

N° d'ordre : 85/2015



UNIVERSITÉ SULTAN MOULAY SLIMANE
Faculté des Sciences et Techniques
Béni Mellal



Centre d'Etudes Doctorales : Sciences et Techniques

Formation doctorale : Mathématiques et Physique Appliquées

THÈSE

Présentée par

Mohamed GOUSKIR

Pour l'obtention du grade de

Docteur

Spécialité : Informatique

Analyse des Images par la Géométrie Riemannienne : Application aux Images Biomédicales

Soutenue le 05/12/2015 devant la commission d'examen :

Pr. Mohamed NAÏMI	Professeur à la FST-USMS-Béni Mellal	Président
Pr. Bennacer OUTTAJ	Professeur à la fsjes-souissi-UM5-Rabat	Rapporteur
Pr. Mohamed FAKIR	Professeur à la FST-USMS-Béni Mellal	Rapporteur
Pr. Said SAFI	Professeur à la FP-USMS-Béni Mellal	Rapporteur
Pr. Benachir ELHADADI	Professeur à la FST-USMS-Béni Mellal	Directeur
Pr. Belaid BOUIKHALENE	Professeur à la FP-USMS-Béni Mellal	Co-directeur de thèse

Liste des publications

Publications dans des journaux :

1. M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Aissaoui and B. Elhadadi. Automatic Diagnosis of Brain Magnetic Resonance Images Based on Riemannian Geometry, Journal of Electronic Commerce in Organizations, April-June 2015, Vol. 13, No. 2, p. 29-39.
2. M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Aissaoui and B. Elhadadi. Riemannian Manifolds for Brain Extraction on Multi-modal Resonance Magnetic Images. International Journal of Medical, Health, Biomedical and Pharmaceutical Engineering. vol. 9 No. 6 p. 1625 - 1633. 2015.
3. Mohamed Gouskir, Mohamed Boutalline, Belaid Bouikhalene, Hicham AISSAOUI, Benachir ELHADADI. Automatic brain tumor detection and segmentation for MRI using covariance and geodesic distance. In IEEE explorer, International Conference on Multimedia Computing and Systems (ICMCS), April 14-16, 2014, Marrakech, Morocco, 2014. p. 490-494.

Conférences internationales :

4. M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Assaoui, B. Elhadadi, Automatic diagnosis of brain magnetic resonance images based on Riemannian Geometry, the second edition of International Conference on Business Intelligence, April 23-25, 2015, Beni Mellal, Morocco.
5. Mohamed Gouskir, Mohamed Boutalline, Belaid Bouikhalene, Hicham AISSAOUI, Benachir ELHADADI. Automatic brain tumor detection and segmentation for MRI using covariance and geodesic distance. In proceeding IEEE International Conference on Multimedia Computing and Systems (ICMCS), April 14-16, 2014, Marrakech, Morocco, 2014. p. 490-494.
6. M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Aissaoui and B. Elhadadi. Automatic brain tumor extraction from Magnetic Resonance Images, First International Conference on Business Intelligence (CBI'14), April 29-30, 2014, Beni Mellal, Morocco.
7. M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Aissaoui and B. Elhadadi. Brain Extraction from Resonance Magnetic Images using Riemannian tensor, First International Conference on Business Intelligence (CBI'14), April 29-30, 2014, Beni Mellal, Morocco.
8. M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Aissaoui and B. Elhadadi, Analyse des images cérébrales par les variétés Riemanniennes, première édition des Journées doctorale, FST Béni Mellal, juin 10-11, 2014.

9. M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Aissaoui and B. Elhadadi. Automatic Detection and segmentation of tumors using Riemannian geometry descriptors, 3ème édition du Symposium Internationale de traitement automatique de la Langue et Culture Amazigh –SITACAM’13- and CIJCI’1, May 2-4, 2013, FST Béni Mellal, Morocco.

Résumé

Nous présentons une nouvelle approche en vision par ordinateur qui permet de détecter les tumeurs cérébrales dans les images par résonance magnétique du cerveau humain. L'approche est basée sur des méthodes mathématiques telles que la corrélation, la covariance et la distance géodésique. Les méthodes de corrélation et de l'histogramme par la covariance sont utilisées pour localiser un indice central des tissus anormaux dans les images. Ces coordonnées sont utilisées pour réaliser la segmentation de la zone tumorale par la distance géodésique. L'approche est appliquée sur les images IRM de cerveau pondérées en T1 (Temps de Relaxation Longitudinal) et en T2 (Temps de Relaxation Transversal). L'objectif ultime est de récupérer les attributs de la tumeur observés sur l'image ; ces attributs forment un vecteur caractérisant, qui est utilisé dans l'extraction et la classification pour obtenir un meilleur diagnostic. La méthode proposée a donné des résultats fructueux et a montré une meilleure performance dans l'analyse d'images biomédicales pondérées en T1 et en T2.

Nous présentons, ainsi, une application de la géométrie de Riemann pour le traitement de données d'image non-euclidiennes. Dans ce cas l'image est considérée comme résidante dans une variété riemannienne, pour développer une nouvelle méthode de détection des bords du cerveau et de l'extraction du cerveau. L'automatisation de ce processus est un défi en raison de la grande diversité dans le tissu cérébral de l'apparence, entre différents patients et des séquences.

La contribution principale de notre thèse est l'utilisation d'une diffusion anisotrope de tenseur sur la base de bord pour la tâche de segmentation en intégrant à la fois la géométrie de bord d'image et de variété riemannienne (géodésique, tenseur métrique) pour régulariser le contour de convergence et d'extraire des structures anatomiques complexes. Nous vérifions l'exactitude des résultats de segmentation sur les images IRM cérébrales simulées de trois séquences, pondérées en T1, en T2 et en Densité de Proton. Notre approche est validée à l'aide de deux bases de données différentes : la base de données BrainWeb, et la Base de données IRM de sclérose en plaques (MS DB IRM).

Nous avons qualitativement et quantitativement comparé notre approche avec les algorithmes d'extraction du cerveau, couramment utilisés. Nous montrons que l'utilisation de la géométrie riemannienne à l'analyse d'images médicales se fait en temps réel aussi qu'elle améliore l'efficacité des résultats à l'extraction du cerveau, par rapport aux résultats des techniques standards.

Abstract

We present a new approach in computer vision to detect brain tumors in magnetic resonance images of the human brain. The approach is based on mathematical methods such as correlation, covariance and geodesic distance. Correlation and histogram based on covariance methods are used to locate a central index of abnormal tissue in the images. These coordinates are used to achieve the segmentation of the tumor area by the geodesic distance. The approach is applied to the brain MRI T1-weighted (Longitudinal Relaxation Time) and T2-weighted (Transverse Relaxation Time). The ultimate goal is to recover the attributes of the tumor observed on the image; these attributes form a characteristic vector, which is used in the extraction and classification to obtain a better diagnosis. The proposed method has yielded fruitful results and showed a better performance in the analysis of biomedical images in T1-weighted and T2-weighted.

In addition, we present an application of Riemannian geometry for processing non-Euclidian image data. We consider the image as residing in a Riemannian manifold to develop a new method for brain edge detection and brain extraction. Automating this process is a challenging due to the high diversity in appearance brain tissue, among different patients and sequences.

The main contribution of our thesis is that we use an edge-based anisotropic diffusion tensor for the segmentation task by integrating both image edge geometry and Riemannian manifold (geodesic, metric tensor) to regularize the convergence contour and extract complex anatomical structures. We check the accuracy of the segmentation results on simulated brain MRI scans of single T1-weighted, T2-weighted and Proton density sequences. Our approach is validated using two different databases : BrainWeb database, and MRI Multiple sclerosis Database (MRI MS DB).

We have compared, qualitatively and quantitatively, our approach with the well-known brain extraction algorithms. We show that using a Riemannian geometry to medical image analysis improves the efficient results, in real time, to brain extraction, outperforming the results of the standard techniques.

Remerciements

Je tiens tout particulièrement à remercier mes directeurs de thèse **Benachir ELHADADI** Professeur à la Faculté des Sciences et Techniques de Béni Mellal et **Belaid BOUKHALENE** Professeur à la Faculté Polydisciplinaire de Béni Mellal, de m'avoir dirigé durant ces années de thèse, d'avoir accompli leur part de travail avec compétence et de m'avoir laissé réaliser celle qui m'incombait sans aucune contrainte. Travailler avec vous a été très enrichissant, merci de m'avoir encouragé tout au long de mes années de thèse.

Je tiens à adresser mes plus sincères remerciements à **Mohamed FAKIR** Professeur à la Faculté des Sciences et Techniques de Béni Mellal, **Said SAFI** Professeur à la Faculté Polydisciplinaire de Béni Mellal et **Bennacer OUTTAJ** Professeur à la Faculté des Sciences Juridiques, Economiques et Sociales Souissi-Rabat pour avoir accepté de juger mon manuscrit et de participer au jury de ma soutenance, ainsi qu'à **Mohamed NAÏMI** Professeur à la Faculté des Sciences et Techniques de Béni Mellal qui m'a fait un grand honneur de bien vouloir présider ce jury.

J'adresse mes vifs remerciements à Monsieur **Rachid LBIBB**, Directeur du Laboratoire de Développement Durable (L2D), Faculté des Sciences et Techniques de Sultane Moulay Slimane, pour m'avoir accueilli au sein du laboratoire et pour son aide précieuse. J'aimerais remercier tous les collègues du Laboratoire, ainsi que les professeurs du département d'informatique de la Faculté des Sciences et Techniques.

Merci à toutes celles et à tous ceux qui ont participé, par leurs relectures et leurs conseils, à la rédaction de ce manuscrit. Un remerciement particulier s'adresse à Monsieur **Mohamed BASLAM** Professeur à la Faculté des Sciences et Techniques de Béni Mellal pour ses relectures et pour ses conseils éclairés. Un merci spécial à **Mohammed BOUTALLINE**, **M'hamed OUTANOUE** et **Aziz HIRRI** pour être mes vrais amis, votre soutien m'est très utile tout au long des quatre dernières années.

Enfin, pour leur soutien non-scientifique mais non moins significatif, je tiens à remercier mes parents, mes frères et soeurs pour leurs soutien inconditionnel, sans qui ce travail n'aurait jamais pu voir le jour. Je leur dédie ce travail en témoignage de ma profonde affection pour toute la patience et les sacrifices qu'ils ont manifesté envers moi et dont je serai à jamais redevable, et d'avoir porté ce travail à terme ce qui représente pour moi aujourd'hui la plus belle des récompenses. Que tous ceux qui m'ont aidé de près ou de loin dans l'élaboration de ce travail trouvent ici l'expression de ma sincère gratitude.

Table des matières

Liste des publications	ii
Résumé	iv
Abstract	v
Remerciements	vi
Table des figures	x
Liste des tableaux	xiii
Abréviations	xiv
Introduction	1
1. Motivation	1
2. Approches proposées	2
3. Principales contributions	3
3.1. Détection et segmentation automatique des tumeurs des images RM pondérées en T1 et T2	3
3.2. Extraction des régions de cerveau des images IRM multi-modale	3
4. Organisation du manuscrit	4
1 Imagerie cérébrale pour l'aide au diagnostic des tumeurs	5
Introduction	5
1. Anatomie et Pathologie cérébrale	5
2. Imagerie cérébrale	6
3. Imagerie par résonance magnétique	8
3.1. Principe physique de l'IRM	9
3.2. Modalités d'IRM	12
3.3. Incertitudes et imprécisions des images RM	14
3.3.1. Bruit d'acquisition	14
3.3.2. Effet de volume partiel	14
4. Quelques exemples de tumeurs cérébrales	15
4.1. Astrocytome de bas grade	15
4.2. Glioblastome	15
4.3. Gangliogliome	15

Conclusion	16
2 Méthodes de segmentation : Etat de l'art	18
Introduction	18
1. Pré-traitement des images de cerveau	19
2. Extraction des contours de cerveau	19
2.1. Algorithmes d'une seule stratégie algorithmique	20
2.2. Algorithmes de stratégie hybride	21
3. Détection et segmentation des tumeurs	22
4. Types et méthodes de segmentation	23
4.1. Types de segmentation	23
4.1.1. Segmentation non supervisée	23
4.1.2. Segmentation supervisée	24
4.2. Méthodes de segmentation	25
4.2.1. Méthodes basées sur le seuil	25
4.2.2. Méthodes basées sur les régions	27
4.2.3. Méthodes de classification de pixels	27
4.2.4. Techniques de segmentation basées sur un modèle	28
5. Résumé des méthodes de segmentation de tumeur du cerveau	29
Conclusion	32
3 Traitement des images par les variétés Riemanniennes	33
Introduction	33
1. Variétés Riemanniennes : Théorie et Applications	33
1.1. Notions des Variétés Riemanniennes	34
1.1.1. Espace tangent	34
1.1.2. Métrique Riemannienne	37
1.1.3. Distance géodésique	38
1.1.4. Application Exponentielle et Logarithmique	39
1.2. Application au traitement des formes	41
1.2.1. Distance géodésique et plus courts chemins	41
1.2.2. Interpretation géométrique : Anisotropie	42
1.2.3. Segmentation de Voronoi	43
1.2.4. Algorithme de Fast Marching	44
2. Variétés Riemanniennes pour le traitement des Images par Résonance Magnétique	45
2.1. Conception de la Métrique	45
2.2. Segmentation de la Région d'intérêt par la distance Géodésique	47
2.2.1. Distance Géodésique	47
2.2.2. Boule Géodésique	48
2.2.3. Courbe Géodésique	49
Conclusion	51
4 Détection et segmentation automatique des tumeurs cérébrales	52
Introduction	52
1. Détection automatique des tumeurs	53
1.1. Détection basée sur la corrélation	53

1.2.	Matrice de covariance de l'image	55
1.3.	ACP basé sur la covariance de l'image	57
1.4.	Vecteur caractérisant la région de tumeur	58
2.	Segmentation par la distance géodésique	59
2.1.	Métrie géodésique fondée sur les valeurs de pixel	59
3.	Résultats et discussion	60
	Conclusion	62
5	Extraction des régions de cerveau des images IRM multi-modale	64
	Introduction	64
0.1.	Travaux reliés	65
1.	Théorie	67
1.1.	Géométrie différentielle riemannienne	67
1.2.	Espace du tenseur de diffusion	69
1.3.	filtrage par diffusion non-linéaire généralisée	71
2.	Détection de cerveau basée sur la structure tensoriel	72
3.	Segmentation et extraction du cerveau d'IRM	74
4.	Études expérimentales	76
4.1.	Bases de données	76
4.2.	Validation qualitative et quantitative	77
4.3.	Temps d'exécution	78
	Conclusion	81
	Conclusion et perspectives	82
	Bibliographie	85

Table des figures

1.1	Exemple d'une image de cerveau qui montre les trois principales tissus et une anomalie (tumeur)	6
1.2	Structures du cerveau illustré par le schéma (gauche), et par l'image RM (droite)	7
1.3	Anatomie cérébrale	7
1.4	Coupes cérébrales obtenues par un tomographe à rayons X	7
1.5	Coupe scintigraphique (fausses couleurs)	8
1.6	Mouvement de spin	9
1.7	Décomposition du moment magnétique M en un moment transversal M_T et longitudinal M_L lors de la résonance	10
1.8	Signal FID recueilli par les bobines réceptrices	11
1.9	Plan axial, coronal et sagittal (de gauche à droite) sur une acquisition en IRM-T1	11
1.10	Même coupe obtenue sous différents paramètres d'acquisition : pondération T1, T2 et densité de proton.	13
1.11	Effet de volume partiel	14
1.12	Cas de tumeur de type astrocytome de bas grade, IRM en T1 à gauche et IRM en T2 à droite	15
1.13	Cas de glioblastome	16
1.14	Gangliogliome. à gauche, contraste amélioré axiale IRM pondérée en T1 montrant une tumeur non-amélioration hypo frontal. A droite, la même lésion apparaît hyper-intense en T2 IRM	16
2.1	Techniques de segmentation par région	27
2.2	Techniques de segmentation basées sur la classification par pixels	29
3.1	Vecteur tangent	36
3.2	Gauche : La courbe géodésique $\gamma(t)$ définie par le point de départ P et la vitesse initiale $\dot{\gamma}(0)$. Droit : système de coordonnées local, géodésique $\gamma(t)$, Espace tangent et exponentielle au point $p \in M$ (Ces images ont été adaptées par [1] à partir des originaux présentés dans [2] et [3] , respectivement). . . .	40
3.3	Exemple d'extraction de la courbe géodésique utilisant la métrique du poids.	42
3.4	Exemple de la courbe géodésique sur une surface 3D.	42
3.5	Boules géodésique locales en géométrie riemannienne : e_1, \dots, e_n , de demi-axes $1/\sqrt{\lambda_1}, \dots, 1/\sqrt{\lambda_n}$, où les (e_i, λ_i) sont les vecteurs et valeurs propres de la métrique.	43

3.6	Exemple de la distance géodésique et la segmentation de Voronoi pour une métrique isotrope.	43
3.7	Segmentation et extraction d'une tumeur par les boules et les courbes géodésiques, image pondéré en T1.	46
3.8	Application de différentes métrique sur une image RM de cerveau pondéré en T1	46
3.9	Propagation du front de l'algorithme de Fast Marching, la region segmenter indique la boule géodésique pour s augmente de gauche à droite.	48
3.10	Exemples de segmentation des tumeurs par les boules géodésiques des images de cerveau multi-modale	49
3.11	Différentes phases pour segmenter la tumeur par la distance géodésique : (a) l'image de test, (b) calcul de la métrique riemannienne, (c) la courbe géodésique et (d) la segmentation de la région de la tumeur sur image pondéré en T1	51
4.1	Quelques types de tumeurs des images IRM du cerveau pondérées en T1 et en T2	54
4.2	Processus de corrélation	55
4.3	Détection des coordonnées de l'indice de la tumeur d'une image IRM pondérée en T1 par la corrélation	55
4.4	Image IRM cérébrale pondérée en T1 (à gauche) et la représentation de l'histogramme basé sur la covariance de tous les pixels de l'image M (à droite).	56
4.5	IRM T1 du cerveau contient une tumeur (à gauche) et son histogramme de covariance (à droite).	56
4.6	Représentation des régions d'une image du cerveau par l'histogramme basé sur la covariance.	57
4.7	Image IRM du cerveau (à gauche) et l'histogramme (à droite).	58
4.8	Indice de l'histogramme maximale.	58
4.9	Résultats des différentes phases de segmentation tumorale par la distance géodésique : (a) image de test, (b) le calcul de la métrique riemannienne, (c) la couleur de la courbe géodésique et (d) la segmentation de la région anormale de l'image qui représente le tissu tumoral.	60
4.10	Les résultats de quatre différents images IRM pondérées en T1 et en T2 : (a) les images de test, (b) un histogramme de covariance pour la détection, (c) la segmentation par la distance géodésique et (d) extraction de la zone de cellules tumorales avec précision.	61
4.11	Segmentation et extraction des tumeurs de deux coupes différentes des images IRM pondérées en T1	62
4.12	Suivi de croissance d'une cellule tumorale en deux coupes différentes des images IRM pondérées en T1	62
5.1	Schéma synoptique du processus d'extraction automatique du cerveau à partir des images IRM multi-modales	65
5.2	La courbe géodésique $\gamma(t)$ définie par le point de départ P et la vitesse initiale $\gamma'(0)$. Le point final est calculé en appliquant la carte exponentielle, de sorte que $q = exp_p(\gamma'(0))$ [1]	68

5.3	Système de coordonnées locales, courbe géodésique $\gamma(t)$, espace tangent et carte exponentielle à $p \in M$ [1]	69
5.4	Gauche : Les plans tangents aux points x et y de la sphère S_2 sont différents : les vecteurs v et w de $T_x M$ ne peuvent être comparés aux vecteurs t et u de $T_y M$. à droite : Les géodésiques à partir de x sont des lignes droites dans la carte exponentielle et la distance le long de ces lignes est conservée.	70
5.5	Exemples de détection de région du cerveau d'images médicales en utilisant la diffusion anisotrope généralisée comme données d'image non-euclidiennes pour différentes déviations. La première ligne indique les résultats sur l'image, la deuxième ligne indique les résultats de la partie cadrée pour différentes valeurs de σ . (b), (c) et (d) pour 0, 5, 2 et 4, respectivement.	72
5.6	Segmentation de certains objets, y compris différente texture et le cerveau IRM basé sur la structure tensoriel.	74
5.7	Les étapes de la segmentation du cerveau basé sur le tenseur de métrique riemannienne, de gauche à droite, (a) image originale, (b) le lissage de l'image, (c) masque du cerveau basé sur le calcul des tenseurs.	75
5.8	Représentation de la segmentation du cerveau en utilisant notre algorithme, la première ligne représente le résultat de T2, la deuxième ligne son de T1 et de gauche à droite, l'image originale, le masque du cerveau et l'extraction du cerveau en utilisant tenseur croissante.	76
5.9	Comparaison quantitative entre notre méthode et les algorithmes les plus connues d'extraction des régions de cerveau.	78
5.10	Moyenne de DSC pour l'extraction du cerveau en utilisant la méthode proposée pour la base de données des IRMs de sclérose en plaques.	79
5.11	Les étapes de la segmentation du coupe axiale de cerveau et l'extraction basée sur le tenseur métrique riemannienne de gauche à droite, (a) : image originale, (b) : masque du cerveau, (c) : région du cerveau extraites pour le PD, T1 et T2, respectivement, dans la première ligne.	79
5.12	Les étapes de la segmentation de coupe coronale et l'extraction basée sur le tenseur métrique riemannienne de gauche à droite, (a) : image originale, (b) : masque du cerveau, (c) : région du cerveau extrait pour le PD, T1 et T2, respectivement à partir de la première ligne	80
5.13	Les étapes de la segmentation de coupe sagittale et l'extraction basée sur le tenseur métrique riemannienne de gauche à droite, (a) : image originale, (b) : masque du cerveau, (c) : région du cerveau extrait pour le PD, T1 et T2, respectivement à partir de la première ligne	80

Liste des tableaux

1.1	Ordre de grandeur des temps de relaxation à 1.5T	10
1.2	Certains termes utilisés pour décrire des techniques d'imagerie de résonance magnétique.	13
2.1	Résumé des méthodes de segmentation : Avantages et inconvénients	31
5.1	Tableau montrant les résultats quantitatifs de notre approche sur un ensemble de données BrainWeb pour les différentes modalités (T1, T2 et DP) de différentes coupes.	77

Abréviations

Notations en lien avec l'imagerie Médicale

IRM	: Imagerie par Résonance Magnétique (ang. MRI : Magnetic Resonance Imaging)
T1	: Temps de Relaxation Longitudinal
T2	: Temps de Relaxation Transversal
TE	: Temps d'Écho
TR	: Temps de Répétition
T1C	: Temps de Relaxation Longitudinal avec contraste
DP	: Densité de Proton
FLAIR	: Fluid-Attenuated Inversion Recovery
LCR	: Liquide Céphalo Rachidien
MG	: Matière Grise
MB	: Matière Blanche

Notations en lien avec la géométrie Riemannienne

M	: Variétés différentielle
(M, g)	: variété Riemannienne
g	: Métrique Riemannienne
γ	: Courbe entre deux points
$W(x)$: Carte de saillance
x ou p	: Point de départ
y ou q	: Point de fin
$T_p M$: Espace tangent au point p
Γ_{ij}^k	: Symbole de Christoffel du Seconde Genre

Introduction

Parmi les cancers du cerveau les plus fréquents, les tumeurs cérébrales représentent 20% chez les enfants, ces tumeurs se caractérisent par une prolifération anormale de cellules, son diagnostic a une importance vitale pour plus de 400 mille personnes par an dans le monde selon les estimations de l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS). Leurs incidences chez les adultes sont d'environ 11 millions en Afrique et entre 20 et 30 millions au Japon, aux États-Unis et en Europe.

Au cours de ces dernières années, l'évolution des techniques d'imagerie médicale nous permet de les utiliser dans plusieurs domaines de la médecine, comme le diagnostic de pathologies assistées par ordinateur, le suivi de ces pathologies, la planification chirurgicale, l'orientation chirurgicale, l'analyse statistique, etc. Parmi ces techniques d'imagerie médicale, on peut citer l'imagerie par résonance magnétique (IRM) qui est la technique la plus fréquemment utilisée en neurosciences et en neurochirurgie. Elle crée des images 3D qui visualisent parfaitement les structures anatomiques du cerveau telles que les structures profondes et les tissus du cerveau, ainsi que les pathologies.

1. Motivation

La segmentation des structures anatomiques et pathologiques à partir des images RM est une tâche fondamentale, étant donné que les résultats deviennent souvent la base pour d'autres applications. Les méthodes utilisées dans ce cas varient largement en fonction de l'application spécifique et de la modalité de l'image. En outre, la segmentation d'images médicales présente des difficultés, de fait qu'elle implique une grande quantité de données, qui ont parfois des artefacts dus au mouvement, au temps d'acquisition et aux tissus mous.

D'autres problèmes se posent lorsqu'elle s'agit des tumeurs du cerveau, ce qui rend leurs segmentations plus compliquées. Elles présentent une grande classe des types de tumeurs qui ont une variété de formes et de tailles. Ils peuvent apparaître à tout endroit et dans différentes intensités de l'image. Certains d'entre elles peuvent aussi déformer les structures environnantes (changement des intensités autour de la tumeur) en présence d'un œdème ou d'une nécrose. En outre, pour remédier au problème de déformation des structures environnantes à la tumeur, l'existence de plusieurs protocoles d'acquisition IRM fournit des informations différentes sur le cerveau.

La technologie d'imagerie par résonance magnétique (IRM) permet, actuellement, de disposer d'images numériques offrant la « matière » nécessaire à la mise en œuvre d'algo-

rithmes de traitement et d'analyse qui visent à aider au diagnostic des tumeurs cérébrales. Ce véritable challenge consiste alors à détecter précisément la zone tumorale qui se compose d'une ou plusieurs tumeurs mais aussi d'éventuels œdèmes. Il s'agit donc d'isoler cette zone des principales structures anatomiques cérébrales, à savoir la matière blanche (MB), la matière grise (MG) et le liquide Céphalo-rachidien (LCR).

Pour analyser certaines maladies des lésions cérébrales internes, le médecin doit analyser des images médicales. Pour suivre l'évolution d'une tumeur, il est nécessaire de connaître les changements survenus sur ces structures. L'interprétation visuelle des images IRM cérébrales, n'est pas toujours sûre. De plus, la quantité des images augmente, ce qui rend le diagnostic souvent tardif. Dans la thérapie, afin d'assurer que le traitement d'irradiation englobe toute la tumeur, y compris les cellules cancéreuses non révélées par l'IRM, les médecins traitent le volume du cerveau qui se prolonge sur $2cm$ à partir de la marge de la tumeur visible. Cette approche ne tient pas compte de la dynamique de croissance tumorale qui varie dans différents tissus du cerveau, donc il peut tuer certaines cellules saines tout en laissant les cellules cancéreuses en vie dans les autres domaines. Ces cellules peuvent provoquer une récurrence de la tumeur plus tard, ce qui limite l'efficacité de la thérapie. Cependant, l'interprétation automatique est incontournable pour assister les médecins dans leur prise de décision.

Ainsi, l'interprétation automatique des tumeurs cérébrales reste un problème difficile en raison notamment de la complexité des structures ou de la variabilité normale et pathologique de structures de l'image du cerveau. D'où la nécessité de développer des méthodes de fusion de l'information multi-séquence pour l'aide au diagnostic automatique des cellules cancéreuses.

2. Approches proposées

Dans la littérature, la majorité des approches considèrent la segmentation des tissus et la segmentation des structures comme des tâches successives relativement indépendantes. Pourtant, une structure est composée d'un tissu connu, l'information sur le tissu est donc liée à la structure. La connaissance de la localisation des structures fournit une connaissance pertinente par rapport à l'intensité locale des tissus. La structure informe en particulier sur les variations d'intensités dues aux propriétés biologiques des tissus.

Dans le cadre de notre travail, nous proposons donc de mettre en place un système automatique d'aide au diagnostic des tumeurs cérébrales. La détection précise des zones tumorales est une étape préliminaire et essentielle qui correspond à la segmentation précise de la tumeur, et éventuellement de l'œdème.

Nous utilisons la méthode de l'histogramme basée sur la covariance et la méthode de corrélation, qui nécessite une base de données riche en textures des tumeurs, pour localiser la position de la tumeur dans les images IRM multimodale de cerveau. L'objectif ultime est de réaliser la segmentation précise d'une manière automatique des tissus tumoraux, afin d'extraire leurs attributs en se basant sur les variétés Riemanniennes. Nous proposons l'uti-

lisation d'une distance géodésique sur les variétés Riemanniennes pour remplacer la distance Euclidienne utilisée dans la pratique clinique pour identifier correctement la marge de l'invasion tumorale.

L'élimination des zones non cerveau est une phase cruciale de pré-traitement pour obtenir une meilleure identification de la zone anormale dans les images IRM du cerveau. Ces régions, non cerveau, perturbent la bonne localisation car les faux positifs sont susceptibles de produire un tissu extra-cérébral qui peut ressembler au cerveau dans la structure, ce qui entraîne une complexité élevée de calcul. Cependant, l'étape d'extraction automatique de la région du cerveau est très importante vu la complexité des structures de cerveau humain d'une part, et l'inhomogénéité de l'intensité d'autre part.

3. Principales contributions

Les principales contributions de cette thèse sont donc :

3.1. Détection et segmentation automatique des tumeurs des images RM pondérées en T1 et T2

L'automatisation de la détection et la segmentation est l'objectif principale de notre contribution, nous avons proposés les méthodes de corrélation et de la covariance pour atteindre cet objectif, les détails de notre contribution sont présentés ci-dessous :

1. L'histogramme par le calcul de la covariance est utilisé pour la détection automatique d'un point dans la zone tumorale.
2. L'utilisation de la distance géodésique, remplace la distance Euclidienne, pour segmenter d'une manière précise les contours des tumeurs cérébrales. Cette distance nécessite un point de départ pour commencer la segmentation, l'histogramme permet de fournir cette information importante pour que l'algorithme soit automatique.
3. L'ultime objectif est d'extraire les attributs de la tumeur de l'image, ces attributs formeront un vecteur caractérisant, ce vecteur est utilisé dans l'étape de la classification pour obtenir un meilleur diagnostic.

3.2. Extraction des régions de cerveau des images IRM multimodale

Nous étendons l'approche des variétés riemanniennes pour effectuer l'extraction automatique des régions du cerveau des images RM multimodales. Nous démontrons la validité de cette approche avec des résultats qualitatifs et quantitatifs en utilisant deux base de données différentes : Base de données BrainWeb et la base de données de sclérose en plaques.

1. Adaptation d'un algorithme basé sur les tenseurs riemanniens généralisés pour extraire les régions du cerveau comme une phase très importante du pré-traitement.
2. Pour extraire les régions cérébrales, nous proposons un algorithme en fonction de la variété riemannienne se fondant sur des travaux et sur des problèmes rencontrés

dans certaines méthodes. En supposant que l'image IRM réside dans les données non-euclidiennes, nous proposons un lissage efficace pour les données IRM étendues de la géométrie de Riemann, puis nous nous référons à la métrique pour obtenir le masque de cerveau.

3. Notre méthode est inspirée de la métrique, qui est basée sur la distance géodésique et de la détection de bord proposé par Zhang [3], Pennec [2] et Barbieri [4]. Un tel algorithme est, ensuite, généralisé à l'extraction de régions du cerveau.

4. Organisation du manuscrit

Le **premier chapitre** introduit les termes et concepts essentiels pour appréhender l'analyse des images par résonance magnétique (IRM) cérébrales. Nous présentons quelques notions élémentaires d'anatomie cérébrale, nous donnons un aperçu des différentes modalités d'imagerie médicale et nous nous focalisons sur le principe de l'IRM. Nous détaillons alors la description des imperfections de ce type d'imagerie qui est l'origine d'artefacts dans l'image. Nous présentons ensuite la notion générale d'interprétation des images IRM cérébrales et nous décrivons en particulier quelques types de tumeurs.

Le **deuxième chapitre** vise à établir un état de l'art des directions retenues dans la littérature pour la segmentation des images IRM cérébrales. Nous décrivons brièvement les principales techniques de la segmentation et de l'extraction du cerveau, en distinguant notamment celles basées sur une seule stratégie algorithmique, et celles basées sur des stratégies hybrides. Pour la segmentation des tissus sur les images IRM cérébrales nous nous focalisons ensuite sur une présentation détaillée des techniques de classification de pixels, à seuil, orientées région, et celles basées sur un modèle. Enfin, nous présentons une comparaison entre les différentes méthodes de la segmentation.

Dans le **troisième chapitre** nous donnons un aperçu sur la géométrie Riemannienne comme alternative à la géométrie Euclidienne. Nous appliquons cette approche sur le traitement des formes et sur les images IRM du cerveau.

La première partie du **quatrième chapitre** décrit l'application de l'histogramme basée sur la covariance et la corrélation pour la détection des tumeurs cérébrales. La deuxième partie est consacrée à la segmentation et l'extraction des contours des tumeurs par la distance géodésique.

Au **cinquième chapitre** nous présentons les variétés Riemanniennes pour la segmentation et l'extraction des régions du cerveau à partir des images IRM multi-modales. Nous exposons une méthode de détection des contours basée sur les tenseurs généralisés.

Le **sixième chapitre** est consacré à une conclusion générale dédiée à une analyse critique et à des perspectives permettant une ouverture pour les futurs travaux.

Chapitre 1

Imagerie cérébrale pour l'aide au diagnostic des tumeurs

Introduction

L'anatomie cérébrale définit les termes et concepts essentiels qui permettent de mieux comprendre ce que l'on observe avec l'imagerie cérébrale.

