le fait que la variation d'intensité causée par le champ de biais est très lente et qu'elle est donc difficile à détecter localement.

3. Principe de la méthode proposée

La nouvelle méthode proposée pour la correction du champ de biais dans les images RM, est basée sur une segmentation rapide et grossière des données RM. En utilisant la segmentation résultante, une hyper-surface dans un espace 4D, qui modélise le champ de biais dans le volume d'image 3D entier, est ajustée en utilisant une interpolation Lagrangienne. Tout d'abord, un clustering modifié basé sur la maximisation de l'espérance (EM) est effectué sur un ensemble de sous-volumes qui se chevauchent mais couvrant ensemble le volume entier de l'image. Inspiré du paradigme multi-agents, tout sous-volume est pris en charge par un agent différent, qui opère un clustering EM en ajustant ses propres paramètres. Les résultats partiels de segmentation dans les différents volumes sont fusionnés en utilisant la règle du vote majoritaire pour les voxels qui appartiennent à plusieurs sous-volumes, et donc étiquetés différemment par plusieurs agents. Un tel clustering EM par parties permet de réduire les faux étiquetages de voxels qui se produisent lorsque le clustering est effectué dans le volume entier. L'étiquetage dans le volume entier, obtenu par fusion, résulte en trois ensembles de voxels, correspondant respectivement aux trois tissus d'intérêt de la matière cérébrale, à savoir : le liquide céphalo-rachidien (LCR), la matière grise (MG) et la matière

blanche (MB). Ensuite, seuls les voxels dont la certitude d'appartenance est élevée (étiquetage le plus sûr) sont utilisés pour estimer le champ de biais à leurs positions respectives dans l'image. En utilisant les valeurs estimées du champ de biais des voxels étiquetés de manière fiable, une hyper-surface 4D est ajustée dans l'hyper-espace 4D (X, Y, Z, I) , en utilisant une surface Lagrangienne 4D [ZAYED2001]. Sur la base de l'hyper-surface ajustée, le champ de biais est calculé pour le reste des voxels étiquetés de manière moins fiable et l'intensité peut ainsi être corrigée dans l'ensemble de l'image. Selon la littérature, l'ajustement polynomial a été utilisé à plusieurs reprises pour modéliser le champ de biais [VOVK2007, STYNER2000, KAHALI2016]. Cependant, d'une part, si les polynômes utilisés sont d'ordre faible, ils ne s'adaptent pas bien au champ de biais [KAHALI2016]. D'autre part, si l'ordre des polynômes utilisés est élevé, comme dans les polynômes de Legendre, le calcul aboutit à une explosion combinatoire du nombre de paramètres et, par conséquent, une connaissance préalable doit être fournie afin d'utiliser des polynômes de Legendre d'ordre faible [STYNER2000]. Contrairement aux méthodes de pointe qui utilisent des polynômes hautement complexes pour l'ajustement de surface du champ de biais, notre méthode est basée sur un polynôme Lagrangien, où l'ordre peut être élevé, mais le nombre de paramètres impliqués reste faible.

L'évaluation des performances d'une méthode de correction du champ de biais peut être effectuée en comparant les résultats de la segmentation sans et avec correction du champ de biais, en utilisant la même méthode de segmentation d'image [CHUA2009]. Il a été obtenu que l'estimation et la correction du champ de biais selon notre méthode, en utilisant l'algorithme de clustering EM modifié proposé, permettent d'améliorer significativement la segmentation des images RM. En outre, le coefficient de variation (CV) a été utilisé pour montrer que l'homogénéité de l'intensité a été améliorée à la fois pour les IRM simulées et les IRM réelles impliquées dans l'expérimentation.

4. Segmentation préalable et estimation et correction du champ de biais

Nous rappelons que le champ de biais, qui consiste en une non-uniformité de l'intensité du champ magnétique, provoque une variation lente et régulière de la luminance dans les images RM. Cet artefact conduit à des résultats erronés de la segmentation des images, car les voxels appartenant à un même tissu peuvent avoir des intensités significativement différentes, surtout s'ils sont éloignés les uns des autres (voir Figure 4.1). Afin de corriger l'intensité dans l'image

brute, le champ de biais doit être estimé. Dans ce travail, une hyper-surface 4D est ajustée afin de modéliser le champ de biais dans l'image 3D entière. Le principe de la méthode proposée consiste à affirmer que dans une petite région, les voxels devraient avoir la même intensité moyenne s'ils appartiennent au même type de tissu. Selon ce principe, nous procédons à des segmentations distribuées dans des petits sous-volumes dans l'IRM, où nous pouvons supposer que la variation d'intensité, due au champ de biais peut être négligée. Pour ce faire, un ensemble d'agents est placé aléatoirement dans le volume de l'IRM, et procèdent d'une manière autonome et distribuée à segmenter leurs propres sous-volumes. Une fois un agent placé à une position donnée, il délimite un sous volume de taille aléatoire autour de sa position et procède à l'étiquetage des voxels que ce sous-volume contient en utilisant l'algorithme EM avec ses propres paramètres. Quand tous les agents achèvent la segmentation de leurs sous-volumes respectifs, la segmentation de l'IRM entière est obtenue par la fusion des différentes sous-segmentations. Comme les sous-volumes se chevauchent, un voxel donné pourra être étiqueté différemment par les agents qui partagent ce voxel. L'étiquète finale du voxel est celle ayant le nombre d'occurrences maximale parmi les autres étiquètes. Ceci consiste à un vote majoritaire au sein des agents ayant étiqueté le voxel en question. Ainsi, en en supposant que la segmentation ainsi obtenue est correcte, le champ de biais à un voxel donné est exprimé par le rapport entre l'intensité du voxel et l'intensité d'un voxel sélectionné, appelé voxel de référence, qui appartient au même tissu que le voxel en question. Une telle hypothèse est basée sur le modèle suivant qui exprime comment l'image réelle I a été altérée par le champ de biais β et affectée par un bruit gaussien η , ce qui a donné l'image mesurée \hat{I} .

$$\hat{I}(x, y, z) = (I(x, y, z) + \eta(x, y, z)) \times \beta(x, y, z) \quad (4.1)$$

Ainsi, les principales étapes de l'estimation du biais et de la correction de l'intensité selon notre méthode sont les suivantes : Tout d'abord, un étiquetage des voxels est effectué par un algorithme de clustering basé sur EM qui est exécuté séparément sur plusieurs sous-volumes d'une manière distribuée en utilisant un ensemble d'agents autonomes. Ensuite, les résultats de l'étiquetage des voxels dans les différents sous-volumes sont fusionnés en utilisant la technique du vote majoritaire. Un tel clustering local permet d'éviter de rassembler des voxels qui appartiennent à un même tissu donné, mais qui ont des intensités différentes parce qu'ils sont éloignés les uns des autres. Notez qu'un clustering global qui implique l'ensemble du volume 3D entraîne un taux élevé d'étiquetages erronés des voxels, en particulier lorsque le niveau du champ de biais est élevé (voir Figure 4.1). Nous présentons donc dans la sous-

section 4.1 un nouvel algorithme itératif basé sur la méthode EM pour l'étiquetage des voxels. L'algorithme génère des sous-volumes aléatoires dans le volume d'IRM, où le champ de biais de chaque sous-volume est faible, ce qui permet un étiquetage des voxels d'une manière suffisamment fiable. Une fois que les voxels du volume entier sont étiquetés selon un schéma de fusion basé vote majoritaire, le champ de biais est d'abord estimé pour l'ensemble des voxels qui sont étiquetés de manière fiable, en fonction de leur certitude d'appartenance. Ensuite, pour chaque ensemble connecté de voxels étiquetés de manière moins fiable, où le biais n'a pas été calculé, un cuboïde est défini, dans lequel une hyper-surface 4D sera ajustée. Les points de contrôle utilisés pour ajuster l'hyper-surface sont les voxels du cuboïde où le champ de biais a été calculé. Enfin, le champ de biais des voxels du cuboïde dont l'étiquetage est moins fiable est interpolé à l'aide de l'hyper-surface ajustée (voir figure 4.2).

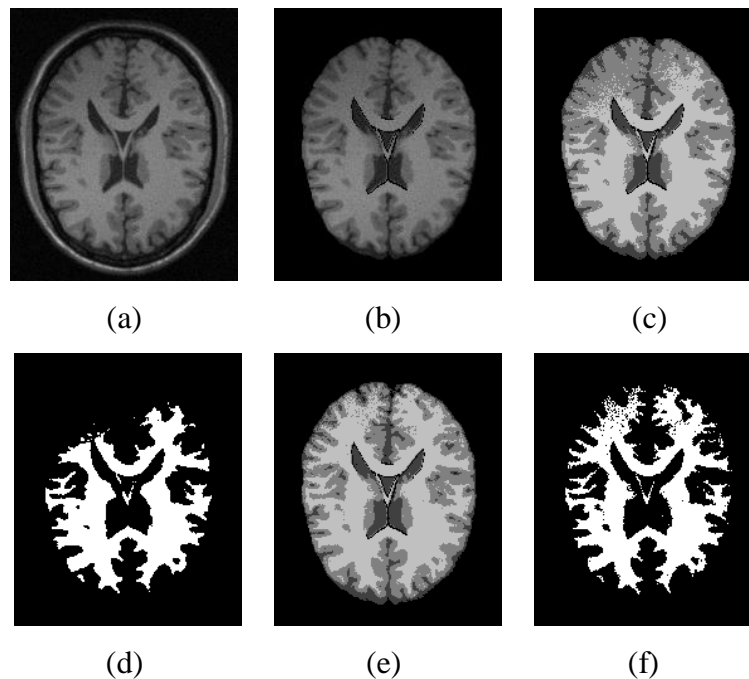


Figure 4.1. Étiquetage erroné en présence d'un INU élevé : a) IRM brute avec un niveau de bruit de 3 % et un niveau d'INU de 90 % ; b) Tissus cérébraux extraits ; c) Résultats du clustering EM global, où l'on peut remarquer la forte altération de la matière blanche en haut de l'image ; d) Matière blanche extraite, où une partie importante en haut de l'image est tronquée ; e) Étiquetage du voxel par l'EM modifié par parties; f) Matière blanche résultante.

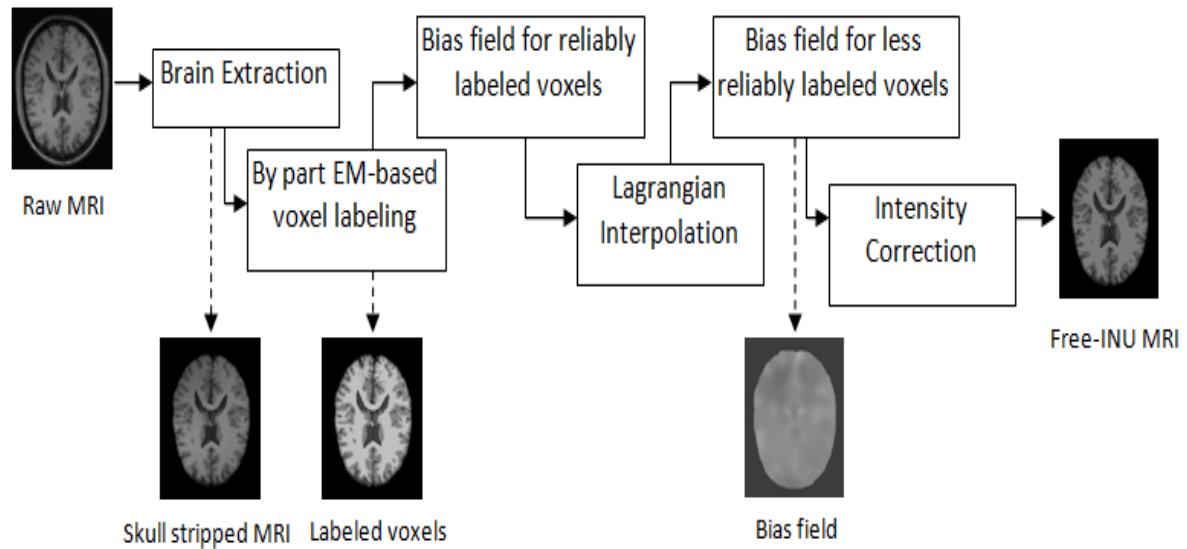


Figure 4.2. Étapes de traitement selon la méthode proposée pour l'estimation du champ de biais et la correction de l'INU.

