

RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
Université Amar Telidji - Laghouat



Faculté des sciences

THÈSE DE DOCTORAT EN SCIENCES

Spécialité : Informatique

Présentée et soutenue publiquement
le 09 mars 2017

Par
HAMEURLAINE Messaoud

THEME

**Classification collaborative multi-stratégies de données multi-sources :
Application à la segmentation sub-voxelique d'Images IRM**

JURY :

Mr YAGOUBI Mohamed Bachir , Président du jury, Professeur , Université Amar Telidji Laghouat
Mr MOUSSAOUI Abdelouahab , Rapporteur, Professeur , Université Ferhat Abbas Setif
Mme CHERROUN Hadda , Rapporteur, Professeur , Université Amar Telidji Laghouat
Mr BABAHENNI Mohamed chaouki, Examineur, Professeur, Université Mohamed Khider Biskra
Mr LAMICHE Chaabane, Examineur, Maitre de conférence "A" , Université de Msila
Mr TAHARI Abdelkrim, Examineur, Maitre de conférence "A, Université Amar Telidji Laghouat

العنوان: تصنيف تعاوني متعدد الاستراتيجيات لبيانات متعددة المصادر: تطبيق لتقسيم شبه فوكسلي لصور الرنين المغناطيسي

ملخص: نظرا لتعقيد تشريح الدماغ البشري، إن نوعية الدقة تلعب دورا حاسما في تصوير الدماغ بالرنين المغناطيسي (MRI)، ويعتبر تأثير الحجم الجزئي (PVE) العائق الرئيسي لتحليل مفصل للصورة. وعلى الرغم من دقة الصورة الجيدة المقدمة فإن المشاكل المتعلقة بتأثير الحجم الجزئي تفرض علينا بالحاح كلما صغرت المكونات ذات الاهتمام. للتغلب على هذه المشكلة، تتركز البحوث التي أجريت مؤخرا على دقة وضوح الصورة وتأثير الحجم الجزئي بصفة منفردة مع أنها ترتبط بشكل وثيق. من أجل استغلال القيمة التي يقدمها التعاون بين الاستراتيجيات المختلفة ومصادر المعلومات المختلفة، اقترحنا عملية شاملة لتقسيم شبه فوكسلي للصور بالرنين المغناطيسي. في هذه الأطروحة، أقترح طريقة جديدة حيث نقوم بإجراء التقدير الدقيق للحجم الجزئي لكل الأنسجة بعد التحسين في دقة وضوح الصورة باستخدام أطلس فائق الدقة. في الخطوة الأولى، في حالة عدم وجود صورة عالية الدقة حول نفس الحالة، أننا نقوم بإنشاء تكراريا صورة عالية الدقة من صورة منخفضة الدقة، وذلك باستخدام معلومات مسبقة إضافية من نموذج أطلس عالي الدقة. وخلافا لتقنيات الاستيفاء التقليدية ومن أجل استرداد التفاصيل الدقيقة في الصور الضعيفة الدقة، نستند في عملية إعادة التكوين على معلومات أولية للأطلس والتشابه الذاتي. أما في الخطوة الثانية، نقدر الحجم الجزئي باستخدام حقل ماركوف. وأظهرت فعالية نهجنا على صور المحاكاة والصور الحقيقية.

كلمات البحث : صور الرنين المغناطيسي، إعادة تكوين الصور، صور عالية الدقة، تجزئة نسيج المخ، تأثير الحجم الجزئي، أطلس.

Titre : Classification collaborative multi-stratégies de données multi-sources : Application à la segmentation sub-voxelique d'Images IRM

Résumé : En raison de la complexité de l'anatomie du cerveau humain, la qualité de la résolution joue un rôle essentiel dans l'imagerie cérébrale par résonance magnétique (IRM) pour lesquels l'effet de volume partiel (PVE) représente une contrainte majeure pour effectuer une analyse détaillée d'image. Malgré une meilleure résolution d'image fournie par des intensités de champ, les problèmes liés à l'effet de volume partiel insistent, comme les structures d'intérêt deviendront plus petites. Pour surmonter ce problème, des recherches récentes portent sur les problèmes de résolution de l'image et l'effet de volume partiel séparément alors qu'ils sont étroitement liés. Afin d'exploiter l'intérêt apportés par la collaboration entre différentes stratégies et divers sources d'informations, on a proposé un processus complet pour faire une segmentation sub-voxelique des images IRM. Dans cette thèse, un nouveau processus a été proposé, on effectue une estimation précise du volume partiel de chaque tissu après une amélioration dans la résolution d'image en utilisant une super-résolution à base d'Atlas. Dans la première étape, dans le cas de l'inexistence d'une image à haute résolution sur le même sujet, nous générons itérativement une image à haute résolution (HR) à partir d'une image basse résolution (LR), en utilisant des informations supplémentaires *a priori* du modèle d'Atlas haute résolution. Contrairement aux techniques d'interpolation, afin d'être en mesure de récupérer des détails fins dans les images d'entrée, le processus de reconstruction est basé sur des informations préalables d'Atlas et l'autosimilarité. Dans la deuxième étape, le volume partiel est évalué à l'aide d'un champ de Markov (MRF). L'efficacité de notre approche est démontrée sur les images simulées BrainWeb et des images cliniques de IBSR.

Mots-clés : Image de résonance magnétique, Super-reconstruction, Image haute résolution, segmentation des tissus cérébraux, Effet de volume partiel, Atlas.

Title: Multi-strategy multi-source collaborative data classification: Application to sub-voxel segmentation of MRI Images

Abstract: Due to the complexity of the anatomy of the human brain, the resolution quality plays a critical role in brain magnetic resonance imaging (MRI) for which the partial volume effect (PVE) is a major constraint to perform a detailed image analysis. Despite a better image resolution provided by field strengths, problems related to the partial volume effect insist, such as interest structures become smaller. To overcome this problem, recent research focuses on the image resolution of problems and partial volume effect separately as they are closely related. To exploit the value provided by the collaboration between different strategies and different sources of information, we proposed a full process to a sub-voxel segmentation of MRI images. In this thesis, a new process was proposed that performs an accurate estimate of partial volume of each tissue after an improvement in image resolution using an Atlas based super-resolution. In the first step, in the case of the inexistence of a high resolution image of the same subject, we generate iteratively a high-resolution (HR) image from a low resolution (LR) image, using additional prior information from high resolution template of Atlas. Contrary to interpolation techniques, in order to be able to recover fine details in input images, the reconstruction process is based on Atlas information prior and self similarity. In the second step, the partial volume is evaluated by using a Markov Random Field (MRF) based spatial prior. The effectiveness of our approach is demonstrated on both Brainweb Magnetic Resonance images and clinical images from IBSR, generating automatically high-quality brain images segmentation from low-resolution input.

Keywords: Magnetic Resonance Imaging, Super-Reconstruction, Image haute-Resolution, Brain Tissue Segmentation, Partial Volume Effect, Atlas.

Remerciements

Si on suppose que la thèse marque la fin des études, il serait affable d'être reconnaissant envers tous mes enseignants et témoigner de la gratitude à l'ensemble des personnes ayant participé à mon apprentissage depuis le premier instituteur qui m'a appris à lire ! Cependant et pour des raisons pratiques, je me limiterai à ne citer que les personnes qui ont contribué de façon directe au travail présenté dans ce manuscrit. Aussi bien au niveau scientifique qu'au niveau humain.

Tout d'abord, je tiens à rendre hommage à mon directeur de thèse Abdelouahab MOUSSAOUI et Mon co-encadreur le Professeur Hadda CHEROUN pour avoir dirigés mon doctorat et guidés mes recherches. Tout en me laissant une autonomie, nonobstant des critiques et des encouragements, cette collaboration fut un réel plaisir tant nos échanges furent riches et ouverts.

J'adresse mes sincères remerciements à Monsieur YAGOUBI Mohamed Bachir, qui m'a fait l'honneur de présider le jury de thèse. J'exprime ma profonde reconnaissance aux examinateurs pour l'intérêt qu'ils ont bien voulu porter ce travail en acceptant de l'examiner et d'en être rapporteurs.

Encore une mention spéciale pour l'assistance de Mr Mohammed YAGOUBI pour ses efforts et le suivi du parcours de l'école doctorale.

L'ensemble des travaux présentés dans cette thèse n'auraient pas vu le jour sans le soutien et la participation du de Mr Philippe TRUILLET et toute l'équipe du LABO IRIT de Toulouse.

Et pour finir un grand merci à mes enseignants de l'école doctorale et tous les enseignants et le personnel de l'université Amar Telidji de Laghouat.

TABLE DES MATIERES

LISTE DE FIGURES	8
LISTE DES TABLEAUX	10
LISTE DES ALGORITHMES	10
NOTATIONS.....	10
CHAPITRE I INTRODUCTION GENERALE	11
I.1 CONTEXTE	11
I.2 PROBLEMATIQUE ET MOTIVATIONS.....	12
I.3 OBJECTIFS	14
I.4 CONTRIBUTIONS.....	14
I.4.1 <i>Correction du volume Partiel dans la segmentation d'IRM cérébrale</i>	14
I.4.2 <i>Application de techniques de super-résolution aux Images IRM</i>	15
I.4.3 <i>Fusion des images médicales multimodales</i>	15
I.4.4 <i>Processus collaborative pour l'estimation du volume partiel dans l'IRM cérébrale</i>	15
I.5 STRUCTURATION DU DOCUMENT	15
CHAPITRE II SEGMENTATION DES IMAGES IRM CEREBRALES.....	17
II.1 INTRODUCTION	17
II.2 ELEMENTS D'ANATOMIE CEREBRALE	17
II.2.1 <i>L'encéphale :</i>	17
II.2.2 <i>Les principales substances présentes dans l'encéphale</i>	18
II.2.3 <i>Quelques structures cérébrales d'intérêt</i>	19
II.3 IMAGERIE PAR RESONANCE MAGNETIQUE CEREBRALE.....	19
II.3.1 <i>L'imagerie médicale</i>	19
II.3.2 <i>Imagerie par Résonance Magnétique</i>	21
II.3.3 <i>Principe physique de l'IRM</i>	21
II.3.4 <i>Formation des IRM</i>	22
II.3.5 <i>Contrastes en IRM</i>	22
II.3.6 <i>Coupes du cerveau</i>	23
II.3.7 <i>Défauts des images acquises par IRM</i>	24
II.3.8 <i>Interprétation automatique des IRM cérébrales</i>	25
II.3.9 <i>Applications de la segmentation des IRM cérébrales</i>	26
II.3.10 <i>Evaluation de la segmentation</i>	27
II.4 DIFFERENTES FAMILLES D'APPROCHES DE SEGMENTATION.....	28
II.4.1 <i>Approches contours</i>	28
II.4.2 <i>Approches régions</i>	30
II.4.3 <i>Approches hybrides</i>	32
II.5 LA SEGMENTATION BASEE SUR LES ATLAS.....	32
II.5.1 <i>Le processus de la segmentation basée Atlas</i>	32
II.5.2 <i>Types des Atlas cérébraux</i>	33
II.5.3 <i>Méthodes de segmentation basées sur les Atlas</i>	34
II.5.4 <i>Applications des Méthodes de segmentation basée Atlas</i>	35
II.6 LA SUPER-RESOLUTION DES IMAGES IRM	36
II.6.1 <i>Introduction</i>	36
II.6.2 <i>Processus de formation / dégradation de l'image</i>	36
II.6.3 <i>Les techniques de Super-résolution</i>	37
II.7 CONCLUSION	39
CHAPITRE III MODELESATION PAR LES CHAMPS DE MARKOV	40
III.1 INTRODUCTION.....	40
III.2 MODELISATION MARKOVIENNE DE LA SEGMENTATION.....	40
III.2.1 <i>Description de l'image</i>	40
III.2.2 <i>Notion de voisinage</i>	40
III.2.3 <i>Notion de clique</i>	41

III.2.4	<i>Champ de Markov</i>	42
III.2.5	<i>Théorème d’Hammersley-Clifford</i>	42
III.2.6	<i>Modèles de champs de Markov standards</i>	43
III.2.7	<i>Modélisation statistique de la segmentation d’image</i>	44
III.3	ESTIMATION DES PARAMETRES DU MODELE.....	46
III.3.1	<i>Algorithme ICM non supervisé</i>	46
III.3.2	<i>Algorithme EM</i>	48
III.4	MODELISATION DE L’EFFET DE VOLUME PARTIEL.....	49
III.4.1	<i>Prise en compte du volume partiel par ajout de classes</i>	49
III.4.2	<i>Prise en compte du volume partiel par estimation de proportions des tissus</i>	49
III.5	CONCLUSION.....	50
CHAPITRE IV CLASSIFICATION COLLABORATIVE DE DONNEES MULTI-SOURCES.....		51
IV.1	INTRODUCTION.....	51
IV.2	CLASSIFICATION COLLABORATIVE.....	51
IV.2.1	<i>Principe</i>	51
IV.2.2	<i>Conflits en classification collaborative</i>	52
IV.2.3	<i>Intégration de connaissances dans le processus de collaboration</i>	53
IV.3	FUSION DES IMAGES.....	53
IV.3.1	<i>Introduction</i>	53
IV.3.2	<i>Synthèse de définitions de la fusion d’information</i>	54
IV.3.3	<i>Le processus général de fusion d’information</i>	55
IV.3.4	<i>Niveaux de fusion</i>	56
IV.3.5	<i>Fusion des images médicales</i>	57
IV.3.6	<i>Techniques de fusion d’images médicales et applications</i>	59
IV.4	RECALAGE DES IMAGES.....	65
IV.4.1	<i>Principe de recalage</i>	65
IV.4.2	<i>Les étapes du processus de recalage</i>	66
IV.4.3	<i>Critères et classification des méthodes de recalage</i>	66
IV.4.4	<i>Applications de recalage</i>	68
IV.5	APPLICATIONS.....	69
IV.5.1	<i>Approche SAMARAH</i>	69
IV.5.2	<i>Fusion de Données et Imagerie 3D</i>	70
IV.6	CONCLUSION.....	72
CHAPITRE V CONTRIBUTIONS.....		73
V.1	INTRODUCTION.....	73
V.2	COMPARAISON ENTRE METHODES STATISTIQUES DE SEGMENTATION.....	74
V.2.1	<i>Introduction</i>	74
V.2.2	<i>Travaux en relation</i>	74
V.2.3	<i>Les méthodes utilisées dans la comparaison</i>	75
V.2.4	<i>Résultats expérimentaux</i>	80
V.2.5	<i>Conclusion</i>	87
V.3	PROCESSUS DE SEGMENTATION SUB-VOXELIQUE DES IRM.....	87
V.3.1	<i>Introduction</i>	87
V.3.2	<i>Travaux antérieurs</i>	88
V.3.3	<i>Processus général proposé (FAST_ASR)</i>	89
V.3.4	<i>Processus proposé de super-reconstruction (ASR)</i>	90
V.3.5	<i>Processus d’estimation du volume partiel</i>	92
V.3.6	<i>Tests et résultats</i>	93
V.3.7	<i>Conclusion</i>	100
CHAPITRE VI CONCLUSION GENERALE.....		102
BIBLIOGRAPHIE.....		104

LISTE DE FIGURES

Figure I-1 : Acquisitions IRM.....	12
Figure I-2 : La segmentation en tissus	12
Figure I-3 : La segmentation en structures.....	13
Figure I-4 : Effet de volume partiel.....	13
Figure II-1 : L'encéphale composé du cerveau, du cervelet et du tronc cérébral (Bricq, 2008).....	18
Figure II-2 : Une coupe d'un cerveau mettant en évidence les trois matières(Scherrer, 2008)	18
Figure II-3 : Les structures cérébrales(Scherrer, 2008)	19
Figure II-4 : Processus de formation des images IRM (Bricq, 2008).....	22
Figure II-5 : Les trois axes de coupe pour la visualisation du cerveau (Bricq, 2008)	23
Figure II-6 : l'effet de volume partiel en IRM	24
Figure II-7 Artefact de volume partiel dû à la discrétisation de l'espace (Scherrer, 2008)	24
Figure II-8 : Evolution du nombre de publications sur la segmentation d'images médicales depuis 2005 (analyse réalisée sur google Scholar)	26
Figure II-9 : Segmentation orientée contours et Segmentation orientée régions	28
Figure II-10 : Segmentation par contour actif (SNAKE)	28
Figure II-11 : Vue générale d'un processus de la segmentation basée Atlas	33
Figure II-12 : Illustration du model d'image appliqué en super-résolution.....	36
Figure II-13 : Super-résolution à partir d'une seule image.....	37
Figure II-14 : Super-résolution à partir de plusieurs images	37
Figure III-1 : Systèmes de voisinage dans les images à deux dimensions (Li, 2009).....	41
Figure III-2: Systèmes de voisinage dans les images à trois dimensions (Li, 2009).	41
Figure III-3 Les cliques associées aux systèmes de voisinage 2D (Li, 2009).....	42
Figure III-4 : Modélisation d'une image.....	44
Figure III-5 : Segmentation d'image modélisée comme problème à données incomplètes	45
Figure IV-1 : Classification collaborative multi-experts (Alpaydin, 1998).....	52
Figure IV-2 : Classification collaborative multi-étapes(Alpaydin, 1998).....	52
Figure IV-3 : Classification collaborative combinée(Alpaydin, 1998)	52
Figure IV-4 : Représentation de la fusion d'information.....	55
Figure IV-5 : Les différents schémas des niveaux de fusion (Dasarathy, 1997)	56
Figure IV-6 : Les différents schémas de fusion basés sur les relations entre les sources (Durrant-Whyte, 1988)	57
Figure IV-7 : Quelques exemples de fusion d'images médicales (James and Dasarathy, 2014)	58
Figure IV-8: Modalités, Algorithmes, et Organes dans la fusion d'image Médicale (El-Gamal et al., 2015)	59
Figure IV-9 : Evolution des méthodes de fusion des images (R.Pandit and J. Bhiwani, 2015).	59
Figure IV-10 : La fusion au niveau de voxel (Pohl and Van Genderen, 1998).....	60
Figure IV-11 : Classification des méthodes de fusion basé voxel (Zheng, 2011).	61
Figure IV-12 : La fusion au niveau objet	61
Figure IV-13 : Classification des méthodes de fusion des images	62
Figure IV-14 : La fusion au niveau décision	63
Figure IV-15 : Classification des méthodes de fusion (Bedi and Khandelwal, 2013).....	64
Figure IV-16 : Types de transformation utilisés en recalage	65
Figure IV-17 : Processus général de recalage (Barillot, 1999)	66
Figure IV-18 : Classification des méthodes de recalage(Mani and rivazhagan, 2013)	67
Figure IV-19 : Schéma d'une approche collaborative pour l'analyse d'images multi-sources (Forestier, 2010)	69
Figure IV-20 : Schéma des différentes étapes de clustering collaboratif (Forestier, 2010)	70
Figure IV-21: Processus collaboratif pour l'analyse d'images multi-résolutions(Kurtz, 2012).....	71
Figure IV-22 : Approche collaborative pour l'interprétation de l'image (Barillot, 1999)	71
Figure IV-23 : Approche collaborative pour la constitution d'une base de données patient(Barillot, 1999)	72
Figure V-1 : Fonction de densité de probabilité d'un tissu de mélange	77
Figure V-2 : Exemples d'images de test.....	81

Figure V-3 : Segmentation d'image IRM simulée avec RF=7% et N=20%: a-vérité terrain, b, c, d-méthodes utilisant l'information d'intensité seulement e-FAST-PVE, f-GHMRF, g- GPV-HMRF, h-NP-HMRF	81
Figure V-4 : Le pourcentage de voxels correctement classés pour RF = 0%	82
Figure V-5 : Le pourcentage de voxels correctement classés pour RF = 20%	82
Figure V-6 : Le pourcentage de voxels correctement classés pour RF = 40%	83
Figure V-7 : Le pourcentage de voxels correctement classés pour N = 7%.....	83
Figure V-8 : Le pourcentage de voxels correctement classés pour N = 1%.....	83
Figure V-9 : Comparaison des valeurs DSM pour CSF (N=7%)	84
Figure V-10 : Comparaison des valeurs DSM pour GM+CSF (N=7%)	85
Figure V-11 : Comparaison des valeurs DSM pour GM (N=7%)	85
Figure V-12 : Comparaison des valeurs DSM pour GM+WM (N=7%)	85
Figure V-13 : Comparaison des valeurs DSM pour WM (N=7%).....	86
Figure V-14 : Comparaison des valeurs de RMSE.....	87
Figure V-15 : Vue globale du processus de segmentation	89
Figure V-16 : Résultats de super-reconstruction pour une image LR de résolution 2 mm	95
Figure V-17 : Résultats de super-reconstruction pour une image LR de résolution 9 mm	95
Figure V-18 : PSNR pour différents épaisseurs de coupe	96
Figure V-19 : PSNR obtenus avec différents niveaux de bruit.....	97
Figure V-20 : PSNR obtenus avec différent niveaux d'inhomogénéité/bruit	97
Figure V-21 : PSNR obtenus pour des images pathologiques	98
Figure V-22 : Coupe sagittale de l'image HR obtenue.....	99
Figure V-23 : RMSE de tissu WM pour différents niveaux de bruit et d'inhomogénéité.	100
Figure V-24 : RMSE de tissu GM pour différents niveaux de bruit et d'inhomogénéité	100
Figure V-25 : RMSE de tissu CSF pour différents niveaux de bruit et d'inhomogénéité.	100

LISTE DES TABLEAUX

Tableau II-1 : Une étude comparative entre modalités de l'imagerie médicale (El-Gamal et al., 2015).	20
Tableau II-2 : temps de relaxation à 1.5T pour différents tissus(Warnking et al., 2002).	23
Tableau IV-1 : Cas d'application nécessitant un recalage (Modalité/sujet)	68
Tableau V-1 : Les méthodes utilisées dans la comparaison	75
Tableau V-2 : PSNR obtenus avec différent types d'Atlas	96

LISTE DES ALGORITHMES

Algorithme III-1 : Algorithme ICM	47
Algorithme III-2 : Algorithme EM	48
Algorithme V-1 : Algorithme HMRF-E.M	79

NOTATIONS

Notation	Désignation
N	Nombre de sites (voxels)
I, j	Indices de voxel
S	Ensemble fini de sites s_i
s_i	Sites de l'image
E	Ensemble de descripteur du site
V	Système de voisinage
$N(i)$	Ensemble des voisins de i
R	Ordre de voisinage
c	Clique
C	Ensemble de cliques
C_R	Clique d'ordre R
$V/\{i\}$	Ensemble des sites de V privé du site i
W	Paramètre de normalisation
x_i	Données super-reconstruites (intensités d'image HR)
y_i	Données observées (intensités d'image)
z_i	Données manquantes ou cachées (étiquettes)
β	Paramètre ajustant l'influence de la corrélation spatiale dans le modèle
g	Distribution gaussienne
μ	Moyenne
σ	Ecart type
r	Numéro d'itération
K	Nombre de classes
l, l_1, l_2	Indices des classes de tissus
α	Proportion de tissu

CHAPITRE I INTRODUCTION GENERALE

I.1 Contexte

Dans le domaine médical, les praticiens font face à des données de plus en plus volumineuses, complexes et hétérogènes : les examens se sont diversifiés, la résolution spatiale et temporelle des données augmente, leur complexité s'accroît. L'exploitation des données sans assistance d'un système de traitement s'avère de plus en plus délicate, voire impossible. L'objectif du traitement d'images médicales est de développer des modèles et des algorithmes pour extraire l'information, pour contribuer à l'analyser, à l'interpréter et/ou à la situer par rapport à des informations contenues dans des bases de données représentatives de populations, saines ou non. Les activités de recherche du traitement d'images médicales s'organisent autour du développement de modèles et d'algorithmes, de segmentation, de détection de changements et du suivi temporel, de construction et d'utilisation d'Atlas, l'interprétation d'informations anatomiques et fonctionnelles, normales ou pathologiques. Les images considérées sont typiquement multi-sources / multimodales / multispectrales et peuvent faire partie de séquences 2D+t / 3D+t ou de bases de données. Plusieurs types d'images sont en jeu, en particulier ceux liés au cerveau, aux organes digestifs, à des réseaux vasculaires (réseaux coronarien, hépatique et cérébral), aux structures maxillo-faciales et aux poumons.

Les méthodes d'imagerie cérébrale permettent d'observer des aspects complémentaires de l'anatomie ou de l'activité cérébrale. Accompagnées par l'évolution de l'informatique, elles ont entraîné une véritable révolution dans la connaissance du fonctionnement du cerveau, d'une part à des fins de diagnostics et de traitements médicaux, d'autre part en bouleversant le rapport entre psychologie et neurosciences, entraînant l'émergence d'une nouvelle discipline : les neurosciences cognitives. Les nombreux développements en physique et en informatique ont permis l'observation de plus en plus fine de différents aspects du cerveau. La puissance de calcul aujourd'hui disponible doit maintenant en aider l'interprétation. Parmi les outils d'interprétation, on cite la segmentation des IRM cérébrales anatomiques qui vise à localiser les différents tissus et structures anatomiques composant l'encéphale. Elle est au cœur de nombreuses applications, tant dans le domaine clinique (planification d'opérations neurochirurgicales, suivi de l'évolution du volume des structures, etc.) que des neurosciences (quantification de la variabilité interindividuelle, support pour la projection des données IRMf, etc.). La segmentation met en jeu diverses étapes de traitements généralement considérés de manière globale et séquentielle : correction des artefacts de l'image, recalage d'un Atlas connu *a priori*, etc.

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) a connu un véritable essor ces dernières années. Les champs d'exploration offerts sont larges : l'IRM anatomique est aujourd'hui la méthode non invasive la plus adaptée pour observer avec une résolution fine les tissus biologiques, et donc en particulier les tissus cérébraux (Figure I-1). Les développements récents permettent aujourd'hui avec le même imageur d'explorer différents aspects du cerveau : l'activité cérébrale avec l'IRM fonctionnelle, ou la connectivité des aires cérébrales avec l'IRM de diffusion. Cette modalité d'imagerie est ainsi devenue un outil de plus en plus central dans la neurologie ou dans la recherche en neurosciences cognitives.

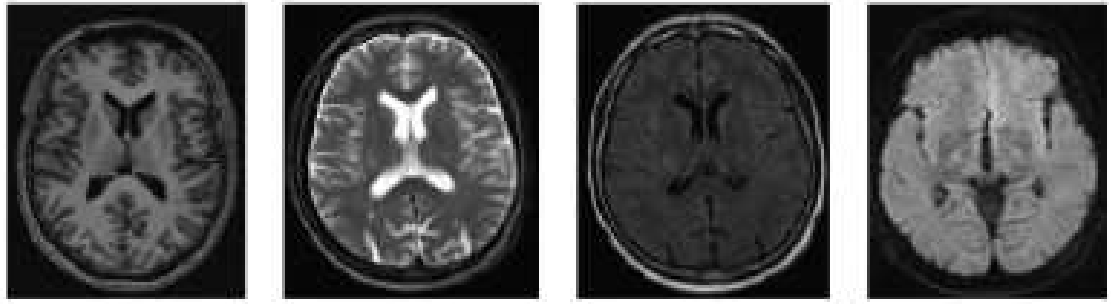


Figure I-1 : Acquisitions IRM

Aujourd'hui, la masse d'information produite par l'imagerie médicale a considérablement augmentée. Si les acquisitions médicales ont d'abord été en 2D, elles sont aujourd'hui majoritairement en 3D. Ainsi, l'ensemble des examens IRM réalisés pour la préparation d'opérations neurochirurgicales ou pour l'étude de pathologies cérébrales (accident vasculaire cérébral, tumeur, sclérose en plaque, etc.) peut représenter plusieurs centaines de méga-octets. L'interprétation automatique des IRM cérébrales est donc devenue un enjeu majeur. Les médecins et les chercheurs en sciences cognitives ont besoin d'outils fiables pour les assister dans leur prise de décision et dans l'interprétation de la masse d'information créée.

I.2 Problématique et motivations

Une acquisition IRM produit un volume 3D de données dont chaque élément est appelé voxel. Interpréter l'image consiste à en produire une description symbolique, c'est-à-dire à reconnaître et à décrire les différentes entités qui la composent. Parmi les outils d'interprétation, la segmentation (ou étiquetage) se présente comme le maillon crucial dans de nombreuses applications et analyses quantitatives. Le but est, à partir d'une ou plusieurs images, d'attribuer à chaque voxel une étiquette pour en donner une description. Dans le cadre de la segmentation d'IRM cérébrales, on considère généralement différents niveaux de description :

- **La segmentation en tissus** (Figure I-2), qui vise à décrire la composition de chaque voxel parmi les trois matières principales du cerveau : **la matière blanche (MB)**, **la matière grise (MG)** et **le liquide céphalo-rachidien (LCR)**. Elle est notamment mise en œuvre pour la reconstruction 3D du cortex (études en neurosciences cognitives), pour des études sur la variation de volume de matière grise, ou en planning d'opérations de chirurgie cérébrale.

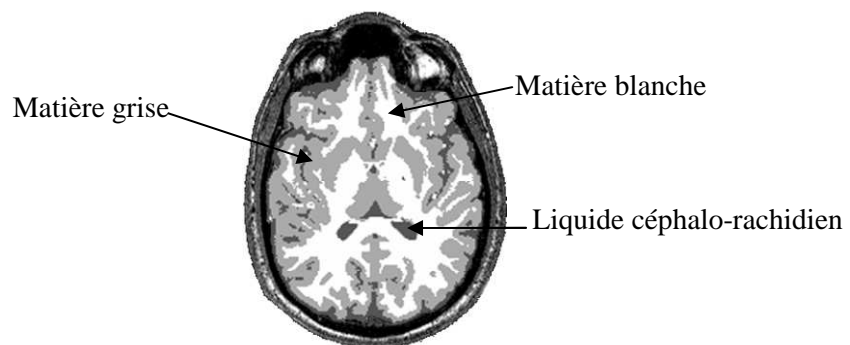


Figure I-2 : La segmentation en tissus

- **La segmentation en structures** (Figure I-3), qui décrit l'appartenance de chaque voxel à une structure cérébrale connue : **thalamus**, **putamen**, **système ventriculaire**, etc. Elle permet d'en étudier le volume lors de pathologies dégénératives (maladies de Huntington, de Parkinson, de Alzheimer), de dissocier matière grise du cortex et matière grise des structures sous corticales, etc.

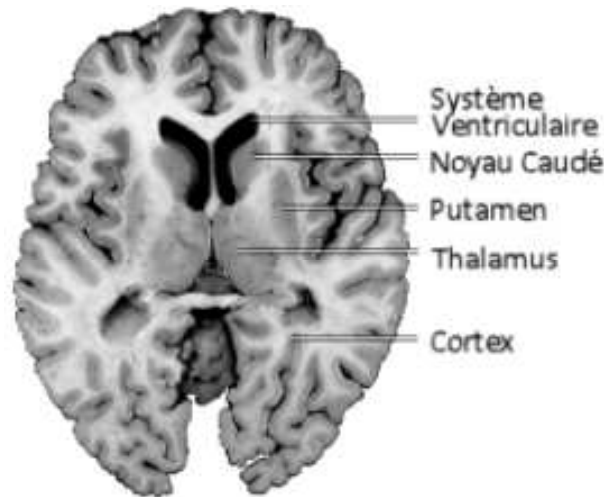


Figure I-3 : La segmentation en structures

Un problème principal de la segmentation d'images IRM est l'effet de volume partiel qui apparaît lorsque plusieurs types de tissus contribuent au même voxel. En raison d'une résolution du système d'acquisition limitée, les voxels situés à la frontière entre plusieurs tissus sont composés de deux ou plusieurs tissus (Figure I-4). Il est donc nécessaire de prendre en compte ces effets de volume partiel pour obtenir une segmentation fiable des tissus cérébraux.

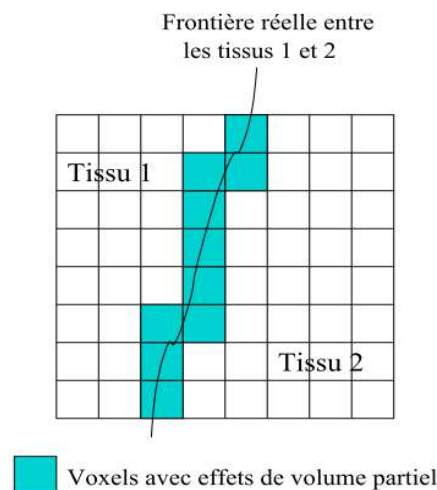


Figure I-4 : Effet de volume partiel

L'obtention d'image de haute résolution est essentielle pour de nombreuses applications d'imagerie (Bai et al., 2004). Le fait d'obtenir le plus de détails possibles de l'objet observé permet une meilleure vision de la réalité. De nombreux systèmes d'imagerie ont été développés avec différentes configurations, mais ils ont rapidement atteint leurs limites de résolution spatiale. La première manière instrumentale d'augmenter la résolution spatiale a été de diminuer le volume du voxel. Néanmoins la diminution excessive de la taille du voxel a vite montré la réduction du rapport signal sur bruit. La seconde alternative instrumentale pour l'augmentation de la résolution spatiale était d'augmenter le nombre de voxel par image. Cette solution restait néanmoins très coûteuse.

Pour résoudre ce problème (l'effet de volume partiel), deux axes sont possibles, le premier est la super-résolution. Cette technique du traitement du signal devient une alternative algorithmique pour l'amélioration de la résolution spatiale des systèmes imageurs (Ayubi et al., 2015; Isaac and Kulkarni, 2015; Moustafa et al., 2016; Van Reeth et al., 2012). Malgré les avancées réalisés, les méthodes de super-résolution en IRM ne peuvent pas améliorer suffisamment le compromis entre la résolution, le rapport

signal-bruit, et le temps d'acquisition (Plenge et al., 2012). Le deuxième axe est la prise en charge de l'effet de volume partiel pendant le processus de segmentation. Ce problème est de plus en plus pris en compte dans les algorithmes de segmentation. Les méthodes de classification en 3 classes "dures" (matière blanche, matière grise et liquide céphalo-rachidien) ignorent ce problème et perdent ainsi de l'information sur la structure des tissus (Funck et al., 2014; Khademi et al., 2014; Tohka, 2014).

Bien que une meilleure résolution d'image fournie ou super-construite et malgré la prise en charge de l'effet de volume partiel par les algorithmes de segmentation, les problèmes liés à l'effet de volume partiel resteront comme les structures d'intérêt deviendra plus petite en même temps. Par exemple, il sera également possible de permettre des études concernant les couches corticales individuelles nécessitant une résolution d'image supérieure, où l'effet de volume partiel reste encore une considération importante (Tohka, 2014).

I.3 Objectifs

Pour parvenir à une segmentation automatique précise et robuste et qui résout le problème de l'effet de volume partiel, il nous incombe de :

- Collaborer entre stratégies et sources d'information.
- Proposer un processus collaboratif de segmentation en plusieurs étapes.
- Intégrer des connaissances a priori dans le processus.
- Proposer des techniques de clustering qui peuvent apporter du nouveau pour la segmentation des images en particulier la prise en charge du volume partiel.
- Utiliser l'information locale pour la segmentation.
- Appliquer à la segmentation sub-voxelique de l'IRM.

Afin d'atteindre nos objectifs, nous avons suivi la démarche suivante :

- Faire une étude sur la classification collaborative multi stratégique afin de proposer un processus convenable à la segmentation collaborative.
- Faire une synthèse sur les techniques de traitement des IRM et proposer les techniques convenables à notre processus qui permettent la collaboration, l'intégration des connaissances a priori, l'exploitation de l'information locale et surtout la prise en charge du volume partiel.
- Appliquer à la segmentation sub-voxelique des IRM

I.4 Contributions

Afin de réaliser nos objectifs, nous pouvons résumer nos contributions par les points suivants:

I.4.1 Correction du volume Partiel dans la segmentation d'IRM cérébrale

Un seul voxel dans une image médicale peut être composé d'un mélange de différents types de tissus, c'est l'effet de volume partiel (PVE). De nombreuses techniques de correction du PVE sont utilisées dans la littérature, mais quelle approche est la meilleure. Cette contribution (acte de conférence intitulé «Partial Volume Correction in Brain MRI Segmentation » (Hameurlaine et al., 2015a)) présente une étude de validation des algorithmes statistiques de segmentation d'image de résonance magnétique cérébrale avec correction de volume partiel. Les méthodes sont testées sur des données simulées pour lesquelles la vérité terrain de classification est connue. Validité des différentes méthodes de classification, ainsi que le volume des tissus sont estimés avec différentes mesures et critères de validation. Les résultats démontrent que le volume partiel est parfaitement modélisé par des procédés qui tiennent compte des classes de mélange et de l'information spatiale. Dans l'ensemble, nous ne pouvons pas dire que cette méthode est plus efficace à l'autre par une manière globale, mais selon les cas et les exigences nous distinguons la plus intéressante.

I.4.2 Application de techniques de super-résolution aux Images IRM

Les images de résonance magnétique ont une résolution faible par rapport aux défis et besoins en traitement et analyse de ces images. La résolution est par exemple un point clé dans la segmentation des IRM cérébrales. Il apparaît clairement que l'amélioration de la résolution d'image est encore l'un des principaux défis dans le traitement d'images médicales. Dans cette contribution (acte de conférence intitulé « *Super-Resolution Techniques Applied to Magnetic Resonance Images* ») (Hameurlaine et al., 2015b), nous avons résumé la théorie de base du processus de reconstruction d'image, puis nous avons discuté l'idée de super-résolution comme un problème inverse. En outre, cet article présente les différentes contributions de diverses techniques pour améliorer la résolution spatiale des images de résonance magnétique en utilisant des méthodes de super-résolution. Par la suite, il aborde les principales conclusions relatives à l'étude. De plus, nous donnons un aperçu des nombreux facteurs qui influent sur la performance de super résolution.

I.4.3 Fusion des images médicales multimodales

La fusion d'image médicale est définie comme le processus de combiner plusieurs images de modalités d'imagerie simples ou multiples pour améliorer la qualité d'image afin d'augmenter l'applicabilité clinique des images médicales pour le diagnostic et l'évaluation des problèmes médicaux. Cette contribution (acte de conférence intitulé « *Multimodal Fusion of Medical Image: Challenges, Methods, and Applications* ») (Hameurlaine et al., 2015c)) traite les méthodes de fusion de l'image, les modalités d'imagerie, et leurs applications dans l'imagerie cérébrale. Cette étude conclut que bien qu'il existe plusieurs défis technologiques et scientifiques ouvertes, la fusion d'images médicales a été utile dans la promotion de la fiabilité clinique de l'utilisation de l'imagerie médicale pour le diagnostic et l'analyse médicale, et que la fusion est une discipline scientifique qui a le potentiel de se développer de manière significative dans les prochaines années.

I.4.4 Processus collaborative pour l'estimation du volume partiel dans l'IRM cérébrale.

La qualité de la résolution joue un rôle essentiel dans l'imagerie par résonance magnétique (IRM) cérébrale pour lesquels l'effet de volume partiel (PVE) représente une contrainte majeure pour effectuer une robuste analyse d'image. Des recherches récentes portent sur les problèmes de résolution de l'image et l'effet de volume partiel séparément alors qu'ils sont étroitement liés. Dans cette contribution (article de journal intitulé « *Atlas-based Super-resolution for Partial Volume Estimation in Brain MRI* ») (Hameurlaine et al., 2016)), une nouvelle technique a été proposée qui effectue une estimation précise du volume partiel de chaque tissu après une amélioration dans la résolution d'image en utilisant une super-résolution basée sur un Atlas. Dans la première étape, dans le cas de l'inexistence d'une image à haute résolution sur le même sujet, nous générons itérativement une image à haute résolution (HR) à partir d'une image basse résolution (LR), en utilisant des informations préalables supplémentaires à partir de modèle d'Atlas de haute résolution. Contrairement aux techniques d'interpolation, afin d'être en mesure de récupérer des détails fins dans les images d'entrée, le processus de reconstruction est basé sur des informations préalables d'Atlas et sur l'autosimilarité. Dans la deuxième étape, le volume partiel est évalué à l'aide d'un champ de Markov (MRF). L'efficacité de notre approche est démontrée sur les images simulées de BrainWeb et des images cliniques d'IBSR pour la génération automatique d'une segmentation de haute qualité des images cérébrales de basse résolution.

I.5 Structuration du document

Le manuscrit est partitionné en deux parties. La première partie introduit les termes et concepts essentiels pour appréhender l'analyse des images IRM cérébrales, les principales familles d'approches pour la segmentation, la classification collaborative, ainsi que la fusion, le recalage et la super-résolution des images médicales, et en fin l'utilisation des Atlas dans le processus de segmentation. La deuxième partie

visé à décrire mes principales contributions. Le manuscrit est composé, hormis la précédente introduction, de quatre chapitres dont les lignes directrices sont esquissées ci-après.

Le chapitre II présente la segmentation des images IRM cérébrales. On introduit les différents éléments d'anatomie cérébrale, l'imagerie par résonance magnétique cérébrale, et les principaux défauts de ces images qui influent sur son interprétation automatique. Les principaux algorithmes de segmentation sont aussi abordés, en particulier la segmentation basée Atlas et la super-résolution.

Le chapitre III décrit la modélisation de la segmentation par les champs de Markov. On introduit les notions de la modélisation markovienne de la segmentation, de la description de l'image à l'estimation des paramètres du modèle. En fin, la modélisation de l'effet de volume partiel est discutée.

Le chapitre IV aborde le processus de classification collaborative de données multi-sources. On commence par présenter le principe, les schémas de collaboration, les conflits en classification collaborative, l'intégration de connaissances dans le processus de collaboration et quelques exemples de la littérature. On continue par l'introduction des notions principales de la fusion d'information, le processus de fusion, les techniques de fusion d'image médicale et leurs applications. En fin, on termine par le problème de recalage des images.

Le chapitre V montre nos contributions, la première contribution consiste à une étude comparative des différentes méthodes statistiques d'estimation des volumes partiels et la seconde présente un processus de super-reconstruction d'image IRM de haute résolution et l'estimation du volume partiel au sein des sous voxels de l'image IRM.

Pour finir, une conclusion clôture la thèse par une synthèse de l'ensemble des travaux théoriques et pratiques réalisés, les résultats obtenus et les critiques positifs ou négatifs. Elle permettra aussi de dresser les perspectives de recherches dans le domaine.

CHAPITRE II SEGMENTATION DES IMAGES IRM CEREBRALES

II.1 Introduction

Malgré les avancées technologiques dans le domaine médical et en particulier en imagerie médicale, l'étude du cerveau humain reste un problème ardu et un sujet de recherche de forte actualité. Une des modalités d'imagerie les plus couramment utilisées, à laquelle nous nous sommes intéressés dans le cadre de ce travail, est l'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM), qui est devenue un outil indispensable pour tout examen clinique. Elle a l'avantage d'être non invasive et permet l'acquisition d'images bi ou tridimensionnelles sur lesquelles différents contrastes sont possibles. Cette modalité permet en outre la réalisation d'études du cerveau aussi bien anatomiques que fonctionnelles.

L'ensemble des acquisitions peut représenter plusieurs centaines de méga-octets. Pour faire face à cette masse d'information créée, l'interprétation automatique des IRM cérébrales est devenue un enjeu majeur. Différents traitements sont nécessaires selon les applications. On peut citer par exemple : le recalage, la fusion de données, la segmentation, etc. La segmentation des IRM anatomiques est un outil d'interprétation crucial au centre des études quantitatives. L'intérêt croissant porté sur cette discipline depuis les années 1980 illustre bien les difficultés et les enjeux d'obtenir une segmentation robuste et fiable.

A travers ce chapitre, nous présentons quelques notions d'anatomie cérébrale, l'imagerie par résonance magnétique, ses caractéristiques ainsi que ses défauts. Nous abordons aussi la notion de segmentation des images IRM et les différentes méthodes utilisées dans le domaine. Nous présentons également des points qui nous intéressent telles que la segmentation basée Atlas et la super-résolution.

II.2 Eléments d'anatomie cérébrale

II.2.1 L'encéphale :

L'encéphale est constitué du *cerveau*, du *cervelet* et du *tronc cérébral*. Le cerveau est composé de trois matières principales : la matière blanche (MB), la matière grise (MG) et le liquide céphalorachidien (LCR). La matière blanche est constituée des fibres des cellules nerveuses appelées *axones* qui permettent la transmission de l'information traitée au niveau de la matière grise. La matière grise contient le corps des cellules nerveuses et est répartie en deux types de structures : le cortex et les noyaux.

L'encéphale est la partie du système nerveux contenue dans la boîte crânienne. Le poids moyen de l'encéphale est de 1400 à 1800 grammes. Il est enveloppé et protégé par des membranes appelées méninges: la dure-mère (la plus externe), l'arachnoïde, et la pie-mère (la plus interne). Il comprend le cerveau, le cervelet et le tronc cérébral (Figure II-1).

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

- Le cervelet est situé en parallèle sur deux grandes voies nerveuses : celles qui amènent les messages sensoriels vers les zones du cortex qui en font l'analyse, et celles qui partent du cortex et descendent vers les muscles pour les faire se contracter. Le cervelet est en partie impliqué dans la coordination des mouvements du corps.
- Le tronc cérébral représente un carrefour majeur du système nerveux central entre le cerveau et le cervelet. Il est responsable en particulier de la régulation de la respiration et du rythme cardiaque. C'est également un centre de passage des voies motrices et sensitives, ainsi qu'un centre de contrôle de la douleur.

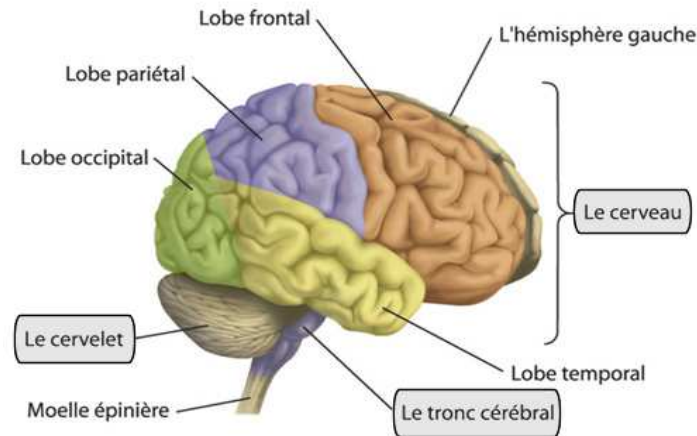


Figure II-1 : L'encéphale composé du cerveau, du cervelet et du tronc cérébral (Bricq, 2008).

II.2.2 Les principales substances présentes dans l'encéphale

Outre la présence d'artères et de veines cérébrales, de tissus servant de parois, ou de nombreuses petites structures telles des glandes, l'encéphale contient principalement trois substances (Figure II-2):

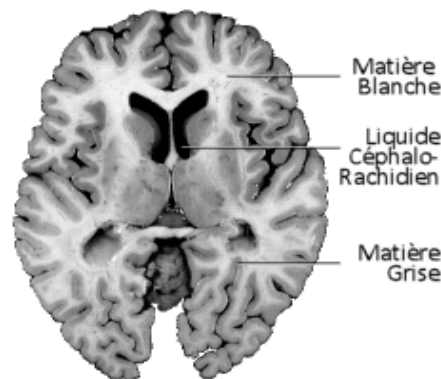


Figure II-2 : Une coupe d'un cerveau mettant en évidence les trois matières(Scherrer, 2008)

- Le liquide céphalo-rachidien (LCR) est le liquide dans lequel baignent le cerveau et le cervelet. Il a un volume moyen de 150ml.
- La matière grise (MG) (ou substance grise) correspond aux corps cellulaires des neurones avec leur dense réseau de dendrites.
- La matière blanche (MB) (ou substance blanche) correspond à la gaine de myéline qui recouvre les axones des neurones pour en accélérer la conduction. Les axones myélinisés s'assemblent en faisceaux pour établir des connexions entre groupes de neurones.

II.2.3 Quelques structures cérébrales d'intérêt

Les trois substances précédemment introduites se regroupent en régions spatialement stables dans l'anatomie humaine : les structures cérébrales (Figure II-3).

Le cortex est le mince manteau superficiel de matière grise recouvrant le cerveau (cortex cérébral) et le cervelet (cortex cérébelleux). Il comporte de multiples replis, parmi lesquels on différencie les sillons (la partie profonde) et les circonvolutions (les replis en surface). Sa surface externe représente environ 2200cm^2 dont les deux tiers sont enfouis dans les sillons. Le cortex est constitué de plusieurs couches de neurones. Son épaisseur moyen est de 3mm, avec des variations allant de 1.5mm à 4.5mm selon les régions corticales. Elles rassemblent environ 75% des 100 milliards de neurones de l'encéphale. Le cortex humain abrite, en plus des aires motrices, visuelles et sensorielles, des régions propres au langage, à l'imagination, au raisonnement, etc.

Les structures sous-corticales sont enfouies dans l'espace porté par le cortex. Parmi elles, on distingue notamment : Le système ventriculaire, le thalamus, les ganglions de la base, l'hippocampe et l'amygdale.