Dans ce chapitre, nous présentons en revue quelques caractéristiques du cerveau et de la tumeur qui sont utiles pour la détection, la segmentation et l'interprétation des tumeurs cérébrales et de leurs structures environnantes à l'imagerie par résonance magnétique (IRM). Nous évoquons l'imagerie cérébrale et quelques notions d'anatomie cérébrale qui vont nous permettre d'introduire les différentes structures anatomiques qui doivent être localisées et identifiées sur les images. Ainsi, les caractéristiques, les défauts de l'imagerie par résonance magnétique. Notre analyse est basée sur l'état des structures anatomiques. Notre thèse s'articule sur les résultats que nous avons obtenus à partir d'un développement détaillé des contributions qui portent sur l'observation de l'état des différentes structures anatomiques et qui sont présentées dans les chapitres suivant.

1. Anatomie et Pathologie cérébrale

Le cerveau constitué principalement par trois types de tissus : Matière Grise (MG), la Matière Blanche (MB) ainsi que le Liquide Céphalo-Rachidien (LCR), présenté par la figure 1.1.

- *La matière grise* est composée de cellules neuronales et gliales, appelées aussi cellules gliales qui contrôlent l'activité du cerveau, tandis que le cortex est une couche de substance grise qui recouvre le cerveau, et les noyaux gris centraux sont les noyaux de la matière grise situées profondément dans la substance blanche. Les noyaux gris centraux comprennent : le noyau caudé, le putamen, pallidum et claustrum (comme le montre la figure 1.2).
- Les fibres de la *matière blanche* sont les axones myélinisés qui relient le cortex cérébral avec d'autres régions du cerveau. Le corps calleux, une bande épaisse de fibres de la matière blanche, relie les hémisphères gauche et droit du cerveau.

- *Le liquide céphalo-rachidien (LCR)* est également présent dans le cerveau et dans la moelle épinière qui entoure le cerveau et la moelle épinière. Le LCR est constitué de glucose, des sels, des enzymes et des globules blancs. Ce fluide circule à travers les canaux (ventricules) autour de la moelle épinière et le cerveau afin de les protéger contre les blessures.

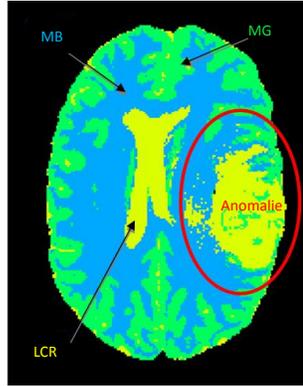


FIGURE 1.1 – Exemple d'une image de cerveau qui montre les trois principales tissus et une anomalie (tumeur)

L'anatomie du cerveau est composée du *cerebrum*, le *cerevet* et le *trunc cérébral* (figure 1.3). Le cerveau, qui forme la majeure partie de la tête, est divisé en deux grandes parties par la *fissure longitudinale* : l'hémisphères *cérébraux* droite et gauche. Chaque hémisphère est divisé en quatre lobes ou des domaines : le lobe frontal à l'avant du cerveau, le lobe pariétal derrière le lobe frontal, le lobe temporal, de chaque côté du cerveau et le lobe occipital à l'arrière de la tête comme illustré dans la figure 1.3.

Les structures centrales ou internes du cerveau, c'est à dire le *diencephale*, comprennent le *thalamus*, *hypothalamus* et l'*hypophyse*. Le système ventriculaire qui fournit le LCR est divisé en quatre cavités appelées *ventricules*, qui sont reliés par une série de trous appelés *foramen*, et les tubes. Deux ventricules fermés dans les hémisphères *cérébraux* sont appelées *ventricules latéraux* (premier et deuxième). Ils communiquent avec le troisième ventricule. Le troisième ventricule est dans le centre du cerveau, et ses parois sont constituées du *thalamus* et de l'*hypothalamus*. Le troisième ventricule se connecte avec le quatrième ventricule par l'*intermédiaire* d'un long tube.

2. Imagerie cérébrale

Il existe trois grands types d'imageries fréquemment utilisées pour le diagnostic des lésions *cérébrales*. Chacun exploitant des propriétés physiques différentes, ils mettent en évidence des informations de natures différentes et sont donc utilisés en liaison avec le type de pathologie recherchée. Cette section présente quelque type de l'imagerie *cérébrale*, en particulier le principe physique de l'imagerie par *résonance magnétique anatomique*, pour mieux comprendre les *artéfacts* rencontrés sur ces images.

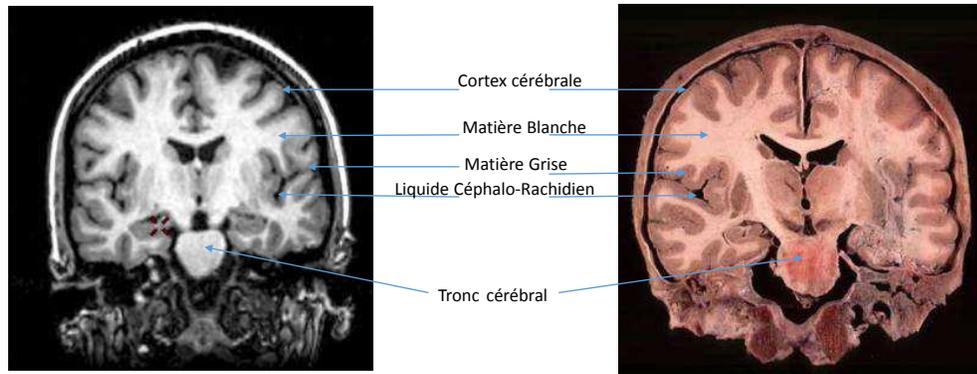


FIGURE 1.2 – Structures du cerveau illustré par le schéma (gauche), et par l'image RM (droite)

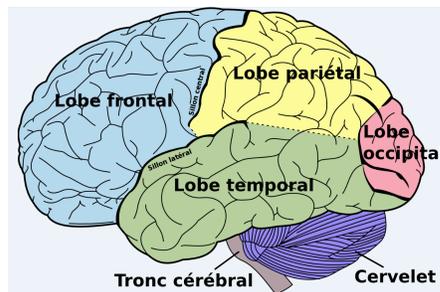


FIGURE 1.3 – Anatomie cérébrale

La tomographie à rayons X - L'image tomographique (*Computed Tomography, CT*), comme l'image standard à rayons X, est obtenue par la mesure de l'atténuation des rayons X à travers différents tissus. Cette atténuation dépend de l'épaisseur et de la composition des tissus traversés. De façon simple, les différents corps traversés sont l'air, la graisse, l'eau et l'os. Ces corps n'ayant pas la même composition atomique, ils répondent différemment aux faisceaux de rayons X : l'air atténue moins que l'os et l'eau plus que la graisse.

L'image scanographique constitue souvent le premier examen dans le cadre du diagnostic des lésions cérébrales. Associée à des produits de contraste, elle donne une première idée de la localisation de la lésion. Dans certains cas, elle permet la détection de tuméfactions ou de saignements.

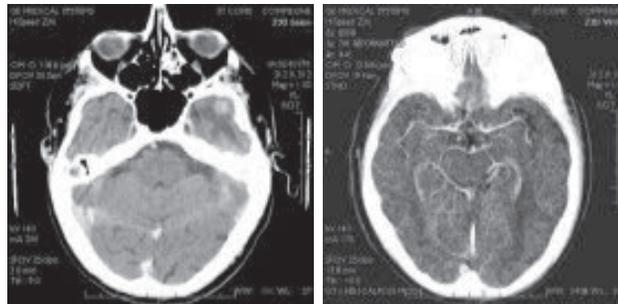


FIGURE 1.4 – Coupes cérébrales obtenues par un tomographe à rayons X

Imagerie scintigraphique - L'imagerie scintigraphique fait partie des techniques dites fonctionnelles, car elle permet d'étudier le transport, la distribution, le métabolisme et la durée de vie d'une substance dans l'organisme et de ce fait, le fonctionnement de l'organisme lui-même. C'est une technique d'exploration qui exploite les propriétés radioactives de la matière. Cette technique invasive consiste à injecter au patient une certaine dose de produit radioactif qui se fixe de manière non définitive sur les organes et les tissus cibles. Les produits injectés seront différents selon la pathologie et l'organe concerné. L'image scintigraphique est alors une représentation des rayonnements émis par les éléments radioactifs injectés.

Il existe différentes techniques de médecine nucléaire. Elles se différencient par leur mode d'acquisition et l'élément radioactif mesuré. Citons, à titre d'exemple, la *Tomoscintigraphie* ou SPECT (*Single Photon Emission Counter Tomography*) qui mesure l'émission des rayonnements γ et la *Tomographie par Émission de Positons* (TEP) qui mesure les rayonnements $\beta+$.

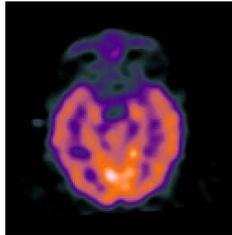


FIGURE 1.5 – Coupe scintigraphique (fausses couleurs)

Également utilisée pour la détection des lésions cérébrales, l'image scintigraphique peut s'avérer plus efficace que l'imagerie scanographique ou par résonance magnétique notamment dans le cas de tumeurs récurrentes. De plus, elle permet, dans certains cas, de déterminer la bénignité ou la malignité d'une tumeur.

Imagerie par résonance magnétique - L'imagerie par résonance magnétique, exploite les propriétés magnétiques des tissus, est certainement l'imagerie qui permet la meilleure distinction entre les tissus sains et les tissus pathologiques. Les performances des imageurs actuels offrent des images de hautes résolutions, apportant ainsi une précision spatiale bien supérieure à celle des images scanographiques. De plus, la possibilité de reconstruire des volumes à partir des images offre aux médecins un point de vue de la tumeur particulièrement utile pour le diagnostic. L'ensemble de ces qualités fait de l'imagerie par résonance magnétique, la technique d'imagerie la plus utilisée en routine clinique. Celle-ci sera détaillée dans la section suivante.

3. Imagerie par résonance magnétique

L'IRM est la technique la plus utilisée en neuro-imagerie pour l'évaluation et le suivi des patients atteints des tumeurs cérébrales pour de nombreuses raisons. Il n'utilise pas de rayonnement ionisant comme les autres types CT, SPECT, PET. Il permet une observation de qualité de l'anatomie cérébrale. En particulier la résolution des images obtenues par cette

technique est bien supérieure aux autres techniques, ce qui rend préférable pour détecter de petites lésions et des lésions non-amélioré sur isodense CT. Ainsi, la capacité des dispositifs pour produire des images IRM dans les plans *sagittal*, *coronal* et *axial* permet une meilleure localisation de la lésion dans l'espace 3D du cerveau et permet aux structures impliquées par la tumeur pour être plus clairement délimitées. Enfin, l'IRM permet d'éliminer l'artefact de durcissement de faisceau produit par la base du crâne sur CT, ce qui en fait mieux pour évaluer les lésions de la fosse postérieure et dans le frontal inférieur et le lobe temporal.

En plus de ces avantages bien connus, le développement de la spectroscopie IRM, l'imagerie par RM de diffusion, et l'imagerie RM de perfusion permet maintenant l'évaluation de biophysologie de la tumeur avec les scanners RM. L'acquisition de deux informations anatomique et fonctionnelle de la tumeur au cours de la même analyse peut être l'avantage le plus important de l'imagerie par résonance magnétique.

Notre objectifs, n'est pas d'étudier l'IRM de côté biologique ou chimique, Nous ne nous concentrons pas sur les détails de l'IRM, mais de présenter l'anatomie cérébrale et pathologie par résonance magnétique pour mieux comprendre notre contributions.

3.1. Principe physique de l'IRM

La technique de l'IRM exploite les propriétés magnétiques des éléments constitutifs de la matière et se fonde sur les phénomènes physiques de résonance et de relaxation [5]. Le patient est placé dans un champ magnétique fort, ce qui provoque les protons dans les molécules d'eau du corps pour aligner soit dans une orientation parallèle ou antiparallèle avec le champ magnétique. Une impulsion de radiofréquence est introduite, ce qui provoque des protons de filage de se déplacer hors de l'alignement.

- **Moment magnétique des noyaux** : Le corps humain étant constitué en moyenne de 70% d'eau, on s'intéresse en pratique à la molécule d'eau et en particulier au noyau d'hydrogène (proton). Le noyau d'hydrogène se comporte comme une charge en rotation autour de son axe : c'est le mouvement de spin (figure 1.6). Les protons peuvent alors être assimilés à des dipôles magnétiques. En l'absence de tout champ magnétique, ceux-ci vont s'orienter dans l'espace de façon aléatoire. Ce mouvement confère au noyau un moment cinétique qui dépend de sa masse et un moment magnétique qui dépend de sa charge.

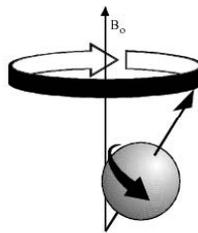


FIGURE 1.6 – Mouvement de spin

Dans un champ magnétique B_0 , les protons s'orientent alors par rapport à B_0 et décrivent autour de ce champ un mouvement de précession, de vitesse angulaire constante. L'ensemble

des protons s'orientant dans le sens de B_0 forme alors une sous-population de spins $+1/2$; l'ensemble s'orientant dans le sens inverse forme la sous-population de spins $-1/2$. La sous-population de spins $+1/2$ étant la plus importante, il existe une aimantation résultante M_0 proportionnelle au nombre de protons présents. M_0 ne possède qu'une composante longitudinale, dans le sens de B_0 .

-Phénomènes de résonance et de relaxation : Lorsque les protons, placés dans un champ magnétique, reçoivent un apport d'énergie sous la forme d'ondes radiofréquences de pulsation égale à leur fréquence de résonance et émises par un champ magnétique B_1 , ils passent d'un niveau bas d'énergie à un niveau haut d'énergie; cette transition correspond au phénomène de *résonance* magnétique. L'orientation du champ magnétique résultant change et passe à un nouvel état d'équilibre M tant que B_1 dure. On décompose alors M en un moment magnétique longitudinal M_L et en un moment magnétique transversal M_T . Le retour à l'équilibre des protons, la *relaxation*, lors de la disparition du champ magnétique B_1 , s'accompagne d'un mouvement en spirale des protons autour du champ magnétique B_0 . Bloch a montré que l'évolution de ce mouvement est liée au temps de relaxation longitudinal $T1$ et au temps de relaxation transversal $T2$ (figure 1.7). Les valeurs de ces derniers dépendent des tissus biologiques rencontrés (tableau 1.1).

TABLE 1.1 – Ordre de grandeur des temps de relaxation à 1.5T

	T1	T2
liquide céphalo-rachidien	2500 ms	2000 ms
matière grise	900 ms	90 ms
matière blanche	750 ms	80

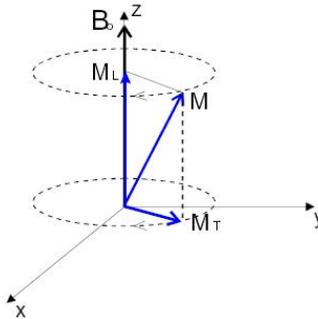


FIGURE 1.7 – Décomposition du moment magnétique M en un moment transversal M_T et longitudinal M_L lors de la résonance

Pour constituer une image IRM, on soumet le patient à un champ magnétique B_0 et à une onde radiofréquence B_1 de fréquence égale à la fréquence de précession des protons. Sous l'effet de cette onde, les protons basculent d'un angle α , généralement de 90° ou de 180° par rapport à M_0 . À l'arrêt de l'impulsion, le retour à l'équilibre s'établit : il y a réduction rapide du moment transversal M_T et repousse du moment longitudinal M_L . Pendant ce retour à l'équilibre, le proton continue à précesser et induit un champ magnétique FID (*Free Induction Decay*). C'est ce signal qui est recueilli par les bobines de réception puis transformé en signal électrique (figure 1.8).

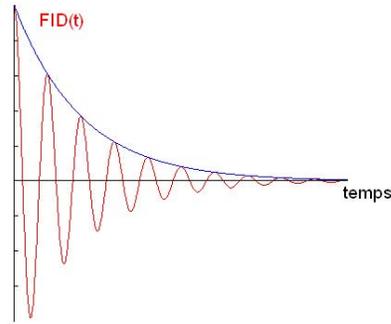


FIGURE 1.8 – Signal FID recueilli par les bobines réceptrices

L'image numérique IRM représente ainsi la répartition spatiale d'une grandeur physique : chaque élément d'une coupe correspond à la représentation de l'aimantation nucléaire d'un volume de l'espace exploré. Ces éléments sont habituellement appelés pixels quand on considère individuellement une coupe et voxels quand on considère le volume constitué de l'empilement des coupes.

La problématique liée au codage de l'image est alors de savoir différencier les signaux issus des différentes zones examinées. Ce codage est réalisé grâce au couplage de trois gradients différents :

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

L'orientation des coupes, qui dépend en particulier du gradient de coupe sélective, varie en fonction de la pathologie recherchée. On retrouve cependant trois orientations principales : axiale, coronale et sagittale (figure 1.9).

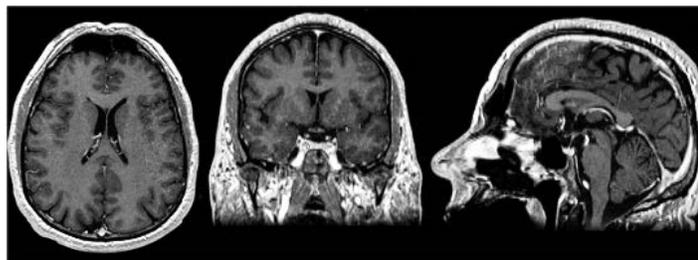


FIGURE 1.9 – Plan axial, coronal et sagittal (de gauche à droite) sur une acquisition en IRM-T1

3.2. Modalités d'IRM

Le comportement variable de protons dans différents tissus conduit à des différences dans l'apparence des tissus. La quantité de signal produite par des types de tissus spécifiques est déterminée par le nombre de protons d'hydrogène mobiles, la vitesse à laquelle ils se déplacent, et les temps de relaxation T1 et T2 du tissu. Comme les temps de relaxation T1 et T2 dépendent du temps, le moment de l'impulsion RF et la lecture de l'énergie RF rayonnée modifier l'apparence de l'image. Nous pouvons identifier les paramètres qui influencent le contraste de l'image IRM en deux grandes classes :

-La première est constituée de *paramètres intrinsèques* liés directement aux tissus observés. Il s'agit de la densité en protons ρ , des temps de relaxation T1 et T2, de la présence d'un agent de contraste ou encore de la vitesse des fluides circulant.

-La seconde est constituée de paramètres liés à l'appareil lui-même (en particulier l'intensité et la constance du champ magnétique B_0) et à la séquence d'acquisition. Cette dernière dépend essentiellement du temps de répétition TR séparant deux impulsions de l'onde radiofréquence B_1 et du temps d'écho TE séparant l'impulsion de la lecture du signal. La séquence d'impulsion standard IRM du détail anatomique et pathologique est une séquence d'écho de spin. Images pondérées en T1 (TR court, TE court) d'améliorer le détail anatomique, tout en pondération T2 (TR long, TE long), qui sont plus sensibles à la teneur en eau, sont plus sensibles à la pathologie. Les images de densité intermédiaire ou protons (TR long, TE court) offrent un meilleur contraste entre les lésions et liquide céphalo-rachidien.

Fluid-attenuated inversion recovery (FLAIR) est une autre séquence d'impulsions qui est utile dans la détection des lésions de faible contraste. Avec FLAIR (longue T1, TR long, et TE variable), le signal LCR est nulle, permettant la pathologie à côté de la LCR à voir plus clairement, séquence FLAIR produit fortement pondérée en T2 et l'image de RM. De nombreux rapports confirment la supériorité de la séquence FLAIR sur spin-écho(SE). Cette technique a joué un rôle important dans l'imagerie du cerveau de routine en raison de sa capacité présumée à renforcer la visibilité des lésions cérébrales par rapport à celle de la densité de proton de la pondération et de séquences d'écho de spin T2. FLAIR augmente la précision de détection pour le corticale, sous-corticale et des lésions périventriculaires, et permettent un examen plus efficace, en comparaison des images pondérées en T2. En séquence FLAIR, œdème est souvent délimitée à partir de la tumeur, et le LCR se distingue d'une composante kystique ou nécrotique, mieux que des images de densité de protons pondérée T2.

Parmi ces paramètres, seuls les paramètres d'acquisition sont modulables et conduisent à l'obtention d'images dites « pondérées en T1 », « pondérées en T2 » ou encore « pondérées en ρ ». Bien qu'elles ne soient pas uniques, nous nous limitons à la description de ces pondérations, correspondant à celles utilisées dans nos travaux (tableau 1.2, et figure 1.10).

TABLE 1.2 – Certains termes utilisés pour décrire des techniques d'imagerie de résonance magnétique.

terme	description
T1	Temps nécessaire pour les protons dans le tissu pour revenir à leur état d'origine de l'aimantation.
T2	Temps requis pour les protons en oscillation cohérente perturbée par l'impulsion de radiofréquence de perdre cette cohérence.
TR	temps de Répétition : le temps entre les applications successives de séquences d'impulsions de radiofréquence.
TE	Temps d'écho : le délai avant que l'énergie de radiofréquence rayonnée par le tissu en question est mesurée.
Image pondérée en T1	TR court, TE court. Offre une meilleure détail anatomique.
Image pondérée en T2	TR long, TE court. Plus sensible à la teneur en eau et, par conséquent, plus sensible à la pathologie.
Image FLAIR	TR long, TE court. Amélioration de contraste entre les lésions et liquide céphalo-rachidien.

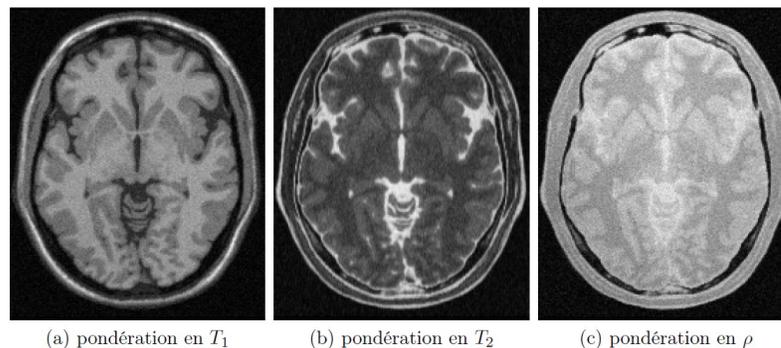


FIGURE 1.10 – Même coupe obtenue sous différents paramètres d'acquisition : pondération T1, T2 et densité de proton.

3.3. Incertitudes et imprécisions des images RM

3.3.1. Bruit d'acquisition

Comme toute image issue d'un système d'acquisition, les images IRM sont imparfaites. L'incertitude et l'imprécision sont alors leurs deux principaux défauts. Souvent confondues, ces deux notions sont pourtant distinctes.

La qualité d'une image peut être quantifiée par le rapport entre l'amplitude du signal observé pour un tissu et le bruit (rapport signal-sur-bruit, RSB), ou encore par la différence des amplitudes pour différents tissus par rapport au bruit (rapport contraste-sur-bruit, RCB).

Dans une expérience de RMN, divers processus dissipatifs dans l'échantillon, la bobine, les fils électriques, contribuent au bruit qui contamine le signal détecté par la bobine RF. Comme la largeur spectrale du signal des expériences IRM est très faible par rapport aux fréquences RF utilisées, presque tous les bruits peuvent être représentés par un bruit blanc (bruit de Nyquist).

Différents traitements numériques tels que le filtre moyenneur, le filtre médian ou encore le filtre anisotropique peuvent être appliqués afin de réduire le bruit des images.

3.3.2. Effet de volume partiel

Un problème inhérent à tout système numérique d'imagerie est l'effet de volume partiel. Si la surface entre plusieurs objets intersecte un voxel, la mesure radiométrique sur ce voxel résulte d'un mélange des contributions radiométriques des objets présents dans ce voxel. Cet effet se manifeste principalement à la frontière des principales substances (matière blanche/matière grise et liquide céphalo-rachidien/matière grise). Il se produit également lorsque des structures sont trop fines pour être visibles à la résolution de l'image (par exemple pour certains vaisseaux sanguins).

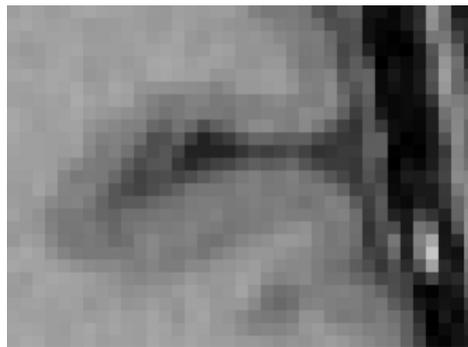


FIGURE 1.11 – Effet de volume partiel

4. Quelques exemples de tumeurs cérébrales

Dans cette section, nous présentons quelques différents cas cliniques de tumeurs cérébrales. Notre objectif n'est pas de réaliser une expertise des tumeurs mais de présenter la difficulté de cette tâche tout en se familiarisant avec des images radiologiques. Notons que les cas présentés dans cette section ne seront pas traités dans le cadre de notre travail, puisque seules quelques coupes sont disponibles.

4.1. Astrocytome de bas grade

Ce type de tumeurs représente environ 5% des tumeurs intracrâniennes et se caractérise généralement par une masse hémisphérique non encapsulée et infiltrante (présenté par la figure 1.12). Les astrocytomes sont hyper-intenses en pondération T2 et peu ou moyennement contrastés en pondération T1.

Le diagnostic complet d'une tumeur est constitué de plusieurs étapes, chacune d'entre elles permettant de l'affiner au fur et à mesure. Dans ce cas particulier, un examen radiologique de clichés scanner et IRM a été accompagné d'un examen chirurgical et d'un examen histologique.

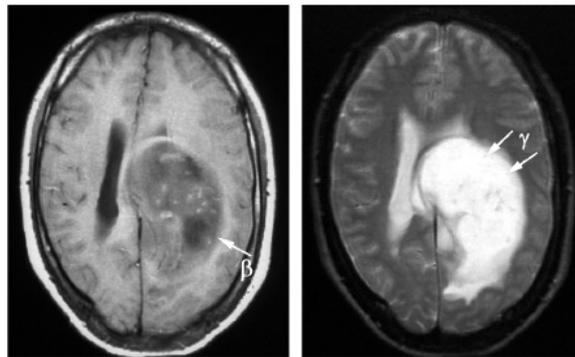


FIGURE 1.12 – Cas de tumeur de type astrocytome de bas grade, IRM en T1 à gauche et IRM en T2 à droite

4.2. Glioblastome

Ce type de tumeur, de grade IV, est relativement fréquent puisqu'il représente 20% de toutes les tumeurs intracrâniennes. Survenant le plus souvent chez des patients entre 50 et 70 ans, les glioblastomes forment des masses molles et riches en vaisseaux sanguins. Souvent hétérogènes, ils présentent des nécroses et sont accompagnés d'œdèmes (figure 1.13). Le glioblastome est l'un des types de tumeurs les plus mortels.

4.3. Gangliogliome

Gangliogliomes sont des tumeurs à croissance lente qui se produisent chez les enfants et les jeunes adultes. Lobes temporaux et hémisphères cérébelleux sont des endroits les

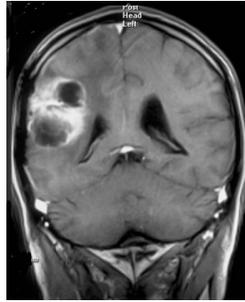


FIGURE 1.13 – Cas de glioblastome

plus courantes de ce type de tumeurs. Dans ce type aucun œdème entourant est considérée (Figure 1.14), mais généralement, ils sont accompagnés d'un kyste. Ils n'améliorent pas le contraste amélioré des images pondérées en T1.

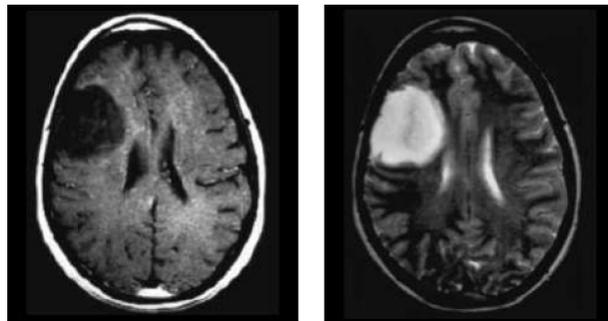


FIGURE 1.14 – Gangliogliome. à gauche, contraste amélioré axiale IRM pondérée en T1 montrant une tumeur non-amélioration hypo frontal. A droite, la même lésion apparaît hyper-intense en T2 IRM

Conclusion

Dans cette partie, nous nous sommes attachées à décrire l'anatomie et la pathologie du cerveau ainsi quelque technique d'imagerie médicale en particulier l'imagerie par résonance magnétique. Après avoir énoncé les principes physiques qui la régissent, nous nous sommes intéressées, par la suite, à la formation des images, aux différentes pondérations qu'offre cette technique d'imagerie et leur intérêt dans le cadre du diagnostic des tumeurs cérébrales, et enfin aux imperfections qui détériorent la qualité de ces images.

Ainsi, nous exposons différents cas réels de pathologies cérébrales, mettant ainsi en évidence la complexité du diagnostic mais aussi la complémentarité des différentes pondérations. Les différents cas étudiés correspondent en particulier à des tumeurs difficiles à isoler précisément des autres structures du fait de leur nature infiltrante. L'imprécision concerne le contenu de l'information et porte sur un défaut quantitatif.

Plusieurs travaux ont été consacré pour réaliser un outils puissant de diagnostic automatique assisté par ordinateur. Ces méthodes sont indispensables pour extraire les informations

cliniques qui permettraient l'amélioration de diagnostique et la mise en place du traitement de la maladie. Ils affaiblissent aussi la complexité et ils minimisent le temps de diagnostique. Dans le chapitre suivant, nous nous sommes intéressés à la présentation de différentes méthodes utilisées dans l'état de l'art pour segmenter les images. Ces méthodes vont nous servir pour l'extraction des informations cliniques que nous allons exploiter pour améliorer le diagnostic et le traitement de la maladie.

Chapitre 2

Méthodes de segmentation : Etat de l'art

Introduction

L'objectif le plus important de l'analyse d'image médicale en général et l'analyse d'image par résonance magnétique du cerveau (IRM), en particulier, est d'extraire des informations cliniques qui permettrait d'améliorer le diagnostic et le traitement de la maladie. Les tumeurs cérébrales sont une des maladies les plus courantes du cerveau, de sorte que la détection et la segmentation de tumeurs cérébrales en IRM sont importants dans le diagnostic médicale. Cependant, l'objectif est de fournir des informations associées à des structures anatomiques ainsi que les tissus anormaux potentiels nécessaires à la planification du traitement et le suivi des patients. La segmentation des tumeurs cérébrales peut également être utile pour la modélisation générale des cerveaux pathologiques et la construction d'atlas du cerveau pathologiques.

Malgré de nombreux efforts et des résultats prometteurs dans la communauté de l'imagerie médicale, la segmentation précise et reproductible et la caractérisation des anomalies sont encore une tâche difficile en raison de la variabilité des formes. Certains d'entre eux peuvent également déformer les structures environnantes ou peut être associé à un œdème ou une nécrose qui changent l'intensité de l'image autour de la tumeur. Les méthodes existantes laissent beaucoup de place à une automatisation accrue, l'applicabilité et la précision [6].

Dans ce chapitre, nous classons et étudions les méthodes existantes pour la détection et la segmentation des tumeurs cérébrales dans les images IRM. Classiquement, simple seuillage ou techniques morphologiques ont été utilisés sur chaque image pour segmenter le tissu ou la région d'intérêt pour le diagnostic, la planification du traitement, et le suivi des patients. Ces méthodes sont en mesure d'exploiter toutes les informations fournies par l'IRM. Les techniques avancées d'analyse d'image sont en cours de développement pour utiliser de manière optimale les données IRM et pour résoudre les problèmes liés aux techniques précédentes. La plupart des méthodes présentées pour la détection et la segmentation de la tumeur ont utilisés plusieurs techniques classique dans la segmentation d'images. Nous pouvons diviser ces méthodes en trois groupes : Méthodes basées sur les régions, basées sur les contours et

la fusion entre les deux.

Dans la suite de ce chapitre, nous passons en revue à des méthodes existantes pour la segmentation de tumeurs cérébrales dans les images IRM basées sur la classification proposée. Parmi ces méthodes on va traiter les techniques et les algorithmes de pré-traitement d'images cérébrales.

1. Pré-traitement des images de cerveau

Malgré des améliorations significatives au cours des dernières années, les images IRM souffrent souvent de faible rapport signal sur bruit (RSB) en particulier dans l'imagerie cardiaque et du cerveau [7]. Cette situation est problématique pour d'autres tâches telles que la segmentation, la classification d'images assistée par ordinateur, la reconstruction de l'image tridimensionnelle et le recalage. Par conséquent, il est important d'améliorer le RSB des images utilisées au cours de l'analyse quantitative. Ceci est habituellement fait en utilisant une méthode de débrouitage, qui est une étape importante de pré-traitement pour améliorer la qualité de l'image en réduisant la composante de bruit tout en conservant toutes les caractéristiques d'image.

Le pré-traitement des images IRM du cerveau est une phase essentielle pour la détection, la segmentation et la classification des tumeurs, pour remédier aux problèmes de bruit affecté durant l'étape de l'acquisition. Ensuite, après la normalisation et le filtrage des images, l'extraction des contours de cerveau est l'étape primordiale pour obtenir un meilleur diagnostic des tumeurs [8], Cette phase permet d'éliminer toutes les régions qui n'appartiennent pas au cerveau (comme le crâne, l'os, ... etc).

L'extraction des contours de cerveau d'une manière précise et avec des méthodes optimales ont tiré l'attention de plusieurs chercheurs dans le domaine de traitement de l'imagerie médicale, plusieurs travaux ont été publiés et d'autres projets sont en cours de développement, pour éliminer les régions qui n'appartiennent pas au cerveau.

2. Extraction des contours de cerveau

La variabilité dans la morphologie du cerveau et la différence de caractéristiques d'intensités dues à des séquences d'imagerie permettent l'élaboration des algorithmes d'extraction de cerveau à usage général difficiles [9].