4.1.Étiquetage des voxels par clustering itératif EM par parties

Nous supposons que les images RM sont striées de crâne, en utilisant un outil extracteur de cerveau, tel que BET de FSL [SMITH2002], dans lequel seuls les tissus cérébraux restent dans l'image, à savoir :le LCR (liquide céphalo-rachidien), la MG (matière grise) et la MB (matière blanche). Compte tenu du modèle de formation de l'image cité ci-dessus, il n'est pas nécessaire que l'image soit débruitée pour effectuer la correction du champ de biais. En effet, le biais utilisé représente le rapport entre l'image mesurée bruitée et l'image bruitée sans biais (voir la formule 1). Néanmoins, une fois le biais corrigé, il convient de débruiter l'image en supposant un modèle de bruit ou en débruitant l'image et en étiquetant les voxels conjointement, comme cela a été fait dans plusieurs travaux [DESPOTOVIC2015], étant donné qu'un débruitage global préalable pourrait aggraver le problème de l'effet de volume partiel, qui affecte les images RM [ARDIZZONE2014]. Cependant, dans ce travail, ce problème ne fait pas partie de nos intérêts.

En considérant que les données RM suivent un modèle de mélange gaussien (GMM Gaussian Mixture Model), l'algorithme EM est bien adapté à l'estimation des paramètres de distribution et à la segmentation de l'image par étiquetage des voxels. En prenant en compte la particularité du champ de biais, qui produit des intensités significativement différentes pour

l'ensemble des voxels qui appartiennent à un même tissu, le clustering EM est effectué pour un ensemble de sous-volumes avec des agents situés et autonomes, où le champ de biais est suffisamment faible dans chaque sous-volume, puis les partitions résultantes sont fusionnées. Dans un sous-volume, noté s , il devrait exister les 3 classes de tissus cérébraux, à savoir le LCR, le MG et le MB. Les paramètres à estimer par l'algorithme EM pour chaque classe de tissu T ($T = 1, 2, 3$) dans le sous-volume s sont l'intensité moyenne μ_s^T et l'écart-types σ_s^T . La densité de probabilité, en supposant un mélange gaussien, est donnée pour une classe de tissus (T), par :

$$f_T(x_i; \mu_T^s, \sigma_T^s) = \frac{1}{\sigma_T^s \sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(x_i - \mu_T^s)/2\sigma_T^s{}^2} \quad (4.2)$$

Selon ce modèle, l'adéquation du voxel i à la classe de tissus T , que nous considérons comme la certitude d'appartenance, s'exprime comme suit :

$$p_i^T = \frac{\pi_T f_c(x_i; \mu_T^s, \sigma_T^s)}{\sum_{j=1}^k \pi_T f_T(\bar{x}_j; \mu_j^s, \sigma_j^s)} \quad (4.3)$$

En utilisant la probabilité d'adéquation, les paramètres de distribution sont réajustés comme suit :

$$\mu_T^s = \frac{1}{n_T^s} \sum_i p_i^T x_i \quad (4.4)$$

$$\sigma_T^s = \frac{1}{n_T^s} \sum_i p_i^T (x_i - \mu_T^s)^2 \quad (4.5)$$

$$\pi_T = \frac{n_T^s}{n^s} \quad (4.6)$$

Où :

n^s et n_T^s sont respectivement la taille de l'ensemble de tous les voxels dans le sous-volume considéré s , et la taille du cluster correspondant à la classe de tissu T dans le même sous-volume.

Pour assurer l'intégrité des étiquettes dans les différents sous-volumes, chacun de ces derniers doit contenir toutes les étiquettes considérées (LCR, MG et MB). Ainsi, un sous-volume est défini aléatoirement dans le volume global et après l'exécution du clustering EM par l'agent qui lui est dédié, le sous-volume ne sera retenu que si les 3 étiquettes sont présentes. Sinon, le sous-volume est rejeté et un autre est réinitialisé de manière aléatoire par l'agent. Comme les sous-volumes sont sélectionnés de manière aléatoire et donc certains se chevauchent entre eux, un voxel donné peut être étiqueté plusieurs fois en fonction des différents sous-volumes auxquels il appartient. De plus, les étiquettes attribuées à un même voxel peuvent être différentes d'un sous-volume à l'autre, car les volumes en disposent de paramètres différents. Quand tous les agents terminent leurs segmentations respectives au sein de leurs sous-volumes, il sera calculé pour chaque voxel, les occurrences des étiquettes qui lui ont été attribuées lors du clustering local qui inclut le voxel. Le label retenu pour un voxel donné est celui ayant le nombre maximum d'occurrences.

L'algorithme suivant montre comment le clustering itératif par parties est réalisé. Nous avons opté pour un clustering basé sur EM plutôt que sur k -means, car le premier fournit pour chaque voxel la certitude d'appartenance à un cluster donné. Cette certitude nous permet de sélectionner uniquement les voxels qui appartiennent certainement à leurs tissus respectifs et ce pour estimer les surfaces d'interpolation du champ de biais. Le clustering k -means, qui n'utilise pas un mélange de distributions, ne peut pas quantifier la certitude d'appartenance aux clusters et ne permet donc pas de sélectionner des voxels étiquetés de manière fiable.

Algorithm Iterative EM Clustering by Parts()

Inputs: Skull stripped MRI volume

Outputs: Labels

Forevery voxel v in the MRI volume **do**

Forevery label l **do**

 LabelOccurencies[v][l] $\leftarrow 0$

end for

end for

NumberIterations $\leftarrow 0$

Repeat

Create Agent A

repeat

 A.Subvolume \leftarrow random subvolume ($x_t, y_t, z_t, x_b, y_b, z_b$)

 A.Perform EM Clustering in Subvolume

Until Number of labels in A.Subvolume = 4 // background included

Forevery voxel v in Subvolume **do**

$l \leftarrow$ label of v

 LabelOccurencies[v][l] ++

end for

 NumberIterations ++

Unti INumberIterations = maxIterations

For every voxel v in the MRI volume **do**

 Labels[v] \leftarrow ArgMax _{l} (Label Occurencies[v][l], $l \in [0..3]$) // 0: background

end for

À la suite de cette première étape, nous obtenons une segmentation de l'image, où chaque voxel est assigné à une classe de tissus avec sa certitude d'appartenance. Pour chaque classe de tissus, les voxels qui seront utilisés pour estimer le champ de biais sont ceux dont la

certitude d'appartenance est supérieure à un seuil T_p donné, qui sera fixé expérimentalement en utilisant un ensemble d'IRM avec leur segmentation de réalité terrain (voir section 5).

4.2. Estimation du champ de biais et correction des intensités

La non-uniformité de l'intensité du au champ de biais conduit à une disparité des valeurs d'intensité des voxels appartenant à un même tissu. Elle consiste en une variation lente de l'intensité selon un pattern inconnu. Ce dernier doit donc être estimé afin de pouvoir corriger les intensités. Dans notre travail, nous calculons un étiquetage initial des voxels afin d'estimer le champ de biais et de corriger ensuite les intensités. Ainsi, une segmentation grossière de l'image est effectuée en utilisant un algorithme EM exécuté par parties par un ensemble d'agents dans le volume global. Après avoir fusionné les résultats des étiquetages partiels et avoir obtenu les étiquettes finales affectées aux voxels de l'image, le champ de biais est estimé comme une hyper-surface β , où $\beta(x,y,z)$ exprime le rapport entre l'intensité moyenne autour du voxel (x,y,z) et l'intensité moyenne à un voxel de référence (x_r,y_r,z_r) appartenant au même type de tissu et ayant la meilleure certitude d'appartenance parmi tous les voxels du sous-volume courant. Nous considérons un voisinage de 3×3 voxels autour d'un voxel donné pour calculer la valeur d'intensité moyenne.

$$\beta(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{z}) = \frac{\hat{\tilde{I}}(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{z})}{\hat{I}(\mathbf{x}^r, \mathbf{y}^r, \mathbf{z}^r)} \quad (4.7)$$

Dans laquelle,

$$\hat{\tilde{I}}(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{z}) = \frac{1}{|\chi(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{z})|} \sum_{i \in \chi(\mathbf{x}_i, \mathbf{y}_i, \mathbf{z}_i)} \hat{I}(\mathbf{x}_i, \mathbf{y}_i, \mathbf{z}_i) \quad (4.8)$$

où :

$\chi(\mathbf{x}_i, \mathbf{y}_i, \mathbf{z}_i)$ est l'ensemble des voxels voisins $\{(x_i, y_i, z_i)\}$ de (x, y, z) qui appartiennent au même tissu.

Pour le traitement précédent, nous ne considérons que les voxels $\{i\}$ qui appartiennent certainement à leurs classes de tissus respectives. Un voxel i est retenu pour l'estimation du biais, si sa certitude d'appartenance, exprimée par la probabilité p^T_i est supérieure à un seuil T_p . Pour le reste des voxels, le champ de biais est calculé par interpolation en utilisant une

hyper-surface Lagrangienne [ZAYED2001] que nous introduisons dans ce travail. L'hyper-surface est calculée en utilisant un ensemble de voxels, échantillonnés parmi ceux pour lesquels le champ de biais a été estimé. Pour chaque ensemble de voxels connectés non étiquetés, pour lesquels nous cherchons à calculer le champ de biais, une zone de volume inclus est définie pour cet ensemble. Dans ce volume, un ensemble Ω de voxels étiquetés distribués de manière approximativement uniforme est sélectionné (voir figure 4.3(c)). Cet ensemble est utilisé comme points de contrôle pour générer l'hyper-surface Lagrangienne, en estimant le champ de biais dans cette zone (voir Figure 4.3(d)).

L'hyper-surface interpolée Lagrangienne, $\hat{\beta}(x,y,z)$ dans une zone de volume inclus est exprimée comme suit :

$$\hat{\beta}(x, y, z) = \sum_{k \in \Omega} \beta_k \frac{\prod_{i \neq k} (x-x_i)(y-y_i)(z-z_i)}{\prod_{i \neq k} (x_k-x_i)(y_k-y_i)(z_k-x_i)} \quad (4.9)$$

Où :

$\{(x_k, y_k, z_k) \in \Omega\}$ est l'ensemble des points de contrôle dans la zone du volume inclus utilisé pour exprimer le polynôme Lagrangien.

De plus, un point donné (x_k, y_k, z_k) est retenu comme point de contrôle seulement si : premièrement il a été étiqueté comme appartenant à un tissu et deuxièmement sa certitude d'appartenance est supérieure au seuil T_p .

Une fois le champ de biais calculé dans l'ensemble du volume IRM, l'intensité du voxel $\hat{I}^c(x,y,z)$ à chaque voxel (x,y,z) du volume est corrigée comme suit :

$$\hat{I}^c(x, y, z) = \hat{I}(x, y, z) \times \hat{\beta}(x, y, z) \quad (4.10)$$

L'image corrigée obtenue \hat{I}^c est considérée comme exempte de champ de biais et elle peut être utilisée pour un traitement ultérieur, comme une segmentation d'image plus précise ou un recalage d'image.

Contrairement aux méthodes non basées sur l'interpolation, telles que celles basées sur les B -splines [LETCHE2012], la correction de l'INU proposée, basée sur l'interpolation Lagrangienne, permet de préserver les valeurs du champ de biais au niveau des voxels

Chapitre IV. Une modélisation en hyper-surface et une correction du champ de biais en IRM cérébrale

étiquetés de manière fiable, en considérant que ces derniers ne sont pas affectés par d'autres artefacts, tels que le bruit ou l'effet de volume partiel. Pour les voxels étiquetés de manière moins fiable, le champ de biais est estimé par l'interpolation Lagrangienne, ce qui permet d'obtenir une valeur meilleure que celle calculée directement (selon la formule 4.7).