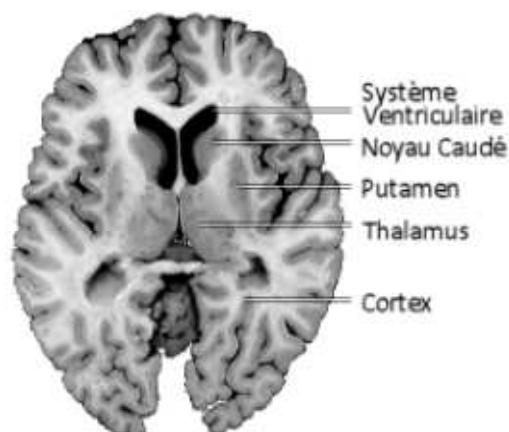


Figure II-3 : Les structures cérébrales(Scherrer, 2008)

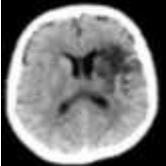
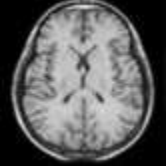
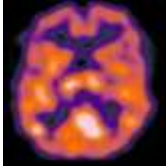

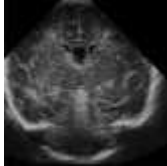
II.3 Imagerie par Résonance Magnétique cérébrale

II.3.1 L'imagerie médicale

L'imagerie médicale a révolutionné les connaissances sur le cerveau. Diverses modalités ont été mises au point durant le siècle dernier. Chacune d'entre elles se base sur des propriétés physiques différentes et met en œuvre un dispositif d'acquisition spécifique. Les images obtenues selon chacune des modalités ont des caractéristiques propres (résolution, contraste, artefacts, acquisition 2D, 3D ou 3D+t, ...) et fournissent des observations complémentaires. Les modalités d'imagerie médicales sont généralement regroupées selon deux familles l'imagerie anatomique/pathologique et l'imagerie fonctionnelle. Tableau II-1 présente une comparaison entre les principales modalités de l'imagerie médicale.

L'imagerie anatomique (ou structurelle) est utilisée pour observer l'anatomie cérébrale. Les modalités d'imagerie anatomique peuvent se baser sur des propriétés acoustiques (ultrasonographie), des propriétés d'atténuation des rayons X (scanner-X = tomodensitométrie), des propriétés optiques (imagerie optique) ou des propriétés magnétiques (IRM). Le scanner-X est davantage adapté pour l'observation des tissus durs, alors que l'IRM est adaptée pour les tissus mous. L'ultrasonographie fournit des images de faible qualité mais elle est suffisante pour un grand nombre d'applications.

Tableau II-1 : Une étude comparative entre modalités de l'imagerie médicale (El-Gamal et al., 2015).

	CT	MRI	PET	SPECT	Ultrasound
Modalités					
Propriétés	scanne les organes du corps à l'aide de rayons X et produit une série d'images transversales	Produit des «tranches» qui représentent le corps humain par l'application de signaux magnétiques	Exemple de technique d'imagerie nucléaire où les traceurs sont utilisés dans le diagnostic des maladies	Une technique nucléaire basée sur des gamma caméras pour réaliser des images et des reconstructions en trois dimensions	Basée sur les ondes sonores, possède une haute fréquence temporelle, capable de produire des informations quantitatives et qualitatives de diagnostic
Avantages	<ul style="list-style-type: none"> - Large champ de vision - Détection des différences entre les tissus du corps - Elimine la superposition des images de la structure de recouvrement - Haute résolution spatiale - Grande profondeur de pénétration 	<ul style="list-style-type: none"> - Une résolution plus élevée - Capable de montrer des détails anatomiques - aucun rayonnement ionisant utilisé - Aucun effet à court terme n'est observé 	<ul style="list-style-type: none"> - Utilisé pour distinguer les tumeurs bénignes et malignes - Peut représenter des phénomènes biochimiques et physiologiques - Haute sensibilité - Grande profondeur de pénétration 	<ul style="list-style-type: none"> - Images libres de fond - Confirmer les maladies (Alzheimer, Parkinson) - Haute sensibilité (mais inférieure à PET) - Grande profondeur de pénétration 	<ul style="list-style-type: none"> - À bas prix - Profil sécurisé - Non invasifs (pas de nouilles ou injections) - Largement disponible - Facile à utiliser - Pas de rayonnement
Inconvénients	<ul style="list-style-type: none"> - Sensibilité limitée - Radiation - Haute dose par examen - Coût - Pauvre contraste des tissus mous 	<ul style="list-style-type: none"> - Forte Perturbation du champ magnétique - Ne peut pas être utilisé chez les patients avec des dispositifs métalliques, tels que les stimulateurs cardiaques - Coût 	<ul style="list-style-type: none"> - Résolution spatiale limitée - Radiation - Les coûts élevés - Artefacts de mouvement - Résolution inférieure par rapport à la TDM et l'IRM - L'interprétation est très difficile - Ne permettent qu'à un nombre limité de fois qu'un patient subit une procédure 	<ul style="list-style-type: none"> - Effets Blurring est produit - La compensation d'atténuation est impossible en raison de la diffusion multiple des électrons - Ne réussit pas à prédire les déficits neuropsychologiques - Résolution spatiale limitée - Radiation 	<ul style="list-style-type: none"> - Dépendant de l'opérateur - Imagerie limitée au compartiment vasculaire - Image Difficile de l'os et des poumons - Résolution limitée - Atténuation peut réduire la résolution des images - Reflète très fortement en passant de tissu à gaz ou vice-versa
Contraste	- haut	- haut	-	-	-
Application	- Anatomique - Fonctionnel	- Anatomique - Fonctionnel - Moléculaire	- Fonctionnel - Métabolismes - Moléculaire	- Fonctionnel	- Anatomique - Fonctionnel
Coût	- Coût intermédiaire	- Coût intermédiaire	- Coût élevé	- Coût élevé	- A bas prix
Source & type	- rayons X (ionisant)	- Champs électriques et magnétiques (non ionisant)	- Positron (ionisant)	- Photons (ionisant)	- Les ondes sonores (non ionisant)

L'imagerie fonctionnelle permet d'étudier l'activité cérébrale, et donc de mettre en évidence des mécanismes du fonctionnement cérébral. Certaines modalités sont invasives et reposent sur le suivi d'un traceur radioactif (TEP, TEMP), nécessitant des installations parfois lourdes. D'autres reposent sur l'observation non invasive des signaux électriques sur la surface du cerveau (électro-encéphalogramme) ou des champs magnétiques induits par l'activité électrique des neurones (magnétoencéphalographie). L'IRM fonctionnelle repose quant à elle sur une mesure indirecte de l'activité cérébrale (effet BOLD) : elle met en évidence l'afflux sanguin transporteur d'oxygène nécessaire à l'activité des neurones (DeYoe et al., 1994).

II.3.2 Imagerie par Résonance Magnétique

L'imagerie par résonance magnétique est une technique d'imagerie médicale basée sur le phénomène de résonance magnétique nucléaire (RMN, terme créé en 1930 par Isidor Isaac Rabi ; prix Nobel de Physique en 1944). Ce phénomène fut observé pour la première fois en 1945 de façon simultanée par deux équipes américaines, l'équipe de Felix Bloch à Stanford et celle de Edward Mills Purcell à Harvard, qui publièrent leurs résultats en 1946 (prix Nobel de physique conjoint en 1952). La première image par RMN fut publiée en 1973 par Paul Christian Lauterbur (Lauterbur, 1973). De manière indépendante, Peter Mansfield proposa une technique semblable utilisant des gradients de champ magnétique pour séparer spatialement les signaux RMN (Mansfield and Grannell, 1973). Leurs travaux fondamentaux pour l'émergence de l'imagerie par résonance magnétique leur ont valu le prix Nobel de médecine en 2003.

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est maintenant l'outil majeur du diagnostic et du suivi thérapeutique de multiples pathologies en particulier cérébrales du fait de son innocuité, de sa facilité d'utilisation et de la précision des résultats fournis.

L'IRM est une méthode d'imagerie d'investigation *in vivo* non traumatique, capable d'étudier des tissus dits mous tels que le cerveau, la moelle épinière et les muscles. Elle permet d'avoir une vue 2D ou 3D d'une partie du corps. Elle repose sur la technique de résonance magnétique nucléaire (RMN) dont le principe physique est exposé brièvement à travers le paragraphe suivant.

II.3.3 Principe physique de l'IRM

Le principe de l'IRM repose donc sur la propriété de certains atomes à entrer en résonance dans certaines conditions : c'est le cas de l'atome d'hydrogène (H) qui est un des deux constituants de la molécule d'eau (H_2O) que l'on trouve en grande quantité dans le corps humain (entre 60 et 75%). De plus, la quantité d'eau varie d'un tissu à l'autre, mais aussi à l'intérieur d'un même tissu selon son état physiologique, ce qui est utilisé pour établir une cartographie du corps humain et de ses pathologies.

Lorsque les atomes d'hydrogène entrent en résonance sous l'action d'un champ magnétique, ils absorbent de l'énergie : ainsi, plus la concentration en eau du milieu est élevée, plus il y a absorption d'énergie. A l'arrêt du phénomène de résonance, l'énergie emmagasinée par les atomes est restituée au milieu.

Les atomes possèdent un moment angulaire intrinsèque nommé spin auquel est lié un moment magnétique pouvant être assimilé à un aimant. Sans perturbation extérieure ces aimants élémentaires sont orientés de façon aléatoire dans toutes les directions. Si on applique un champ magnétique \vec{B}_0 constant et homogène, ils s'orientent selon des directions privilégiées. Si on applique en plus un champ magnétique tournant \vec{B}_1 perpendiculaire au premier, un phénomène de résonance des noyaux de l'échantillon étudié intervient. Lorsqu'on supprime ce second champ, les atomes vont retourner à l'état initial en émettant un signal RMN (Résonance Magnétique Nucléaire). C'est ce principe qui est utilisé pour former le cube d'images IRM (Bricq, 2008).

II.3.4 Formation des IRM

Le processus se fait en trois étapes (Figure II-4) : dans un premier temps (état d'équilibre), le corps est placé dans un champ magnétique qui oriente tous les protons dans la même direction. Puis les protons sont excités par des ondes radio RF (Radiofréquence) qui modifient leur orientation (état d'excitation). Dès l'arrêt de l'impulsion RF, les protons retournent à l'état d'équilibre.

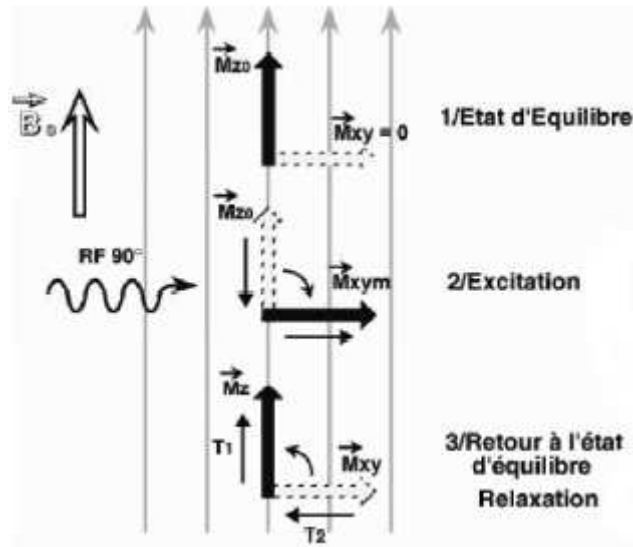


Figure II-4 : Processus de formation des images IRM (Bricq, 2008).

Lors de l'arrêt de l'excitation par impulsion RF, la dynamique de retour des spins à l'état d'équilibre crée une onde électromagnétique qui peut être mesurée par une antenne. La mesure IRM est en fait la mesure du temps de relaxation de ce signal : elle dépend de l'intensité du champ magnétique constant B_0 mais également de la nature des tissus. Plus précisément, il se trouve que des phénomènes physiques différents caractérisent la relaxation de l'aimantation longitudinale m_z et de l'aimantation transversale m_{xy} . Ces phénomènes sont caractérisés par deux échelles temporelles que l'on a paramétré par deux constantes de temps T_1 (relaxation de m_z), T_2 (relaxation de m_{xy}) et σ (densité de protons).

L'image sera formée par le traitement et la traduction en contraste de l'énergie qui accompagne le retour à l'état d'équilibre et qui est mesurée par l'antenne réceptrice. L'acquisition des signaux RMN émis permet de reconstruire l'image.

II.3.5 Contrastes en IRM

Après avoir vu les notions de base concernant l'imagerie par résonance magnétique, nous allons maintenant décrire les différents types de contrastes qui permettent d'obtenir des images contenant des informations de natures différentes nommées modalités (Bricq, 2008). Dans l'IRM classique, on peut pondérer l'image en T_1 , T_2 ou en densité de protons, suivant certains paramètres d'acquisition :

- le temps d'écho TE, c'est à dire le temps qui sépare l'impulsion RF et l'acquisition du signal.
- le temps de répétition TR, c'est à dire le temps entre deux impulsions RF consécutives.

En effet, les tissus ont des temps de relaxation longitudinale (temps T_1) et transversale (temps T_2) caractéristiques. Les tissus ayant des temps T_1 et T_2 différents en fonction de leur richesse en atome d'hydrogène et en fonction du milieu dans lequel ces derniers évoluent, peuvent renvoyer des signaux différents si l'on arrive à mettre en évidence ces différences de temps. Trois types de contrastes peuvent donc être obtenus (Tableau II-2):

- En utilisant un temps de répétition court (TR) et un temps d'écho (TE) court, on obtient un contraste d'image pondérée en T1, pondération dite « anatomique ».
- En utilisant un temps de répétition long et un temps d'écho long, on obtient un contraste d'image dite pondérée en T2, dite aussi pondération « tissulaire ».
- Pour les images pondérées en densité de protons, le contraste est obtenu lorsque l'intensité de l'image dépend essentiellement de la densité locale de protons et beaucoup moins des constantes de relaxation T1 et T2. Il est obtenu en utilisant un TR long et un TE court.

Chaque séquence est alors une combinaison d'ondes de radiofréquence et d'impulsions de gradients. Le choix des paramètres permet de favoriser le signal d'un tissu particulier, d'être sensible à la susceptibilité magnétique (IRMf), de favoriser une acquisition rapide, de favoriser une résolution fine, de limiter certains artefacts, d'améliorer le rapport signal sur bruit, etc. Il existe plusieurs dizaines de séquences différentes : T1, T2, Flair, T2*, Echo de spin, Echo de spin rapide, Echo de gradient, Echo planar, Diffusion, etc. offrant un large panel de possibilités d'exploration à l'imageur IRM (Scherrer, 2008).

Tableau II-2 : Temps de relaxation à 1.5T pour différents tissus(Warinking et al., 2002).

		T ₁ (ms)	T ₂ (ms)
Matière blanche	frontale	640	90
	occipitale	650	
Matière grise	noyaux	900	100
	cortex	1100	
Liquide céphalo-rachidien		>2000	1400
graisse		260	85

II.3.6 Coupes du cerveau

L'observation des coupes en deux dimensions du cerveau peut être effectuée selon plusieurs angles de vue. Ainsi, on distingue trois axes anatomiques pour réaliser les coupes (Figure II-5).

- **Coupes axiales** : Ces coupes correspondent quasiment à un plan horizontal. En imagerie de résonance magnétique, elles correspondent à un plan perpendiculaire à l'axe du champ magnétique principal.
- **Coupes sagittales** : Ces coupes sont prises dans des plans parallèles au plan inter-hémisphérique. Il s'agit de vues latérales du cerveau.
- **Coupes coronales** : Ce sont des coupes perpendiculaires aux coupes axiales et sagittales. Elles correspondent à des vues de face du cerveau.

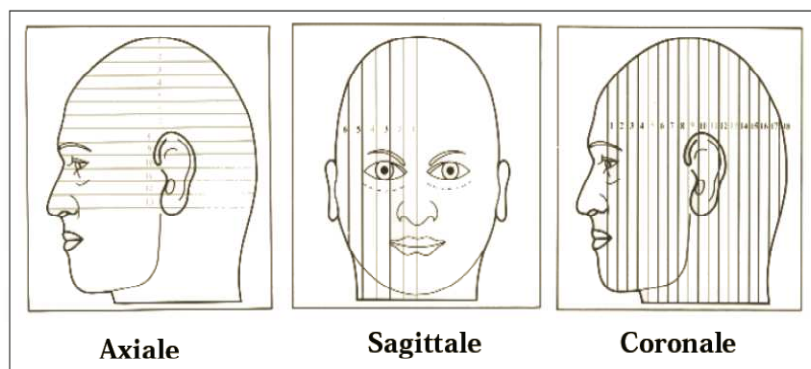


Figure II-5 : Les trois axes de coupe pour la visualisation du cerveau (Bricq, 2008)

II.3.7 Défauts des images acquises par IRM

Trois paramètres entrent en jeu dans la formation d'une image : la densité protonique σ , le temps de relaxation spin-réseau T1 et le temps de relaxation spin-spin T2. Mais d'autres facteurs que l'on ne maîtrise pas toujours affectent la qualité des images et provoquent des artefacts, compliquant la segmentation des tissus cérébraux ou la reconnaissance de structures cérébrales. Connaître leurs origines permet de mieux les appréhender, de les minimiser, voire de les supprimer (Chen and Hoult, 1989; Guinet, 1992).

a) Le bruit

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

On peut considérer que le bruit dans l'image suit une distribution Ricienne (Jordan Kisner et al., 2002) qui, avec un rapport signal sur bruit suffisant (typiquement $SNR > 3$), peut être approximé par un bruit gaussien (Sijbers et al., 1998). Cette approximation est valide dans la matière grise et la matière blanche, et dans une moindre mesure dans le LCR. Elle est cependant peu vérifiée dans les régions sans signal comme l'air.

b) Effet de volume partiel

Un autre problème de la segmentation d'images IRM est l'effet de volume partiel qui apparaît lorsque plusieurs types de tissus contribuent au même voxel. Ce problème est de plus en plus pris en compte dans les algorithmes de segmentation. En raison d'une résolution du système d'acquisition limitée, les voxels situés à la frontière entre plusieurs tissus sont composés de deux ou plusieurs tissus (Figure II-6 et Figure II-7).

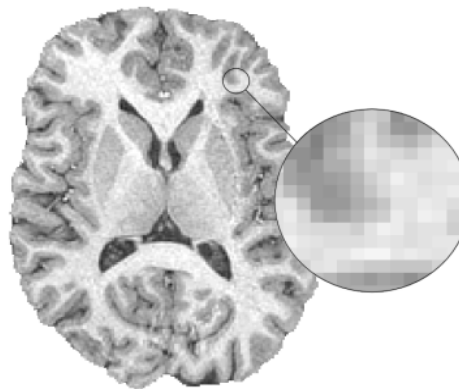


Figure II-6 : l'effet de volume partiel en IRM

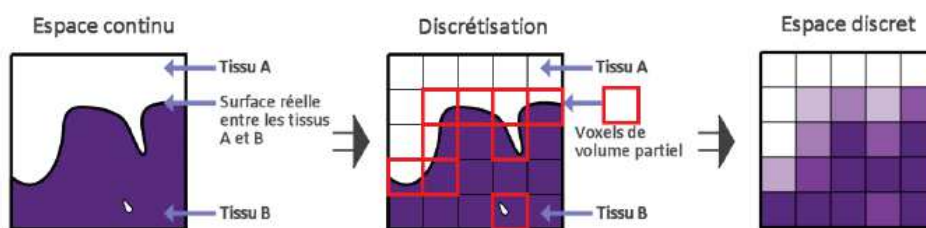


Figure II-7 Artefact de volume partiel dû à la discrétisation de l'espace (Scherrer, 2008)

Il est donc nécessaire de prendre en compte ces effets de volume partiel pour obtenir une segmentation fiable des tissus cérébraux. Les méthodes de classification en 3 classes "dures" (matière blanche, matière grise et liquide céphalo-rachidien) ignorent ce problème et perdent ainsi de l'information sur la structure des tissus.

Certaines méthodes considèrent l'effet de volume partiel comme un facteur de dégradation et cherchent à le corriger, alors que d'autres le considèrent comme une propriété de l'image et cherchent à l'estimer pour obtenir une qualité sub-voxelique (González Ballester et al., 2002).

c) Hétérogénéités d'intensité

Une des principales difficultés de la segmentation d'images IRM est la présence d'un artefact d'hétérogénéité d'intensité spatiale pour un même tissu cérébral. Leurs sources sont multiples :

- Les inhomogénéités liées aux imperfections de l'imageur, dues :
 - à l'hétérogénéité du champ statique B_0 et du champ d'excitation B_1 . Les champs magnétiques produits ne peuvent en effet être exactement uniformes, provoquant des plages d'ombre dans l'image.
 - à la qualité de l'antenne de réception, et particulièrement aux variations spatiales de sa sensibilité. Lors d'IRM anatomiques, on privilège la plupart du temps des antennes avec une sensibilité spatialement stable. Néanmoins, dans les expériences d'IRMf, on utilise parfois des antennes de surface qui permettent d'avoir une meilleure sensibilité dans une région très locale.
- Les inhomogénéités liées à des propriétés biologiques des tissus, dues :
 - à des compositions histologiques différentes des tissus. Les temps de relaxation T1 et T2 de la matière blanche et de la matière grise dépendent des régions anatomiques (Wansapura et al., 1999) et de l'âge (Cho et al., 1997).
 - à l'artefact de susceptibilité magnétique. Chaque tissu possède une susceptibilité magnétique qui s'exprime par une aimantation interne propre induite par le champ magnétique statique B_0 .

Ce biais peut poser des problèmes de classification pour des techniques de segmentation basées sur l'intensité, si on suppose que l'intensité d'une classe est constante sur toute l'image. La non-uniformité est prise en compte dans la plupart des méthodes de segmentation (Ganzetti et al., 2015), soit en la compensant par prétraitement (Shattuck et al., 2001), soit en la modélisant au cours de la segmentation (Belaroussi et al., 2006).

d) Autres artefacts

Les artefacts de mouvement sont dus aux déplacements du patient pendant l'examen ainsi qu'aux mouvements physiologiques (respiration, flux sanguin). L'impact de ces artefacts est variable selon le moment de l'acquisition mais il se traduit généralement par l'apparition d'images fantômes de la structure en mouvement.

S'il est crucial de corriger au maximum les artefacts lors de l'acquisition, l'image finale sera toujours perturbée par certains d'entre eux. Il est alors fondamental de les prendre en compte dans tout traitement automatique.

II.3.8 Interprétation automatique des IRM cérébrales

La révolution de l'imagerie médicale numérique a entraîné une explosion de la quantité d'information produite. En particulier, les possibilités offertes par l'IRM et ses nombreuses séquences d'acquisition permettent d'explorer différentes caractéristiques complémentaires du cerveau : de multiples

séquences anatomiques pour observer différents aspects de l'anatomie, des séquences de diffusion, des séquences d'imagerie fonctionnelle, etc. permettant de mieux étudier les cerveaux sains et pathologiques.

L'ensemble des acquisitions peut alors représenter plusieurs centaines de méga-octets. Pour faire face à cette masse d'information créée, l'interprétation automatique des IRM cérébrales est devenue un enjeu majeur. Différents traitements sont nécessaires selon les applications. On peut citer par exemple : le recalage, la fusion de données, la segmentation, etc.

L'objectif de la segmentation est de fournir une interprétation de chaque voxel de l'image en leur attribuant une étiquette. La segmentation des IRM anatomiques est un outil d'interprétation crucial au centre des études quantitatives. L'intérêt croissant porté sur cette discipline illustre bien les difficultés et les enjeux d'obtenir une segmentation robuste et fiable (Figure II-8).

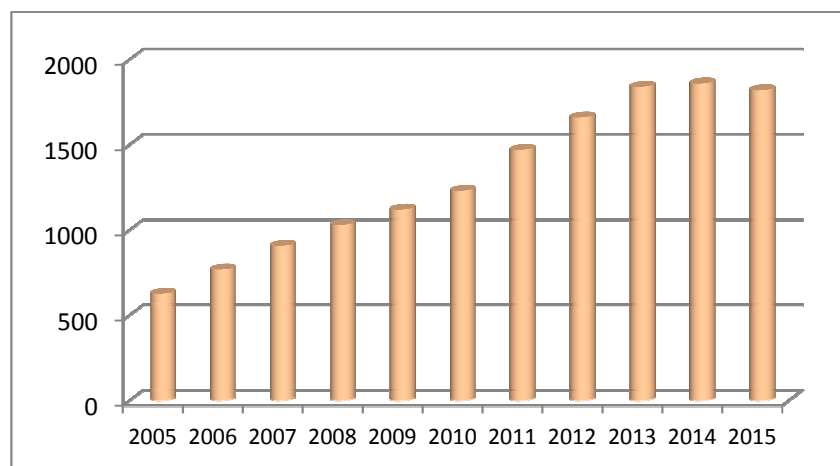


Figure II-8 : Evolution du nombre de publications sur la segmentation d'images médicales depuis 2005 (analyse réalisée sur google Scholar en février 2016).

II.3.9 Applications de la segmentation des IRM cérébrales

La segmentation est au cœur de nombreuses applications, tant dans le domaine clinique que des neurosciences :

a) Applications cliniques :

La segmentation d'IRM cérébrales en clinique permet :

- de suivre l'évolution de certaines maladies dégénératives. Par exemple, la segmentation du noyau caudé et le calcul de son volume sont impliqués dans des études sur la maladie de Huntington (Aylward et al., 2003), la maladie de Parkinson ou d'Alzheimer (Almeida et al., 2003), et la segmentation des tumeurs (Gordillo et al., 2013).
- la planification d'interventions neurochirurgicales et la simulation de l'acte. Lors de l'exécution de l'acte elle permet la visualisation virtuelle du cortex et des structures sous-corticales, ainsi que l'aide au guidage pour le neurochirurgien (Dolz et al., 2015).
- d'introduire des connaissances supplémentaires dans des modèles biomécaniques. Par exemple, des propriétés de déformations spécifiques selon les tissus ont été injectées dans un modèle de « brain shift » (Bucki et al., 2007).

b) Applications en neurosciences :

La segmentation est une étape centrale dans des études neurocognitives :

- Elle est utilisée pour quantifier la variabilité interindividuelle lors d'études statistiques sur la morphologie des structures cérébrales (Kanai and Rees, 2011).

- Elle permet de mettre en évidence des différences anatomiques entre différents sujets (Voxel Based Morphometry ou VBM) (Mechelli et al., 2005).
- La segmentation des tissus permet la reconstruction 3D du cortex, sur laquelle on peut ensuite projeter les activations de l'IRMf. La segmentation des structures sous-corticales permet dans ce cas de différencier matière grise du cortex et matière grise des structures sous-corticales, améliorant la reconstruction 3D du cortex (Liu et al., 2008).

II.3.10 Evaluation de la segmentation

L'évaluation de la segmentation repose généralement sur des critères qualitatifs et quantitatifs. Ceux-ci peuvent être regroupés en deux classes, selon que l'on possède ou non une « vérité terrain » qui constitue une segmentation de référence. Sans segmentation de référence, les critères cherchent à quantifier la cohérence de la segmentation. Certains critères évaluent l'uniformité des intensités dans chaque classe (critères d'adéquation au modèle), d'autres la variabilité d'intensité entre régions adjacentes (critères de contraste). Ces méthodes fournissent des indicateurs pour comparer les algorithmes de segmentation mais reflètent peu si la segmentation est effectivement correcte au sens médical.

Dans le domaine de la segmentation d'IRM cérébrales, un grand nombre d'images fournies avec leurs segmentations de référence est mis à disposition par plusieurs laboratoires. Les critères reposant sur une segmentation de référence sont alors généralement préférés. Deux types d'images peuvent être utilisés :

a) Des images simulées (fantômes)

Ces images reposent sur la simulation du phénomène physique d'acquisition d'une image IRM à partir d'un modèle anatomique réaliste. On peut alors comparer le résultat d'un algorithme de segmentation au modèle anatomique sous-jacent. Les bases de données simulées BrainWeb¹ mises à disposition par le *McConnell Brain Imaging Center* sont des bases de données très courantes pour l'évaluation d'un algorithme de segmentation d'IRM cérébrales.

b) Des images réelles

Ces images sont segmentées manuellement par un expert. Ce type d'évaluation a l'avantage de se baser sur des « vraies » acquisitions, représentant la réalité. La segmentation manuelle est cependant une tâche fastidieuse et sujette à une variabilité inter-expert et intra-expert non négligeable.

Le résultat de la segmentation de ces images, réelles ou fantômes, est comparé à la segmentation de référence via une mesure de similarité. Plusieurs mesures ont été proposées. Parmi celles-ci, le coefficient de Dice (Dice, 1945) est couramment utilisé (Ashburner and Friston, 2005; Cuadra et al., 2005; Shattuck et al., 2001; Van Leemput et al., 1999a). Le coefficient de Dice ou encore appelé Kappa Index permet de mesurer la ressemblance entre deux régions. Numériquement, en notant VP_k le nombre de vrai positifs pour la classe k , FP_k le nombre de faux positifs et FN_k le nombre de faux négatifs, le coefficient de Dice d_k pour la classe k est donné par :

$$d_k = \frac{2VP_k}{2VP_k + FN_k + FP_k} \quad (1)$$

Le coefficient de Dice est entre 0 et 1. Lorsqu'il est égal à 1, la segmentation est parfaite.

¹ <http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb/>, accès valide en octobre 2015

II.4 Différentes familles d'approches de segmentation

Plusieurs méthodes de segmentation d'images ont été développées, selon le domaine d'application, cependant, elles sont généralement regroupées en deux familles (Figure II-9): les méthodes de segmentation par approche contours et les méthodes de segmentation par approche régions, nous allons les introduire dans ce qui suit.

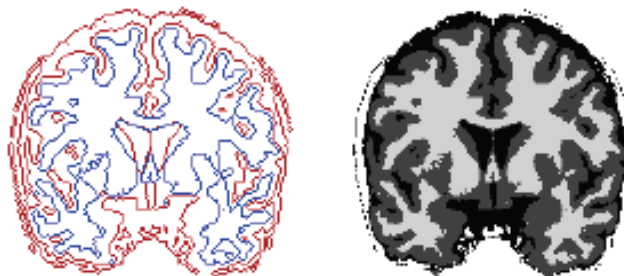


Figure II-9 : Segmentation orientée contours et Segmentation orientée régions

II.4.1 Approches contours

Un contour peut être défini comme étant la limite ou la frontière entre régions adjacentes dans une image. Les méthodes orientées contours visent à délimiter les objets de l'image selon leurs contours. Elles se basent sur la variation d'intensité entre les voxels de l'image (Scherrer, 2008), une variation ou un changement d'intensité brusque se traduit par une frontière entre régions voisines. L'approche contours consiste à identifier les transitions qui existent entre les régions. Cependant, les discontinuités dans l'image ne sont pas dues uniquement aux différentes structures de l'image, elles peuvent être provoquées par une différence d'éclairage, par exemple un effet d'ombre. C'est la raison pour laquelle les contours détectés ne sont pas toujours connexes. Pour remédier à ce problème, des techniques ont été proposées afin d'obtenir des contours fermés tel que le filtre de Canny (Canny, 1986) et le filtre de Deriche (Deriche and Tewfik, 1993). Il existe plusieurs méthodes utilisant l'approche contours, dans ce qui suit, nous allons citer les plus importantes.

a) Les modèles déformables

Le principe de ces méthodes est de faire évoluer un contour déjà défini vers les frontières des objets de l'image, cela peut être intéressant si nous traitons des images peu différentes les unes des autres, par exemple le cas de la segmentation 3D. En effet, une fois que les contours ont été détectés pour la première image, nous pouvons appliquer le modèle déformable pour obtenir les contours de l'image suivante, au lieu de refaire toute la segmentation. On différencie classiquement deux types de modèles déformables : les modèles explicites et les modèles implicites.

Les modèles explicites, ou « snakes » (Kass et al., 1988), consistent à déformer une représentation paramétrique du contour (Figure II-10).



Figure II-10 : Segmentation par contour actif (SNAKE)

Les modèles implicites, ou méthodes par ensembles de niveaux (*level sets*), permettent d'intégrer les changements topologiques naturellement. Dans ces méthodes, le contour n'est pas paramétré mais implicitement caractérisé via une fonction. Le principe d'évolution du contour sous cette représentation s'inspire des travaux en théorie de propagation des fronts (Osher and Sethian, 1988).

b) Les méthodes morphologiques

D'autres approches permettent de détecter les contours via des opérations de morphologie mathématique. La morphologie mathématique a été inventée en 1964 par Georges Matheron et Jean Serra dans les laboratoires de Mines ParisTech. Son développement a toujours été fortement motivé par des applications industrielles. Dans un premier temps, il s'agissait de répondre à des problèmes dans le domaine de l'exploitation minière, mais très vite ses champs d'applications se sont diversifiés et elle a apporté une contribution importante dans plusieurs domaines, comme : la biologie, l'imagerie médicale, le multimédia, etc.

Les méthodes de segmentation morphologiques reposent sur l'étude des caractéristiques des objets inconnus dans l'image (forme, taille, etc.) grâce à un ensemble de formes connues (croix, carré, cercle, segment, etc.) que l'on appelle : élément structurant. Elles se basent sur deux concepts simples: l'opérateur de dilatation et l'opérateur d'érosion. La ligne de partage des eaux est un algorithme exemple plus avancé. Ces algorithmes sont généralement très sensibles au bruit, menant à une sur-segmentation. Ils nécessitent une étape de réduction du bruit ainsi que d'autres traitements spécifiques. En particulier, l'algorithme de ligne de partage des eaux requiert une étape de fusion des régions pour les données bruitées (Thiran et al., 1997).

c) Les méthodes dérivatives

Un contour se matérialise par une rupture d'intensité dans une image. Plusieurs méthodes existent afin de détecter cette rupture, dans la plupart des cas elle s'effectue en deux étapes : la détection du contour par le calcul du gradient ou du Laplacien, et l'isolation de ce contour par seuillage. Cette technique est particulièrement sensible au bruit, en raison de la double dérivation. De ce fait, un seuil sera utilisé, afin de ne pas prendre en considération le bruit, qui peut se traduire lui aussi par des oscillations autour de zéro. Ce seuil ne prendra en compte que les passages par zéro les plus marqués (d'amplitude relativement élevée) correspondant aux vrais contours.

D'autres méthodes orientées contours existent dans la littérature, comme les méthodes markoviennes et les méthodes de seuillage. Par exemple la binarisation, qui a pour objectif de construire à partir de l'image initiale, une image binaire contenant uniquement deux classes : une classe qui contient les voxels appartenant aux contours et une classe qui contient les voxels n'appartenant pas aux contours.

Les résultats de la segmentation par contours sont particulièrement dépendant des prétraitements réalisés sur l'image, nécessaires pour stopper l'évolution du contour sur les frontières des objets. Le bruit dans les images perturbe les informations de variation d'intensité d'une part. Il est alors nécessaire de faire un filtrage sur les données. D'autre part, le rehaussement des contours est une étape cruciale, d'autant plus que le contraste est faible sur les IRM cérébrales. La correction des inhomogénéités d'intensité dégradent le contraste des noyaux gris centraux, une solution suggère d'utiliser les données non corrigées dans le terme d'attache aux données (Colliot et al., 2006). De manière générale, les méthodes orientées contours sont particulièrement sensibles à l'initialisation, le contour initial devant ne pas être trop éloigné des objets considérés. Les approches de segmentation orientées contours mettent donc en jeu un nombre important de paramètres. Elles sont adaptées pour l'extraction de l'encéphale sur les IRM cérébrales (Smith, 2002).

II.4.2 Approches régions

La segmentation orientée régions se focalise sur l'extraction de régions en considérant leur homogénéité vis à vis de caractéristiques pertinentes (intensité, texture, etc.) au niveau des voxels. Nous décrivons dans cette section les principales approches considérées dans la littérature.

a) Segmentation par croissance de régions (Region growing)

La segmentation par croissance de régions est une méthode ascendante. A partir des germes choisis de taille d'un voxel, des régions sont construites par ajout de voxels adjacents et similaires. Le critère de propagation peut être basé sur les intensités mais aussi sur des critères géométriques et topologiques. (Valeurs identiques de niveau de gris, similarité colorimétrique, etc.). La croissance des régions s'arrête lorsque tous les voxels ont été traités (affectés à une classe). La pertinence de ce critère et le choix des germes conditionnent en grande partie la qualité de la segmentation obtenue. Les méthodes par croissance de région sont en général combinées avec d'autres méthodes de segmentation. Par exemple, elles ont été combinées avec des opérateurs de morphologie mathématique pour segmenter le système ventriculaire (Schnack et al., 2001). Elles ont été aussi combinées avec une approche par mixture de gaussiennes pour segmenter les tissus (Richard, 2004).

b) Segmentation par division de régions (Split)

La division consiste à partitionner l'image en régions homogènes selon un critère donné (niveau de gris dans le cas des images médicales). Le principe de cette technique est de considérer l'image elle-même comme région initiale, qui par la suite sera divisée en régions. Le processus de division est réitéré sur chaque nouvelle région (issue de la division) jusqu'à l'obtention de classes homogènes. Cette méthode présente un inconvénient majeur qui est la sur-segmentation. Toutefois, ce problème peut être résolu en utilisant la méthode de division-fusion que nous présenterons par la suite (Sonka et al., 2014).

c) Segmentation par fusion de régions (Merge)

L'idée de cette méthode est d'exploiter une image pré-segmentée, ce qui veut dire que l'image contient des régions dont l'homogénéité n'est pas vérifiée. Ces dernières sont regroupées successivement selon un critère donné jusqu'à l'obtention de classes homogènes. Le principal inconvénient de cette technique est la sous segmentation (Sonka et al., 2014).

d) Segmentation par division-fusion (Split and Merge)

Cette méthode a été présentée pour la première fois en 1974 par Pavlidis et Horowitz (Horowitz and Pavlidis, 1974), afin de pallier l'inconvénient de la sur-segmentation issue de la division de régions. Son principe est de combiner les deux dernières méthodes (division de régions et fusion de régions) de la manière suivante : une première étape de division donne comme résultat, une image divisée en plusieurs régions. Par la suite, une étape de fusion intervient afin de corriger le résultat obtenu par la première étape, en regroupant les régions similaires. Ce procédé est répété jusqu'à l'obtention d'une bonne segmentation.

e) Seuillage et morphologie mathématique

Une des méthodes les plus simples est la segmentation par seuillage. Cette approche considère que les objets sont uniquement caractérisés par leur intensité. Elle consiste à regrouper les voxels en régions selon un ou plusieurs seuils. Si nous prenons l'exemple d'un seul seuil, nous pouvons dire que les voxels ayant un niveau de gris inférieur ou égal au seuil appartiennent à une classe, tandis que les voxels ayant un niveau de gris strictement supérieur au seuil appartiennent à une autre classe. Le principe est le même dans le cas où l'on dispose de plusieurs seuils. Le problème qui se pose est la détermination des seuils. Ils peuvent soit être introduits par l'utilisateur, on parlera alors de seuillage interactif, ou bien, être calculés automatiquement, on parlera dans ce cas de seuillage automatique. Une bonne méthode de calcul des seuils consiste à dresser un histogramme qui représente les occurrences de chaque niveau de gris de l'image, les

pics de l'histogramme seront considérés comme des seuils. Cette méthode s'applique correctement si l'histogramme contient des pics bien séparés (Sharma and Meghrajani, 2014).

Généralement, des opérations de morphologie mathématique permettent ensuite de raffiner la segmentation : érosion, dilation, ouverture, fermeture, extraction de composantes connexes, etc. Ce type d'approche est parfois suffisant pour la segmentation d'objets fortement contrastés (comme le système ventriculaire), mais nécessite généralement une interaction avec l'utilisateur. Ces méthodes ne prennent en compte ni l'effet de volume partiel, ni les inhomogénéités d'intensité, ni le bruit et sont peu adaptées pour la segmentation d'IRM cérébrales.

f) Segmentation par classification

Les méthodes par classification consistent à partitionner l'image en un nombre fini et connu de classes. Elles sont généralement liées à l'analyse (semi-)automatique de l'histogramme de niveaux de gris. On différencie les approches supervisées et non supervisées.

- **Approches supervisées**

Les approches supervisées nécessitent une étape d'apprentissage sur un échantillon avant de pouvoir être appliquées sur de nouvelles données. On répertorie par exemple dans ce type d'approche les réseaux de neurones, *support vector machine* (SVM), et les K-plus proche voisins. Elles sont peu adaptées à la segmentation automatique des IRM cérébrales à partir de leur histogramme. Les approches supervisées nécessitent généralement une interaction avec l'utilisateur pour le choix de l'échantillon d'apprentissage, source de variabilité et de non reproductibilité des résultats. Ce type de méthodes est cependant intégré dans des approches combinées (Song et al., 2006).

- **Approches non supervisées**

Les méthodes non supervisées cherchent elles à estimer dans l'image les paramètres de leur modèle. Nous décrivons brièvement les approches les plus connues.

- **L'algorithme des K-moyennes** vise à regrouper les voxels ayant une intensité proche dans K partitions en assignant chaque voxel à la partition dont le centroïde (la moyenne des intensités des voxels de la partition) est le plus proche. L'algorithme démarre d'une position initiale des centroïde puis alterne entre appariement des données avec le centroïde le plus proche (formation des partitions) et mise à jour du calcul des centroïde de chaque partition. La convergence est obtenue lorsque plus aucune donnée ne change de partition. L'avantage de l'algorithme est sa simplicité et sa rapidité à converger. Son inconvénient est cependant de considérer l'appartenance binaire à une classe et la connaissance à priori de nombre de classes. De plus, si il a été déjà utilisé pour la segmentation d'IRM cérébrales (Vemuri et al., 1995), il est généralement trop sensible à l'initialisation.
- **L'algorithme des C-moyennes floues** (*Fuzzy C-Mean*, FCM) reprend l'idée des K-moyennes mais attribue un degré flou d'appartenance aux classes pour en autoriser le recouvrement. Une donnée à la périphérie d'une partition a alors un degré d'appartenance moindre qu'une donnée proche du centroïde. De nombreuses approches ont été proposées pour améliorer l'algorithme (Ahmed et al., 2002; Pham and Prince, 1999).
- **Les approches probabilistes** permettent de modéliser l'incertitude dans l'attribution des classes pour chaque voxel. Elles considèrent que chaque voxel a une probabilité d'appartenir à une classe. Ce sont généralement des méthodes basées modèle, qui introduisent un *a priori* sur la forme de la distribution d'intensité des classes. Les approches probabilistes considèrent alors généralement la

segmentation comme un problème à données manquantes. Ce type de modélisation a l'avantage de pouvoir profiter d'un cadre statistique formel bien posé et est particulièrement adapté pour la segmentation des IRM cérébrales. Il intègre naturellement des modèles de bruit, des modèles d'inhomogénéité, des modèles de volume partiel ou des connaissances *a priori* en général (Mardia, 1988).

II.4.3 Approches hybrides

Les approches « hybrides » combinent des approches orientées régions et orientées contours. Dans (Pitiot et al., 2004), l'auteur contraint l'évolution d'un modèle de forme par une analyse de texture de l'image pour segmenter les structures sous-corticales. Autres approches couplent l'estimation de modèles markoviens avec l'évolution de modèles déformables pour segmenter tissus ou structures sur les IRM cérébrales (Chen and Metaxas, 2005). Chacune des étapes est exécutée de manière itérative, permettant à l'autre de s'améliorer. La fusion des méthodes par ensemble de niveau (modèles déformables implicites) avec des techniques bayésiennes a été utilisée pour segmenter le cortex (Yu et al., 2006). Les approches bayésiennes ont été combinées avec des algorithmes de type partage des eaux pour segmenter les sillons corticaux (Yang and Kruggel, 2008).

II.5 La segmentation basée sur les Atlas

II.5.1 Le processus de la segmentation basée Atlas

Les informations anatomiques (ou pathologiques) *a priori* peuvent être utilisées pour effectuer la tâche de segmentation. L'information préalable peut être définie comme un ensemble de règles prédéfinies en fonction des propriétés connues des tissus, ou comme un ensemble d'annotations manuelles d'experts. L'Atlas est l'information préalable la plus utilisée qui apporte des connaissances spatiales avant le processus de segmentation. L'Atlas est composé de l'intensité de l'image (modèle) et son image segmentée (les étiquettes d'Atlas). L'objectif de segmentation basée Atlas est d'utiliser la relation entre les étiquettes de segmentation et d'intensités d'images observées dans les Atlas afin d'attribuer des étiquettes de segmentation aux voxels d'une image non segmentée. Récemment, des approches de segmentation basée Atlas ont acquis une quantité considérable de popularité pour cette tâche (Cabezas et al., 2011; Iglesias and Sabuncu, 2015).

Le processus de segmentation basée Atlas est généralement composé de trois étapes principales. Une étape de recalage où l'image cible est alignée sur l'Atlas simple ou multiples Atlas, une propagation de l'étiquette ou l'étape de fusion où les étiquettes sont transférées de l'Atlas à la cible, et une étape de segmentation finale dans lequel les étiquettes transférées sont utilisées pour segmenter l'image cible. Le recalage est l'étape cruciale et la segmentation peut être transformée en un problème de recalage (El-Gamal et al., 2015).

Récemment, l'utilisation de l'Atlas dans l'analyse des images d'IRM est devenue très importante en particulier dans le processus de segmentation. Différents modèles ou stratégies sont proposées dans la littérature. Une récente étude présente la vision globale des processus de segmentation par Atlas (Figure II-11) (Iglesias and Sabuncu, 2015). Cette structure n'est pas respectée dans toutes les approches de la littérature.

L'approche commune pour construire un Atlas à partir de plusieurs images est de choisir une image d'un échantillon (une cible) et de transformer d'autres images sur cette cible pour avoir le même cadre spatial pour un traitement ultérieur. Diverses techniques pour la construction d'Atlas sont développées pour différents organes humains, en particulier le cerveau (Kalinic, 2008).

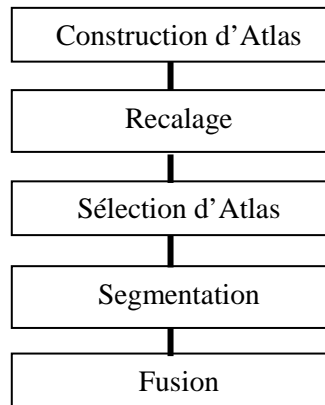


Figure II-11 : Vue générale d'un processus de la segmentation basée Atlas

Le scénario de présélection est de classer tous les Atlas dans la base de données selon des mesures de similarité avec l'image cible, où les Atlas de haut rang sont sélectionnés pour le processus de segmentation. Les mesures de similarité cross-corrélation (CC), ou de l'information mutuelle (MI) entre les images peuvent être utilisées (Ma et al., 2015). La fusion et le recalage sont décrits respectivement en sections 3 et 4 du chapitre III.

II.5.2 Types des Atlas cérébraux

Construire un Atlas cérébral est une tâche difficile et coûteuse causées par la variabilité des données humaines. Des ressources publiques d'Atlas ont été créés pour fournir à la communauté de recherche des données d'IRM avec les segmentations manuelles (ou annotations) effectuées par des experts radiologues. On distingue deux types d'Atlas: topologiques et probabilistes.

a) Atlas topologiques

Les premiers Atlas construits sont des Atlas topologiques. Ce type d'Atlas est une image qui a été sélectionnée à partir d'un ensemble de données pour être représentatif des objets à segmenter dans d'autres images. Ces Atlas sont appelés également Atlas déterministes. L'un des premiers projets d'Atlas numérique déterministe était de créer trois représentations tridimensionnelles anatomiques complètes et détaillées du corps humain. Un autre Atlas a été conçu pour l'affichage et l'analyse des images tomographiques du cerveau et comprend la surface du cerveau, le système ventriculaire et environ 400 structures et toutes les zones Brodmann (Greitz et al., 1991). Actuellement, la grande majorité des Atlas déterministe sont générés à partir d'acquisition d'image. Récemment, des modèles anatomiques normales et modèles anatomiques d'un cerveau avec des lésions sclérose en plaques (MS) sont devenus disponibles dans *National Institutes of Health Blueprint for Neuroscience Research*¹, *McConnell Brain Imaging Center*², et *Harvard Medical School*³.

b) Atlas probabilistes

Les Atlas probabilistes (Atlas statistiques) ont été construits pour mieux caractériser la variabilité humaine des structures anatomiques. Les Atlas sont construits pour représenter la diversité de l'anatomie humaine. Ils peuvent représenter un groupe de population selon des critères spécifiques comme le sexe ou l'âge. Des cartes probabilistes pour le tissu cérébral ont été créées par une moyenne de voxel par voxel de plusieurs sujets normaux (hommes et femmes de différents âges) après leurs recalages dans le système de coordonnées de Talairach(Evans et al., 1994). Le « *International Consortium for Brain Mapping (ICBM)* »⁴

¹ <http://neuroscienceblueprint.nih.gov/> (consulté le 18/03/2016)

² <https://www.mcgill.ca/bic/home> (consulté le 18/03/2016)

³ <http://hms.harvard.edu/> (consulté le 18/03/2016)

⁴ <http://www.loni.usc.edu/ICBM/> (consulté le 18/03/2016)

construit le « ICBM 452 » modèle sur 152 cerveaux et plus tard 452 cerveaux. Le Laboratoire de Neuro Imaging (LONI)¹ fournit des Atlas pour les contrastes d'IRM cérébrale (Kikinis et al., 1996). Autres Atlas sont disponibles dans «*Internet Brain Segmentation Repository (IBSR)* »².