L'extraction du cerveau est important pour l'analyse des images cérébrales, telle que le recalage, la classification des tissus et la segmentation de la région d'intérêt. Bien que des méthodes telles que l'estimation des domaines de normalisation de l'intensité et de recalage ne nécessitent pas de masque parfait du cerveau. D'autres méthodes telles que la mesure de l'épaisseur corticale reposent sur l'extraction du cerveau très précise pour fonctionner correctement. Dans le cas de l'extraction du cerveau incorrecte, les sujets peuvent être exclus de la poursuite de la procédure, une conséquence potentiellement coûteuse pour de nombreux

études.

Une méthode d'extraction du cerveau exacte, devrait exclure tous les tissus externes au cerveau, comme le crâne, la dure, et les yeux, sans enlever une partie du cerveau. Au-delà des questions techniques, le problème de l'extraction du cerveau est encore compliqué par le fait qu'il n'existe pas de norme acceptée pour les éléments à inclure dans la segmentation de cerveau. S'il existe un consensus parmi les méthodes que les structures non-cerveau évidents, comme le crâne, la dure, et les yeux devraient être supprimés dans le cadre du processus d'extraction du cerveau, il y a des opinions divergentes sur d'autres structures et tissus, tels que la quantité de l'extra-cérébrale liquide céphalo-rachidien (LCR), les vaisseaux sanguins et les nerfs. Certaines méthodes définissent la segmentation de la cible sous la matière blanche (MB) et la matière grise (MG) seulement, tandis que d'autres comprennent LCR, les veines et les chiasmes optiques [10, 11]. Selon l'objectif de l'analyse ultérieure, il est important d'enlever les tissus qui peuvent être confondus avec les tissus du cerveau dans les images.

Au cours des quinze dernières années, plus de vingt méthodes d'extraction de cerveau ont été proposées en utilisant une variété de techniques, telles que des opérations morphologiques [12], [13], atlas correspondant [14], les surfaces déformables [15], [16], ensembles des niveaux [17],[18], l'analyse par l'histogramme [19], les coupes de graphes [20], l'étiquette fusion [11], et des techniques hybrides [10, 21, 22, 23, 24, 8]. Bien que certains méthodes sont efficaces pour enlever les tissus non-cerveau, au prix d'enlever des tissus du cerveau, les autres sont mieux compris à tous les tissus du cerveau, au déterminent notamment de tissu non-cerveau. Il s'agit d'un exemple classique des échanges entre la sensibilité et la spécificité.

Dans ce qui suit on va présenter les algorithmes d'extraction (Brain Extraction Algorithms, BEAs) du régions de cerveau selon la stratégie d'algorithme utilisée, Les algorithmes d'une seule stratégie et celle des stratégies hybrides.

2.1. Algorithmes d'une seule stratégie algorithmique

Certains BEAs populaires basés sur une seule stratégie algorithmique tels que le Mappage des paramètres statistiques(SPM)[25], Outil d'extraction du cerveau(BET)[26], Extracteur de surface de cerveau (BSE)[23], Intracranienne 3D[27], Lignes de partage des eaux[28], modèle basé sur l'ensemble de niveau [29], Exbrain et la méthode de l'université de Simon Fraser(SFU). Ces algorithmes utilisent une seule technique pour extraire la surface de cerveau et se trouve à effectuer moins satisfaisante que les BEAs qui se base sur des stratégies hybrides. La plupart des algorithmes d'extraction du cerveau existants prennent une image pondérée en T1 des images normales comme entrée pour le traitement. Les images pondérées en T1 sont considérées comme l'étalon-or en termes de l'imagerie anatomique ou morphologique en raison de leur haute résolution, souvent voxels isotropes, nature intrinsèque 3-D et une excellente matière grise (MG), la matière blanche (MB), rapport contraste-bruit.

A. BEaST : Extraction du cerveau basée sur une technique de segmentation non local Cette méthode est basée sur la segmentation non local intégrée dans un cadre de résolution multiples [9].

Au lieu d'effectuer la fusion de l'atlas non linéaire des structures déformées, cette méthode réalise l'étiquetage de chaque voxel individuellement en comparant son voisinage avec des taches sur des sujets de formation dans lequel l'étiquette du voxel central est connue. [9] présente l'adaptation de cette approche de segmentation basée sur les correctifs pour procéder à l'extraction du cerveau. L'inconvénient de la segmentation basée sur les patches est qu'il ne pas être directement appliquée à l'extraction du cerveau. Ils proposent d'appliquer la segmentation des correctifs dans une approche multi-résolution pour extraire le cerveau. Pour remédier aux problèmes de complexité de la structure du cerveau et de calcul, les auteurs de [9] adaptent l'approche à leurs besoin.

B. BSE : Extracteur de surface de cerveau, développée par Shattuck et al.[23], est une approche basée sur le bord. Initialement, les scans sont lissés par le filtre de diffusion anisotrope et les bords sont identifiés par le détecteur de bord de Marr-Hildreth [23]. Ensuite, un composant est sélectionné comme le cerveau en fonction de la taille, l'emplacement et l'intensité à l'intérieur de la trame utilisent une séquence d'opérations morphologiques et les composantes connectés. L'opération de dilatation est faite pour combler les petits trous. ESB est contrôlé par quatre paramètres : constantes de diffusion, constante de bord, paramètres d'itération et la taille de l'érosion.

C. BET : Outil d'extraction du cerveau, développé par Smith [26], est un procédé à base de modèle de surface du cerveau. Initialement, un masque du cerveau rugueuse est créé en utilisant deux seuils estimés à partir de l'histogramme de l'image. Ensuite, une sphère centrée en mosaïque à peu près du centre de gravité (CG) de la tête est élargie en direction du bord de la tête. Il s'agit d'une approche purement déformable et commandée par deux paramètres, les critères de souplesse et de seuil d'intensité locale.

BET a la tendance de produire des angles arrondis que les autres méthodes et comprend souvent d'autres tissus non cérébraux [29, 30, 31, 32]. Le degré de plus l'extraction est souvent élevé d'ESB [31, 32]. Les deux BET et BSE, requièrent une personnalisation des paramètres pour les commencer, [31]. Ils ont échoué à bande de crâne les images pondérées en T1 avec une très haute résolution de bruit ou de contraste pauvres [29]. Fennema et al. [30] et Hartley et al. [31] a conclu que la précision de ces méthodes sur des ensembles de données anormales étaient sensibles à soumettre et les caractéristiques cliniques. Par conséquent, il faut prendre soin avant d'utiliser l'un d'eux pour toute demande.

2.2. Algorithmes de stratégie hybride

A. BEA : Algorithme d'extraction du cerveau, Le BEA qui surmonte les problèmes ci-dessus et fonctionne efficacement pour les images pondérées en T2 [33]. L'algorithme proposé est un BEA en deux étapes pour les analyses axiale T2 d'épaisseur de 3-5 mm. Il s'agit d'une approche fondée sur l'intensité et utilise les connaissances anatomiques sur le cerveau. Filtre passe-bas et la diffusion anisotrope sont réalisés sur l'image pondérée en T2. De l'image obtenue une valeur de seuil optimale pour l'intensité est calculée. En utilisant la valeur de seuil d'une image binaire du cerveau grossier est générée. Enfin, l'amende cerveau est extrait du cerveau grossier en effectuant les opérations de sélection morphologiques et de la région. 2D et 3D approches pour extraire le cerveau sont présentés. Il est entièrement

automatisé et sans aucune intervention humaine ou d'un paramètre initial est nécessaire.

B. MARGA : Algorithme adaptatif multi-spectrale de croissance des régions

Comme nous avons mentionné précédemment le décapage de crâne est l'une des étapes les plus importantes de pré-traitement de l'analyse automatique de cerveau, [8] présente une nouvelle approche appelée adaptation multi-spectrale de l'algorithme de croissance des régions (MARGA : Multispectral Adaptive Region Growing Algorithm) pour exécuter le processus d'extraction de cerveau. L'approche est basée sur l'algorithme de croissance de région utilisé pour segmenter les régions de cerveau de modalités T1 et T2, des images d'une faible qualité de trois bases de données. D'abord les régions de germes sont obtenus, qui sont ensuite répartis, en utilisant un algorithme 2D de croissance des régions qui se comporte différemment dans des zones spécifiques du cerveau. En particulier, ils divisent l'image IRM en trois zones spatiales différentes (moyenne, inférieur et supérieur) où la stratégie de segmentation est légèrement différente afin de mieux s'adapter aux distributions d'intensités des tissus. En outre, E.Roura et al [8] introduisent l'utilisation des images T1 et T2 dans le cadre de la segmentation avec l'idée que l'intensité des différents contrastes aide sur le renforcement des masques du cerveau qui en découlent. Cette méthode est inspirée des travaux récents de Park et Lee [13] dans lequel les résultats de segmentation satisfaisants ont été rapportés lors de l'utilisation des images d'orientation coronale provenant de différentes bases de données.

3. Détection et segmentation des tumeurs

La segmentation de la tumeur du cerveau consiste à séparer les différents tissus tumoraux (tumeur solide ou actif, l'œdème et la nécrose) des tissus cérébraux normaux : la matière grise (MG), la matière blanche (MB), et le liquide céphalo-rachidien (LCR). Dans les études de tumeurs du cerveau, l'existence de tissus anormaux peut être facilement détectable. Cependant, la segmentation et la caractérisation des anomalies précises ne sont pas simples.

De nombreux chercheurs dans le domaine de l'imagerie médicale et l'informatique ont fait enquête significative dans le domaine de la segmentation d'une tumeur cérébrale. Les deux méthodes semi-automatiques et automatiques ont été proposées. L'acceptation clinique des techniques de segmentation dépend de la simplicité de la segmentation, et le degré de contrôle de l'utilisateur. Les méthodes interactives ou semi-automatiques sont susceptibles de rester dominantes dans la pratique depuis un certain temps, en particulier dans ces applications où des interprétations erronées sont inacceptables.

On présente dans ce qui suit un aperçu des méthodes de segmentation de tumeurs cérébrales les plus pertinentes, effectués après l'acquisition de l'image par résonance magnétique, cette enquête se concentre sur la segmentation de tumeurs cérébrales de l'IRM.

Les méthodes de segmentation de la tumeur cérébrales peuvent être classés en trois catégories selon le degré d'interaction humaine nécessaire comme décrit par [34] : segmentation manuelle, semi-automatique, et entièrement automatique.

4. Types et méthodes de segmentation

L'étude de segmentation de tumeur cérébrale représente un sujet de recherche intéressant dans l'apprentissage automatique et reconnaissance de formes, car elle représente un problème que les humains peuvent apprendre à faire efficacement. Toutefois, le développement des méthodes automatiques de haute précision reste un problème difficile. On présente dans ce qui suit un aperçu des types et des méthodes de segmentation des tumeurs cérébrales.

4.1. Types de segmentation

Dans le cas de tumeurs du cerveau, la segmentation consiste à séparer les différents tissus tumoraux tels que la tumeur solide ou active, l'œdème et la nécrose des tissus cérébraux normaux tels que la matière grise (MG), de la matière blanche (MB) et le liquide céphalo-rachidien (LCR). La segmentation des tumeurs cérébrales nécessite une mesure objective qui peut être utilisée pour définir l'homogénéité de chaque tissu. Il existe deux façons d'obtenir la mesure objective, à savoir les méthodes de segmentation qu'on peut diviser en deux grandes classes : supervisées et non supervisées.

4.1.1. Segmentation non supervisée

Lorsque les données de l'image sont non étiquetées, l'image peut être segmentée en utilisant des algorithmes de clustering. Dans ce cas, aucun être humain trouve les étiquettes des sous-ensembles de données de formation. Au lieu de cela, l'ensemble des vecteurs de pixels est soumis à un régime d'analyse de cluster, et les grappes se trouvent algorithmiquement. En outre, une fois trouvées, les grappes algorithmiques doivent en quelque sorte être affectées les étiquettes physiques [35]. La segmentation non supervisée peut être effectuée en utilisant une mesure objective anatomique ou une mesure objective basée sur l'image pour évaluer la qualité de la segmentation. Dans le premier cas, le but est de segmenter l'image en régions qui ont des propriétés anatomiques homogènes et connues, tandis que, la qualité de segmentation est basée sur l'évaluation des régions ayant des intensités ou des textures similaires. Les approches de segmentation non supervisée des tumeurs cérébrales qui utilisent une mesure objective anatomique pour segmenter l'image en au moins deux régions anatomiques significatives, dont l'une est une tumeur ou un œdème. Ces approches ont été d'une portée limitée ; parce que la plupart des méthodes proposées ont été centrées uniquement sur l'amélioration de la segmentation des zones tumorales. Cette limitation est principalement due à la difficulté de traduire le traitement visuel et de la connaissance anatomique utilisée par des experts humains dans les opérations qui donnent les résultats souhaités.

Les méthodes de segmentation non supervisées qui utilisent des fonctionnalités basées sur l'image, plutôt que de diviser l'image selon des distinctions anatomiquement significatives, divisent les images en régions homogènes en utilisant des fonctionnalités basées sur des images telles que l'intensité et/ou des textures. Ces méthodes peuvent traiter des cas plus complexes, par exemple la production d'une segmentation précise des différentes régions présentes dans une tumeur hétérogène [36]. Dans le cas de la segmentation de tumeurs cérébrales, le manque de forme ou d'intensité a priori sur les tumeurs rend la segmentation non supervisée plus difficile [37], pour cette raison, il a été l'effort de recherche étroit dirigé

vers des techniques de segmentation de tumeurs cérébrales non supervisée dans les images IRM qui n'utilise pas une mesure objective anatomique.

Trois inconvénients majeurs ont été mis en évidence en utilisant les méthodes de segmentation non supervisée à l'aide des fonctionnalités basées sur l'image : le nombre de régions a souvent besoin d'être pré-spécifié, les tumeurs peuvent être divisées en plusieurs régions, et les tumeurs ne peuvent pas avoir une intensité clairement défini ou limites de texture. Ces inconvénients peuvent être réduits en utilisant des techniques de pré-traitement tel que la correction d'inhomogénéité de l'intensité et de la segmentation intracrânienne communément dénommée "crâne stripping".

4.1.2. Segmentation supervisée

La particularité des méthodes de segmentation supervisée de l'image est l'utilisation de données de formation étiquetés. La classification supervisée implique à la fois une phase de formation qui utilise les données marquées d'apprendre un modèle qui associe des fonctionnalités pour les étiquettes, et une phase de test qui est utilisée pour attribuer des étiquettes aux données non étiqueté sur la base des caractéristiques mesurées. Dans la segmentation supervisée le choix des données de formation précis est crucial parce que les différents ensembles de formation peuvent conduire à de grandes disparités dans le temps de formation, ainsi que les différences potentielles des résultats de segmentation [35]. De la manière supervisée, l'opérateur décide, sur la base des données de RM en cours de contrôle, le nombre de catégories de tissus existent dans l'image.

Lors de la formulation de la tâche de segmentation de tumeur cérébrale comme un problème de classification supervisée, une méthode simple consiste à utiliser les étiquettes normaux et tumoraux comme les classes, et d'utiliser les intensités dans les différentes images IRM que des fonctionnalités. En vertu de cette formulation de la phase de formation consiste à apprendre un modèle qui utilise les intensités de l'image RM. De discriminer entre les pixels normaux et tumoraux. La phase de test se compose de l'utilisation de ce modèle pour classifier les pixels non étiqueté dans l'une des deux classes en fonction de leur intensité.

La source des données d'entraînement et de test a une influence majeure sur la performance d'une méthode supervisée. Deux principales sources de formation et de test sont la formation des patients spécifiques, et de la formation inter-patient. Dans la formation spécifique au patient, les données d'entraînement sont obtenues à partir des images à segmenter. Plusieurs de sous-classes de formation spécifique au patient qui seront examinés comprennent : les données d'entraînement et de test sont les mêmes, la formation utilise un sous-ensemble de pixels à l'intérieur de la coupe de test, et la formation est effectuée en fonction des coupes qui sont adjacentes à la coupe de test. Formation inter-patient est d'effectuer un entraînement sur plusieurs patients, et les tests dans des périodes [38]. Les sous-classes de formation interpatient : données de formation et d'essai sont les mêmes, la formation sur la même coupe et type de tumeur à partir de différents patients, et la formation sur le même type de tumeur de différents patients.

Les méthodes supervisées peuvent effectuer des tâches différentes en changeant simple-

ment l'ensemble de la formation. Les méthodes supervisées ont le potentiel de réduire le travail manuel d'ingénierie en fournissant des données étiquetées, les caractéristiques pertinentes, et les paramètres appropriés pour l'algorithme d'apprentissage. Bien que très efficace et polyvalent, les méthodes supervisées de segmentation de tumeurs cérébrales dans les images IRM souffrent souvent de l'inconvénient de nécessiter d'une formation spécifique au patient. La variabilité humaine associée aux données manuel de formation, pourrait aussi être un inconvénient.

4.2. Méthodes de segmentation

Détection, localisation, diagnostic, mise en scène, et le suivi des réponses de traitement sont des procédures cruciales en médecine clinique et en oncologie. La détection précoce et la localisation des maladies, et de stadification précise pourraient conduire à des changements dans la gestion des patients qui auront un impact sur les résultats de santé. Quantification précise de la physiologie régionale dépend de la délimitation exacte ou la segmentation de la structure de la tumeur ou d'une région d'intérêt dans les images. Selon Wong [39], les rôles fondamentaux de segmentation sont les suivants : (1) permettre la quantification, (2) réduire l'ensemble de données en focalisant l'analyse quantitative sur les régions qui sont extraites d'intérêt, et (3) établir des correspondances structurelles pour le physiologique données échantillonnées dans les régions.

Une grande variété de techniques de segmentation de tumeurs du cerveau a été proposée. Cependant, il n'y a pas de technique de segmentation standard qui peut produire des résultats satisfaisants pour toutes les applications d'imagerie. Très souvent, les procédés sont optimisés pour traiter des modalités d'imagerie spécifiques telles que l'imagerie par résonance magnétique. En général, les techniques de segmentation ont été divisées pour divers auteurs [40, 41, 42] en quatre grandes catégories :

- Techniques à seuil
- Techniques orientées région
- Techniques de classification de pixels
- Techniques basées sur un modèle

Les techniques basée sur le seuil, basées sur la région et la classification de pixels sont couramment utilisés en segmentation d'image bidimensionnelle [43, 44, 45]. Les Techniques à base de modèles tels que les modèles déformables paramétriques et géométriques (ensembles de niveau), sont surtout employées dans l'image volumétrique (3D) segmentation [46, 47, 48].

4.2.1. Méthodes basées sur le seuil

Le seuillage est une méthode de segmentation par région simple et efficace, dans lequel les objets de l'image sont classés en comparant les intensités avec un ou plusieurs seuils d'intensité. Ces seuils peuvent être locaux ou globaux. Si l'histogramme d'une image exprime une courbe bi-modale, l'objet peut être séparé de l'arrière-plan de l'image par un seuil unique appelé seuil global. Cependant, si l'image contient plus de deux types de régions, qui correspondent à différents objets, la segmentation doit être effectuée en utilisant un seuillage local. L'image peut être segmentée par l'application de plusieurs seuils individuels ou en

utilisant une technique de seuillage multiples.

A. Seuillage global

La propriété la plus simple que les pixels dans une région peuvent partager est l'intensité. Donc, d'une manière naturelle pour segmenter ces régions est à travers le seuillage, la séparation des régions claires et sombres. Le seuillage crée des images binaires de ceux de niveaux de gris en tournant tous les pixels sous un certain seuil à zéro et tous les pixels sur ce seuil à un. Si $g(x, y)$ est une version à seuil de $f(x, y)$ à un certain seuil global T ,

$$g(x, y) = \begin{cases} 1 & \text{si } f(x, y) \geq \rho \\ 0 & \text{ailleurs} \end{cases} \quad (2.1)$$

dans laquelle les pixels avec une valeur de 1 correspond à la région d'intérêt, tandis que les pixels dont la valeur 0 correspond à l'arrière-plan.

Le seuillage global fonctionne bien si l'image contient des objets avec une intensité homogène ou le contraste entre les objets et l'arrière-plan est élevé. Cependant, il ne peut pas lui-même conduire à une segmentation entièrement automatique, et peut échouer lorsque deux ou plusieurs structures tissulaires ont des niveaux d'intensité qui se chevauchent. La précision de la ROI est également contestable car elle est séparée de l'arrière-plan sur la base d'une valeur de seuil unique qui peut être soumise à de très grandes fluctuations statistiques. Avec l'augmentation du nombre de régions ou le niveau de bruit, ou lorsque le contraste de l'image est faible, le choix du seuil sera plus difficile.

Gibbs et al. [49] ont présenté une approche non supervisée pour la segmentation de tumeur de pixels améliorés à partir d'images pondérées en T1. Le premier système applique un seuil d'intensité à une région d'intérêt sélectionnée manuellement, et représente une approche clairement justifiée pour segmenter les objets d'image qui sont différents de l'intensité de leur environnement. Bien que l'exigence de coupe ou de la région d'intérêt de sélection manuel est un inconvénient plus grave est que la méthode ne prend pas en compte la présence effective des pixels hyper-intense représentant les structures normales dans les images T1 post-contraste.

B. Seuillage local

En dehors de seuillage global, il existe plusieurs méthodes de seuillage qui peuvent être classées comme seuillage local. Un seuil local est déterminé de manière adaptative dans une région locale autour d'un pixel. Ces techniques peut-être utiles lorsqu'une valeur de seuillage ne peut pas être déterminée à partir de l'histogramme de l'image entière ou un seuil unique ne peut pas donner de bons résultats de segmentation. Le seuil local peut être déterminé par l'estimation d'une valeur de seuil pour les différentes régions de l'histogramme d'intensité. Selon Yao [40] les valeurs de seuils sont généralement estimées par la connaissance préalable. Les valeurs de seuils locaux peuvent aussi être estimées à l'aide des propriétés statistiques locales telles que la valeur moyenne d'intensité dans IRM pondéré en T1 comme dans [44] ou par le calcul des volumes partiels de chaque région pour déterminer le seuil pour la segmentation de chaque composant de cerveau des images RM DP et T2 [50]. Stadlbauer et al.

[51] ont utilisé la distribution gaussienne de valeurs de données comme seuil dans le cerveau normal d'IRM pondéré en T2. La valeur du seuil de fin de course pour le tissu cérébral normal était la moyenne plus trois fois l'écart type. Sur la base de ce seuil, une zone a été calculée qui a été délimitée comme tissu pathologique.

En générale, les méthodes de segmentation à seuil, locales ou globales, sont comme incapables d'exploiter toutes les informations fournies par l'IRM, et sont utilisées comme une première étape dans le processus de segmentation.

4.2.2. Méthodes basées sur les régions

Les approches de segmentation basées sur les régions examinent les pixels dans une image et forment des régions disjointes en fusionnant les pixels voisins ayant des propriétés d'homogénéités basées sur un critère de similarité prédéfinie. Ces méthodes peuvent être esquissées de manière générale comme suit : Soit X une image qui est segmentée en N régions, dont chacune est notée R_i où $i = 1, 2, \dots, N$. L'image originale peut être exactement assemblée en mettant toutes les régions ensemble et il devrait y avoir aucun chevauchement entre deux régions R_i et R_j pour $i \neq j$. Le prédicat logique $L(\cdot)$ contient un ensemble de règles (généralement un ensemble de critères d'homogénéité) qui doit être satisfaites par tous les pixels dans une région donnée, et il ne parvient pas à l'union de deux régions depuis la fusion de deux régions distinctes se traduira par une région inhomogène. Les régions doivent satisfaire les propriétés suivantes :

$$\begin{aligned}
 X &= \bigcup_{i=1}^N R_i \\
 R_i \cap R_j &= \emptyset \quad \forall i, j = 1, 2, \dots, N \\
 L(R_i) &= \text{TRUE} \quad \text{for } i = 1, 2, \dots, N \\
 L(R_i \cup R_j) &= \text{FALSE} \quad \text{for } \forall i, j = 1, 2, \dots, N; i \neq j
 \end{aligned}$$

Où $L(\cdot)$ est un prédicat logique.

Croissance de Région et les méthodes de segmentation des lignes de partage d'eaux font partie des méthodes basées sur région [40], et sont les plus couramment utilisées pour la segmentation d'une tumeur cérébrale.

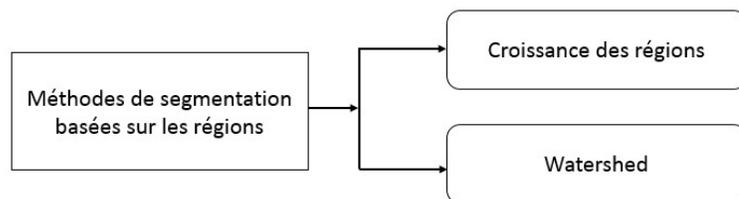


FIGURE 2.1 – Techniques de segmentation par région

4.2.3. Méthodes de classification de pixels

Un autre type de méthode de segmentation est basée sur la classification de pixels. Les pixels de l'image peuvent être représentés dans l'espace des fonctions à l'aide des attributs

de pixels qui peuvent être constitués de niveau de gris, la texture locale, et des composantes de couleur pour chaque pixel de l'image. Dans le cas d'image de canal unique, la classification de pixels est généralement basée sur le niveau de gris et la segmentation d'image peut être effectuée dans un espace de fonction unidimensionnelle. Pour les images multi-canaux (multiple-frame) ou (multi-modalité) les images multi-spectrales la segmentation peut être effectuée dans l'espace de fonctionnalité multi-dimensionnelle.

Dans la segmentation de tumeur cérébrale les méthodes basées sur la classification de pixels sont limitées à l'utilisation des classificateurs supervisées ou non supervisées à se regrouper par pixels dans l'espace des caractéristiques. Le clustering est le processus de regroupement des objets similaires dans un cluster unique, tandis que les objets avec des caractéristiques différentes sont regroupés en différents groupes en fonction de certains critères de similarité. La similitude est quantifiée en termes de mesure de distance appropriée. Une mesure de similarité évidente est donnée par la distance entre les deux vecteurs dans l'espace de caractéristiques qui peuvent être exprimés comme suit :

$$d(x_i, x_j) = \left(\sum_{k=1}^n \|x_i - x_j\|^p \right)^{\frac{1}{p}} \quad (2.2)$$

Où $x_i = (x_i^1, \dots, x_i^n) \in \mathbb{R}^n$ et $x_j = (x_j^1, \dots, x_j^n) \in \mathbb{R}^n$ sont les deux vecteurs dans l'espace des caractéristiques. On peut constater que la mesure ci-dessus correspond à la distance euclidienne lorsque $p = 2$ et la distance de Mahalanobis lorsque $p = 1$.

Une autre mesure qui est couramment utilisée comme critère de similarité est le produit scalaire normalisé, qui est donnée par :

$$d_n(x_i, x_j) = \frac{x_i^T x_j}{\|x_i\| \|x_j\|} \quad (2.3)$$

Où T désigne l'opération vecteur de transposition. Cette mesure fournit des informations concernant le cosinus entre les vecteurs x_i et x_j dans l'espace des caractéristiques.

Chaque classe est représentée par son centre de gravité (ou moyen) et de la variance, ce qui indique la compacité des objets à l'intérieur de classe, et la formation de classes, est optimisée en fonction d'une fonction de coût qui tient généralement compte de la similarité au sein de groupe individuel et dissemblance entre les classes.

Il existe de nombreuses techniques de classifications proposées dans la littérature. Techniques de base incluent des méthodes non supervisées telles que : C-Means floues (CMF), K-Means et des méthodes statistiques comme champs de Markov (CM), entre autres. Les méthodes supervisées comprennent les Bayes et les réseaux de neurones artificiels (RNA).

4.2.4. Techniques de segmentation basées sur un modèle

Dans les sections précédentes, des solutions les plus efficaces pour l'extraction de limite de tumeur de cerveau ont été introduites, principalement pour des données d'IRM 2D. La segmentation des données volumétriques de l'image (3D) est un problème difficile qui a été

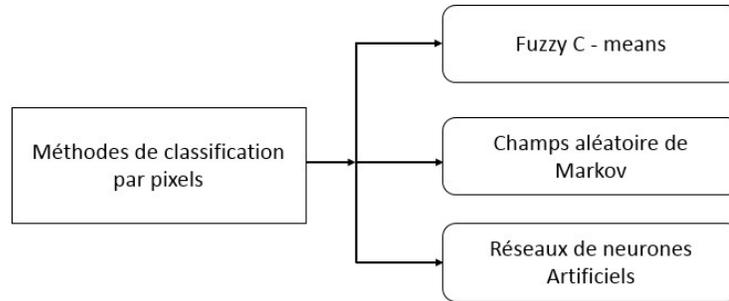


FIGURE 2.2 – Techniques de segmentation basées sur la classification par pixels

principalement abordée par des techniques de segmentation basées sur des modèles comme des modèles déformables paramétriques et les modèles déformables géométriques ou des ensembles de niveau. Dans la segmentation basée sur un modèle, un modèle connecté et continu est conçu pour une structure anatomique spécifique en intégrant une connaissance a priori de l'objet tels que la forme, l'emplacement et l'orientation. Certains modèles intègrent l'information statistique préalable, élaborée à partir d'une population d'ensembles de données de formation [40]. Le paramétrage statistique fournit des contraintes globales et permet au modèle de se déformer de manière implicite seulement par les ensembles de formation.

La segmentation des structures à partir d'images médicales sont difficiles en raison de la taille des ensembles de données et de la complexité et de la variabilité des formes anatomiques d'intérêt [52]. Le défi consiste à extraire des éléments de frontière appartenant à la même structure et d'intégrer ces éléments dans un modèle cohérent et uniforme de la structure. Les modèles déformables comprennent la formulation d'une interface de multiplication (une courbe fermée en 2D et une surface fermée en 3D) qui se déplace sous une fonction de vitesse déterminée par les propriétés locales et globales indépendantes. Compte tenu de la position initiale d'une interface de propagation, et la fonction de vitesse correspondante, le modèles déformables suit l'évolution de l'interface au cours du processus de segmentation. Les modèles déformables existants peuvent être divisées en deux catégories : paramétriques et géométriques.

5. Résumé des méthodes de segmentation de tumeur du cerveau

Les techniques à seuil offrent la possibilité d'effectuer une segmentation simple et rapide lorsque de bonnes valeurs de seuils sont définies. Bien que les restrictions, ces techniques sont en général utilisés en tant que première étape dans le processus de segmentation (tableau 2.1).

Les techniques basées sur la région de segmentation de tumeur cérébrale sont principalement utilisées comme étape de raffinement pour définir les frontières connectées de la tumeur [53, 54]. Certaines approches fondées sur la région, tels que la transformation des lignes de partage d'eaux, ont rapporté des résultats très précis dans la segmentation des tumeurs,

mais généralement ces approches sont contraintes d'être semi-automatique [55].

Les techniques de classification de pixels pour la segmentation de tumeurs cérébrales sont limitées au clustering néanmoins, ils sont les plus souvent utilisées pour la segmentation d'une tumeur cérébrale. La technique non supervisée de la FCM, qui est le plus populaire pour la segmentation d'images médicales [56, 57], permet l'utilisation de concepts vagues dans la définition de clusters, et donne des résultats très précis dans les cas de tumeurs non homogènes.

La méthode non supervisée de MRF fournit un moyen d'intégrer l'information spatiale dans le processus de regroupement, de réduire le chevauchement des groupes et l'effet du bruit sur le résultat [58]. Une difficulté majeure dans MRF est de la sélection des paramètres qui contrôlent la force des interactions spatiales, ce qui peut entraîner une segmentation très douce et une perte de détails de structure. La méthode de classification supervisée de RNA a la capacité de modéliser des distributions non-triviales offrant des avantages pratiques claires [59, 60]. La mise en œuvre RNA pour la segmentation de la tumeur du cerveau entraîne des problèmes de complexité et il est une tâche qui prend du temps.

Les techniques à base de modèles ont été largement utilisés pour sa sensibilité dans la recherche de la limite des tumeurs cérébrales. Cependant, comme dans le cas de méthodes basées sur la région, ces modèles sont utilisés principalement comme étape de raffinement de segmentation dans une tumeur au cerveau [61]. La segmentation des tumeurs en utilisant des modèles déformables géométriques ou des ensembles de niveau, permet le développement d'approches entièrement automatique et la segmentation très précises comme dans [46]. Malheureusement, ces procédés sont encore coûteux en calcul [38].

Sur la base de la littérature existante, plusieurs conclusions générales peuvent être tirées en ce qui concerne les éléments d'un système qui peut être utilisé pour améliorer les performances dans la segmentation d'une tumeur cérébrale. Tout d'abord, il est important de traiter la segmentation vers une méthode entièrement automatisée. Cela peut se faire intégrer dans les algorithmes de l'intelligence humaine et les connaissances préalables sur l'intensité et autres informations de tissus, la forme, la taille, la symétrie, et la variabilité anatomique normale pour améliorer les résultats de segmentation. En outre, il serait souhaitable de disposer d'un procédé de segmentation automatique non supervisée pour éviter l'utilisation d'une formation spécifique au patient. L'utilisation de certaines méthodes de pré- ou post-traitement ont démontré à fournir des résultats de segmentation plus raisonnables, qui reflètent la disposition des régions d'intérêt, comme dans le cas de la segmentation intra-crânienne communément appelée décapage de crâne.