La méthode proposée peut être exprimée globalement selon l'algorithme suivant :

Algorithm2 INU Correction()

Inputs: MRI volume

Outputs: Free-INU Skull stripped MRI volume

- MRI Skull Stripping by BET
- Labels \leftarrow EM-Clustering-by part (Skull Stripped MRI)

Foreach connected part CP of homogeneous voxels in Skull stripped MRI **do**

- $Set_1 \leftarrow$ Set of reliably labeled voxels of CP
- $Set_2 \leftarrow$ Set of less reliably labeled voxels of CP // $Set_2 = CP - Set_1$
- Compute the bias field B according formula 4.7 for the voxels in Set_1
- Compute Lagrangian polynome using bias fiels of all connected parts of Set_1 (formula 4.9)
- Estimate the bias field of set_2 using the computed Langrangian polynomial (using formula 4.9)

end For

Correct the MRI INU for all the voxels (formula 4.10)

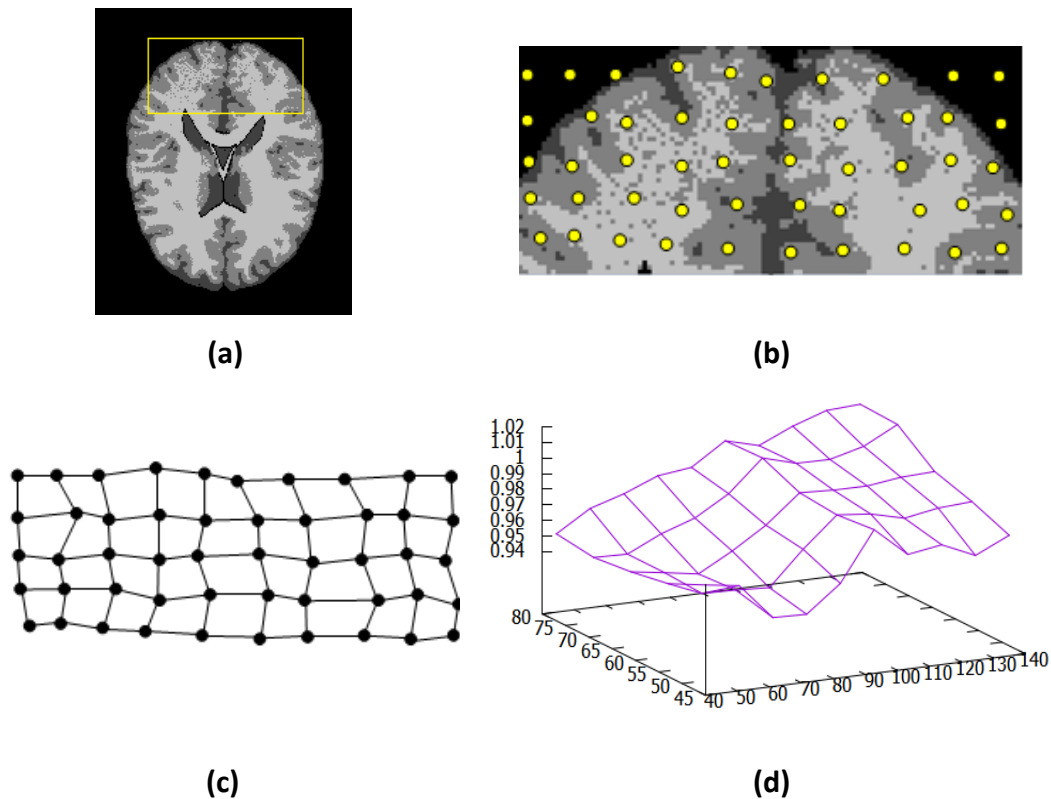


Figure 4.3. Sélection des points de contrôle pour l'ajustement de l'hyper-surface : a) Coupe d'une IRM clustérisée, b) Sélection des points sur la grille 2D : pour chaque position régulière sur la grille, on sélectionne le meilleur voxel du voisinage, ayant la plus grande certitude d'appartenance, c) Points de contrôle pour l'interpolation Lagrangienne, d) Surface du champ de biais. La surface 3D est la projection de la surface 4D sur l'espace (X,Y,I) correspondant à la tranche 2D considérée.

5. Expérimentation

Nous avons expérimenté notre méthode sur des IRM simulées provenant de la base de données « *Brain Web* » (<https://brainweb.bic.mni.mcgill.ca>) et sur des IRM réelles provenant de la base de données *Internet Brain Segmentation Repository* « *IBSR* » (<https://www.nitrc.org/projects/ibsr>).

Les IRM simulées provenant de la base de données *Brain Web* ont été largement utilisées dans des travaux similaires, étant donné que la plateforme *Brain Web* permet de personnaliser les niveaux d'artefacts, en particulier les INU. Toutes les IRM simulées utilisées

ont une taille de $181 \times 217 \times 181$ voxels. *Brain Web* fournit également une segmentation de référence qui nous permet de quantifier l'efficacité de notre méthode en comparant les résultats de la segmentation avant et après la correction du champ de biais. Nous avons considéré plusieurs IRM, toutes en modalité T1. L'INU des IRM considérées varie dans $\{30\%, 40\% \text{ et } 70\%\}$ et le bruit dans $\{3\%, 5\%\}$. Pour les IRM réelles de la base de données IBSR, les 18 IRM avec crâne strié ont été considérées. Chaque IRM de l'*IBSR* est un volume de $256 \times 256 \times 128$ voxels. Nous quantifions l'efficacité de la correction d'intensité par deux méthodes différentes : Premièrement, en mesurant la qualité de la segmentation de l'IRM en se référant à sa segmentation de réalité terrain, fournie par les bases de données utilisées. Deuxièmement, en mesurant le coefficient de variation obtenu pour chaque image avant et après la suppression du champ de biais. Pour la première méthode, nous utilisons l'indice de chevauchement de Dice (κ). Pour une classe de tissus donnée T, il s'exprime comme suit :

$$\kappa_T = 2 \times TP_T / (2 \times TP_T + FP_T + FN_T) \quad (4.11)$$

où TP_T , FP_T et FN_T sont respectivement les nombres de voxels correctement étiquetés (vrais positifs), de voxels faussement étiquetés comme appartenant à la classe de tissus T (faux positifs) et de voxels faussement étiquetés n'appartenant pas à la classe de tissus T (faux négatifs). L'indice de Dice exprime le chevauchement entre la segmentation résultante et la segmentation de la réalité terrain, qui exprime à son tour plusieurs aspects, dont la précision. Pour la deuxième méthode, le coefficient de variation est calculé comme suit :

$$CV_T = \sigma_T / \mu_T \quad (4.12)$$

Il permet d'estimer la quantité de variation autour de la valeur moyenne. Lorsque CV_T est faible, la non-uniformité de l'intensité est bien corrigée pour la classe de tissu T.

5.1. Initialisation des seuils

Un seul seuil, T_p est utilisé pour notre méthode d'estimation du champ de biais que nous initialisons expérimentalement en utilisant un ensemble d'IRMs avec leur segmentation de réalité terrain, comme ensemble d'apprentissage. Ce dernier est composé de 6 IRMs, obtenues en faisant varier le couple (N%, INU%) dans $\{1,3,5\} \times \{20,60\}$. La valeur optimale de T_p correspond au maximum des moyennes de κ pour la matière grise dans l'ensemble de l'apprentissage.

Tableau 4.1. Initialisation du seuil T_p en fonction de l'indice κ pour les images MR d'entraînement.

T_p	0,50	0,55	0,60	0,65	0,70	0,75	0,80	0,85	0,90	0,95
κ	0,84	0,85	0,87	0,91	0,91	0,92	0,92	0,90	0,90	0,84

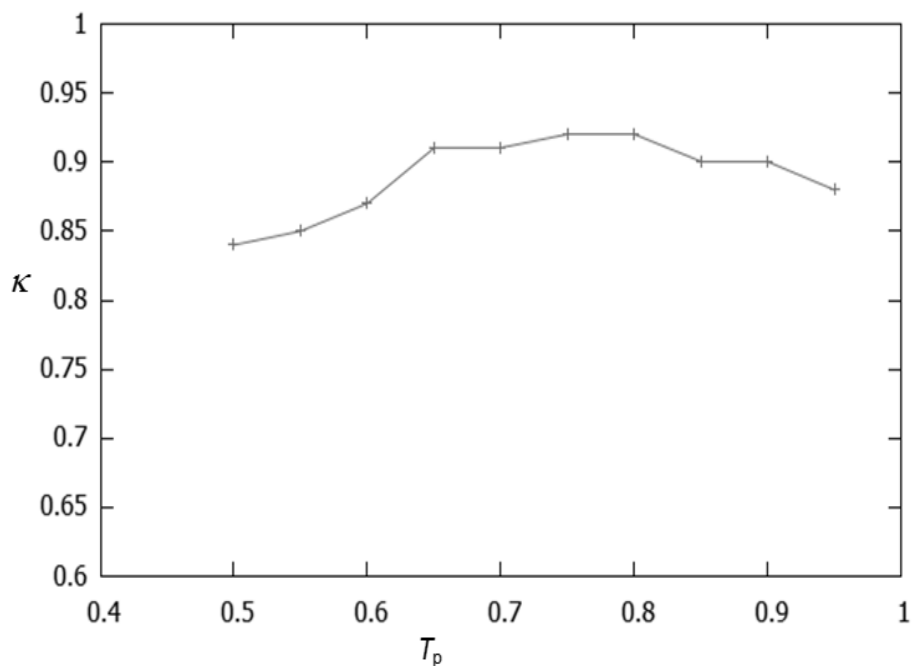


Figure 4.4. Indice moyen en fonction du seuil T_p .

Le tableau 4.1 et la figure 4.4 montrent la variation de la moyenne κ pour la matière grise. Selon les résultats obtenus, T_p est fixé à 0,775.

5.2. Résultats expérimentaux

Nous considérons uniquement les IRM correspondant à des sujets sains, où l'objectif est de corriger l'INU après la segmentation en extrayant les trois tissus de l'IRM (CSF, GM et WM). Pour réaliser une segmentation entièrement automatique, nous devons définir automatiquement la classe de tissu T en fonction du tissu auquel nous nous intéressons. Pour

ce faire, nous tenons compte du fait que le volume de matière grise est le plus grand, et celui du liquide céphalorachidien est le plus petit (voir la figure 4.5). Le volume de la matière blanche se situe au milieu [ANGELINI2007].

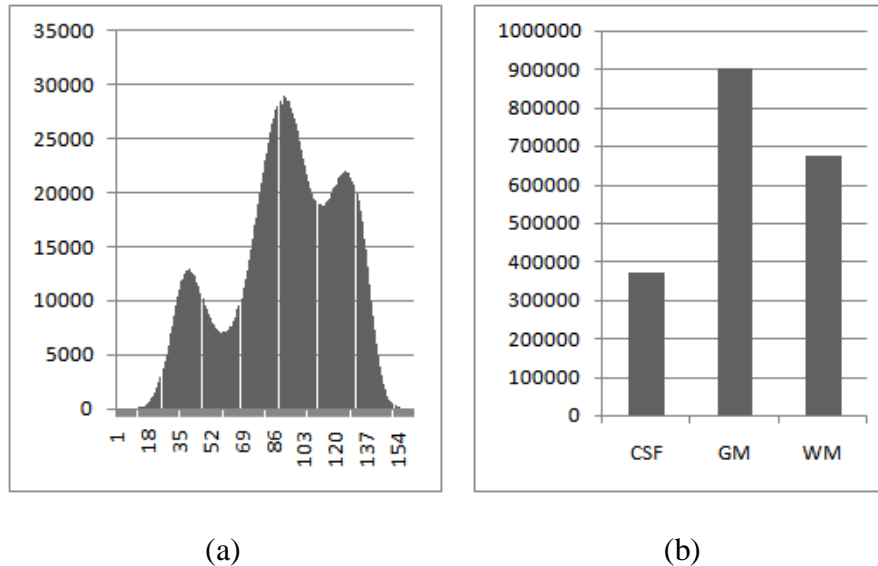


Figure 4.5. Distributions des intensités dans une IRM type :

a) Les modes du diagramme, en partant de la gauche, correspondent respectivement au CSF, au GM et à la WM, b) Distribution des étiquettes dans la segmentation de la réalité terrain correspondante.