II.5.3 Méthodes de segmentation basées sur les Atlas

a) Segmentation basée sur un seul Atlas

Dans la segmentation basée Atlas (single Atlas based segmentation), l'image d'entrée à segmenter et l'Atlas doivent être dans les mêmes coordonnées spatiales. Par conséquent, afin d'utiliser l'information de l'Atlas, une transformation doit être trouvée. Le processus de recherche de cette transformation est généralement appelé recalage de l'image et est défini comme étant un problème d'optimisation, où une mesure de similarité est utilisée pour comparer l'image d'entrée et le volume de l'image d'intensité transformée de l'Atlas. L'étape de recalage est le défi dans le processus de segmentation basée Atlas. Après l'étape de recalage, la procédure de segmentation consiste à propager les étiquettes d'Atlas et d'affecter une étiquette à chaque voxel de l'image d'entrée. Dans les cas où des différences anatomiques importantes existent entre l'Atlas et l'image d'entrée, de grandes erreurs de recalage peuvent provoquer des importantes erreurs de segmentation (Ciofalo and Barillot, 2009). Single-Atlas segmentation est largement utilisé pour définir une région d'intérêt (ROI) pour une segmentation ou d'initialiser une stratégie de contour actif, et il a été appliqué avec succès sur certaines applications (Gass et al., 2012).

b) Segmentation basée sur plusieurs Atlas

La segmentation basée Atlas a été étendue à plusieurs Atlas pour mieux tenir compte de la variabilité anatomique et de corriger les erreurs de recalage. Des approches plus récentes utilisent un paradigme multi-Atlas comme la segmentation standard basée Atlas (Rohlfing et al., 2004). En multi-Atlas segmentation, certains travaux utilisent un recalage non-rigide des étiquettes d'Atlas sur l'image cible (Klein et al., 2009), et d'autres utilisent une fusion d'étiquettes (Aljabar et al., 2009; Artaechevarria et al., 2009; Asman et al., 2014; Asman and Landman, 2013). Le nombre d'Atlas à utiliser, leur sélection, leur recalage et la méthode de fusion ont un impact important sur la qualité de la segmentation (Aljabar et al., 2009).

c) Segmentation basée sur Atlas probabiliste

Dans la segmentation basée sur Atlas probabiliste, un Atlas probabiliste ou une combinaison des Atlas topologiques est utilisé pour estimer un modèle probabiliste des images d'entrée. Ce modèle probabiliste peut être estimé par différentes méthodes: cadre bayésien statistique (van der Lijn et al., 2008), paramétrique (modèles de mélange gaussien) ou des approches non paramétriques (fenêtres Parzen) (S. Bricq et al., 2008). En règle générale, la segmentation basée sur Atlas probabiliste est utilisée dans la segmentation de nouvelles classes ou des classes avec une forte variabilité anatomique.

Récemment, l'apprentissage à base de segmentation multi-Atlas a émergé comme une nouvelle famille de méthodes de la segmentation multi-Atlas. La première étude traite la génération d'une bibliothèque de modèles tels que l'algorithme LEAP (Wolz et al., 2010) et le « MAGeT Brain » (Chakravarty et al., 2013). D'autres approches utilisent des algorithmes d'apprentissage automatique supervisé comme SVMs (Hao et al., 2014) et des réseaux de neurones artificiels (Powell et al., 2008).

Malheureusement, cette robustesse de multi-Atlas segmentation se fait au détriment de la complexité des calculs parce que les approches multi-Atlas et les méthodes d'apprentissage reposent sur des recalages non-rigides coûteux. Pour surmonter ce problème, sans compromettre la qualité de la

¹ <http://www.loni.usc.edu/> (consulté le 18/03/2016)

² <https://www.nitrc.org/projects/ibsr/> (consulté le 18/03/2016)

segmentation, de nouvelles approches ont vu le jour pour réduire au minimum le coût de la complexité de calcul (Asman et al., 2015; D. Zikic et al., 2014).

II.5.4 Applications des méthodes de segmentation basée Atlas

La segmentation basée sur l'Atlas a été appliquée avec succès dans une grande variété de problèmes de segmentation biomédicale. Le champ le plus répandu de l'application est l'analyse du cerveau par IRM, pour deux raisons simples : la segmentation joue un rôle principal dans un large éventail de problèmes de neuroimagerie et le succès des méthodes de recalage d'image dans ce domaine. La plupart des travaux appliqués aux données du cerveau IRM a mis l'accent sur la segmentation des régions corticales et sous-corticales dans les images structurelles, généralement acquises avec des séquences IRM pondérées en T1 (Iglesias and Sabuncu, 2015).

a) Segmentation des tissus cérébraux

Les approches fondées sur l'Atlas pour la segmentation des tissus cérébraux sont pour la plupart dans un cadre statistique et utilisent des Atlas probabilistes comme information a priori. En raison de la nécessité de l'algorithme EM à l'initialisation des paramètres du modèle MRF, Atlas probabiliste est utilisé comme une classification préalable (S. Bricq et al., 2008). Initialisation des probabilités à partir d'Atlas permet de modéliser et d'apprendre la fonction de densité de probabilité (PDF). Dans (Ashburner and Friston, 2005), les auteurs proposent une combinaison entre l'étape de recalage initiale et la segmentation. Dans leur approche, les paramètres du mélange de modèle gaussien sont estimés par EM en utilisant Atlas probabilités et l'intensité du volume. Dans (Vrooman et al., 2007), des échantillons de tissus sont extraits à l'aide d'un Atlas, puis utilise l'algorithme de recouvrement minimal des arbres pour réduire les valeurs aberrantes. Ces échantillons ont été utilisés pour apprendre un k-plus proches voisins (kNN). Récemment, de nombreuses méthodes ont été développées pour segmenter l'ensemble du cerveau dans un grand nombre de régions (Kotrotsou et al., 2014; Ledig et al., 2015).

b) Segmentation des structures cérébrales

Malgré les approches fondées uniquement sur l'intensité de voxel ont réalisé un grand nombre de résultats. En raison de l'absence de frontières clairement définies entre certaines structures du cerveau et des sous-structures, il a été nécessaire d'introduire une information spatiale a priori pour la segmentation des structures anatomiques. Ces structures présentent des formes bien définies qui montrent la variabilité anatomique inter-sujet.

Plusieurs études utilisent des techniques de la propagation d'étiquette et les stratégies de recalage disponibles (Baillard et al., 2001; Klein and Hirsch, 2005). Cette technique est étendue pour construire des cartes floues (Ciofalo and Barillot, 2009). D'autres recherches proposent des approches multi-Atlas pour fournir une meilleure capture de la variabilité anatomique. La combinaison de différentes Atlas topologiques est utilisée dans la segmentation automatique des IRM cérébrales anatomique en combinant la propagation des étiquettes et de la fusion de décisions (Heckemann et al., 2006). Récemment, d'autres études ont également mis l'accent sur les ROIs, tels que le cervelet (Weier et al., 2014), l'amygdale (Klein-Koerkamp et al., 2014), et les structures anatomiques d'intérêt (Tang et al., 2015). La segmentation multi-Atlas a également été appliquée dans la segmentation des structures corticales et sous-corticales dans les données IRM de fœtus et les nourrissons (Makropoulos et al., 2014; Wang et al., 2014).

c) Segmentation des IRM cérébrales pathologiques

Le tissu pathologique n'est pas présent sur les Atlas anatomiques. Les méthodes de segmentation en cas de lésions tissulaires utilisent habituellement un Atlas anatomique pour segmenter les tissus cérébraux et considèrent les lésions comme des valeurs aberrantes. Les lésions de sclérose en plaques sont détectées par la recherche de valeurs aberrantes qui suivent un ensemble de règles définies par l'utilisateur

(Van Leemput et al., 2001). De la même manière (Stephanie Bricq et al., 2008), l'approche de la chaîne de Markov cachée est utilisée pour détecter la sclérose en plaques comme valeurs aberrantes.

En outre, Atlas des maladies spécifiques pourraient être utilisés pour améliorer les résultats de segmentation (Mazziotta et al., 2000). Les Atlas anatomiques pourraient être étendues, des lésions segmentées étaient représentées manuellement à l'Atlas d'ICBM qui a été utilisé comme une caractéristique dans le cadre de classification (Kroon et al., 2008). D'autres méthodes proposent des modèles sophistiqués de la croissance de la lésion (Duay et al., 2004). Des travaux récents d'application de la segmentation par Atlas sont proposés dans la prédiction de la maladie d'Alzheimer (Morin et al., 2012), la segmentation des tumeurs (Darko Zikic et al., 2014), et la détection des anomalies de l'hippocampe (Winston et al., 2013).

II.6 La super-résolution des images IRM

II.6.1 Introduction

L'obtention d'image de haute résolution est essentielle pour de nombreuses applications d'imagerie. Le fait d'obtenir le plus de détails possibles de l'objet observé permet une meilleure vision de la réalité. Les performances de l'algorithme de traitement d'image sont souvent limitées par la résolution de l'image. La résolution en imagerie médicale est limitée par le matériel, le bruit (SNR), les contraintes de temps et le confort des patients.

La super-résolution (SR) est une véritable thématique de recherche dans le domaine du traitement du signal. Elle fut réellement émergente au début des années 2000. Son principe repose sur l'exploitation simultanée d'images dites de basse résolution (BR) d'un même objet (observé sous différents points de vue) dans le but d'obtenir une image dite de haute résolution (HR). De nombreux domaines sont concernés comme par exemple, le traitement du signal vidéo, l'imagerie médicale, la criminalistique, la télédétection, l'astronomie ou encore les applications militaires (Park et al., 2003).

La résolution est un point clé dans l'analyse d'images médicales. Au cours des dernières années, les techniques de super résolution ont émergées comme une alternative pour augmenter efficacement la résolution des données reconstruites. L'objectif de la reconstruction d'image est de produire une image avec une résolution plus élevée en utilisant une ou un ensemble d'images capturées à partir de la même scène. L'idée de base de super-résolution est la fusion d'une séquence des images de basses résolutions floues et dégradées pour produire une image de résolution supérieure. Les derniers travaux sur la super-résolution ont montré leur efficacité dans l'analyse des images médicales (Van Reeth et al., 2012). On présente dans cette section une petite synthèse de la super-résolution. Pour plus de détails, des études précises et détaillées ont été décrites dans (Farsiu et al., 2004; Glasner et al., 2009; Kathiravan and Kanakaraj, 2014; Park et al., 2003)

II.6.2 Processus de formation / dégradation de l'image

Comprendre le principe de la super-résolution, c'est formuler le lien qui existe entre les images BR et l'image HR. Une image BR est une vision bruitée, sous-échantillonnée et floutée de l'objet réel continu lors de son acquisition (Figure II-12). Ce sont ces trois principales dégradations que l'on retrouve dans les images numériques.

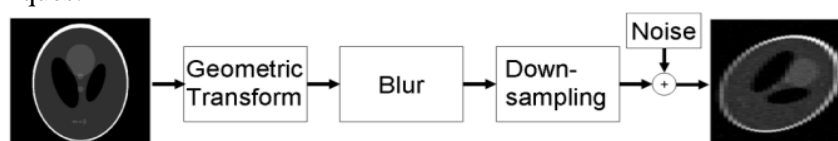


Figure II-12 : Illustration du model d'image appliqué en super-résolution

Le terme « problème inverse » désigne la déduction des valeurs des paramètres caractérisant le système étudié à partir des résultats des observations réelles. Un problème inverse ne satisfiera pas une ou plusieurs des propriétés bien posées. Dans le contexte de SR, les résultats sont des images de basse résolution (LR) et les causes sont des images à haute résolution (HR). Nous avons des images LR et nous voulons trouver l'image HR qui a produit les images LR.

Les problèmes inverses sont souvent mal posés car le processus de calcul d'une solution inverse peut être extrêmement instable en ce qu'un petit changement dans les données observées peut conduire à un grand changement dans le modèle estimé. La condition de stabilité est souvent violée et les problèmes doivent être reformulés pour un traitement numérique. La super-résolution (SR) est un problème mal posé (Kathiravan and Kanakaraj, 2014). Pour rendre le problème bien posé, la régularisation est appliquée pour fournir des contraintes supplémentaires sur la solution.

II.6.3 Les techniques de Super-résolution

En super-résolution, le processus de reconstruction des images de haute résolution peut être à partir d'une seule image (single frame) (Figure II-13) ou plusieurs images sources (multiple frames) (Figure II-14).

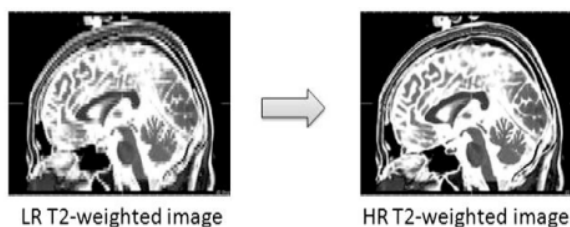


Figure II-13 : Super-résolution à partir d'une seule image

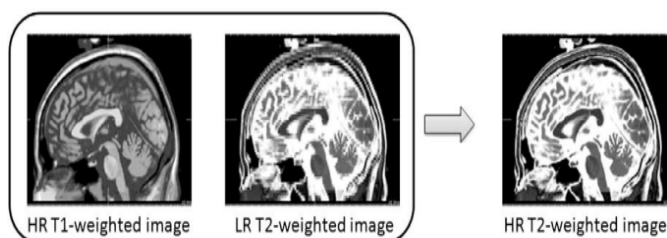


Figure II-14 : Super-résolution à partir de plusieurs images

En général, les techniques de l'image SR sont classées en quatre catégories (Kathiravan and Kanakaraj, 2014):

- L'approche basée sur le domaine fréquentiel
- L'approche fondée sur l'interpolation
- L'approche fondée sur la régularisation
- L'approche fondée sur l'apprentissage

Les trois premières catégories obtiennent une image de HR à partir d'un ensemble d'images d'entrée LR tandis que le dernier atteint le même objectif en exploitant les informations fournies par une base d'images d'apprentissage.

a) L'approche basée sur le domaine fréquentiel

L'approche du domaine fréquentiel fait usage explicite de l'aliasing qui existe dans chaque image LR pour reconstruire une image de HR. Il est un moyen intuitif pour améliorer les détails (habituellement de l'information à haute fréquence) des images en extrapolant les informations à haute fréquence présentée dans les images LR. Ces approches SR basées sur le domaine fréquentiel ont une faible complexité de calcul. Cependant, les méthodes SR basé domaine fréquentiel sont insuffisantes pour gérer les applications du monde réel (Nguyen and Milanfar, 2000).

b) L'approche fondée sur l'interpolation

L'approche de la SR à base d'interpolation construit une image HR en projetant toutes les images LR acquises sur l'image de référence. Ensuite, il fusionne toutes les informations disponibles à partir de chaque image, car chaque image LR fournit une quantité d'informations supplémentaires sur la scène. Notez que l'algorithme d'interpolation d'image seul ne peut pas bien traiter le problème de SR, car il ne peut pas produire toutes ces composants à haute fréquence perdus au cours du processus d'acquisition d'images. La qualité de l'image interpolée obtenue en appliquant n'importe quel algorithme d'interpolation d'image d'entrée est intrinsèquement limitée par la quantité de données disponibles dans l'image. L'approche de la SR à base d'interpolation est généralement constituée de trois étapes:

- La phase de recalage pour aligner les images d'entrées LR.
- L'étape d'interpolation pour produire une image de HR.
- L'étape de *de-blurring* pour améliorer l'image reconstruite HR produite dans la dernière étape.

L'étape d'interpolation joue un rôle clé dans ce cadre. Il existe plusieurs façons d'effectuer une interpolation. L'algorithme d'interpolation le plus simple est l'algorithme de plus proche voisin (NN), où chaque voxel inconnu est affecté par une valeur d'intensité qui est la même que celle de plus proches de ses voxels voisins. L'interpolation bicubique (B-cubic) prend en compte les 16 pixels les plus proches du point à interpoler. L'interpolation spline est une transformation géométrique sur une image en utilisant la notion mathématique de spline. Irani et Peleg (Irani and Peleg, 1991) ont proposé l'algorithme « *Iterative Back Projection (IBP)* », où l'image de HR est estimée en projetant itérativement la différence entre les images LR observées et les images LR simulées.

c) L'approche fondée sur La régularisation

L'idée de base de ces approches SR fondées sur la régularisation est d'utiliser la stratégie de régularisation pour intégrer la connaissance préalable de l'image HR inconnue. Typiquement, l'algorithme de reconstruction de SR est un problème mal posé. Les procédures adoptées pour stabiliser l'inversion du problème mal posé sont appelés régularisation. Suite aux succès réalisés par les champs de Markov pour modéliser les caractéristiques de l'image, en particulier les textures d'image, Bouman et Sauer (Bouman and Sauer, 1993) ont proposé l'algorithme de restauration d'image en utilisant un estimateur maximum *a posteriori* (MAP) avec le *Generalized Gaussian-Markov Random Field (GGMRF) prior*.

d) L'approche fondée sur l'apprentissage

Dans les approches basées sur l'apprentissage, l'information à haute fréquence de l'image unique LR donnée est renforcée par la récupération des informations à haute fréquence les plus susceptibles à partir des échantillons d'images d'apprentissage données en fonction des caractéristiques locales de l'image d'entrée LR. Datsenko et Elad (Datsenko and Elad, 2007) attribuent plusieurs patches candidats de haute qualité à chaque position de voxel dans l'image observée LR. Ceux-ci se trouvent comme des plus proches voisins dans une base d'image qui contient les pairs patches de LR et HR image correspondant.

Ces patches trouvés sont utilisés comme modèle d'image *a priori* qui sont injectés en une fonction d'un certain coût pour arriver à l'image HR souhaitée. Des recherches récentes sur les études statistiques de

l'image suggèrent que les patches d'image peuvent être représentés comme une combinaison linéaire d'éléments à partir d'un dictionnaire de patches d'image (Kim and Kwon, 2010; Yang et al., 2010). L'idée est de rechercher une représentation pour chaque patch de l'image LR, suivie par l'exploitation de cette représentation pour générer la sortie de l'image HR.

II.7 Conclusion

A travers ce chapitre, nous avons présenté quelques notions d'anatomie cérébrale, en particulier les tissus et les structures cérébrales. Les différentes modalités de l'imagerie médicale ont été discutées, en particulier l'imagerie par résonance magnétique, ses caractéristiques ainsi que ses défauts. Nous avons abordé aussi la notion de segmentation des images IRM et les différentes méthodes utilisées dans le domaine. Nous avons présenté également des points importants telles que la segmentation basée Atlas et la super-résolution.

Dans le domaine médical, on est face à des données de plus en plus volumineuses, complexes et hétérogènes où différentes modalités d'imagerie sont disponibles avec différentes caractéristiques, avantages et inconvénients. Les images considérées sont typiquement multi-sources / multimodales / multispectrales. Plusieurs types d'images sont en jeu, en particulier ceux liés au cerveau. L'exploitation de ces images est assistée par un système de traitement informatisé. Plusieurs modèles et algorithmes de traitement d'images médicales ont été développés pour extraire l'information, pour contribuer à l'analyser, à l'interpréter et/ou à l'exploiter dans divers applications. Les activités de recherche du traitement d'images médicales s'organisent autour du développement de modèles et d'algorithmes, de segmentation, de détection de changements et du suivi temporel, de construction et d'utilisation d'Atlas, d'interprétation d'informations anatomiques et fonctionnelles, normales ou pathologiques.

Malgré les avancés réalisés, ils demeurent insuffisant devant les défis de nouvelles applications et des artefacts de l'imagerie (en particulier le volume partiel). Deux approches sont utiles et exploitables dans nos recherches. La première est l'intégration de l'information *a priori* qui est très appliquée pour améliorer massivement la qualité de l'interprétation et la segmentation de l'image. Atlas est l'information préalable la plus utilisée qui apporte des connaissances spatiales dans le processus de segmentation. Différents recherches l'ont exploités dans des approches appelées *Atlas based segmentation*. La deuxième est la super-résolution utilisée dans de nombreux domaines comme le traitement du signal vidéo, l'imagerie médicale, la criminalistique, la télédétection, l'astronomie ou encore les applications militaires.

CHAPITRE III MODELESATION PAR LES CHAMPS DE MARKOV

III.1 Introduction

L'information véhiculée par une image va bien au-delà de la seule donnée des niveaux de gris en chaque site (voxel). La description se fait plutôt en termes de zones, contours, structures définis par les contrastes, textures, etc. qui peuvent être présents dans l'image. Le niveau de gris en un site n'est donc souvent pas significatif en lui-même, mais dans ses relations et interactions avec les voxels voisins. Cette propriété des images, à savoir les interactions locales entre niveaux de gris voisins pour définir les différentes régions de l'image, permet d'utiliser un formalisme markovien dans de nombreux traitements.

Les champs de Markov, initialement étudiés en mathématiques statistiques ont fait leur apparition en traitement d'images à la fin des années 80. Depuis, le domaine d'application des champs aléatoires de Markov ne cesse de croître, passant des problèmes de restauration, aux problèmes de segmentation, de reconstruction, d'analyse et synthèse de texture, d'analyse de mouvements, de détection de contours (Geman and Graffigne, 1986; Li, 2009; Mardia, 1988).

Dans ce chapitre, nous introduisons tout d'abord de façon intuitive la notion du champ de Markov et quelques définitions nécessaires à cette notion puis d'énoncer le théorème d'équivalence entre champs de Markov et champs de Gibbs. La modélisation statistique de la segmentation d'image est ensuite présentée, ainsi que les modèles markoviens les plus courants. En fin, nous abordons le problème de l'estimation des paramètres du modèle et la modélisation de l'effet de volume partiel.

III.2 Modélisation markovienne de la segmentation

III.2.1 Description de l'image

Une image est modélisée comme un ensemble fini de N sites indexés par $i \in \{1, \dots, N\}$. L'idée de la segmentation markovienne est d'introduire des interactions spatiales entre les étiquettes. Plus précisément, la modélisation markovienne considère que la dépendance de l'état d'un site par rapport à l'information contenue dans l'ensemble des sites est réduite à une information locale, contenue dans un voisinage du site.

L'image est formée d'un ensemble fini S de sites s_i correspondant aux voxels. A chaque site est associé un descripteur, représentant l'état du site et qui peut être son niveau de gris, une étiquette, ou une information plus complexe, et prenant ses valeurs dans E .

A chaque voxel s est associée une variable aléatoire Z_s prenant ses valeurs dans E , le descripteur z_s en s est alors une réalisation de Z_s . On définit le champ aléatoire $Z=(Z_1, Z_2, \dots, Z_{card(S)})$ prenant ses valeurs dans $E^{card(S)}$. L'image I est donc tout simplement une réalisation $z=(z_1, z_2, \dots, z_{card(S)})$ du champ aléatoire Z . La probabilité $P[Z = z]$ traduit la vraisemblance de l'image et la probabilité conditionnelle locale $P[Z_s=z_s/Z_t=z_t, t \neq s]$ permet de mesurer le lien statistique entre le voxel s et le reste t de l'image.

III.2.2 Notion de voisinage

La notion d'interactions locales nécessite de structurer les relations spatiales entre les différents sites. Pour ce faire, On définit un système de voisinage V . On désigne par $i \sim j$ la relation de voisinage entre deux sites i et j , et on note $N(i)$ l'ensemble des voisins de i . Les propriétés de la relation de voisinage sont :

- Un site n'est pas son propre voisin : $i \notin N(i)$.
- La relation de voisinage est symétrique : $j \in N(i), i \in N(j)$

Dans les images à deux dimensions, le pixel peut avoir soit 4 voisins, on parle alors de système 4-voisinage, ou bien il peut avoir 8 voisins, dans ce cas on parle de système 8-voisinage (Figure III-1).

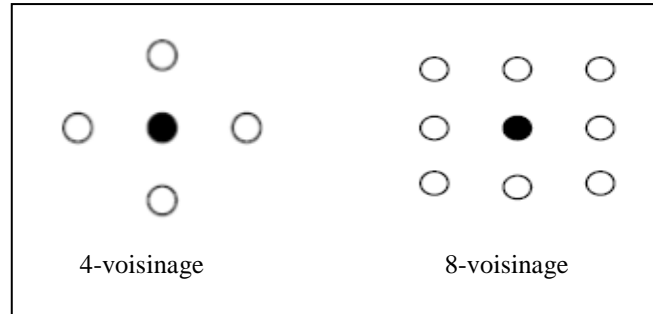


Figure III-1 : Systèmes de voisinage dans les images à deux dimensions (Li, 2009).

Pour les images 3D, le système de voisinage que nous venons de voir est insuffisant. Une image 3D n'est rien d'autre qu'une succession de coupes d'images 2D. Si nous appliquons le système de voisinage 2D sur chacune des coupes, les relations qui existent entre elles sont alors négligées. Pour pallier ce problème, il existe des systèmes de voisinage 3D à savoir : le 6-voisinage, le 18-voisinage et le 26-voisinage qui sont représentés par la Figure III-2.

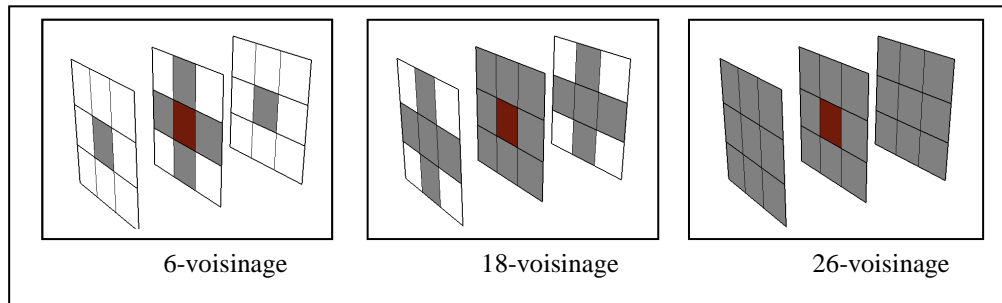


Figure III-2: Systèmes de voisinage dans les images à trois dimensions (Li, 2009).

Nous pouvons aussi trouver un autre système de voisinage appelé système de voisinage d'ordre R (R -order Neighborhood system) défini comme suit (Li, 2009):

$$V_s^R(S) = \{t \in S \mid distance(s, t)^2 \leq R^2, s \neq t\} \quad (2)$$

Le premier et le second ordre sont les plus utilisés.

III.2.3 Notion de clique

La relation de voisinage « \sim » permet de définir une clique, qui est un sous-ensemble de V . On appelle clique d'ordre R tout sous-ensemble C_R de R sites de V qui sont tous voisins l'un de l'autre : pour tout site i et j dans C on a $i \sim j$ (Figure III-3).

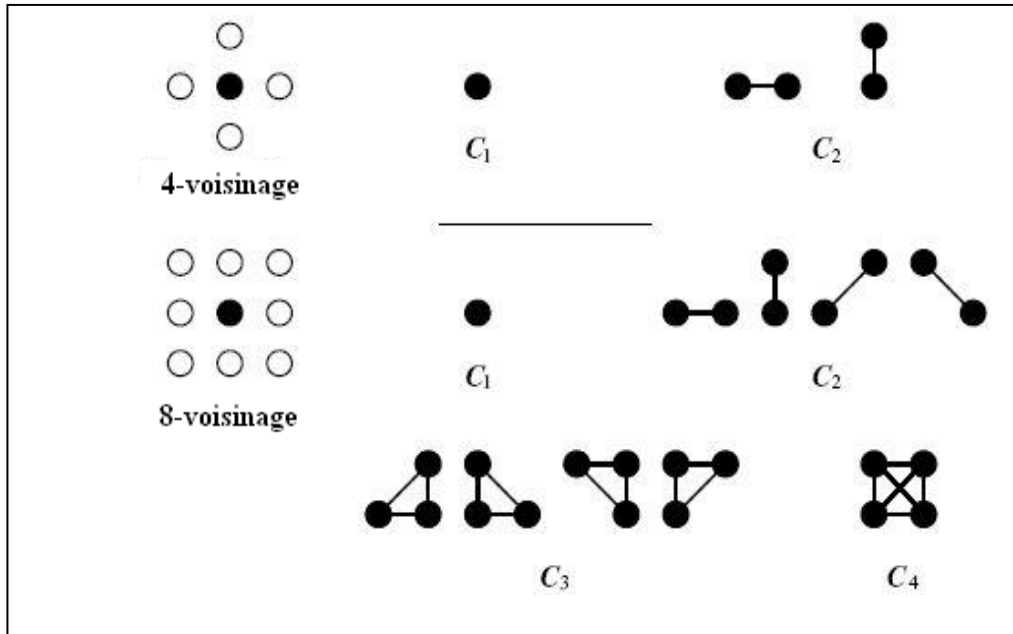


Figure III-3 Les cliques associées aux systèmes de voisinage 2D (Li, 2009)

A chaque clique $c \in C$ (ensemble de cliques) est associé un potentiel U_c , sa valeur dépend des descripteurs des voxels constituant la clique. L'énergie globale de l'image est alors définie comme la somme des potentiels de toutes les cliques. L'énergie locale en un site U_s est définie comme la somme des potentiels de toutes les cliques auxquelles il appartient :

$$U_s = \sum_{c \in C / s \in c} U_c \quad (3)$$

III.2.4 Champ de Markov

Un champ aléatoire Z est un champ de Markov sur V si la distribution jointe $p(z)$ vérifie les deux propriétés :

- Propriété markovienne : $\forall z, p(z_i | Z_{V/\{i\}}) = p(z_i | Z_{N(i)})$
- Positivité : $\forall z, p(z) > 0$

où $V/\{i\}$ désigne l'ensemble des sites de V privé du site i .

La propriété markovienne traduit le fait que l'influence des autres voxels de V sur un voxel i est réduite à l'influence du voisinage de i . La propriété de positivité permet de garantir l'unicité de la distribution jointe $p(z)$ du champ de Markov. Cette formulation ne permet cependant pas une expression simple de $p(z)$. Pour l'obtenir, on peut utiliser le théorème d'Hammersley-Clifford qui caractérise différemment un champ de Markov.

III.2.5 Théorème d'Hammersley-Clifford

Z est un champ de Markov $\Leftrightarrow p(z)$ est une distribution de Gibbs, avec la définition suivante d'une distribution de Gibbs :

Un champ aléatoire Z est régi par une distribution de Gibbs si la distribution de probabilité jointe est de la forme:

$$p(z) = W^{-1} \exp(-H(z)) \quad (4)$$

Où W est une fonction de normalisation, aussi appelée fonction de partition définie par :

$$W = \sum_z \exp(-H(z)) \quad (5)$$

H est une énergie définie à une constante près qui se décompose en une somme de fonctions potentielles U_c associées aux cliques $c \in C$:

$$H(z) = \sum_{c \in C} U_c(z_c) \quad (6)$$

L'énergie globale d'un champ de Gibbs possède donc la propriété de se décomposer sous forme d'une somme d'énergies locales, qui comme on le verra par la suite, permettront d'accéder aux probabilités conditionnelles locales. Notons ici que plus une configuration d'un champ de Gibbs a une énergie faible, plus elle est probable.

III.2.6 Modèles de champs de Markov standards

Nous allons présenter dans cette partie les modèles de champs de Markov les plus utilisés. Ils seront définis essentiellement par leur fonction de potentiel.

a) Modèle d'Ising

L'espace d'état est un espace binaire $\{-1,1\}$, les potentiels de cliques d'ordre 1 (un seul site) sont de la forme $-Bz_i$, et les potentiels d'ordre 2 sont définis par: (Scherrer, 2008)

$$U_{c=\{i,j\}}(z_i, z_j) = -\beta z_i z_j = \begin{cases} -\beta & \text{si } z_i = z_j \\ \beta & \text{sinon} \end{cases} \quad (7)$$

Où β est la constante de couplage entre site i et site j , et B représente un champ magnétique externe.

L'énergie globale d'une configuration est donc :

$$U(z) = - \sum_{c=\{i,j\}} \beta z_i z_j - \sum_{i \in S} B z_i \quad (8)$$

β régularise le modèle : lorsque $\beta > 0$, les configurations d'énergie minimale sont celles pour lesquelles les sites ont le même état, et si $\beta < 0$ les configurations privilégiées sont celles où les sites sont d'états opposés.

b) Le modèle de Potts

Le modèle de Potts est une généralisation du modèle d'Ising pour un espace de descripteurs $E=\{1, \dots, K\}$, qui peut être dans le domaine de la segmentation d'images soit l'espace des niveaux de gris ou alors l'espace des étiquettes. Ce modèle est défini seulement pour les cliques de cardinale 2, leur potentiel est donné par :

$$U_{c=\{i,j\}}(z_i, z_j) = \langle z_i, z_j \rangle = -\beta z_i z_j = \begin{cases} -\beta & \text{si } z_i = z_j \\ \beta & \text{sinon} \end{cases} \quad (9)$$

Lorsque $\beta > 0$, les configurations les plus probables correspondent à des sites voisins ayant des descripteurs égaux, ce qui dans le cas du traitement d'image donne des réalisations avec de grandes zones homogènes (au sens de la similarité entre descripteurs). La taille de ces régions est gouvernée par la valeur de la constante de couplage β .

Il est possible de raffiner ce modèle en considérant des valeurs de β différentes suivant les directions explorées dans la clique (vertical/horizontal en 4-connexités par exemple), et donc de privilégier la détection de zones homogènes directionnelles.

Le modèle de Potts simple revient à considérer (Scherrer, 2008) :

$$U_i(z_i) = 0$$

$$U_{ij}(z_i, z_j) = \langle z_i, z_j \rangle = \begin{cases} 1, & \text{si } z_i = z_j \\ 0, & \text{sinon} \end{cases} \quad (10)$$

Une distance $d(i, j)$ entre les voxels i et j peut être introduite dans le potentiel sur les paires. Elle permet de faire davantage confiance aux voxels voisins proches de i :

$$U_{ij}(z_i, z_j) = \frac{\langle z_i, z_j \rangle}{d(i, j)} \quad (11)$$

On peut aussi définir un modèle de Potts avec champ externe, qui consiste à définir des potentiels non nuls sur les singletons :

$$U_i(z_i) = \langle z_i, v_i \rangle \quad \text{et} \quad U_{ij}(z_i, z_j) = \langle z_i, z_j \rangle \quad (12)$$

Les v_i sont des paramètres supplémentaires définis en chaque voxel définissant le champ externe. Les v_i peuvent être considérés comme des paramètres pondérant l'importance relative des K classes en chaque site i . Ils peuvent permettre de favoriser une classe donnée en chaque site. Ils peuvent aussi permettre l'introduction d'une connaissance *a priori* dans la segmentation.

III.2.7 Modélisation statistique de la segmentation d'image

Une image peut être modélisée comme un ensemble fini de N sites indexés par $i \in \{1, \dots, N\}$ et spatialement organisés sur une grille régulière (Figure III-4).

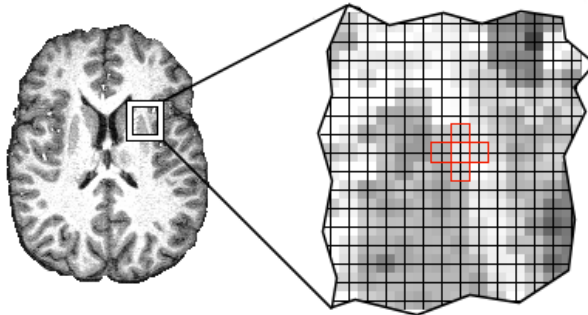


Figure III-4 : Modélisation d'une image

Ces sites correspondent pour une IRM 3D aux N voxels du volume organisés sur une grille tridimensionnelle. La segmentation d'image peut être considérée comme un problème à données manquantes : en chaque site i s'expriment des données observées y_i et des données manquantes (ou cachées) z_i que l'on cherche à retrouver, les étiquettes. Lorsque les données observées sont issues d'une seule image, y_i est le niveau de gris observé au voxel i : $y_i \in \mathbb{R}$ (segmentation monomodale). Lorsque les données observées sont issues de M images recalées entre elles, y_i est un vecteur de dimension M , $y_i \in \mathbb{R}^M$, qui représente l'ensemble des données observables pour le voxel i (segmentation multimodale).

Les données observées et les étiquettes sont modélisées par des champs aléatoires, notés respectivement $Y = \{Y_1, \dots, Y_N\}$ et $Z = \{Z_1, \dots, Z_N\}$.

Les Z_i sont à valeur dans $z_i \in \{e_1, \dots, e_K\}$ et correspondent à l'étiquette (cachée) de chaque voxel que l'on cherche à retrouver. Par exemple, pour la segmentation des tissus purs on considère généralement $\{e_1, e_2, e_3\} = \{\text{LCR}, \text{MG}, \text{MB}\}$ pour les trois tissus liquide céphalo-rachidien, matière grise et matière blanche.

Les données observées Y représentent une version dégradée de l'image cachée « idéale » Z (Figure III-5). On peut considérer que Y dépend de Z via une fonction de densité conditionnelle connue $p(y|z, \Phi_y)$: c'est le modèle d'intensité de chaque classe, qui intègre le modèle de formation de l'image, dépendant de paramètres Φ_y . La segmentation consiste à résoudre le problème à données incomplètes ou manquantes (Y, Z) en calculant une estimation \hat{Z} de Z sachant Y .

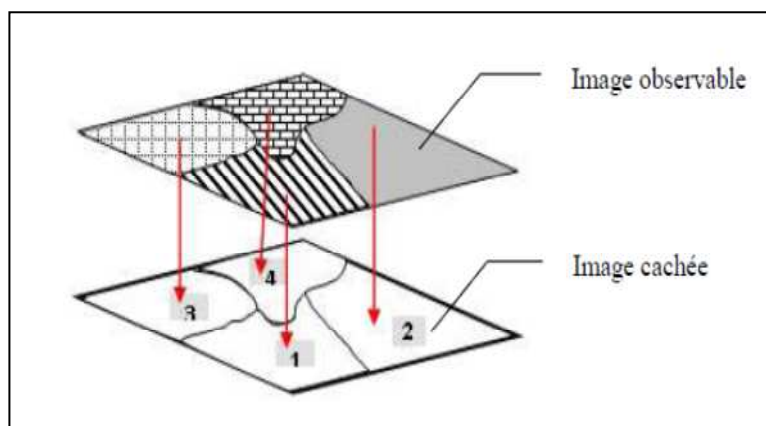


Figure III-5 : Segmentation d'image modélisée comme problème à données incomplètes

Les méthodes de segmentation bayésiennes se basent sur le principe suivant : la segmentation que l'on cherche à calculer z est considérée comme la réalisation du champ aléatoire Z de distribution $p(z|\Phi_z)$, qui dépend de certains paramètres Φ_z . La densité a posteriori de z s'écrit alors grâce à la loi de Bayes :

$$p(z|y, \Phi) \propto p(y|z, \Phi_y)p(z|\Phi_z) \quad (13)$$

Avec $\Phi = (\Phi_y, \Phi_z)$. Cette densité représente la probabilité de la réalisation z connaissant l'image y et les paramètres Φ . Un critère standard pour segmenter l'image est d'estimer la « meilleure » réalisation z via l'estimateur du maximum *a posteriori* (MAP) :

$$\hat{z} = \arg \max_z (p(z|y, \Phi)) \quad (14)$$

Pour régulariser la segmentation, on définit sur Z un champ de Markov, permettant de prendre en compte les dépendances spatiales entre les étiquettes. Z est alors régi par la distribution de Gibbs :

$$p(z|\Phi_z) = W_{\Phi_z}^{-1} \exp(-H(z|\Phi_z)) \quad (15)$$

Puisque les Z_i ne prenant qu'un nombre fini d'états parmi K , Z est en fait plus précisément un champ de Markov caché discret (*Hidden Markov Random Field*, HMRF). Les observations Y sont considérées indépendantes conditionnellement sachant Z , de sorte que :

$$p(y|z, \Phi_y) = \prod_{i \in V} p(y_i|z_i, \Phi_y) \quad (16)$$

La probabilité conditionnelle $p(z|y, \Phi)$ correspond alors aussi à un champ de Markov qui est une distribution de Gibbs :

$$p(z|y, \Phi) \propto W_{\Phi_z}^{-1} \exp\{-H(z|\Phi_z) + \sum_{i \in V} \log p(y_i|z_i, \Phi_y)\} \quad (17)$$

Qui a pour fonction d'énergie :

$$H(z|y, \Phi) = H(z|\Phi_z) - \sum_{i \in V} \log p(y_i | z_i, \Phi_y) \quad (18)$$

Cette fonction d'énergie est une fonction centrale dans les modèles de segmentation markovienne. Elle est composée de deux termes : un terme de régularisation spatiale et un terme d'attache aux données.

a) Terme de régularisation spatiale

Le terme de régularisation spatiale est $H(z|\Phi_z)$ qui décrit la structure du champ markovien Z . Lorsque l'on considère des cliques d'ordre au plus 2, on a l'expression générale suivante :

$$H(z|\Phi_z) = - \sum_{i \in V} \left[U_i(z_i) + \frac{\beta}{2} \sum_{j \in N(i)} U_{ij}(z_i, z_j) \right] \quad (19)$$

Les potentiels $U_i(z_i)$ sur les singletons pondèrent l'importance des différentes classes au voxel i . Les potentiels U_{ij} sur les paires de voxels voisins sont les termes de corrélation spatiale. β étant un paramètre ajustant l'influence de la corrélation spatiale dans le modèle. Plusieurs choix peuvent être utilisés pour modéliser ce terme de régularisation spatiale.

b) Terme d'attache aux données

Le deuxième terme décrit les données y dans le problème à données incomplètes (Y, Z) . On peut considérer des densités de probabilité gaussiennes g_k pour chaque classe de tissu (Sijbers et al., 1998). Dans le cas monodimensionnel une seule observation y_i est disponible par voxel. g_k est alors une distribution gaussienne de moyenne μ_k et de variance σ_k^2 dépendant de k . Les paramètres du modèle d'intensité sont $\Phi_y = \{\mu_k, \sigma_k, k=1 \dots K\}$

$$p(y_i | z_i = e_k, \Phi_y) = g_k(y_i) = \frac{1}{\sigma_k \sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{(y_i - \mu_k)^2}{2\sigma_k^2}\right) \quad (20)$$

III.3 Estimation des paramètres du modèle

Dans une approche de segmentation non-supervisée, les paramètres Φ ne sont pas connus et doivent être estimés. On considère généralement deux approches l'algorithme *Iterated Conditional Modes* et l'algorithme d'Espérance-Maximisation.

III.3.1 Algorithme ICM non supervisé

L'algorithme *Iterated Conditional Modes* (ICM) (Besag, 1986) permet d'approximer l'estimateur du MAP en alternant étiquetage des voxels et estimation des paramètres pour résoudre le problème de la segmentation.

a) Etape de segmentation :

Le principe de l'étape de segmentation consiste à mettre à jour les voxels de manière itérative et les uns après les autres à partir de l'information contenue dans les observations y et dans les valeurs courantes z du champ Z sur les autres voxels. En se basant sur l'itération $r-1$, la classe de chaque voxel z_i est mise à jour à l'itération r par :

$$z_i^{(r)} = \arg \max_{z_i} P\left(z_i | Z_{N(i)}^{(r-1)}, y_i, \Phi^{(r-1)}\right) \quad (21)$$

On décompose avec la règle de Bayes en :

$$\begin{aligned} z_i^{(r)} &= \arg \max_{z_i} \left(p \left(z_i \mid Z_{N(i)}^{(r-1)}, \Phi_z^{(r-1)} \right) p \left(y_i \mid z_i, \Phi_y^{(r-1)} \right) \right) \\ &= \arg \max_{z_i} \left(\exp \left(-H \left(z_i \mid Z_{N(i)}^{(r-1)}, \Phi_z^{(r-1)} \right) + \log p \left(y_i \mid z_i, \Phi_y^{(r-1)} \right) \right) \right) \end{aligned} \quad (22)$$

Le calcul de ces probabilités locales est facile car il ne fait intervenir que les différents états possibles d'un voxel, au lieu de toutes les configurations de l'image comme dans le calcul de l'estimateur du MAP. La nouvelle classe e_l du voxel i est donc donnée par :

$$l = \arg \max_{k=1..K} \left(-H \left(z_i = z_k \mid Z_{N(i)}^{(r-1)}, \Phi_z^{(r-1)} \right) + \log p \left(y_i \mid z_i = e_k, \Phi_y^{(r-1)} \right) \right) \quad (23)$$

En calculant la nouvelle classe de tous les voxels $i = 1..N$ du volume, on obtient $z(r)$ la nouvelle configuration des étiquettes à l'itération r . Lorsque le parcours se fait de manière séquentielle, on peut montrer que la probabilité de la segmentation courante ne décroît jamais (Scherrer, 2008). Cette propriété assure la convergence de l'algorithme vers un maximum local de la distribution conditionnelle $p(z/y, \Phi)$.

b) Etape d'estimation

Le paramètre Φ_y est mis à jour par maximum de la log-vraisemblance conditionnelle :

$$\Phi_y^{(r)} = \arg \max_{\Phi_y} \log p(y \mid z^{(r)}, \Phi_y) \quad (24)$$

Avec des densités gaussiennes de moyenne μ_k et de variance σ_k^2 :

$$\mu_k^{(r)} = \frac{\sum_{i=1..N} \langle e_k, z_i^{(r)} \rangle y_i}{\sum_{i=1..N} \langle e_k, z_i^{(r)} \rangle} \quad (25)$$

$$\sigma_k^{(r)} = \frac{\sum_{i=1..N} \langle e_k, z_i^{(r)} \rangle (y_i - \mu_k^{(r)})^2}{\sum_{i=1..N} \langle e_k, z_i^{(r)} \rangle} \quad (26)$$

Le paramètre $\Phi_z = \{ \beta \}$ représentant l'influence de la corrélation spatiale dans $H(z/\Phi_z)$ peut être estimé numériquement.

Algorithme III-1 : Algorithme ICM

Calculer une segmentation initiale $z^{(0)}$

$r = 0$

BOUCLE

$r \leftarrow r + 1$

Estimation :

Mettre à jour Φ_y : Calcul de $\mu_k^{(r)}$ et $\sigma_k^{2(r)}$ en fonction de $z^{(r-1)}$ pour tout k .

Mettre à jour Φ_z

Segmentation :

Mettre à jour l'étiquette de chaque voxel : Calcul de $z^{(r)}$ en fonction de $\mu_k^{(r)}$, $\sigma_k^{2(r)}$ et $z^{(r-1)}$

TANTQUE non convergence ALLER A BOUCLE

Le test de convergence peut se baser sur le nombre de voxels dont l'étiquette change entre deux étapes de segmentation.

III.3.2 Algorithme EM

L'algorithme d'Espérance-Maximisation est un algorithme proposé par Dempster dans (Dempster et al., 1977). EM est un algorithme qui vise à calculer une estimation des paramètres par maximum de vraisemblance dans un modèle à données incomplètes (Z, Y) . Il cherche à estimer les paramètres pour lesquels les données observées sont les plus probables.

Soit y une réalisation de la loi de densité $p(y|\Phi)$. On appelle vraisemblance du paramètre Φ , la fonction $L(\Phi, y)$ définie par :

$$L(\Phi, y) = p(y|\Phi) \quad (27)$$

Nous sommes donc amené à chercher le (ou les) paramètre(s) Φ qui maximise(nt) cette quantité $L(\Phi, y)$. C'est une fonction du ou des paramètres Φ et des observations y_i . La ou les valeurs du paramètre Φ qui maximisent la vraisemblance $L(\Phi, y)$ sont appelées "estimateurs du maximum de vraisemblance" (estimateur MV).

Si (z, y) une réalisation de la distribution $p(z, y|\Phi)$. On appelle vraisemblance complète du paramètre Φ la fonction $L_c(\Phi, z, y)$ définie par :

$$L_c(\Phi, z, y) = p(z, y|\Phi) \quad (28)$$

Maximiser une fonction ou maximiser son logarithme est équivalent, le passage au logarithme permettant de simplifier les calculs, l'estimateur du maximum de log-vraisemblance complète est :

$$\Phi^{MVC} = \arg \max_{\Phi} \log (L_c(\Phi, z, y)) \quad (29)$$

Dans un problème à données manquantes, on remplace la log-vraisemblance complète du paramètre Φ par son espérance conditionnellement aux données observées. Pour maximiser à chaque itération des approximations locales successives de la vraisemblance, l'algorithme EM consiste alors en la maximisation itérative de la fonction Q définie à l'itération r par :

$$Q(\Phi|\Phi^{(r)}) = \mathbb{E} [(\log L_c(\Phi, Z, y) | Y = y, \Phi^{(r)})] = \mathbb{E} [(\log p(Z, y|\Phi) | Y = y, \Phi^{(r)})] \quad (30)$$

Algorithme III-2 : Algorithme EM

Initialisation : Commencer avec une première valeur $\Phi_{(0)}$ de Φ ,

Maximisation itérative de $Q(r)$:

Etape E: Calcul de $Q(\Phi|\Phi^{(r)})$

Etape M: Mise à jour des paramètres par $\Phi(r) = \arg \max_{\Phi} Q(\Phi|\Phi^{(r-1)})$

A chaque itération la vraisemblance $L(\Phi, y) = p(y|\Phi)$ est augmentée prouvant la convergence de l'algorithme (Wu, 1983).

Dans sa version la plus simple de l'algorithme de la segmentation d'IRM cérébrales, la distribution de l'intensité de chaque classe de tissus est approximée par une gaussienne de moyenne μ_k et de variance σ_k^2 (Van Leemput et al., 1999a, 1999b; Wells III et al., 1996).

III.4 Modélisation de l'effet de volume partiel

Les artefacts d'acquisition spécifiques à l'IRM sont nombreux, ce sont souvent la cause de l'échec des différentes techniques de segmentation automatique en imagerie médicale. Lorsque la surface de la structure à segmenter est importante par rapport à son volume, la résolution finie des images conduit à des effets de volume partiel qui gênent la segmentation : les voxels qui englobent la frontière vont contenir deux ou plusieurs types de tissus. L'effet de volume partiel se caractérise par la présence de plus d'une classe à l'intérieur d'un même voxel de l'image. Chaque voxel de l'image est généralement considéré comme un mélange de plusieurs tissus purs et l'objectif de la segmentation consiste à déterminer la fraction relative de chaque classe de tissu à l'intérieur de chaque voxel.

La prise en compte du volume partiel est particulièrement importante lorsque la segmentation a pour application le calcul du volume des structures (volume des structures sous-corticales, épaisseur du cortex, etc.). La connaissance des classes de volume partiel, et plus particulièrement la proportion des tissus en chaque voxel, permet un calcul plus fin du volume.