TABLE 2.1 – Résumé des méthodes de segmentation : Avantages et inconvénients

Méthodes de segmentation		Avantages	Inconvénients
Seuillage	Local et Globale	Simple et rapide.	Applicabilité limitée aux zones tumorales améliorantes[49].
Par région	Croissance des régions Watershed	Simple et capable de segmenter correctement les régions qui ont des propriétés similaires et générant les régions connectées [62]. Segments plusieurs régions en même temps. Il produit un contour complet de l'image et évite la nécessité de tout type de contour joignant [63].	Effet de volume partiel[62]. Bruit ou variation de l'intensité peuvent entraîner des trous ou sur-segmentation. sur-segmentation
Par pixels	Fuzzy C-means Réseaux de neurone artificiel Champs aléatoire de Markov	Non supervisée. Converge toujours les limites de la tumeur Capacité de modéliser des distributions non-triviales et dépendances non-linéaire. Sont capable de représenter les dépendances complexes entre instances de données [65]].	Temps de calcul long, la sensibilité au bruit [64]. Rassembler les échantillons de formation est pas simple et la phase d'apprentissage est lent [59]. La difficulté dans le choix des paramètres qui contrôlent la force des interactions spatiales. Habituellement exiger des algorithmes de calcul intensifs [66].
Par modèle	Modèle paramétrique Modèle géométrique	Capable d'accueillir à la variabilité des structures biologiques dans le temps et entre les différents individus [52]. Changements topologiques sont naturellement possible [68].	Le modèle peut converger vers les limites en cas de mauvaises inhomogénéités [67]. Coûteux en calcul [38].

Conclusion

Analyse d'images médicales a besoin de résoudre les problèmes du monde réel qui ont été en dehors du domaine de la vision par ordinateur. Ces problèmes proviennent essentiellement du fait que les systèmes terminaux sont essentiellement utilisés par le médecin. Le facteur humain est essentiel, car toute solution efficace devra être accepté par un médecin et intégré dans la procédure médicale de flux de travail. Cela met de fortes contraintes sur le type des méthodes applicables. Grâce à elle, il y a eu un écart entre les Framework avancées présentées dans le calcul par ordinateur et les méthodes de bas niveau utilisées par les chercheurs qui travaillent sur des solutions médicales réelles.

L'objectif majeur de la recherche en imagerie de la tumeur est de localiser avec précision le cancer. Les techniques de segmentation ont été appliquées selon les caractéristiques qui permettent de distinguer les tumeurs des tissus normaux. Lorsque les tumeurs peuvent être distinguées des tissus normaux par leur intensité de l'image, Les technique à base de seuil ou de la croissance de région ont été employées. D'autres tumeurs peuvent être identifiées par leur forme ainsi que d'une technique basée sur un modèle a été appliqué pour la segmentation.

Bien que, l'exactitude rapportée sur la segmentation des tumeurs cérébrales des méthodes automatisées proposées est très prometteur, ces approches ne sont toujours pas gagné une large acceptation parmi les pathologistes pour la pratique clinique de jour. Une des principales raisons est peut-être le manque de procédures normalisées. Deux autres raisons pourraient être les différences substantielles avec la manière de travail traditionnel des spécialistes, et l'insuffisance des méthodes existantes en aide à la décision médicale. Les deux derniers sont très importantes pour le diagnostic médical assisté par ordinateur, où la demande pour le raisonnement et l'explication est la priorité principale.

Chapitre 3

Traitement des images par les variétés Riemanniennes

Introduction

La notion de variété riemannienne permet de définir une métrique locale (un champ de tenseur symétrique définie positive) qui code les informations sur le problème on veut résoudre. Il prend en compte un coût local isotrope (si un point doit être évité ou pas) et une anisotropie locale (la direction dans laquelle doit être préférée). La distance géodésique est utilisée pour résoudre de nombreux problèmes d'intérêt pratique tel que la segmentation en utilisant les boules géodésiques et les régions de Voronoï, les points de prélèvement à distance géodésique régulière ou le maillage d'un domaine avec les triangles géodésiques de Delaunay. Le plus court chemin pour cette distance riemannienne, appelé géodésique, est également important parce qu'il suit les structures curvilignes saillants dans le domaine. Nous montrons plusieurs applications du calcul numérique des distances géodésiques et les plus courts chemins aux problèmes de surface et le traitement de la forme, en particulier la segmentation, l'échantillonnage, le maillage et la comparaison des formes. Nous donnons un cadre plus général qui est illustré par différentes applications importantes. Ainsi que quelque notion théorique de la géométrie Riemannienne et leur application sur les formes et sur les images médicales, en particulier, les images par résonance magnétique du cerveau. Nous montrons aussi dans ce chapitre l'avantage d'utilisation de la distance géodésique pour la segmentation des anomalies dans le cerveau humain.

1. Variétés Riemanniennes : Théorie et Applications

Cette section présente quelques définitions de base de la métrique locale (un champ de tenseurs) sur une variété riemannienne et la notion associée de distance géodésique et chemins minimaux. Le point important est que la distance géodésique à un ensemble de points de départ répond à une équation différentielle non linéaire, l'équation Eikonale, qui est résolu à calculer numériquement la distance géodésique.

La géométrie euclidienne est isotrope et invariante par translation. Les plus courts chemins, ou géodésiques, y sont droits. La géométrie riemannienne est dépendante de la position

dans l'espace. Les déplacements ont une mesure qui dépend à la fois de leur position et de leur orientation. Les géodésiques peuvent dès lors être courbées. Deux points apparemment très proches peuvent être éloignés suivant une mesure riemannienne.

1.1. Notions des Variétés Riemanniennes

L'espace image est habituellement considéré comme un espace euclidien. La distance entre deux points p et q de \mathbb{R}^n , correspond aussi au norme du vecteur $q - p$ et à la longueur du segment de droite, est définie par $d_E(p, q) = \|q - p\|$. C'est à dire le plus court chemin reliant p à q est une droite.

Dans la géométrie riemannienne, les espaces d'intérêt sont des variétés différentielles. Dans ces espaces, seule l'interprétation des distances en termes de plus courts chemins reste valable, par contre les positions des objets ne sont plus assimilables à des vecteurs, et aussi l'expression $q - p$ n'a pas de sens. Ce qui important est de définir comment mesurer la longueur du chemin minimal, pour ce faire la géométrie riemannienne définit deux objets intéressants :

- *Les vecteurs tangents* : Ces vecteurs sont attachés à leur origine comme les vitesses le long de chemins sur la variété. Ils ne correspondent pas à un déplacement qui partant d'un point d'une variété amène à un autre point.

- *La métrique Riemannienne* : En chaque point d'une variété, elle mesure les longueurs (les angles) des vecteurs tangents à la variété en ce point.

La définition d'une métrique permet de décomposer la longueur d'un chemin en la somme des longueurs des déplacements élémentaires (vecteurs tangents). Ces notions et d'autres éléments de la géométrie riemannienne sont décrites formellement et dans leurs détails aux axes qui suivent.

1.1.1. Espace tangent

Pour les variétés différentiables, il est possible de définir les dérivés de courbes sur la variété. Les dérivés à un point $P \in M$ se trouvent sur un espace vectoriel T_pM , qui est l'espace tangent à ce point. L'espace tangent peut être considéré comme l'ensemble des vitesses autorisées un point de contraint se déplace sur la variété, c'est à dire l'espace tangent T_pM , défini pour tout $P \in M$, est tout simplement un espace vectoriel, attaché à P , qui contient les vecteurs tangents à toutes les courbes sur M passant par P (ensemble de tous les vecteurs tangents au P).

Soit M une variété lisse de dimension n , et soit p un point de M . On dit qu'une fonction réelle f est définie autour de p si f est définie à travers un voisinage ouvert de p .

L'espace tangent T_pM à M en un point $p \in M$ peut être exposée comme suit :

— Si M est une sous-variété intégré de \mathbb{R}^n , la carte d'inclusion $U \rightarrow \mathbb{R}^n$

Alors $T_pM = \text{Im}(i \circ \phi^{-1}) \subset \mathbb{R}^n$.

$$\begin{array}{ccc}
 U \subset M & \xrightarrow{i} & \mathbb{R}^n \\
 \downarrow \phi & & \downarrow \\
 \phi(U) \subset \mathbb{R}^m & \longrightarrow & \mathbb{R}^n
 \end{array}$$

— Si $M = f^{-1}(0)$ pour $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^p$, alors $T_p M = (df)_p^{-1}(0)$.
 Il existe trois définitions possibles de l'espace tangent [69] :

A. Définitions géométriques

Définition 1..1. (Courbes courtes) Une courbe courte γ en un point p est une carte lisse $\gamma : (-\delta, \delta) \rightarrow M$ avec $\gamma(0) = p$.

Définition 1..2. Deux courbes courtes γ_1, γ_2 en p tangentes les unes aux autres si pour un graphique (U, ϕ) nous avons $(\phi \circ \gamma_1)'(0) = (\phi \circ \gamma_2)'(0)$. Nous pouvons vérifier que c'est indépendant du choix de graphiques.

Définition 1..3. Un vecteur tangent est une classe d'équivalence des courbes courtes mutuellement tangente en p . L'ensemble de ces classes d'équivalence est notée S_p .

B. Définition physique

Supposons (U, ϕ) est une carte locale et $x_i = \pi_i \circ \phi_U$ (projection sur le i -ième coordonnée).

De même $y_i = \pi_i \circ \phi_V$ pour un autre diagramme de coordonnées compatible (V, ϕ_V) .

L'espace tangent est défini par :

$$T_m M := \{(x, v) \mid \sim\}.$$

Ou $v = (v_1, v_2, \dots, v_n) \in \mathbb{R}^n$ et $x = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ · $(x, v) \sim (y, w)$ si

$$w = d(\phi_V \circ \phi_U^{-1})_{\phi_U(m)}(v)$$

Moins formellement, les vecteurs Tangent sont :

$$\sum_j v_j \frac{\partial}{\partial x_j}$$

Avec la relation d'équivalence est :

$$\frac{\partial}{\partial x_i} = \sum_j \frac{\partial y_j}{\partial x_i} \frac{\partial}{\partial y_j}$$

$\frac{\partial}{\partial x_i}$ est une notation pour les j -ième bases de vecteur en \mathbb{R}^n , La structure d'espace vectoriel est la suivante :

$$[x, v] + [x, w] = [x, v + w]$$

$$\lambda[x, v] = [x, \lambda v]; (\text{pour } \lambda \in \mathbb{R}).$$

$[x, v]_\alpha$ est identifié avec la classe d'équivalence de $\phi_U^{-1} \circ \gamma$ où γ est une courbe dans \mathbb{R}^n avec $\gamma'(0) = v$. La structure d'espace vectoriel est transférée de \mathbb{R}^n dans l'espace des classes

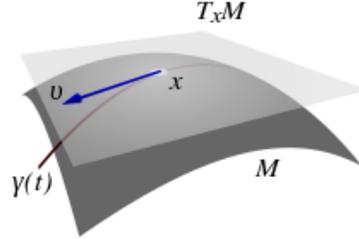


FIGURE 3.1 – Vecteur tangent

d'équivalence de courbes : $\sum_i p_i \frac{\partial}{\partial x_i}$ correspond à la courbe $[t \rightarrow \phi_u^{-1}(t \sum_i p_i e_i)]$. L'élément de base $\frac{\partial}{\partial x_i}$ est identifié avec $\lambda_i(t) = \phi_u^{-1}(t e_i)$.

C. Définition algébrique

Un vecteur tangent X_p au point p peut être considéré comme un opérateur, associant un nombre réel $X_p[f]$ pour toute fonction à valeurs réelles lisse f définie autour de p , où :

1. $X_p[Kf + Lg] = KX_p[f] + LX_p[g]$ pour tous les nombres réels K et L et les fonctions lisses f et g définies autour de p ,
2. $X_p[f.g] = X_p[f]g(p) + f(p)X_p[g]$ pour tous les fonctions lisses f et g définies autour de p ,
3. si f et g sont des fonctions lisses à valeurs réelles définies autour de p et si $f = g$ sur certaines ouvert V contenant le point p puis $X_p[f] = X_p[g]$

Ici $f.g$ désigne le produit des fonctions f et g , définie par $(f.g)(p) = f(p)g(p)$ pour tout $p \in M$. La quantité $X_p[f]$ est considérée comme le dérivé directionnel de la fonction f le long du vecteur X_p .

Si X_p et Y_p sont des vecteurs tangents au point p puis, pour des nombres réels K et L , $KX_p + LY_p$ est également un vecteur tangent au point p , où $(KX_p + LY_p)[f] = KX_p[f] + LY_p[f]$ pour toutes les fonctions lisses à valeurs réelles f définies autour de p . Il en résulte que la collection de tous les vecteurs tangents au point p est un espace vectoriel $T_p M$, dénommé l'espace tangent à M au point p .

Lemme 1..1. Soit M une variété lisse, et soit X_p un vecteur tangent à un point p de M . Soit C_λ la fonction constante sur M avec valeur λ . Puis $X_p[C_\lambda] = 0$ pour tout $\lambda \in \mathbb{R}$.

Lemme 1..2. Soit M une variété lisse de dimension n et soit p un point de M . Soit f une fonction lisse définie sur un voisinage du point p . Soit (x^1, x^2, \dots, x^n) un système de coordonnées défini lisse autour du point p . Ensuite, il existe des fonctions lisses g_1, g_2, \dots, g_n , définies sur un ouvert convenable U contenant le point p , tel que.

$$f(u) = f(p) + \sum_{i=1}^n (x^i(u) - x^i(p))g_i(u) \quad (3.1)$$

pour tout $u \in U$, de plus,

$$g_i(p) = \left. \frac{\partial f}{\partial x^i} \right|_p \quad \text{pour } i = 1, 2, \dots, n.$$

Corollaire 1..1. *Soit M une variété lisse de dimension n . Alors l'espace tangent $T_p M$ de M à tout point p de M est de dimension n . Par ailleurs, compte tenu de tout système lisse de coordonnées (x^1, x^2, \dots, x^n) autour de p , les vecteurs tangents*

$$\left. \frac{\partial f}{\partial x^1} \right|_p, \left. \frac{\partial f}{\partial x^2} \right|_p, \dots, \left. \frac{\partial f}{\partial x^n} \right|_p$$

constituer une base de l'espace tangent $T_p M$.

La définition d'un espace tangent est très important pour l'application des variétés Riemanniennes aux traitement des formes surtout pour définir un espace dans lequel on applique les autres variétés comme la carte exponentielle et logarithmique. Bien que, le traitement des formes par la géométrie riemannienne nécessite la définition de la notion de la métrique.

1.1.2. Métrique Riemannienne

Une variété Riemannienne est une variété différentiable M doté d'une métrique riemannienne g . Il est possible de définir sur les mêmes variétés des métriques différentes et d'obtenir différentes variétés de Riemann. La métrique est choisie pour avoir une signification géométrique comme étant invariant à un ensemble de transformations géométriques.

Une métrique Riemannienne g sur une variété différentiable M est une application qui à tout point $p \in M$ associe un produit scalaire $g_p(\cdot, \cdot)$ sur $T_p M$. On impose que si Y, Z sont deux champs de vecteurs lisses, alors $p \rightarrow g_p(Y, Z)$ est une fonction lisse. Un couple (M, g) est appelé variété Riemannienne.

Soit (U, φ) une carte et X^i les champs de bases associés ; la première forme fondamentale sont les fonctions $g_{i,j}$ définies sur U par

$$g_{i,j}(p) = \langle X_p^i, X_p^j \rangle_p, \quad \forall p \in U. \quad (3.2)$$

de tel sorte que les conditions suivantes sont satisfaites :

1. $g_p(X, Y) = g_p(Y, X)$ pour tous X, Y (symétrie)
2. $g_p(X, X) > 0$ pour tout $X \neq 0$ (définie positive)
3. Les coefficients g_{ij} dans chaque représentation locale

$$g_p = \sum_{i,j} g_{ij}(p) \cdot dx^i|_p \otimes dx^j|_p \quad (3.3)$$

sont des fonctions différentiables (différentiabilité)

Theorem 1.4. *Pour tous $x, y \in M$, on pose*

$$d(x, y) = \inf \left\{ \int_0^1 |\dot{\gamma}(t)| dt; \gamma(0) = x, \gamma(1) = y, \gamma \text{ de classe } C^1 \right\} \quad (3.4)$$

La fonction d est une distance sur M qui redonne la topologie de M .

Le couple (M, g) est alors appelé une variété riemannienne. On se réfère également à la métrique riemannienne comme le tenseur métrique. En coordonnées locales du tenseur la métrique est donné par la matrice (g_{ij}) de fonctions. Dans le calcul de Ricci c'est simplement écrit comme g_{ij} .

1.1.3. Distance géodésique

Le calcul des distances dans les variétés est important dans les applications académiques et industriels, par exemple la géométrie algorithmique, sismologie, l'optique, la vision par ordinateur, l'infographie et l'analyse d'image.

La distance géodésique dans une variété Ω est définie comme la métrique $d : \Omega \times \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ qui mesure la longueur du chemin continu minimal γ reliant deux points a et b :

$$d(a, b) = \min_{\gamma \subset \Omega} \int_{\gamma} ds \quad (3.5)$$

Différentes métriques sur Ω peuvent être considérées par le choix de l'élément de la distance ds .

Bien que, la disponibilité des produits scalaires des espaces tangents rend une définition facile de la longueur de la courbe et de la distance.

Définition 1.5. (*Longueur d'une courbe*). La longueur d'une courbe de classe C^1 , $\gamma : [a, b] \rightarrow M$, sur une variétés Riemannienne (M, g) , avec $\langle \xi, \eta \rangle_p \triangleq g_p(\xi, \eta)$, est défini par :

$$L(\gamma) = \int_a^b \sqrt{\langle \dot{\gamma}(t), \dot{\gamma}(t) \rangle_{\gamma(t)}} dt = \int_a^b \left\| \dot{\gamma}(t) \right\|_{\gamma(t)} dt. \quad (3.6)$$

Si M est intégré dans \mathbb{R}^n , $\dot{\gamma}(t)$ peut être remplacé par $\gamma'(t)$, où γ est considéré une fonction de $[a, b]$ à \mathbb{R}^n et avec la bonne définition de g .

Définition 1.6. (*Distance Riemannienne*). La distance riemannienne (où la distance géodésique) sur M est donnée par l'équation suivante :

$$\begin{aligned} D : M \times M &\rightarrow \mathbb{R}^+ \\ (p, q) &\rightarrow D(p, q) = \inf_{\gamma \in \Gamma} L(\gamma) \end{aligned} \quad (3.7)$$

Où Γ est l'ensemble de tout les courbes de C^1 , $\gamma : [0, 1] \rightarrow M$ sachant que $\gamma(0) = p$ et $\gamma(1) = q$.

La définition ci-dessus capture l'idée que la distance entre deux points est la longueur du plus court chemin reliant ces deux points. Dans un espace euclidien, une telle voie serait simplement le segment de ligne joignant les deux points. Une autre caractéristique des segments de ligne courbes considérées comme ayant une longueur d'arc paramétrée et qu'il a une accélération nulle. La prochaine définition généralise le concept de lignes droites, en préservant cette accélération de caractéristique nulle, aux variétés de Riemann.

Définition 1..7. (*Courbe géodésique*). Une courbe $\gamma : \mathbb{R} \rightarrow M$ est une courbe géodésique si est seulement si $\frac{D^2}{dt^2}\gamma(t) \equiv 0$, c'est à dire il a une accélération nulle sur tout son domaine.

Le concept géodésique est l'équivalent de ligne droite dans l'espace euclidien, définie comme la courbe lisse par morceaux localement en minimisant la longueur et caractérisé par le fait qu'il est auto-parallèle, e.g. le champ de vecteur tangent $\dot{\gamma}(t)$ reste parallèle le long de $\gamma(t)$, la vitesse est constante le long de la géodésique. La propriété d'avoir une accélération nulle est parfois utilisée pour définir une géodésique. Il est équivalent à dire que, dans la notion des coordonnées local une courbe est une géodésique si et seulement si c'est la solution du n seconde ordre de l'équation d'Euler-Lagrange (Où Γ_{ij}^k est le symbole de Christoffel du seconde genre).

$$\frac{d^2 x^k}{dt^2} + \sum_{i,j=1}^n \Gamma_{ij}^k \frac{dx^i}{dt} \frac{dx^j}{dt} = 0; \quad \forall k = 1, \dots, n. \quad (3.8)$$

Theorem 1..8. *Pour tout $p \in M$ et $u \in T_p M$, il existe une unique géodésique maximale telle que $\gamma(0) = p$ et $\dot{\gamma}(0) = u$. L'espace métrique (M, d) est complet si et seulement si les géodésiques maximales sont définies sur tout \mathbb{R} .*

1.1.4. Application Exponentielle et Logarithmique

Soit $\gamma(0) = p$, étant donné un vecteur tangent $u \in T_p M$ il existe une géodésie unique $\gamma(t)$ à partir de p avec une vitesse initiale $\dot{\gamma}(0) = u$. Par conséquent, la géodésique $\gamma(t)$ est définie de manière unique par son point de départ p et sa vitesse initiale $\dot{\gamma}(0)$. Le critère $\gamma(1)$ de la courbe géodésique peut être calculé en appliquant l'exponentielle au point p , de telle sorte que $\gamma(1) = \exp_p(\dot{\gamma}(0))$. Deux applications sont définies pour les points de mappage entre la variété et un espace tangent : Application exponentielle et application logarithmique.

A. Application Exponentielle

Exponentielles sont des applications qui, étant donné un point p sur une variété et un vecteur tangent ξ en p , généralise le concept de $\xi + p$. Dans un espace euclidien, la somme $p + \xi$ est un point dans l'espace qui peut être atteint en laissant p dans la direction ξ . Avec exponentielles, $\exp_p(\xi)$ est un point sur la variété qui peut être atteint en laissant p et se déplaçant dans la direction ξ tout en restant sur la variété. Par ailleurs, la trajectoire suivie est une géodésique (accélération nulle) et la distance parcourue est égale à la norme de ξ .

Définition 1..9. (*Application exponentielle*). Soit M une variété riemannienne et $p \in M$. Pour chaque $\xi \in T_p M$ il existe un interval ouvert I et une géodésie unique $\gamma(t; p, \xi) : I \rightarrow M$

M sachant que $\gamma(0) = p$ et $\dot{\gamma}(0) = \xi$. En outre, nous avons la propriété d'homogénéité $\gamma(t; p, a\xi) = \gamma(at; p; \xi)$ (figure 3.2). L'application

$$\text{Exp}_p : T_p M \rightarrow M : \xi \rightarrow \text{Exp}_p(\xi) = \gamma(1; p; \xi) \quad (3.9)$$

est appelée l'application exponentielle en p . En particulier, $\text{Exp}_p(0) = p, \forall p \in M$.

Brièvement, l'application exponentielle $\text{exp}_p : T_p M \rightarrow M$ est une application entre l'espace tangent $T_p M$ et la variété correspondante M . Elle mappe le vecteur tangent $\dot{\gamma}(0) = u$ au point $p = \gamma(0)$ atteint par la géodésique à la première étape de temps, $\gamma(1) = \text{exp}_p(\dot{\gamma}(0))$. L'origine de $T_p M$ est mappé sur le point lui-même, $\text{exp}_p(0) = p$. Pour chaque point $p \in M$, Il existe un voisinage \tilde{U} de l'origine dans $T_p M$, De telle sorte que exp_p est un difféomorphisme de \tilde{U} sur un voisinage U de p .

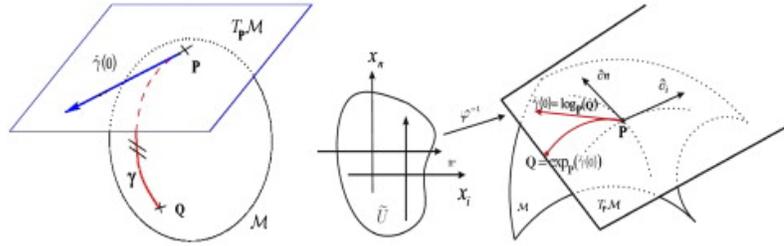


FIGURE 3.2 – Gauche : La courbe géodésique $\gamma(t)$ définie par le point de départ P et la vitesse initiale $\dot{\gamma}(0)$. Droit : système de coordonnées local, géodésique $\gamma(t)$, Espace tangent et exponentielle au point $p \in M$ (Ces images ont été adaptées par [1] à partir des originaux présentés dans [2] et [3] , respectivement).

B. Application Logarithmique

En général, l'application exponentielle est sûre mais seulement une à une dans le voisinage de p . Par conséquent, la cartographie inverse, donnée par l'application logarithmique $\log_p : M \rightarrow T_p M$ est définie de manière unique seulement autour du voisinage du point p . Au cours de ce voisinage U , nous pouvons définir l'inverse de l'application exponentielle, c'est à dire l'application de U à \tilde{U} est l'application du logarithme $\log_p = \text{exp}_p^{-1} : U \rightarrow \tilde{U}$. Il trace un point quelconque $q \in U$ à un vecteur tangent unique, $u \in T_p M$ c'est la vitesse initiale $\dot{\gamma}(0)$ de la géodésique unique $\gamma(t)$ entre $\gamma(0) = p$ et $\gamma(1) = q$. En d'autres termes, pour deux points p et q sur la variété M le vecteur tangent à la courbe géodésique de p à q est défini comme étant $\dot{\gamma}(0) = \log_p(\gamma(1))$.

Pour l'application des définitions précédentes, l'algorithme de Fast Marching [70] est utilisé pour le calcul de la distance géodésique. Cet algorithme basé sur la propagation dans les frontières permet de calculer la distance géodésique par la propagation des informations de la distance à partir d'un point de départ. Le principe de l'algorithme est détaillé dans le livre méthode de Fast Marching [71].

1.2. Application au traitement des formes

Dans cette section on va traiter la théorie et le pratique du calcul numérique de la distance géodésique dans les variétés Riemanniennes. La notion de la variété riemannienne permet de définir une métrique locale qui encode les informations du problème qu'on veut résoudre. La distance géodésique permet de résoudre quelque problème d'intérêt, on peut citer la segmentation par les boules géodésique et par les régions de Voronoi, etc. Les plus courts chemins pour cette distance riemannienne, appelés géodésiques, sont également importants parce qu'ils suivent des structures curvilignes saillants dans le domaine.

Plusieurs applications du calcul numérique des distances géodésiques et chemins les plus courts à des problèmes dans le traitement de surface et de forme, en particulier la segmentation, l'échantillonnage, le maillage et la comparaison des formes.

1.2.1. Distance géodésique et plus courts chemins

Pour montrer le principe et l'application d'une variété riemannienne et les chemins géodésique, nous donnons deux exemples importants dans la vision par ordinateur.

Exemple 1 : Suivi des routes dans une image satellite

La détection des courbes saillants dans une image est fondamental pour des algorithmes, elle permet la performance de la méthode de segmentation. L'image satellite f est considérée comme une fonction 2D dans l'intervalle qu'est toujours $\Omega = [0, 1]^2$. On peut construire l'équation suivante :

$$W(x) = |f(x) - c| + \epsilon \quad (3.10)$$

$W(x)$: une carte de saillance

$c \in \mathbb{R}$: valeurs de gris constant

ϵ : est une valeur faible qui empêche $W(x)$ de disparition

On utilise cette équation (3.10) pour calculer la courbe lisse de l'image $\gamma : [0, 1] \rightarrow \Omega$ comme la longueur du poids.

$$L(\gamma) = \int_0^1 W(\gamma(t)) \|\gamma'(t)\| dt \quad (3.11)$$

La longueur $L(\gamma)$ est plus petit lorsque la courbe passe par des régions où W est petit. Le choix de point de départ et d'arriver (x_d, x_a) soit dans Ω^2 . Les chemins sont supposés lisse par morceaux afin de mesurer les longueurs en utilisant 3.11, $P(x_d, x_a) = \{\gamma : [0, 1] \rightarrow \Omega \mid \gamma(0) = x_d \text{ et } \gamma(1) = x_a\}$

La route γ^* est le minimal globale de la longueur $\gamma^* = \arg \min_{\gamma \in P(x_d, x_a)} L(\gamma)$, qui est unique. La longueur $L(\gamma^*)$ est appelée la distance géodésique entre x_d et x_a .

L'idée d'utiliser un scalaire potentiel $W(x)$ pour le poids d'une longueur de courbe est utilisée dans plusieurs applications d'extraction des contours d'une image.

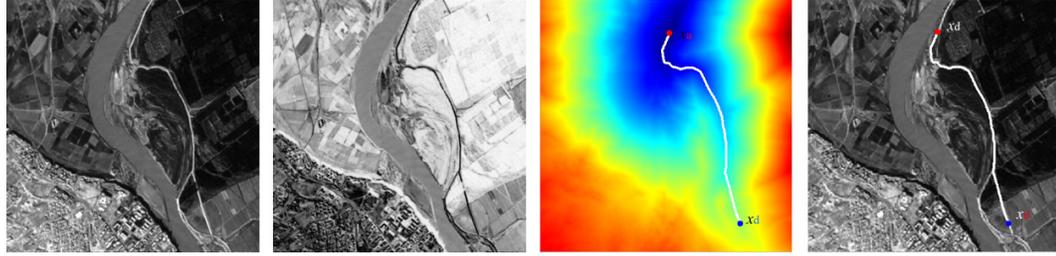


FIGURE 3.3 – Exemple d'extraction de la courbe géodésique utilisant la métrique du poids.

Exemple 2 : Détection des caractéristiques d'une surface

On considère une surface lisse S d'un espace Euclidien 3D, $S \subset \mathbb{R}^3$. La courbe $\tilde{\gamma} : [0, 1] \rightarrow S$, similaire à l'équation 3.11.

$$L(\tilde{\gamma}) = \int_0^1 W(\tilde{\gamma}(t)) \|\tilde{\gamma}'(t)\| dt, \quad (3.12)$$

La notation $\tilde{x} = \tilde{\gamma}(t)$ pour souligner que les courbes ne sont pas dans l'espace euclidien, et sont tracées sur une surface. La courbe géodésique est alors $\tilde{\gamma}^* = \arg \min_{\tilde{\gamma} \in P(\tilde{x}_d, \tilde{x}_a)} L(\tilde{\gamma})$. Elle représente la courbe la plus courte entre deux points $\tilde{x}_d, \tilde{x}_a \in S$.

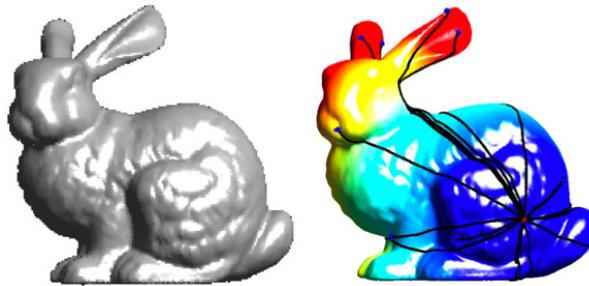


FIGURE 3.4 – Exemple de la courbe géodésique sur une surface 3D.

La géodésie et la distance géodésique sur les surfaces 3D sont utilisées dans les applications graphiques et la vision par ordinateur pour l'appariement de surface et remaillage de surface.

1.2.2. Interpretation géométrique : Anisotropie

Pour analyser le comportement local de la métrique anisotrope générale, le champ de tenseur est diagonalisé. Ce dernier porte plus à la dimension arbitraire par la considération des champs des vecteurs propres.

La métrique riemannienne revient alors de contracter ou dilater localement les directions propres locales et avec des coefficients déterminés par les valeurs propres locales de la métrique.

Pour trouver une courbe géodésique d'une métrique, le champ des valeurs propres devrait correspondre à l'orientation des bords et des textures. La force de la directivité de la métrique est mesurée par son anisotropie, tandis que sa force isotrope est mesurée à l'aide de son énergie.

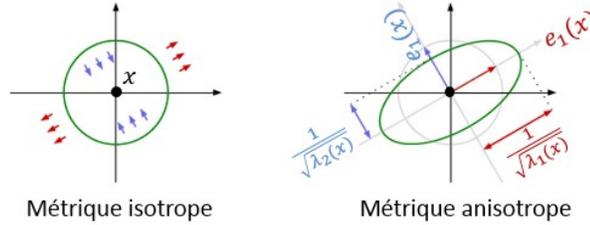


FIGURE 3.5 – Boules géodésique locales en géométrie riemannienne : e_1, \dots, e_n , de demi-axes $1/\sqrt{\lambda_1}, \dots, 1/\sqrt{\lambda_n}$, où les (e_i, λ_i) sont les vecteurs et valeurs propres de la métrique.

1.2.3. Segmentation de Voronoi

Une partition de Voronoï centrée est une V-partition où chaque site est le barycentre de sa V-région. Notons que cette condition n'est généralement pas satisfaite dans une V-partition arbitraire.

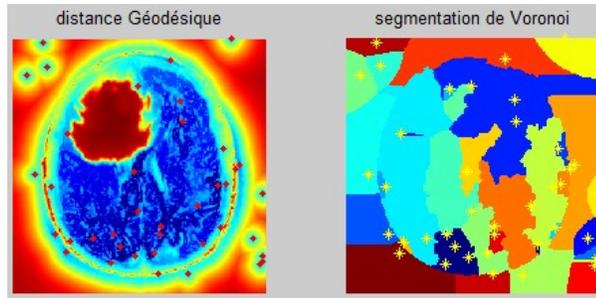


FIGURE 3.6 – Exemple de la distance géodésique et la segmentation de Voronoi pour une métrique isotrope.

Pour un ensemble fini $S = \{x_i\}_{i=0}^{K-1}$ des points de départs, la segmentation d'une variété Ω dans les cellules de voronoi est défini comme suit :

$$\Omega = \bigcup_{i=1} V_i \text{ avec } V_i = \{x \in \Omega \setminus \forall j \neq i, d(x, x_j) \geq d(x, x_i)\} \quad (3.13)$$

Chaque région V_i peut être interprétée comme une région d'influence de x_i . Cette segmentation est représentée en utilisant une fonction de partition.

$$l(x) = \arg \min_{0 \leq i \leq K} d(x, x_i) \quad (3.14)$$

Cette fonction de partition $l(x)$ peut être étendue au cas où S n'est pas un ensemble discret de points, mais pour la limite d'une forme 2D. La figure 3.6 montre un exemple

de segmentation de voronoi d'une image par résonance magnétique de cerveau pondérée en T1, les points de départ sont aléatoires. Pour un ensemble discret de points $S = \{x_i\}_{i \in I}$ de départ, la segmentation de voronoi est facilement calculée si l'ensemble des distances $\{U_{x_i}\}_{i \in I}$ a été calculé. Si V_i et V_j sont deux cellules voisines de voronoi, leurs limite commune est :

$$V_i \cap V_j \subset \{x \in \Omega \mid U_{x_i}(x) = U_{x_j}(x)\}$$

De même si on a trois cellules voisines, les trois points où l'intersection de ces cellules est :

$$V_i \cap V_j \cap V_k \subset \{x \in \Omega \mid U_{x_i}(x) = U_{x_j}(x) = U_{x_k}(x)\}$$

La carte de distance $U_{x_i}(x)$ représentée comme une fonction continue basant sur l'interpolation bi-linéaire, Alors les limites de deux cellules de Voronoi sont des courbes continues composées des hyperboles dans chaque carré des domaines discrets.