5.2.1. Évaluation de la correction de l'INU par comparaison avec la segmentation

La figure 4.6 montre les étapes de la correction du champ de biais et l'étiquetage obtenu des tissus d'intérêt : CSF, GM et WM. L'IRM a été générée en fixant le niveau de bruit $N\%$ à 3 et le champ de biais $INU\%$ à 50. En observant les images du clustering EM par parties (voir la sous-section 4.1), avant et après la correction du champ de biais, nous pouvons voir l'ensemble des voxels où les étiquettes ont été corrigées, en particulier les voxels en haut de l'image après la correction du biais. Le champ de biais de la figure 4.7 est une projection de l'hyper-surface sur l'espace 3D (X, Y, I) , ce qui donne une surface 3D conventionnelle.

Tableau 4.2. Coefficient de Dice pour plusieurs IRM obtenues par différentes combinaisons du bruit N% et de la non-uniformité d'intensité INU% avant et après correction du champ de biais.

		Après correction du biais		Avant correction du biais	
		N%=3	N%=5	N%=3	N%=5
INU%=30	Dice(WM)	93,87	92,60	90,82	88,43
	Dice(GM)	92,01	90,58	87,14	84,21
	Dice(CSF)	86,74	84,73	81,52	80,81
INU%=40	Dice(WM)	92,85	92,46	89,49	87,73
	Dice(GM)	92,01	90,58	87,14	84,21
	Dice(CSF)	84,21	82,76	79,63	78,93
INU%=70	Dice(WM)	91,52	90,94	87,34	85,15
	Dice(GM)	90,82	89,59	86,38	85,13
	Dice(CSF)	83,64	81,19	77,14	74,24

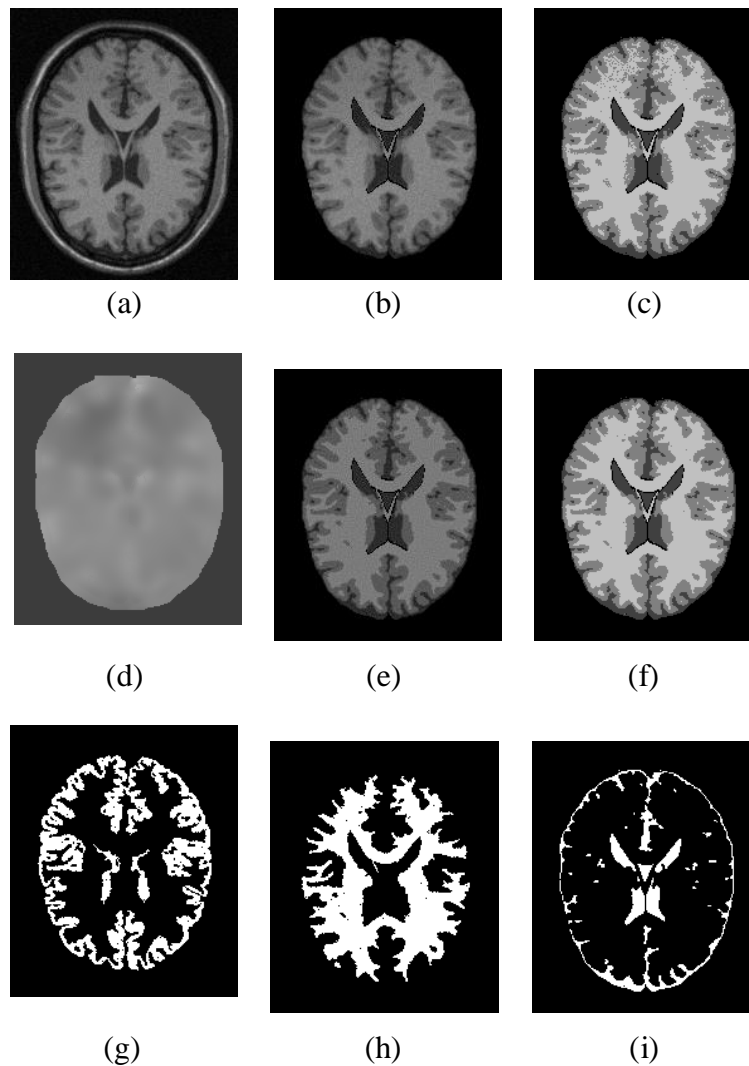


Figure 4.6. Étapes de la correction du champ de biais :

- a) IRM brute (avant la suppression du crâne), b) IRM après suppression du crâne, c) clustering EM avant la correction du champ de biais, d) Coupe du champ de biais (projection) e) Cerveau après correction du champ de biais, f) clustering EM après correction du champ de biais, g) GM extrait, h) WM extrait et i) CSF extrait.

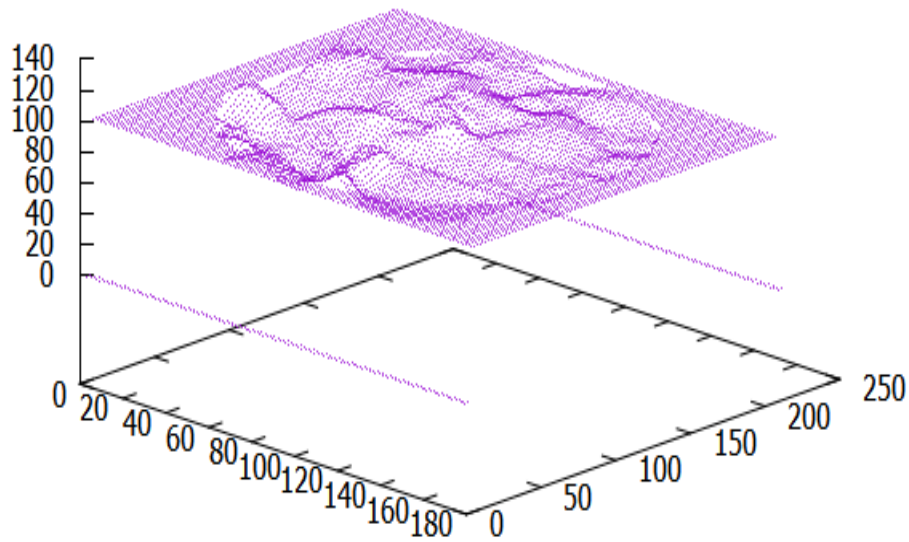


Figure 4.7. Projection du champ de biais dans l'espace 3D (X, Y, I) correspondant à une tranche pour laquelle Z est fixé.

Le tableau 4.2 et la figure 4.8 montrent comment l'estimation et la correction du champ de biais ont permis d'améliorer l'étiquetage des voxels dans les différents tissus. Nous pouvons remarquer que pour différentes combinaisons de niveau de bruit et de niveau d'INU, la disparité d'intensité a été corrigée dans les images même avec des valeurs élevées de bruit et d'INU, conduisant à de meilleures valeurs du coefficient de Dice.

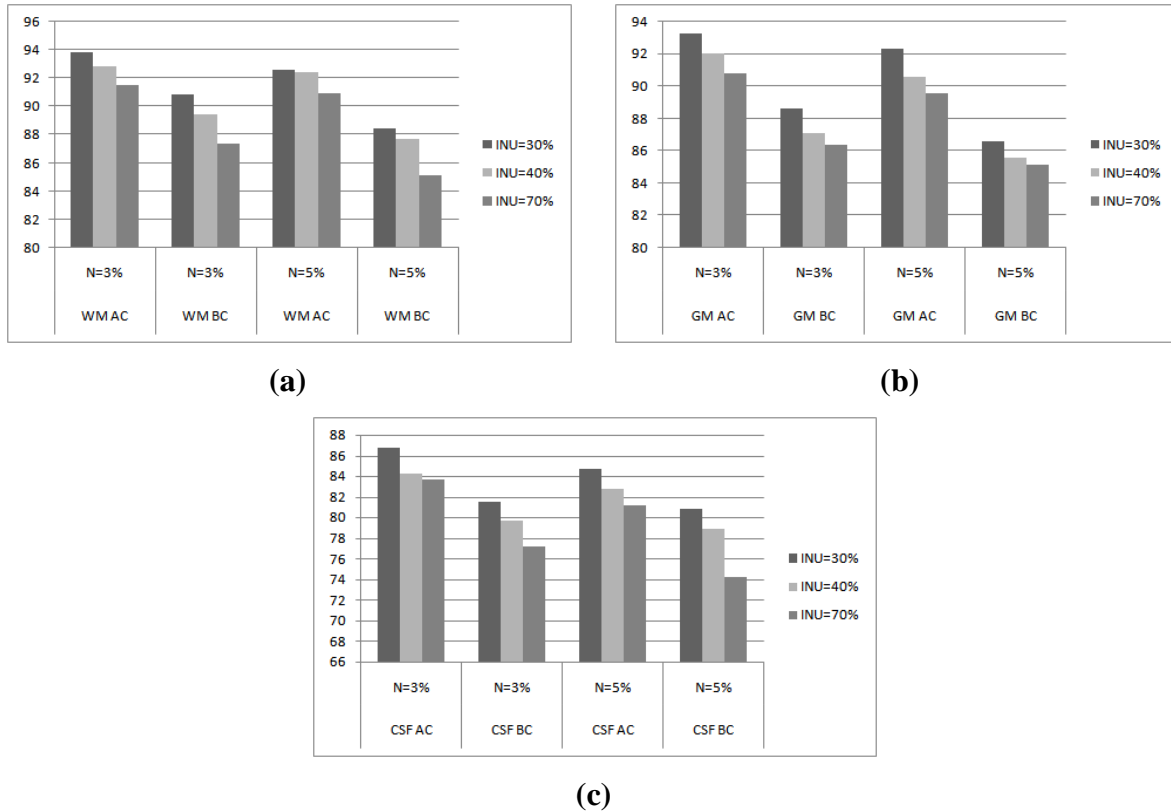


Figure 4.8. Coefficient de Dice selon les différents tissus et selon plusieurs combinaisons d'artefacts (N% et INU%) :a) WM avant correction (BC) et après correction (AC) , b) GM (BC et AC) et c) CSF (BC et AC). Pour toutes les combinaisons, l'étiquetage des voxels était significativement amélioré après la correction du champ de biais.

5.2.2. Évaluation à l'aide du coefficient de variation

Le coefficient de variation est une évaluation indirecte de la performance de la correction du champ de biais [CHUA2009], exprimé comme la fraction de l'intensité moyenne μ_T d'une classe de tissus T donnée par rapport à son écart type σ_T . Pour une classe de tissus T, il est exprimé comme suit :

$$CV_T = \frac{\sigma_T}{\mu_T} \quad (4.12)$$

Des valeurs faibles de CV indiquent un champ de biais faible. Ainsi, lorsque le CV diminue de manière significative après la correction du champ de biais, cela reflète une bonne

performance de la méthode utilisée. En outre, le coefficient de variation peut être utilisé comme une métrique pour comparer les méthodes de correction du champ de biais.

Les résultats obtenus, exprimés par le coefficient de variation, ont été comparés à certains travaux bien référencés dans la littérature. Il s'agit respectivement des travaux de Ashburner et Friston [ASHBURNER1998], Guillemaud et al. [GUILLEMAUD1998], Gisper et al. [GISPERT2004] et Ardizzone et al. [ARDIZZONE2014]. Dans le premier travail, les auteurs se sont appuyés sur l'ajustement de surface du champ de biais après avoir considéré les données d'image comme un modèle de mélange. Dans le second travail, les auteurs combinent le filtrage homomorphique et la convolution normalisée après avoir opéré une segmentation grossière pour séparer les tissus du fond de l'image. Gisper et al. ont présenté un algorithme adaptatif local basé sur la minimisation du taux d'erreur de classification (CER) entre les différents tissus cérébraux. Enfin, Ardizzone et al. ont utilisé le Homomorphic Unsharp Masking (HUM), qui est une technique de filtrage pour la correction des INU, sans produire le halo autour des bords, ce qui a donné lieu à une compensation du halo basée sur le HUM (HC-HUM). A titre de comparaison et comme pour les auteurs concernés, nous avons considéré différents niveaux d'INU, qui sont respectivement de 20%, 40% et 70%. Le tableau 4.3 et la figure 4.9 montrent les plages du coefficient de variation pour les méthodes impliquées dans la comparaison et pour les différents niveaux d'INU. Pour les différents tissus (CSF, GM et WM) et pour les différents niveaux d'INU considérés (20, 40 et 70%), la méthode proposée [Azzouz2021] est plus performante que la plupart des méthodes impliquées dans la comparaison. En effet, elle est plus performante que les méthodes de Ashburner et al. Guillemaud et al. Et Gisper et al. pour tous les tissus et tous les niveaux d'INU considérés. De même, la méthode proposée est plus performante que celle d'Ardizzone et al. dans 66% des cas (tissus et INU). Nous notons ici que l'utilisation d'IRM simulées à partir du jeu de données *Brain Web*, comme la plupart des travaux qui ont traité du champ de biais dans les IRM, permet de bien comprendre comment les IRM sont affectées par le champ de biais et de montrer comment les méthodes de correction fonctionnent, et ce selon des différents niveaux d'artefacts, en particulier le champ de biais.