Les approches statistiques de classification permettent d'intégrer naturellement la modélisation du volume partiel. Des modélisations statistiques ont été proposées pour décrire ce phénomène. On peut identifier deux types d'approches : celles qui ajoutent des classes au modèle pour représenter les voxels de volume partiel, et celles qui estiment les proportions de chaque tissu contenues dans les voxels. Nous s'intéressons aux approches statistiques qui montrent leur efficacité pour l'estimation réelle des volumes partiels.

III.4.1 Prise en compte du volume partiel par ajout de classes

Une approche classique est de considérer une segmentation en $K + K'$ classes, avec K le nombre de classes de tissus purs (TP) et K' le nombre de classes de volume partiel (VP). On considère généralement : $K = 3$ classes de tissus purs : LCR, MG, MB.

$K' = 2$ classes de volumes partiels LCR+MG et MG+MB, négligeant les voxels LCR+MB et ceux contenant trois types de tissus car la probabilité de leurs existence est pratiquement nulle.

La modélisation des classes de tissus purs et les classes de volume partiel est faite par des gaussiennes (Ruan et al., 2000). Chaque classe est modélisée par une gaussienne avec ses propres paramètres (moyenne et variance). Les paramètres des gaussiennes sont estimés via un EM classique à 5 classes. La modélisation gaussienne des distributions des classes de VP est cependant peu adaptée (Cuadra et al., 2005).

III.4.2 Prise en compte du volume partiel par estimation de proportions des tissus

Une autre approche propose un modèle plus réaliste qui consiste à considérer une densité de probabilité gaussienne seulement pour les classes de tissus purs. Les classes de volume partiel sont modélisés par des gaussiennes de paramètres $(\mu_k \text{ et } \sigma_k^2)$ calculés par une combinaison de ceux $(\mu_{l_1}, \mu_{l_2}, \sigma_{l_1}^2 \text{ et } \sigma_{l_2}^2)$ des tissus purs (l_1 et l_2) contribuant aux voxels considérés (Santago and Gage, 1993) :

$$\mu_k = \alpha \mu_{l_1} + (1 - \alpha) \mu_{l_2} \quad \text{et} \quad \sigma_k^2 = \alpha^2 \sigma_{l_1}^2 + (1 - \alpha)^2 \sigma_{l_2}^2 \quad (31)$$

Où $\alpha \in [0, 1]$ est la proportion de tissu pur l_1 dans le mélange.

Les approches basées sur cette modélisation permettent une meilleure modélisation des classes de volume partiel comparativement à la modélisation gaussienne (Cuadra et al., 2005).

Une autre approche considère que l'image observée est le résultat d'un sous échantillonnage d'une image réelle de résolution plus fine, et qui ne contient que des tissus purs. Ils estiment avec un algorithme EM non pas l'étiquette de chaque voxel mais la proportion relative des tissus contenus dans chaque voxel. Elle introduit la notion de variation spatiale lente entre ces proportions (Van Leemput et al., 2003). Cette approche est fondée sur l'idée que les proportions des mélanges de tissu dans les voxels changent faiblement d'un voxel à l'autre.

Dans une approche en deux étapes, la première consiste à identifier les voxels de tissu pur des voxels contenant deux tissus différents. La deuxième consiste à estimer la proportion de chacun des deux tissus dans les voxels identifiés volume partiel durant la première étape. L'approche dénommée classification de volume partiel probabiliste calcule la probabilité de chaque combinaison de tissus possible à l'intérieur d'un voxel (Tohka, 2013).

Pour estimer les paramètres, Cette étape peut être faite par analyse d'histogramme, estimation simultanée des paramètres et des fractions de volume partiel dans des approches de type expectation maximization (EM)(Bricq, 2008; Ruan et al., 2000; Shattuck et al., 2001) ou en utilisant les segmentations des purs tissus (Manjón et al., 2008).

III.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons introduit les notions et les définitions relatives au champ de Markov où nous avons également énoncé le théorème d'équivalence entre champs de Markov et champs de Gibbs. La modélisation statistique de la segmentation d'image est ensuite présentée, ainsi que les modèles markoviens les plus courants. En fin, nous avons abordé le problème de l'estimation des paramètres du modèle et la modélisation de l'effet de volume partiel.

Les champs de Markov, initialement étudiés en mathématiques statistiques ont fait leur apparition et leur application très réussies en traitement d'images. Ces approches statistiques de classification permettent d'intégrer naturellement la modélisation du volume partiel. Des modélisations statistiques ont été proposées pour décrire ce phénomène. Cette modélisation a été adoptée et appliquée en plusieurs domaines d'imagerie médicale avec plusieurs versions.

CHAPITRE IV CLASSIFICATION COLLABORATIVE DE DONNEES MULTI-SOURCES

IV.1 Introduction

Il existe de nombreuses méthodes d'analyse et de traitement (classification, clustering, etc.). Celles-ci peuvent, même à partir des mêmes données, fournir des résultats différents. Cette multitude de méthodes et de sources de données impose à l'expert de choisir une méthode et fixer ses paramètres. Ce choix est lourd de conséquences et va conditionner le type de résultats qu'il pourra obtenir. Une connaissance importante du problème est nécessaire pour choisir la méthode de classification/clustering et les données de manière éclairée. Bien sûr, si l'expert n'a aucune connaissance sur ces données et sur le fonctionnement des algorithmes, il lui sera difficile de faire un choix sensé. Cependant, même avec une expertise sur les données et les algorithmes, il est bien souvent difficile de faire le bon choix.

Pour tenter de résoudre ce problème, la communauté scientifique s'est intéressée depuis plusieurs années à la combinaison de plusieurs méthodes de classification et de plusieurs sources d'informations. L'objectif est d'utiliser les résultats de plusieurs méthodes et sources dans le but d'en dégager un consensus ou une synthèse. Ces approches se basent sur l'intuition que combiner des informations fournies par différents acteurs, ou experts, peut améliorer la solution proposée à un problème. Dans ce chapitre, la deuxième section présente quelques notions sur le processus collaboratif, alors que la troisième aborde la fusion de l'information et d'images, tandis que la quatrième est consacrée au recalage des images. En fin la cinquième décrit des exemples de coopération.

IV.2 Classification collaborative

IV.2.1 Principe

Lorsque les données proviennent de différentes sources, l'information est trop complexe et hétérogène pour donner une représentation unique de la structure de données. D'autre part, il existe de nombreuses méthodes d'extraction automatique de connaissances, basées sur des techniques très différentes. Toutefois, chaque procédé présente des limites imposées (nombre de classes, le choix initial des centres des classes, la profondeur de l'hierarchie conceptuelle, etc.). Des approches collaboratives ont été développées basées sur l'idée que l'information offerte par différentes sources et différentes méthodes de classification est complémentaire (Kittler et al., 1998). La combinaison de différentes méthodes de classification peut accroître leur efficacité et leur précision. Une seule classification est produite à partir de résultats des méthodes ayant différents points de vue: tous les avis de classification individuelle sont utilisés pour obtenir une décision consensuelle, et chaque décision peut être traitée à partir d'une source différente.

Il existe de plusieurs façons de combiner des classifieurs. Dans (Alpaydin, 1998; Roli et al., 2001), les auteurs divisent les méthodes collaboratives en deux approches : les approches collaboratives multi-experts et les approches multi-étapes.

a) Les approches collaboratives multi-experts

Les différentes méthodes de classification travaillent en parallèle, la classification finale est calculée par une combinaison des résultats de classifications (Figure IV-1).

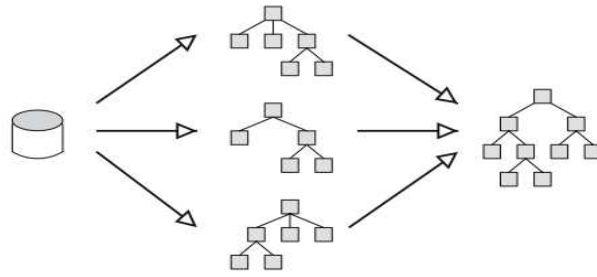


Figure IV-1 : Classification collaborative multi-experts (Alpaydin, 1998)

b) Les approches multi-étapes

Les méthodes travaillent en série, chaque méthode utilise le résultat trouvé par la précédente classification (Figure IV-2).

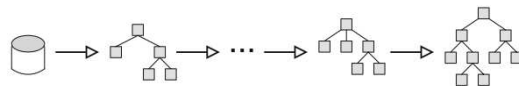


Figure IV-2 : Classification collaborative multi-étapes(Alpaydin, 1998)

Dans les deux cas, l'approche est décrite comme suit:

- Multi-stratégie, si différents types d'algorithmes sont utilisés en même temps.
- Multi-représentation, si les algorithmes utilisent des données différentes.

Il est possible de combiner différentes stratégies avec différentes sources de données (Figure IV-3) (Gançarski and Wemmert, 2007). De nombreuses techniques de classification collaboratives existent. Malheureusement, il est difficile d'appliquer les mêmes schémas pour toutes les applications.

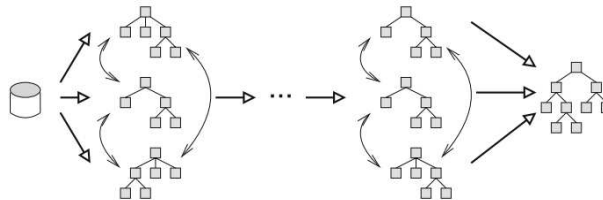


Figure IV-3 : Classification collaborative combinée(Alpaydin, 1998)

IV.2.2 Conflits en classification collaborative

La classification collaborative consiste à résoudre des conflits entre différents résultats de classification pour améliorer leur qualité et leur similarité. La détection de conflits s'effectue au niveau local, c'est-à-dire entre couples de résultats de classification. L'information locale (la répartition des objets dans les clusters d'un couple de résultats) permet de choisir le couple de résultats qui est le plus en désaccord, et par conséquent celui qui tirera le mieux parti de la résolution d'un conflit. Cependant, la validation au niveau global est sujette à une amélioration globale de la solution, c'est-à-dire une amélioration de l'ensemble des couples, ou au moins d'une partie importante. Il est donc difficile de s'assurer que les modifications faites au niveau local vont améliorer la solution globalement.

Déférentes stratégies de résolution de conflits sont utilisées. Le premier groupe de stratégies, appelées stratégies itératives qui consistent toujours à sélectionner un conflit candidat et son éventuelle résolution dans un processus itératif. Chaque stratégie propose une manière déférente d'effectuer le choix du conflit candidat. Cette stratégie, bien que pouvant apparaître comme la plus efficace, peut mener à des solutions non optimales. En effet, en résolvant à chaque itération le conflit le plus important, il est possible que le système converge très rapidement vers un extremum local. Par contre, un autre choix considère le

clustering collaboratif comme un processus d'optimisation. La stratégie consistant à autoriser une perte de qualité pendant un certain nombre d'itérations permet de réduire ce risque, mais n'assure toujours pas un parcours optimal de l'espace de recherche. De plus, il peut être difficile pour l'expert de choisir le nombre d'itérations pendant lesquelles la qualité peut diminuer.

Par contre, dans le deuxième groupe de stratégies appelé approche évolutionnaire, La classification collaborative peut être vue comme la recherche, à partir d'un ensemble de résultats de clustering, d'un autre ensemble de résultats de clustering qui maximise la similarité ainsi que la qualité des résultats. Pour trouver ce nouvel ensemble de résultats des algorithmes évolutionnaires (un algorithme génétique par exemple) ont été utilisés et adaptés.

IV.2.3 Intégration de connaissances dans le processus de collaboration

Avec l'augmentation de la masse et de la complexité des données disponibles, les approches de classification collaboratives entièrement non supervisées peuvent montrer leurs limites et produire des résultats ne reflétant pas les attentes de l'expert. L'augmentation du nombre d'objets, du nombre d'attributs, du nombre de classes ou encore du nombre d'objets atypiques sont des exemples des problèmes de plus en plus présents. Une des voies empruntées par la communauté scientifique pour y apporter une solution consiste à utiliser des connaissances lors du processus. Ces connaissances, parfois appelées connaissances du domaine, sont intégrées de manière croissante dans les processus de fouille de données. Elles peuvent se présenter sous différentes formes suivant les domaines (annotation, étiquetage partiel, pondération, ontologie du domaine, etc.). Leur utilisation au sein du processus de fouille de données permettra d'améliorer les résultats en les rendant plus précis, plus robustes et en fournissant à l'expert une information plus riche et plus pertinente.

Les termes les plus communément utilisés pour caractériser ces approches qui se trouvent de fait à la frontière entre approches non supervisées et approches supervisées sont classifications semi-supervisées, partiellement supervisées ou encore hybrides. Sous ces termes se regroupent un ensemble de méthodes et d'approches qui utilisent à la fois des données non étiquetées et des données étiquetées ainsi que d'autres types de connaissances (contraintes entre les objets, ontologie, etc.).

Cette problématique de l'intégration de connaissances pose de nouveaux problèmes et a ouvert un champ de recherche totalement novateur suivant la diversité des applications en particulier le domaine de l'imagerie. De nombreuses approches ont été proposées pour résoudre ces problèmes, utilisant des types de connaissances déferents ou les utilisant de manière différente pour améliorer la recherche de solutions à un problème.

IV.3 Fusion des images

IV.3.1 Introduction

La fusion de l'information est un sujet en pleine effervescence, c'est une discipline qui a beaucoup évolué dernièrement, conçue pour régenter des abondances d'informations provenant de sources diverses afin de satisfaire des critères bien précis. Les méthodes de fusion de données ont été élaborées pour permettre de gérer des informations multiples, en tenant compte éventuellement de leur conflit éventuel ou de leur désaccord. De nombreuses méthodes de fusion ont été imaginées et adaptées pour atteindre des objectifs tels que la détection, la reconnaissance, l'identification, l'automatisme, le suivi, la prise de décision etc. Ces objectifs peuvent être rencontrés dans de nombreux domaines d'application : robotique, défense, médecine et en particulier la vision.

La fusion d'information est apparue donc afin de gérer des données multi-sources. Ces données peuvent être nombreuses et issues de sources hétérogènes. En imagerie médicale notamment, il y a autant de sources d'information qu'il y a de modalités d'imagerie. En outre, chaque voxel d'une image est une source d'information. Étant donnée la dépendance spatiale qu'il y a entre les voxels voisins, il peut être considéré qu'il y a autant de sources d'information qui interviennent dans le choix d'une classe pour un voxel qu'il y a de voxels dans son voisinage. Cette section est consacrée pour introduire la notion de la fusion d'information, la fusion des images médicales et les techniques de fusion utilisées.

IV.3.2 Synthèse de définitions de la fusion d'information

La fusion d'informations est apparue afin de gérer des quantités très importantes de données provenant de plusieurs sources dans le domaine militaire. La fusion est un processus multi étapes qui permet de modéliser et de combiner des informations hétérogènes afin d'améliorer la qualité. Dans la littérature, et avec l'absence d'un consensus, diverses définitions ont été données à la fusion d'information, nous avons présentons ces deux définitions :

- La fusion d'informations peut alors se définir comme la combinaison d'informations (souvent imparfaites et hétérogènes) afin d'obtenir une information globale plus complète, de meilleure qualité, et permettant de mieux décider et agir (Bloch, 2005).
- Le but d'un processus de fusion de données est de maximiser le contenu utile de l'information acquise par des sources hétérogènes pour en déduire des situations et des événements pertinents liés à l'environnement observé (Mastrogiovanni et al., 2007).

Trois concepts décrivent usuellement l'information, on parle de données (*data*), d'information (*information*) et de connaissance (*knowledge*) (Bossé et al., 2005):

- **Information** : Renseignement, fait qui apporte des renseignements nouveaux, disposé à être interprété pour obtenir un sens.
- **Données** : Information présentée sous forme conventionnelle, en vue d'être traitée, considérée comme matière brute, n'ont pas de signification au-delà de leurs existences.
- **Connaissances** : Règles utilisant les données pour en déduire d'autres, collectant l'information et visant l'utile.

Il est primordial de combiner plusieurs sources afin d'avoir une meilleure perception du « monde » du moment où les informations sont généralement imparfaites. Ce qui nous pousse à agir en proposant différentes initiatives : ou supprimer cette information, ou bien l'accepter et envisager des procédés pour faire front vis-à-vis de ces défauts ou encore la modéliser avec une des approches de la fusion d'information. L'imperfection de l'information peut être expliquée selon nombreuses formes et les principales en sont :

- **Ambiguïté** : désigne le fait que l'information en question provoque au moins plus d'une interprétation. Elle peut provenir d'une autre imperfection de l'information (incertitude, imprécision, conflit, ...).
- **Incertitude** : l'authenticité de l'information ou le degré de sa conformité n'est pas suffisant pour avoir une confiance totale. La connaissance partielle des faits et actes évoque l'incertitude.
- **Imprécision** : le contenu de l'information présente une insuffisance en matière d'exactitude et ponctualité. L'imprécision est une carence de connaissance précise entraînant le flou.
- **Incomplétude** : déterminée par un manque d'une partie indispensable à la compréhension, elle peut causer l'incertitude et l'imprécision.

- **Redondance** : elle peut être d'informations ou de sources, si l'information est présente sous plusieurs formes, ou plutôt de disposer de la même information plus d'une fois.
- **Incohérence** : s'il y a contradiction entre les informations présentées, un conflit notamment indique l'incohérence.
- **Bruit** : une erreur aléatoire affecte l'information.
- **Biais** : une déformation est appliquée de manière systématique.

IV.3.3 Le processus général de fusion d'information

Devant la variété des applications, il est difficile de trouver une stratégie générique et applicable à tous les cas. Déterminer un formalisme pour la fusion d'informations reste un problème ouvert. La complexité réside essentiellement dans le niveau où l'opération de fusion est accomplie. La fusion se déroule généralement sur quatre étapes cruciales qui sont la modélisation, l'estimation, la combinaison et la décision. Figure IV-4 présente l'architecture générale du processus de fusion d'information.

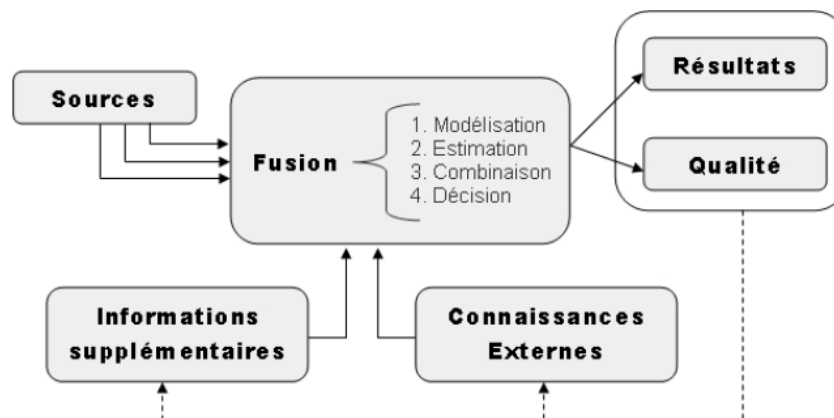


Figure IV-4 : Représentation de la fusion d'information

Les principales étapes à résoudre pour construire le processus de fusion sont les suivantes :

- **Modélisation** : une étape capitale portant le choix du formalisme (expressions des informations à fusionner), puis à définir et à présenter les différentes informations à traiter et à fusionner. Cette modélisation peut être guidée par les informations supplémentaires (connaissances de l'expert, contexte et domaine).
- **Estimation** : cette phase est très délicate et influence généralement le résultat de la fusion. elle est sujette à la modélisation, souvent nécessaire pour la plupart des formalismes. Là encore les informations supplémentaires peuvent intervenir.
- **Combinaison** : étape considérée comme le cœur de la fusion, elle s'intéresse au choix d'un opérateur, compatible ou adapté avec le formalisme de modélisation retenue. En effet le choix de l'opérateur est une tâche assez délicate dans certains problèmes. Ce choix peut aussi être influencé par les informations supplémentaires.
- **Décision** : l'amélioration de la prise de décision est l'objectif majeur de la fusion. Cette ultime étape de la fusion se résume dans le choix d'un critère qui se fait selon le formalisme adopté. Régulièrement, il s'agit d'optimiser une fonction issue de la combinaison, et peut servir notamment au calcul d'un indice de qualité. Cette étape doit donc fournir à l'expert la "meilleure" décision. Enfin, la prise de décision permet de déterminer l'action optimale à entreprendre dans une situation donnée.

IV.3.4 Niveaux de fusion

Différents niveaux de fusion ont été proposés dans la littérature (Castanedo, 2013). Ce qui est communément retenu, est une division en trois niveaux d'abstraction (Dasarathy, 1997), celui des données (ou bas niveau), celui des caractéristiques (des paramètres extraits) (ou fusion de niveau intermédiaire) et celui des décisions (ou fusion de haut niveau). La Figure IV-5 résume les différents étapes et niveaux de fusion.

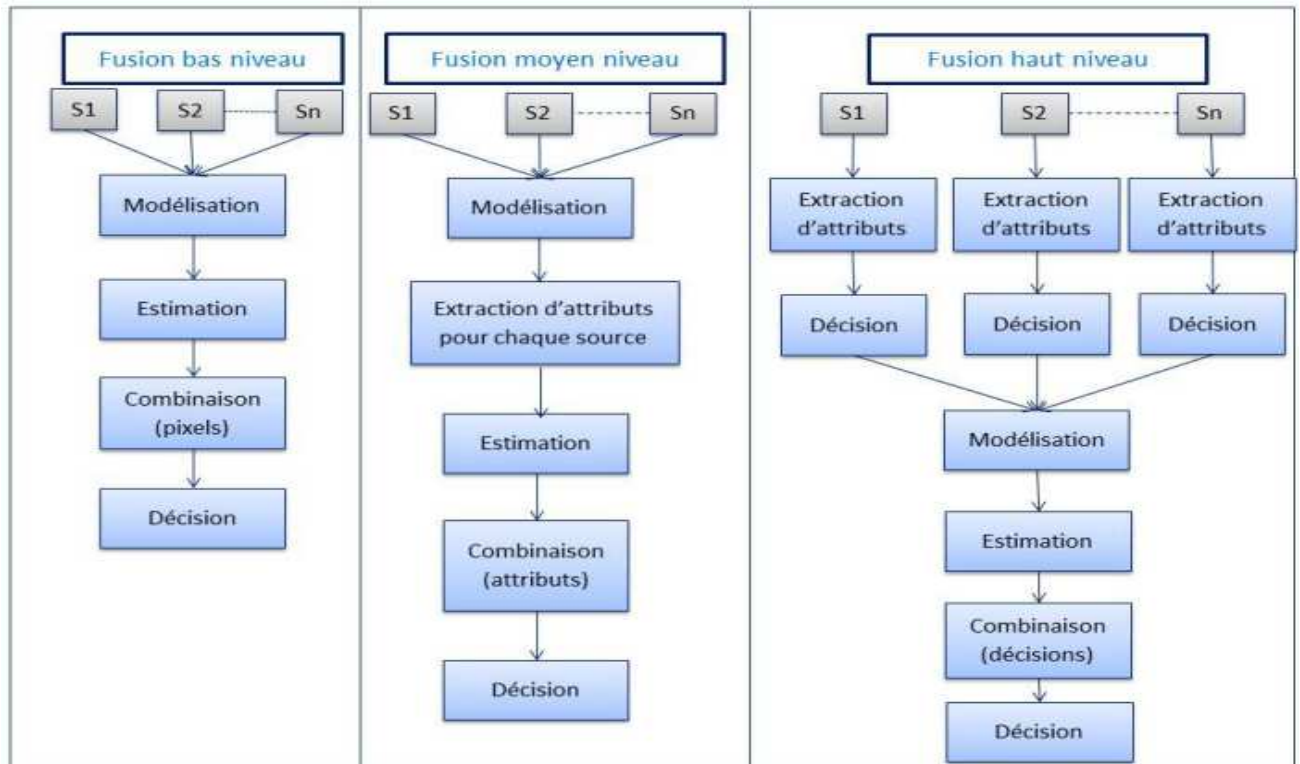


Figure IV-5 : Les différents schémas des niveaux de fusion (Dasarathy, 1997)

- **Fusion bas niveau** : c'est la fusion des informations issues directement des capteurs. Donc les données sont proches des paramètres physiques mesurés, à titre d'exemple "voxel" dans le cas où la source est une image.
- **Fusion moyen niveau** : dans ce cas les informations à fusionner sont extraites des données provenant de la source. Elles peuvent être des attributs, des objets, des paramètres etc. Dans le cas où la source est une image on peut citer la fusion des segments, des paramètres de texture, etc.
- **Fusion haut niveau** : on parle de ce niveau de fusion lorsqu'on traite des attributs sémantiques extraits, genre des décisions. A titre d'exemple fusion des classifieurs.

Une autre classification basée sur les relations entre les sources de données a été proposée dans (Durrant-Whyte, 1988) (

Figure IV-6).

- **La fusion complémentaire**: lorsque l'information fournie par les sources d'entrée (S1 et S2) représente différentes parties (a et b) de la scène et peut donc être utilisée pour obtenir plus complète l'information globale (a+b). Par exemple, dans le cas des réseaux de capteurs visuels, la fusion des informations sur la même cible fournies par deux caméras avec différents champs de vision est considéré comme complémentaire.

- **La fusion redondante:** lorsque deux ou plusieurs sources d'entrée (S2 et S3) fournissent les informations sur la même cible (b) et pourrait donc être fusionnée à augmenter la confiance. Par exemple, les données provenant de zones chevauchées dans les réseaux de capteurs visuels sont considérés redondants.
- **La fusion coopérative:** lorsque les informations fournies (c et c') par les sources (S4 et S5) sont combinées en une nouvelle information (c) qui est généralement plus complexe que l'information source. Par exemple, la fusion de données multimodales (audio et vidéo) est considérée comme coopérative.

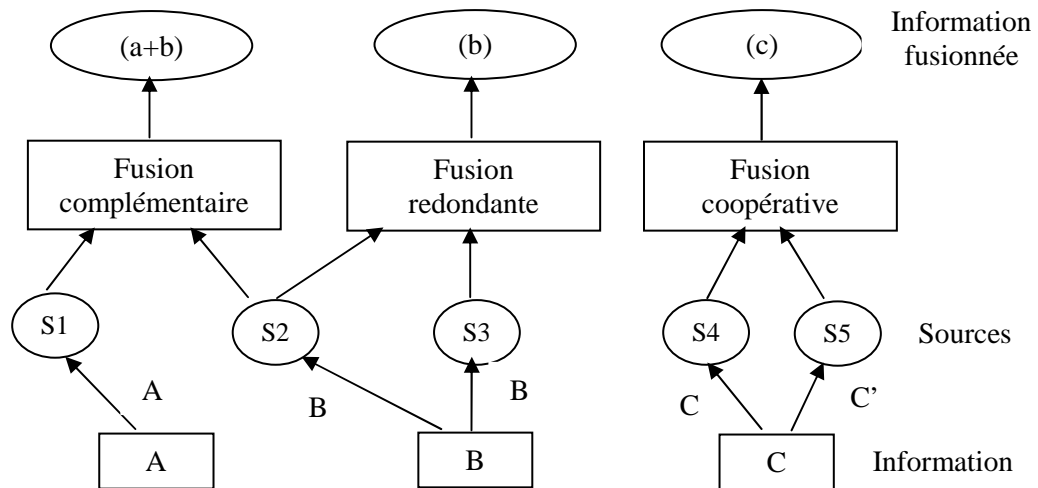


Figure IV-6 : Les différents schémas de fusion basés sur les relations entre les sources (Durrant-Whyte, 1988)

IV.3.5 Fusion des images médicales

Dans le domaine médical, experts, médecins et radiologues exigent une information spectrale et spatiale précise dans l'image pour faciliter la recherche, le suivi, le diagnostic et le traitement des maladies. Généralement, ces informations détaillées ne peuvent être obtenues en utilisant des images de modalités simples puisque, chaque modalité a ses propres inconvénients en fournissant les informations nécessaires parce que chaque image est capturée avec puissance de rayonnement différente. Pour résoudre ce problème, des informations complémentaires à partir de plusieurs modalités sont nécessaires. Dans cette situation, l'idée de combiner des images est née de la multiplication des modalités d'imagerie dans de nombreux domaines d'application.

La fusion est une technique utilisée pour combiner des images médicales multimodales. La fusion d'images est une technique consistant à combiner des informations appropriées de deux ou plusieurs images en une image fusionnée unique où l'image résultante fournit des informations plus inventives qu'une image unique. La Figure IV-7 présente quelques exemples de fusion des images médicales multimodales.

La tâche de la fusion d'images médicales implique plusieurs défis techniques allant des limites imposées par la modalité d'imagerie spécifique, la nature du problème clinique, les coûts de la technologie pour l'utilisateur, et la confiance placée par les médecins dans la technique d'imagerie [2]. La fusion des images médicales englobe une variété de techniques de fusion d'images et de multiples modalités pour traiter les questions médicales et scientifiques en fonction de la qualité de l'image demandée par une application spécifique (Figure IV-8)(James and Dasarathy, 2014).

La première étape dans le processus de fusion d'images est le recalage des images d'entrée. Le recalage des images est l'une des principales tâches en matière d'intégration et d'analyse des informations provenant de différentes sources. C'est une étape clé dans la fusion d'images, détection des changements, de super-résolution, et dans les systèmes d'information d'image. Le recalage de l'image est le processus de mise en correspondance des images d'entrée à l'aide de l'image de référence. Le but de cette combinaison est de mettre les images en correspondance, afin d'exprimer les coordonnées des différentes images à combiner dans un même référentiel. Une excellente fusion demande un excellent recalage. (La section 4 est consacrée au recalage des images).

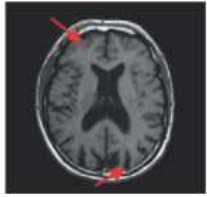
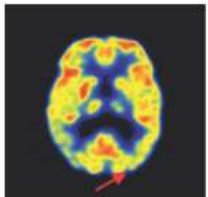
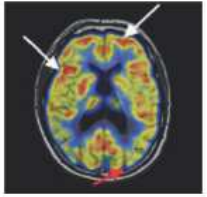

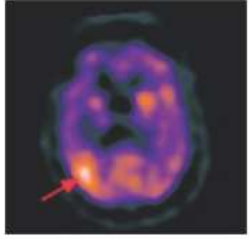
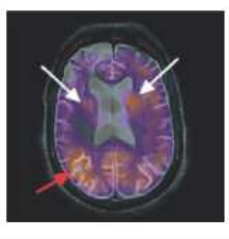
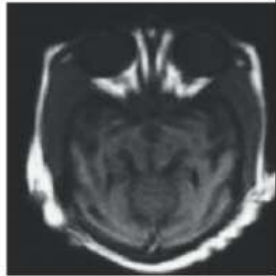

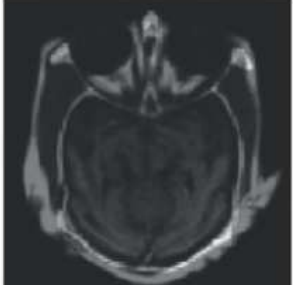

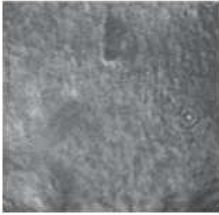


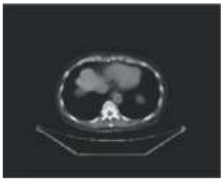
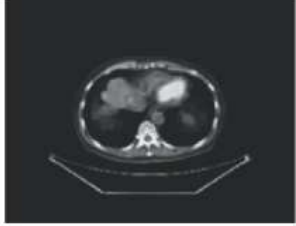
Combinaison	Modality 1	Modality 2	Fused Image
MRI-PET			
MRI-SPECT			
MRI-CT			
Xray-VA			
PET-CT			

Figure IV-7 : Quelques exemples de fusion d'images médicales (James and Dasarathy, 2014)

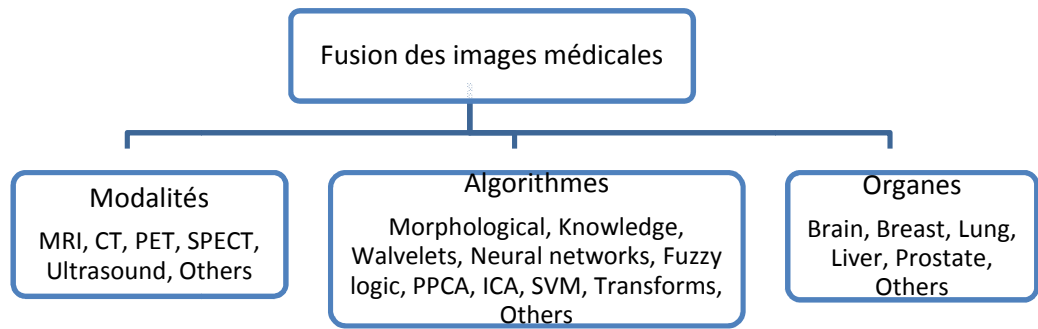


Figure IV-8: Modalités, Algorithmes, et Organes dans la fusion d'image Médicale (El-Gamal et al., 2015)

IV.3.6 Techniques de fusion d'images médicales et applications

L'évolution des travaux de recherche dans le domaine de la fusion d'images peut être largement mis dans quatre étapes (R.Pandit and J. Bhiwani, 2015). Figure IV-9 présente l'évolution des méthodes de fusion.

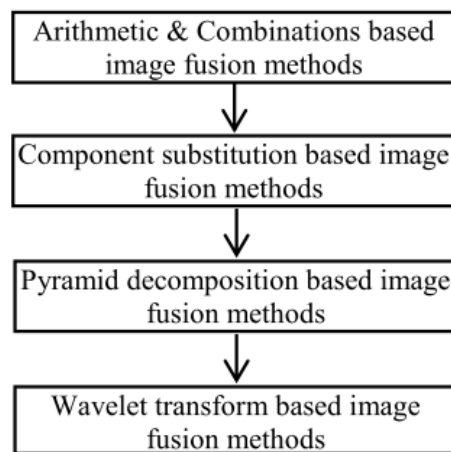


Figure IV-9 : Evolution des méthodes de fusion des images (R.Pandit and J. Bhiwani, 2015).

La fusion peut se pratiquer à trois niveaux différents du traitement. Soit au niveau voxel (fusions des voxels), soit au niveau des caractéristiques après une segmentation (fusion des attributs ou objets de l'image), soit au niveau décisionnel lors de la phase finale de la segmentation (fusion des objets extraits et identifiés) (Pohl and Van Genderen, 1998).

a) Fusion de données au niveau voxel

En général, l'information utilisée le plus souvent par les modes de fusion au niveau du voxel est le niveau de gris de ce voxel. Dans ce niveau de gris, on peut tirer des informations sur l'appartenance du voxel à telle ou telle classe, et ce en fonction de la définition des classes. Le but de la fusion d'images au niveau voxel est de représenter les informations visuelles existantes dans les images d'entrée, dans une seule image fusionnée sans l'introduction de la distorsion ou de la perte d'informations. L'avantage de la fusion au niveau du voxel est que les images ont utilisé le contenu des informations originales. En outre, les algorithmes sont assez faciles à mettre en œuvre et efficace. Figure IV-10 présente le niveau d'abstraction de la fusion de données au niveau voxel.

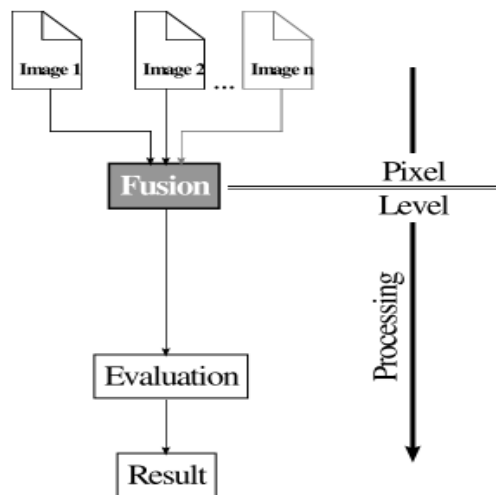


Figure IV-10 : La fusion au niveau de voxel (Pohl and Van Genderen, 1998)

La classification des méthodes de fusion d'image à base de voxels est illustrée à la

Figure IV-11 (Zheng, 2011). Le but de cette classification était d'identifier, avec différents degrés de détail, de la complexité et de la précision. De nombreux algorithmes développés à ce jour peuvent être classés en quatre catégories principales:

- **Les méthodes de substitution** (*Substitution methods*) : On cite , à titre d'exemples, l'analyse en composantes principales (*principal component analysis* (PCA)) (Ghassemian, 2001), la moyenne pondérée, et la saturation de la teinte d'intensité (*intensity hue saturation* (IHS))(Baum et al., 2008). Les systèmes de fusion primitive basés sur des méthodes de substitution, telles que la moyenne, la moyenne pondérée et de PCA, sont effectués exclusivement dans le domaine de la substitution. Malgré la facilité de la mise en œuvre, ces méthodes paient les frais de la réduction du contraste et de la déformation des caractéristiques spectrales (Piella, 2003).
- **La combinaison mathématique** (*Mathematical combination*) comme *Brovvey Transform* (Pohl and Van Genderen, 1998).
- **L'approche d'optimisation** (*Optimization approach*) tels que les réseaux bayésiens et les réseaux de neurones (Lai and Fang, 2000). Ces méthodes souffrent aussi d'une augmentation importante de la complexité de calcul.
- **Le domaine de transformation** (*Transform domain*) tel que la décomposition multi-résolution qui introduit les caractéristiques spatiales des images à haute résolution dans les images multispectrales. Par exemple, la pyramide de Laplace (*Laplacian pyramid*) (Burt, 1984), les ondelettes (*wavelets*) (Zhang and Hong, 2005), curvelet (Ali et al., 2008), *contourlet transform* (Da Cunha et al., 2006; Xin et al., 2011; Zheng et al., 2007). La fusion d'images basée sur la décomposition multi-résolution (MRD) peut gérer le contraste et l'intensité globale. Il décompose les images à une échelle différente en plusieurs composants, qui représentent les principales caractéristiques importantes d'images (Piella, 2003). Par conséquent, il permet une meilleure performance que celles effectuées dans les méthodes de substitution.

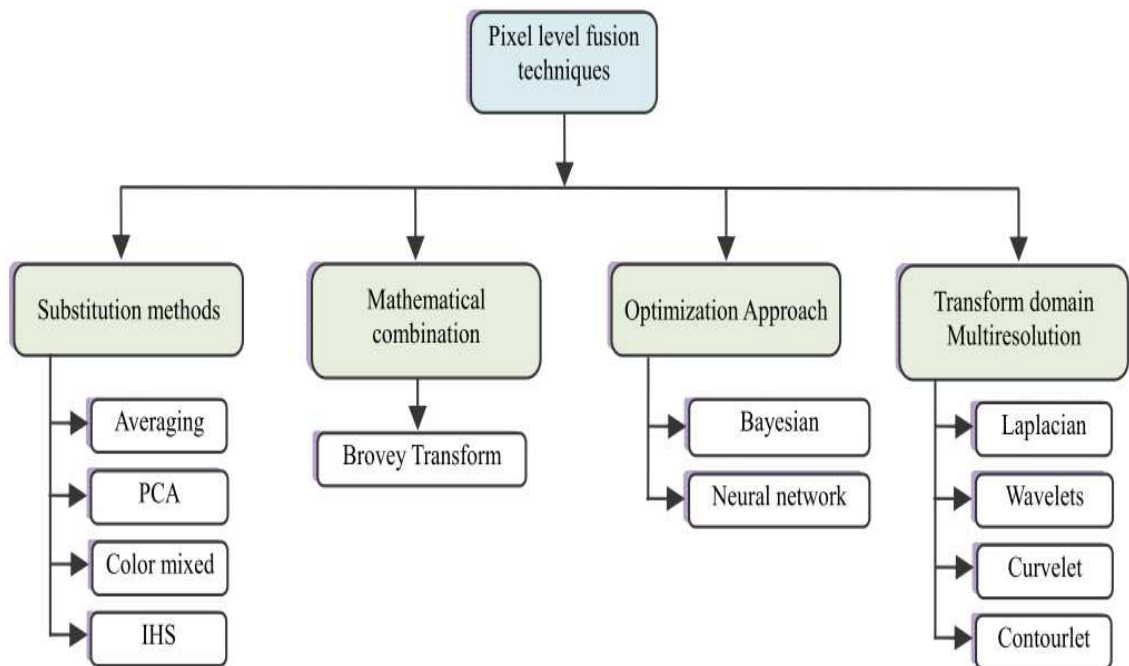


Figure IV-11 : Classification des méthodes de fusion basé voxel (Zheng, 2011).

b) Fusion des images au niveau objet

Les images ont été segmentées avec une méthode quelconque de traitement d'images. On travaille donc maintenant sur des objets possédant des attributs, dérivés du traitement d'images classique. Ces attributs peuvent être plus ou moins sûrs, donc intégrer de l'imprécision comme de l'incertitude. La fusion cherche dans ce cas à améliorer la connaissance sur ces attributs et à classifier l'objet en différentes classes. Il faut ici aussi un référentiel commun de manière à pouvoir évaluer les attributs dans une même référence. Cette étape de recalage est beaucoup moins contraignante que pour la fusion au niveau voxel, car il suffit de connaître un référentiel commun et de mettre en correspondance non plus les voxels similaires, mais uniquement les objets. La précision demandée pour le recalage est en général moins grande. Figure IV-12 présente le niveau d'abstraction de la fusion de données au niveau objet.

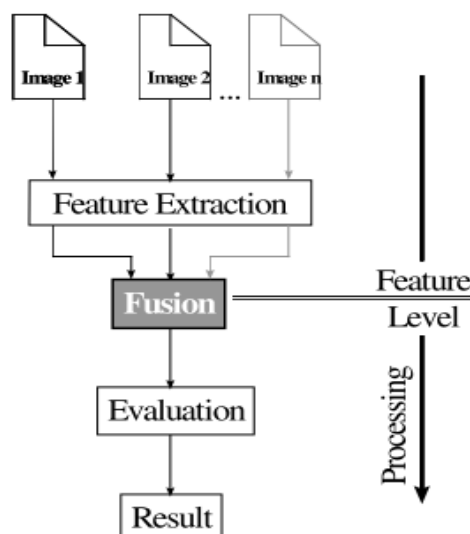


Figure IV-12 : La fusion au niveau objet

La fusion au niveau des objets aide souvent à l'amélioration de la qualité d'image et à extraire de nouvelles connaissances qui sont par ailleurs difficiles à trouver dans l'ensemble original de données. Ce type de fusion entre les images est contesté par le problème de la variabilité inter image telle que

l'asymétrie de voxels (échelle, rotations, décalages), les voxels manquants, le bruit de l'image, la résolution et le contraste. Les inexactitudes dans des représentations d'entités peuvent conduire à des pauvres performances et de mauvaise robustesse de la représentation des objets. En outre, cela signifie également que des males représentations d'entités peuvent conduire à des conclusions erronées (augmentation des faux positifs et des faux négatifs) qui réduisent la fiabilité d'analyse d'images médicales dans les milieux cliniques. Figure IV-13 est un résumé des principales méthodes de fusion de l'image médicale qui sont utilisées individuellement et en combinaison pour résoudre des problèmes de calcul cliniquement pertinentes d'imagerie médicale.

Les opérateurs morphologiques (Morphology) sont utilisés par la communauté d'imagerie médicale pour détecter des informations spatialement pertinentes à partir des images médicales. Les méthodes de filtrage morphologique pour la fusion d'images médicales ont été appliquées, par exemple, dans le diagnostic du cerveau (Barillot et al., 1993; Bloch et al., 2005; Marshall and Matsopoulos, 1993). Les opérateurs tels que la moyenne, K-L transformées et des pyramides de morphologie sont utilisés pour la réalisation de la fusion de données. Ces méthodes sont très sensibles à la variabilité inter-image résultant de valeurs aberrantes, le bruit, la taille et la forme des caractéristiques.

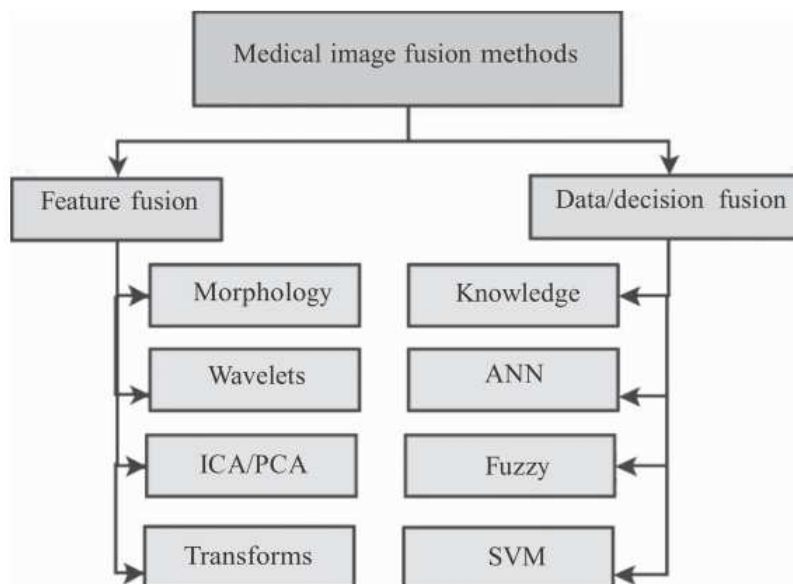


Figure IV-13 : Classification des méthodes de fusion des images

Les ondelettes (*wavelets*) ont la capacité de représenter les différentes propriétés de l'image à travers des coefficients stables. Ces coefficients de caractéristiques peuvent être fusionnés ensemble pour former des représentations plus robustes des images (Guihong et al., 2001; Teng et al., 2010b; Wang et al., 2006). En effet, l'idée de la fusion des ondelettes est d'injecter de bonnes caractéristiques d'une image à l'autre et de retirer les mauvaises caractéristiques. L'image fusionnée de sortie est optimisée pour une résolution maximale et une qualité cible. Des exemples de l'application des ondelettes comprennent le diagnostic avec des images médicales (Alfano et al., 2007; Q. P. Zhang et al., 2004), la segmentation d'image (Garg et al., 2006).

Les caractéristiques obtenues à partir des techniques de fusion basées ondelettes ont été utilisées avec d'autres méthodes d'extraction de caractéristiques pour améliorer la robustesse de l'approche de la fusion en ondelettes. Quelques exemples sont des combinaisons avec des réseaux de neurones pour mettre en œuvre la fusion d'images médicales (Q.P. Zhang et al., 2004; Q. P. Zhang et al., 2004), avec des machines à vecteurs de support (SVM) (Anna et al., 2007), l'analyse en composantes indépendantes (ICA) combiné avec ondelettes (Cui et al., 2009), ondelettes avec une approche génétique (Das and Bhattacharya,

2009), ondelettes combinée avec contourlet (Rajkumar and Kavitha, 2010), et hybridation des réseaux de neurones avec la logique floue et ondelettes (Kavitha and Chellamuthu, 2010).

L'idée d'extraire des composants à partir des images a été largement explorée via ICA (Calhoun and Adal, 2009; Cui et al., 2009) et l'analyse en composantes principales (ACP) (Dibyadeep Nandi, 2015; He et al., 2010). Comme coefficients d'ondelettes, les coefficients de caractéristiques dérivées de ces techniques peuvent être utilisés pour reconstruire l'image avec seulement un petit nombre de coefficients. Ils trouvent leur application dans l'imagerie médicale volumétrique (Wang and Ye, 2006). Une fusion d'image multimodale basée sur PCA en utilisant l'intensité-teinte-saturation (IHS) a été montrée pour préserver les caractéristiques spatiales et les informations requises fonctionnel sans couleur distorsion (He et al., 2010).

Il existe différentes transformations mathématiques sur les caractéristiques qui peuvent améliorer la performance de la fusion d'image. Par exemple, la combinaison d'un contourlet avec ondelettes a été démontré dans une fusion robuste d'image (Al-Azzawi et al., 2009; Azzawi et al., 2009), la prédiction des maladies multifactorielles (Phegley et al., 2002), et fusion d'image multimodale (Al-Azzawi et al., 2009; Azzawi et al., 2009; Rajkumar and Kavitha, 2010; Zhang et al., 2003).

c) Fusion au niveau décision

Chaque capteur (donc chaque image) propose une décision vis-à-vis d'un système complexe, telle qu'une action à envisager parmi plusieurs actions possibles. Le traitement individuel est donc très poussé et ce n'est qu'à la fin du processus que les décisions de chaque image sont mises en commun (Figure IV-14). Il s'agit essentiellement de systèmes à bases de règles à partir des résultats de traitements des images, intégrant ou non des notions d'incertitude ou d'imprécision (systèmes à base de règles).

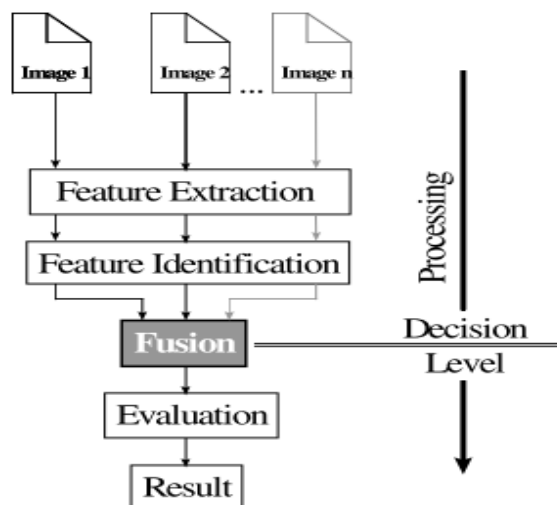


Figure IV-14 : La fusion au niveau décision

Il existe une gamme d'applications où les connaissances du domaine dépendant sont utiles pour la fusion d'images telles que pour la segmentation (Li et al., 1995), micro-calcification diagnostic (Rogova and Stomper, 2002), le classification des tissus et le diagnostic du cerveau (W. Dou et al., 2003), la détection des tumeurs du cancer du sein (Raza et al., 2005) et la délimitation et la reconnaissance de l'objet du cerveau anatomique (Li et al., 1995). Les systèmes à base de connaissances peuvent utiliser en combinaison avec d'autres méthodes telles que l'intensité de voxel (Rogova and Stomper, 2002). Ces méthodes placent une quantité importante de confiance dans l'expert médical dans l'étiquetage et l'identification des connaissances de domaine correspondant à la tâche de fusion.