Lors de l'utilise de l'algorithme de Fast Marching, il est possible d'éviter le calcul inutile en exécutant la propagation de l'ensemble des fronts émanant de chaque $x_i \in S$ en parallèle, et en laissant les fronts à se chevaucher sur une profondeur de quelques échantillons.

1.2.4. Algorithme de Fast Marching

Brièvement, l'algorithme de Fast Marching [70] consiste à calculer la solution exacte, en se basant sur l'ordre optimale des points de la grille en sorte que chaque point est visité une seule fois par l'algorithme.

Pour une métrique isotrope sur une grille régulière, [70] ont indépendamment découvert que l'on peut passer par ces itérations en calculant exactement la solution de l'équation eikonale à $O(N \log(N))$ opérations, où N est le nombre de points de prélèvement. Sous certaines conditions sur la grille d'échantillonnage et sur la métrique, ce programme s'étend aux variétés riemanniennes discrétisées générales.

L'algorithme de Fast Marching utilise une file d'attente de priorité pour commander les points de la grille comme étant l'estimation actuelle de la distance. À une étape donnée de l'algorithme, chaque point x_i de la grille est marqué selon un état.

$$\Sigma_i \in \{\text{Calcule}, \text{avant}, \text{loin}\}.$$

Au cours des itérations de l'algorithme, alors une approximation u_i de U_S est calculée, un point peut changer d'étiquette selon.

$$\text{loin} \rightarrow \text{avant} \rightarrow \text{calcule}$$

Points Calculé : sont ceux que l'algorithme ne considère plus. Cela signifie que le calcul est effectué pour ces points.

Points avant : prochains points de la grille à examiner. L'estimation de u_i est bien définie mais pourrait changer dans les prochaines versions.

Points loin : sont des autres points de la grille qui n'ont pas d'estimation (pas encore traiter), de sorte que $u_i = +\infty$.

2. Variétés Riemanniennes pour le traitement des Images par Résonance Magnétique

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est le mode de choix pour l'évaluation et la planification du traitement des tumeurs cérébrales, il est connu que l'IRM classique ne peut pas montrer l'infiltration tumorale (faible concentration de cellules de gliome). Les tumeurs cérébrales primaires sont celles qui démarrent à partir d'une cellule gliale dans le système nerveux. La pratique clinique actuelle est de segmenter la tumeur visible en utilisant l'image pondérée en T2, puis ajoutez 2cm de marge supplémentaire de manière uniforme dans le cerveau apparemment normale pour former le volume de traitement.

Afin d'améliorer le résultat thérapeutique, une prévision plus précise de la marge tumorale est nécessaire. Basé sur la croyance généralement admise que les cellules de gliome préférentiellement répartis le long des fibres nerveuses, nous proposons une nouvelle mesure de distance (géodésique) qui n'est pas la mesure de distance habituelles en pixels ou mm (euclidiennes) mais une distance de l'espace courbé pertinents (riemannienne) pour la vraisemblance d'invasion du cancer [72]. Cette formulation est facilement transférable à un algorithme de traitement de rayonnement par le remplacement de la distance euclidienne actuellement utilisé pour définir la marge d'invasion de 2cm à la nouvelle distance géodésique.

En outre, le modèle géodésique est assez simple (ayant un seul paramètre qui est maintenu constant) pour être facilement réglé afin de travailler dans un contexte réel. Au lieu de continuer à la tendance de l'augmentation de la complexité du modèle avec plus de paramètres.

L'ultime objectif est d'extraire les attributs de la tumeur de l'image [73], ces attributs formeront un vecteur caractérisant qui sera utilisé dans l'étape de la classification pour obtenir un meilleur diagnostic. A ce stade, et en appliquant la métrique de variété riemannienne sur laquelle en se base pour calculer la distance géodésique, on peut segmenter et extraire la région de la tumeur (figure 3.7) d'une manière précise.

La segmentation des régions d'intérêt, en général, et la région de la tumeur, en particulier, utilise l'algorithme de Fast Marching et la propagation des frontières pour évaluer les valeurs des pixels d'une zone à traiter. Bien que, le choix de la métrique est adapté au type de la région à segmenter pour avoir des limites des régions précise.

2.1. Conception de la Métrique

Dans la pratique, la tâche difficile est de concevoir une métrique $W(x)$ afin d'avoir les géodésiques significatives. Pour une image d'entrée f , les possibilités de choix de la métrique sont basées sur l'intensité et/ou le gradient pour les images de deux dimensions et la métrique volumétrique pour les images de trois dimension. Dans notre cas, de segmentation des tumeurs dans les images médicales par résonance magnétique, on considère l'image

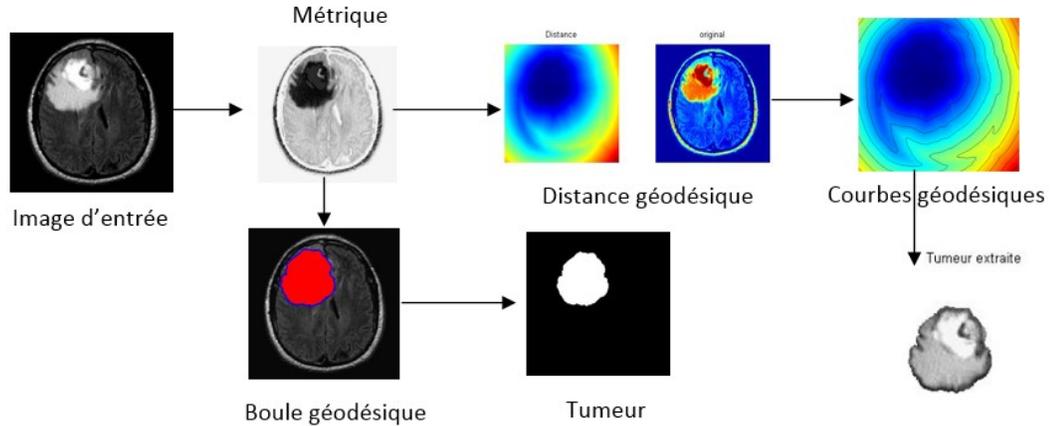


FIGURE 3.7 – Segmentation et extraction d’une tumeur par les boules et les courbes géodésiques, image pondéré en T1.

comme elle réside dans l’espace métrique riemannienne. On définit la métrique $W(x)$ comme un potentiel de bord attirant en fonction de la valeur de l’image f .

$$W(x) = W_0 + |f(x_d) - f(x)|. \quad (3.15)$$

La valeur de $W_0 > 0$ doit être augmentée afin d’obtenir des sillons lissés. Ce choix permet de préparer l’image pour la phase de segmentation basée sur la région (figure 3.7). Dans d’autre application, comme les images satellite, les courbes d’intérêt supposées être la valeur de gris à peu près constante (équation 3.10).

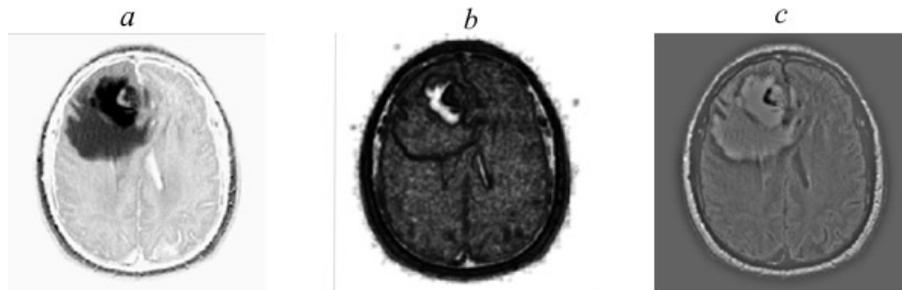


FIGURE 3.8 – Application de différentes métrique sur une image RM de cerveau pondéré en T1

Le choix de la métrique basée sur le gradient est utilisé dans plusieurs applications où les courbes d’intérêt sont situées à proximité des zones de forte variation d’intensité dans l’image (Figure. 3.8 (b)).

$$W(x) = \frac{1}{\epsilon + G_\sigma \star G(x)} \quad \text{avec} \quad G(x) = \|\nabla f(x)\|, \quad (3.16)$$

où G_σ est un noyau gaussien de variance σ^2 .

Une métrique qui est petite pour les grandes valeurs de l'image f_1 (figure 3.8, (c)) est calculée par l'équation suivante :

$$W(x) = \epsilon + |f_1(x) - c| \quad \text{avec} \quad c = \max_x (f_1(x)). \quad (3.17)$$

Les problèmes auxquels nous nous sommes intéressés pour la segmentation et l'extraction de contours sont les suivants :

- Trouver et concevoir la métrique qui donne des informations précises pour une meilleure segmentation.
- Réduire la complexité d'une image IRM de cerveau.
- Détecter, segmenter et extraire la tumeur en se basant sur la métrique et le calcul des chemins minimaux.

Ces exemples des métriques présentées par les équations 3.15, 3.16 et 3.17 sont appliquées sur une image de cerveau pondérée en T1. La figure 3.8 montre l'importance du choix de la métrique qui dépend et qui s'adapte au problème à résoudre [74]. Dans notre travail de la segmentation et l'extraction des tumeurs, on va utiliser une métrique basée sur l'intensité pour calculer les courts chemins par la distance géodésique entre un point de départ et des points de limite d'une région de tumeur.

2.2. Segmentation de la Région d'intérêt par la distance Géodésique

2.2.1. Distance Géodésique

Soient x_s et x_e deux pixels d'une image f à valeurs dans Ω , et $\gamma(x, y)$ un chemin paramétré par $[0;1]$ entre ces deux pixels. La distance géodésique entre x et y est définie par :

$$d(x, y) = \inf_{\gamma_{x,y}} \int_0^1 W(\gamma_{x,y}(p)) \|\gamma'_{x,y}(p)\| dp \quad (3.18)$$

Avec $\gamma'_{x,y} \in \mathbb{R}^2$, est la dérivée de $\gamma_{x,y}(P)$, et W correspond au poids associé à chaque $\gamma_{x,y}(P)$. L'utilisation de distance géodésique est essentiellement définie par la métrique W . Ces distances géodésiques peuvent être évaluées par un algorithme de Fast Marching.

Les plus courts chemins sont des courbes 2D qui minimisent une longueur pondérée selon une métrique donnée $W(x)$ pour $x \in [0, 1]^2$. La métrique est calculée à partir d'une image d'entrée $f(x)$. La longueur d'une courbe $t \in [0, 1] \rightarrow \gamma(t) \in [0, 1]^2$ est présentée par l'équation

$$L(\gamma) = \int_0^1 W(\gamma(t)) \|\gamma'(t)\| dt \quad (3.19)$$

$d(x, y)$ est invariante sous la re-paramétrage de la courbe γ .

La courbe géodésique γ entre deux points x et y a une longueur minimale parmi courbes joignant les deux points.

Le processus de la segmentation, qui se base sur la distance géodésique, utilise 3.19 afin de prédire à quelle niveau appartient chacun des pixels en sélectionnant la distance minimale avec les régions les plus intenses et les autres moins intenses.

$$\min_{\gamma(0)=x;\gamma(1)=y} L(\gamma) \quad (3.20)$$

Une courbe plus courte a donc tendance à passer dans les zones où W est faible. La distance géodésique entre les deux points est alors $d(x, y) = L(\gamma)$, elle représente la distance géodésique selon la métrique W .

Enfin chaque pixel x est classé comme région d'intérêt si $D_m < D_p$ avec D_p est le domaine des pixels plus intense et D_m est le domaine des pixels moins intenses.

2.2.2. Boule Géodésique

Une variété de n -dimension est un espace topologique qu'est similaire localement d'un sous-ensemble ouverte dans \mathbb{R}^n . Une $(n-1)$ -dimension intégrée dans une variété dans une autre variété de n -dimension est appelée un hypersurface. Les courbes et les surfaces sont des exemples d'une variété de 1-dimension et 2-dimension, respectivement. une courbe dans \mathbb{R}^2 et une surface dans \mathbb{R}^3 sont des hypersurfaces.

L'évolution d'une courbe peut se déplacer avec une vitesse positive ou négative dans une surface. Cette vitesse dépend de la position et l'orientation de la courbe. Si l'on impose un modèle d'évolution plus simple, où l'évolution est effectuée avec une vitesse strictement positif $W(x) > 0$.

$$\frac{d}{dt}\gamma_t(s) = W(\gamma_t(s))n_t(s) \quad (3.21)$$

Cette evolution peut être suivie en utilisant des ensembles de niveaux d'une fonction de distance unique D_s .

$$\{\gamma_t(s) \setminus s \in [0, 1]\} = B_t(x_s) = \{x \in \Omega \setminus D_S(x) = t\} \quad (3.22)$$

Où la courbe initial γ_0 en $t = 0$ est le bord des points de départ $\partial S = \{\gamma_0(s) \setminus s \in [0, 1]\}$ et D_S est la distance géodésique sur S pour une métrique isotrope $W(x)$.

La courbe γ_t est donc les bords d'une boule géodésique de rayon t , est peut-être calculé en utilisant l'algorithme de Fast Marching, et en fait que, γ_t peut être approchée par les fronts que le Fast Marching au cours des itérations. Tant que t augmente la boule gonfle et se déplace plus vite dans la région où W est grande (figure 3.9).

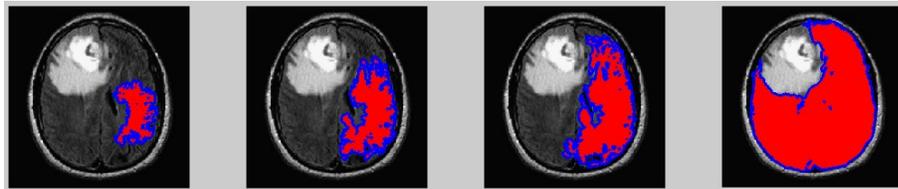


FIGURE 3.9 – Propagation du front de l'algorithme de Fast Marching, la region segmenter indique la boule géodésique pour s augmente de gauche à droite.

Dans la figure 3.9, la boule géodésique $x \in \Omega$ $U_S(x) \leq s$, l'augmentation de s est proportionnelle au gonflement de la boule. Les bords de la région segmentée correspond à la courbe γ_s [73].

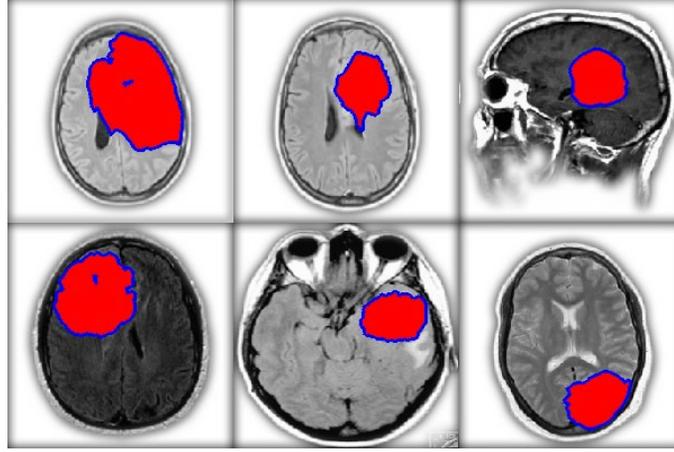


FIGURE 3.10 – Exemples de segmentation des tumeurs par les boules géodésiques des images de cerveau multi-modale

2.2.3. Courbe Géodésique

La distance géodésique peut être généralisée, pour une distance entre un point de départ et un ensemble de points $S \subset \Omega$, par le calcul de la distance de x_d à ses point fermés en Ω , qui définit la carte de distance par :

$$U_S(x_d) = \min_{y \in S} d(x_d, y) \quad (3.23)$$

La courbe géodésique γ^* entre un point $x \in \Omega$ et S est une courbe $\gamma^* \in P(x, y)$ pour les points $y \in S$ sachant que $L(\gamma^*) = U_S(x)$.

Equation Eikonale : Pour les points x en dehors de l'axe de médiales et de S , La distance géodésique U_S est différentiable, et satisfait l'équation différentielle partiel (EDP) non linéaire suivante :

$$\|\nabla U_S(x)\|_{T_x^{-1}} = 1 \quad (3.24)$$

Avec les conditions des bords $U_S(x) = 0$ en S , ∇U_S est le vecteur gradient de différentielle partiel en \mathbb{R}^d .

Pour définir U_S comme une solution d'un EDP même aux points où il n'est pas différentiable, il faut recourir à une notion de solution faible. Pour une EDP non linéaire, la notion correcte de solution faible est la notion de viscosité.

La solution de viscosité de l'équation Eikonale est une fonction continue u si est seulement si pour toute application continûment différentiable $\varphi \in C^1(\Omega)$ et pour tout $x_0 \in \Omega$ S minimum locale de $u - \varphi$ nous avons :

$$\|\nabla\varphi(x_0)\|_{T_{x_0}^{-1}} = 1$$

La fonction de distance pour $d = 1$, $\Omega = \mathbb{R}$ en 1D :

$$u(x) = U_S(x) = \min(|x - x_1|, |x - x_2|)$$

A partir de deux points $S = x_1, x_2$ satisfait $|u'| = 1$ partout où il est différentiable. Les résultats importantes de la solution de viscosité de l'équation de Hamilton-Jacobi [80, 81, 82], est S est un ensemble compact, et si $x \rightarrow T_x$ est une application continue, donc la carte de distance géodésique U_S définie en 3.23 est la solution unique de viscosité de l'équation Eikonale suivante :

$$\begin{cases} \forall x \in \Omega & \|\nabla U_S(x)\|_{T_x^{-1}} = 1 \\ \forall x \in S & U_S(x) = 0 \end{cases} \quad (3.25)$$

Dans le cas d'une métrique isotrope $T_x = W(x)^2 Id_x$, on retrouve l'équation eikonale classique $\forall x \in \Omega$, $\|\nabla U_S(x)\| = W(x)$.

Courbe Géodésique : Si la distance géodésique est connue par la résolution de l'équation eikonale, la géodésie est calculée, entre quelques points d'arrivées et S , par des gradients descentes, cela signifie que γ^* est la solution de l'équation différentielle suivante :

$$\begin{cases} \forall t > 0, \frac{d\gamma^*(t)}{dt} = -\eta_t v(\gamma^*(t)) \\ \gamma^*(0) = x_e \end{cases} \quad (3.26)$$

Avec le vecteur tangent de la courbe est le gradient de la distance, tordu par T_x^{-1} .

$$v(x) = T_x^{-1} \nabla U_S(x)$$

η_t est une fonction scalaire qui contrôle la vitesse de paramétrisation des géodésiques [75]. Pour obtenir une vitesse unitaire paramétrée, $\|(\gamma^*)'(t)\| = 1$, on utilise :

$$\eta_t = \|v(\gamma^*(t))\|^{-1}$$

Si x_a n'est pas l'axe de médiale, la solution ne traverse pas l'axe de médiale pour $t > 0$, donc sa solution est bien définie par $0 \leq t \leq t_{x_a}$ pour certains t_{x_a} tel que $\gamma^*(t_{x_a}) \in S$. Pour une métrique isotrope, on retrouve le gradient descent de la carte de distance proposée.

$$\forall t > 0, \frac{d\gamma^*(t)}{dt} = -\eta_t \nabla U_S(\gamma^*(t))$$

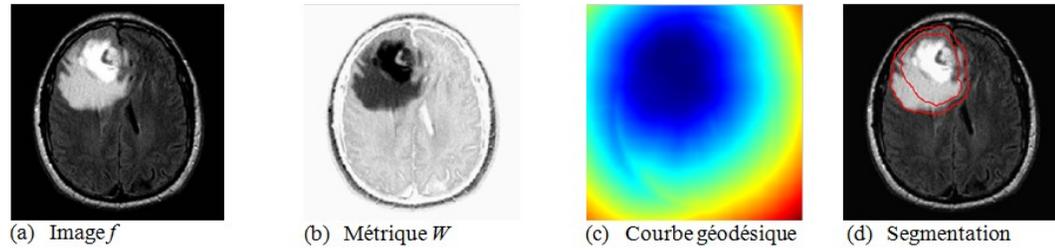


FIGURE 3.11 – Différentes phases pour segmenter la tumeur par la distance géodésique : (a) l'image de test, (b) calcul de la métrique riemannienne, (c) la courbe géodésique et (d) la segmentation de la région de la tumeur sur image pondéré en T1

Conclusion

L'utilisation des variétés Riemanniennes pour l'imagerie biomédicale a connu une évolution dans ces dernières années à cause de son efficacité pour remédier au problème de la complexité des images biomédicales en général, et des images de par résonance magnétique en particulier. La majorité des algorithmes basés sur les variétés Riemanniennes sont développés pour les images RM de cerveau. Cette méthode montre, peu à peu, la faisabilité d'être la méthode applicable.

Pour un calcul précis de la métrique à partir d'un point d'une région d'intérêt (tumeur), et pour concevoir un algorithme de traitement automatique, on fait appel à d'autres méthodes qui peuvent rendre notre travail automatique.

Ce chapitre, montre la précision des variétés riemanniennes dans le domaine de traitement d'image. Notamment, la segmentation des régions des images par résonance magnétique. Cette précision, que nous allons exploiter pour segmenter les régions anormale, d'une manière automatique, des images RM de cerveau.

Chapitre 4

Détection et segmentation automatique des tumeurs cérébrales

Introduction

L'analyse des images médicales est devenue, dernièrement, un sujet de recherche qui nécessite le développement des méthodes de diagnostic automatique, diverses approches ont été proposées pour développer un système d'analyse d'image qui répond au besoin clinique. La détection, la segmentation et l'extraction des zones anormales dans l'image sont les principaux objectifs pour un meilleur diagnostic. Il offre également un nouvel espoir pour le traitement de nombreuse maladies.

Il existe plusieurs méthodes et techniques qui permettent la détection et la segmentation des cellules anormales dans les différentes séquences de l'imagerie médicale. Les méthodes proposées sont utilisés pour :

- Obtenir l'information désirée à partir des images biomédicales.
- Déterminer l'existence et le type de tumeurs.
- Développer des systèmes automatisés.

De nombreux efforts ont été faits pour utiliser des modèles mathématiques pour détecter des cellules tumorales automatiquement, de segmenter et d'analyser un grand nombre d'images avec précision et durant un temps raisonnable [76]. Parmi ces approches on trouve celles qui sont basées sur les variétés de Riemann appliquées à la segmentation des cellules gliome et le suivi du croissance tumorale [77]. Des études récentes ont mis en place deux types de segmentation : automatique [78, 79] et semi-automatique [80] des régions du cerveau et de tumeurs cérébrales. [81] proposent l'algorithme basé sur le champ de Markov caché pondéré en précision spatiale et l'approche de maximisation d'espérance, à la fois, pour la segmentation automatique de tumeur et tumeur croissante. D'autres approches utilisées pour évaluer les méthodes de segmentation de la tumeur cérébrale comprennent l'utilisation de la région de gradient de magnitude croissante modifiée et l'ensemble des niveaux [82].

La détection de la tumeur est une étape préliminaire essentielle pour résoudre les problèmes de segmentation, [83] utilise l'analyse symétrique pour la détection automatique de tumeurs cérébrales. Transformée en ondelettes continue 2D (CWT) est appliqué pour révéler les ca-

ractéristiques des tissus en images IRM du cerveau, [84] utilise les moments de Zernike pour la segmentation. On observe que les différentes transformations sont utilisées pour extraire les informations désirées à partir d'images biomédicales. Aussi, l'intensités d'image sur les pixels voisins est utilisées pour représenter les tissus en résonance magnétique et des images de tomodynamométrie [85]. Transformée en ondelettes [84], matrice de co-occurrence, transformée de Fourier, les matrices de dépendance de niveau de gris spatiales et le micro-texture des énergies de droit sont utilisées pour extraire les tissus en images biomédicales.

De nombreuses techniques ont été proposées pour automatiser la détection et la segmentation de la tumeur du cerveau au cours des dernières années. Les méthodes proposées peuvent être classées en deux types : supervisés et non supervisés. Les systèmes basés sur les méthodes supervisé sont les réseaux de neurones artificiels [85], c-moyens flous, machine à vecteurs de support et méthodes hybrides. D'autre part, les méthodes non-supervisées les plus utilisées comprennent le seuillage et la croissance des régions.

L'objectif de ce chapitre est de représenter la détection, la segmentation et l'extraction des contours des tumeurs, d'une manière automatique, des images IRM pondérées en T1 et T2 du cerveau. Nos contributions principale est de réduire la complexité d'images médicales en utilisant la notion de métrique, d'automatiser la segmentation et la classification et de caractériser la région d'intérêt en utilisant des méthodes statistiques et les variétés de Riemann [74]. Ces variétés représentent des outils puissants pour extraire les attributs qui caractérisent une image médicale sous forme d'un vecteur caractéristique.

Dans ce chapitre, on va présenter notre approche proposée pour automatiser le système de diagnostic en quatre sections : la section 1 présente la corrélation pour détecter et extraire les indices de la région anormale, dans la section 2, nous présentons la méthode de covariance pour obtenir automatiquement les coordonnées de la zone tumorale, ces coordonnées seront utilisés dans la section 3 pour segmenter et extraire les cellules tumorales à l'aide de la distance géodésique. Les détails de l'implémentation et les résultats obtenus sont présentés dans la section 4.

1. Détection automatique des tumeurs

La détection automatique d'une anomalie dans une images du cerveau est une tâche difficile en raison de la complexité de ses régions [77], les obstacles et de la variabilité des formes. Nous proposons l'utilisation les méthodes de corrélation et l'histogramme par la covariance pour automatiser cette étape essentielle d'un processus de diagnostic des images médicales.

1.1. Détection basée sur la corrélation

La corrélation est le fonctionnement de base que nous allons effectuer pour extraire des informations à partir d'images. C'est dans un certain sens, les opérations les plus simples que nous pouvons effectuer sur une image, elles sont également faciles au niveau de l'implémentation aussi qu'elles peuvent être calculées d'une façon efficace [86].

Nous utilisons des méthodes connexes pour trouver des endroits dans une image qui ressemblent à un modèle. Pour ce faire, nous pensons d'une tumeur comme un modèle de texture, nous nous balayons le modèle autour de l'image à la recherche d'un endroit où le modèle chevauche l'image, de sorte que les valeurs du modèle sont alignées avec des valeurs similaires à l'image.

Premièrement, nous devons décider comment mesurer la similitude entre le modèle et la zone d'image avec laquelle elle est alignée; les résultats de corrélation sont calculés en alignant le centre du filtre à un pixel. Puis on multiplie toutes les valeurs qui se chevauchent et ajouter le résultat. Il peut être écrit comme suit :

$$C(i, j) = \sum_{x=i-\frac{w}{2}}^{x=i+\frac{w}{2}} \sum_{y=j-\frac{h}{2}}^{y=j+\frac{h}{2}} F(x, y)I(x - i + \frac{w}{2}, y - j + \frac{h}{2}) \quad (4.1)$$

Avec $F(x, y)$ l'image à analyser, $I(x, y)$ le modèle
 w : largeur du modèle,
 h : hauteur du modèle.

Cette approche consiste à déplacer l'objet $I(x, y)$ sur l'image $F(x, y)$ est calculer un facteur d'appariement (corrélation) mettant en relief la ressemblance entre l'objet $I(x, y)$ et $F(x, y)$ au voisinage de chaque point. Pour chaque point i, j de l'image, nous calculons la valeur de $C(i, j)$ correspondant à un appariement optimal de $I(x, y)$ et $F(x, y)$. Une valeur maximale de $C(i, j)$ correspond à un appariement optimal de $I(x, y)$ et $F(x, y)$.

Ce système ne détecte que les tumeurs qui sont stockées dans la base de données des tumeurs, tout autre type de tumeur ne peut pas être détecté. Certains systèmes traditionnels nécessitent à la fois l'image avec la tumeur et l'image sans tumeur. Le principe général consiste à comparer la texture de l'image avec la texture de toutes les tumeurs de la base de données des tumeurs 4.1.

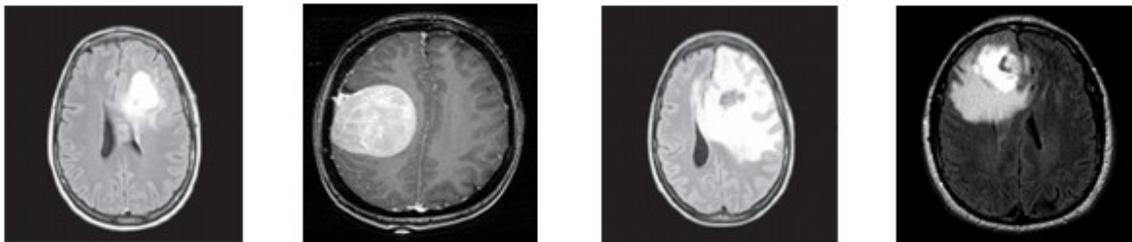


FIGURE 4.1 – Quelques types de tumeurs des images IRM du cerveau pondérées en T1 et en T2

La corrélation est utilisée pour déterminer les coordonnées du centre de tumeurs (figure 4.3), sans aucune comparaison avec l'image normale suivant la procédure représentée sur la (figure 4.3). La corrélation donne des meilleurs résultats si la texture de tumeur contenant

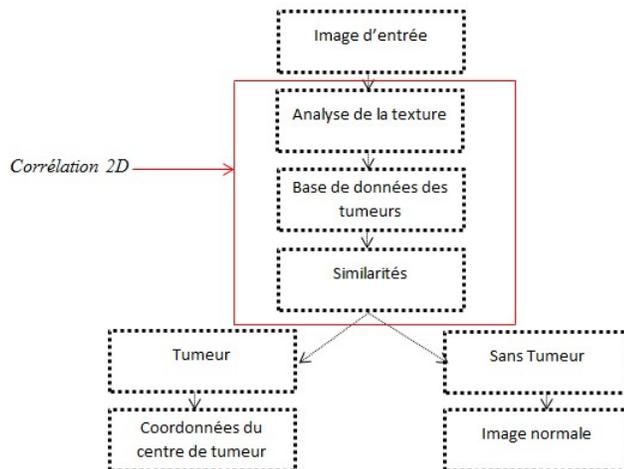


FIGURE 4.2 – Processus de corrélation

l'image est stockée dans la base de données, ce qui nécessite une grande base de données de différentes textures.

Fondamentalement, les images contenant des tumeurs qui sont recadrées sont stockées dans la base des modèles. Puis l'algorithme de modèle correspondant est utilisé pour chercher la texture des tumeurs dans l'image d'entrée. Si la tumeur est présente, elle sera détectée et par la suite nous pouvons facilement récupérer les coordonnées de son centre.



FIGURE 4.3 – Détection des coordonnées de l'indice de la tumeur d'une image IRM pondérée en T1 par la corrélation

Cette méthode présente des limites car elle est sensible à tout type de bruit et changement de taille, donc nous recommandons une autre méthode qui devrait être utilisée pour fournir de meilleurs résultats. Il s'agit de la méthode de l'histogramme basée sur la covariance de la matrice d'image.

1.2. Matrice de covariance de l'image

L'image médicale a plus de pixels et chaque pixel est en corrélation avec ses voisins. La matrice de covariance obtenue par le pixel de covariance est très grande et contient beaucoup d'informations redondantes (figure 4.4). L'objectif de cette méthode est d'avoir l'histogramme de l'image pour extraire automatiquement la zone contenant l'anomalie.

Considérons deux variables x et y , pour n observations données sur ces deux variables, l'échantillon de covariance entre x et y est défini comme suit [87] :

$$Cov(x, y) = \frac{1}{n} \sum_{i=0}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y}) \quad (4.2)$$

Considérons maintenant une image M composée d'un nombre n de pixels au lieu d'un seul pixel $M = V_1, V_2, \dots, V_n$.

Où V_i sont des vecteurs colonnes de M , et n est le nombre total des colonnes. La covariance de l'image M notée C , parce que les V_i sont des vecteurs de la matrice M . La covariance C de M correspond à la somme des pixels dans chaque vecteur V_i , est donnée comme suit :

$$C = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (V_i - \widetilde{M})(V_i - \widetilde{M})^T \quad (4.3)$$

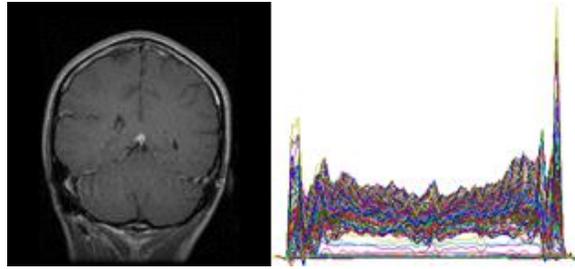


FIGURE 4.4 – Image IRM cérébrale pondérée en T1 (à gauche) et la représentation de l'histogramme basé sur la covariance de tous les pixels de l'image M (à droite).

Après la détermination de la covariance C de l'image normale M (figure 4.4), on représente l'histogramme de l'image qui contient une cellule tumorale, en utilisant la même procédure (figure 4.5).

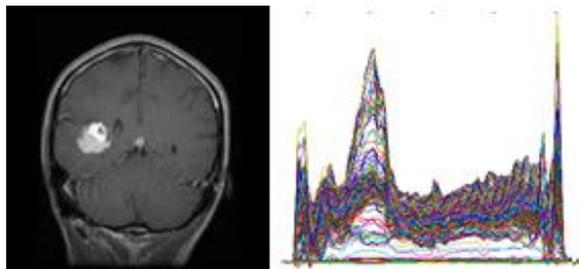


FIGURE 4.5 – IRM T1 du cerveau contient une tumeur (à gauche) et son histogramme de covariance (à droite).