Tableau 4.3. Coefficient de variation obtenu par les méthodes impliquées dans la comparaison, pour différents niveaux d'INU.

INU level									
Méthode	20%			40%			70%		
	CSF	GM	WM	CSF	GM	WM	CSF	GM	WM
[GUILLEMAUD1998]	0,209	0,093	0,047	0,208	0,093	0,047	0,212	0,096	0,050
[ASHBURNER1998]	0,227	0,091	0,042	0,229	0,091	0,043	0,235	0,094	0,045
[GISPERT2004]	-	0,090	0,059	-	0,076	0,076	-	-	-
[ARDIZZONE2014]	0,208	0,078	0,022	0,207	0,078	0,022	0,211	0,081	0,024
[AZZOUZ2021] (la nôtre)	0,193	0,073	0,028	0,195	0,075	0,031	0,203	0,079	0,039

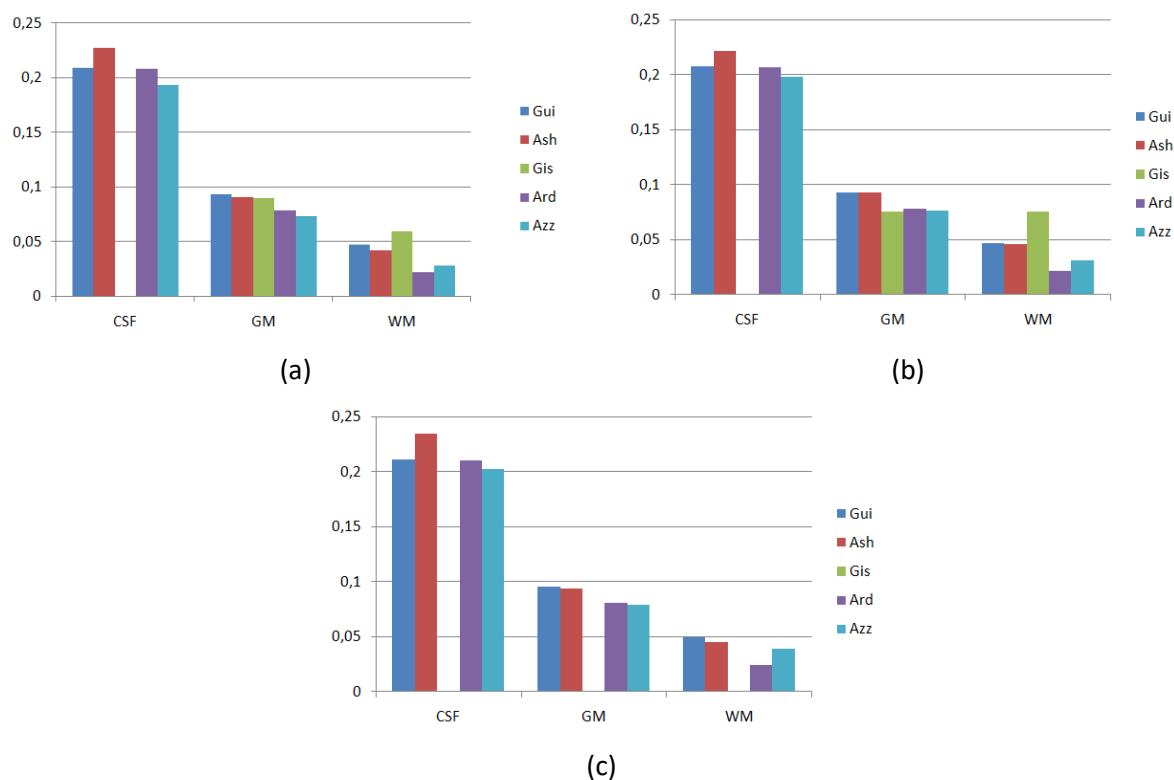


Figure 4.9. Comparaison des coefficients de variation pour différents niveaux d'INU.

En considérant les IRM réelles de l'*IBSR*, les résultats de la correction du champ de biais, exprimés par le coefficient de variation, ont été considérablement améliorés. La figure 4.10 montre un échantillon d'une IRM d'*IBSR* et le champ de biais calculé. La figure 4.11

montre les valeurs du *CV* pour les 18 IRM de la base d'images. Les résultats obtenus pour les 18 IRM réelles, exprimés par le *CV* avant et après correction, montrent que le champ de biais a été corrigé de manière significative pour l'ensemble des images.

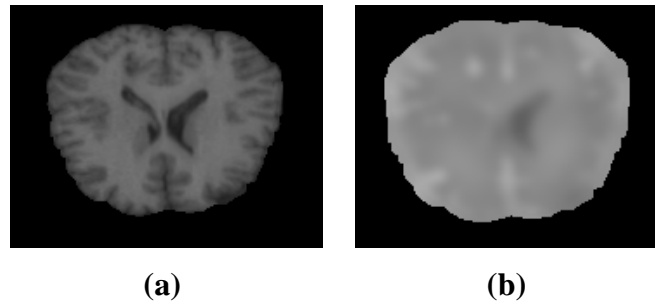


Figure 4.10. Champ de biais dans un échantillon d'IRM *IBSR* réelle :
a) IRM brute, b) champ de biais calculé.

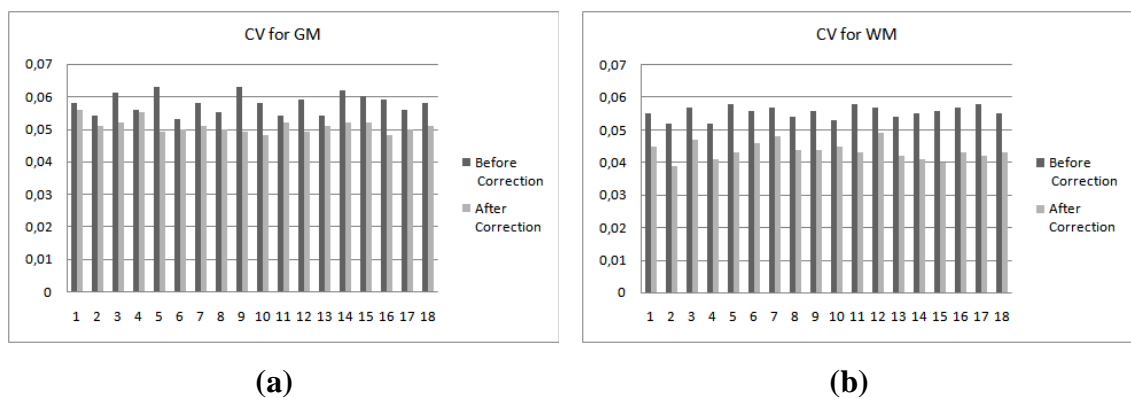


Figure 4.11. CV avec *IBSR* :

- a) CV moyen avant correction pour les 18 IRM de l'ensemble de données *IBSR*,
b) CV moyen après correction.

5.3. Analyse des résultats et discussion

Les résultats obtenus pour la segmentation d'IRM bruyantes affectées par différents niveaux de non-uniformité d'intensité ont été considérablement améliorés par la méthode proposée. Dans ce travail, nous avons opté pour le clustering EM effectué par parties dans plusieurs sous-volumes, opéré par un ensemble d'agents autonomes, et ce afin de produire un étiquetage rapide et suffisamment fiable des voxels. Avec l'algorithme de clustering EM modifié proposé dans ce travail, les voxels restants, pour lesquels la certitude d'appartenance est inférieure au seuil T_p et le champ de biais n'a pas été initialement estimé ne sont pas nombreux. Pour de tels ensembles de voxels, il a toujours été possible de définir un sous-volume englobant, qui contient suffisamment de voxels pour lesquels le champ de biais a été calculé. Ces derniers sont utilisés comme points de contrôle pour l'ajustement d'une hyper-surface qui sera utilisée par la suite pour interpoler le champ de biais au niveau des voxels moins bien étiquetés. Pour contraster notre méthode, nous rappelons que la plupart des méthodes proposées pour la modélisation du champ de biais et la correction de l'intensité sont basées sur la méthode bayésienne ou markovienne [VOVK2007, SONG2017]. Elles procèdent par le calcul simultané de l'image restaurée I , du champ de biais β et du bruit η , en considérant différents aprioris. D'autres sont basées sur l'optimisation, comme celles qui utilisent certaines fonctions objectives, exprimant dans la plupart des cas une fonction d'énergie qui doit être minimisée [SHAN2018, WANG2018]. Dans notre cas, nous avons opté pour une première méthode d'étiquetage rapide des voxels qui produit une segmentation grossière de l'image. Cette dernière est utilisée pour estimer et corriger l'INU, puis l'étiquetage final des voxels est effectué en utilisant les données corrigées. De plus, l'utilisation de voxels étiquetés de manière très fiable pour ajuster l'hyper-surface de biais a permis d'obtenir une interpolation précise pour les voxels étiquetés de manière moins fiable.

6. CONCLUSION

Nous avons introduit dans ce chapitre une nouvelle méthode d'estimation et de correction du champ de biais dans les images RM. Le calcul du champ de biais est nécessaire pour obtenir de meilleurs résultats de segmentation pour ces images. Contrairement à l'approximation *B-spline*, nous avons opté pour une interpolation Lagrangienne afin d'estimer le champ de biais dans l'ensemble du volume de données 3D comme une hyper-surface dans un espace 4D. Ce choix permet de calculer avec précision le champ de biais pour les voxels qui sont étiquetés de manière fiable et de l'approximer pour les voxels restants qui sont étiquetés de manière moins fiable. Pour cela, nous avons introduit la certitude d'étiquetage des voxels pour sélectionner les voxels qui seront considérés comme des points de contrôle pour l'interpolation Lagrangienne. Les voxels étiquetés de manière fiable permettent de calculer une estimation fiable du champ de biais. De telles améliorations ont été possibles en introduisant un clustering EM par parties en utilisant plusieurs agents opérant sur des sous-volumes restreints qui permettent de produire un étiquetage utilisable même si les niveaux des différents artefacts sont élevés dans le volume IRM, en particulier le niveau d'INU. Les résultats expérimentaux utilisant plusieurs IRM en considérant différentes combinaisons de niveaux de bruit et d'INU et la comparaison avec d'autres méthodes de la littérature, ont montré l'efficacité de la méthode proposée pour estimer et corriger le champ de biais dans les images RM. Comme la plupart des méthodes de correction du champ de biais dans les IRM, notre méthode ne tient pas compte des IRM de référence fournies par différentes bases de données d'IRM. Ainsi, dans des travaux futurs, il est possible de considérer d'autres modèles pour les hyper-surfaces en intégrant les données et en utilisant des méthodes d'apprentissage automatique. De plus, la sélection de voxels fiables pour l'ajustement de la surface était ad hoc, donc une sélection basée sur l'apprentissage automatique améliorera la précision de l'hyper-surface calculée qui modélise le champ de biais.