Les réseaux de neurones artificiels (ANN) représentent un ensemble de modèles de traitement de décision inspiré du fonctionnement du réseau de neurones humains. Les réseaux de neurones sont constitués d'une addition pondérée des entrées suivies des décisions à chacune de ses nœuds, et les nœuds de neurones d'autres couches agissent autant qu'agrégats de décision aux décisions globales. Du fait que chaque nœud traite des informations à partir du groupe de voxels d'entrée, le réseau peut apprendre et prendre des décisions dans les niveaux modulaires. Ceci le rend utile pour une large éventail d'applications décisionnelles de fusion qui impliquent la génération de fonctionnalité et de classification (Lai and Fang, 1998), la fusion de données générique (Q. P. Zhang et al., 2004), diverses applications spécifiques à la fusion d'images (Szu et al., 2003; Varshney, 1997; Wang and Ma, 2008; Xiaoqi et al., 2007; Q. P. Zhang et al., 2004).

L'approche floue pour la prise de décision permet une plus grande souplesse dans le groupement des caractéristiques et des décisions en utilisant un large ensemble d'opérateurs flous et de fonctions d'appartenance pour les algorithmes de décision de fusion à base d'images (Bhattacharya and Das, 2011; Bloch et al., 2005; Das and Bhattacharya, 2009; W. Dou et al., 2003; Weibei Dou et al., 2003; Huang and Lee, 2004; Kavitha and Chellamuthu, 2010; Teng et al., 2010a, 2010a). Ils trouvent des applications dans la segmentation et l'interprétation de l'image (Barra and Boire, 2001), fusion et récupération d'image (Song and Hua, 2008; Tai and Song, 2007), analyse multimodale et la fusion d'images (Das and Bhattacharya, 2009; Na et al., 2008; Wang et al., 2007), et la fusion d'image (Avor and Sarkodie-Gyan, 2009).

SVMs sont une approche pilotée par des paramètres de détection de caractéristique et le retrait des valeurs aberrantes pour la détermination de la classe des motifs. La capacité à prendre des décisions au niveau local dans les images est utilisée dans le processus de décision de fusion. Certaines des applications de SVMs sont utilisées comme outil pour la fusion d'images dans le diagnostic du cancer (Sehgal et al., 2004), le diagnostic et le traitement du cancer du sein (Lederman et al., 2011), la fusion d'images (Anna et al., 2007; Zhang et al., 2009), et fusion des caractéristiques (Huang et al., 2010).

Une autre classification a été présentée dans la littérature où les techniques de fusion des images ont été divisées en trois groupes : spatial, transformé et statistique (Figure IV-15) (Bedi and Khandelwal, 2013) (Constantinos et al., 2001). Il faut noter que ces classifications ne sont pas très précises car une technique peu être appliquée en divers niveaux d'abstraction (James and Dasarathy, 2014).

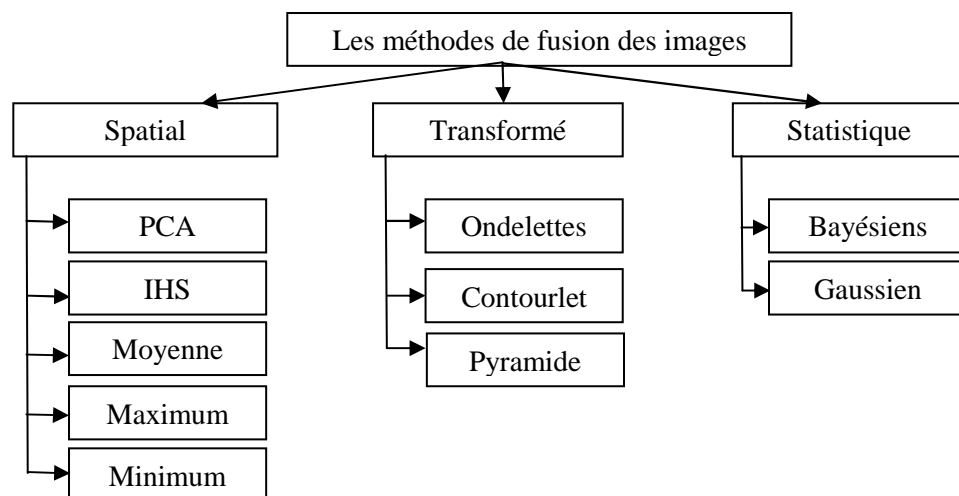


Figure IV-15 : Classification des méthodes de fusion (Bedi and Khandelwal, 2013)

IV.4 Recalage des images

IV.4.1 Principe de recalage

Soit un couple d'images (I, J) représentant le même objet pris sous des angles différents et/ou à des moments différents et/ou avec des appareils différents. Le recalage est un traitement numérique qui consiste à "transformer" l'image J pour superposer chaque structure qui la compose avec celles de l'image I . Par "transformer" on entend différents traitements visant à supprimer les différences de luminosité, de cadrage, d'orientation, ou encore les déformations dues à des contraintes mécaniques que l'objet observé aurait pu subir. La superposition fait correspondre les entités communes présentes sur les deux images. Cette opération offre de multiples possibilités telles que la comparaison automatique de deux images ou encore la création d'une mosaïque formée de plusieurs images contiguës pour constituer un panorama.

Dans le cadre de l'imagerie médicale, l'outil informatique permet une aide au diagnostic fondée sur l'analyse d'une ou plusieurs images. Pour qu'une telle analyse conjointe puisse être rendue automatique et repose sur des mesures quantitatives, les différents éléments constituant l'image doivent avoir la même position sur les différentes images. Pour cette raison, il est souvent nécessaire d'effectuer un recalage des images. Recaler revient donc à estimer une transformation optimale t_0 permettant, à partir de l'image référence I , d'appliquer une transformation à l'image traitée J afin que les éléments qui composent ces images aient les mêmes coordonnées. La problématique a été formulée mathématiquement :

$$t_0 = \arg \max_{t \in T} SIM(I, t(J)) \quad (32)$$

La fonction SIM représente une mesure de similarité entre deux images. Le type de déformation appliquée aux images est un facteur très important. Une méthode de recalage qui utilise uniquement des isométries (translations, rotations, réflexions) est dite méthode de recalage rigide. Si le recalage inclut des transformations affines ou élastiques, le recalage est non-rigide (Figure IV-16) (Crum et al., 2004).

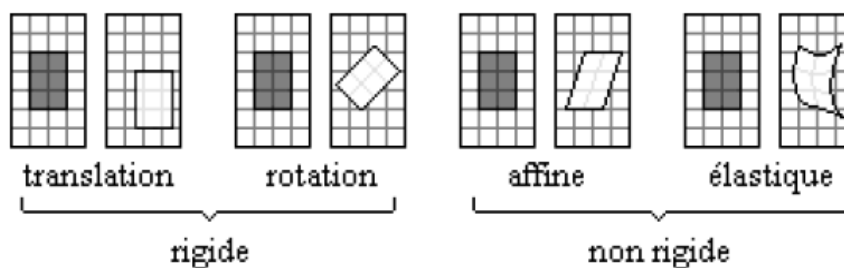


Figure IV-16 : Types de transformation utilisés en recalage

La diversité des images à recaler, la variabilité des déformations pouvant relier deux images, ainsi que la nature du bruit présent sur les images, font qu'il est impossible de concevoir une méthode de recalage universelle. Chaque méthode doit prendre en compte le type de déformation présumé ainsi que le bruit présent et enfin la précision nécessaire à la comparaison des images ou à l'application qui suivra ce recalage.

La diversité des domaines d'application possibles, et la variété des déformations, font du recalage un problème très ouvert dans le domaine de la recherche et donc étudié sous différents points de vue. Des synthèses et états de l'art ont fait l'objet de plusieurs études (Crum et al., 2004; Mani and rivazhagan, 2013; Oliveira and Tavares, 2014; Sotiras et al., 2013). Après avoir précisé la définition de l'opération de recalage, nous abordons dans cette section les différentes voies explorées dans le cadre

du recalage d'images médicales pour bien choisir la méthode de recalage convenable à notre processus de segmentation.

IV.4.2 Les étapes du processus de recalage

Quelque soit l'application et la technique utilisée, une procédure de recalage suit généralement le même schéma et réclame la définition de quatre notions (Barillot, 1999).

Les structures homologues sont des informations extraites des images et qui servent de base pour le calcul de la transformation.

Le type de transformation définit la classe des transformations qui régit le recalage entre les deux structures homologues. Ces transformations peuvent être de natures linéaires (rigides, affines, projectives) ou non-linéaires.

La fonction de similarité définit le critère objectif (coût) utilisé pour estimer la qualité du recalage entre les deux structures homologues. La méthode d'optimisation définit la manière selon laquelle la fonction de similarité atteint son coût minimum.

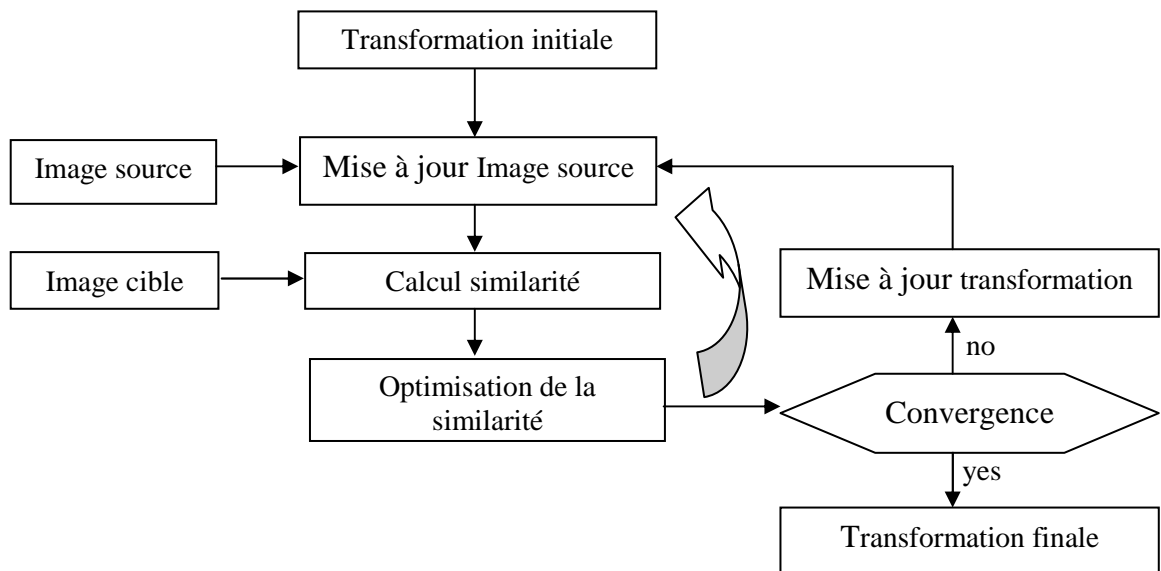


Figure IV-17 : Processus général de recalage (Barillot, 1999)

IV.4.3 Critères et classification des méthodes de recalage

Les critères les plus déterminants pour le choix d'un type de méthode de résolution du problème du recalage sont (Figure IV-18) (Mani and rivazhagan, 2013) :

- La dimension (1D, 2D, 3D et dimension temporelle),
- La modalité des images (monomodales, multimodales),
- l'objet recalé (tissu vivant sur une image médicale, bâtiments sur une image satellite...),
- La relation existante entre les objets (inter-sujets, intra-sujet, Atlas),
- Les primitives permettant d'évaluer la transformation nécessaire (extrinsèques, intrinsèques),
- Le niveau d'automatisation (automatique, semi-automatique ou manuel),
- Le type de déformations (rigides, non-rigides),
- L'échelle des déformations (locales, globales, multiples),
- La procédure d'optimisation (méthode permettant de converger vers le meilleur résultat).

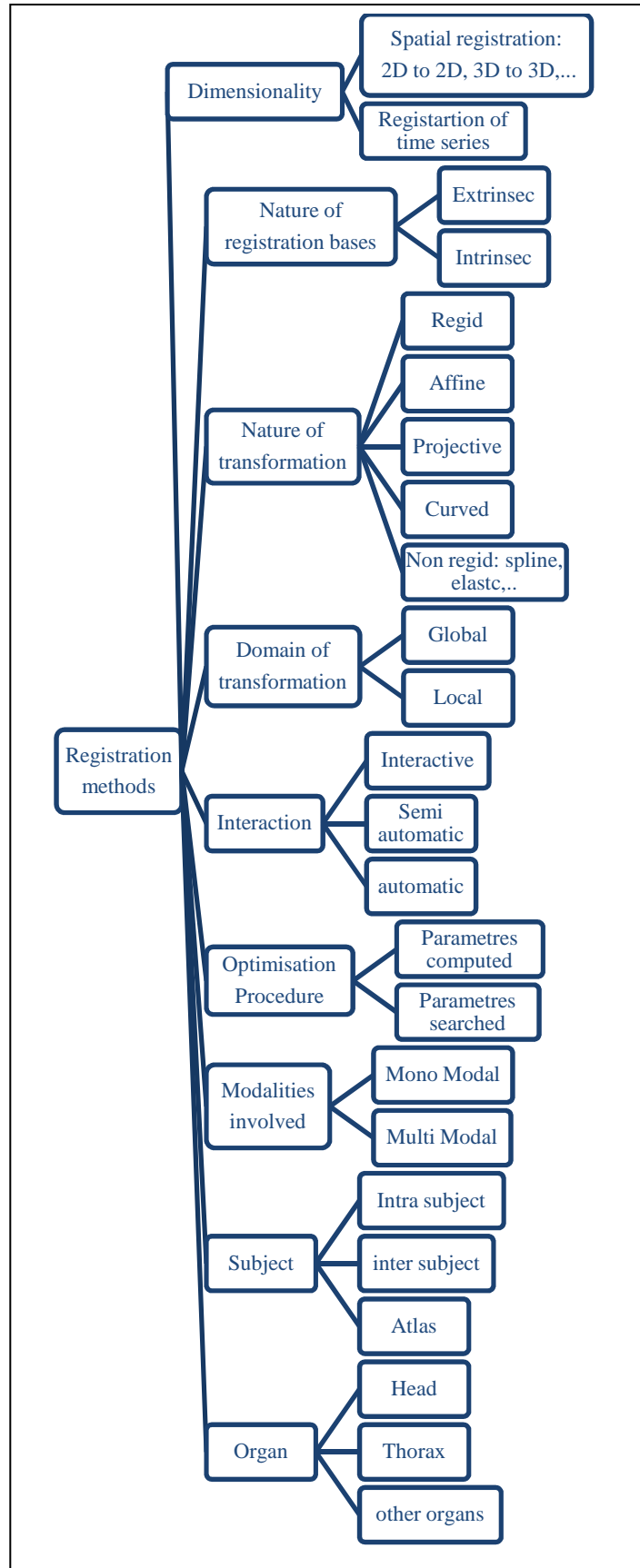


Figure IV-18 : Classification des méthodes de recalage(Mani and rivazhagan, 2013)

IV.4.4 Applications de recalage

Les applications du recalage dans le cadre de l'analyse d'images médicales sont multiples. Chaque croisement d'informations va utiliser un recalage spécifique. On entend par croisement, les différences de modalités et/ou de dimensions (espace et temps) qui existent entre les images. Le Tableau IV-1 montre les différentes applications du recalage.

En raison de son importance à la fois dans la recherche et les applications médicales, le recalage des images médicales a été intensément étudié pendant près de trois décennies (Hill et al., 2001) et de nombreux algorithmes ont été proposés. Au début, Une grande partie du travail était dans le recalage des images cérébrales d'un même sujet acquises avec des modalités différentes (par exemple l'IRM et CT ou PET) (Hutton et al., 2002; JosephV Hajnal et al., 2001). Maintenant des techniques de recalage non-rigides complexes sont développées pour la modélisation de la déformation des tissus mous lors de l'imagerie ou la chirurgie (Thompson et al., 2000; Toga and Thompson, 2001) et pour modéliser les changements dans l'anatomie de l'objet d'intérêt (Chui and Rangarajan, 2003; Evans et al., 1991; Sotiras et al., 2013) .

Tableau IV-1 : Cas d'application nécessitant un recalage (Modalité/sujet)

	Un sujet (recalage intra-sujet)	Plusieurs sujets (recalage inter-sujets)
Une modalité	<ul style="list-style-type: none"> • Contrôle post opératoire • Suivi de pathologie • Suivi du traitement 	<ul style="list-style-type: none"> • Recalage avec un Atlas • Segmentation guidée par un modèle • Normalisation spatiale : <ul style="list-style-type: none"> - Construction d'Atlas (de modèles) - Etude de pathologie au sein d'une population
Plusieurs modalités	<ul style="list-style-type: none"> • Complémentarité entre sources d'images : <ul style="list-style-type: none"> - Confrontation anatomique ou anatomie/fonction - Reconstruction/restauration (par ex. MEG, EEG, IRMf) • Chirurgie assistée par ordinateur • Planning thérapeutique assisté par ordinateur 	<ul style="list-style-type: none"> • Cartographie fonctionnelle du cerveau • Normalisation anatomo-fonctionnelle

Dans l'imagerie cérébrale, le recalage est utilisé pour étudier les variations d'image, allant de comparaisons anatomiques inter-sujets, suivi du développement pathologique d'un patient, d'égaliser une image observée avec un modèle de référence (Hill et al., 2001). En cas de recalage intra-sujet ou recalage de série temporelle, les images observées pourraient être une série chronologique acquies dans un court laps de temps, ou une série d'images acquises à plusieurs reprises. La recherche sur l'amélioration de recalage de l'image fonctionnelle à l'image anatomique est désormais axée sur la recherche de correspondances appropriées grâce à des mesures de similarité plus générales et fiables sur la base de la théorie de l'information (Hartkens et al., 2003). L'information spatiale et directionnelle peut être incorporée dans la mesure de similarité basée information Mutuelle (MI) pour améliorer la précision de recalages des images anatomique à l'image fonctionnelle. Les transformations rigides et affines fournissent les bases pratiques de recalage robuste et fiable. Toutefois, le recalage non rigide a été proposé pour faire face à l'effet de distorsions locales non linéaires dans des images fonctionnelles (Gholipour et al., 2008, 2007). Différents aspects de recalage de l'image cérébrale ont été discutées en (Ardekani et al., 2005; Klein et al., 2009; Yassa and Stark, 2009).

IV.5 Applications

Nous présentons dans cette section deux exemples pratiques de la classification collaborative multi-stratégies multi-sources afin de montrer son efficacité dans le domaine de l'imagerie.

IV.5.1 Approche SAMARAH

Pour pouvoir utiliser toutes les informations disponibles et tirer parti de la complémentarité de ces sources, des approches récentes se sont intéressées à l'utilisation conjointe de plusieurs sources de données dans un processus unique d'analyse d'image (Figure IV-19) (Forestier, 2010).

Parmi les différentes approches proposées sur la collaboration des méthodes de classification, on peut citer à titre d'exemple la méthode SAMARAH (Forestier, 2010). Cette méthode est basée sur une approche de clustering qui consiste à faire collaborer plusieurs méthodes de classification non supervisée pour tenter de trouver un consensus sur le clustering d'un jeu de données. Ces différentes méthodes vont partager des informations et remettre en cause leurs résultats en fonction des décisions prises par chacune.

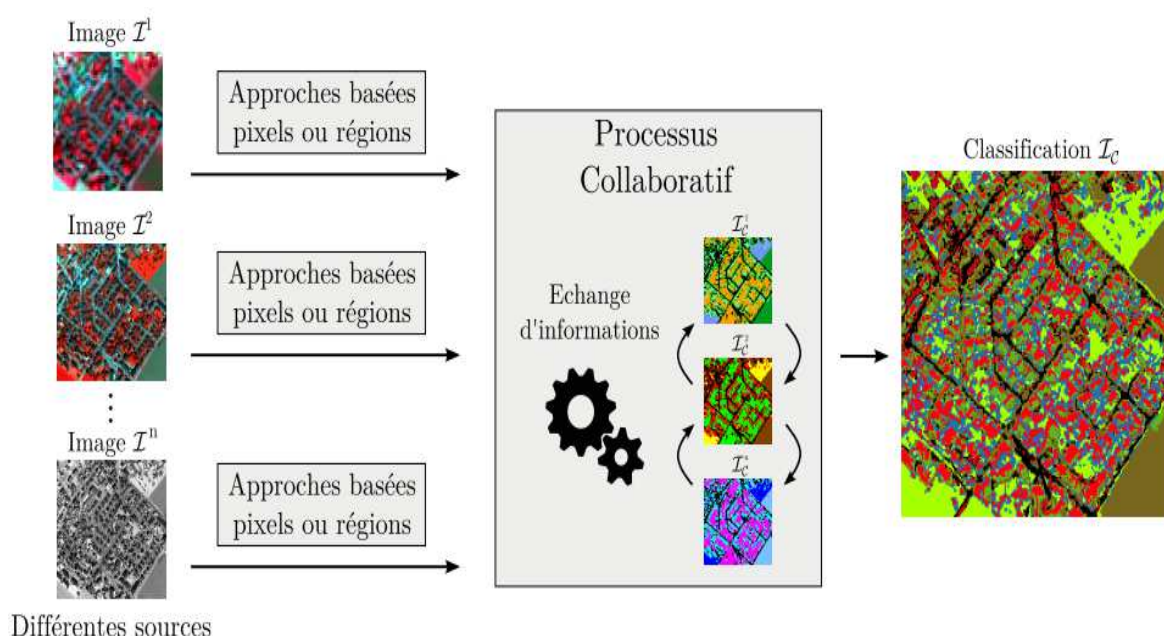


Figure IV-19 : Schéma d'une approche collaborative pour l'analyse d'images multi-sources (Forestier, 2010)

La méthode SAMARAH est une approche essentiellement algorithmique qui a pour objectif de trouver un consensus entre plusieurs méthodes de clustering à travers un mécanisme contrôlé de collaboration entre ces différentes méthodes. L'objectif affiché est l'amélioration de la robustesse d'une solution de clustering en minimisant l'impact du choix d'une méthode de clustering particulière ou de ses paramètres. La Figure IV-20 présente le schéma des différentes étapes du clustering collaboratif.

SAMARAH repose sur différentes étapes :

- La génération de clusterings initiaux qui consiste à obtenir différents clusterings à partir d'un même jeu de données. Les auteurs proposent dans leur contexte d'appliquer différentes méthodes de clusterings ou une même méthode de clustering avec des paramétrages différents.
- Le raffinement des résultats qui a pour but d'identifier les conflits et de les résoudre. Ces conflits correspondent à des différences observées entre les clusterings produits, décidées à partir de

l'évaluation d'une similarité entre ces derniers. À l'issue du raffinement, les différentes partitions sont supposées plus similaires entre elles, et chacune peut alors être considérée comme une partition consensus.

La combinaison des résultats cherche à déterminer une solution unique de clustering à partir des différentes partitions raffinées. Cette étape correspond alors pleinement à la problématique de clustering coopératif.

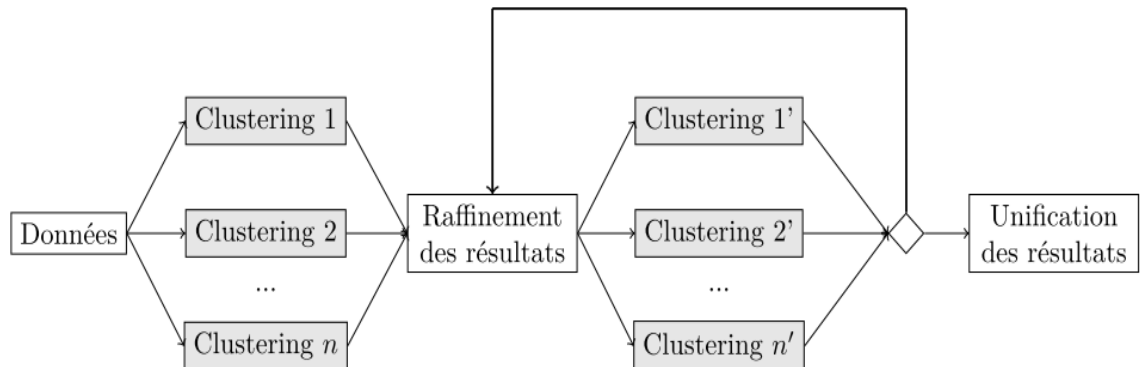


Figure IV-20 : Schéma des différentes étapes de clustering collaboratif (Forestier, 2010)

Une autre proposition de processus collaboratif hiérarchique basé région a succédé SAMARAH. Ce processus traite n images d'une même scène à différentes résolutions spatiales, en partant de la plus faible pour aller jusqu'à la plus élevée, donnant lieu à n résultats permettant n niveaux différents d'interprétation. Il fonctionne en n étapes successives, chaque étape analysant une seule résolution, et produit n résultats de segmentation et de classification (Kurtz, 2012). Le principe consiste à extraire des segments grossiers de l'image à la plus faible résolution, puis à les décomposer récursivement en segments plus fins, en utilisant des images à des résolutions plus élevées. Chacune des n étapes est composée de trois sous-étapes. La Figure IV-21 illustre ce principe de collaboration descendante.

IV.5.2 Fusion de Données et Imagerie 3D

Beaucoup d'efforts de recherche en imagerie médicale 3D ont été dirigés vers la définition d'outils efficaces et rapides de traitement, de mise en correspondance et de visualisation. L'objectif de cet exemple d'application est d'élargir le champ d'utilisation des méthodes de fusion de données à des fins d'applications précises (radiothérapie, chirurgie de l'épilepsie, neurochirurgie conventionnelle, neuroimagerie cognitive, etc.). L'amélioration de l'utilisation des données 3D conduit à un effort de recherche plus poussé dans le domaine de la fusion d'informations (Barillot, 1999). Cette problématique est appliquée et illustrée dans le domaine de l'imagerie cérébrale à la fois sous son aspect d'aide à la clinique (neurochirurgie, neuroradiologie) et sous son aspect d'aide à la recherche en neurosciences cognitives. Des perspectives sont enfin tracées concernant les besoins en matière de coopération entre méthodes numériques d'analyse d'images et méthodes de représentation symboliques du contenu de ces images.

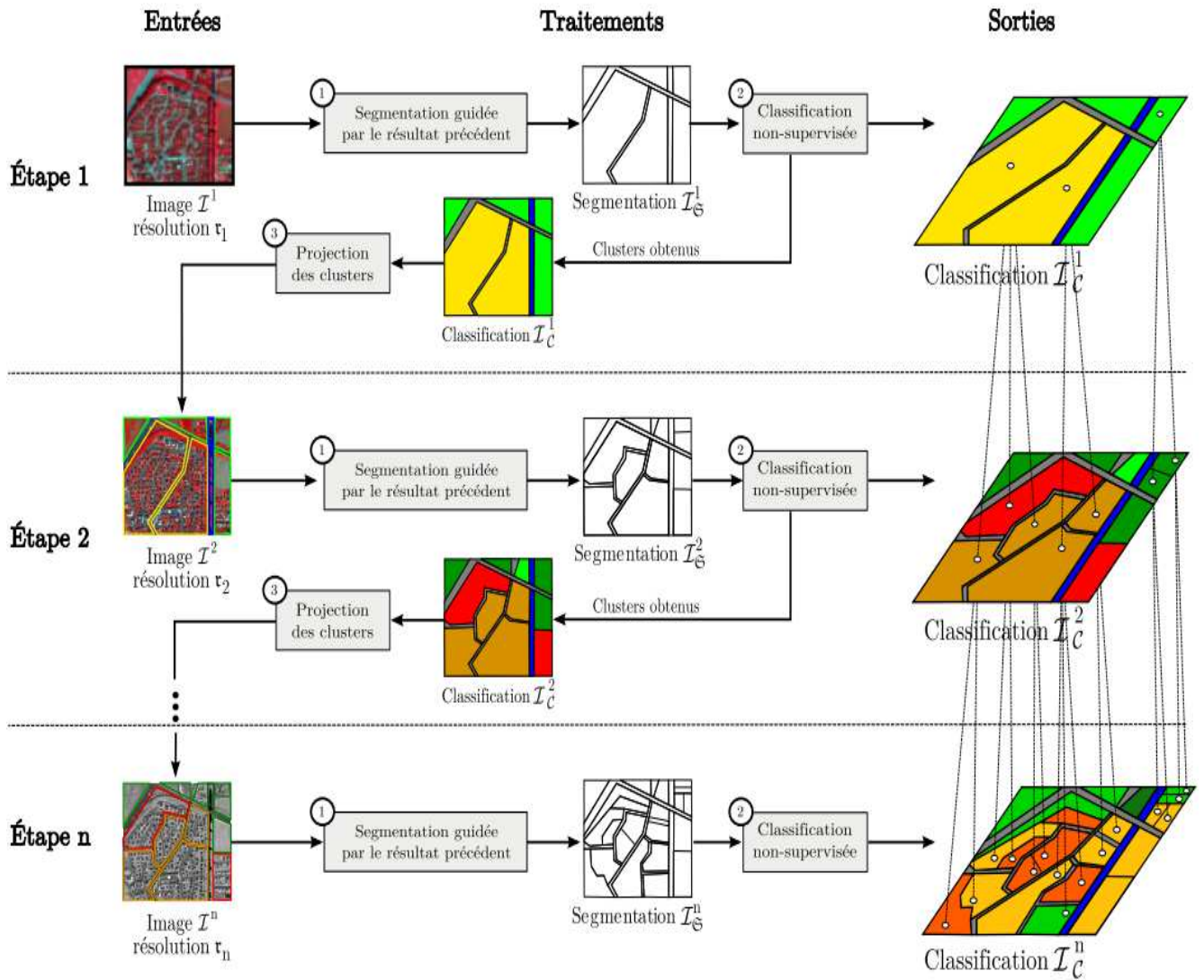


Figure IV-21: Processus collaboratif pour l'analyse d'images multi-résolutions(Kurtz, 2012)

Dans ce cadre général, cette recherche a été orientée, dans un contexte de fusion de données, vers le développement de méthodes de traitement, d'analyse et de représentation d'images à des fins d'aide à l'interprétation d'images médicales. Dans ce cas, l'utilisateur est supposé faire partie de la boucle de décision. L'auteur a choisi d'adopter une démarche générique de coopération entre les différentes phases de traitement, d'analyse ou de représentation, comme schématisé sur les Figure IV-22 et Figure IV-23 (démarche horizontale), plutôt qu'à une démarche focalisée sur une ou plusieurs méthodes de traitement (démarche verticale).

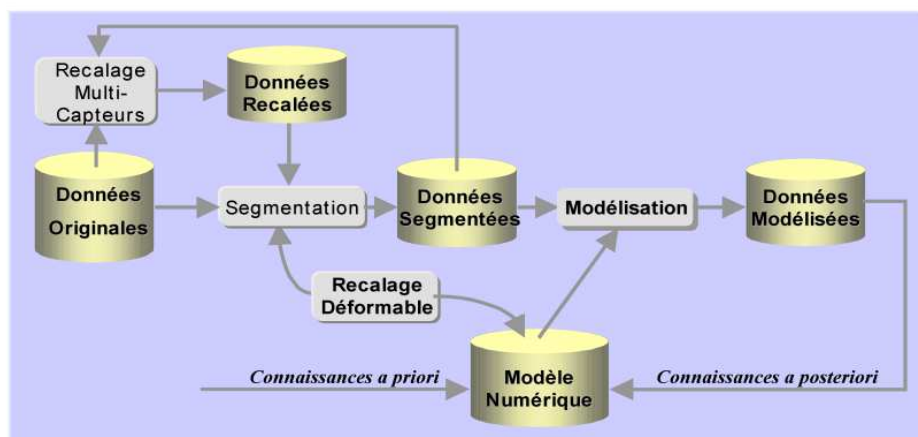


Figure IV-22 : Approche collaborative pour l'interprétation de l'image (Barillot, 1999)

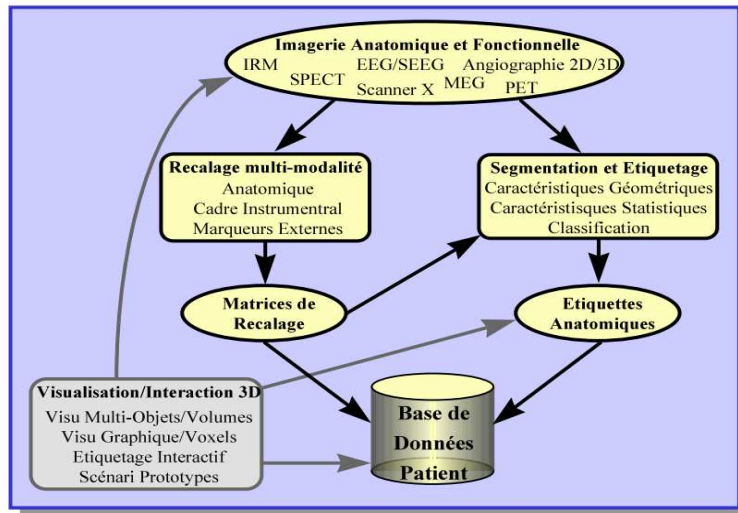


Figure IV-23 : Approche collaborative pour la constitution d'une base de données patient (Barillot, 1999)

IV.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté dans la première partie quelques notions sur le processus collaboratif. La communauté scientifique s'est intéressée depuis plusieurs années à la combinaison de plusieurs méthodes de classification et de divers sources d'information. L'objectif de cette collaboration était d'utiliser l'avis de plusieurs méthodes appliquées sur des données variées dans le but d'en dégager un consensus ou une synthèse. Ces approches se basent sur l'intuition que combiner des informations fournies par différents acteurs, ou experts, peut améliorer la solution proposée à un problème.

Nous avons abordé dans la deuxième partie la fusion de l'information et des images et la troisième a été consacrée au recalage des images. Nous avons conclu que la tâche de la fusion d'images médicales est compliquée par le problème de recalage, elle implique plusieurs défis techniques allant des limites imposées par la modalité d'imagerie spécifique, la nature du problème clinique, les coûts de la technologie pour l'utilisateur, et la confiance placée par les médecins dans la technique d'imagerie. Malgré tous ces défis la fusion des images médicales englobe une variété de techniques de fusion d'images et de multiples modalités qui ont pu traiter avec succès plusieurs problèmes médicaux et scientifiques en fonction de la qualité de l'image demandée par une application spécifique. En fin nous avons aussi prouvé l'importance et la réussite de la collaboration par deux exemples sur le traitement d'images satellitaires et médicales. Ce qui nous a convaincu à utiliser les notions de fusion au niveau de voxel d'un atlas et une image IRM dans un processus de super-reconstruction.

CHAPITRE V CONTRIBUTIONS

V.1 Introduction

L'obtention d'image de haute résolution est essentielle pour de nombreuses applications d'imagerie. Le fait d'obtenir le plus de détails possibles de l'objet observé permet une meilleure vision de la réalité. Pour résoudre ce problème, deux axes de recherches sont possibles. Le premier est la super-résolution. Cette technique du traitement du signal devient une alternative algorithmique pour l'amélioration de la résolution spatiale des systèmes imageurs. Malgré les avancées réalisées, les méthodes de super-résolution en IRM ne peuvent pas améliorer suffisamment le compromis entre la résolution, le rapport signal-bruit, et le temps d'acquisition. Le deuxième axe est la prise en charge de l'effet de volume partiel pendant le processus de segmentation. Les méthodes de classification en 3 classes "dures" (matière blanche, matière grise et liquide céphalo-rachidien) ignorent ce problème et perdent ainsi de l'information sur la structure des tissus. Ce problème est de plus en plus pris en compte dans les algorithmes de segmentation.

Malgré une meilleure résolution d'image fournie ou super-construite et la prise en charge de l'effet de volume partiel par les algorithmes de segmentation, les problèmes liés à l'effet de volume partiel resteront comme les structures d'intérêt deviendra de plus en plus petite en même temps. Par exemple, il sera également possible de permettre des études concernant les couches corticales individuelles nécessitant une résolution d'image supérieure, où l'effet de volume partiel est encore une considération importante.

Notre objectif était de réaliser un processus multi-stratégies multi-sources pour une segmentation sub-voxelique des images IRM. Pour atteindre notre objectif, nous avons passé par quatre étapes. La première est de procéder à faire une étude sur la modélisation de l'effet de volume partiel dans la littérature. Cette étude est déduite par un acte de conférence présentant une comparaison des algorithmes statiques de l'estimation des volumes partielles et une analyse des résultats obtenus (section V.2).

La deuxième étape est de faire une étude sur la super-résolution des images médicales qui a été l'objet d'un acte de conférence intitulé « *Super-Resolution Techniques Applied to Magnetic Resonance Images* » (Hameurlaine et al., 2015b). Dans cette contribution nous avons résumé la théorie statistique de base dans le processus de reconstruction d'image, puis nous avons discuté l'idée de super-résolution comme un problème inverse. En outre, cet article présente les différentes contributions de diverses techniques pour améliorer la résolution spatiale des images de résonance magnétique en utilisant des méthodes de super-résolution. Par la suite, il aborde les principales conclusions relatives à l'étude. De plus, nous donnons un aperçu des nombreux facteurs qui influent sur la performance de super résolution.

La troisième étape est de faire une étude sur la fusion des images médicales qui a été l'objet d'un acte de conférence intitulé « *Multimodal Fusion of Medical Image: Challenges, Methods, and Applications* » (Hameurlaine et al., 2015c)). Cette contribution traite les méthodes de fusion de l'image, les modalités d'imagerie, et leurs applications dans l'imagerie cérébrale. Cette étude conclut que bien qu'il existe plusieurs défis technologiques et scientifiques ouvertes, la fusion d'images médicales a été utile dans la promotion de la fiabilité clinique de l'utilisation de l'imagerie médicale pour le diagnostic et l'analyse médicale, et que la fusion est une discipline scientifique qui a le potentiel de se développer de manière significative dans les prochaines années.

La quatrième étape est de proposer un processus complet pour la segmentation sub-voxelique des images IRM. Dans cette contribution (article de journal intitulé « *Atlas-based Super-resolution for Partial*

Volume Estimation in Brain MRI » (Hameurlaine et al., 2016)), un nouveau processus a été proposé qui effectue une estimation précise du volume partiel de chaque tissu après une amélioration dans la résolution d'image en utilisant une super-résolution basée sur un Atlas. Dans la première étape, dans le cas de l'inexistence d'une image à haute résolution sur le même sujet, nous générons itérativement une image à haute résolution (HR) à partir d'une image basse résolution (LR), en utilisant des informations préalables supplémentaires à partir de modèle d'Atlas de haute résolution. Contrairement aux techniques d'interpolation, afin d'être en mesure de récupérer des détails fins dans les images d'entrée, le processus de reconstruction est basé sur des informations préalables d'Atlas et sur l'autosimilarité de l'image source LR. Dans la deuxième étape, le volume partiel dans chaque sub-voxel est évalué à l'aide d'un champ de Markov (MRF). L'efficacité de notre approche est démontrée sur les images simulées de BrainWeb et des images cliniques d'IBSR pour la génération automatique d'une segmentation de haute qualité des images cérébrales de basse résolution (section V.3).

V.2 Comparaison entre méthodes statistiques de segmentation

V.2.1 Introduction

Le domaine de l'imagerie médicale a évolué au point qu'une grande variété d'outils sophistiqués est maintenant disponible à l'image du cerveau humain *in vivo*. La localisation précise d'une structure particulière du cerveau est d'une grande importance. La segmentation précise et robuste du tissu cérébral est une question clé dans de nombreuses applications d'analyse d'images médicales. Une classification automatisée et fiable du tissu est une tâche difficile car la représentation de l'intensité des données généralement ne permet pas une délimitation claire des différents types présents dans une IRM de tissu, en raison du volume partiel (PV) effet, le bruit de l'image et de l'intensité non uniformité provoquée par des inhomogénéités du champ magnétique.

La résolution spatiale limitée de l'IRM et la forme complexe des interfaces tissulaires dans le cerveau impliquent qu'une grande partie des voxels dans MR images cérébrales est concernée par l'effet de volume partiel. Niessen et al. ont montré, que la segmentation d'une IRM cérébrale (1 mm isotrope), qui ne prend pas en charge l'effet de volume partiel, conduit à des erreurs de volume d'environ 30%, 40% et 60% pour la matière blanche, la matière grise et le liquide céphalorachidien (CSF), respectivement (Niessen et al., 1999). Ce problème est également important dans la segmentation de l'image du PET, Meltzer et al. suggèrent que les futures études doivent toujours prendre en compte l'influence de l'effet partiel volume sur des mesures fonctionnelles (Meltzer et al., 2000). L'amélioration de la classification des tissus cérébraux est une question complexe dans le traitement d'images médicales. De nombreuses approches ont été proposées pour la classification des tissus avec prise en charge de PVE.

Cette section décrit notre première contribution. Le but de cette contribution est d'évaluer la robustesse et la précision des méthodes de classification non supervisées avec estimation du volume partiel, cette étude est la continuité de celle de M.B. Cuadra décrite dans (Cuadra et al., 2005). Cette section présente une étude comparative entre quatre méthodes de classification. On présente premièrement l'état de l'art et les diverses méthodes utilisées, puis l'ensemble des données utilisées pour cette étude d'évaluation, les mesures de validation, les résultats de la classification sont présentés et discutés.

V.2.2 Travaux en relation

Les méthodes de classification statistiques résolvent habituellement le problème d'estimation soit par l'affectation d'une étiquette de classe à un voxel ou par l'estimation des quantités relatives des différents types de tissus au sein d'un voxel (Nocera and Gee, 1997; Van Leemput et al., 1999a). Les modèles finis de mélange gaussien (Finite Gaussian Mixture ou MGF), qui supposent une distribution gaussienne pour les intensités de l'image, sont largement utilisés et leur problème d'estimation des paramètres est généralement

résolu dans un cadre de expectation-maximisation (EM) (Guillemaud and Brady, 1997; Schroeter et al., 1998; Wells III et al., 1996). D'autres algorithmes (Ruan et al., 2000; Van Leemput et al., 1999a) ajoutent des classes séparées pour prendre en compte les PV voxels et les modélisent aussi par des densités gaussiennes indépendantes. Un modèle plus réaliste de PV où les densités de probabilité pour les types de tissus mélangés peuvent être construites sur la base d'une technique de marginalisation, est proposé par Santiago et al. (Santago and Gage, 1995, 1993), et il est largement utilisé par d'autres auteurs (Laidlaw et al., 1998; Noe et al., 2001; Van Leemput et al., 2003).

D'autres méthodes modélisent l'information spatiale par un champ de Markov aléatoire (MRF) (Held et al., 1997; Shattuck et al., 2001; Van Leemput et al., 1999a; Zhang et al., 2001). Une technique de classification non paramétrique peut être considérée aussi quand aucun modèle paramétrique bien justifié n'est connu (Butz, 2003; Butz et al., 2003). Tohka et al. (Tohka et al., 2004) ont proposé un algorithme qui utilise des estimateurs statistiques, sur la base du MAP estimation (Shattuck et al., 2001). Chiverton et Wells ont présenté un régularisateur local adaptatif (*local adaptive Gradient-controlled spatial regularizer* ou GSR) en utilisant un champ de Markov pour modéliser l'appartenance à une classe et d'une chaîne Monte Carlo de Markov (MCMC) simulation pour adapter le modèle aux données observées. Un contrôle adaptatif de la quantité d'informations provenant de régions voisines est fourni, plutôt que de tenter d'imposer des contraintes antérieures fortes sur des configurations anatomiques particulières. Ceci permet au classificateur d'identifier de manière adaptative les régions contiguës de voxels purs et de voxels PV et les frontières (ou discontinuités) entre ces régions contiguës purement à partir des données d'image (Chiverton and Wells, 2008). La méthode TPV (topologically corrected partial volume) proposée par Rueda améliore la classification en utilisant un Atlas et les *priors* associés et en imposant des contraintes topologiques à la segmentation binaire et en détectant ainsi des voxels mixtes cachés dans des zones de sillons serrés. L'estimation précise de fractions est obtenue en calculant le contenu fractionnaire comme une relation linéaire entre les moyennes d'intensité locales robustes des voxels tissulaires purs. La moyenne spatialement dépendante aide à surmonter les problèmes d'inhomogénéité d'intensité pour un tissu donné à travers l'image (Rueda et al., 2010). Les travaux sur l'estimation de PV a reçu une attention considérable au cours des dernières années et des approches différentes ont été proposées pour la classification et le calcul du contenu fractionnaire. Les travaux existants sont présentés ici à titre indicatifs, pour plus de détail des synthèses ont été faites dans (Erlandsson et al., 2012; Hutton et al., 2013; Tohka, 2014)

V.2.3 Les méthodes utilisées dans la comparaison

Dans cette section, les méthodes utilisées dans cette étude comparative sont présentées (Tableau V-1). La première méthode prend en compte le modèle fini de mélange gaussien (*finite Gaussian mixture model*) pour représenter l'image et d'un modèle caché MRF pour tenir compte de l'information spatiale préalable comme dans (Butz et al., 2003). La deuxième méthode utilise une distribution spécifique de PV pour les tissus de mélange comme dans (Guillemaud and Brady, 1997; Schroeter et al., 1998). Le troisième algorithme modélise les classes de tissus par des modèles de densités de probabilité non-paramétriques (Zaidi et al., 2006), l'algorithme résultant minimise une quantité d'information théorique, appelée la probabilité d'erreur. La dernière approche présente une méthode extrêmement rapide nommée FAST-PVE pour la classification des tissus et l'estimation du volume partiel en utilisant un champ de Markov (MRF) basée sur l'information spatiale et l'algorithme ICM rapide (Tohka, 2013).

Tableau V-1 : Les méthodes utilisées dans la comparaison

Méthodes	Modèle d'intensité	Modèle spatiale
GHMRF	5 gaussiennes	<i>Markov Random Field</i>
GPV-HMRF	3Gaussiennes et 2 PVE	<i>Markov Random Field</i>
NP-HMRF	Non-paramétrique	<i>Markov Random Field</i>
FAST-PVE	3Gaussiennes et 3 PVE	<i>Markov Random Field</i>

a) Modèle d'image

L'image contient N points de données à classer avec $i \in \{1, 2, \dots, N\}$ index des voxels d'image. Y est la variable aléatoire associée aux données y_i qui représentent l'intensité du voxel. Le processus de classification a pour but de classer les données dans l'une des classes cachées présentes dans l'image S . La variable aléatoire Z représente ces classes. $z = \{z_1, z_2, \dots, z_N\}$ représente une configuration possible de Z .

En supposant que toutes les variables aléatoires Y , sont identiquement et indépendamment distribué. Ensuite, la fonction de densité de probabilité de l'intensité de voxel est la suivante:

$$P(y_i) = \sum_{\forall z_i} P(z_i)P(y_i|z_i) \quad (33)$$

Où $P(z_i)$ est la probabilité *a priori* de la classe de tissus z_i et $P(y_i|z_i)$ est la fonction de densité de probabilité conditionnelle de y_i étant donné la classe de tissu z_i .

La probabilité *a priori* $P(z_i)$ est utilisé pour modéliser la cohérence spatiale des images. La probabilité de transition $P(y_i|z_i)$ modélise le processus de formation d'intensité d'image pour chaque type de tissu. Différents modèles sont utilisés pour les tissus purs et mélanges de tissus.

La fonction de densité de probabilité de l'intensité y observée pour la classe de tissu pur est gaussienne:

$$p(y|z) = \frac{1}{\sigma_z \sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(y-\mu_z)^2}{2\sigma_z^2}} \quad (34)$$

Où les paramètres du modèle $\theta_z = \{\mu_z, \sigma_z\}$ sont respectivement la moyenne et l'écart type de la gaussienne.

Deux modèles différents de mélange de tissus sont considérés. Le plus simple suppose que le PV peut être modélisé par une gaussienne comme l'a proposé dans (Zhang et al., 2001). Dans ce cas, l'équation (34) est utilisé à la fois pour les tissus purs et mélanges. Ce modèle est utilisé dans la méthode GHMRF (section V.2.3.c).

Un modèle de densité de probabilité plus complexe pour les tissus mélange a été proposé par Santiago et al. (Schroeter et al., 1998) et utilisé par (Shattuck et al., 2001). Ce modèle est utilisé dans les méthodes GPV-HMRF (section V.2.3.d) et FAST-PVE (section V.2.3.f). Un voxel du tissu mélange a une fonction de densité de probabilité:

$$p(y|z, \alpha) = \frac{1}{\sigma_z(\alpha) \sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(y-\mu_z(\alpha))^2}{2\sigma_z^2(\alpha)}} \quad (35)$$

où les deux tissus composant le voxel purs sont désignées par l_1 , l_2 , et α est la fraction de tissu l_1 présente dans le voxel du mélange.

La moyenne et la variance du mélange sont déterminées par celles du modèle des tissus purs:

$$\mu_z(\alpha) = \alpha\mu_{l_1} + (1-\alpha)\mu_{l_2} \quad (36)$$

$$\sigma_z^2(\alpha) = \alpha^2\sigma_{l_1}^2 + (1-\alpha)^2\sigma_{l_2}^2 \quad (36)$$

La fonction de densité de probabilité pour l'ensemble du tissu de mélange (PV) z est:

$$P(y|z) = \int_0^1 P(y|z, \alpha)P(\alpha|z)dz \quad (38)$$

Le choix d'une fonction correcte pour $P(\alpha|z)$ est une question complexe (González B. et al., 2002). La plupart des auteurs supposent une répartition uniforme (Cuadra et al., 2005). α est approximativement uniforme autour de $\alpha = 0,5$ avec des pics à $\alpha = 0$ et $\alpha = 1$, ce qui conduit à:

$$P(y|z) = \int_0^1 P(y|z, \alpha)dz \quad (39)$$

$P(y|z)$ varie en fonction des paramètres $\theta_l = \{\mu_l, \sigma_l\}$ pour chaque tissu l , comme il est illustré sur la Figure V-1.