La représentation de l'histogramme de covariance de l'image du cerveau (figure 4.4 et figure 4.5) de tous les pixels a plusieurs informations redondantes, pour résoudre ce problème,

l'analyse en composantes principales (ACP) est utilisé pour éliminer les informations redondantes de l'histogramme de l'image IRM afin d'obtenir une représentation fine et utile pour différencier entre les régions de l'image (figure 4.6) [75].

1.3. ACP basé sur la covariance de l'image

La matrice de covariance d'une image est définie par l'histogramme de cette image. L'ACP est une méthode mathématique basée sur une matrice de covariance pour éliminer les informations redondantes. L'ensemble des vecteurs de projection W maximise le déterminant de la matrice de covariance obtenu à partir de l'image du cerveau [87], par la formule suivante :

$$W^* = \underset{W}{\operatorname{argmax}}(W^T C W) \quad (4.4)$$

Où W^* est l'ensemble des vecteurs propres de C qui correspond à la première valeur propre la plus grande. L'ensemble des vecteurs propres obtenus par l'ACP représentent l'histogramme de covariance des régions de l'image du cerveau.

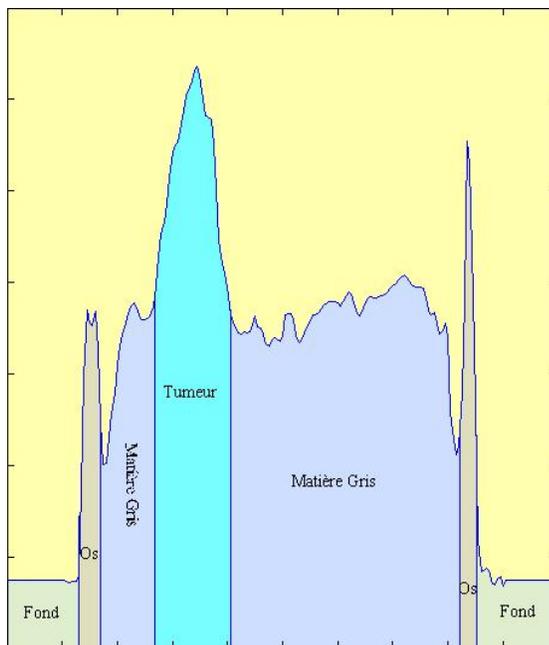


FIGURE 4.6 – Représentation des régions d'une image du cerveau par l'histogramme basé sur la covariance.

La figure 4.6 représente les régions constituant une image IRM pondérée en T1 du cerveau, ces régions sont présentées par leurs niveaux de gris optimale obtenus par le calcul de la covariance et optimisés par l'ACP. A partir de l'histogramme, nous montrons qu'il existe des régions qui ne font pas partie des régions du cerveau, ce qui nécessite une méthode permettant d'éliminer les régions non cerveau [88, 89, 90] (chapitre 5).

1.4. Vecteur caractérisant la région de tumeur

Dans cette section, nous procédons à l'extraction de la région de tumeur cérébrale, pour cela, nous employons la matrice de covariance pour extraire un vecteur caractérisant en se basant sur l'histogramme de covariance de l'image du cerveau. Tout d'abord, on construit les vecteurs de l'image qui correspond à la matrice des régions du cerveau.

Nous vérifions, par la suite, les valeurs des pixels le long de l'objet et les classifions en classes (figure 4.6). La classification des classes se fait sur la base de niveaux de gris ; le fond est faible, la médiane comprennent tissus sains et de haute contient un œdème et de l'os. Cette approche appliquée à ce stade pour localiser la région de tumeur du cerveau en fonction des niveaux médians gris (grise et blanche). Le tissu tumoral du cerveau par IRM T1 est en niveaux de gris blancs, nous sommes intéressés par la région qui contient la matière blanche présentée par le maximum de l'histogramme. L'objectif de ce procédé est d'extraire les coordonnées de la région qui représente les intérêts de notre travail (figure 4.7).

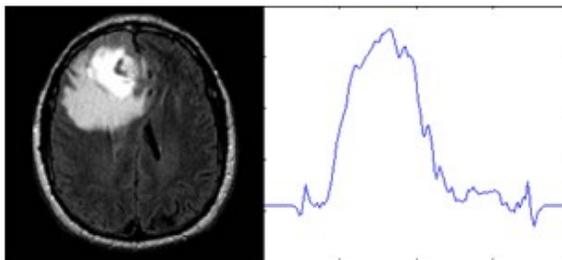


FIGURE 4.7 – Image IRM du cerveau (à gauche) et l'histogramme (à droite).

Les coordonnées extraites par l'histogramme sont les points de départ de la distance géodésique qui nous permet d'avoir une meilleure segmentation automatique des cellules tumorales des images IRM pondérées en T1 et en T2 [90] (figure 4.8).

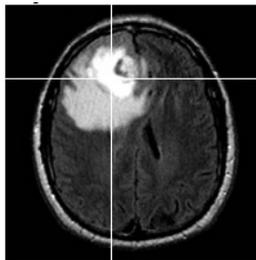


FIGURE 4.8 – Indice de l'histogramme maximale.

Ces deux méthodes représentent la partie essentielle de notre travail parce qu'ils renvoient les coordonnées du centre de la région d'intérêt et nous facilite l'étape de la segmentation en utilisant la distance géodésique.

Parfois, nous trouvons que l'intensité de l'os est supérieure à celle des tumeurs, ce qui nous permet de penser à une méthode qui segmente le cerveau avant de procéder à la

détection des tumeurs (chapitre 5).

2. Segmentation par la distance géodésique

La segmentation est l'étape majeure de traitement de l'image biomédicale pour les préparer à l'étape de classification.

Les algorithmes de segmentation sont basés sur les propriétés de valeurs de niveau de gris des pixels. Les différentes techniques de la segmentation sont : (a) Segmentation basée sur les contours, Segmentation basée sur le seuil, (c) Segmentation basé sur la région, (d) Clustering et (e) Matching. Notre approche est de type non supervisé basé sur l'intensité d'une région.

La présente section décrit une technique de segmentation d'image efficace qui permet de distinguer les tissus pathologiques tels que l'œdème et la tumeur des tissus normaux comme la matière blanche et la matière grise (White Matter (WM) et Grey Matter (GM)) [77].

2.1. Métrique géodésique fondée sur les valeurs de pixel

La segmentation d'une image utilisant la distance géodésique nécessite la définition d'une métrique comme mentionné dans le chapitre 3 pour calculer, à partir d'un point de départ, les plus courts chemins entre ce point et un ensemble de points d'arrêt. En se basant sur la définition de la distance géodésique définie dans le chapitre 3, la carte de distance géodésique $D(x) = d(x_0, x)$ à un point de départ fixe x_0 est la solution unique de viscosité de l'équation Eikonale.

$$\|\nabla D(x)\| = W(x) \text{ et } D(x_0) = 0 \quad (4.5)$$

Cette équation peut être résolue numériquement en $O(N \log(N))$ opérations sur une grille discrète de N points. Étant donné que les cellules tumorales de préférence répartis le long des fibres nerveuses, nous proposons l'utilisation d'une distance géodésique sur la variété de Riemann. Le tenseur de diffusion du cerveau remplace la distance euclidienne utilisée dans la pratique clinique et d'identifier correctement la marge de l'invasion tumorale. Ces résultats des modèles mathématiques dans une équation différentielle partielle (PDE) de premier ordre stable et cohérente peuvent être résolus numériquement. Pour calculer la distance géodésique nous utilisons les données réelles de l'image pondérée en T1 et en T2 [77].

L'idée principale de plusieurs méthodes consiste à attribuer une distribution anisotrope de la matière grise et une diffusion isotrope de la matière blanche Cette diffusion correspond à la composante maximale de vecteur propre principale de tenseur de diffusion de l'eau. Nous montrons que la couleur de la carte de distance dans les zones où la diffusion de l'avant, et laissez en noir et blanc la région où le front ne se propage pas (figure 4.9 (c)).

Une fois la carte de distance géodésique $D(x)$ à un point de départ x_0 est calculée, la courbe géodésique entre tout point x_0 et x_1 est extrait par descente de gradient.

$$\gamma'(t) = -\eta_t \nabla D(\gamma(t)) \quad (4.6)$$

Où $\eta_t > 0$ contrôle la vitesse de paramétrage de la courbe résultante. Pour obtenir le paramétrage des unités de vitesse, on appelle la fonction suivante :

$$\eta_t = \|\nabla D(\gamma - t)\|^{-1} \quad (4.7)$$

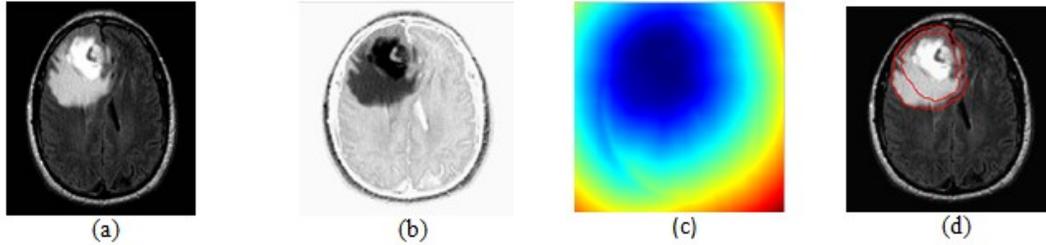


FIGURE 4.9 – Résultats des différentes phases de segmentation tumorale par la distance géodésique : (a) image de test, (b) le calcul de la métrique riemannienne, (c) la couleur de la courbe géodésique et (d) la segmentation de la région anormale de l'image qui représente le tissu tumoral.

La courbe γ_t est celles des bords des boules géodésiques de rayon t , elle peut être calculée en utilisant l'algorithme de Fast Marching, et en fait, γ_t peut-être approximable par le front qui est la propagation du Fast Marching durant les itérations. Comme t augmente, les boules γ_t se gonflent et se déplacent plus rapidement dans la région où W est large. On propose l'utilisation de cette évolution pour segmenter les cellules tumorales en utilisant la métrique $W(x)$ qui est faible pour les pixels en dehors de la région à segmenter, et en utilisant le rayon t choisi pour correspondre la taille de la région. de segmentation tumorale. La figure 4.9 montre l'application de cette méthode sur une anomalie dans une image par résonance magnétique du cerveau.

3. Résultats et discussion

Pour valider la performance de notre approche nous avons utilisé les images par résonance magnétique du cerveau pondérées en T1, en T2 et T2 FLAIR qui contiennent des anomalies.

La segmentation est basée sur le calcul de la distance géodésique à partir d'un point localisé automatiquement par l'histogramme de covariance et par la corrélation [74, 90]. La méthode de la distance géodésique pour segmenter les cellules tumorales est une nouvelle méthode que nous avons testée en temps réel et sur un grand nombre d'images, par contre d'autres méthodes classiques basées sur la comparaison entre des images normales et anormales utilisent un nombre limité d'images. Nous avons validé cette méthode, [74], en surveillant l'évolution de cellules tumorales de la même personne (figure 4.11 et 4.12), ensuite nous avons simulé la méthode en utilisant les images de 7 patients (figure 4.10).

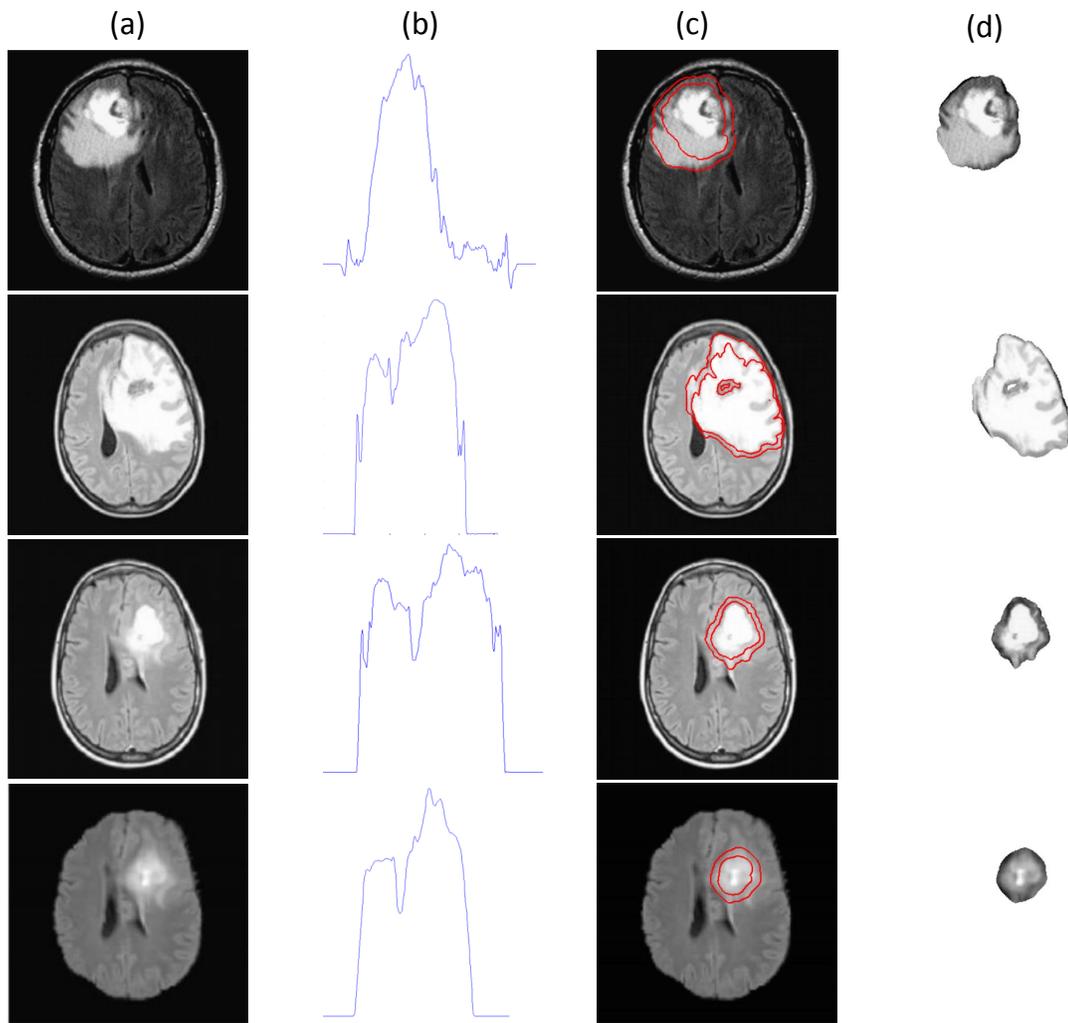


FIGURE 4.10 – Les résultats de quatre différents images IRM pondérées en T1 et en T2 : (a) les images de test, (b) un histogramme de covariance pour la détection, (c) la segmentation par la distance géodésique et (d) extraction de la zone de cellules tumorales avec précision.

Puisque les patients atteints de cancer ont besoin de traitement immédiat, le point fort de cette méthode est de mesurer les cellules tumorales en temps réel ce qui montre qu'il peut être pratiquée en clinique. Cette approche peut être utilisée pour extraire une tumeur au cerveau des images IRM pondérées en T1 et en T2, en temps réel, dans les grandes bases de données des images.

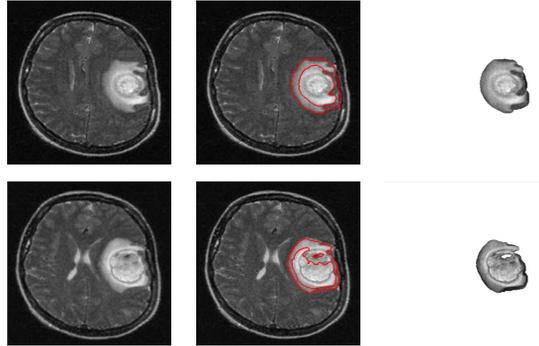


FIGURE 4.11 – Segmentation et extraction des tumeurs de deux coupes différentes des images IRM pondérées en T1

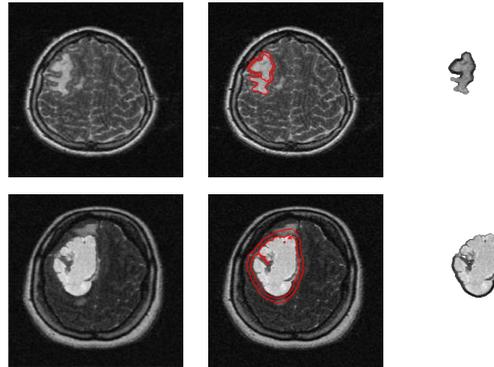


FIGURE 4.12 – Suivi de croissance d'une cellule tumorale en deux coupes différentes des images IRM pondérées en T1

Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons proposé une méthode de détection automatique pour faire la segmentation et l'extraction automatique des tumeurs cérébrales à partir des images

par résonance magnétique, la tâche de cette approche est de détecter automatiquement la présence de tumeurs dans les images IRM du cerveau en utilisant des méthodes mathématiques puissantes, et la segmentation de la région anormale à partir d'images en utilisant la distance géodésique sur les variétés riemanniennes des images du cerveau. Cette méthode testée sur plusieurs images IRM pondérées en T1 et en T2 montre que l'utilisation de la distance géodésique peut être avoir des meilleurs résultats.

Les variétés Riemanniennes montrent son efficacité pour une segmentation efficace et précise de la région d'intérêt. Sachant que le cerveau humain contient une grande diversité dans les tissus entre différents patients, et d'autre part, la variabilité dans la morphologie cérébrale est forte, tout à rend la détection de tumeur une tâche très difficile. Pour remédier à ce problème l'extraction des contours du cerveau est nécessaire, et est une étape très importante pour l'analyse des images du cerveau. Dans le chapitre suivant nous représentons nos travaux dans le cadre de l'extraction des contours des régions du cerveau.

Chapitre 5

Extraction des régions de cerveau des images IRM multi-modale

Introduction

Pour un diagnostic précis assisté par ordinateur de l'imagerie par résonance magnétique de cerveau humain, l'extraction des régions cérébrales est une étape très importante pour la plupart des méthodes et techniques d'analyse des images. Cette étape consiste à exclure tous les tissus externes au cerveau, comme le crâne, la dure, les yeux, etc, d'une manière précise sans toucher aucune partie des tissus du cerveau. Bien que, l'augmentation de nombre des images acquise chaque jours des patients, dans les hôpitaux et les centres médicaux, nécessite de développer des méthodes de traitement automatique de l'information multi-séquence pour l'aide au diagnostic.

Dernièrement l'imagerie médicale connu le développement des nouvelles modalités, ce qui rende les images à traiter d'une complexité croissante, qui ne sont pas des valeurs scalaire. Ce progression dans les données de traitement de l'image n'est pas dans l'espace Euclidien, mais se trouve dans les variétés Riemanniennes.

L'utilisation de la variété différentielle d'une donnée non-euclidienne peut être modélée. Dans une variété, les quantités géométriques sont calculées en utilisant une métrique riemannienne [3]. Les données des images sont considérées comme résident dans une variété riemannienne et sont présentées dans une application exponentielle de cette variété ainsi que la moyenne pondérée de Riemann de données d'image [2]. La segmentation des tissus du cerveau, des deux grades basse et haute, utilise la méthode supervisée, basée sur une variété de Riemann. Elle commence par une étape de prétraitement, ensuite les caractéristiques sont extraites et chaque pixel est classifié. Enfin, une étape de post-traitement est appliquée au pixel classifié, et l'analyse fournie comprend T1, T2, FLAIR et T1 avec contraste (T1C) (figure 5.1).

Actuellement, l'analyse des images médicales a attiré plusieurs chercheurs, des instituts, des associations et des organisations de lutte contre les maladies incurable. Les travaux réalisés dans ce domaine ont remédié au problème du nombre croissant des images et du temps de diagnostic, ainsi qu'ils ont développé des systèmes de détection automatique et de

classification. A noter que l'extraction du cerveau est une étape importante pour le diagnostic d'images médicales. C'est pourquoi, dans ce chapitre, nous présentons l'application de variétés riemanniennes à une telle technique [90].

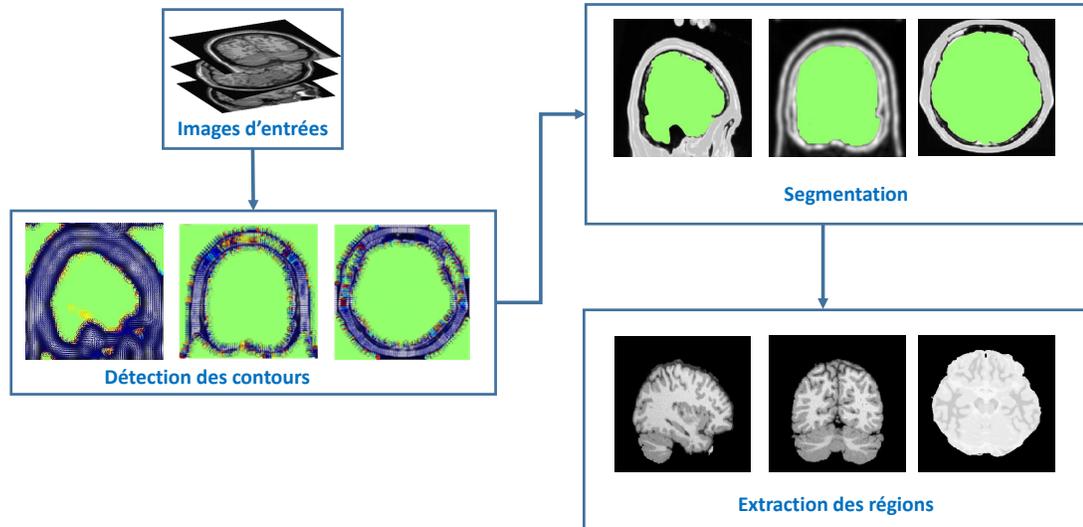


FIGURE 5.1 – Schéma synoptique du processus d'extraction automatique du cerveau à partir des images IRM multi-modales

0.1. Travaux reliés

Dernièrement, l'analyse d'image en utilisant la géométrie différentiable est devenue un domaine très important pour les données non-euclidiennes. L'utilisation de la géométrie de Riemann est plus répandue pour le traitement d'images médicales, en particulier, et le traitement des formes en générale, et largement utilisée dans la vision par ordinateur, en particulier la géométrie des objets 2D et 3D, qui est invariant à la rotation, la translation et le changement d'échelle. Les variétés Riemanniennes sont utilisées pour les différentes phases de traitement des formes.

La matrice symétrique définie positive (tenseurs) est utilisée dans le filtre d'image [91, 3], dans la détection des contours par la distance géodésique et la métrique de Riemann [79, 92, 93], dans la segmentation et l'analyse de texture [4, 94, 95, 1, 96] et dans la classification [97, 96] ont une structure naturelle comme une variété riemannienne. À cet égard, diverses applications sont présentées dans ce qui suit.

Pour une estimation robuste de l'atlas, on utilise la médiane géométrique sur les variétés riemanniennes comme un minimiseur de la somme des distances géodésiques. Qui fournit un estimateur statistique robuste de centralité pour les données de variété évalué, [98] à développer le concept de la géométrie médian pour les variétés riemanniennes générales.

Les variétés riemanniennes ont également montré leur efficacité dans l'identification humaine. [93] a distingué les séries de patches appartenant à des personnes en particulier. Le

travail dans [97] vise à étendre la définition du calcul de Ricci au cas de haute résolution angulaire du tenseur de diffusion en utilisant une mesure scalaire de Riemann pour le tenseur évaluant l'image à analyser. Basé sur les méthodes de classification de tenseur [4], l'extraction des voies neurales d'intérêt d'une image du tenseur de diffusion et de délimiter la frontière du faisceau, par les algorithmes combinés des cartes de connectivité et les distances des tenseurs. Récemment, un tenseur de diffusion anisotrope utilisé par [99] pour l'extraction d'informations locales pour la détection des contours et de la segmentation de tumeur cérébrale [96].

Nous présentons maintenant un bref aperçu sur les publications traitant la segmentation et l'extraction des données du cerveau et du tenseur de diffusion. L'extraction du cerveau, également connu sous le crâne décapage, est l'une des étapes de prétraitement les plus importantes pour l'analyse automatique d'images du cerveau, plusieurs approches et techniques pour effectuer la segmentation et l'extraction du cerveau sont proposées à partir de l'algorithme d'extraction du cerveau (BEA) pour l'imagerie par résonance magnétique (IRM) pondérée en T2. [78] utilise principalement un filtre passe-bas pour enlever le fond. Les opérations morphologiques est le plus grand composant connecté pour obtenir le masque du cerveau à partir duquel le cerveau est extrait. Un an après, les mêmes auteurs proposent, dans [33], la méthode d'extraction du cerveau pour les IRMs pondéré en T1, en utilisant un marquage de zone et des opérations morphologiques, et la méthode adaptative de seuil d'intensité.

La technique de segmentation non locale intégrée dans un cadre multi-résolution [9], appliqué sur un grand ensemble de données. L'extraction des cerveaux des IRM pondérée en T2 a été faite par [100] en utilisant de l'histogramme basé sur le calcul du gradient.

Les zones cérébrales primaires ; la matière grise (GM), la matière blanche (MB) et le liquide céphalo-rachidien (LCR) ont été extraits de manière efficace des images 2D et 3D. Le modèle de Markov caché et les méthodes graphiques ont été utilisés, respectivement, par [101, 102] pour la segmentation du cerveau. Ou l'adaptative région du croissant algorithme développé par [8] pour évaluer un front dans la région d'intérêt (ROI) basé sur un algorithme de croissance de régions, qui utilise les informations complémentaires fournies par l'IRM conventionnelle pondérés T1 et en T2, pour effectuer la segmentation et l'extraction du cerveau. Notre travail est basé sur l'approche des variétés riemanniennes pour effectuer l'extraction automatique des régions du cerveau.

Malgré tous ces efforts, tous ces algorithmes présentent des limitations et des problèmes à résoudre pour un algorithme d'extraction du cerveau cohérent et efficace. BET and BSE [26, 103] inclure des régions à l'extérieur du cerveau dans les tissus du cerveau [8], ces algorithmes présentent également de mauvais résultats en faible résolution spatiale et des images bruités. BET ne donne pas toujours des résultats satisfaisants sur des images 3D-T1 en plus le temps de traitement est long suivant [104]. D'autre part, quelques approches nécessitent une tranche comme [13] alors que d'autres exigent des images pondérées en T1 ou en T2 [78, 33], ce qui pose une contrainte insoluble dans les applications cliniques de routine.

Dans ce chapitre, nous étendons l'approche des variétés riemanniennes pour effectuer

l'extraction automatique des régions du cerveau des images RM multimodales, pondérées en T1, en T2 et en densité de proton. Ces pondérations sont capturés dans les coupes coronale, sagittale et axiales [89]. Nous démontrons la validité de cette approche avec des résultats qualitatifs et quantitatifs en utilisant deux base de données différentes : base de données BrainWeb et la base de données de sclérose en plaques. Les résultats obtenus montrent une performance efficace pour les différentes modalités par rapport aux procédés précédents.

1. Théorie

1.1. Géométrie différentielle riemannienne

Nous passons en revue quelques définitions et notations de base de la géométrie de Riemann. Étant donné un point quelconque $p \in M$ et un vecteur tangent $\xi \in T_p M$, l'espace tangent de M en p , M est une métrique différentiable dans le voisinage de p . Il y a un intervalle ouvert maximale $I_\xi \in \mathbb{R}$ sur l'origine et une courbe géodésique unique $\gamma_\xi \in M$ satisfaisant $\gamma_\xi(0) = p$, $\gamma'_\xi(0) = \xi$ (figure 5.3). L'application $\gamma : \Omega \rightarrow M$ où $t \rightarrow \gamma(t)$ est un chemin, le champ de vecteur le long de γ est défini si une connexion affine $\nabla_{\dot{\gamma}}\xi = 0$. Soit U un ouvert dans \mathbb{R}^n , et soient P et Q les champs de vecteurs lisses sur U :

$$P = \sum_{i=1}^n a^i \frac{\partial}{\partial x^i}, \quad Q = \sum_{i=1}^n b^i \frac{\partial}{\partial x^i}$$

Avec a^1, a^2, \dots, a^n et b^1, b^2, \dots, b^n sont les composants de champ de vecteurs P et Q en respectant le système de coordonnées cartésien (x^1, x^2, \dots, x^n) sur \mathbb{R}^n . La dérivée directionnelle $\partial_P Q$ du champ de vecteurs Q le long du champ de vecteurs P est donnée par la formule suivante :

$$\partial_P Q = \sum_{i,j=1}^n a^j \frac{\partial b^i}{\partial x^j} \frac{\partial}{\partial x^i} \quad (5.1)$$

On peut démontrer, à partir de cette équation (5.1), puisque la connexion ∇ est sans torsion, que :

$$\partial_P Q - \partial_Q P = \nabla_P Q - \nabla_Q P = [P, Q] \quad (5.2)$$

Puis l'opérateur différentiel renvoie des champs de vecteurs lisses p et Q à $\partial_P Q$ qu'est une connexion affine sur U . Pour une application donnée $(U, x^1, x^2, \dots, x^m)$, on a :

$$\nabla_{\partial_i}(\partial_j) = \Gamma_{ij}^k \partial_k$$

Dans un système de coordonnées locales donnés avec $P = \xi^i \frac{\partial}{\partial x^i}$ et $\dot{\gamma} = \frac{dx^i}{dt} \frac{\partial}{\partial x^i}$ nous avons.

$$\nabla_{\dot{\gamma}} P = \left(\frac{d\xi^i}{dt} + \Gamma_{jk}^i \xi^k \frac{dx^j}{dt} \right) \frac{\partial}{\partial x^i}. \quad (5.3)$$

Cela montre que $\nabla_{\dot{\gamma}} P$ ne dépend que des valeurs de P le long de la courbe γ .

La carte exponentielle est définie dans l'espace tangent au variétés $exp_p : T_p(M) \rightarrow M$ par $exp_p(\xi) = \gamma_\xi$, ainsi la courbe $\gamma_\xi(t) = exp_p(t\xi)$. Puisque la carte exponentielle exp_p est un difféomorphisme local, donc, il a une carte inverse dite la carte logarithmique $log_p : M \rightarrow T_pM$ avec $log_p(\gamma_\xi(t)) = t\xi$.

Maintenant, nous mentionnons brièvement les notions concernant des points coupées, soit : $E_p = \{\xi \in T_p(M) \mid \|\xi\| = 1\}$. Pour chaque $\xi \in E_p$ nous définissons

$$C(\xi) = \sup\{t > 0 : d(p, \gamma_\xi(t)) = t\}$$

avec d est la distance Riemannienne.