Conclusion générale

Conclusion générale

Segmenter efficacement une image médicale était et demeure un objectif ultime pour l'établissement d'un diagnostic fiable des pathologies qui peut en contenir. Malgré la maturité de la discipline, de nouvelles méthodes de segmentation en imagerie médicale continuent de voir le jour, en s'attaquant à divers problèmes inhérents à ce type d'images. Dans le cadre de cette thèse, nous nous sommes penchés sur deux problèmes parmi les nombreux problèmes relatifs à l'imagerie médicale : le temps de calcul qui est très élevé par rapport aux praticiens, et deuxièmement, l'artéfact de la non uniformité des d'intensités qui peut fausser les diagnostics médicaux.

Par ailleurs, en constatant l'absence des archives annotées des images médicales au niveau des hôpitaux, nous nous sommes dirigés vers des méthodes ne nécessitant pas d'apprentissage, au moins intensifs, à partir de gros data sets d'images. En effet, nous nous sommes contentés au calcul des paramètres des différentes méthodes proposées en utilisant que deux data sets de référence, à savoir « Brain Web » et IBSR.

Au terme de cette thèse, nous avons contribué à la résolution de ces deux problématiques en proposant de nouvelles méthodes, à la fois pour la segmentation structurelle des IRM par combinaisons de méthodes de bases rapide et en adoptant un formalisme probabiliste, et à la correction de l'artéfact de l'INU par modélisation en hyper-surfaces. En segmentation d'image, nous avons proposé une nouvelle méthode de classification de tissus cérébraux en combinant deux méthodes de base, une par clustering en utilisant l'algorithme EM (Expectation Maximization), et l'autre par accroissement de région. Le calcul de deux volumes de probabilités selon des distributions différentes et selon des ensembles de paramètres différents, nous ont permis de mettre en œuvre un ensemble de règles dont l'application améliore l'étiquetage d'ensemble de voxels initialement faussement étiquetés, par les deux méthodes quand elles sont appliquées séparément. Les résultats d'évaluation en utilisant

base d'images RM simulées (Brain Web) et une base d'images RM réelles (IBSR) ont montré le potentiel de l'approche de combinaison proposée pour une segmentation efficace et rapide.

En correction de l'artéfact de l'INU, nous avons également proposé une nouvelle méthode basée à la fois sur une segmentation grossière et rapide des IRM en utilisant une version améliorée de l'algorithme EM. De plus, et afin de limiter l'effet de l'INU lors de la première segmentation, des agents affectés aux sous volumes et utilisant l'algorithme EM segmentent leur sous volumes respectifs, puis les résultats sont fusionnés selon la règle du vote majoritaire au sein de l'ensemble des agents. Ceci nous a permis d'une part limiter l'effet de l'UNI au sein des sous volumes, et d'autre part de paralléliser les traitements.

Ainsi, la localité du traitement a permis deux gains principaux : 1) le traitement est parallélisable et les résultats sont intégrables par vote majoritaire, et 2) dans une localité restreinte, l'INU est faible de sorte que les paramètres des distributions gaussiennes seront assez fiables pour produire une classification correcte des tissus.

La méthode proposée a été testée en utilisant les deux bases d'images de référence en matière de segmentation d'IRM structurelles et pathologiques, et les résultats d'évaluation et de comparaison avec des méthodes de la littérature ont montré la force de la méthode proposée pour une correction efficace de l'INU.

En conclusion à tout ce qui a été fait dans cette thèse, et en considérant les résultats expérimentaux obtenus, nous pensons que nous pouvons conclure que non seulement la diversité des données, notamment d'apprentissage, est bénéfique pour la segmentation des IRM, mais aussi la diversité des méthodes, dont la complémentarité permet de combler mutuellement les insuffisances des unes et des autres, et ainsi assurer également un boosting de la segmentation. Cependant, et face aux volumes des IRM qui ne cessent de croître avec l'avènement de dispositifs technologiques de plus en plus performants, il est impératif d'accorder un intérêt particulier à la complexité des algorithmes utilisés en segmentation, et de proposer des approches parallèles et distribuées pour en assurer des résultats en un temps raisonnable et acceptable par les

praticiens de la santé, qui auront à demander de l'aide aux machines pour l'interprétation des IRM en vue d'établir des diagnostic fiables et rapides.

Dans la perspective de travaux futurs, nous aborderons en premier lieu l'intégration des deux méthodes proposées, en essayant de combiner les volumes de probabilités en les calculant localement. Par ailleurs, il sera judicieux d'intégrer la multi-classification par l'utilisation de méta classifieurs, tels que l'Ada Boost et le « *RandomForest* ». En effet, ces méta-classifieurs serviront à mieux diversifier les paramètres de classification en assurant à la fois un grand pouvoir de discrimination des données des IRM et un meilleur traitement des artéfacts qui leur sont inhérents.

Bibliographie

- [**ABBAS2000**] ABBASZADEH, Keyvan, HEFFEZ, Leslie B., et MAFEE, Mahmood F. Effect of interference of metallic objects on interpretation of T1-weighted magnetic resonance images in the maxillofacial region. *Oral Surgery, Oral Medicine, Oral Pathology, Oral Radiology, and Endodontology*, 2000, vol. 89, no 6, p. 759-765
- [**ABDERREZAK2018**] ABDERREZAK, Mohamed Zaki et MANSOUR, Karim. *Segmentation d'images de résonance magnétique de diffusion pour l'aide au diagnostic des pathologies cérébrales fœtales*. 2018. Thèse de doctorat. Université de Constantine
- [**ABDULLAH2017**] S. Abdullah, "T1, T2 and PD weighted imaging," 2017. [Online]. Available: www.radiologycafe.com/radiology-trainees/frcr-physics-notes/t1-t2-and-pd-weighted-imaging
- [**ABUELQUMSAN2019**] Mustafa AbuElQumsan,(2019). Assessment of Supervised Classification Methods for the Analysis of RNA-seq Data. PhD THESIS, Aix-Marseille Université
- [**ANDRE1992**] André ER. La résonance magnétique nucléaire et le cerveau. *Topogr du cerveau* 1992 ; 5:129.
- [**ANGELINI2007**] E. D. Angelini, T. Song, B. D. Mensh, and A. F. Laine, "Brain MRI segmentation with multiphase minimal partitioning: A comparative study". *Int. J. Biomedical Imaging*, vol. 2007, pp. 10526:1-10526:15, 2007.
- [**ANJANA2017**] E. Anjana and E. R. Kaur, "Review of Image Segmentation Technique," *International Journal of Advanced Research in Computer Science*, vol. 08, no. 04, pp. 36-39, 2017.

- [ANZAI1992] ANZAI, Yoshimi, LUFKIN, Robert B., JABOUR, Bradley A., *et al.* Fat-suppression failure artifacts simulating pathology on frequency-selective fat-suppression MR images of the head and neck. *American journal of neuroradiology*, 1992, vol. 13, no 3, p. 879-884.
- [ARDIZZONE2014] E. Ardizzone, R. Pirrone, O. Gambino, and S. Vitabile, "Illumination correction on biomedical images", *Computing and Informatics*, vol. 33, no 1, pp. 175-196, 2014.
- [ASHBURNER1998] J. Ashburner and K.J. Friston, "MRI sensitivity correction and tissue classification", *NeuroImage*, vol. 7, no 4, S107, 1998.
- [ASHBURNER2005] J. Ashburner and K.J. Friston, "Unified segmentation", *NeuroImage*, vol. 26, pp. 839-851, 2005.
- [AZZOUZ2021] AZZOUZ, Daouia et MAZOUZI, Smaine. A Hyper-surface-based Modeling and Correction of Bias Field in MR Images. *Jordanian Jour. of Computers and Information Technology (JJCIT)*, 2021, vol. 7, no 3, p. 223.
- [BALAFAR2010] Balafar M. A, Email author A. R. RamliM. I. SaripanS. Mashohor, Review of brain MRI image segmentation methods, *Artificial Intelligence Review*, 33(3):261-274, 22 January 2010.
- [BALAFAR2014] Balafar M. A, Fuzzy C-mean based brain MRI segmentation algorithms, *Artificial Intelligence Review*, 41(3):441–449, March 2014.
- [BALLESTER2002] BALLESTER, Miguel Angel Gonzalez, ZISSERMAN, Andrew P., et BRADY, Michael. Estimation of the partial volume effect in MRI. *Medical image analysis*, 2002, vol. 6, no 4, p. 389-405.

- [Barra1999]** BARRA, V. et BOIRE, J. Y. Fuzzy segmentation of cerebral tissues in a 3-D MR image: a possibilistic approach versus other methods; Segmentation flouedes tissuscerebraux en IRM 3D: approchepossibiliste versus autresmethodes. PhD thesis, University Blaise Pascal; 1999.
- [BAUER2013]** BAUER, Stefan, WIEST, Roland, NOLTE, Lutz-P., *et al.* A survey of MRI-based medical image analysis for brain tumor studies. *Physics in Medicine & Biology*, 2013, vol. 58, no 13, p. R97
- [BELAROUCI2012]** SARA, Melle BELAROUCI et SARA, Melle BENMOKHTAR. Méthode coopérative pour la segmentation d'images IRM cérébrales basée sur les techniques FCM et Level Set. *Mémoire Pour l'obtention du diplôme de MASTER en Génie Biomédical. Université Abou-BakrBelkaid–Tlemcen-2012*, 2012.
- [BELAROUSSI2005]** Belaroussi, B., Milles, J. &Carne, S. (2006). Intensity non-uniformity correction in MRI : Existing methods and their validation, 10, 234-246. <https://doi.org/10.1016/j.media.2005.09.004> (cf. p. 8)
- [BESAG1986]** Besag J.E. On the statistical analysis of dirty pictures. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 48(3):248-259, 1986.
- [BOREL2001]** BOREL, Alain. *Etude théorique et expérimentale d'agents de contraste pour l'imagerie médicale par résonance magnétique*. 2001. Thèse de doctorat. Verlagnichtermittelbar
- [BOTTOMLEY1978]** P. A. Bottomley and E. R. Andrew, "RF magnetic field penetration, phase shift and power dissipation in biological tissue: implications for NMR imaging," *Physics in Medicine and Biology*, vol. 23, pp. 630-43, Jul 1978.
- [BROWN2014]** BROWN, Robert W., CHENG, Y.-C. Norman, HAACKER, E. Mark, *et al.* *Magnetic resonance imaging: physical principles and sequence design*. John Wiley & Sons, 2014.

- [**CABEZAS2011**] CABEZAS, Mariano, OLIVER, Arnau, LLADÓ, Xavier, *et al.* A review of atlas-based segmentation for magnetic resonance brain images. *Computer methods and programs in biomedicine*, 2011, vol. 104, no 3, p. e158-e177.
- [**Caldairou2011**] B. Caldairou, N. Passat, P. A. Habas, C. Studholme, and F. Rousseau. "A non-local fuzzy segmentation method: Application to brain MRI", *Pattern Recognition*, vol. 44, no 9, pp. 1916-1927, 2011.
- [**CENTER2000**] CENTER, Framingham Corporate. Agent Technology. green paper, Version 0.91, 1 March 2000, OMG
- [**CHAN2005**] Tony F. Chan, Jianhong Shen. 'Image processing and analysis', Edition SIAM, 2005.
- [**CHANG2017**] H. Chang, W. Huang, C. Wu, S. Huang, C. Guan, S. Sekar, K. K. Bhakoo, and Y. Duan. "A new variational method for bias correction and its applications to rodent brain extraction". *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 36, no 3, pp. 721-733, 2017.
- [**CHUA2009**] Z. Y. Chua, W. Zheng, M.W.L. Chee, and V. Zagorodnov. "Evaluation of performance metrics for bias field correction in MR Brain images", *JOURNAL OF MAGNETIC RESONANCE IMAGING*, vol. 29, pp. 1271-1279, 2009.
- [**CONG2016**] W. Cong, J. Song, K. Luan, H. Liang., L. Wang, X. Ma and J. Li, "A Modified Brain MR Image Segmentation and Bias Field Estimation Model Based on Local and Global Information", *Journal of Computational and mathematical methods in medicine*, vol. 2016, 9871529 pp. 1-13, 2016.
- [**COTE1999**] : Côté Marc, Une architecture multiagent et son application aux services financiers. Mémoire présenté à la faculté des études supérieures de l'Université Laval. Faculté des sciences et de génie. Département d'informatique. Avril 1999.