Autre algorithme intègre une densité de volume partiel non uniforme. Enfin, il est également possible de ne faire aucune hypothèse sur la forme des fonctions de densité de probabilité de chaque classe de tissu. L'information théorique alternatives non paramétriques, sont pris en compte dans (Butz, 2003; Butz et al., 2003; Gokcay and Principe, 2002). Ce modèle est utilisé dans la méthode NP-HMRF (section V.2.3.e).

b) Modèle de distribution spatiale

L'autre terme de l'équation (33) est $P(z_i)$. Il décrit la connaissance préalable de la distribution spatiale des tissus cérébraux dans le volume d'image. En général, cela se fait à l'aide d'un champ de Markov pour modéliser les interactions spatiales entre les classes de tissus (Winkler, 2012; Zhang, 1992).

Les sites de l'image S sont reliés dans un système de voisinage $V = \{N_i, i \in S\}$. Un champ aléatoire z est un MRF sur S par rapport à ce système de voisinage si et seulement si:

$$P(z) > 0, z \in Z \quad (40)$$

$$\text{et } P(z_i | z_{S-\{i\}}) = P(z_i | z_{N_i}) \quad (41)$$

D'après le théorème de Hammersley-Clifford, un champ de Markov peut être estimé par une distribution de Gibbs:

$$P(z) = W^{-1} e^{-U(z, \beta)} \quad (42)$$

Où $U(z)$ est la fonction d'énergie, β le paramètre spatial et W un facteur de normalisation.

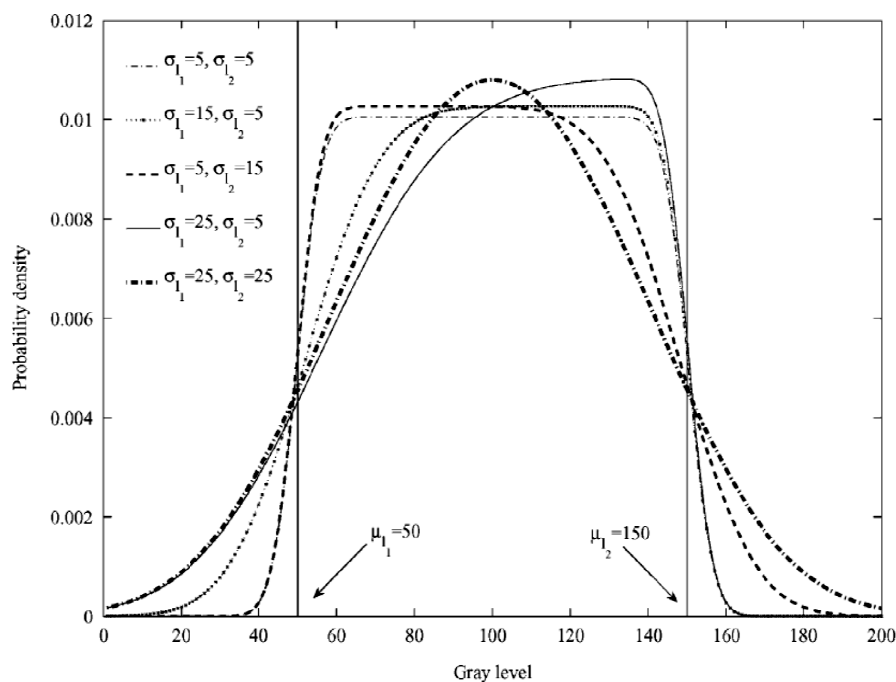


Figure V-1 : Fonction de densité de probabilité d'un tissu de mélange

Plusieurs définitions de la fonction d'énergie ont été données dans le cadre de la segmentation d'images (Peyrard, 2001). La fonction d'énergie est indiquée par:

$$U(z|\beta) = \sum_{vi \in S} \left(V_i(z_i) + \frac{\beta}{2} \sum_{j \in N_i} V_{ij}(z_i, z_j) \right) \quad (43)$$

Le champ extérieur $V_i(z_i)$ estime l'importance relative des différentes classes présentes dans l'image. Aucune énergie externe est utilisée ($V_i(z_i) = 0$) (Celeux et al., 2002). L'interaction entre voisins est modélisée par $V_{ij}(z_i, z_j)$. Compte tenu de la distance entre voisins et pour préserver des structures minces, la fonction suivante est utilisée (Cuadra et al., 2005) :

$$V_{ij}(z_i, z_j) = \frac{\delta(z_i, z_j)}{d(i, j)} \quad (44)$$

$$\text{où } \delta(z_i, z_j) = \begin{cases} -2, & \text{si } z_i = z_j \\ -1, & \text{si les voxels ont un tissu commun} \\ +1, & \text{autres cas} \end{cases} \quad (45)$$

et $d(i, j)$ est la distance entre les voxels i et j .

Le paramètre spatiale β contrôle l'influence relative de l'information spatiale *a priori* sur le modèle d'intensité. Ce modèle est utilisé dans les méthodes GHMRF (section V.2.3.c), GPV-HMRF (section V.2.3.d) et NP-HMRF (section V.2.3.e). La valeur de β est fixée de manière empirique à 1,2 en classifiant un ensemble de données d'apprentissage (Cuadra et al., 2005).

Enfin, W définit le facteur de normalisation de la distribution de Gibb :

$$W = \sum_z e^{-U(z, \beta)} \quad (46)$$

Au lieu de calculer W , les probabilités conditionnelles $P(z|z_{N_i})$ sont normalisées en forçant l'égalité:

$$\sum_{x_i} P(z_i|z_{N_i}) = 1 \quad (47)$$

c) La méthode GHMRF

Dans ce modèle et celui de la méthode suivante, les voxels sont classés en $K = 5$ types de tissus représentant les classes de tissus pur = {CSF; GM; WM} et les classes de tissus mixtes = {{CSF; GM}; {GM; WM}}.

Dans le modèle GHMRF (Gaussian Hidden Markov Random Field), la distribution gaussienne modélise chaque tissu du cerveau et l'information spatiale est prise en compte. La fonction de distribution d'intensité d'image est la suivante:

$$P(y|\theta) = \sum_z P(z|z_{N_i}) \cdot f_z(y|\theta_z) \quad (48)$$

Où $f_z(y|\theta_z)$ est une distribution gaussienne paramétrés par $\theta_z = \{\mu_z, \sigma_z\}$. $P(z|z_{N_i})$ représente la probabilité conditionnelle locale de la classe de tissu z_i qui dépend de la classe du voisinage z_{N_i} de voxel i . Les paramètres θ estimés par la maximisation de la fonction log-vraisemblance.

$$\hat{\theta} = \arg \max_{\theta} L(\theta) \arg \max_{\theta} P(y|\theta) \quad (49)$$

Une version adaptée de l'algorithme EM appelé HMRF-EM est utilisé (voir Algorithme V-1), comme suggéré dans (Zhang et al., 2001).

Dans l'équation (51), le terme $\hat{P}^{(r)}(z|z_{N_i})$ est estimé comme dans (Cuadra et al., 2005) et décrit en détail dans (Bach Cuadra, 2003). Enfin, la classification est effectuée pour chaque voxel par la classe qui maximise la probabilité *a posteriori*.

Algorithme V-1 : Algorithme HMRF-E.M

Initialisation: Initialisation de $\theta(\hat{0})$

Expectation : calcul de la probabilité *a posteriori* $\forall z$:

$$\hat{P}^{(r)}(z|y_i, \hat{\theta}) = \frac{P(y_i | \hat{\theta}_z^{(r-1)}) \cdot \hat{P}^{(r-1)}(z|z_{N_i})}{\sum_l P(y_i | l, \hat{\theta}_l^{(r-1)}) \hat{P}^{(r-1)}(l|l_{N_i})} \quad (50)$$

Maximization:

$$\hat{P}^{(r)}(z|z_{N_i}) \quad (51)$$

$$\hat{\mu}_z^{(r)} = \frac{\sum_{i \in S} \hat{P}^{(r)}(z|y_i, \hat{\theta}) y_i}{\sum_{i \in S} \hat{P}^{(r)}(z|y_i, \hat{\theta})} \quad (52)$$

$$(\hat{\sigma}_z^{(r)})^2 = \frac{\sum_{i \in S} \hat{P}^{(r)}(z|y_i, \hat{\theta}) (y_i - \hat{\mu}_z^{(r)})^2}{\sum_{i \in S} \hat{P}^{(r)}(z|y_i, \hat{\theta})} \quad (53)$$

d) La méthode GPV-HMRF

Dans la seconde technique, l'information d'intensité est modélisée par les distributions gaussiennes. Le modèle probabiliste obtenu est le même que l'équation (48), avec $f_z(y|\theta_z)$ définie soit comme une gaussienne pour les tissus purs ou par l'équation (39) pour les PV telle que proposée par Santiago et al. (Santago and Gage, 1995, 1993). L'optimisation des paramètres est effectuée de manière similaire à l'algorithme GHMRF précédant. L'algorithme EM modifié devient, comme dans (Noe and Gee, 2001):

$$\hat{P}^{(r)}(z|y_i, \hat{\theta}) = \frac{\hat{P}(y_i | z, \hat{\theta}_z^{(r-1)}) \cdot \hat{P}^{(r-1)}(z|z_{N_i})}{\sum_l \hat{P}(y_i | l, \hat{\theta}_l^{(r-1)}) \hat{P}^{(r-1)}(l|l_{N_i})} \quad (54)$$

$$\hat{\mu}_z^{(r)} = \frac{\sum_{i \in S} \hat{P}^{(r)}(z|y_i) y_i}{\sum_{i \in S} \hat{P}^{(r)}(z|y_i)} \quad (55)$$

$$(\hat{\sigma}_z^{(r)})^2 = \frac{\sum_{i \in S} \hat{P}^{(r)}(z|y_i) (y_i - \hat{\mu}_z^{(r)})^2}{\sum_{i \in S} \hat{P}^{(r)}(z|y_i)} \quad (56)$$

Dans cette approche, l'équation (55) et l'équation (56) ne sont calculées que pour les tissus purs. En plus, le terme $\hat{P}(y_i | z, \hat{\theta}_z)$ dans l'équation (54) est soit une gaussienne ou une distribution PV en fonction du type de tissu. Le terme $\hat{P}^{(r)}(z|z_{N_i})$ est estimé comme dans (Cuadra et al., 2005) et détaillé dans (Noe et al., 2001).

e) La méthode non paramétrique NP-HMRF

Il est également possible de ne faire aucune hypothèse sur la forme des fonctions de densité de probabilité de chaque classe de tissu. L'information théorique non paramétrique est prise en compte (Butz, 2003; Butz et al., 2003; Gokcay and Principe, 2002). Pour la classification non paramétrique, la probabilité *a posteriori* de la classification paramétrique $p(y|z)$ est remplacée par une probabilité d'erreur qui est définie comme suit :

$$P_e = \sum_{z^{est}} \sum_y \sum_z P(E = 1|z^{est}, z) \cdot P(z^{est}|y)P(y|z) \cdot P(z) \quad (57)$$

Où z^{est} est une réalisation de la variable aléatoire Z^{est} qui estime Z à partir de Y . Les densités de probabilités $P(z^{est}|y)$ et $P(y|z)$ sont estimées par Parzen-fenêtre. La probabilité $P(E = 1|z^{est}, z)$ est appelée la distorsion de l'algorithme de classification non paramétrique (Butz, 2003).

Par analogie complète aux méthodes paramétriques précédentes, les probabilités a priori, $P(z)$ sont modélisés par une équation de distribution de Gibbs (33). Ensuite, l'objectif de classification consiste à déterminer la carte étiquette de classe \hat{Z} qui minimise une probabilité d'erreur:

$$\hat{Z} = arg \min_Z P(Z)P_{e|Z} \quad (58)$$

f) La méthode FAST-PVE

Cette méthode est composé de deux étapes : étape de classification PV et étape d'estimation du PVC. Tout d'abord, dans l'étape de classification PV, les voxels sont classés en $K+K'=6$ types de tissus représentant les types de tissus principaux (K classes de tissus pur = {CSF; GM; WM}) et des mélanges de volume partiel de deux types de tissus (K' classes mixtes = {{fond; CSF}; {CSF; GM}; {GM; WM}}). D'autre part, dans l'étape d'estimation du PVC, FAST PVE estime les proportions de chaque type de tissu à l'intérieur de chaque voxel en utilisant les informations provenant de l'étape de classification PV.

La classification de PV est formulée comme un problème d'optimisation et modélisée comme en sections V.2.3.a et V.2.3.b. Les paramètres du modèle doivent être estimés avant l'estimation de PV (Tohka, 2013). Les principales différences sont les suivantes:

$$\beta = 0.1 \quad \text{et} \quad \delta(z_i, z_j) = \begin{cases} 2, & \text{si } z_i = z_j \\ 1, & \text{si les voxels ont un tissu commun} \\ -1, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (59)$$

La vitesse de FAST-PVE est due à l'utilisation de l'algorithme ICM rapide pour résoudre le problème d'optimisation. Dans l'étape d'estimation du volume partiel, FAST-PVE estime les proportions α de chaque type de tissu dans chaque voxel. L'estimation du maximum de vraisemblance et l'estimation des paramètres sont détaillés dans (Tohka et al., 2004).

V.2.4 Résultats expérimentaux

a) Images de test

Les méthodes de classification des IRM sont généralement évaluées en utilisant des données synthétiques. Pour des fins d'évaluation, nous effectuons une estimation de PV sur des images IRM cérébrales simulées obtenues à partir de *brainweb*¹. Le simulateur IRM génère des images avec différents niveaux d'inhomogénéités (RF= 0%, 20% et 40%) et différents niveaux de bruit (N=0%, 1%, 3%, 5%, 7% et 9%).

¹ <http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb>

L'image IRM cérébrale simulée a les paramètres suivants: T1 modalité, protocole ICBM, des coupes d'épaisseur de 1 mm (1 mm^3 /voxel). Les modèles flous de tissus pour la matière grise (GM), la substance blanche (WM) et liquide céphalo-rachidien (LCR) du Brainweb sont utilisés comme des vérités de terrain. La valeur de voxel dans les modèles flous de tissu reflète la proportion de tissus présents dans ce voxel, et elle est comprise entre zéro et un. Toutes les méthodes ont été appliquées avec différents niveaux d'inhomogénéités et différents niveaux de bruit sur la modalité pondérée en T1. Figure V-2 affiche deux exemples d'images IRM simulées.

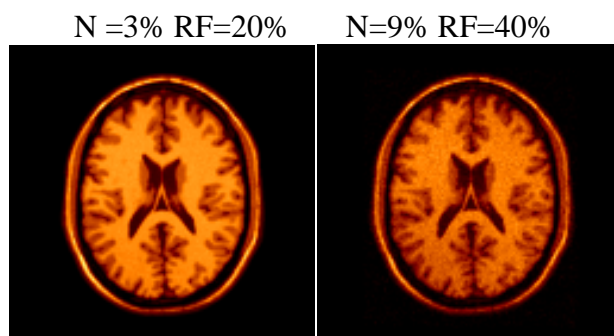


Figure V-2 : Exemples d'images de test

Les résultats de la classification des données simulées sont comparés à la classification de vérité terrain. Les mesures les plus utilisées de la validité des méthodes de classification sont utilisées.

b) Evaluation qualitative

Tout d'abord, la comparaison visuelle de chacun des volumes classés par chacune des méthodes est présentée. Une comparaison visuelle des images classées par différentes méthodes et la classification vérité terrain a été faite. La Figure V-3 présente un exemple de comparaison visuelle pour l'image avec $N=7\%$ et $Rf=20\%$). Visuellement, nous pouvons voir que le résultat de la segmentation diffère d'une méthode à l'autre. Une comparaison visuelle se fasse par des experts, le résultat se diffère d'un expert à un autre car cette comparaison est formelle. On peut remarquer que les résultats obtenus par les méthodes (e,f,g,h) qui prennent en compte l'information spatiale au voisinage sont relativement plus clairs que les autres (b,c,d,e). Ainsi que le résultat de la méthode FAST-PVE (e) est plus précise et clair que les autres en particulier aux frontières des tissus.

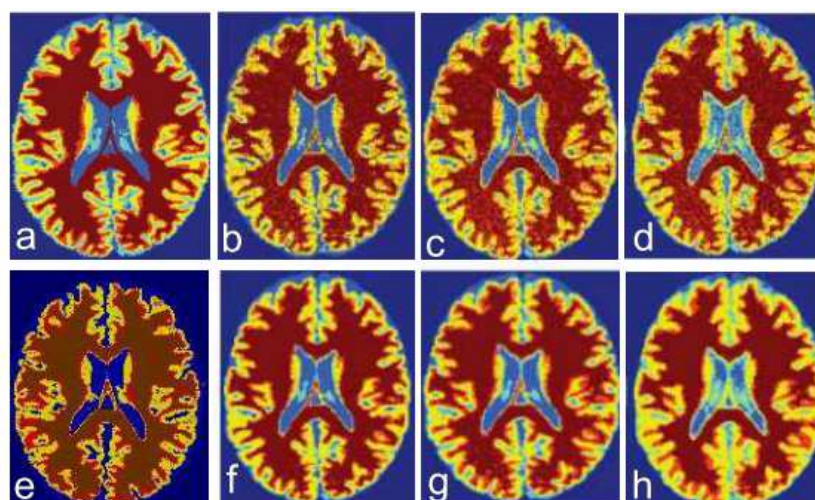


Figure V-3 : Segmentation d'image IRM simulée avec $RF=7\%$ et $N=20\%$: a-vérité terrain, b, c, d-méthodes utilisant l'information d'intensité seulement e-FAST-PVE, f-GHMRF, g- GPV-HMRF, h-NP-HMRF

c) Le pourcentage de voxels correctement classés

Pour l'évaluation quantitative des résultats, nous commençons par le pourcentage de voxels correctement classés. Les résultats présentés sur les cinq figures suivantes décrivent le pourcentage de voxels correctement classés dans les tests pour tous les niveaux de bruit et d'inhomogénéité.

Pour $RF = 0\%$, toutes les méthodes sont sensibles au bruit. GHMRF, GPV-HMRF et FAST ont des résultats presque semblables, et ils montrent une supériorité significative par rapport à la méthode NP-HMRF (Figure V-4).

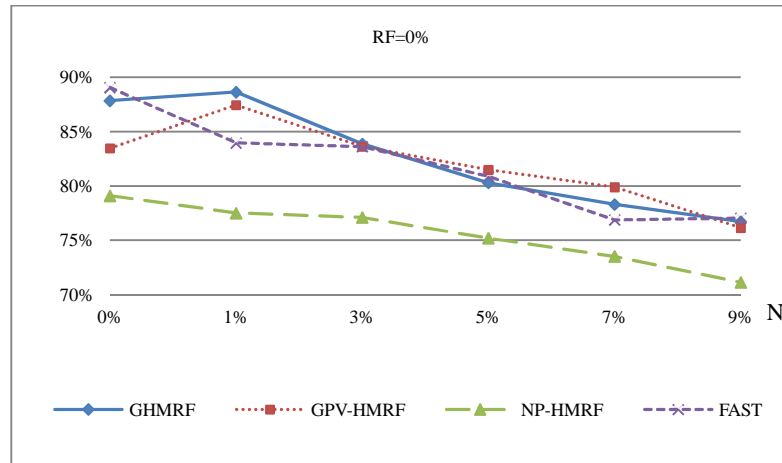


Figure V-4 : Le pourcentage de voxels correctement classés pour $RF = 0\%$

Pour $RF = 20\%$, FAST réalise des résultats meilleurs pour du bruit inférieur à 7% et devient plus sensible au bruit supérieur à 5%. GHMRF et GPV-HMRF ont des résultats presque semblables. Les trois méthodes montrent une supériorité significative par rapport à la méthode NP-HMRF (Figure V-5).

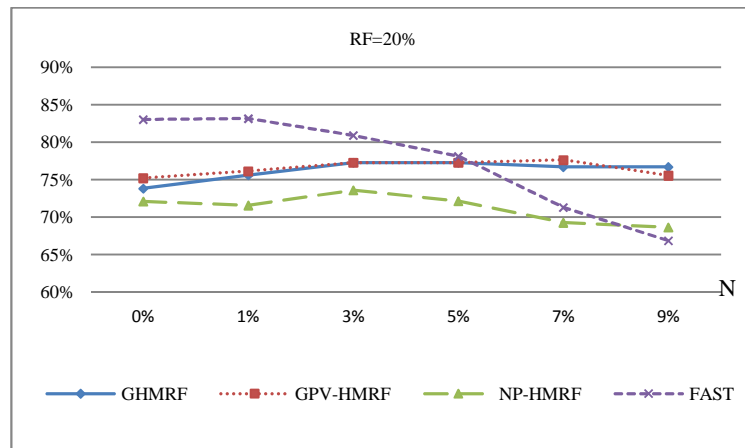


Figure V-5 : Le pourcentage de voxels correctement classés pour $RF = 20\%$

Pour $RF=40\%$ et un bruit inférieur à 7%, FAST montre une supériorité très importante par rapport à GHMRF, GPV-HMRF et NP-HMRF (Figure V-6). Donc le choix de la méthode FAST pour la segmentation des images IRM avec niveau d'inhomogénéité égale à 40% et un bruit inférieur à 7% s'impose pour être appliquée.

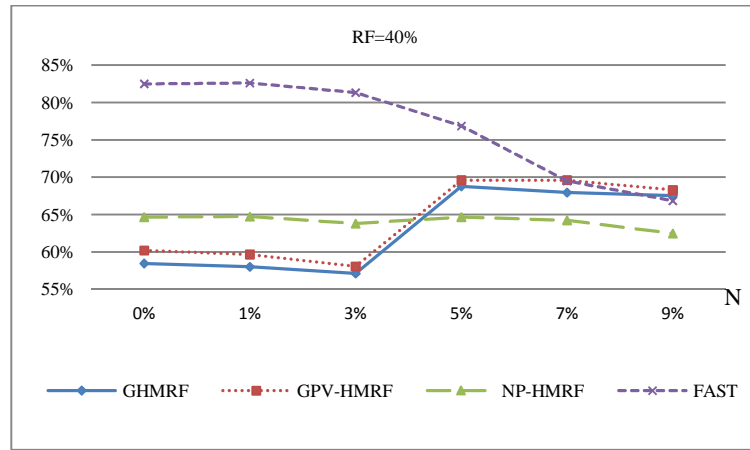


Figure V-6 : Le pourcentage de voxels correctement classés pour RF = 40%

Pour N=7%, GHMRF, GPV-HMRF et FAST sont légèrement sensible aux inhomogénéités, ils ont presque les mêmes résultats, et ils montrent une supériorité significative par rapport à la méthode NP-HMRF (Figure V-7). Les méthodes GHMRF et GPV-HMRF peuvent être favorisée par rapport à FAST.

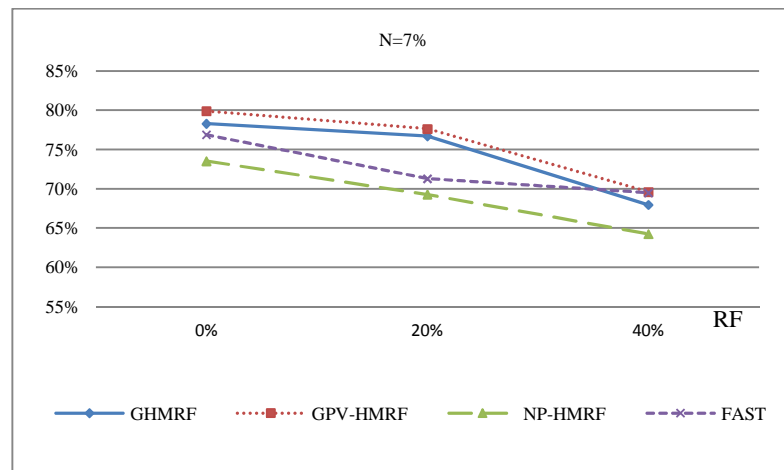


Figure V-7 : Le pourcentage de voxels correctement classés pour N = 7%

Pour N = 1%, GHMRF, GPV-HMRF et NP-HMRF sont sensibles aux inhomogénéités, ils ont presque les mêmes résultats, mais FAST montre une stabilité et une supériorité significative par rapport à toutes les autres méthodes (Figure V-8). La méthode FAST peut être favorisée par rapport à GHMRF et GPV-HMRF.

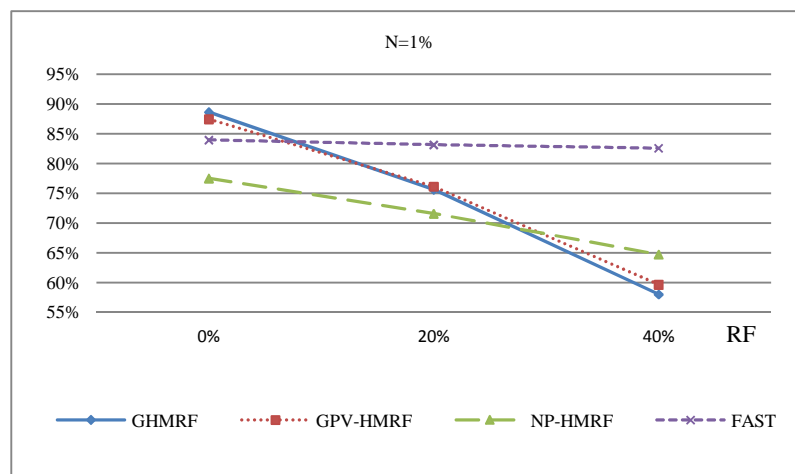


Figure V-8 : Le pourcentage de voxels correctement classés pour N = 1%

D'une façon générale, la modélisation de l'effet de volume partiel par une mixture de gaussienne dans GPV-HMRF et FAST est légèrement favorable par rapport aux autres techniques. On en déduit aussi que la méthode FAST réalise un bon pourcentage de voxels bien classés par rapport aux autres méthodes en particulier avec un bruit $N < 5$ et différents niveaux d'inhomogénéité.

d) La mesure de similarité Dice

Troisièmement, la mesure de similarité Dice (DSM) entre la vérité du terrain et la segmentation automatique est également utilisée comme mesure de performance. Elle est calculée pour chaque classe de tissu (CSF, GM, WM) comme suit:

$$DSM_{seg1,seg2}^l = \frac{2 \cdot N_{seg1 \cap seg2}^l}{N_{seg1}^l + N_{seg2}^l} \quad (60)$$

Où N_{seg1}^l et N_{seg2}^l sont les nombres de voxels classés comme étant les voxels du tissu l avec les méthodes de segmentation seg_1 et seg_2 respectivement. $N_{seg1 \cap seg2}^l$ est le nombre de voxels classés comme tissu l par les deux méthodes.

L'excellent accord entre deux segmentations est justifié par $DSM > 0,7$. Les résultats présentés dans les cinq figures suivantes décrivent les valeurs de DSM pour les tissu pur et mélange avec tous les niveaux de inhomogénéités et avec le bruit = 7% (le plus pire des cas pour FAST).

Pour $N = 7\%$, les valeurs de DSM estimées dans l'extraction de CSF par toutes les méthodes ne sont pas sensibles aux niveaux d'inhomogénéités. GHMRF, GPV-HMRF et FAST réalisent des bons résultats, et ils montrent une supériorité significative par rapport à la méthode NP-HMRF (Figure V-9).

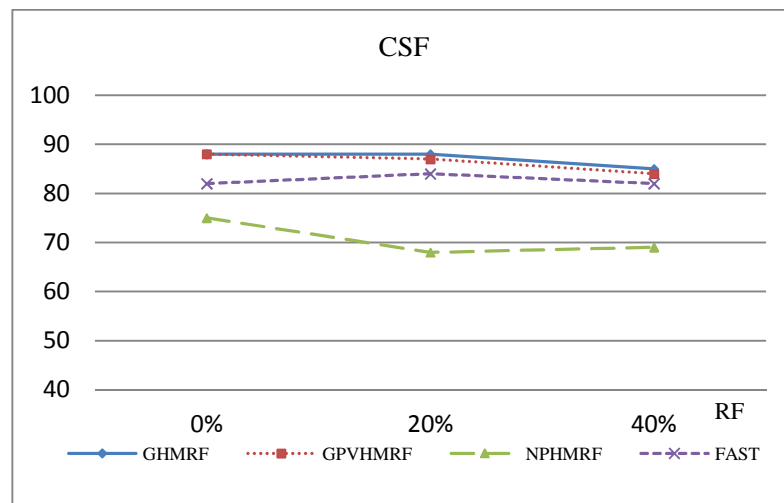


Figure V-9 : Comparaison des valeurs DSM pour CSF (N=7%)

Pour $N = 7\%$, les valeurs DSM estimées dans l'extraction des mélanges GM + CSF (Figure V-10) par les toutes les méthodes sont sensibles aux niveaux d'inhomogénéités. GHMRF, GPV-HMRF et FAST ont réalisées presque les mêmes résultats, et ils montrent une supériorité importante par rapport à la méthode NP-HMRF.

Pour $N = 7\%$, les valeurs DSM estimées dans l'extraction des tissus GM (Figure V-11), GM+WM (Figure V-12) et WM (Figure V-13) par les toutes les méthodes sont légèrement sensibles aux niveaux d'inhomogénéités. GHMRF, GPV-HMRF, NP-HMRF et FAST ont réalisées les mêmes résultats. Les valeurs DSM estimées dans l'extraction des tissus CSF et WM par les toutes les méthodes ont une bonne valeur de $DSM > 0,8$.

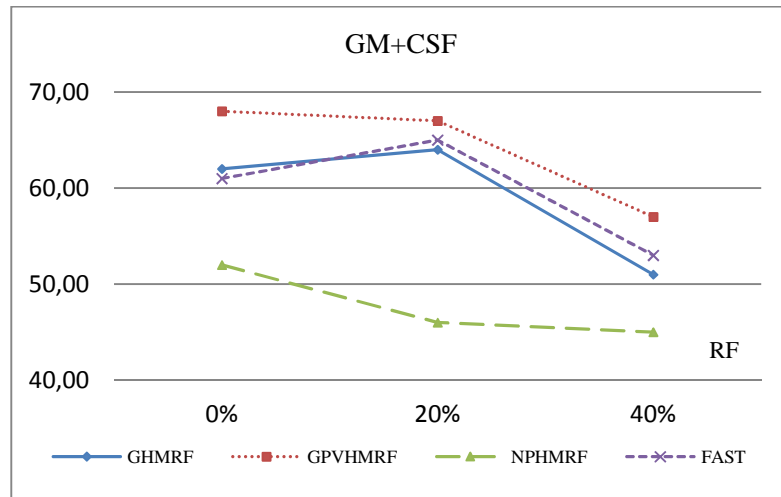


Figure V-10 : Comparaison des valeurs DSM pour GM+CSF (N=7%)

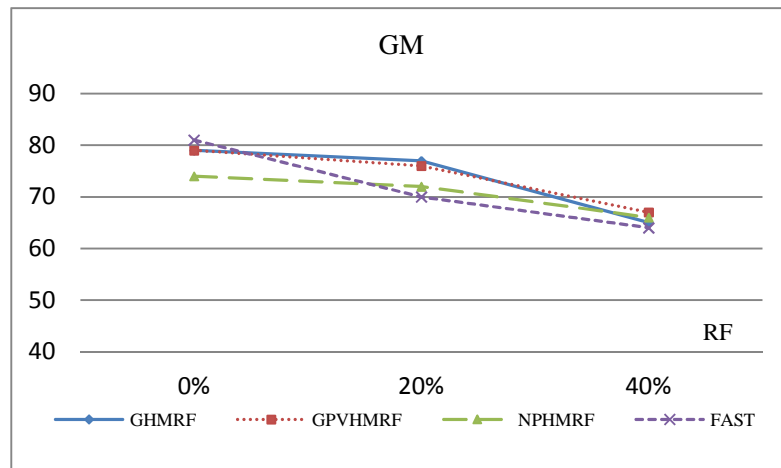


Figure V-11 : Comparaison des valeurs DSM pour GM (N=7%)

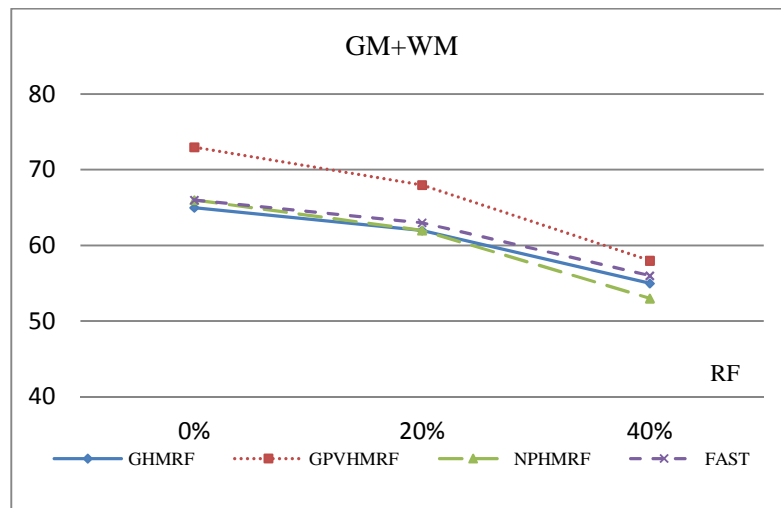


Figure V-12 : Comparaison des valeurs DSM pour GM+WM (N=7%)

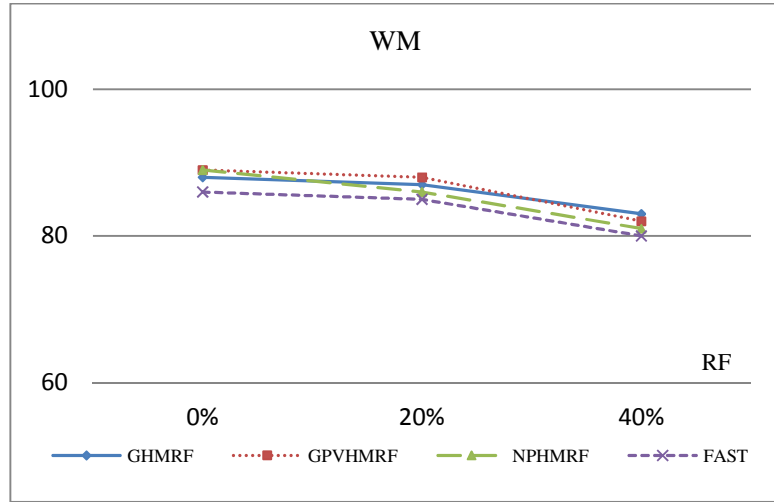


Figure V-13 : Comparaison des valeurs DSM pour WM (N=7%)

e) L'erreur quadratique moyenne (RMSE)

Une comparaison volumétrique pour chaque tissu est estimée. Le volume du CSF, GM et WM est estimé en comptant les voxels de chaque classe et les fractions de volume des voxels PV contribuant au volume de chaque tissu. La précision des estimations de correction PV a été mesurée pour chaque type de tissu séparément par l'erreur quadratique moyenne (RMSE).

Dans les trois méthodes GHMRF, GPV-HMRF et NP-HMRF, l'erreur quadratique moyenne est estimée globalement. Le niveau de gris est utilisé pour estimer le pourcentage de chaque tissu pur dans le voxel PV. Par exemple, le volume total de GM est calculé comme suit:

$$V_{GM} = \sum_{\forall i \in GM} 1 + \sum_{\forall i \in GW} \left(\frac{y_i - \mu_{WM}}{\mu_{GM} - \mu_{WM}} \right)^* + \sum_{\forall i \in CG} \left(\frac{y_i - \mu_{CSF}}{\mu_{GM} - \mu_{CSF}} \right)^* \quad (61)$$

où $(val)^*$ signifie $max(0, min(val, 1))$. Les autres tissus ont des expressions similaires.

Dans la méthode FAST, le pourcentage de chaque tissu pur dans le voxel PV est donné par la segmentation PV. L'erreur quadratique moyenne est estimée pour tous les tissus l par:

$$RMSE_l = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (t_{il} - \alpha_{il}^*)^2} \quad (62)$$

Où t_{il} est le pourcentage de tissu l au voxel i dans la segmentation de vérité terrain et α_{il}^* est celui de la méthode de segmentation à estimer.

Dans la Figure V-14, l'erreur est indiquée en pourcentage par rapport au volume réel de chaque tissu sur tous les fantômes (5N0RF, 7N0RF, 9N0RF, 5N20RF, 7N20RF, 9N20RF). GHMRF et GPV-HMRF montrent une erreur quadratique inférieure à celle du FAST, qui peut être justifiée par la méthode d'estimation du volume et RMSE.

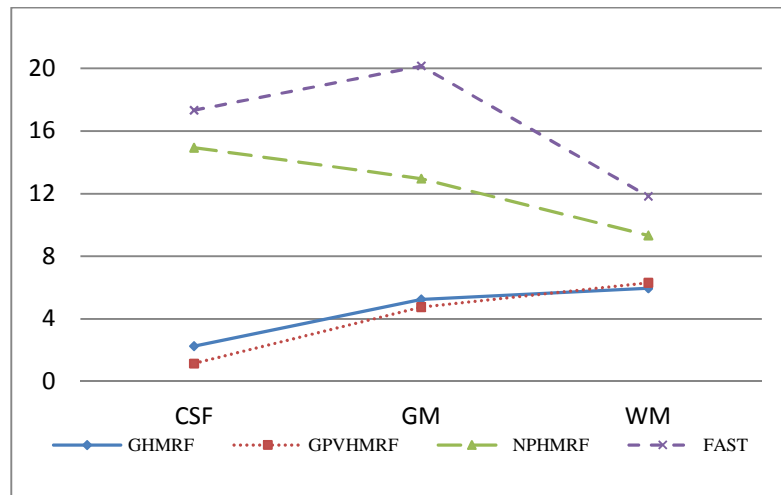


Figure V-14 : Comparaison des valeurs de RMSE

f) Complexité temporelle

Enfin, le temps de calcul est estimé pour toutes les méthodes. La durée moyenne est de 3-5 minutes pour FAST, 10-15 minutes pour GHRMF, environ 20 minutes pour GPV-HMRF et supérieure à 1 heure pour NP-HMRF. FAST est plus rapide par rapport aux autres méthodes.

Dans l'ensemble, nous ne pouvons pas dire que cette méthode est plus efficace qu'une autre d'une manière globale, mais selon les cas et les exigences nous distinguons le plus intéressant. Mais FAST est plus rapide, il réalise de bons résultats dans la majorité des niveaux de bruit et d'inhomogénéité. FAST nous donne aussi les proportions exactes des trois tissus par voxel.

V.2.5 Conclusion

Dans cette contribution, une évaluation comparative des algorithmes statistiques de segmentation d'image IRM et de leur impact sur la correction de volume partiel ont été présentés. Quatre méthodes ont été appliquées sur les images avec différents niveaux de bruit et d'inhomogénéités. Les images IRM simulées ont été utilisées pour effectuer la comparaison et les mesures les plus utilisées ont été estimées pour évaluer l'efficacité des algorithmes de segmentation.

Les résultats des expériences confirment que la qualité de la segmentation obtenue est variable en fonction du niveau du bruit et des défauts d'homogénéité. Les méthodes paramétriques GHMRF, GPV-HMRF et FAST réalisent une robuste segmentation avec estimation du volume partiel. Les méthodes modélisant le volume partiel par une mixture de gaussienne sont légèrement plus favorables. On peut aussi dire que la méthode FAST est la plus rapide. Dans l'ensemble, nous ne pouvons pas dire que cette méthode est absolument plus efficace qu'une autre, mais selon les cas et les exigences nous distinguons la plus intéressante. Dans notre cas, on estime que la méthode FAST est très adaptée à nos besoins, car elle réalise une performance dans l'estimation du volume partiel si le niveau de bruit est inférieur à 7%.

V.3 Processus de segmentation sub-voxelique des IRM

V.3.1 Introduction

En raison de la complexité de l'anatomie du cerveau humain, la qualité de la résolution joue un rôle essentiel dans l'imagerie cérébrale par résonance magnétique (IRM) pour lesquels l'effet de volume partiel (PVE) représente une contrainte majeure pour effectuer une analyse détaillée d'image. Malgré une meilleure résolution d'image fournie par des intensités de champ, les problèmes liés à l'effet de volume partiel insistent, comme les structures d'intérêt deviendront plus petites. Pour surmonter ce problème, deux

axes de recherche ont été étudiés. Le premier est l'amélioration de la résolution des images (Bai et al., 2004; Carmi et al., 2006) et le second est la correction de l'effet de volume partiel (Cuadra et al., 2005). L'estimation de PV et la super-résolution de l'image ont reçu une attention considérable et des approches différentes ont été proposées.

Des recherches récentes portent sur les problèmes de résolution de l'image et l'effet de volume partiel séparément alors qu'ils sont étroitement liés. Afin d'exploiter l'intérêt apportés par la collaboration entre différentes stratégies et divers sources d'informations, on a proposé un processus complet pour faire une segmentation sub-voxelique des images IRM. Dans cette contribution, une nouvelle technique a été proposée réalisant une estimation précise du volume partiel de chaque tissu après une amélioration dans la résolution d'image en utilisant une super-résolution à base d'Atlas. Dans la première étape, dans le cas de l'inexistence d'une image à haute résolution sur le même sujet, nous générons itérativement une image à haute résolution (HR) à partir d'une image basse résolution (LR), en utilisant des informations supplémentaires *a priori* du modèle d'Atlas haute résolution. Contrairement aux techniques d'interpolation, afin d'être en mesure de récupérer des détails fins dans les images d'entrée, le processus de reconstruction est basé sur des informations préalables d'Atlas et l'autosimilarité de l'image source LR (*Atlas information prior and self similarity*). Dans la deuxième étape, le volume partiel est évalué à l'aide d'un champ de Markov (MRF), la proportion de chaque tissu en chaque sub-voxel est calculée. L'efficacité de notre approche est démontrée sur les images simulées BrainWeb et des images cliniques de IBSR.

Afin de décrire notre contribution, nous examinons des travaux antérieurs portant sur le problème traité, puis nous présentons le processus proposé pour la super-reconstruction et l'estimation du volume partiel. En fin, les résultats obtenus des tests sur des images anatomique et pathologique simulée de BrainWeb et des images réelles sont présentés et discutés.

V.3.2 Travaux antérieurs

La super-résolution a reçu une attention considérable et des approches différentes ont été proposées. Roullot, Herment & all combinent les données partiel k-espace d'un même objet avec des différentes domaines de fréquence d'échantillonnage limitée en utilisant trois volumes IRM 3-D successifs (Herment et al., 2003; Roullot et al., 2000). Leurs résultats montrent des images HR anisotrope, mais seulement dans les directions partagées par les échantillons de données k-espace à haute fréquence. Ce qui rend leur méthode aisément utile pour l'imagerie des tissus avec des directions spécifiques, telles que les artères, mais pas pour l'imagerie du cerveau, où la résolution isotrope est souhaitée.

Un algorithme itératif (*iterative back-projection*) a été appliqué à un ensemble de huit images LR spatialement décalées avec les mêmes résolutions en utilisant des acquisitions 2-D multi-coupes (Peled and Yeshurun, 2001). En outre la reconstruction SR, les décalages spatiaux dans seulement la direction de sélection de coupe ont été invoqués dans des images IRM 2-D multi-coupes réelles et simulées (Greenspan et al., 2002). L'application de l'algorithme SR pour la reconstruction d'images HR du cerveau à partir de plusieurs ensembles de données d'IRM LR avec une résolution dans la direction de sélection de la coupe qui est inférieure à la résolution dans le plan initial a été présenté dans (Bai et al., 2004). Plusieurs méthodes SR ont été proposées pour combiner des images LR pour reconstruire une image de HR (Bose and Boo, 1998; Carmi et al., 2006; Kathiravan and Kanakaraj, 2014; Rousseau et al., 2006).

Dans la technique de SR Multi-frame, l'estimation de la SR se fait conjointement en utilisant l'image LR et une image de HR de référence. Le processus de reconstruction est basé sur un modèle physique d'acquisition d'image en utilisant des connaissances anatomiques à partir d'une image de haute résolution du même sujet. Une nouvelle approche de régularisation sur des contraintes de similarité non locale est utilisée pour mieux gérer les structures et la texture répétitives (Rousseau et al., 2010). Dans

(Manjón et al., 2010a) une nouvelle méthode de super-résolution est proposée pour reconstruire des images à haute résolution à partir de celles à faible résolution en utilisant des informations des images à haute résolution acquises sur le même sujet. Chaque Voxel peut être modélisée comme une combinaison linéaire des intensités de voxels des données HR adjacentes.

D'autre part, de nombreuses approches ont été proposées pour la classification des tissus d'IRM cérébrales pour améliorer la robustesse et la précision des méthodes de classification non supervisées avec estimation du volume partiel. On a présenté certains travaux en section V.2.2.

Toutes les techniques précédentes de super-résolution exploitent seulement les informations locales ou globales des images d'entrée et l'amélioration de la qualité de l'image est seulement sur l'épaisseur de coupe. Malgré les résultats obtenus, elles restent insuffisantes pour les applications sensibles aux effets de volume partiel. Chercher d'autres techniques utilisant de nouvelles sources d'information pour améliorer la qualité de l'image est devenue une nécessité absolue. Par exemple, dans (Lévy et al., 2015), l'analyse basée sur un modèle a prouvé d'être un moyen efficace, objective et reproductible d'extraire des informations pertinentes à partir des données d'IRM multiparamétriques. Ainsi, l'utilisation de l'Atlas peut améliorer le processus de super-résolution. Nous avons investi dans cette direction. Nous utilisons un modèle de haute résolution de l'Atlas comme connaissances préalables pour améliorer la qualité d'image dans toutes les directions.

V.3.3 Processus général proposé (FAST_ASR)

Rappelons-nous que notre objectif est de concevoir un processus de segmentation multi-stratégies multi-sources pour l'estimation du volume partiel dans les images IRM. Notre principale contribution est la conception d'un processus pour l'estimation des fractions des volumes de chaque tissu en IRM cérébrale. La Figure V-15 illustre la vue globale de notre approche.

L'idée clé de notre approche (appelé FAST_ASR) est d'exploiter l'image HR d'Atlas dans la reconstruction d'image HR puis estimer le volume partiel dans l'image résultat en calculant la proportion de chaque tissu en chaque sub-voxel. Nous proposons une méthode robuste en deux étapes. La première étape consiste dans le processus de super-reconstruction itérative de haute résolution dans toutes les directions des images IRM cérébrales en utilisant des informations à partir d'une IRM à haute résolution (modèle d'Atlas) sans l'utilisation d'une image à haute résolution sur le même sujet. La deuxième étape consiste à la classification des tissus et l'estimation du volume partiel de l'image IRM HR produite par l'étape précédente à l'aide d'un champ de Markov (MRF) basée sur l'*a priori* spatiale.

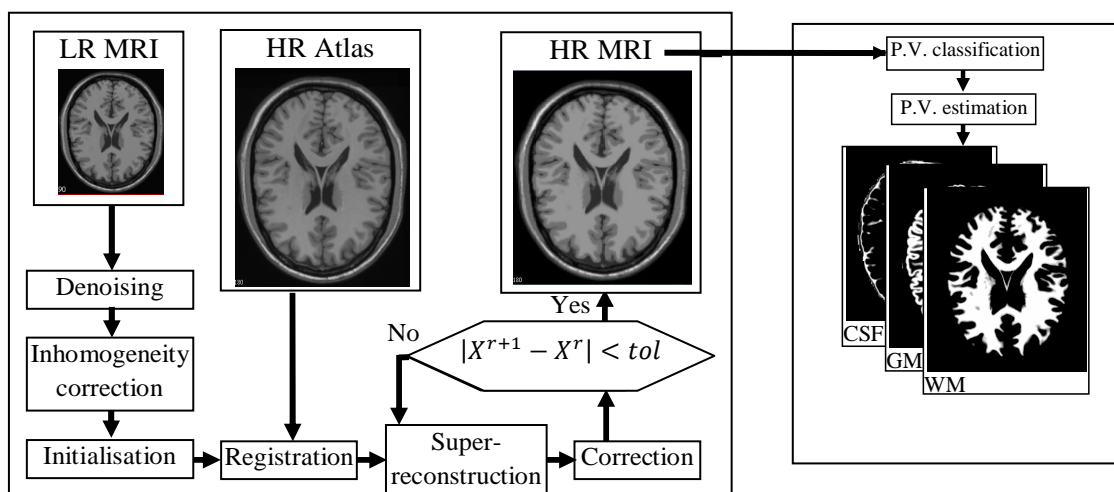


Figure V-15 : Vue globale du processus de segmentation (FAST_ASR)

V.3.4 Processus proposé de super-reconstruction (ASR)

Le problème inverse consiste à utiliser le résultat réel de certaines mesures pour en déduire les valeurs des paramètres caractérisant le système. Dans le contexte de SR, les résultats sont des images basses résolution (LR) et les causes sont des images à haute résolution (HR). Nous avons des images LR et nous voulons trouver l'image HR qui a produit les images LR. Le modèle d'observation qui décrit le processus d'obtention d'une image LR à partir d'une image HR, montre que l'image LR peut être obtenue à partir de la déformation, sous-échantillonnage, le flou, et les opérateurs de bruit exécutés sur l'image HR. Le modèle d'observation est défini comme suit:

$$y = DBWx + n \quad (63)$$

Où x représente l'image HR, y est l'image LR, n est le bruit, W est une transformation géométrique (déformation), B est une matrice de flou, D est la matrice de sous-échantillonnage (Rousseau et al., 2010). En supposant que $H=DBW$, l'équation (63) peut être réécrite comme suit:

$$y = Hx + n \quad (64)$$

Dans le cas des images IRM, la valeur de voxel LR (y_i) peut être bien modélisée comme une moyenne des valeurs des voxels HR correspondant (x_i) (Manjón et al., 2010a):

$$y_j = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i + n \quad (65)$$

Le but de SR reconstruction est l'évaluation des valeurs de voxels HR (x_i) à partir des valeurs de voxel LR (y_j), il y a une infinité de valeurs possibles (x_i) qui résolvent cette équation. Ainsi, des informations supplémentaires sont nécessaires pour résoudre ce problème et trouver une solution optimale en respectant l'égalité suivante:

$$\hat{x} = \operatorname{argmin}_x \|y - Hx\|^2 \quad (66)$$

Pour un tel problème inverse, une certaine forme de régularisation joue un rôle crucial et doit être inclus dans la fonction de coût pour stabiliser le problème ou limiter l'espace des solutions. Une approche utilisée très courante consiste à appliquer des contraintes fondées sur l'hypothèse de lissage des données reconstruites dans le processus de reconstruction:

$$\hat{x} = \operatorname{argmin}_x (\|y - Hx\|^2 + \lambda R(x)) \quad (67)$$

Où λ est un poids qui équilibre la contribution de la régularité et le terme de la fidélité des données et $R(x)$ est un terme de régularisation. La régularisation populaire à base de voxels est la régularisation de Tikhonov (Rousseau et al., 2010).