Pour t suffisamment petit, le point $exp_x(t\xi)$ a les coordonnées normales $x^i = \xi^i t$, $\xi = \xi^i e_i$. Cependant, $exp_x(t\xi) = \gamma_\xi(t)$ est la géodésique avec vitesse initiale ξ .

$$0 = \Gamma_{jk}^i(t\xi^1, \dots, t\xi^m)\xi^j \xi^k.$$

à $t = 0$, $0 = \Gamma_{jk}^i(0)\xi^j \xi^k$ pour tout choix de (ξ^1, \dots, ξ^m) , ce qui démontre :

$$\frac{d\xi^i}{dt} + \Gamma_{jk}^i \xi^j \frac{dx^k}{dt} = 0,$$

est le champ de vecteur le long de γ avec condition initiale. Cependant, la distance géodésique le long de la courbe γ est défini comme suit :

$$\nabla_{\dot{\gamma}} \gamma = 0 \tag{5.4}$$

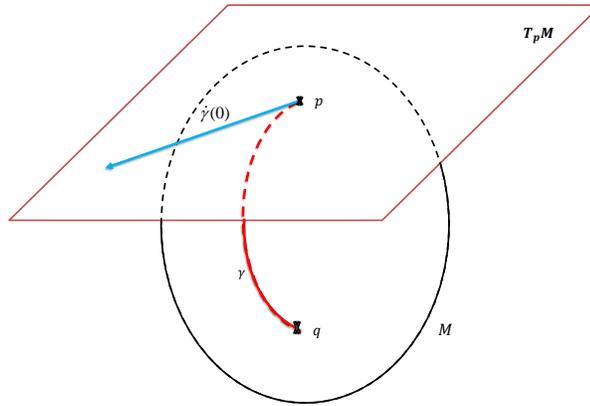


FIGURE 5.2 – La courbe géodésique $\gamma(t)$ définie par le point de départ P et la vitesse initiale $\gamma'(0)$. Le point final est calculé en appliquant la carte exponentielle, de sorte que $q = exp_p(\gamma'(0))$ [1]

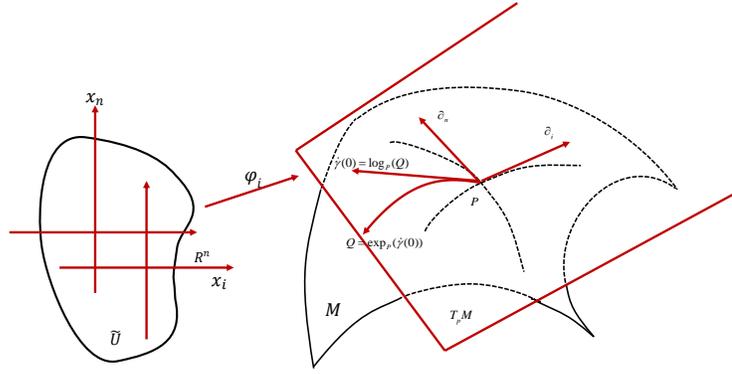


FIGURE 5.3 – Système de coordonnées locales, courbe géodésique $\gamma(t)$, espace tangent et carte exponentielle à $p \in M$ [1]

1.2. Espace du tenseur de diffusion

Soit x un point de la variété que nous considérons comme une référence locale et \overrightarrow{xy} un vecteur de l'espace tangent $T_x M$ à ce point. La fonction de la carte exponentielle est définie dans l'espace tangent $T_x M$, peut être appliquée dans chaque vecteur $\overrightarrow{xy} \in T_x M$ le point y de la variété par la géodésie à partir de point x . Il existe un et un seul départ géodésique de ce point avec ce vecteur tangent. Dans les variétés riemanniennes, on note la carte logarithmique, $\overrightarrow{xy} = \log_x(y)$, comme l'inverse de la carte exponentielle, $y = \exp_x(\overrightarrow{xy})$. Soit $S(n)$ l'espace des matrices $n \times n$ symétriques et $S^+(n)$ l'espace des matrices symétriques définies positives. Une matrice $n \times n$ est symétrique, $M = M^T$, est définie positive si $x^T M x > 0$ pour tout $x \in \mathbb{R}^n$ non nulle. Nous considérons un tenseur de diffusion de l'IRM comme un tenseur. Ce tenseur est également une variété différentiable avec une structure riemannienne naturelle qui peut être formulé comme un espace symétrique de Riemann. Ces structures conduisent à calculer les distances géodésiques le long des courbes. Les formes des différents opérateurs dépendent de la variété riemannienne. L'espace de caractéristique de tenseur de diffusion de l'IRM est identifié avec $S^+(3)$. A chaque point $p \in S^+(n)$, le mappage d'identité $p \in S^+(n) \rightarrow (\sigma_{11}, \dots, \sigma_{ij}), i \leq j, i, j = 1, \dots, n$. L'espace tangent $T_p S^+(n)$ est égale à $S(n)$. Donc les bases de $T_p S^+(n)$ peuvent être définies comme suit :

$$\frac{\partial}{\partial \sigma_{ij}} \leftrightarrow E_{ij} \in S(n), i \leq j, i, j = 1, \dots, n \quad (5.5)$$

avec,

$$E_{ij} = \begin{cases} 1_{ij} & \text{Si } i = j. \\ 1_{ij} + 1_{ji} & \text{Si } i \neq j. \end{cases} \quad (5.6)$$

et 1_{ij} est les $n \times n$ matrices où 1 au position (i, j) et 0 ailleurs. Pour convertir $S^+(n)$ dans une variété riemannienne, on peut introduire une métrique riemannienne g au point p .

$$g\left(\frac{\partial}{\partial \sigma_{ij}}, \frac{\partial}{\partial \sigma_{kl}}\right) = \left\langle \frac{\partial}{\partial \sigma_{ij}}, \frac{\partial}{\partial \sigma_{kl}} \right\rangle_p = \text{tr}(p^{-1} E_{ij} p^{-1} E_{kl}). \quad (5.7)$$

$\text{tr}(\cdot)$ dénote la trace, le produit scalaire définie positive peut être écrit comme suit :

$$\langle A, B \rangle_p = \text{tr}(p^{-1}Ap^{-1}B), \quad A, B \in T_p S^+(n)$$

La distance géodésique entre deux points $A, B \in S^+(n)$ est la longueur minimale des courbes de les raccordent ([3], [2], et [69]), e.g.

$$d_g(a, b) = \text{argmin}_C \{l(C) | C(a) = A, C(b) = B\}$$

pour une courbe lisse $C(t) : [a, b] \rightarrow S^+(n)$ dans $S^+(n)$, la longueur de $C(t)$ peut être calculée par :

$$l(C) = \int_a^b \|C'(t)\|_{C(t)} dt = \int_a^b \sqrt{\text{tr}(C(t)^{-1}C'(t))^2} dt. \quad (5.8)$$

la géodésique avec le point initial et le vecteur tangent $\Sigma \in T_I S^+(n)$, I est la matrice identité donnée par $\exp(t\Sigma)$. Une géodésique arbitraire $\gamma(t)$ sachant que $\gamma(0) = p$ et $\gamma'(0) = \Sigma$, sous l'action du groupe ([69]), est donnée par :

$$\gamma_{(p, \Sigma)}(t) = p^{1/2} \exp(tp^{1/2}\Sigma p^{-1/2})p^{1/2}. \quad (5.9)$$

De cette équation (Eq.5.9), on montre que $\exp_p(\Sigma) = p^{1/2} \exp(p^{1/2}\Sigma p^{-1/2})p^{1/2}$. La carte logarithmique, comme inverse de la carte exponentielle (figure 5.4), définie par $\log_p : S^+(n) \rightarrow T_p S^+(n)$ où $\log_p(\gamma_{(p, \Sigma)}(t)) = t\Sigma$. Bien que, pour un point A voisin de p :

$$\log_p(\Sigma) = p^{1/2} \log(p^{-1/2}Ap^{1/2})p^{1/2} = p \log(p^{-1}A). \quad (5.10)$$

De (5.7 et 5.10) la distance géodésique entre les deux points x et y dans $S^+(n)$, en utilisant la norme de Frobenius de la matrice ($\|\cdot\|_F$) s'écrit :

$$d(x, y) = \|\log(x^{-1}y)\|_F = \sqrt{\text{tr}[\log(x^{-1}y)^T \cdot \log(x^{-1}y)]}. \quad (5.11)$$

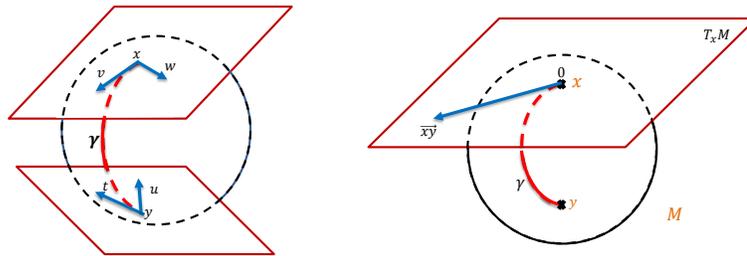


FIGURE 5.4 – Gauche : Les plans tangents aux points x et y de la sphère S_2 sont différents : les vecteurs v et w de $T_x M$ ne peuvent être comparés aux vecteurs t et u de $T_y M$. à droite : Les géodésiques à partir de x sont des lignes droites dans la carte exponentielle et la distance le long de ces lignes est conservée.

1.3. filtrage par diffusion non-linéaire généralisée

Dans cette section, nous proposons un noyau Gaussien anisotrope pour le lissage et le filtrage de l'image pour obtenir une détection de bord efficace des images du cerveau.

L'application de diffusion anisotrope au traitement des images numériques, qui vient de l'application de l'équation de diffusion de la chaleur, a évolué les images en niveaux de gris $f(x, y)$. Le plus bas de Fick donne l'expression du flux j par l'équation suivante :

$$j = -U.\nabla f \quad (5.12)$$

avec, ∇f est le gradient, la relation entre ∇f et j est décrite par une matrice définie positive symétrique U dénommée par tenseur de diffusion. La variation locale de l'énergie globale de l'image est entraînée par $\frac{\partial f}{\partial t} = -\text{div}(j)$.

Le diffusion anisotrope Perona-Malik utilise l'équation de diffusion anisotrope suivant pour évoluer les images $f(x, y)$ en niveaux de gris.

$$\frac{\partial f}{\partial t} = -\text{div}(U.\nabla f) \quad (5.13)$$

Cette équation exprime la variation d'énergie à chaque position dans l'image, où $U = \rho(\|\nabla f\|^2)$ est une fonction scalaire du gradient de l'image f , et la fonction ρ est un arrêt aux bords (edge-stopping), arrête le processus de flux de chaleur au niveau des limites de l'objet. L'idée est de mesurer la conductivité de l'image en fonction de l'amplitude du gradient euclidienne. Cependant, ils proposent, un système discret simple basé sur le transfert d'énergie entre chaque pixel et ses quatre voisins directs.

Nous définissons d'abord un noyau gaussien anisotrope pour lisser les images IRM. Lissage gaussien moyennés pondéré est calculés dans une région d'image. Le filtre gaussien classique a été généralisé par [3] et [2] pour lisser les données d'image non linéaire, par exemple les images de tenseurs-évalué :

$$G_{\sigma_x}(x) = \frac{1}{(\sqrt{2\pi}\sigma_x)^n} \cdot \exp\left(-\frac{x^T x}{2\sigma_x^2}\right) \quad (5.14)$$

L'image lisse est $f_{\sigma_x}(x) = G_{\sigma_x} * f_0$, où G_{σ} représente un filtre gaussien avec une déviation standard σ et $*$ est l'opérateur de convolution. Nous supposons une fenêtre voisine contient l'ensemble de pixels x_1, \dots, x_m qui est $f_{\sigma_x}(x) = \sum_{k=1}^m G_{\sigma_x}(x_k) p_k$. A la position x le filtre de Riemann émet la moyenne pondérée de Riemann pour l'ensemble des fonctionnalités comme suit :

$$f_{Gausmo} = \arg \min_{p \in M} \left(\frac{1}{2} \sum_{k=1}^m G_{\sigma_x}(x_k) d_g(p, f_0(x_k))^2 \right). \quad (5.15)$$

Le degré de lissage peut être contrôlé par la largeur de filtre σ_x du noyau Gaussien. La performance du filtre de Riemann peut être automatiquement adaptée à la distribution de bruit de l'image. Si le bruit impulsionnel domine la région locale d'un pixel, le filtre effectue

principalement comme un filtre médian et il est plus susceptible de faire sortir l'une des valeurs de données voisines.

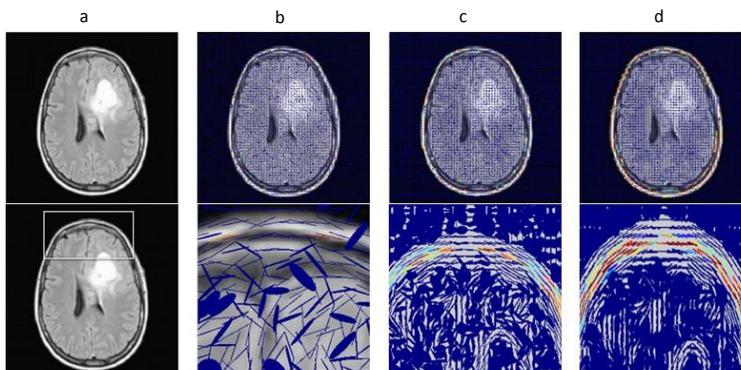


FIGURE 5.5 – Exemples de détection de région du cerveau d’images médicales en utilisant la diffusion anisotrope généralisée comme données d’image non-euclidiennes pour différentes déviations. La première ligne indique les résultats sur l’image, la deuxième ligne indique les résultats de la partie cadrée pour différentes valeurs de σ . (b), (c) et (d) pour 0, 5, 2 et 4, respectivement.

2. Détection de cerveau basée sur la structure tensoriel

La structure tensorielle est un champ de matrices symétriques positives qui code l’orientation locale et l’anisotropie d’une image. Dans cette section, nous montrons comment une structure tensorielle peut être généralisée et appliquée à la détection de cerveau dans les images RM comme des données d’images non-euclidiennes.

En se basant sur le travail de [3] qui a généralisé la structure de tenseur des données d’image non-euclidiennes et sur [105, 69], les données d’image peuvent être considérées comme une carte du domaine de Ω dans une variété différentiable M . i.e. $f : \Omega \in \mathbb{R}^2 \rightarrow M$. La variation locale d’une image f de deux dimension, notée df , est donnée par

$$df = \frac{\partial f}{\partial x_1} dx_1 + \frac{\partial f}{\partial x_2} dx_2$$

Le carré de la norme du vecteur est :

$$df^2 = \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^2 \left(\frac{\partial f}{\partial x_i} \cdot \frac{\partial f}{\partial x_j} \right) dx_i dx_j \quad (5.16)$$

Avec $\partial f / \partial x_i$ est la dérivée directionnelle de f le long de x_i . Sachant que $h_{ij} = \frac{\partial f}{\partial x_i} \cdot \frac{\partial f}{\partial x_j}$, défini le tenseur métrique, et nous avons $df^2 = dx^T h dx$, où $dx = (dx_1, dx_2)^T$. Maintenant,

nous considérons une image f comme une variété de deux dimensions M_r en M , le paramétrage est $\Phi : M_r \rightarrow M$, puis $\partial f / \partial x_i$ est une base de $T_x M_r$. Soit x_1, x_2 les coordonnées locales de M_r . La carte est donnée par :

$$(x_1, x_2) \rightarrow \Phi_1(x_1, x_2), \dots, \Phi_n(x_1, x_2).$$

Le tenseur métrique h mesure la longueur de l'arc ds en M_r par :

$$ds_h^2 = \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^2 h_{ij} dx_i dx_j. \quad (5.17)$$

et le tenseur métrique g dans M est :

$$ds_g^2 = \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^2 g_{ij} d\Phi_i d\Phi_j. \quad (5.18)$$

Nous supposons que Φ est isométrique, donc les expressions dans (5.17) et (5.18) sont égales, et en utilisant la règle de changement de coordonnées, le tenseur métrique de Riemann h est :

$$h_{kl} = \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^2 g_{ij} \frac{\partial \Phi_k}{\partial x_i} \frac{\partial \Phi_l}{\partial x_j}. \quad (5.19)$$

Le tenseur métrique h caractérise la géométrie locale de l'image f , tout changement de f est stocké à la direction de l'unité $v = (dx_1, \dots, dx_2)$, qui maximise ou minimise df^2 . Le taux de changements maximale et minimale à un point donné est caractérisé par le maximum λ_+ et minimum λ_- . Les valeurs propres de la structure tensoriel h , correspondant aux vecteurs propres e_+, e_- , sont les directions des changements maximales et minimales.

$$\begin{cases} \lambda_{\pm} = \frac{h_{11} + h_{22} \pm \sqrt{(h_{11} - h_{22})^2 + 4h_{12}^2}}{2} \\ e_{\pm} = (2h_{12}, h_{22} - h_{11} \pm \sqrt{(h_{11} - h_{22})^2 + 4h_{12}^2})^T \end{cases} \quad (5.20)$$

La détection de bord du cerveau est basée sur les valeurs des valeurs propres λ_{\pm} , les vecteurs propres e_{\pm} et l'intensité de l'image. Lorsque l'image est scalaire, signifie que $e_+ = \nabla f / \|\nabla f\|$, $e_- = \nabla f^T / \|\nabla f\|$, $\lambda_+ = \|\nabla f\|^2$ et $\lambda_- = 0$. λ_+ et λ_- qui serait discriminatoire à différentes géométries locales. La localisation de la région du cerveau des régions non-cerveau est relativement facile puisque les régions du cerveau sont bien séparées par CSF, qui a une valeur faible d'intensité que les autres régions voisines du cerveau et d'autres structures. Les différentes régions considérées comme différentes géométries locales. Nous fondons sur les valeurs propres et les vecteurs propres pour séparer les régions du cerveau et des régions non-cerveau (figure 5.5). Pour détecter les bords ainsi les coins de cerveau nous utilisons la norme du gradient $GN = \sqrt{\lambda_+ + \lambda_-}$ [3].

Dans la figure 5.6 la couleur alignée carrée délimite la région de semences d'intérêt (ROI). Chaque ligne contient une image avec une texture différente, et chaque colonne représente la segmentation sur la base de la diffusion anisotrope et le tenseur de structure pour différentes déviations σ . (a) l'image de l'origine. (b) les images pour $\sigma = 0, 5$. (c) pour $\sigma = 2$, et (d) pour $\sigma = 4$.

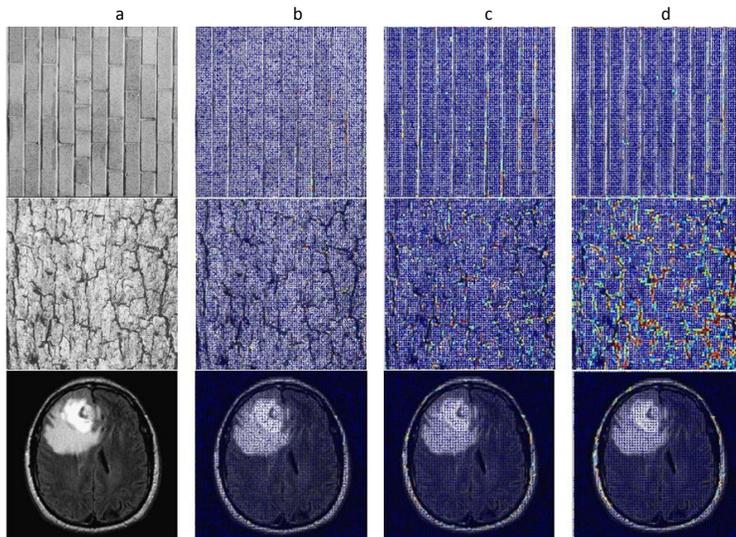


FIGURE 5.6 – Segmentation de certains objets, y compris différente texture et le cerveau IRM basé sur la structure tensoriel.

3. Segmentation et extraction du cerveau d’IRM

En se basant sur la méthode proposée, nous adaptons un algorithme de segmentation automatique des images 2-D des tissus cérébrales pour différentes modalités des images IRM. La procédure de segmentation basée sur l’algorithme de détection de bord, comme le montre la figure 5.6, en utilisant la structure tensoriel, comme une métrique anisotrope, en tant que cercle de quatre pixels voisins fondées sur les valeurs propres et des vecteurs propres (Eq. 5.20).

La segmentation de la région d’intérêt (ROI) f_0 est fondée sur le rayon r des cercles C , si les pixels voisins ont des intensités proches, puis la surface dans laquelle le tenseur se propage appartient aux régions inclus, sinon il appartient aux tissus non-cerveaux (Figure 5.7 c).

$$f_0(i, j) = \begin{cases} C(i, j) & \text{si } r < \varepsilon \\ 0 & \text{ailleurs} \end{cases} \quad (5.21)$$

Nous présentons d’abord l’algorithme proposé pour les images IRM pondérées en T1 (T1w), qui sont le plus souvent utilisée pour la segmentation des tissus cérébrales en raison de la contraste élevée de matière blanche et de matière grise et les effets réduits du lésions de la matière blanche chez les patients atteignent des maladies neuro-dégénératives, ensuite testé sur les autres modalités des images IRM.

L’algorithme est testé, également, sur les différents texture de la base de données grayscale USC texture Mosaic Images [106] comme le montre la figure 5.6. Procédure très simple tirera une forme limite d’une région connectée de pixels, et inversement peut remplir une limite pour obtenir une région d’intérêt, après avoir obtenu le masque de la région du cerveau.

En utilisant les caractéristiques géométriques nous allons tirer le crâne de l'image du cerveau.

Nous devons continuer à séparer les tissus de cerveau de tissu non-cerveau. Toutefois, la méthode proposée exclut l'arrière-plan, le crâne, les os et les tissus du cerveau. Les régions de cerveau f_{br} inclure la matière blanche cérébrale (WM), la matière grise (GM) et le liquide céphalo-rachidien (LCR) des ventricules le long de la surface du cerveau et comprennent également la région de la tumeur.

$$f_{br}(i, j) = \begin{cases} f_0(i, j) & \text{si } (i, j) \in \mathbb{R} \\ 0 & \text{ailleurs} \end{cases} \quad (5.22)$$

La plupart des méthodes d'extraction de cerveau sont développées pour T1-pondérée [9], les autres méthodes incluent différentes séquences d'images par résonance magnétique, sans région de la tumeur. Notre objectif est la segmentation du cerveau qui contient à la fois les régions normales et anormales, pour développer un système de détection des tumeurs cérébrales basées sur une image de cerveau prétraités.

Après la segmentation du cerveau par notre approche, nous avons utilisé le principe de croissance de région pour extraire la surface du cerveau segmentée aux différents pondération de l'IRM, T1, T2 et densité de Proton dans les principales coupes axiale, sagittal et coronale. La méthode proposée montrée des résultats efficaces pour la segmentation et l'extraction de la région du cerveau inclus MB, MG et le LCR. Les résultats qualitatifs et quantitatifs sont présentés dans les figures 5.11, 5.12 et 5.13 regroupé, respectivement, en coupe axiale, coupe coronale et coupe sagittale pour les trois modalités [90].

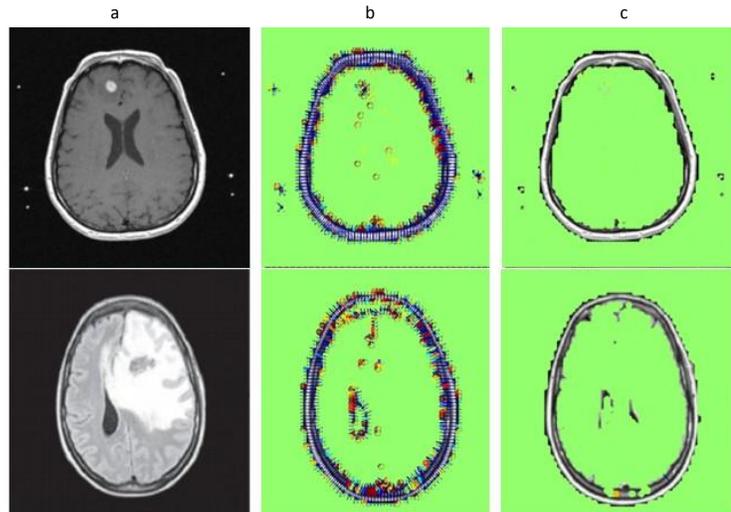


FIGURE 5.7 – Les étapes de la segmentation du cerveau basé sur le tenseur de métrique riemannienne, de gauche à droite, (a) image originale, (b) le lissage de l'image, (c) masque du cerveau basé sur le calcul des tenseurs.

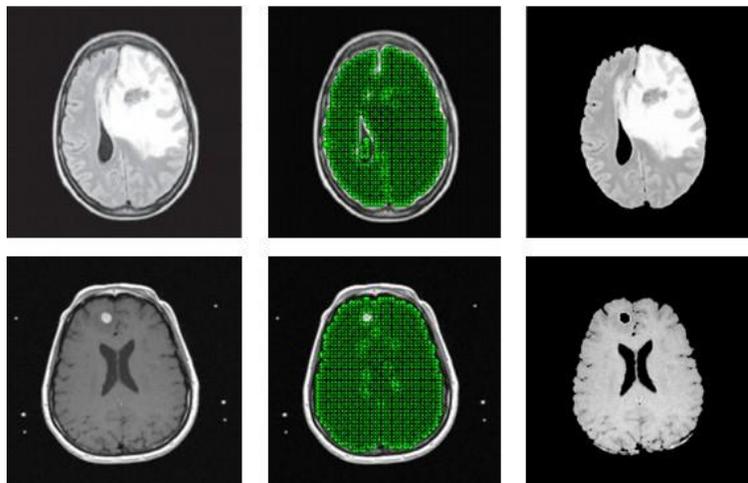


FIGURE 5.8 – Représentation de la segmentation du cerveau en utilisant notre algorithme, la première ligne représente le résultat de T2, la deuxième ligne son de T1 et de gauche à droite, l’image originale, le masque du cerveau et l’extraction du cerveau en utilisant tenseur croissante.

4. Études expérimentales

Dans cette section, nous présentons, quantitativement et qualitativement, la performance de notre approche à l’extraction du cerveau. Nous comparons les résultats avec les approches les plus connus et les méthodes citées précédemment dans l’état de l’art.

4.1. Bases de données

Pour évaluer la performance de notre méthode, nous avons utilisé les bases de données suivantes :

1. *BrainWeb* : contient les volumes d’IRM pour le cerveau normal. Les paramètres sont fixés à trois modalités (T1, en T2, et DP), 5 épaisseurs de coupes (1 mm, 3mm, 5mm, 7mm, et 9mm), 6 niveaux de bruit (0 %, 1 %, 3 %, 5 % 7 % et 9 %), et trois niveaux d’intensité de non-uniformité (0 %, 20 %, et 40 %). Le modèle anatomique discret appliqué pour générer les données d’IRM du cerveau simulé, a été utilisé en tant que données de réalité de terrain. L’anatomique discret et le cerveau simulés ont été transformés en coupes frontal et sagittal avant de commencer les expériences.
2. *Base de données IRM de sclérose en plaques (IRM MS DB)* : Trente-huit patients (17 hommes et 21 femmes), âgés de $34,1 \pm 10,5$ (âge moyen \pm écart-type), avec un SIC MS et lésions cérébrales par IRM détectables ont été numérisées deux fois à 1,5T avec un intervalle de 6 à 12 mois. Les images IRM transversales utilisées pour l’analyse ont été obtenus en utilisant une turbo séquence pondérée en T2 d’impulsion de spinecho (de temps de répétition = 4408 ms, temps d’écho = 100 ms, l’espacement echo = 10,8 ms). L’image reconstruite a une épaisseur de coupe de 5 mm et un champ de vision de 230 mm avec une résolution de pixels de 2,226 pixels/mm. Procédures de planifications normalisées ont été suivies lors de chaque examen IRM [107], [108].

4.2. Validation qualitative et quantitative

Pour valider qualitativement les résultats obtenus avec des masques de réalité de terrain, nous utilisons le Dice Similarity Coefficient (DSC) [109]. Cette mesure indique le montant de la zone de chevauchement entre l'image du cerveau délimitée manuellement et automatiquement détecté. Cette mesure est calculée comme suit :

$$DSC = \frac{2 \times TP}{2 \times TP + FP + FN} \quad (5.23)$$

Où TP sont des détections correctes, FP sont des détections incorrectes, et FN sont des détections manquantes. Pour valider notre application des variétés riemanniennes, nous l'avons testé avec les IRMs synthétique de la base de données BrainWeb référentiel à la fois de l'orientation axiale et coronale. La performance de notre implémentation est qualitativement représentée dans la figure 5.8.

Certain mauvais alignement avec la vérité au sol peut être vu dans des zones particulières, où les techniques classiques tendent à agrandir le masque en particulier sur le cou et la moelle épinière.

TABLE 5.1 – Tableau montrant les résultats quantitatifs de notre approche sur un ensemble de données BrainWeb pour les différentes modalités (T1, T2 et DP) de différentes coupes.

Modalité	Coupe	Moyen de DSC
DP	Axiale	0.965
	Coronale	0.952
	Sagittale	0.918
T1w	Axial	0.972
	Coronale	0.966
	Sagittale	0.964
T2w	Axiale	0.902
	Coronale	0.913
	Sagittale	0.898

Nous avons testé les performances de notre approche avec la base de données de synthèse BrainWeb qui contient les images IRM 3D simulées de cerveau normal pour les modalités T1, T2 et PD avec cinq degrés de bruit et qui ont été choisis entre 0% et 40% et de l'intensité non uniforme. Nous avons utilisé, aussi, la base de données des images IRM de sclérose en plaques. Les images du cerveau ont été transformées pour les orientations axiales, frontales et sagittales avant de commencer les expériences. Les résultats qualitatifs des cerveaux simulés pour les coupes axiales, coronales et sagittales indiquées dans les Figures 5.11, 5.12 et 5.13, respectivement. Les résultats quantitatifs sont présentés dans le tableau 5.1 et dans la figure 5.10. Cette validation montre que les résultats produits par notre approche (RMBE) sont comparables ou meilleurs que les méthodes populaires BET[26], BSE[103], MARGA[8] et SPM[110].

En outre, pour l'analyse des résultats, nous avons obtenu un meilleur DSC (0.968 ± 0.015) pour la pondération T1 que la pondération T2 (0.915 ± 0.021). Figure 5.9 montre une comparaison quantitative entre notre méthode avec les algorithmes bien-connue MARGA, BET,

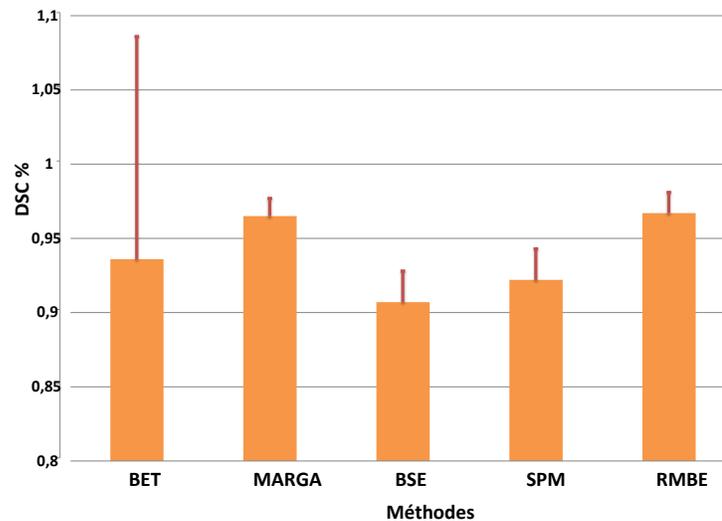


FIGURE 5.9 – Comparaison quantitative entre notre méthode et les algorithmes les plus connues d'extraction des régions de cerveau.

BSE and SPM.

Notre propre méthode commence par le traitement de l'image [89], par contre les méthodes bien connues commencent à partir de la coupe intermédiaire. Cependant, d'autres méthodes utilisent la combinaison entre T1 et T2 pour obtenir l'extraction du cerveau.

Les méthodes existantes nécessitent une technique de prétraitement comme la rotation et le recadrage. En outre, certains paramètres en entrée sont nécessaire pour commencer la procédure ou d'autres prennent une vue spécifique de la tranche. Cependant, notre méthode nécessite seulement la détection de limite de cerveau en utilisant le tenseur généralisé à l'extraction du cerveau en IRM multimodale.

4.3. Temps d'exécution

Un autre défi de traitement d'images médicales est le temps d'obtention des résultats finals, ce point représente le point faible des méthodes existantes qui ne sont pas efficaces en temps de calcul. Pour évaluer l'efficacité de notre solution, nous avons calculé et le temps d'exécution qui prend 1,6s, pour la détection des contours, et le temps nécessaire pour effectuer la segmentation qui prend moins de 2,9s [89].

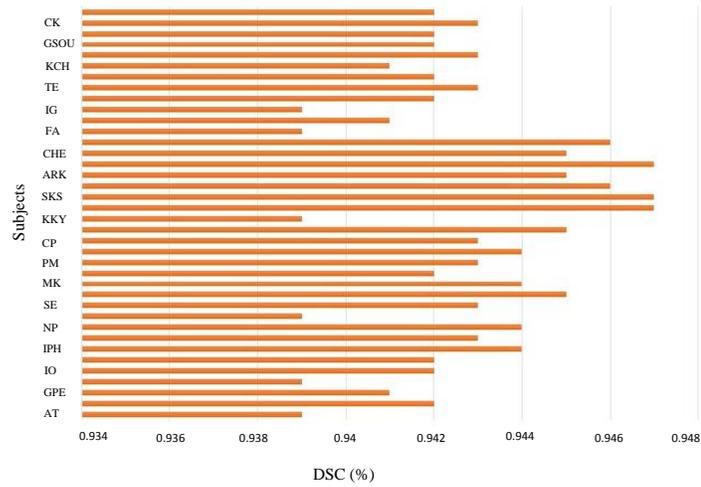


FIGURE 5.10 – Moyenne de DSC pour l'extraction du cerveau en utilisant la méthode proposée pour la base de données des IRMs de sclérose en plaques.

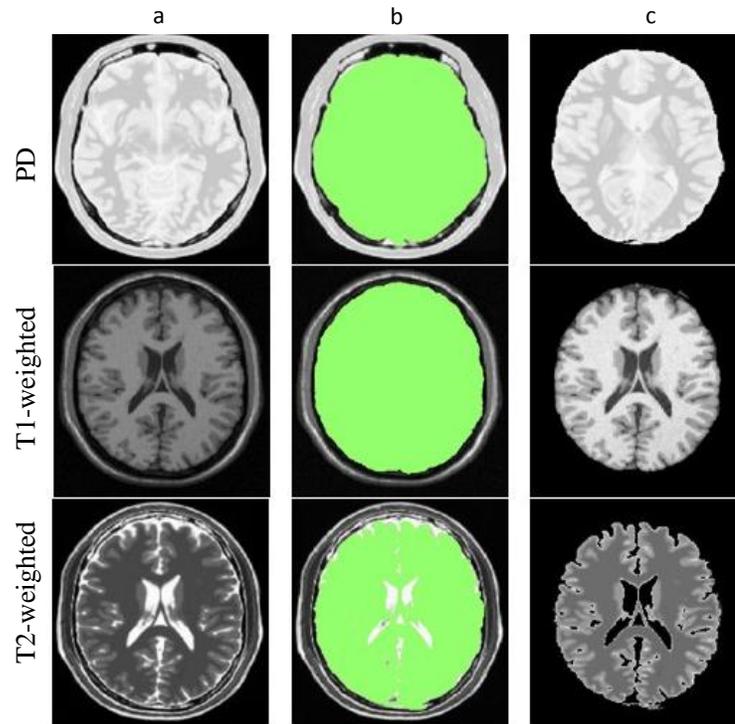


FIGURE 5.11 – Les étapes de la segmentation du coupe axiale de cerveau et l'extraction basée sur le tenseur métrique riemannienne de gauche à droite, (a) : image originale, (b) : masque du cerveau, (c) : région du cerveau extraites pour le PD, T1 et T2, respectivement, dans la première ligne.