- [COVER1967]** Cover, T. and Hart, P. (1967). Nearest neighbor pattern classification. IEEE Transactions on Information Theory 13, 21–27.
- [CREVIER1996]** Crevier D. and Lepage R., “Knowledge-Based Image Understanding Systems: A Survey,” Computer Vision and Image Understanding, vol. 67, no. 2, pp. 161-185, 1996.
- [DAI2020]** X. Dai, Y. Lei, Y. Liu, T. Wang, L. Ren, W. J. Curran, P. Patel, T. Liu and X Yang, "Intensity non-uniformity correction in MR imaging using residual cycle generative adversarial network", Journal of Physics in Medicine and Biology, vol. 65, no 21, pp. 215025, 2020.
- [DAWANT1993]** B. M. Dawant, A. P. Zijdenbos, and R. A. Margolin, "Correction of intensity variations in MR images for computer-aided tissue classification," IEEE Trans. Med. Imag., vol. 12, pp. 770-781, Dec. 1993.
- [DEMPSTER1977]** Dempster, A.P.; Laird, N.M.; Rubin, D.B. (1977). "Maximum Likelihood from Incomplete Data via the EM Algorithm". Journal of the Royal Statistical Society, Series B. (Methodological), 39(1): 1-38, 1977.
- [DESPOTOVIC2015]** I. Despotovic, B. Goossens, and W. Philips, "MRI segmentation of the human brain: Challenges, methods, and applications, J. Comp. Math. Methods in Medicine, vol. 2015, pp. 450341:1-450341:23, 2015.
- [DHANALAKSHMI2013]** P. Dhanalakshmi and T. Kanimozhi, "Automatic Segmentation of Brain Tumor using KMeans Clustering and its Area Calculation," International Journal of Advanced Electrical and Electronics Engineering (IJAE), vol. 02, no. 02, pp. 130-134, 2013.
- [DHENAIN2015]** Marc DHENAIN, "IMAGERIE CÉRÉBRALE : OUTILS, PRINCIPES, ET UTILISATIONS DE LA CLINIQUE AUX SCIENCES COGNITIVES COMPARATIVES", dans “Bulletin de l'Académie vétérinaire de France”, January 2015, DOI: 10.4267/2042/56869.

- [DORA2017] L. Dora, S. Agrawal, R. Panda, and A. Abraham, "State-of-the-art methods for brain tissue segmentation: A review", *IEEE Reviews in Biomedical Engineering*, vol. 10, pp. 235-249, 2017.
- [DUCHE2015] Duché Q, Thèse : Étude des effets de volume partiel en IRM cérébrale pour l'estimation d'épaisseur corticale, 2015.
- [DUDA1973] DUDA, R. and HART, P. (1973), *Pattern Recognition And Scene Analysis*, Wiley, New York.
- [FARZINFAR2010] FARZINFAR, Mahshid, XUE, Zhong, et TEOH, EamKhwang. A novel approach for curve evolution in segmentation of medical images. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 2010, vol. 34, no 5, p. 354-361.
- [FERBER1997] Jacques Ferber, *Les Systèmes multi-agents: vers une intelligence collective*, InterEditions, 1997.
- [FRANKLIN1996] Stan Franklin and Art Graesser, "Is It an Agent, or Just a Program?: A Taxonomy for Autonomous Agents", In *Proceeding of the third international workshop in agent theories, Architectures, and languages*, 1996.
- [GADOMSKI1994] Adam Maria GADOMSKI, Jan M. Zytkow, "ABSTRACT INTELLIGENT AGENTS: PARADIGMS, FOUNDATIONS AND CONCEPTUALIZATION PROBLEMS", *Proceedings of the Second International Round-Table on Abstract Intelligent Agent*, 23-25 February 1994.
- [GEMAN1984] Geman S and D. Geman. Stochastic relaxation, Gibbs distributions, and the Bayesian restoration of images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, (6) pages :721-741, 1984.

- [**GHOLIPOUR2011**] Ali Gholipour, Judy A. Estroff, Carol E. Barnewolt, Susan A. Connolly, Simon K. Warfield, Fetal brain volumetry through MRI volumetric reconstruction and segmentation, *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, 6(3): 329–339, May 2011.
- [**GIOVANNA2011**] Giovanna Di MarzoSerugendo et al, “Self-organizing Software, From Natural to Artificial Adaptation”, Springer, 2011.
- [**GISPERT2004**] J. Gispert, S. Reig, J. Pascau, J. J. Vaquero, P. Garcia-Barreno, and M. Desco, "Method for bias field correction of brain T1-weighted magnetic images minimizing segmentation error", vol. 22, pp. 133-44, 2004.
- [**GONZÁLEZ-VILLÀ2016**] S. Gonzalez-Villa, A. Oliver, S. Valverde, L. Wang, R. Zwiggelaar, and X. Llado, "A review on brain structures segmentation in magnetic resonance imaging", *Journal of Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 73, pp. 45-69, 2016.
- [**GRAVES2013**] GRAVES, Martin J. et MITCHELL, Donald G. Body MRI artifacts in clinical practice: a physicist's and radiologist's perspective. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 2013, vol. 38, no 2, p. 269-287.
- [**GUILLEMAUD1998**] R. Guillemaud, "Uniformity correction with homomorphic filtering on region of interest", Proc. 1998 International Conference on Image Processing ICIP98 (Cat. No.98CB36269), vol. 2, pp. 872-875, Oct 1998.
- [**Achmirowicz2005**] Audrey Achmirowicz, Jean-Baptiste Beck, Pierre-Yves Delobel, Céline Vivarelli, Imagerie IRM interventionnelle, mémoire de master, 2005, Université de Technologie de Compiègne, http://www.esemetz.fr/metz/eleves/themes/imagerie/irm_composants.html
- [**HABEEB2021**] N. J. Habeeb, "Performance enhancement of medical image fusion based on DWT and sharpening Wiener filter", *Jordanian Journal of Computers and Information Technology (JJCIT)*, vol. 07, no. 02, pp. 118-129, 2021.

- [HELD1997] HELD, Karsten, KOPS, E. Rota, KRAUSE, Bernd J., *et al.* Markov random field segmentation of brain MR images. *IEEE transactions on medical imaging*, 1997, vol. 16, no 6, p. 878-886.
- [HERMANS1996] BjornsHermans, "Intelligent Software Agents on the Internet: an inventory of currently offered functionality in the information society & a prediction of (near-) future developments", Tilburg University, Tilburg, The Netherlands, the 9th of July 1996.
- [HORNAK1996] J.P. Hornaklivre: The Basics of MRI ; Joseph P. Hornak, Ph.D; Copyright © 1996-2020.
- [HOROWITZ1974] Horowitz S.L. and Pavlidis T, Picture Segmentation by a Directed Split and Merge Procedure, Proc. ICPR, page: 424-433, Denmark 1974.
- [IGLESIAS2015] IGLESIAS, Juan Eugenio et SABUNCU, Mert R. Multi-atlas segmentation of biomedical images: a survey. *Medical image analysis*, 2015, vol. 24, no 1, p. 205-219.
- [JACCARD1901] Paul Jaccard, Distribution de la flore alpine dans le bassin des Dranses et dans quelques régions voisines , Bulletin de la Société vaudoise des sciences naturelles, vol. 37, p. 241-272, 1901.
- [JENNINGS1998] Jennings N., Sycara K., and Wooldridge M., "A Roadmap of Agent Research and Development," International Journal of Autonomous Agents and Multi-Agent Systems, vol. 1, no. 1, pp. 7-38, 1998.
- [KAHALI2016] S. Kahali, S. Adhikari, and J. K. Sing, "On estimation of bias field in MRI images: Polynomial vs Gaussian surface fitting method", Journal of Chemometrics, vol. 30, no 10, pp. 602-620, 2016.

- [KATHIRAVAN2013]** KATHIRAVAN, Srinivasanet KANAKARAJ, Jagannathan. A review on potential issues and challenges in MR imaging. *The Scientific World Journal*, 2013, vol. 2013
- [KERMAD1197]** Chafik Kermad. ‘Segmentation d'images: recherche d'une mise en oeuvre automatique par coopération de méthodes’, thèse de doctorat en traitement de signal et télécommunication, laboratoire LASTI, l'université de Rennes I, 1997.
- [KHARAT2016]** KHARAT, Kailash D., PAWAR, Vikul J., et PARDESHI, Suraj R. Feature extraction and selection from MRI images for the brain tumor classification. In : *2016 International Conference on Communication and Electronics Systems (ICCES)*. IEEE, 2016. p. 1-5
- [KILIAN2006]** Kilian M Pohl, John Fisher, W Eric L Grimson, Ron Kikinis, William M Wells. A bayesian model for joint segmentation and registration. *NeuroImage*. 31(1): 228–239, Mai 2006.
- [KRUPA2015]** KRUPA, Katarzyna et BEKIESIŃSKA-FIGATOWSKA, Monika. Artifacts in magnetic resonance imaging. *Polish journal of radiology*, 2015, vol. 80, p. 93.
- [KWAN1999]** Remi K.-S. Kwan, Alan C. Evans, and G. Bruce Pike. MRI simulation based evaluation and classifications methods. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 18(11):1085-1097, December 1999.
- [LAGUEL2010]** LAGUEL, Hadjer. *Déploiement sur une plate-forme de visualisation d'un algorithme coopératif pour la segmentation d'images IRM autour d'un système multi-agents*. 2010. Thèse de doctorat. Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene
- [LETCHER2012]** E. Fletcher, O. Carmichael and C. DeCarli, "MRI non-uniformity correction through interleaved bias estimation and B-spline deformation with a

template", Proc. 2012 Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, pp. 106-109, 2012.

[LEVITT2008] M. H. Levitt. Spin dynamics: Basics of nuclear magnetic resonance. 2008

[LI2011] C. Li, R. Huang, Z. Ding, C. Gatenby, D. N. Metaxas, and J. C. Gore, "A level set method for image segmentation in the presence of intensity inhomogeneities with application to MRI", IEEE Trans. Image Processing, vol. 20, no 7, pp. 2007-2016, 2011.

[LUO2005] J. Luo, Y. Zhu, P. Clarysse, and I. E. Magnin, "Correction of bias field in MR images using singularity function analysis", IEEE Trans. Med. Imaging, vol. 24, no 8, pp.1067-1085, 2005.

[MACDONALD2000] MacDonald D, Kabani N, Avis D, and Evans A. C, "Automated 3D extraction of inner and outer surfaces of cerebral cortex from MRI", NeuroImage, 12(3): 340–356, 2000.

[MADABHUSHI2006] A. Madabhushi, J. K. Udupa, and A. Souza, "Generalized scale: Theory, algorithms, and application to image inhomogeneity correction". Comput. Vis. Image Underst., vol. 101, no2, pp.100-121, February 2006.

[MCVEIGH1986] MCVEIGH, E. R., BRONSKILL, M. J., et HENKELMAN, R. M. Phase and sensitivity of receiver coils in magnetic resonance imaging. *Medical physics*, 1986, vol. 13, no 6, p. 806-814.