En outre, en appliquant un spécifique filtre pour éliminer le bruit présent dans les données LR, nous pouvons imposer comme une contrainte supplémentaire, le fait que la version échantillonnée des données reconstruites doit être similaire aux données LR d'origine:

$$y - H\hat{x} = 0 \quad (68)$$

Contrairement aux techniques de super résolution qui utilise une image HR du même sujet dans le processus de reconstruction, la première étape de la méthode proposée est un processus itérative de reconstruction basé sur l'utilisation des informations locales du modèle d'intensité d'Atlas HR pour récupérer des informations d'image dans les données reconstruites LR. Les Atlas peuvent représenter la structure du cerveau en utilisant une variété de méthodes d'imagerie et des options de visualisation. De nombreux Atlas récents sont basés sur l'imagerie par résonance magnétique structurale (IRM), qui fournit une bonne résolution dans les trois dimensions spatiales. Certains sont dérivés d'un cerveau individuel. D'autres représentent une moyenne de nombreuses personnes inscrites au même espace stéréotaxique.

Ce processus de super-reconstruction (appelé ASR) est composé par étapes: prétraitement (débruitage et correction inhomogénéité), l'initialisation, le recalage, super-reconstruction et finalement la correction (Figure 62).

a) Etape de débruitage (*Denoising stage*)

Pour utiliser l'égalité exprimée en (68), les images LR sont débruitées en utilisant une méthode de débruitage robuste récemment proposée pour les images IRM 3D, qui est basée sur le filtre des moyens non local (*Non-Local Means filter*). Ce filtre a été adapté pour traiter les images IRM avec différents niveaux spatiales de bruit (pour le bruit gaussien et Ricien) (Manjón et al., 2010b).

b) Etape de correction d'Inhomogénéité (*Inhomogeneity correction stage*)

Le phénomène inhomogénéité d'intensité dans les images de résonance magnétique (IRM) est encore important et peut nuire à l'analyse quantitative de l'image. L'algorithme de correction d'inhomogénéité N3 est un algorithme de prétraitement qui corrige les artéfacts souvent observés dans l'IRM. Le cœur de l'algorithme est une approche itérative qui estime à la fois un champ de polarisation multiplicatif et une distribution de véritables intensités de tissus. Dénommée « *nonparametric intensity nonuniformity normalization* » (N3), cette méthode ne fait aucune hypothèse sur le type d'anatomie présent dans un scan et il est robuste, précis et entièrement automatique (Sled et al., 1998).

c) Etape d'initialisation (*Initialization stage*)

Avant de commencer le processus itératif de construction et de correction d'image HR, l'image LR doit être initialisée comme image HR. La seule solution pratique est l'interpolation de l'image LR. L'interpolation initiale affecte les résultats de reconstruction de la méthode proposée, plusieurs méthodes d'interpolation populaires (plus proche voisin, bilinéaire, cubique, et B-spline interpolation) ont été utilisées et comparées pour la première étape. Suite aux résultats empiriques obtenus, on a adopté l'interpolation B-spline pour l'initialisation de la construction.

d) Etape de recalage (*Registration stage*)

Comme pour toute application nécessitant une étape de recalage, la méthode de recalage et le résultat obtenu par les transformations nécessaires influent directement sur l'application. Pour une meilleure exploitation de la similarité locale entre voxels dans les données de l'Atlas HR et des données HR reconstruit après interpolation à l'étape d'initialisation, ces images doivent être dans le même espace géométrique. En plus, chaque voxel de l'image interpolée doit correspondre à son homologue dans l'Atlas. Ceci est pratiquement impossible, mais on doit appliquer une méthode de recalage qui assure cette condition le maximum possible. Pour ceci, toutes les images IRM cérébrales utilisées sont recalées à l'Atlas (modèle) en utilisant le recalage basée intensité « *Intensity-Based Medical Image Registration* » (Klein et al., 2010). Un recalage affine suivi par un recalage élastique est utilisé avec la fonction de coût basée sur l'information mutuelle et une optimisation basée sur la descente de gradient stochastique adaptée « *adaptive stochastic gradient descent* » (ASGD). Ces étapes de recalage décrites et appliquées dans (Artaechevarria et al., 2009) sont testées avec succès dans notre application.

e) Etape de construction (*Construction stage*)

Les étapes de la construction et de correction sont répétées de manière itérative en utilisant les données reconstruites courantes dans l'étape de reconstruction suivante (à la place des données interpolées

initiales) jusqu'à ce qu'aucune construction significative ne soit retenue entre les deux itérations consécutives.

Dans l'étape de construction, l'image HR est obtenue par application du filtre de voisinage 3D. L'inclusion de l'information de données LR dans le processus de reconstruction permet à la méthode d'être robuste pour petits désalignements entre les données de LR et HR. L'autosimilarité LR est utilisée pour aider dans le processus de reconstruction:

$$\hat{x}_p^{r+1} = \frac{1}{c_p} \sum_{\forall q \in \Omega} \hat{x}_q^r e^{-(a_p - a_q)^2 / h^2} e^{-\|N(x_p^r) - N(x_q^r)\|^2 / kh^2} \quad (69)$$

Où x^r sont les données reconstruites en cours de l'itération r , C_p est le facteur de normalisation, Ω est la zone 3D de recherche, p est l'indice de voxel dans le calcul, q est l'indice du voxel voisin de voxel p et a représente les données de l'Atlas HR. $\|N(x_p^r) - N(x_q^r)\|$ est la distance moyenne entre les voisins de voxel p et les voisins de voxel q , h et k sont des paramètres de contrôle de filtrage. La combinaison entre un filtre sigma dans l'image Atlas HR et un filtre non local moyens dans l'image LR interpolée est utilisée pendant le processus de reconstruction. Des poids plus élevés sont ainsi donnés aux voxels avec une intensité similaire dans l'image Atlas HR et avec un contexte local similaire dans l'image LR au même temps. Cette stratégie permet de tirer parti de la redondance des informations présentes dans l'image LR ainsi que d'utiliser l'information structurelle de l'image HR Atlas pour conduire le processus de reconstruction. De cette manière, la méthode proposée est robuste à des artefacts de reconstruction et de recalage.

Dans le processus de reconstruction, la valeur du paramètre h joue un rôle majeur, une cession progressive itérative de sa valeur est proposée. Pour les données d'entrée de quantification de 8 bits, ce qui diminue les valeurs de h , (32, 16, 8, 4 et 2) ont été utilisés dans toutes les expériences. Ces valeurs ont été utilisées avec succès dans (Buades et al., 2009; Manjón et al., 2010a). Chaque valeur est utilisée une fois, puis a diminué jusqu'à ce que la dernière valeur de h (2 dans notre cas) puis le processus est répété avec $h=2$ jusqu'à ce que la valeur moyenne absolue de la différence entre deux reconstructions consécutives est inférieure à une tolérance donnée, la tolérance était réglé empiriquement à 0,01. En ce qui concerne le paramètre k , il régularise la contribution de l'information du modèle d'Atlas dans le processus de reconstruction. Expérimentalement un facteur $k = 256$ permet d'obtenir de bonnes reconstructions tout en maintenant la robustesse de la méthode. Dans notre approche, le choix de ce paramètre est relatif à la qualité d'Atlas et le type d'image IRM (anatomique ou pathologique).

f) Etape de correction (Correction stage)

La deuxième étape dans le processus itérative a pour objectif la correction de la construction. Dans chaque itération r , la version des données reconstruites HR doit être proche des données originales LR. Pour assurer cette contrainte, la valeur moyenne des voxels HR reconstruits doit être corrigée pour correspondre à la valeur du voxel LR originale :

$$\hat{x}^{r+1} = \hat{x}^{r+1} - NN(H\hat{x}^{r+1} - \gamma) \quad (70)$$

Où NN est l'opération d'interpolation des plus proches voisins (*The Nearest neighbor interpolation operation*).

V.3.5 Processus d'estimation du volume partiel

Suite aux résultats obtenus par notre contribution précédente, on a adopté d'utiliser la modélisation inspirée par le travail de Tohka et al. (Tohka, 2013). On applique la méthode FAST pour calculer les proportions des volumes des tissus en chaque sub-voxels.

Dans la première étape, PV classification, les sub-voxels de l'image HR sont classifiés en $K+K'$ = 6 types de tissus représentant les types de tissus principaux (K classes des tissus pur = {CSF, GM, WM}) et des mélanges de deux types de tissus (K' classes mixtes = {Fond + CSF, CSF + GM, GM + WM}).

La classification PV est formulée comme un problème d'optimisation:

$$Z^* = \arg \max \log(p(x_i|z_i)) + U(Z) \quad (71)$$

x_i est la valeur de sub-voxel dans l'IRM HR, $\log(p(x_i|z_i))$ est la log-vraisemblance de x_i , z_i est la classe de sub-voxel i , $U(Z)$ est la fonction d'énergie de distribution de Gibbs modélisée par un Markov Random Field.

$$U(Z) = \left(\frac{\beta}{2}\right) \sum_{i=1}^N \sum_{j \in N_i} \frac{a_{ij}}{d(i,j)} \text{ où } a_{ij} = \begin{cases} 2, & \text{si } z_i = z_j \\ 1, & \text{si ils ont un tissu en commun} \\ -1, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (72)$$

où N_i est le 26-voisin autour de sub-voxel i , $d(i,j)$ est la distance entre les sub-voxels i et j . β est un paramètre contrôlant l'apport de l'information spatiale préalable, qui est fixé empiriquement à 0.1.

La probabilité $p(x_i|z_i)$ suit une densité gaussienne $g(x_i|\mu_{z_i}, \Sigma_{z_i})$ avec la moyenne μ_{z_i} et la variance Σ_{z_i} pour les tissus purs. Pour les classes mixtes, La probabilité $p(x_i|z_i)$ est :

$$p(x_i|z_i = \{l_1 + l_2\}) = \int_0^1 g(x_i|\mu(\alpha), \Sigma(\alpha)) d\alpha \quad (73)$$

où $\mu(\alpha) = \alpha\mu_{l_1} + (1 - \alpha)\mu_{l_2}$; et $\Sigma(\alpha) = \alpha^2\Sigma_{l_1} + (1 - \alpha)^2\Sigma_{l_2}$;

Pour estimer la moyenne μ_{z_i} et la variance Σ_{z_i} pour le tissu pur (idéalement pur), Un moyen efficace est l'estimation robuste par détection de valeur aberrante à plusieurs étapes (Manjón et al., 2008), qui consiste à :

- Filtrer les voxels outliers par Un filtre passe-bas,
- Segmentation de l'image par la technique k-means incrémental, ce qui exclut les intensités des sub-voxels de valeur aberrante,
- Eliminer les voxels appartenant aux frontières des classes.
- Utiliser la méthode de déterminant de covariance maximale « *maximum covariance determinant* » (MCD) dans l'estimation des paramètres (Tohka et al., 2004).

Une version rapide de l'algorithme itératif ICM est utilisée pour résoudre le problème d'optimisation, et qui converge à un maximum local (Tohka, 2013).

Dans la deuxième étape, l'estimation de PV, nous estimons les proportions de chaque type de tissu dans chaque sub-voxel en utilisant les informations de l'étape précédente de classification. Les proportions $\alpha_{i_l}^*$ de chaque type de tissu l dans chaque sub-voxel i sont estimées.

$$\alpha_{i_l}^* = 1 \text{ et } \forall k \neq l \alpha_{i_k}^* = 0 \quad \text{si } z_i^* = l \quad (i \text{ est un sub-voxel pur})$$

$$\alpha_{i_l}^* = \arg \max \log g(x_i|\mu(\alpha), \Sigma(\alpha)) \quad \text{si } z_i^* = l_1 + l_2 \quad (i \text{ est un melange de tissus}) \quad (74)$$

V.3.6 Tests et résultats

Afin d'évaluer les performances de notre approche, nous avons effectué un lot d'expérimentation qui vise principalement à mesurer les aspects suivants: la qualité de l'image dans l'étape de super-résolution

dans les différents cas (différents épaisseurs de coupe, types d'Atlas, niveaux de bruit, inhomogénéité, anatomique, pathologique et réel images) en utilisant le critère PSNR (*Peak Signal-to-Noise Ratio*) et la qualité de la segmentation en utilisant l'erreur quadratique moyenne RMSE (*Root Mean Square Error*).

a) Évaluation du processus de super-résolution

Pour valider l'étape de super-reconstruction du processus proposé, plusieurs comparaisons sont effectuées et le rapport (PSNR) a été utilisé pour comparer l'image HR construite J avec l'image HR originale I .

$$PSNR = 10 \log_{10} \frac{(MAX)^2}{MSE} \text{ where } MSE = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (I(i) - J(i))^2 \quad (75)$$

Où MAX est la valeur maximale possible de voxel de l'image.

Afin d'explorer la possibilité de reconstruire des images à haute résolution de structures cérébrales anatomiques typiques, nous avons appliqué l'algorithme sur des images IRM simulées de BrainWeb et Atlas téléchargés depuis <http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb/> (Cocosco et al., 1997). Le BrainWeb d'image (image originale HR) et les volumes d'image Atlas ont $181 \times 217 \times 181$ voxels avec une résolution de l'image 1mm^3 . L'image est échantillonnée avec un facteur de réduction f pour avoir les images LR d'entrée (avec une épaisseur de coupe égal à f mm).

- **Épaisseur de coupe (Slice Thickness)**

Dans ces tests, notre objectif est de reconstruire l'image T2-w HR (bruit=0%, inhomogénéité=0%) à partir de sa version de résolution dégradée (*downsampled*) en utilisant un Atlas HR comme référence. Le volume T2-w HR a été sous-échantillonné dans la direction z pour avoir différents épaisseurs de coupe (2, 3, 5 et 9 mm). L'Atlas utilisé est une moyenne de 27 images IRM T1 de la même personne, ces images sont recalées de façon linéaire pour créer une moyenne à haute SNR (Holmes et al., 1998). L'Atlas utilisé comme référence a une résolution égale à 1mm^3 . L'approche est comparée par rapport aux interpolations du plus proche voisin (NN), B-Spline interpolation, et aux méthodes récemment proposé par Rousseau dans (Rousseau et al., 2010) et Manjon dans (Manjón et al., 2010a).

Dans une comparaison qualitative de notre approche ASR avec les méthodes classiques d'interpolations (plus proche voisin, interpolation linéaire, interpolation B-cubique et interpolation B-Spline), les résultats obtenus par notre approche sont meilleurs par rapport aux autres résultats. Les Figure V-16 et Figure V-17 présentent les résultats visuels et le PNSR des méthodes comparées pour une résolution LR égale à 2 mm puis à 9mm. Il faut noter que ces méthodes de super-résolution ne nécessitent pas d'image HR de même sujet dans le processus de reconstruction.

La Figure V-18 montre les valeurs de PNSR résultantes de l'application des différentes méthodes de super-reconstruction appliquées aux images LR de différents épaisseurs de coupe pour obtenir des images HR d'épaisseur égale à 1mm. Malgré l'existence des images HR dans les méthodes Rousseau et Manjon qui aident le processus de reconstruction, nos résultats sont très proches de ceux obtenus par Manjon et meilleurs par rapport aux autres dans les différents cas de mauvaises résolutions. L'approche ASR nous permet de reconstruire une image de bonne résolution à partir d'une image de mauvaise résolution.

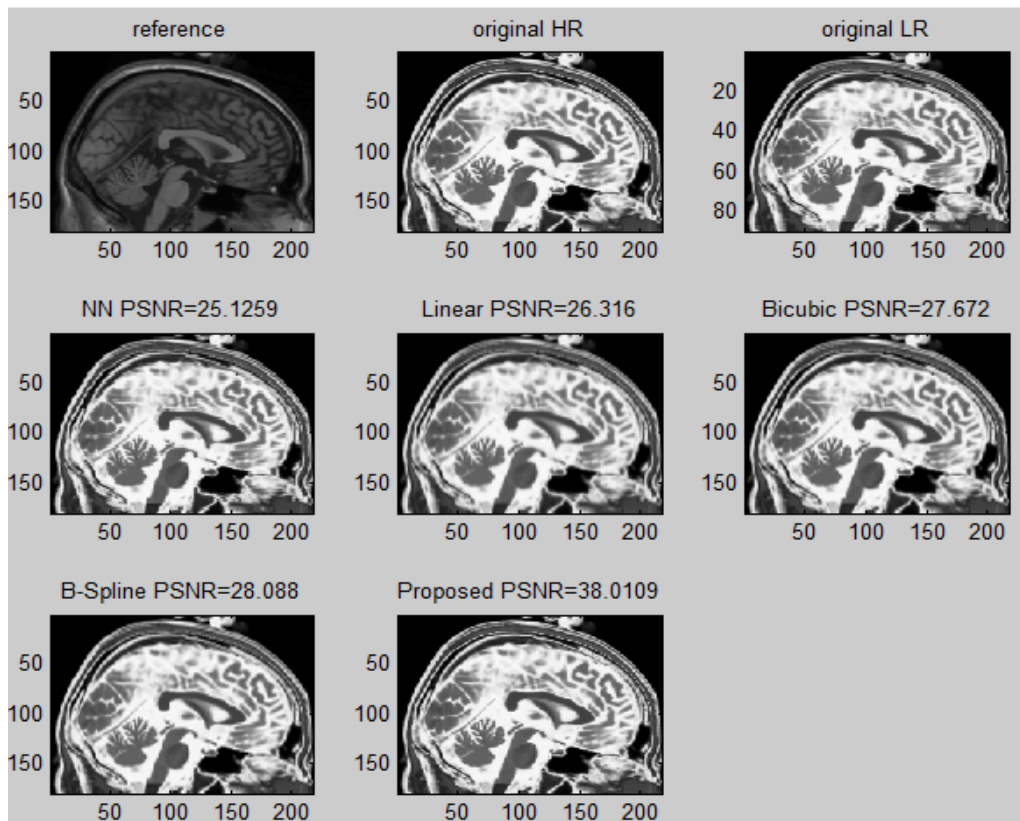


Figure V-16 : Résultats de super-reconstruction pour une image LR de résolution 2 mm

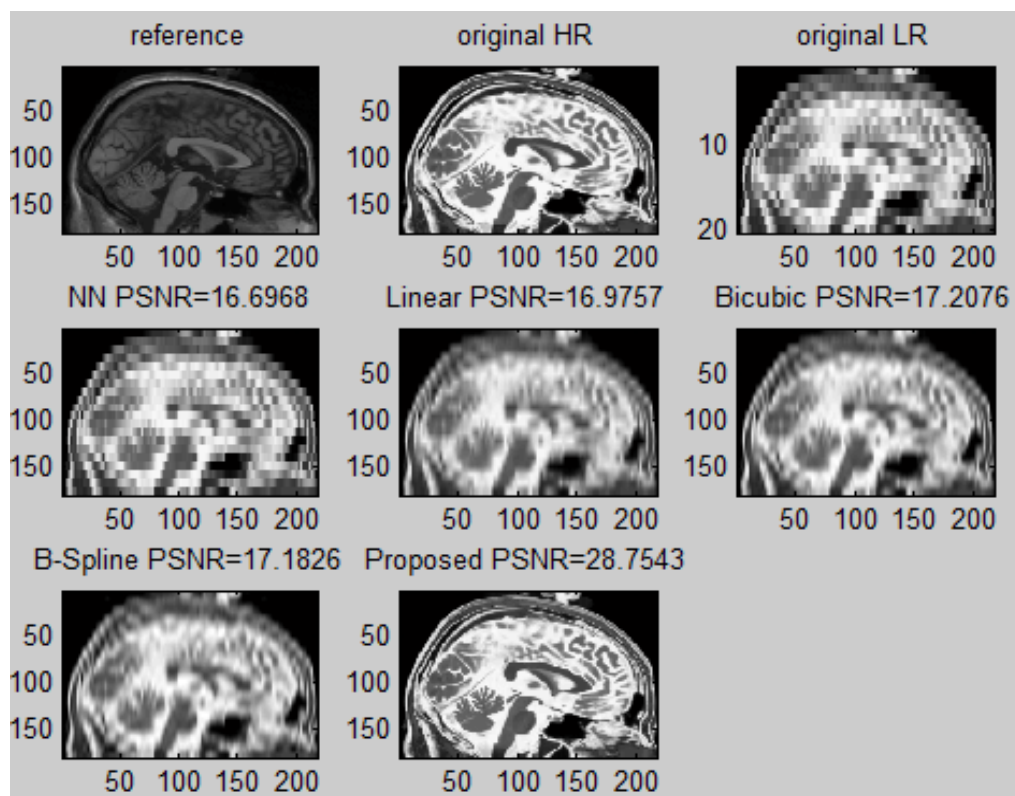


Figure V-17 : Résultats de super-reconstruction pour une image LR de résolution 9 mm

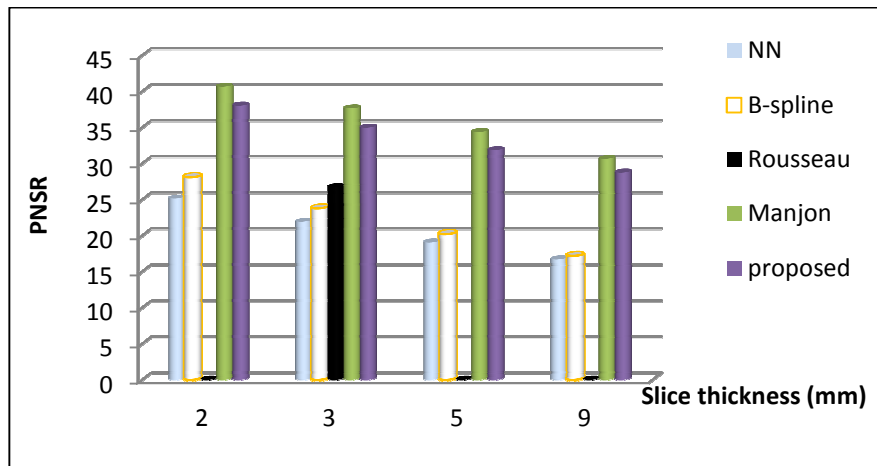


Figure V-18 : PSNR pour différents épaisseurs de coupe

- **Sensibilité au type d'Atlas (Atlas Sensibility)**

L'image HR d'Atlas a un rôle très important dans notre processus de reconstruction, nous estimons l'effet du choix de l'Atlas en comparant les résultats obtenus par l'utilisation de plusieurs Atlas et avec des modalités différentes. On utilise une image simulée avec le bruit = 0%, inhomogénéité = 0% et épaisseur de coupe = 3mm. D'après les résultats présentés dans le Tableau V-2, nous notons d'abord que la reconstruction des images HR est très sensible au choix de l'Atlas et de la modalité. Cependant, nous pouvons affirmer à nouveau que notre méthode est robuste par rapport à d'autres méthodes d'interpolation pour tous les choix de l'Atlas. On en déduit que ASR est capable de construire des images IRM HR de même résolution que l'Atlas

Tableau V-2 : PSNR obtenus avec différent types d'Atlas

Atlas	NN	B-spline	proposed
Colin 27 Average Brain version 1998 (Holmes et al., 1998)	27.59	32.40	41.95
Linear ICBM Average Brain (ICBM152) t1w (Mazziotta et al., 1995)	27.59	32.40	32.51
Linear ICBM Average Brain (ICBM152) t2w (Mazziotta et al., 1995)	21.91	23.77	26.18
Linear ICBM Average Brain (ICBM152) pdw (Mazziotta et al., 1995)	24.13	27.05	29.88

- **Sensibilité au bruit (Noise Sensitivity)**

Dans la pratique, il n'y a pas d'images IRM sans bruit. Pour cette raison, nous avons fait quelques expériences qui mesurent la performance de notre filtre. En effet, ce filtre appliqué a montré son efficacité, les tests ont été effectués sur l'image IRM avec le bruit de 0%, 1%, 2% et 4% et l'épaisseur de coupe égale à 3mm pour comparer notre approche (ASR) avec les autres techniques en ce qui concerne l'effet de la sensibilité au bruit. L'Atlas (Colin 27 Average Brain version 1998 (Holmes et al., 1998)) est utilisé comme image de référence HR. Figure V-19 exprime des résultats comparatifs, il est clair en observant les résultats, ASR est plus robuste par rapport aux autres méthodes dans tous les niveaux de bruit. Nous pouvons remarquer que la performance de la méthode proposée n'est pas très affectée par le niveau de bruit. Ceci est dû à l'efficacité de l'étape de débruitage et du processus de construction et de correction.

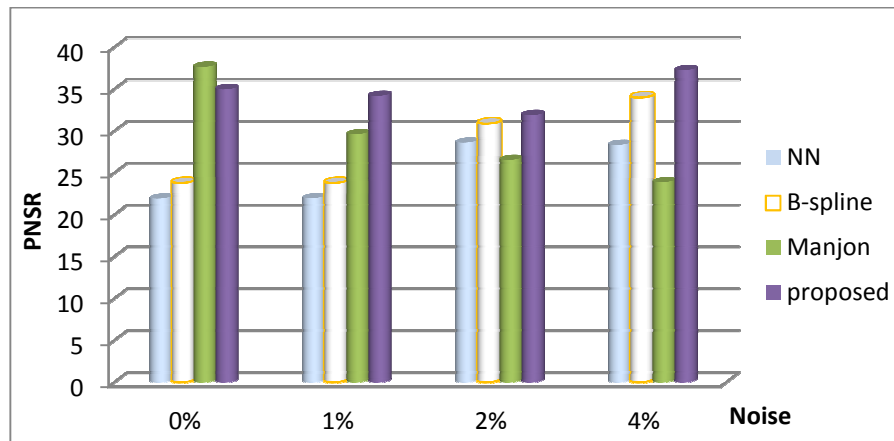


Figure V-19 : PSNR obtenus avec différents niveaux de bruit

- **Sensibilité Inhomogénéité (Inhomogeneity Sensitivity)**

Plusieurs artefacts affectent la qualité de l'image, parmi lesquels l'inhomogénéité des images. Des tests ont été réalisés sur des images IRM simulées de modalité T1 avec différentes valeurs d'inhomogénéité (0%, 20% et 40%) et avec différents niveaux de bruit (0% et 3%). On a utilisé une image dont l'épaisseur de coupe égale à 3mm et un Atlas de référence de modalité T1 (*Colin 27 Average Brain version 1998*). La Figure V-20 illustre les résultats comparatifs. Ces résultats montrent clairement que notre approche surpasse les autres méthodes dans tous les niveaux d'inhomogénéité et de bruit. Nous pouvons remarquer que les performances de la méthode proposée ne sont pas très affectées par le niveau d'inhomogénéité, cela est dû à l'information fournie par l'Atlas, à la correction de l'inhomogénéité et au filtre de débruitage.

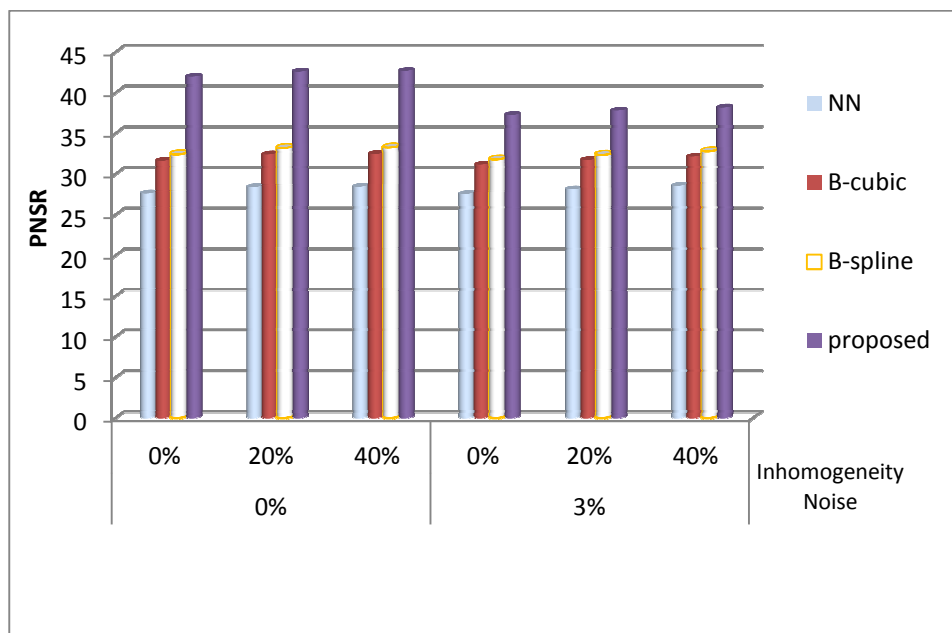


Figure V-20 : PSNR obtenus avec différent niveaux d'inhomogénéité/bruit

- **Image pathologique (sclérose en plaques)**

Les mêmes expériences sont répétées en utilisant des fantômes pathologiques MS T2 disponibles à partir du BrainWeb et une modalité d'Atlas de référence T1 (*Colin 27 Average Brain version 1998*). La méthode proposée a également été comparée à la NN, B-Spline Interpolation, méthode de Rousseau et de la méthode de Manjon pour 2, 3, 5 et 9mm d'épaisseur de coupe. Les résultats sont rapportés sur la Figure V-21.

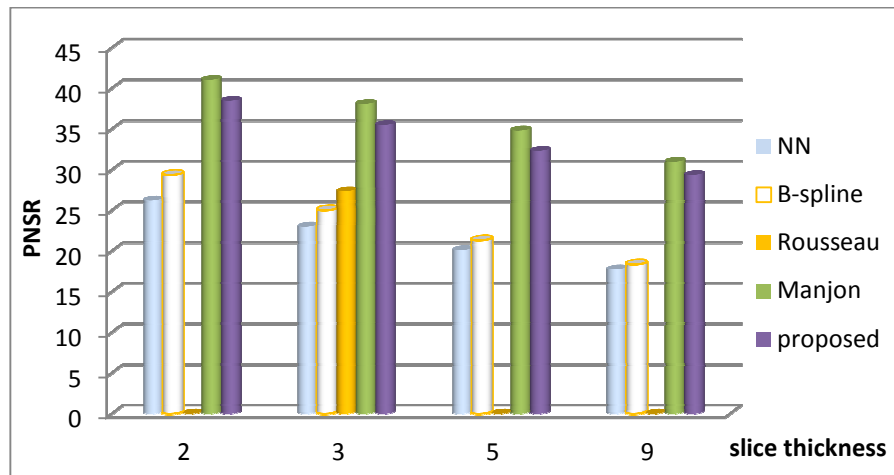


Figure V-21 : PSNR obtenus pour des images pathologiques

Dans le cas des images pathologiques, notre méthode a obtenu de meilleurs résultats par rapport à d'autres méthodes d'interpolation. Malgré l'existence d'images HR pathologique dans la méthode Manjon et Rousseau qui aident le processus de reconstruction, nos résultats sont très proches de ceux obtenus par Manjon. Malgré le fait que l'Atlas utilisé ne contient pas de structure pathologique, le processus de reconstruction n'a pas été perturbé. Ceci peut être compris en prenant en considération le fait que la méthode proposée extrait des informations à partir des données de l'Atlas et corrigé par les données LR.

- **Image réelle**

Pour évaluer l'approche proposée ASR sur les données cliniques réelles, les IRM T1 IBSR-Real (121-2) de 20 sujets et Atlas normaux mni_icbm152_t1_tal_nlin sont utilisés. Les images IRM et Atlas ont la même dimension (197x233x189). Les valeurs des paramètres sont $k = 8$, $h = 16\%$, 8% , 4% et 2% . Les paramètres sont fixés de manière empirique selon les tests. Les résultats sont présentés sur la Figure V-22. Dans le cas réel d'image, ASR a obtenu légèrement de meilleurs résultats par rapport à d'autres méthodes d'interpolation, parce qu'il existe de grandes différences entre les sujets et l'Atlas, et les images LR utilisées impliquent différents niveaux de difficultés tels que le faible contraste, les volumes du cerveau relativement plus petites et une non-uniformité considérable d'intensité.

b) Évaluation du processus général

Après la validation de l'étape de super-reconstruction ASR, la performance de notre méthode (ASR_PVE) a été évaluée sur les images cérébrales simulées de BrainWeb avec différents niveaux de bruit et d'inhomogénéité. Les images à haute résolution sont obtenues par l'étape de super-reconstruction en utilisant un Atlas de haute résolution. L'Atlas des fantômes anatomiques (version 2008 (Holmes et al., 1998)) est dérivé de T1, T2, images PD-pondérés formés à partir de la moyenne des 27, 11 et 12 balayages respectivement, du même sujet normal, ces volumes sont définis dans l'espace Talairach, avec résolution isotrope de voxel égale à 0.5mm et avec des dimensions 362x434x362.

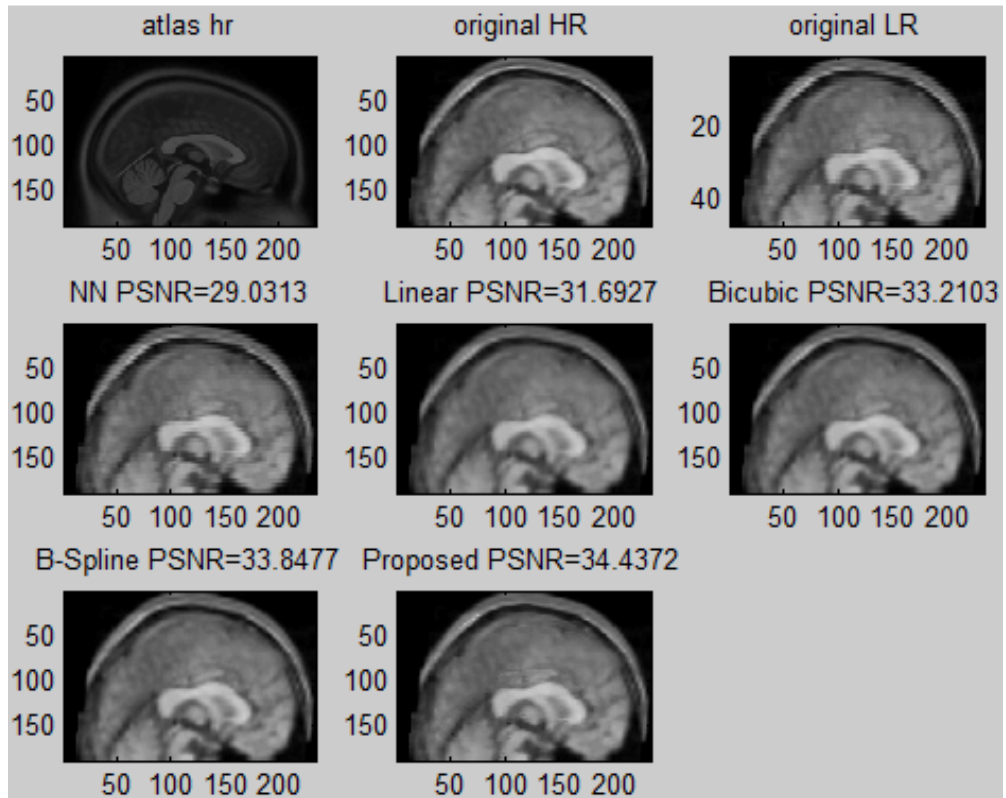


Figure V-22 : Coupe sagittale de l'image HR obtenue

La deuxième étape qui consiste à corriger le PV est appliquée à l'image à haute résolution obtenue en première étape. L'image HR obtenue est de résolution importante car la super-construction est faite dans les trois directions, c'est-à-dire que chaque voxel de l'image LR est devenu huit sub-voxels. Ce qui montre qu'on parle de segmentation sub-voxelique avec l'estimation de volume dans chaque sous voxel. Ce qui complique pratiquement la comparaison entre les méthodes classiques et notre approche.

Nous avons comparé notre méthode ASR_PVE avec les résultats obtenus par trois approches récentes: méthode GSR (*local adaptive Gradient-controlled spatial regularizer* (Chiverton and Wells, 2008)), la méthode TPV (*topologically corrected partial volume* (Rueda et al., 2010)) et FAST-PVE (*Extremely Fast Markov Random Field Based Brain MRI Tissue Classification* (Tohka, 2013)). La précision des estimations de correction de PV est mesurée pour chaque type de tissu l séparément par l'erreur quadratique moyenne (RMSE):

$$RMSE_l = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (t_{il} - \alpha_{il}^*)^2} \quad (76)$$

Où N le nombre de voxel, t_{il} est la fraction de la vérité terrain et α_{il}^* est celle estimé pour le tissu l au voxel i .

Malgré la comparaison faite sur les fractions de volume des voxels et non pas des sub-voxels, notre méthode a obtenu de meilleurs résultats dans l'estimation du volume partiel de WM, GM et CSF (Figure V-23, Figure V-24 et Figure V-25). L'étape de super-reconstruction aide à la correction de P.V. On remarque aussi le bon choix de la méthode utilisée FAST-PVE pour l'estimation du volume à la fin de notre processus.

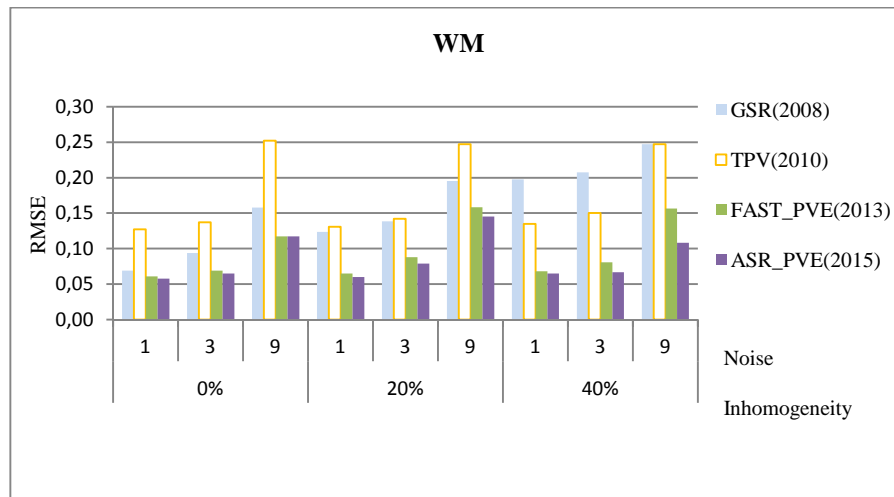


Figure V-23 : RMSE de tissu WM pour différents niveaux de bruit et d'inhomogénéité.

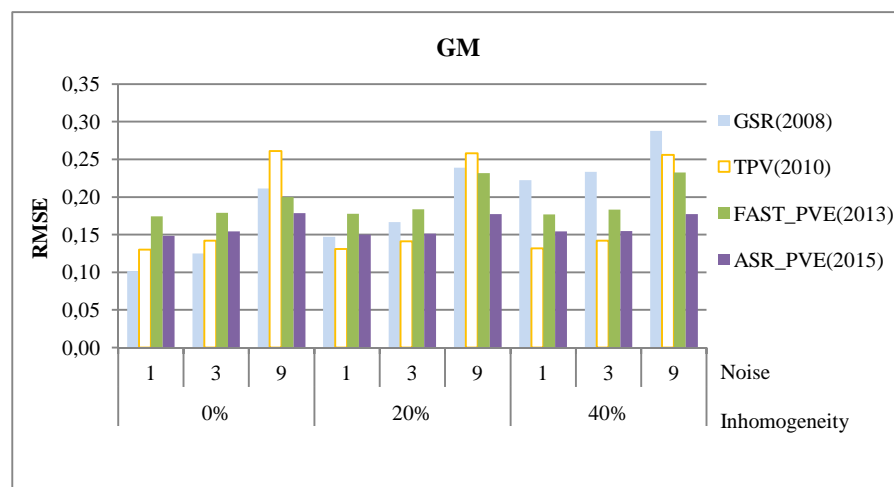


Figure V-24 : RMSE de tissu GM pour différents niveaux de bruit et d'inhomogénéité

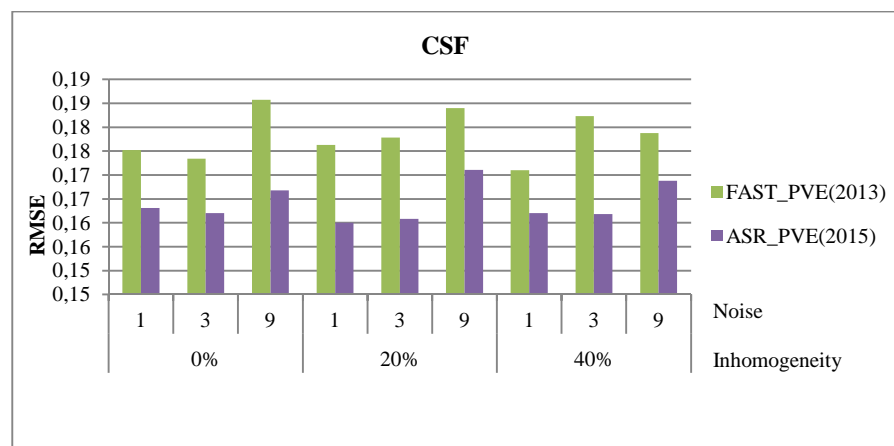


Figure V-25 : RMSE de tissu CSF pour différents niveaux de bruit et d'inhomogénéité.

V.3.7 Conclusion

Les problèmes liés à la super-résolution et à l'effet de volume partiel sont largement étudiés en raison de leur importance dans l'analyse d'IRM. Dans cette contribution, nous avons présenté un nouveau processus séquentiel et itératif de reconstruction d'une image avec une haute résolution et la correction de l'effet de volume partiel. Notre approche, dite ASR_PVE agit sur deux phases. Dans la première étape, nous reconstruisons une image de haute résolution. Elle est basée sur l'information *a priori* de l'Atlas HR et LR autosimilarité. Les résultats expérimentaux montrent que l'algorithme développé se compare

favorablement aux méthodes d'interpolation classique et à celles basées sur des images HR du même sujet. Le point clé de l'approche proposée est l'utilisation d'une image HR Atlas qui entraîne le processus de reconstruction. Dans les expériences sur des ensembles de données synthétiques et réelles, notre approche itérative repose sur un recalage correct des données LR et HR pour assurer que les Atlas peuvent être extrapolés pour aider à la reconstruction des données LR. Cependant, il a été montré que la méthode proposée est robuste au bruit et à l'inhomogénéité. Il peut être également conclu que la méthode proposée est capable de tolérer un petit défaut de recalage. En outre, une étape de recalage appropriée est obligatoire avant le processus de reconstruction en cas d'image réelle. En ce sens, le choix de l'Atlas à utiliser doit être plus précis.

En second lieu, la deuxième étape consiste à la classification des tissus et l'estimation du volume partiel de l'IRM haute résolution produite dans l'étape précédente à l'aide d'un champ de Markov (MRF) basée sur des informations spatiales préalables. La fraction de chaque type de tissu dans les sous-voxels mixtes est calculée. Dans notre processus, on calcule la fraction de chaque tissu dans chaque sous-voxel, car les voxels (LR) sont devenus 2x2x2 sous-voxels dans l'image HR obtenue. Les comparaisons avec d'autres méthodes ont montré de bonnes performances sur les données IRM simulées.

La contribution de ce travail est basée sur l'application de super-construction et la correction de l'effet de volume partiel en même temps, et l'utilisation d'une image Atlas HR pour améliorer la résolution de l'image LR. Cependant, nous croyons que cette nouvelle approche peut avoir un impact important dans le domaine de la recherche sur le traitement de l'image, en particulier en matière de correction de volume partiel. De plus, possibles futures travaux de recherches peuvent se concentrer sur l'investigation de meilleures méthodes de recalage et de plus précis Atlas HR, l'optimisation des paramètres de l'algorithme, et l'amélioration de la vitesse de calcul. Les travaux futurs impliqueraient également l'étude d'une méthode similaire pour les images multimodales.

CHAPITRE VI CONCLUSION GENERALE

L'objectif du traitement d'images médicales est de développer des modèles et des algorithmes pour extraire l'information, pour contribuer à l'analyser, à l'interpréter et à la situer par rapport à des informations contenues dans des bases de données représentatives de populations, saines ou non. Les activités de recherche du traitement d'images médicales s'organisent autour du : Développement de modèles et d'algorithmes pour la mise en correspondance, la segmentation, la détection de changements et le suivi temporel, la construction et l'utilisation d'atlas, l'interprétation d'informations anatomiques et fonctionnelles, normales ou pathologiques. Les images considérées sont typiquement multi-sources / multimodales / multispectrales.

La segmentation d'IRM cérébrales est une tâche difficile. C'est une étape cruciale dans de nombreuses applications, et il est nécessaire qu'elle soit la plus robuste et fiable possible. Malgré une meilleure résolution d'image fournie ou super-construite et malgré la prise en charge de l'effet de volume partiel par les algorithmes de segmentation, les problèmes liés à l'effet de volume partiel insistent. Dans la littérature, les approches proposées pour la segmentation s'orientent vers l'introduction de connaissance *a priori* dans le modèle, la combinaison de différentes méthodes de segmentation et le couplage de modèles. Pour l'effet de volume partiel, on a conclu que la modélisation statistique est la plus répandue. Dans cette thèse nous avons proposé un processus de segmentation avec la volonté de faire collaborer un algorithme de super-reconstruction d'une image HR avec un algorithme d'estimation de volume partiel en utilisant une source d'information complémentaire appelée Atlas. Dans la première étape, nous reconstruisons une image de haute résolution. La reconstruction est basée sur l'atlas HR et LR autosimilarité. Les résultats expérimentaux montrent que l'algorithme développé se compare favorablement aux méthodes d'interpolation classique et aux nouvelles méthodes de super-résolution. Le point clé de l'approche proposée est l'utilisation d'une image HR atlas qui entraîne le processus de reconstruction. Notre approche itérative repose sur un recalage correct des données LR et HR pour assurer que les atlas peuvent être extrapolés pour aider à la reconstruction des données LR. Cependant, dans les tests sur des ensembles de données synthétiques et réelles, il a été montré que la méthode proposée est robuste au bruit et à l'inhomogénéité. On a également conclu que la méthode proposée est capable de tolérer un petit défaut de recalage. En outre, une étape de recalage appropriée est obligatoire avant le processus de reconstruction en cas d'image réelle. En ce sens, le choix de l'atlas à utiliser doit être plus précis.

En second lieu, la deuxième étape consiste à la classification des tissus et l'estimation du volume partiel de l'IRM haute résolution produite dans l'étape précédente à l'aide d'un champ de Markov (MRF) basée sur des informations spatiales préalables. La fraction de chaque type de tissu dans les sub-voxels mixtes est calculée. Les comparaisons avec d'autres méthodes ont montré de bonnes performances sur les données IRM simulées. Contrairement aux techniques classiques, notre méthode estime les volumes de chaque tissu dans chaque sous voxel (un voxel est divisé en $2 \times 2 \times 2$ sous voxels), ce qui montre une précision énorme d'estimation de la frontière entre les tissus cérébraux.

Malgré l'apport de cette approche qui fournit des résultats très satisfaisants. Le processus pourrait cependant être complété. Nous esquissons quelques pistes. La première piste consiste en l'amélioration des résultats. Ceci peut être faite en développant de nouveaux Atlas plus précis et plus spécialistes. Un atlas plus précis veut dire des atlas de plus haute résolution. Un atlas plus spécialisé veut dire un atlas relatif à l'application, à l'âge ou le sexe de la population à traiter, et en particulier aux cas pathologiques. Le recalage, qui est une étape critique, peut améliorer la qualité de résultats. Le développement de nouveaux

algorithmes et techniques spécifiques au recalage des Atlas est une nécessité absolue. La deuxième piste est de faire collaborer d'autres sources de données. Les images médicales multimodales peuvent être incorporées dans le processus de fusion suivant l'application et le besoin d'analyse et de traitements médicaux.