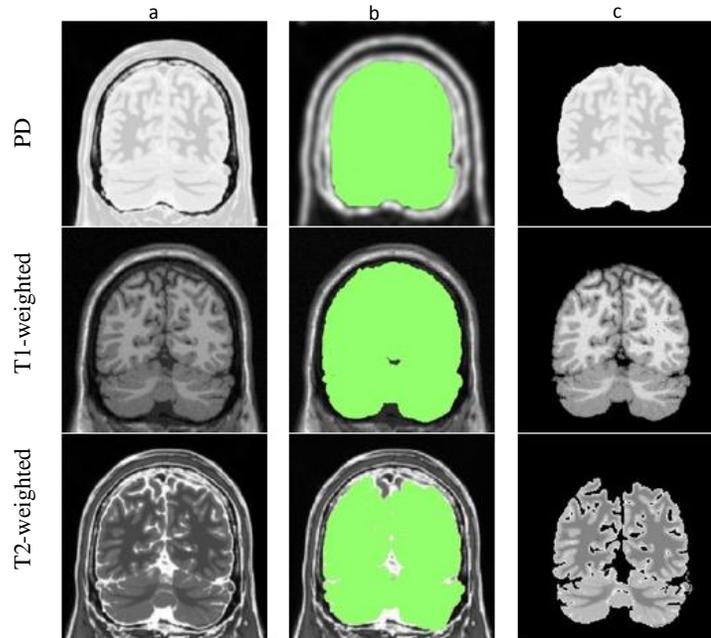


FIGURE 5.12 – Les étapes de la segmentation de coupe coronale et l'extraction basée sur le tenseur métrique riemannienne de gauche à droite, (a) : image originale, (b) : masque du cerveau, (c) : région du cerveau extrait pour le PD, T1 et T2, respectivement à partir de la première ligne

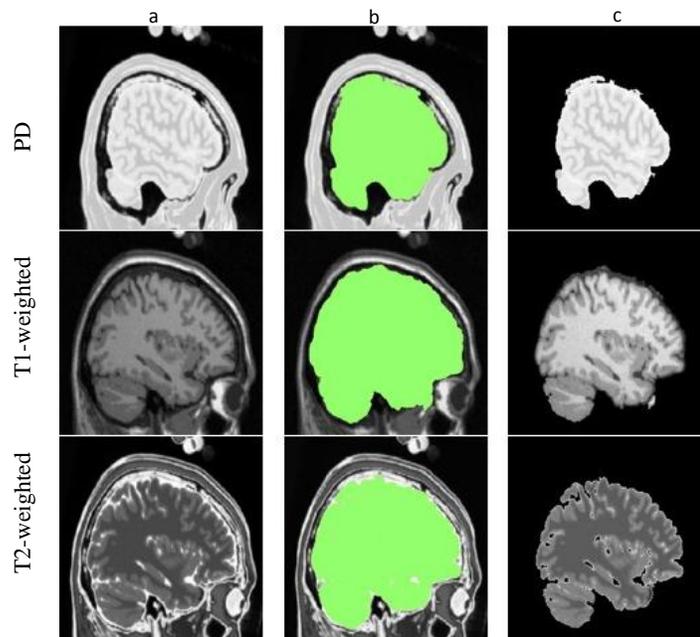


FIGURE 5.13 – Les étapes de la segmentation de coupe sagittale et l'extraction basée sur le tenseur métrique riemannienne de gauche à droite, (a) : image originale, (b) : masque du cerveau, (c) : région du cerveau extrait pour le PD, T1 et T2, respectivement à partir de la première ligne

Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons proposé une nouvelle segmentation d'image adaptative et des algorithmes d'extraction. Nous avons exploité les variétés de Riemann et la structure tensoriel, nous avons aussi utilisé la distance géodésique pour segmenter le cerveau dans une image IRM et pour l'extraction multi-séquences.

Tout d'abord, notre méthode utilise le filtrage et le lissage de coupe par coupe des volumes IRM 3D comme résidant sur une variété riemannienne. Nous avons généralisé l'approche de [3] utilisé pour le filtrage et la détection de bord des données d'images non-euclidiennes pour la segmentation et l'extraction de région du cerveau. Cette approche de pré-traitement offre une limite robuste de cerveau utilisant un tenseur généralisé, qui assure une bonne segmentation du cerveau. Ensuite, on se base sur le filtrage de coupe et de détection de bord pour segmenter la limite détectée en se basant sur la distance géodésique, la carte exponentielle et la métrique intrinsèque. La généralisation étudié la liaison entre les quatre pixels voisins de l'intensité d'une région. Les résultats qualitatifs et quantitatifs, sur les images RM des données synthétiques et réelles, illustrent une plus grande robustesse à la segmentation et à l'extraction de région du cerveau sur trois modalités T1, T2 et la densité de Proton sur les deux coupes normales et anormales.

Conclusion et perspectives

Revue des contributions

Ce travail de recherche vise à proposer une méthode de segmentation des données fournies par les images IRM pour la détection des tumeurs cérébrales dans le cadre de l'aide au diagnostic de ces dernières. Cette méthode doit en particulier être adaptée au traitement de tumeurs inhomogènes pouvant se propager de façon infiltrant vers les différentes structures anatomiques environnantes.

Dans le chapitre 1, nous nous sommes attachées à présenter le contexte de notre étude, mettant ainsi en évidence la complexité du diagnostic mais aussi la complémentarité des différentes pondérations. Les différents cas étudiés correspondent en particulier à des tumeurs difficiles à isoler précisément des autres structures du fait de leur nature infiltrant. L'imprécision concerne le contenu de l'information porte sur un défaut quantitatif.

Dans l'objectif de rendre la problématique traitée plus générale, nous avons traité dans le chapitre 2 l'état de l'art des méthodes d'extraction des régions de cerveau pour rendre, un système de diagnostic, plus fiable. Ensuite, nous avons présenté les méthodes de segmentation des tumeurs cérébrales selon des catégories sur lesquelles elles appartiennent.

Dans ce travail, nous avons localisé, avec précision, la région tumorale. Les techniques de segmentation ont été appliquées selon les caractéristiques qui permettent de distinguer les tumeurs des tissus normaux. Les tumeurs peuvent être distinguées des tissus normaux, par leur intensité de l'image.

L'utilisation des variétés Riemanniennes pour le traitement des formes a connu une évolution dans ces dernières années à cause de son efficacité pour remédier au problème de la complexité des images et des formes en général et des images biomédicales en particulier. La majorité des algorithmes basés sur les variétés Riemanniennes sont développés pour avoir une exactitude de traitement. Cette méthode peu à peu montre la faisabilité d'être la méthode applicable.

Pour avoir un système automatique de diagnostic des images IRM de cerveau, une méthode de détection automatique a été implémentée pour faire la tâche. La segmentation et l'extraction automatique des tumeurs cérébrales des images par résonance magnétique sont basées sur les variétés riemanniennes. Notre approche de détection automatique de la présence de tumeurs, dans les images IRM du cerveau, est basée sur l'histogramme par la co-

variance. La segmentation de la région anormale utilise la distance géodésique sur les variétés riemanniennes de cerveau. Cette méthode est testée sur plusieurs images IRM pondérées en T1 et en T2, alors qu'elle montre l'efficacité de notre solution.

Les variétés Riemanniennes montrent leurs efficacités pour une segmentation précise de la région d'intérêt. Sachant que le cerveau humain contient une grande diversité dans les tissus entre différents patients et la variabilité dans la morphologie cérébrale ce qui rend, parfois, la détection de tumeur une tâche très difficile. Pour remédier à ce problème l'extraction des contours de cerveau est nécessaire, et est une étape très importante pour l'analyse des images de cerveau. Nous avons implémenté des algorithmes d'extraction, qui sont basés sur les variétés de Riemann, des régions de cerveau des images IRM.

Tout d'abord, nous avons réalisé le filtrage et le lissage de coupe par coupe des volumes IRM 3D comme résidant sur une variété riemannienne et nous généralisons cette approche pour le filtrage et la détection des bords des images pour la segmentation et extraction des régions de cerveau. Cette approche de pré-traitement offre une limite robuste de cerveau utilisant un tenseur généralisée, qui assure une bonne segmentation du cerveau. Ensuite, on se base sur le filtrage de coupe et sur la détection des bords pour segmenter les bords détectée en se basant sur la distance géodésique, la carte exponentielle et la métrique de Riemann. La généralisation étudie la liaison entre l'intensité des quatre pixels voisins d'une région. Les résultats qualitatifs et quantitatifs sur les images RM des données synthétiques et réelles illustrent une grande robustesse de la segmentation et de l'extraction des régions du cerveau sur trois modalités T1, T2 et la densité de Proton sur les coupes normales et anormales.

Perspectives

La réalisation d'un système complet de diagnostic automatique, des images par résonance magnétique de cerveau, nécessite d'autre intervention au niveau des structures internes des images et le cortex. Les futurs travaux qui peuvent être développés sont présentés comme suit :

Tumeurs de cerveau

Après avoir réalisé un système de diagnostic automatique assisté par ordinateur des images 2D, nous précéons à la réalisation d'un algorithme de diagnostic automatique des tumeurs cérébrales des images IRM trois dimensions pour la chirurgie assistée par ordinateur. Suivre l'évolution d'une tumeur dans le cerveau et classifier les types de tumeurs représente un autre axe qui fait la succession de notre thèse.

Structures internes

La segmentation des structures internes des images de cerveau comme les ventricules, noyau caudé, Thalamus, corps calleux, etc. Cette segmentation permet d'avoir des régions séparées facile à analyser.

Imagerie biomédicale

L'application de notre approche sur d'autres domaines de l'imagerie biomédicale comme la classification des images de mammographie et de sclérose en plaque en images saines et affectées..

Bibliographie

- [1] Rui Caseiro, Pedro Martins, João F. Henriques, and Jorge Batista. A nonparametric riemannian framework on tensor field with application to foreground segmentation. *Pattern Recognition*, 45(11) :3997 – 4017, 2012.
- [2] Xavier Pennec, Pierre Fillard, and Nicholas Ayache. A riemannian framework for tensor computing. *International Journal of Computer Vision*, 66(1) :41–66, 2006.
- [3] Fan Zhang and Edwin R. Hancock. New riemannian techniques for directional and tensorial image data. *Pattern Recognition*, 43(4) :1590 – 1606, 2010.
- [4] Sebastiano Barbieri, Mriam H.A. Bauer, Jan Klein, Jan Moltz, Christopher Nimsky, and Horst K. Hahn. Dti segmentation via the combined analysis of connectivity maps and tensor distances. *NeuroImage*, 60 :1025–1035, 2012.
- [5] Vadim Kuperman. *Magnetic Resonance Imaging : Physical Principles and Applications*. Academic Press, academic press edition, 2000.
- [6] Hassan KHOTANLOU. *Segmentation 3D de tumeurs et structures internes du cerveau en IRM*. PhD thesis, Ecole Nationale Supérieure des Telecommunications, Février 2008.
- [7] C.S. Anand and J.S. Sahambi. Mri denoising using bilateral filter in redundantwavelet domain. In *Proc. IEEE Region 10 Conference (TENCON 2008)*, pages 1–6, Hyderabad, India,, 2008.
- [8] Eloy Roura, Arnau Oliver, Mariano Cabezas, Joan C. Vilanova, Àlex Rovira, Lluís Ramió-Torrentà, and Xavier Lladó. Marga : Multispectral adaptive region growing algorithm for brain extraction on axial {MRI}. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 113(2) :655 – 673, 2014.
- [9] Simon F. Eskildsen, Pierrick Coupe, Vladimir Fonov, Jose V. Manjon, Kelvin K. Leung, Nicolas Guizard, Shafik N. Wassef, Lasse Riis Østergaard, and D. Louis Collins. Beast brain extraction based on nonlocal segmentation technique. *NeuroImage*, 59 :2362–23–73, 2012.
- [10] Aaron Carass, Jennifer Cuzzocreo, M. Bryan Wheeler, Pierre-Louis Bazin, Susan M. Resnick, and Jerry L. Prince. Simple paradigm for extra-cerebral tissue removal : Algorithm and analysis. *NeuroImage*, 56(4) :1982 – 1992, 2011.
- [11] Kelvin K. Leung, Josephine Barnes, Marc Modat, Gerard R. Ridgway, Jonathan W. Bartlett, Nick C. Fox, and Sébastien Ourselin. Brain maps : An automated, accurate and robust brain extraction technique using a template library. *NeuroImage*, 55(3) :1091 – 1108, 2011.

- [12] A. Mikheev, G. Nevsky, S. Govindan, R. Grossman, and H. Rusinek. Fully automatic segmentation of the brain from t1-weighted mri using bridge burner algorithm. *J. Magn. Reson. Imaging*, 27 :1235–1241, 2008.
- [13] Jong Geun Park and Chulhee Lee. Skull stripping based on region growing for magnetic resonance brain images. *NeuroImage*, 47(4) :1394 – 1407, 2009.
- [14] Alan C. Evans, Andrew L. Janke, D. Louis Collins, and Sylvain Baillet. Brain templates and atlases. *NeuroImage*, 62(2) :911 – 922, 2012. 20 {YEARS} {OF} fMRI 20 {YEARS} {OF} fMRI.
- [15] M. del Fresno, M. Vénere, and A. Clausse. A combined region growing and deformable model method for extraction of closed surfaces in 3d {CT} and {MRI} scans. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 33(5) :369 – 376, 2009.
- [16] Jouni Mykkänen, Jussi Tohka, Jouni Luoma, and Ulla Ruotsalainen. Automatic extraction of brain surface and mid-sagittal plane from pet images applying deformable models. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 79(1) :1 – 17, 2005.
- [17] C Baillard, P Hellier, and C Barillot. Segmentation of brain 3d {MR} images using level sets and dense registration. *Medical Image Analysis*, 5(3) :185 – 194, 2001.
- [18] Audrey H. Zhuang, Daniel J. Valentino, and Arthur W. Toga. Skull-stripping magnetic resonance brain images using a model-based level set. *NeuroImage*, 32(1) :79 – 92, 2006.
- [19] Zu Y. Shan, Guang H. Yue, and Jing Z. Liu. Automated histogram-based brain segmentation in t1-weighted three-dimensional magnetic resonance head images. *NeuroImage*, 17(3) :1587 – 1598, 2002.
- [20] Suresh A. Sadananthan, Weili Zheng, Michael W.L. Chee, and Vitali Zagorodnov. Skull stripping using graph cuts. *NeuroImage*, 49(1) :225 – 239, 2010.
- [21] J.E. Iglesias, Cheng-Yi Liu, P.M. Thompson, and Zhuowen Tu. Robust brain extraction across datasets and comparison with publicly available methods. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 30(9) :1617–1634, Sept 2011.
- [22] F. Ségonne, A.M. Dale, E. Busa, M. Glessner, D. Salat, H.K. Hahn, and B. Fischl. A hybrid approach to the skull stripping problem in mri. *NeuroImage*, 22(3) :1060 – 1075, 2004.
- [23] D.W. Shattuck, S.R. Sandor-Leahy, K.A. Schaper, D.A. Rottenberg, and R.M. Leahy. Magnetic resonance image tissue classification using a partial volume model. *NeuroImage*, 13(5) :856–876, 2001.
- [24] Jimit Doshi, Guray Erus, Yangming Ou, Bilwaj Gaonkar, and Christos Davatzikos. Multi-atlas skull-stripping. *Academic Radiology*, 20(12) :1566 – 1576, 2013.
- [25] J. Ashburner and K.J.Friston. Voxel based morphometry : the methods. *NeuroImage*, 11 :805–821, 2000.
- [26] S.M. Smith. Fast robust automated brain extraction. *Human Brain Mapping*, 17 :143–155, 2002.
- [27] B.D. Ward. Intracranial segmentation. *Biophysics Research Institute, Medical College of Wisconsin, Milwaukee, WI*, 1999.

- [28] H. Hahn and H.O. Peitgen. The skull stripping problem in mri solved by a single 3d watershed transform. In *Proceedings of MICCAI*, page 134–143, LNCS 1935, 2000.
- [29] A.H. Zhuang, D.J. Valentino, and A.W. Toga. Skull-stripping magnetic resonance brain images using a model-based level set. *NeuroImage*, 32 :79–92, 2006.
- [30] Fennema-Notestine C, Ozyurt IB, Clark CP, Morris S, Bischoff-Grethe A, Bondi MW, Jernigan TL, Fischl B, Segonne F, Shattuck DW, Leahy RM, Rex DE, Toga AW, Zou KH, and Brown GG. Quantitative evaluation of automated skull-stripping methods applied to contemporary and legacy images : effects of diagnosis, bias correction, and slice location. *Hum Brain Mapp*, 2(27) :99–113, 2006.
- [31] S.W. Hartley, A.I. Scher, E.S.C. Korf, L.R. White, and L.J. Launer. Analysis and validation of automated skull stripping tools : A validation study based on 296 {MR} images from the honolulu asia aging study. *NeuroImage*, 30(4) :1179 – 1186, 2006.
- [32] Jong-Min Lee, Uicheul Yoon, Sang Hee Nam, Jung-Hyun Kim, In-Young Kim, and Sun I. Kim. Evaluation of automated and semi-automated skull-stripping algorithms using similarity index and segmentation error. *Computers in Biology and Medicine*, 33(6) :495 – 507, 2003.
- [33] K. Somasundaram and T. Kalaiselvi. Automatic brain extraction methods for t1 magnetic resonance images using region labeling and morphological operations. *Computers in Biology and medicine*, 41 :716–725, 2011.
- [34] Nelly Gordillo, Eduard Montseny, and Pilar Sobrevilla. State of the art survey on mri brain tumor segmentation. *Magnetic Resonance Imaging*, 31(8) :1426 – 1438, 2013.
- [35] J. C. Bezdek, L. O. Hall, and L. P. Clarke. Review of mr image segmentation techniques using pattern recognition. *Medical Physics*, 20(4) :1033–1048, 1993.
- [36] Wiselin G. and Ganesan L. Unsupervised segmentation using fuzzy logic based texture spectrum for mri brain images. *World Acad Sci Eng Technol*, 5 :155–7, 2005.
- [37] Karteek Popuri, Dana Cobzas, Martin Jagersand, Sirish L. Shah, and Albert Murtha. 3d variational brain tumor segmentation on a clustered feature set. In *Proc. SPIE*, volume 7259, pages 72591N–72591N–10, 2009.
- [38] D. Cobzas, N. Birkbeck, M. Schmidt, M. Jagersand, and A. Murtha. 3d variational brain tumor segmentation using a high dimensional feature set. In *Computer Vision, 2007. ICCV 2007. IEEE 11th International Conference on*, pages 1–8, Oct 2007.
- [39] Koon-Pong Wong. Medical image segmentation : Methods and applications in functional imaging. In JasjitS. Suri, DavidL. Wilson, and Swamy Laxminarayan, editors, *Handbook of Biomedical Image Analysis*, Topics in Biomedical Engineering International Book Series, pages 111–182. Springer US, 2005.
- [40] J. Yao. Image processing in tumor imaging. *New techniques in oncologic imaging*, page 79–102, 2006.
- [41] A. Farag, M. Ahmed, A. El-Baz, and H. Hassan. Advanced segmentation techniques. *Handbook of biomedical image analysis I : segmentation models part A.*, Springer US :479–533, 2005.
- [42] C. Xu, D. Pham, and J. Prince. Current methods in medical image segmentation. *Ann Rev Biomed Eng*, 2 :315–37, 2000.

- [43] C. Vijayakumar and DC. Gharpure. Development of image-processing software for automatic segmentation of brain tumors in mr images. *Med Phys*, 36 :147–58, 2011.
- [44] K.J. Shanthi and M.S. Kumar. Skull stripping and automatic segmentation of brain mri using seed growth and threshold techniques. In *Intelligent and Advanced Systems, 2007. ICIAS 2007. International Conference on*, pages 422–426, Nov 2007.
- [45] M Bhattacharya and A. Das. A study on seeded region based improved watershed transformation for brain tumor segmentation. *The XXIX General Assembly of the Int Union of Radio Science*, 2008.
- [46] S. Ho, E. Bullitt, and G. Gerig. Level-set evolution with region competition : automatic 3-d segmentation of brain tumors. In *Pattern Recognition, 2002. Proceedings. 16th International Conference on*, volume 1, pages 532–535 vol.1, 2002.
- [47] Heng-Hua Chang and Daniel J. Valentino. An electrostatic deformable model for medical image segmentation. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 32(1) :22 – 35, 2008.
- [48] Kai Xie, Jie Yang, Z.G. Zhang, and Y.M. Zhu. Semi-automated brain tumor and edema segmentation using {MRI}. *European Journal of Radiology*, 56(1) :12 – 19, 2005.
- [49] P. Gibbs, D. L. Buckley, S. J. Blackband, and A. Horsman. Tumour volume determination from mr images by morphological segmentation. *Physics in Medicine and Biology*, 41(11) :2437, 1996.
- [50] Y. ChangSun, K. SunHan, C. JunSong, S. MooNoh, and J. WonPark. Threshold estimation for region segmentation on mr image of brain having the partial artifact. *ICSP2000*, 9 :1000–1009, 2000.
- [51] Andreas Stadlbauer, Ewald Moser, Stephan Gruber, Rolf Buslei, Christopher Nimsky, Rudolf Fahlbusch, and Oliver Ganslandt. Improved delineation of brain tumors : an automated method for segmentation based on pathologic changes of 1h-mrsi metabolites in gliomas. *NeuroImage*, 23(2) :454 – 461, 2004.
- [52] Tim McInerney and Demetri Terzopoulos. 8 - deformable models. In ISAAC N. BANKMAN, editor, *Handbook of Medical Imaging*, Biomedical Engineering, pages 127 – 145. Academic Press, San Diego, 2000.
- [53] Weibei Dou, Su Ruan, Yanping Chen, Daniel Bloyet, and Jean-Marc Constans. A framework of fuzzy information fusion for the segmentation of brain tumor tissues on {MR} images. *Image and Vision Computing*, 25(2) :164 – 171, 2007. Soft Computing in Image Analysis.
- [54] J. Rexilius, H. Hahn, J. Klein, M. Lentschig, and H. Peitgen. Multispectral brain tumor segmentation based on histogram model adaptation. *SPIE Conf Med ImageComp*, 1(2) :1–10, 2007.
- [55] E. Cates Joshua, Ross T. Whitaker, and Greg M. Jones. Case study : an evaluation of user-assisted hierarchical watershed segmentation. *Medical Image Analysis*, 9(6) :566 – 578, 2005. {ITK} Open science - combining open data and open source software : Medical image analysis with the Insight Toolkit.
- [56] Jun Kong, Jianzhong Wang, Yinghua Lu, Jingdan Zhang, Yongli Li, and Baoxue Zhang. A novel approach for segmentation of mri brain images. In *Electrotechnical Conference, 2006. MELECON 2006. IEEE Mediterranean*, pages 525–528, May 2006.

- [57] S. Supot, C. Thanapong, P. Chuchart, and S. Manas. Segmentation of magnetic resonance images using discrete curve evolution and fuzzy clustering. In *Integration Technology, 2007. ICIT '07. IEEE International Conference on*, pages 697–700, March 2007.
- [58] Thanh N. Tran, Ron Wehrens, and Lutgarde M.C. Buydens. Clustering multispectral images : a tutorial. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 77(1–2) :3 – 17, 2005. {FESTSCHRIFT} {HONOURING} {PROFESSOR} D.L. {MASSART} Massart S.I.
- [59] M. Khan Iftekharuddin, Zheng Jing, A. Islam Mohammad, and J. Ogg Robert. Fractal-based brain tumor detection in multimodal {MRI}. *Applied Mathematics and Computation*, 207(1) :23 – 41, 2009. Includes Special issue on Emergent Applications of Fractals and Wavelets in Biology and Biomedicine.
- [60] C. Vijayakumar, Gharpure Damayanti, R. Pant, and C.M. Sreedhar. Segmentation and grading of brain tumors on apparent diffusion coefficient images using self-organizing maps. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 31(7) :473 – 484, 2007.
- [61] Hassan Khotanlou, Olivier Colliot, Jamal Atif, and Isabelle Bloch. 3d brain tumor segmentation in mri using fuzzy classification, symmetry analysis and spatially constrained deformable models. *Fuzzy Sets and Systems*, 160(10) :1457 – 1473, 2009. Special Issue : Fuzzy Sets in Interdisciplinary Perception and Intelligence.
- [62] Y. Salman, A. Badawi, M. Assal, and S. Alian. New automatic technique for tracking brain tumor response. In *Int Conf Biol Med Phys*, page 1–4, 2005.
- [63] E. Dam, M. Loog, and M. Letteboer. Integrating automatic and interactive brain tumor segmentation. In *Pattern Recognition, 2004. ICPR 2004. Proceedings of the 17th International Conference on*, volume 3, pages 790–793 Vol.3, Aug 2004.
- [64] S.R. Kannan. A new segmentation system for brain {MR} images based on fuzzy techniques. *Applied Soft Computing*, 8(4) :1599 – 1606, 2008. Soft Computing for Dynamic Data Mining.
- [65] J. Zhang, K. Ma, M. Er, and V. Chong. Tumor segmentation from magnetic resonance imaging by learning via one-class support vector machine. In *Int Workshop Adv Image Technol*, page 207–211, 2004.
- [66] A.-S. Capelle, O. Colot, and C. Fernandez-Maloigne. Evidential segmentation scheme of multi-echo {MR} images for the detection of brain tumors using neighborhood information. *Information Fusion*, 5(3) :203 – 216, 2004.
- [67] S. Luo, R. Li, and S. Ourselin. A new deformable model using dynamic gradient vector flow and adaptive balloon forces. *APRS Workshop on Dig Image Comp*, pages 9–14, 2003.
- [68] Stanley Osher and James A Sethian. Fronts propagating with curvature-dependent speed : Algorithms based on hamilton-jacobi formulations. *Journal of Computational Physics*, 79(1) :12 – 49, 1988.
- [69] wolfgang Kuhnel. *Differential Geometry : Curves, Surfaces, Manifolds*. American Mathematical Society, 2nd ed edition, 2006.
- [70] J. A. Sethian. Fast marching methods. *SIAM Review*, 41 :199–235, 1998.

- [71] L. Cohen. Minimal paths and fast marching methods for image analysis. In Nikos Paragios, Yunmei Chen, and Olivier Faugeras, editors, *Handbook of Mathematical Models in Computer Vision*, pages 97–111. Springer US, 2006.
- [72] M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Aissaoui, and B. Elhadadi. Analyse des images cérébrales par les variétés riemanniennes. In *première édition des Journées doctorale*, pages xx–xx, April 2014.
- [73] M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Aissaoui, and B. Elhadadi. Automatic detection and segmentation of tumors using riemannian geometry descriptors. In *3ème édition du Symposium Internationale de traitement automatique de la Langue et Culture Amazigh –SITACAM’13- and CIJCI’1*, pages xx–xx, May 2013.
- [74] M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Aissaoui, and B. Elhadadi. Automatic brain tumor detection and segmentation for mri using covariance and geodesic distance. In *Multimedia Computing and Systems (ICMCS), 2014 International Conference on*, pages 490–494, April 2014.
- [75] M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Aissaoui, and B. Elhadadi. Automatic brain tumor extraction from magnetic resonance images. In *First International Conference on Business Intelligence (CBI’14)*, pages xx–xx, April 2014.
- [76] L. Preziosi. *Cancer Modeling and Simulation*. CRC Mathematical Biology and Medicine Series, Chapman and Hal, 2003.
- [77] Parisa Mosayebi, Dana Cobzas, Albert Murtha, and Martin Jagersand. Tumor invasion margin on the riemannian space of brain fibers. *Medical Image Analysis*, 16(2) :361 – 373, 2012.
- [78] K. Somasundaram and T. Kalaiselvi. Fully automatic brain extraction algorithm for axial t2-weighted magnetic resonance images. *Computers in Biology and medicine*, 40 :811–822, 2010.
- [79] A. Le Troter, G. Auzias, and O. Coulon. Automatic sulcal line extraction on cortical surfaces using geodesic path density maps. *NeuroImage*, 61 :941–949, 2012.
- [80] R.B. DUBEY, M. Hammandlu, S.K Gupta, and S.K. Gupta. Semi-automatic segmentation of rmi brain tumor. *ICGST-GVIP Journal*, 9, 2009.
- [81] Jingxin Nie, Zhong Xue, Tianming Liu, Geoffrey S. Young, Kian Setayesh, Lei Guo, and Stephen T.C. Wong. Automated brain tumor segmentation using spatial accuracy-weighted hidden markov random field. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 33(6) :431 – 441, 2009.
- [82] R. B. Dubey, M. Hanmandlu, Sr. Member, and Shantaram Vasikarla. Evaluation of three methods for mri brain tumor segmentation. In *Eighth International Conference on Information Technology : New Generations.*, 2011.
- [83] Sudipta Roy, Atanu Saha, and Samir K. Bandyopadhyay. Brain tumor segmentation and quantification from mri of brain. *Journal of Global Research in Computer Science*, 2(4) :155–160, 2011.
- [84] Zafer Iscan, Zümray Dokur, and Tamer Ölmez. Tumor detection by using zernike moments on segmented magnetic resonance brain images. *Expert Systems with Applications*, 37(3) :2540 – 2549, 2010.

- [85] Zümray Dokur and Tamer Ölmez. Classification of magnetic resonance images using a novel neural network. In *IEEE-EMBS Asia Pacific conference on biomedical engineering*, 2000.
- [86] RACHANA PATEL, REEVA SONI, and DULARI BHATT. Tumor detection using normalized cross correlation. *IJRMEET*, 12(3), 2013.
- [87] Chunghoon Kim and Chong-Ho Choi. Image covariance-based subspace method for face recognition. *Pattern Recognition*, 40(5) :1592 – 1604, 2007.
- [88] M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Aissaoui, and B. Elhadadi. Brain extraction from resonance magnetic images using riemannian tensor. In *First edition of International Conference on Business Intelligence (CBI'14)*, pages xx–xx, April 2014.
- [89] Mohamed Gouskir, Belaid Bouikhalene, Hicham Aissaoui, and Benachir Elhadadi. Riemannian manifolds for brain extraction on multi-modal resonance magnetic images. *International Journal of Medical, Health, Biomedical, Bioengineering and Pharmaceutical Engineering*, 9(6) :513 – 521, 2015.
- [90] M. Gouskir, B. Bouikhalene, H. Aissaoui, and B. Elhadadi. Automatic diagnosis of brain magnetic resonance images based on riemannian geometry. *Journal of Electronic Commerce in Organizations*, 13 :30–40, 2015.
- [91] P. Thomas Fletcher and Sarang Joshi. Riemannian geometry for the statistical analysis of diffusion tensor data. *Signal Processing*, 87 :250–262, 2007.
- [92] Xiang Hao, Kristen Zygmunt, Ross T. Whitaker, and P. Thomas Fletcher. Improved segmentation of white matter tracts with adaptive riemannian metrics. *Medical Image Analysis*, 18 :161–175, 2014.
- [93] Slawomir Bak, Etienne Corvée, Francois Brémond, and Monique Thonnat. Boosted human re-identification using riemannian manifolds. *Image and Vision Computing*, 30 :443–452, 2012.
- [94] Juan I. Pastore, Emilce G. Moler, and Virginia L. Ballarin. Segmentation of brain magnetic resonance images through morphological operators and geodesic distance. *Digital Signal Processing*, 15(2) :153 – 160, 2005.
- [95] Hai Li, Zhong Xue, Kemi Cui, and Stephen T.C. Wong. Diffusion tensor-based fast marching for modeling human brain connectivity network. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 35(3) :167–178, 2011.
- [96] Quratul Ain, M. Arfan Jaffar, and Tae-Sun Choi. Fuzzy anisotropic diffusion based segmentation and texture based ensemble classification of brain tumor. *Applied Soft Computing*, 21(0) :330 – 340, 2014.
- [97] Laura Astola, Andrea Fuster, and Luc Florack. A riemannian scalar measure for diffusion tensor images. *Pattern Recognition*, 44 :1885–1891, 2011.
- [98] P. Thomas Fletcher, Suresh Venkatasubramanian, and Sarang Joshi. The geometric median on riemannian manifolds with application to robust atlas estimation. *NeuroImage*, 45 :S143–S152, 2009.
- [99] C. Lopez-Molina, M. Galar, H. Bustince, and B. De Baets. On the impact of anisotropic diffusion on the edge detection. *Pattern Recognition*, 47 :270–281, 2014.

- [100] Ghulam Gilanie, Muhammad Attique, Hafeez-Ullah, Shahid Naweed, Ejaz Ahmed, and Masroor Ikram. Object extraction from t2 weighted brain mr image using histogram based gradient calculation. *Pattern Recognition Letters*, 34 :1356–1363, 2013.
- [101] Amir H. Foruzan, Iman kalantari Khandani, and Shahriar Baradaran Shokouhi. Segmentation of brain tissues using a 3-d multi-layer hidden markov model. *Computers in Biology and Medicine*, 43 :121–130, 2013.
- [102] Cherry Ballagan, Xiuying Wang, Michael Fulham, Stefan Eberl, and David dagan Feng. Lung tumor segmentation in pet images using graph cuts. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 43 :121–130, 2013.
- [103] David W. Shattuck, Stephanie R. Sandor-Leahy, Kirt A. Schaper, David A. Rottenberg, and Richard M. Leahy. Magnetic resonance image tissue classification using a partial volume model. *NeuroImage*, 13(5) :856 – 876, 2001.
- [104] V. Popescu, M. Battaglini, W.S. Hoogstrate, S.C.J. Verfaillie, I.C. Sluimer, R.A. van Schijndel, B.W. van Dijk, K.S. Cover, D.L. Knol, M. Jenkinson, F. Barkhof, N. de Stefano, and H. Vrenken. Optimizing parameter choice for fsl-brain extraction tool (bet) on 3d {T1} images in multiple sclerosis. *NeuroImage*, 61(4) :1484 – 1494, 2012.
- [105] S. DiZenzo. A note on the gradient of a multi-image. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 33 :116–125, 1986.
- [106] Allan G. Weber. The usc texture mosaic images. *Signal and Image Processing Institute*, 2004.
- [107] C.P. Loizou, V. Murray, M.S. Pattichis, I. Seimenis, M. Pantziaris, and C.S. Pattichis. Multi-scale amplitude modulation-frequency modulation (am-fm) texture analysis of multiple sclerosis in brain mri images. *IEEE Trans. Inform. Tech. Biomed.*, 15, no. 1 :119–129, 2011.
- [108] C.P. Loizou, E.C. Kyriacou, I. Seimenis, M. Pantziaris, S. Petroudi, M. Karaolis, and C.S. Pattichis. Brain white matter lesion classification in multiple sclerosis subjects for the prognosis of future disability,. *Intelligent Decision Technologies Journal (IDT)*, 7 :3–10, 2013.
- [109] Jean-Baptiste Fiot, Laurent D. Cohen, Parnesh Raniga, and Jürgen Fripp. Efficient brain lesion segmentation using multi-modality tissue-based feature selection and support vector machines. *International Journal for Numerical Methods in Biomedical Engineering*, 29(9) :905–915, 2013.
- [110] John Ashburner and Karl J. Friston. Unified segmentation. *NeuroImage*, 26(3) :839 – 851, 2005.