[MELTZER1999] MELTZER, Carolyn Cidis, KINAHAN, Paul E., GREER, Phil J., *et al.* Comparative evaluation of MR-based partial-volume correction schemes for PET. *Journal of Nuclear Medicine*, 1999, vol. 40, no 12, p. 2053-2065

- [MEYER1995] C. R. Meyer, P. H. Bland, and J. Pipe, "Retrospective correction of intensity inhomogeneities in MRI," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 14, pp. 36-41, Mar. 1995.
- [MINAJAGI2016] P. B. Minajagi and R. H. Goudar, "Segmentation of Brain MRI Images using Fuzzy CMeans and DWT," *International Journal of Science Technology & Engineering (IJSTE)*, vol. 02, no. 12, pp. 370-378, 2016.
- [MISHRO2020] P.K., Mishro, S. Agrawal, R. Panda, and A. Abraham, "Novel fuzzy clustering-based bias field correction technique for brain magnetic resonance images". *IET Image Processing* vol. 14, no. 9, pp. 1929-1936, 2020.
- [MONGA90] Olivier Monga. 'Segmentation d'images : ou en somme nous?', Support de cours pour le congrès PIXIM 89,1990.
- [MOSTAFA2013] Ahmed Mostafa and Hosny Ahmed Abbas ;"multi agent system for industrial application", Technical Report ·ResearchGate, February 2013
- [MURAKAMI1996] MURAKAMI, James W., HAYES, Cecil E., et WEINBERGER, E. D. Intensity correction of phased-array surface coil images. *Magnetic Resonance in Medicine*, 1996, vol. 35, no 4, p. 585-590.
- [NARAYANA1995] P. A. Narayana and A. Borthakur, "Effect of radio frequency inhomogeneity correction on the reproducibility of intra-cranial volumes using MR Image data", *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 33, no 3, pp. 396-400, 1995.
- [OLIVA2019] Oliva, D. (2019). *Studies in Computational Intelligence 825 Metaheuristic Algorithms for Image Segmentation : Theory and Applications*. Springer Nature Switzerland AG. [https://doi.org/https://doi.org/10.1007/978-3-030-12931-6](https://doi.org/10.1007/978-3-030-12931-6). (Cf. p. 6, 9, 25)
- [OLIVEIRA1999] Oliveira E.; Fischer K.; Stepankova O, *Robotics and Autonomous Systems Journal*, Volume 27, Number 1, 30 April 1999, pp. 91-106(16), Elsevier.

- [PATENAUDE2011]** Patenaude B, Smith SM, Kennedy DN, Jenkinson M. A bayesian model of shape and appearance for subcortical brain segmentation. *Neuroimage*; 56(3): 907–922, 2011.
- [PHAM2000]** Pham D. L, Xu C., and Prince J. L. A survey of current methods in medical image segmentation. In *Annual Review of Biomedical Engineering*, (2), page: 315-338, 2000.
- [POHL2006]** Kilian M Pohl, John Fisher, W Eric L Grimson, Ron Kikinis, William M Wells. A bayesian model for joint segmentation and registration. *NeuroImage*. 31(1): 228–239, Mai 2006.
- [PRAKASH2017]** R. Prakash, R. Meena, and R. S. S. Kumari, "Spatial fuzzy C means and expectation maximization algorithms with bias correction for segmentation of MR brain images", *Journal of medical systems*, vol. 41, no 1, pp. 1-9, 2017.
- [QIN2017]** M. Qin, M. Chen, "A brain MRI bias field correction method created in the Gaussian multi-scale space", *Proc. SPIE 10420, 9th International Conference on Digital Image Processing (ICDIP 2017)*, vol. 10420, pp. 10420 - 10420 - 8, 2017.
- [QURAT2010]** Qurat-Ul-Ain, G. Latif, S. B. Kazmi, M. A. Jaffar and A. M. Mirza, "Classification and Segmentation of Brain Tumor using Texture Analysis," *Recent Advances in Artificial Intelligence, Knowledge Engineering And Data Bases*, pp. 147-155, 2010.
- [RARES1999]** Rares A., Reinders M., and Hendriks E., "Mapping Image Analysis Problems on MultiAgent Systems," *Technical Report, MCCWS Project Information and Communication Theory Group*, 1999.
- [RATHI2012]** RATHI, V. Pushpaet PALANI, S. Brain tumor MRI image classification with feature selection and extraction using linear discriminant analysis. *arXiv preprint arXiv:1208.2128*, 2012.

- [**RICHARD2004**] Richard N, Dojat M, and Garbay C. Automated segmentation of human brain MR images using a multi-agent approach. *Artificial Intelligence in Medicine*, 30(2): 153-176, February 2004.
- [**ROHLFING2012**] T. Rohlfing, "Image similarity and tissue overlaps as surrogates for image registration accuracy: Widely used but unreliable," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 31, no. 2, pp. 153-163, 2012.
- [**SANNEF2021**] M. SANNEF Mohammed Elhadi ; Utilisation des champs aléatoires de Markov cachés et de la métaheuristique d'optimisation d'élevage d'éléphants « ElephantHerdingOptimization ; EHO » pour la segmentation d'images médicales (thèse d'ingénieur 2020/2021 ; École Nationale Supérieure d'Informatique ex. INI)
- [**SCHERRER2008**] SCHERRER, Benoit. *Segmentation des tissus et structures sur les IRM cérébrales: agents markoviens locaux coopératifs et formulation bayésienne*. 2008. Thèse de doctorat. Institut National Polytechnique de Grenoble-INPG.
- [**SCHERRER2009**] B. Scherrer, M. Dojat, F. Forbes, and C. Garbay. Agentification of markov model-based segmentation: Application to magnetic resonance brain scans", *Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 46, no 1, pp. 81-95, 2009.
- [**SELVARAJ2013**] D.Selvaraj and R.Dhanasekaran, "A Review on Tissue Segmentation and Feature Extraction of MRI Brain images," *International Journal of Computer Science & Engineering Technology (IJCSET)*, vol. 04, no. 10, pp. 1313-1332, 2013.
- [**SEMCHEDINE2018**] SEMCHEDINE, Moussa. *Contribution à la segmentation d'images médicales par les algorithmes bio-inspirés*. 2018. Thèse de doctorat
- [**SHALEV-SHWARTZ2014**] Shalev-Shwartz, S. and Ben-David, S. (2014). *Understanding Machine Learning: From Theory to Algorithms*. Cambridge University Press.

- [SHAN2018] X. Shan, X. Gong, and A. K. Nandi, "Active contour model based on local intensity fitting energy for image segmentation and bias estimation", *IEEE Access*, vol. 2018, no 6, pp. 49817–49827, 2018.
- [SHEN2005] Shen S., Sandham W., Granat M., and SterrA..Mri fuzzy segmentation of brain tissue using neighborhood attraction with neural-network optimization. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, 9(3): 459-467, 2005.
- [SHEN2011] SHEN, Tian, LI, Hongsheng, et HUANG, Xiaolei. Active volume models for medical image segmentation. *IEEE transactions on medical imaging*, 2010, vol. 30, no 3, p. 774-791.
- [SIEGELMAN2000] SIEGELMAN, Evan S., CHARAFEDDINE, Riad, STOLPEN, Alan H., *et al.* Suppression of intravascular signal on fat-saturated contrast-enhanced thoracic MR arteriograms. *Radiology*, 2000, vol. 217, no 1, p. 115-118.
- [SIMMONS1994] A. Simmons, P. S. Tofts, G. J. Barker, and S. R. Arridge, "Sources of intensity nonuniformity in spin echo images," *Magn. Reson.Med.*, vol. 32, pp. 121-128, 1994.
- [SLED1997] J. G. Sled and A. C. E. Alex P. Zijdenbos, D. Louis Collins, "The impact of intensity non-uniformity on automated anatomical analysis of 3d mri images," in *Third International Conference on Functional Mapping of the Human Brain*, p. \$399, 1997
- [SLED1998] SLED, John G., ZIJDENBOS, Alex P., et EVANS, Alan C. A nonparametric method for automatic correction of intensity nonuniformity in MRI data. *IEEE transactions on medical imaging*, 1998, vol. 17, no 1, p. 87-97.
- [SMITH2002] S. M. Smith, "Fast robust automated brain extraction", *Human Brain Mapping*, vol. 17, no3, pp. 143-155, 2002.

- [**SONG2017**] S. Song, Y. Zheng, and Y. He, "A review of methods for bias correction in medical images", *Biomedical Engineering Review*, vol. 1, no 1, 2017.
- [**SONG2019**] J. Song and Z. Zhang, "Brain Tissue Segmentation and Bias Field Correction of MR Image Based on Spatially Coherent FCM with Nonlocal Constraints", *Comput.Math.Methods Medicine*, vol. 2019, pp. 4762490:1-4762490:13, 2019.
- [**SREENIVASAN2015**] K. R. Sreenivasan, M. Havlicek, and G. Deshpande, "Nonparametric hemodynamic deconvolution of FMRI using homomorphic filtering", *IEEE-Trans. Med. Imaging*, vol. 34, no 5, pp. 1155-1163, 2015.
- [**STAN2001**] Stan Z. Li. Markov random field modeling in image analysis. Springer-Verlag New York, Inc., Secaucus, NJ, USA, 2001.
- [**STYNER2000**] M. Styner, C. Brechbuhler, G. Szekely, and G. Gerig, "Parametric estimate of intensity inhomogeneities applied to MRI", *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 19, no 3, pp. 153-165, 2000.
- [**SUETENS1983**] SUETENS, Paul, HAEGEMANS, Ann, OOSTERLINCK, André, *et al.* An attempt to reconstruct the cerebral bloodvessels from a lateral and a frontal angiogram. *Pattern recognition*, 1983, vol. 16, no 5, p. 517-524.
- [**TOHKA2014**] TOHKA, Jussi. Partial volume effect modeling for segmentation and tissue classification of brain magnetic resonance images: A review. *World journal of radiology*, 2014, vol. 6, no 11, p. 855.
- [**VARGHESE2021**] Bejoy Varghese¹, S. Krishnakumar², Fast Fractal Coding of MRI Images using Deep Reinforcement Learning, (IJACSA) International Journal of Advanced Computer Science and Applications, Vol. 12, No. 4, 2021
- [**VEMURI2005**] VEMURI, Prashanthi, KHOLMOVSKI, Eugene G., PARKER, Dennis L., *et al.* Coil sensitivity estimation for optimal SNR reconstruction and intensity

inhomogeneity correction in phased array MR imaging. In : *Biennial international conference on information processing in medical imaging*. Springer, Berlin, Heidelberg, 2005. p. 603-614.

[VOVK2007] U. Vovk, F. Pernus, and B. Likar, "A review of methods for correction of intensity inhomogeneity in MRI", *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 26, no 3, pp. 405-421, March 2007.

[WANG2018] L. Wang, J. Zhu, M. Sheng, A. Cribb, S. Zhu, and J. Pu, "Simultaneous segmentation and bias field estimation using local fitted images", *Pattern Recognition*, vol. 74, pp. 145-155, 2018.

[WEBSTR] Webstr English Dictionary, <http://www.merriam-webster.com/dictionary/agent>

[WELLS1996] WELLS, William M., GRIMSON, W. Eric L., KIKINIS, Ron, *et al.* Adaptive segmentation of MRI data. *IEEE transactions on medical imaging*, 1996, vol. 15, no 4, p. 429-442.

[WEYNS2006] Danny Weyns et al, Multi-agent Systems as Software Architecture, AAMAS'06 May 8–12 2006, Hakodate, Hokkaido, Japan.

[WOOLBRIDGE1995] Michael Woolbridge and Nicholas R. Jennings. Agent Theories, Architectures, and Languages: a Survey. In Wooldrige and Jenningseds. *Intelligent Agents*. Springer-Verlag, 1-22, Eng. Rev. 10(2), 115–152 (1995)1995.

[WOOLDRIDGE2002] Wooldridge, M.: *An Introduction to Multi-Agent Systems*. Wiley, New York (2002)

[YOSHIMITSU1995] YOSHIMITSU, Kengo, VARMA, Datla GK, et JACKSON, Edward F. Unsuppressed fat in the right anterior diaphragmatic region on fat-suppressed T2-weighted fast spin-echo MR images. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 1995, vol. 5, no 2, p. 145-149.

[YU2013] YU, Yao-Ming. Detecting and Locating of Brain Abnormality in MR Images Using Texture Feature Analysis and Improved Probabilistic Relaxation Methods. *WSEAS Transactions on Biology & Biomedicine*, 2013, vol. 10, no 2, p. 57-66.

[ZAYED2001] A. I. Zayed and P. L. Butzer, "Lagrange Interpolation and Sampling Theorems", *Nonuniform Sampling*, Springer US, Boston, MA, pp. 123-168., 2001.

[ZHANG2001] Y. Zhang, M. Brady, and S. Smith, "Segmentation of brain MR images through a hidden Markov random field model and the expectation-maximization algorithm," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, no. 1, pp. 45–57, 2001.

[ZHIQI2005] ShenZhiqi, "Goal-Oriented of Intelligent agents and their applications", A PhD thesis, School of Electrical and Electronic Engineering, Nanyang Technological University, Singapore, 2005.