BIBLIOGRAPHIE

- Ahmed, M.N., Yamany, S.M., Mohamed, N., Farag, A.A., Moriarty, T., 2002. A modified fuzzy c-means algorithm for bias field estimation and segmentation of MRI data. *Med. Imaging IEEE Trans.* On 21, 193–199.
- Al-Azzawi, N., Sakim, H.A.M., Abdullah, A.K.W., Ibrahim, H., 2009. Medical image fusion scheme using complex contourlet transform based on PCA, in: *Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, 2009. EMBC 2009.* Presented at the Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, 2009. EMBC 2009, pp. 5813–5816. doi:10.1109/IEMBS.2009.5335180
- Alfano, B., Ciampi, M., Pietro, G.D., 2007. A Wavelet-Based Algorithm for Multimodal Medical Image Fusion, in: Falcidieno, B., Spagnuolo, M., Avrithis, Y., Kompatsiaris, I., Buitelaar, P. (Eds.), *Semantic Multimedia, Lecture Notes in Computer Science.* Springer Berlin Heidelberg, pp. 117–120.
- Ali, F.E., El-Dokany, I.M., Saad, A.A., Abd El-Samie, F.E.-S., 2008. Curvelet fusion of MR and CT images. *Prog. Electromagn. Res. C* 3, 215–224. doi:10.2528/PIERC08041305
- Aljabar, P., Heckemann, R.A., Hammers, A., Hajnal, J.V., Rueckert, D., 2009. Multi-atlas based segmentation of brain images: atlas selection and its effect on accuracy. *Neuroimage* 46, 726–738.
- Almeida, O.P., Burton, E.J., McKeith, I., Gholkar, A., Burn, D., O'Brien, J.T., 2003. MRI study of caudate nucleus volume in Parkinson's disease with and without dementia with Lewy bodies and Alzheimer's disease. *Dement. Geriatr. Cogn. Disord.* 16, 57–63. doi:70676
- Alpaydin, E., 1998. Techniques for combining multiple learners, in: *Proceedings of Engineering of Intelligent Systems.* Citeseer.
- Anna, W., Jie, W., Dan, L., Yu, C., 2007. Research on Medical Image Fusion Based on Orthogonal Wavelet Packets Transformation Combined with 2v-SVM, in: *IEEE/ICME International Conference on Complex Medical Engineering, 2007. CME 2007.* Presented at the IEEE/ICME International Conference on Complex Medical Engineering, 2007. CME 2007, pp. 670–675. doi:10.1109/ICME.2007.4381822
- Ardekani, B.A., Guckemus, S., Bachman, A., Hoptman, M.J., Wojtaszek, M., Nierenberg, J., 2005. Quantitative comparison of algorithms for inter-subject registration of 3D volumetric brain MRI scans. *J. Neurosci. Methods* 142, 67–76. doi:10.1016/j.jneumeth.2004.07.014
- Arteachevarria, X., Munoz-Barrutia, A., Ortiz-de-Solorzano, C., 2009. Combination strategies in multi-atlas image segmentation: application to brain MR data. *IEEE Trans. Med. Imaging* 28, 1266–1277. doi:10.1109/TMI.2009.2014372
- Ashburner, J., Friston, K.J., 2005. Unified segmentation. *NeuroImage* 26, 839–851. doi:10.1016/j.neuroimage.2005.02.018
- Asman, A.J., Dagley, A.S., Landman, B.A., 2014. Statistical label fusion with hierarchical performance models, in: *SPIE Medical Imaging. International Society for Optics and Photonics,* p. 90341E–90341E.
- Asman, A.J., Huo, Y., Plassard, A.J., Landman, B.A., 2015. Multi-atlas learner fusion: An efficient segmentation approach for large-scale data. *Med. Image Anal.* 26, 82–91. doi:10.1016/j.media.2015.08.010
- Asman, A.J., Landman, B.A., 2013. Non-local statistical label fusion for multi-atlas segmentation. *Med. Image Anal.* 17, 194–208.
- Avor, J.K., Sarkodie-Gyan, T., 2009. An approach to sensor fusion in medical robots, in: *Rehabilitation Robotics, 2009. ICORR 2009. IEEE International Conference on.* IEEE, pp. 818–822.
- Aylward, E.H., Rosenblatt, A., Field, K., Yallapragada, V., Kieburtz, K., McDermott, M., Raymond, L.A., Almqvist, E.W., Hayden, M., Ross, C.A., 2003. Caudate volume as an outcome measure in clinical trials for Huntington's disease: a pilot study. *Brain Res. Bull.* 62, 137–141.
- Ayubi, S.-D., I. Bajwa, U., W. Anwar, M., 2015. Super-Resolution Based Enhancement of Cardiac MR Images. *Curr. Med. Imaging Rev.* 11, 105–113.
- Azzawi, N.A.A., Sakim, H.A.M., Abdullah, A.K.W., 2009. An efficient medical image fusion method using contourlet transform based on PCM, in: *Industrial Electronics & Applications, 2009. ISIEA 2009. IEEE Symposium on.* IEEE, pp. 11–14.
- Bach Cuadra, M., 2003. Atlas-based segmentation and classification of magnetic resonance brain images.
- Baillard, C., Hellier, P., Barillot, C., 2001. Segmentation of brain 3D MR images using level sets and dense registration. *Med. Image Anal.* 5, 185–194.
- Bai, Y., Han, X., Prince, J.L., 2004. Super-resolution reconstruction of MR brain images, in: *Proc. of 38-Th Annual Conference on Information Sciences and Systems, Princeton, New Jersey.* pp. 1358–1363.
- Barillot, C., 1999. *Fusion de données et imagerie 3D en medecine (Habilitation à diriger les recherches).* Université de Rennes 1, IRISA.
- Barillot, C., Lemoine, D., Briquer, L.L., Lachmann, F., Gibaud, B., 1993. Data fusion in medical imaging: merging multimodal and multipatient images, identification of structures and 3D display aspects. *Eur. J. Radiol.* 17, 22–27. doi:10.1016/0720-048X(93)90024-H
- Barra, V., Boire, J.Y., 2001. Automatic segmentation of subcortical brain structures in MR images using information fusion. *IEEE Trans. Med. Imaging* 20, 549–558. doi:10.1109/42.932740

- Baum, K.G., Helguera, M., Krol, A., 2008. Fusion Viewer: A New Tool for Fusion and Visualization of Multimodal Medical Data Sets. *J. Digit. Imaging* 21, 59–68. doi:10.1007/s10278-007-9082-z
- Bedi, D.S.S., Khandelwal, R., 2013. Comprehensive and Comparative Study of Image Fusion Techniques. *Int. J. Soft Comput. Eng.* 3, 300–304.
- Belaroussi, B., Milles, J., Carme, S., Zhu, Y.M., Benoit-Cattin, H., 2006. Intensity non-uniformity correction in MRI: existing methods and their validation. *Med. Image Anal.* 10, 234–246. doi:10.1016/j.media.2005.09.004
- Besag, J., 1986. On the Statistical Analysis of Dirty Pictures. *J. R. Stat. Soc. Ser. B Methodol.* 48, 259–302.
- Bhattacharya, M., Das, A., 2011. Multimodality Medical Image Registration and Fusion Techniques Using Mutual Information and Genetic Algorithm-Based Approaches, in: Arabnia, H.R., Tran, Q.-N. (Eds.), *Software Tools and Algorithms for Biological Systems, Advances in Experimental Medicine and Biology*. Springer New York, pp. 441–449.
- BIC - The McConnell Brain Imaging Centre: Home Page [WWW Document], n.d. URL <http://www.bic.mni.mcgill.ca/ServicesAtlases/HomePage> (accessed 1.25.16).
- Bloch, I., 2005. Fusion d'informations numériques : panorama méthodologique., in: *Journées Nationales de La Recherche En Robotique 2005*. France, pp. 79–88.
- Bloch, I., Colliot, O., Camara, O., Géraud, T., 2005. Fusion of spatial relationships for guiding recognition, example of brain structure recognition in 3D MRI. *Pattern Recognit. Lett., ICAPR 2003* 26, 449–457. doi:10.1016/j.patrec.2004.08.009
- Bose, N.K., Boo, K.J., 1998. High-resolution image reconstruction with multisensors. *Int. J. Imaging Syst. Technol.* 9, 294–304.
- Bossé, É., Jousselme, A., Maupin, P., 2005. Knowledge, uncertainty and belief in information fusion and situation analysis. *NATO Sci. Ser. SUB Ser. III Comput. Syst. Sci.* 198, 61.
- Bouman, C., Sauer, K., 1993. A generalized Gaussian image model for edge-preserving MAP estimation. *Image Process. IEEE Trans. On* 2, 296–310.
- Bricq, S., 2008. Segmentation d'images IRM anatomiques par inférence bayésienne multimodale et détection de lésions. *Strasbourg 1*.
- Bricq, S., Collet, C., Armspach, J., 2008. MS lesion segmentation based on hidden markov chains. *Gd. Chall. Work Mult Scler Lesion Segm Chall.* 1–9.
- Bricq, S., Collet, C., Armspach, J.P., 2008. Unifying framework for multimodal brain MRI segmentation based on Hidden Markov Chains. *Med. Image Anal.* 12, 639–652. doi:10.1016/j.media.2008.03.001
- Buades, A., Coll, B., Morel, J.-M., Sbert, C., 2009. Self-similarity driven color demosaicking. *Image Process. IEEE Trans. On* 18, 1192–1202.
- Bucki, M., Lobos, C., Payan, Y., 2007. Framework for a low-cost intra-operative image-guided neuronavigator including brain shift compensation. *Conf. Proc. Annu. Int. Conf. IEEE Eng. Med. Biol. Soc. IEEE Eng. Med. Biol. Soc. Annu. Conf. 2007*, 872–875. doi:10.1109/IEMBS.2007.4352429
- Burt, P.J., 1984. The Pyramid as a Structure for Efficient Computation, in: Rosenfeld, P.A. (Ed.), *Multiresolution Image Processing and Analysis*, Springer Series in Information Sciences. Springer Berlin Heidelberg, pp. 6–35.
- Butz, T., 2003. From error probability to information theoretic signal and image processing.
- Butz, T., Haggmann, P., Tardif, E., Meuli, R., Thiran, J.-P., 2003. A new brain segmentation framework, in: *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention-MICCAI 2003*. Springer, pp. 586–593.
- Cabezas, M., Oliver, A., Lladó, X., Freixenet, J., Bach Cuadra, M., 2011. A review of atlas-based segmentation for magnetic resonance brain images. *Comput. Methods Programs Biomed.* 104, e158–e177. doi:10.1016/j.cmpb.2011.07.015
- Calhoun, V.D., Adalı, T., 2009. Feature-Based Fusion of Medical Imaging Data. *IEEE Trans. Inf. Technol. Biomed.* 13, 711–720. doi:10.1109/TITB.2008.923773
- Canny, J., 1986. A computational approach to edge detection. *Pattern Anal. Mach. Intell. IEEE Trans. On* 679–698.
- Carmi, E., Liu, S., Alon, N., Fiat, A., Fiat, D., 2006. Resolution enhancement in MRI. *Magn. Reson. Imaging* 24, 133–154.
- Castanedo, F., 2013. A Review of Data Fusion Techniques. *Sci. World J.* 2013, 2013, e704504. doi:10.1155/2013/704504, 10.1155/2013/704504
- Celeux, G., Forbes, F., Peyrard, N., 2002. EM-based image segmentation using Potts models with external field.
- Chakravarty, M.M., Steadman, P., van Eede, M.C., Calcott, R.D., Gu, V., Shaw, P., Raznahan, A., Collins, D.L., Lerch, J.P., 2013. Performing label-fusion-based segmentation using multiple automatically generated templates. *Hum. Brain Mapp.* 34, 2635–2654. doi:10.1002/hbm.22092
- Chen, C.-N., Hoult, D.I., 1989. *Biomedical magnetic resonance technology*, Medical science series. A. Hilger, Bristol ; New York.
- Chen, T., Metaxas, D., 2005. A hybrid framework for 3D medical image segmentation. *Med. Image Anal.* 9, 547–565.
- Chiverton, J.P., Wells, K., 2008. Adaptive partial volume classification of MRI data. *Phys. Med. Biol.* 53, 5577.
- Cho, S., Jones, D., Reddick, W.E., Ogg, R.J., Steen, R.G., 1997. Establishing norms for age-related changes in proton T1 of human brain tissue in vivo. *Magn. Reson. Imaging* 15, 1133–1143.
- Chui, H., Rangarajan, A., 2003. A new point matching algorithm for non-rigid registration. *Comput. Vis. Image Underst., Nonrigid Image Registration* 89, 114–141. doi:10.1016/S1077-3142(03)00009-2

- Ciofalo, C., Barillot, C., 2009. Atlas-based segmentation of 3D cerebral structures with competitive level sets and fuzzy control. *Med. Image Anal.* 13, 456–470. doi:10.1016/j.media.2009.02.008
- Coccosco, C.A., Kollokian, V., Kwan, R.K.-S., Pike, G.B., Evans, A.C., 1997. Brainweb: Online interface to a 3D MRI simulated brain database, in: *NeuroImage*. Citeseer.
- Colliot, O., Camara, O., Bloch, I., 2006. Integration of fuzzy spatial relations in deformable models—Application to brain MRI segmentation. *Pattern Recognit.* 39, 1401–1414.
- Constantinos, S.P., Pattichis, M.S., Micheli-Tzanakou, E., 2001. Medical imaging fusion applications: An overview, in: *Conference Record of the Thirty-Fifth Asilomar Conference on Signals, Systems and Computers, 2001*. Presented at the Conference Record of the Thirty-Fifth Asilomar Conference on Signals, Systems and Computers, 2001, pp. 1263–1267 vol.2. doi:10.1109/ACSSC.2001.987693
- Crum, W.R., Hartkens, T., Hill, D.L.G., 2004. Non-rigid image registration: theory and practice. *Br. J. Radiol.* 77, S140–S153. doi:10.1259/bjr/25329214
- Cuadra, M.B., Cammoun, L., Butz, T., Cuisenaire, O., Thiran, J.P., 2005. Comparison and validation of tissue modelization and statistical classification methods in T1-weighted MR brain images. *IEEE Trans. Med. Imaging* 24, 1548–1565. doi:10.1109/TMI.2005.857652
- Cui, Z., Zhang, G., Wu, J., 2009. Medical Image Fusion Based on Wavelet Transform and Independent Component Analysis, in: *International Joint Conference on Artificial Intelligence, 2009*. JCAI '09. Presented at the International Joint Conference on Artificial Intelligence, 2009. JCAI '09, pp. 480–483. doi:10.1109/JCAI.2009.169
- Da Cunha, A.L., Zhou, J., Do, M.N., 2006. The nonsubsampling contourlet transform: theory, design, and applications. *IEEE Trans. Image Process. Publ. IEEE Signal Process. Soc.* 15, 3089–3101.
- Das, A., Bhattacharya, M., 2009. Evolutionary algorithm based automated medical image fusion technique: Comparative study with fuzzy fusion approach, in: *World Congress on Nature Biologically Inspired Computing, 2009*. NaBIC 2009. Presented at the World Congress on Nature Biologically Inspired Computing, 2009. NaBIC 2009, pp. 269–274. doi:10.1109/NABIC.2009.5393715
- Dasarathy, B.V., 1997. Sensor fusion potential exploitation-innovative architectures and illustrative applications. *Proc. IEEE* 85, 24–38. doi:10.1109/5.554206
- Datsenko, D., Elad, M., 2007. Example-based single document image super-resolution: a global MAP approach with outlier rejection. *Multidimens. Syst. Signal Process.* 18, 103–121.
- Dempster, A.P., Laird, N.M., Rubin, D.B., 1977. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *J. R. Stat. Soc. Ser. B Methodol.* 1–38.
- Deriche, M., Tewfik, A.H., 1993. Filtered fractals in signal modeling. Presented at the 1993 IEEE International Symposium on Circuits and Systems.
- DeYoe, E.A., Bandettini, P., Neitz, J., Miller, D., Winans, P., 1994. Functional magnetic resonance imaging (fMRI) of the human brain. *J. Neurosci. Methods, Imaging Techniques in Neurobiology* 54, 171–187. doi:10.1016/0165-0270(94)90191-0
- Dibyadeep Nandi, A.S.A., 2015. Principal Component Analysis in Medical Image Processing: A Study. *Int. J. Image Min.* 1, 45–64. doi:10.1504/IJIM.2015.070024
- Dice, L.R., 1945. Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology* 26, 297–302.
- Dolz, J., Massotier, L., Vermandel, M., 2015. Segmentation algorithms of subcortical brain structures on MRI for radiotherapy and radiosurgery: A survey. *IRBM* 36, 200–212. doi:10.1016/j.irbm.2015.06.001
- Dou, W., Ruan, S., Liao, Q., Bloyet, D., Constans, J.M., 2003. Knowledge based fuzzy information fusion applied to classification of abnormal brain tissues from MRI, in: *Seventh International Symposium on Signal Processing and Its Applications, 2003*. Proceedings. Presented at the Seventh International Symposium on Signal Processing and Its Applications, 2003. Proceedings, pp. 681–684 vol.1. doi:10.1109/ISSPA.2003.1224795
- Dou, W., Ruan, S., Liao, Q., Bloyet, D., Constans, J.-M., Chen, Y., 2003. Fuzzy Information Fusion Scheme Used to Segment Brain Tumor from MR Images, in: *Gesú, V.D., Masulli, F., Petrosino, A. (Eds.), Fuzzy Logic and Applications, Lecture Notes in Computer Science*. Springer Berlin Heidelberg, pp. 208–215.
- Duay, V., D'Haese, P.-F., Rui Li, Dawant, B.M., 2004. Non-rigid registration algorithm with spatially varying stiffness properties. *IEEE*, pp. 408–411. doi:10.1109/ISBI.2004.1398561
- Durrant-Whyte, Hugh F., 1988. Sensor Models and Multisensor Integration. *Int. J. Robot. Res.* 7, 97–113.
- El-Gamal, F.E.-Z.A., Elmogy, M., Atwan, A., 2015. Current trends in medical image registration and fusion. *Egypt. Inform. J.* in press. doi:10.1016/j.eij.2015.09.002
- Erlandsson, K., Buvat, I., Pretorius, P.H., Thomas, B.A., Hutton, B.F., 2012. A review of partial volume correction techniques for emission tomography and their applications in neurology, cardiology and oncology. *Phys. Med. Biol.* 57, R119. doi:10.1088/0031-9155/57/21/R119
- Evans, A.C., Marrett, S., Torrescorzo, J., Ku, S., Collins, L., 1991. MRI-PET correlation in three dimensions using a volume-of-interest (VOI) atlas. *J. Cereb. Blood Flow Metab. Off. J. Int. Soc. Cereb. Blood Flow Metab.* 11, A69–78. doi:10.1038/jcbfm.1991.40
- Farsiu, S., Robinson, D., Elad, M., Milanfar, P., 2004. Advances and challenges in super-resolution. *Int. J. Imaging Syst. Technol.* 14, 47–57. doi:10.1002/ima.20007
- Forestier, G., 2010. *Connaissances et clustering collaboratif d'objets complexes multisources*. Strasbourg.

- Funck, T., Paquette, C., Evans, A., Thiel, A., 2014. Surface-based partial-volume correction for high-resolution PET. *NeuroImage* 102, Part 2, 674–687. doi:10.1016/j.neuroimage.2014.08.037
- Gançarski, P., Wemmert, C., 2007. Collaborative multi-step mono-level multi-strategy classification. *Multimed. Tools Appl.* 35, 1–27.
- Ganzetti, M., Wenderoth, N., Mantini, D., 2015. Quantitative Evaluation of Intensity Inhomogeneity Correction Methods for Structural MR Brain Images. *Neuroinformatics* 14, 5–21. doi:10.1007/s12021-015-9277-2
- Garg, S., Kiran, K.U., Mohan, R., Tiwary, U.S., 2006. Multilevel medical image fusion using segmented image by level set evolution with region competition, in: *27th Annual International Conference of the Engineering in Medicine and Biology Society*. pp. 7680–7683.
- Gass, T., Székely, G., Goksel, O., 2012. Semi-supervised Segmentation Using Multiple Segmentation Hypotheses from a Single Atlas, in: Menze, B.H., Langs, G., Lu, L., Montillo, A., Tu, Z., Criminisi, A. (Eds.), *Medical Computer Vision. Recognition Techniques and Applications in Medical Imaging*, Lecture Notes in Computer Science. Springer Berlin Heidelberg, pp. 29–37.
- Geman, S., Graffigne, C., 1986. Markov random field image models and their applications to computer vision, in: *Proceedings of the International Congress of Mathematicians*. p. 2.
- Ghassemian, H., 2001. A retina based multi-resolution image-fusion, in: *Geoscience and Remote Sensing Symposium, 2001. IGARSS '01. IEEE 2001 International*. Presented at the Geoscience and Remote Sensing Symposium, 2001. IGARSS '01. IEEE 2001 International, pp. 709–711 vol.2. doi:10.1109/IGARSS.2001.976610
- Gholipour, A., Kehtarnavaz, N., Briggs, R., Devous, M., Gopinath, K., 2007. Brain functional localization: a survey of image registration techniques. *IEEE Trans. Med. Imaging* 26, 427–451. doi:10.1109/TMI.2007.892508
- Gholipour, A., Kehtarnavaz, N., Gopinath, K., Briggs, R., 2008. Cross-Validation of Deformable Registration With Field Maps in Functional Magnetic Resonance Brain Imaging. *IEEE J. Sel. Top. Signal Process.* 2, 854–869. doi:10.1109/JSTSP.2008.2007824
- Glasner, D., Bagon, S., Irani, M., 2009. Super-resolution from a single image, in: *2009 IEEE 12th International Conference on Computer Vision*. Presented at the 2009 IEEE 12th International Conference on Computer Vision, pp. 349–356. doi:10.1109/ICCV.2009.5459271
- Gokcay, E., Principe, J.C., 2002. Information theoretic clustering. *Pattern Anal. Mach. Intell. IEEE Trans. On* 24, 158–171.
- González Ballester, M.A., Zisserman, A.P., Brady, M., 2002. Estimation of the partial volume effect in MRI. *Med. Image Anal.* 6, 389–405.
- Gordillo, N., Montseny, E., Sobrevilla, P., 2013. State of the art survey on MRI brain tumor segmentation. *Magn. Reson. Imaging* 31, 1426–1438. doi:10.1016/j.mri.2013.05.002
- Greenspan, H., Oz, G., Kiryati, N., Peled, S., 2002. MRI inter-slice reconstruction using super-resolution. *Magn. Reson. Imaging* 20, 437–446.
- Greitz, T., Bohm, C., Holte, S., Eriksson, L., 1991. A computerized brain atlas: construction, anatomical content, and some applications. *J. Comput. Assist. Tomogr.* 15, 26–38.
- Guihong, Q., Dali, Z., Pingfan, Y., 2001. Medical image fusion by wavelet transform modulus maxima. *Opt. Express* 9, 184. doi:10.1364/OE.9.000184
- Guillemaud, R., Brady, M., 1997. Estimating the bias field of MR images. *Med. Imaging IEEE Trans. On* 16, 238–251.
- Guinet, C., 1992. *Introduction à l'IRM : de la théorie à la pratique*. Masson.
- Hameurlaine, M., Moussaoui, A., Cherroun, H., 2016. Atlas-based Super-resolution for Partial Volume Estimation in Brain MRI. *Int. J. Innov. Comput. Inf. Control* 12, 443–457.
- Hameurlaine, M., Moussaoui, A., Cherroun, H., 2015a. Partial volume correction in brain MRI Segmentation, in: *Troisième Conférence Internationale Sur La Vision Artificielle CVA2015*. Tizi-Ouzou, Algeria.
- Hameurlaine, M., Moussaoui, A., Cherroun, H., 2015b. Super-Resolution Techniques Applied to Magnetic Resonance Images, in: *La 1ère Conférence Nationale Sur Les Nouvelles Technologies Informatiques CN2TI 2015*. Geulma, Algeria.
- Hameurlaine, M., Moussaoui, A., Cherroun, H., 2015c. Multimodal Fusion of Medical Image: Challenges, Methods, and Applications, in: *International Electrical and Computer Engineering Conference (IECEC2015)*. Setif, Algeria.
- Hao, Y., Wang, T., Zhang, X., Duan, Y., Yu, C., Jiang, T., Fan, Y., Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative, 2014. Local label learning (LLL) for subcortical structure segmentation: application to hippocampus segmentation. *Hum. Brain Mapp.* 35, 2674–2697. doi:10.1002/hbm.22359
- Hartkens, T., Hill, D.L.G., Castellano-Smith, A.D., Hawkes, D.J., Maurer, C.R., Martin, A.J., Hall, W.A., Liu, H., Truwit, C.L., 2003. Measurement and analysis of brain deformation during neurosurgery. *IEEE Trans. Med. Imaging* 22, 82–92. doi:10.1109/TMI.2002.806596
- Heckemann, R.A., Hajnal, J.V., Aljabar, P., Rueckert, D., Hammers, A., 2006. Automatic anatomical brain MRI segmentation combining label propagation and decision fusion. *NeuroImage* 33, 115–126. doi:10.1016/j.neuroimage.2006.05.061

- He, C., Liu, Q., Li, H., Wang, H., 2010. Multimodal medical image fusion based on IHS and PCA. *Procedia Eng.*, 2010 Symposium on Security Detection and Information Processing 7, 280–285. doi:10.1016/j.proeng.2010.11.045
- Held, K., Kops, E.R., Krause, B.J., Wells III, W.M., Kikinis, R., Muller-Gartner, H.-W., 1997. Markov random field segmentation of brain MR images. *Med. Imaging IEEE Trans. On* 16, 878–886.
- Herment, A., Roullot, E., Bloch, I., Jolivet, O., De Cesare, A., Frouin, F., Bittoun, J., Mousseaux, E., 2003. Local reconstruction of stenosed sections of artery using multiple MRA acquisitions. *Magn. Reson. Med.* 49, 731–742.
- Hill, D.L., Batchelor, P.G., Holden, M., Hawkes, D.J., 2001. Medical image registration. *Phys. Med. Biol.* 46, R1–45.
- Holmes, C.J., Hoge, R., Collins, L., Woods, R., Toga, A.W., Evans, A.C., 1998. Enhancement of MR images using registration for signal averaging. *J. Comput. Assist. Tomogr.* 22, 324–333.
- Horowitz, S.L., Pavlidis, T., 1974. Picture Segmentation by a Directed Split-and-Merge Procedure. ResearchGate.
- Huang, C.-H., Lee, J.-D., 2004. Improving MMI with enhanced-FCM for the fusion of brain MR and SPECT images, in: *Pattern Recognition, 2004. ICPR 2004. Proceedings of the 17th International Conference on.* IEEE, pp. 562–565.
- Huang, Y., Zhang, J., Zhao, Y., Ma, D., 2010. Medical image retrieval with query-dependent feature fusion based on one-class SVM, in: *Computational Science and Engineering (CSE), 2010 IEEE 13th International Conference on.* IEEE, pp. 176–183.
- Hutton, B.F., Braun, M., Thurfjell, L., Lau, D.Y.H., 2002. Image registration: an essential tool for nuclear medicine. *Eur. J. Nucl. Med. Mol. Imaging* 29, 559–577. doi:10.1007/s00259-001-0700-6
- Hutton, B.F., Thomas, B.A., Erlandsson, K., Bousse, A., Reilhac-Laborde, A., Kazantsev, D., Pedemonte, S., Vunckx, K., Arridge, S.R., Ourselin, S., 2013. What approach to brain partial volume correction is best for PET/MRI? *Nucl. Instrum. Methods Phys. Res. Sect. Accel. Spectrometers Detect. Assoc. Equip.* 702, 29–33.
- Iglesias, J.E., Sabuncu, M.R., 2015. Multi-atlas segmentation of biomedical images: A survey. *Med. Image Anal.* 24, 205–219. doi:10.1016/j.media.2015.06.012
- Irani, M., Peleg, S., 1991. Improving resolution by image registration. *CVGIP Graph. Models Image Process.* 53, 231–239.
- Isaac, J.S., Kulkarni, R., 2015. Super resolution techniques for medical image processing, in: *2015 International Conference on Technologies for Sustainable Development (ICTSD)*. Presented at the 2015 International Conference on Technologies for Sustainable Development (ICTSD), pp. 1–6. doi:10.1109/ICTSD.2015.7095900
- James, A.P., Dasarathy, B.V., 2014. Medical image fusion: A survey of the state of the art. *Inf. Fusion, Special Issue on Information Fusion in Medical Image Computing and Systems* 19, 4–19. doi:10.1016/j.inffus.2013.12.002
- Jordan Kisner, S., Talavage, T.M., Ulmer, J.L., 2002. Testing a model for MR imager noise, in: *Engineering in Medicine and Biology, 2002. 24th Annual Conference and the Annual Fall Meeting of the Biomedical Engineering Society EMBS/BMES Conference, 2002. Proceedings of the Second Joint.* Presented at the Engineering in Medicine and Biology, 2002. 24th Annual Conference and the Annual Fall Meeting of the Biomedical Engineering Society EMBS/BMES Conference, 2002. Proceedings of the Second Joint, pp. 1086–1087 vol.2. doi:10.1109/IEMBS.2002.1106290
- Joseph V Hajnal, David J Hawkes, Derek L G Hill, 2001. *Medical Image Registration, Biomedical Engineering.* CRC Press.
- Kalinic, H., 2008. Atlas-based image segmentation: A Survey. *Dep. Electron. Syst. Inf. Process. Univerzitet Zagreb.*
- Kanai, R., Rees, G., 2011. The structural basis of inter-individual differences in human behaviour and cognition. *Nat. Rev. Neurosci.* 12, 231–242. doi:10.1038/nrn3000
- Kass, M., Witkin, A., Terzopoulos, D., 1988. Snakes: Active contour models. *Int. J. Comput. Vis.* 1, 321–331. doi:10.1007/BF00133570
- Kathiravan, S., Kanakaraj, J., 2014. An Overview of SR Techniques Applied to Images, Videos and Magnetic Resonance Images. *SmartCR* 4, 181–201.
- Kavitha, C.T., Chellamuthu, C., 2010. Multimodal medical image fusion based on Integer Wavelet Transform and Neuro-Fuzzy, in: *2010 International Conference on Signal and Image Processing (ICSIP)*. Presented at the 2010 International Conference on Signal and Image Processing (ICSIP), pp. 296–300. doi:10.1109/ICSIP.2010.5697486
- Khademi, A., Venetsanopoulos, A., Moody, A.R., 2014. Generalized method for partial volume estimation and tissue segmentation in cerebral magnetic resonance images. *J. Med. Imaging* 1, 014002–014002. doi:10.1117/1.JMI.1.1.014002
- Kikinis, R., Shenton, M.E., Iosifescu, D.V., McCarley, R.W., Saiviroonporn, P., Hokama, H.H., Robatino, A., Metcalf, D., Wible, C.G., Portas, C.M., Donnino, R.M., Jolesz, F.A., 1996. A digital brain atlas for surgical planning, model-driven segmentation, and teaching. *IEEE Trans. Vis. Comput. Graph.* 2, 232–241. doi:10.1109/2945.537306
- Kim, K.I., Kwon, Y., 2010. Single-image super-resolution using sparse regression and natural image prior. *Pattern Anal. Mach. Intell. IEEE Trans. On* 32, 1127–1133.
- Kittler, J., Hatef, M., Duin, R.P.W., Matas, J., 1998. On combining classifiers. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.* 20, 226–239. doi:10.1109/34.667881

- Klein, A., Andersson, J., Ardekani, B.A., Ashburner, J., Avants, B., Chiang, M.-C., Christensen, G.E., Collins, D.L., Gee, J., Hellier, P., Song, J.H., Jenkinson, M., Lepage, C., Rueckert, D., Thompson, P., Vercauteren, T., Woods, R.P., Mann, J.J., Parsey, R.V., 2009. Evaluation of 14 nonlinear deformation algorithms applied to human brain MRI registration. *NeuroImage* 46, 786–802. doi:10.1016/j.neuroimage.2008.12.037
- Klein, A., Hirsch, J., 2005. Mindboggle: a scatterbrained approach to automate brain labeling. *NeuroImage* 24, 261–280. doi:10.1016/j.neuroimage.2004.09.016
- Klein-Koerkamp, Y., Heckemann, R.A., Ramdeen, K.T., Moreaud, O., Keignart, S., Krainik, A., Hammers, A., Baciú, M., Hot, P., Alzheimer's disease Neuroimaging Initiative, 2014. Amygdalar atrophy in early Alzheimer's disease. *Curr. Alzheimer Res.* 11, 239–252.
- Klein, S., Staring, M., Murphy, K., Viergever, M.A., Pluim, J.P., 2010. Elastix: a toolbox for intensity-based medical image registration. *Med. Imaging IEEE Trans.* On 29, 196–205.
- Kotrotsou, A., Bennett, D.A., Schneider, J.A., Dawe, R.J., Golak, T., Leurgans, S.E., Yu, L., Arfanakis, K., 2014. Ex vivo MR volumetry of human brain hemispheres. *Magn. Reson. Med.* 71, 364–374. doi:10.1002/mrm.24661
- Kroon, D.J., Oort, E.S.B. van, Slump, C.H., 2008. Multiple Sclerosis Detection in Multispectral Magnetic Resonance Images with Principal Components Analysis. Presented at the 3D Segmentation in the Clinic: A Grand Challenge II: MS lesion segmentation, Kitware, p. 14.
- Kurtz, C., 2012. Une approche collaborative segmentation - classification pour l'analyse descendante d'images multirésolutions (Mémoires, Thèses et HDR). ABES.
- Laidlaw, D.H., Fleischer, K.W., Barr, A.H., 1998. Partial-volume Bayesian classification of material mixtures in MR volume data using voxel histograms. *Med. Imaging IEEE Trans.* On 17, 74–86.
- Lai, S.-H., Fang, M., 2000. A hierarchical neural network algorithm for robust and automatic windowing of MR images. *Artif. Intell. Med.* 19, 97–119. doi:10.1016/S0933-3657(00)00041-5
- Lai, S.-H., Fang, M., 1998. Adaptive medical image visualization based on hierarchical neural networks and intelligent decision fusion, in: *Neural Networks for Signal Processing VIII*, 1998. Proceedings of the 1998 IEEE Signal Processing Society Workshop. IEEE, pp. 438–447.
- Lauterbur, P.C., 1973. Image Formation by Induced Local Interactions: Examples Employing Nuclear Magnetic Resonance. *Nature* 242, 190–191. doi:10.1038/242190a0
- Lederman, D., Zheng, B., Wang, X., Wang, X.H., Gur, D., 2011. Improving breast cancer risk stratification using resonance-frequency electrical impedance spectroscopy through fusion of multiple classifiers. *Ann. Biomed. Eng.* 39, 931–945.
- Ledig, C., Heckemann, R.A., Hammers, A., Lopez, J.C., Newcombe, V.F.J., Makropoulos, A., Lötjönen, J., Menon, D.K., Rueckert, D., 2015. Robust whole-brain segmentation: application to traumatic brain injury. *Med. Image Anal.* 21, 40–58. doi:10.1016/j.media.2014.12.003
- Lévy, S., Benhamou, M., Naaman, C., Rainville, P., Callot, V., Cohen-Adad, J., 2015. White matter atlas of the human spinal cord with estimation of partial volume effect. *NeuroImage* 119, 262–271.
- Li, H., Deklerck, R., Cuyper, B.D., Hermanus, A., Nyssen, E., Cornelis, J., 1995. Object recognition in brain CT-scans: knowledge-based fusion of data from multiple feature extractors. *IEEE Trans. Med. Imaging* 14, 212–229. doi:10.1109/42.387703
- Li, S.Z., 2009. *Markov random field modeling in image analysis*. Springer Science & Business Media.
- Liu, T., Nie, J., Tarokh, A., Guo, L., Wong, S.T.C., 2008. Reconstruction of central cortical surface from brain MRI images: Method and application. *NeuroImage* 40, 991–1002. doi:10.1016/j.neuroimage.2007.12.027
- Ma, J., Ma, H.T., Li, H., Ye, C., Wu, D., Tang, X., Miller, M., Mori, S., 2015. A fast atlas pre-selection procedure for multi-atlas based brain segmentation, in: 2015 37th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC). Presented at the 2015 37th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), pp. 3053–3056. doi:10.1109/EMBC.2015.7319036
- Makropoulos, A., Gousias, I.S., Ledig, C., Aljabar, P., Serag, A., Hajnal, J.V., Edwards, A.D., Counsell, S.J., Rueckert, D., 2014. Automatic whole brain MRI segmentation of the developing neonatal brain. *IEEE Trans. Med. Imaging* 33, 1818–1831. doi:10.1109/TMI.2014.2322280
- Mani, V.R.S., rivazhagan, D.S., 2013. Survey of Medical Image Registration. *J. Biomed. Eng. Technol.* 1, 8–25.
- Manjón, J.V., Coupé, P., Buades, A., Collins, D.L., Robles, M., 2010a. MRI superresolution using self-similarity and image priors. *J. Biomed. Imaging* 2010, 17.
- Manjón, J.V., Coupé, P., Martí-Bonmatí, L., Collins, D.L., Robles, M., 2010b. Adaptive non-local means denoising of MR images with spatially varying noise levels. *J. Magn. Reson. Imaging* 31, 192–203.
- Manjón, J.V., Tohka, J., García-Martí, G., Carbonell-Caballero, J., Lull, J.J., Martí-Bonmatí, L., Robles, M., 2008. Robust MRI brain tissue parameter estimation by multistage outlier rejection. *Magn. Reson. Med.* 59, 866–873.
- Mansfield, P., Grannell, P.K., 1973. NMR “diffraction” in solids? *J. Phys. C Solid State Phys.* 6, L422–L426. doi:10.1088/0022-3719/6/22/007
- Mardia, K.V., 1988. Multi-dimensional multivariate Gaussian Markov random fields with application to image processing. *J. Multivar. Anal.* 24, 265–284.
- Marshall, S., Matsopoulos, G.K., 1993. Morphological data fusion in medical imaging. IEEE, pp. 6.1_5.1–6.1_5.6. doi:10.1109/NDSP.1993.767735

- Mastrogiovanni, F., Sgorbissa, A., Zaccaria, R., 2007. A Distributed Architecture for Symbolic Data Fusion, in: Proceedings of the 20th International Joint Conference on Artificial Intelligence, IJCAI'07. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA, USA, pp. 2153–2158.
- Mazziotta, J.C., Toga, A.W., Evans, A., Fox, P., Lancaster, J., 1995. A probabilistic atlas of the human brain: theory and rationale for its development the international consortium for brain mapping (ICBM). *Neuroimage* 2, 89–101.
- Mazziotta, J.C., Toga, A.W., Frackowiak, R.S., 2000. *Brain mapping: the disorders*. Oxford Univ Press.
- Mechelli, A., Price, C.J., Friston, K.J., Ashburner, J., 2005. Voxel-Based Morphometry of the Human Brain: Methods and Applications. *Curr. Med. Imaging Rev.* 1, 105–113. doi:10.2174/1573405054038726
- Meltzer, C.C., Cantwell, M.N., Greer, P.J., Ben-Eliezer, D., Smith, G., Frank, G., Kaye, W.H., Houck, P.R., Price, J.C., 2000. Does cerebral blood flow decline in healthy aging? A PET study with partial-volume correction. *J. Nucl. Med.* 41, 1842–1848.
- Morin, J.-P., Desrosiers, C., Duong, L., 2012. Atlas-based segmentation of brain magnetic resonance imaging using random walks, in: 2012 IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops (CVPRW). Presented at the 2012 IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops (CVPRW), pp. 44–49. doi:10.1109/CVPRW.2012.6239246
- Moustafa, M., Ebied, H.M., Helmy, A., Nazamy, T.M., Tolba, M.F., 2016. Optimization Methods for Medical Image Super Resolution Reconstruction, in: Hassanien, A.-E., Grosan, C., Tolba, M.F. (Eds.), *Applications of Intelligent Optimization in Biology and Medicine*, Intelligent Systems Reference Library. Springer International Publishing, pp. 135–157.
- Na, Y., Lu, H., Zhang, Y., 2008. Content analysis based medical images fusion with fuzzy inference, in: *Fuzzy Systems and Knowledge Discovery, 2008. FSKD'08. Fifth International Conference on*. IEEE, pp. 37–41.
- Nguyen, N., Milanfar, P., 2000. A wavelet-based interpolation-restoration method for superresolution (wavelet superresolution). *Circuits Syst. Signal Process.* 19, 321–338.
- Niessen, W.J., Vincken, K.L., Weickert, J., Romeny, B.T.H., Viergever, M.A., 1999. Multiscale segmentation of three-dimensional MR brain images. *Int. J. Comput. Vis.* 31, 185–202.
- Nocera, L., Gee, J.C., 1997. Robust partial-volume tissue classification of cerebral MRI scans, in: *Medical Imaging 1997. International Society for Optics and Photonics*, pp. 312–322.
- Noe, A., Gee, J.C., 2001. Partial volume segmentation of cerebral MRI scans with mixture model clustering, in: *Information Processing in Medical Imaging*. Springer, pp. 423–430.
- Noe, A., Kovacic, S., Gee, J.C., 2001. Segmentation of cerebral mri scans using a partial volume model, shading correction, and an anatomical prior, in: *Medical Imaging 2001. International Society for Optics and Photonics*, pp. 1466–1477.
- Oliveira, F.P.M., Tavares, J.M.R.S., 2014. Medical image registration: a review. *Comput. Methods Biomech. Biomed. Engin.* 17, 73–93. doi:10.1080/10255842.2012.670855
- Osher, S., Sethian, J.A., 1988. Fronts propagating with curvature-dependent speed: algorithms based on Hamilton-Jacobi formulations. *J. Comput. Phys.* 79, 12–49.
- Park, S.C., Park, M.K., Kang, M.G., 2003. Super-resolution image reconstruction: a technical overview. *IEEE Signal Process. Mag.* 20, 21–36. doi:10.1109/MSP.2003.1203207
- Peled, S., Yeshurun, Y., 2001. Superresolution in MRI: application to human white matter fiber tract visualization by diffusion tensor imaging. *Magn. Reson. Med.* 45, 29–35.
- Peyrard, N., 2001. Approximations de type champ moyen des modèles de champ de Markov pour la segmentation de données spatiales. Grenoble 1.
- Pham, D.L., Prince, J.L., 1999. Adaptive fuzzy segmentation of magnetic resonance images. *Med. Imaging IEEE Trans. On* 18, 737–752.
- Phegley, J., Perkins, K., Gupta, L., Dorsey, J.K., 2002. Risk-factor fusion for predicting multifactorial diseases. *IEEE Trans. Biomed. Eng.* 49, 72–76. doi:10.1109/10.972842
- Piella, G., 2003. A general framework for multiresolution image fusion: from pixels to regions. *Inf. Fusion* 9, 259–280.
- Pitiot, A., Delingette, H., Thompson, P.M., Ayache, N., 2004. Expert knowledge-guided segmentation system for brain MRI. *NeuroImage* 23, S85–S96.
- Plenge, E., Poot, D.H.J., Bernsen, M., Kotek, G., Houston, G., Wielopolski, P., van der Weerd, L., Niessen, W.J., Meijering, E., 2012. Super-resolution methods in MRI: Can they improve the trade-off between resolution, signal-to-noise ratio, and acquisition time? *Magn. Reson. Med.* 68, 1983–1993. doi:10.1002/mrm.24187
- Pohl, C., Van Genderen, J.L., 1998. Review article multisensor image fusion in remote sensing: concepts, methods and applications. *Int. J. Remote Sens.* 19, 823–854.
- Powell, S., Magnotta, V.A., Johnson, H., Jammalamadaka, V.K., Pierson, R., Andreasen, N.C., 2008. Registration and machine learning-based automated segmentation of subcortical and cerebellar brain structures. *Neuroimage* 39, 238–247.
- Rajkumar, S., Kavitha, S., 2010. Redundancy Discrete Wavelet Transform and Contourlet Transform for Multimodality Medical Image Fusion with Quantitative Analysis, in: *Proceedings of the 2010 3rd International Conference on Emerging Trends in Engineering and Technology, ICETET '10*. IEEE Computer Society, Washington, DC, USA, pp. 134–139. doi:10.1109/ICETET.2010.122

- Raza, M., Gondal, I., Green, D., Coppel, R.L., 2005. Classifier Fusion to Predict Breast Cancer Tumors Based on Microarray Gene Expression Data, in: Khosla, R., Howlett, R.J., Jain, L.C. (Eds.), *Knowledge-Based Intelligent Information and Engineering Systems, Lecture Notes in Computer Science*. Springer Berlin Heidelberg, pp. 866–874.
- Richard, N., 2004. Une approche située, coopérative et décentralisée pour l'interprétation d'images cérébrales par RMN. Grenoble, INPG.
- Rogova, G.L., Stomper, P.C., 2002. Information fusion approach to microcalcification characterization. *Inf. Fusion* 3, 91–102. doi:10.1016/S1566-2535(02)00054-4
- Rohlfing, T., Russakoff, D.B., Maurer, C.R., 2004. Performance-Based Classifier Combination in Atlas-Based Image Segmentation Using Expectation-Maximization Parameter Estimation. *IEEE Trans. Med. Imaging* 23, 983–994. doi:10.1109/TMI.2004.830803
- Roli, F., Giacinto, G., Vernazza, G., 2001. Methods for Designing Multiple Classifier Systems, in: Kittler, J., Roli, F. (Eds.), *Multiple Classifier Systems, Lecture Notes in Computer Science*. Springer Berlin Heidelberg, pp. 78–87.
- Roullot, E., Herment, A., Bloch, I., Nikolova, M., Mousseaux, E., 2000. Regularized reconstruction of 3D high-resolution magnetic resonance images from acquisitions of anisotropically degraded resolutions, in: *Pattern Recognition, 2000. Proceedings. 15th International Conference on*. IEEE, pp. 346–349.
- Rousseau, F., Glenn, O.A., Iordanova, B., Rodriguez-Carranza, C., Vigneron, D.B., Barkovich, J.A., Studholme, C., 2006. Registration-based approach for reconstruction of high-resolution in utero fetal MR brain images. *Acad. Radiol.* 13, 1072–1081.
- Rousseau, F., Initiative, A.D.N., others, 2010. A non-local approach for image super-resolution using intermodality priors. *Med. Image Anal.* 14, 594–605.
- R.Pandit, V., J. Bhiwani, R., 2015. Image Fusion in Remote Sensing Applications: A Review. *Int. J. Comput. Appl.* 120, 22–32. doi:10.5120/21263-3846
- Ruan, S., Jaggi, C., Xue, J., Fadili, J., Bloyet, D., 2000. Brain tissue classification of magnetic resonance images using partial volume modeling. *Med. Imaging IEEE Trans. On* 19, 1179–1187.
- Rueda, A., Acosta, O., Couprie, M., Bourgeat, P., Fripp, J., Dowson, N., Romero, E., Salvado, O., 2010. Topology-corrected segmentation and local intensity estimates for improved partial volume classification of brain cortex in MRI. *J. Neurosci. Methods* 188, 305–315.
- Santago, P., Gage, H.D., 1995. Statistical models of partial volume effect. *Image Process. IEEE Trans. On* 4, 1531–1540.
- Santago, P., Gage, H.D., 1993. Quantification of MR brain images by mixture density and partial volume modeling. *Med. Imaging IEEE Trans. On* 12, 566–574.
- Scherrer, B., 2008. Segmentation des tissus et structures sur les IRM cérébrales: agents markoviens locaux coopératifs et formulation bayésienne. (phdthesis). Institut National Polytechnique de Grenoble - INPG.
- Schnack, H.G., Pol, H.H., Baaré, W.F.C., Viergever, M.A., Kahn, R.S., 2001. Automatic segmentation of the ventricular system from MR images of the human brain. *Neuroimage* 14, 95–104.
- Schroeter, P., Vesin, J.-M., Langenberger, T., Meuli, R., 1998. Robust parameter estimation of intensity distributions for brain magnetic resonance images. *Med. Imaging IEEE Trans. On* 17, 172–186.
- Sehgal, M.S.B., Gondal, I., Dooley, L., 2004. Support vector machine and generalized regression neural network based classification fusion models for cancer diagnosis, in: *Hybrid Intelligent Systems, 2004. HIS'04. Fourth International Conference on*. IEEE, pp. 49–54.
- Sharma, Y., Meghrajani, Y.K., 2014. Brain tumor extraction from MRI image using mathematical morphological reconstruction, in: *2014 2nd International Conference on Emerging Technology Trends in Electronics, Communication and Networking (ET2ECN)*. Presented at the 2014 2nd International Conference on Emerging Technology Trends in Electronics, Communication and Networking (ET2ECN), pp. 1–4. doi:10.1109/ET2ECN.2014.7044982
- Shattuck, D.W., Sandor-Leahy, S.R., Schaper, K.A., Rottenberg, D.A., Leahy, R.M., 2001. Magnetic resonance image tissue classification using a partial volume model. *NeuroImage* 13, 856–876. doi:10.1006/nimg.2000.0730
- Sijbers, J., den Dekker, A.J., Scheunders, P., Van Dyck, D., 1998. Maximum-likelihood estimation of Rician distribution parameters. *IEEE Trans. Med. Imaging* 17, 357–361. doi:10.1109/42.712125
- Sled, J.G., Zijdenbos, A.P., Evans, A.C., 1998. A nonparametric method for automatic correction of intensity nonuniformity in MRI data. *Med. Imaging IEEE Trans. On* 17, 87–97.
- Smith, S.M., 2002. Fast robust automated brain extraction. *Hum. Brain Mapp.* 17, 143–155.
- Song, T., Gasparovic, C., Andreasen, N., Bockholt, J., Jamshidi, M., Lee, R.R., Huang, M., 2006. A hybrid tissue segmentation approach for brain MR images. *Med. Biol. Eng. Comput.* 44, 242–249.
- Song, W., Hua, T., 2008. Analytic implementation for medical image retrieval based on FCM using feature fusion with relevance feedback, in: *Bioinformatics and Biomedical Engineering, 2008. ICBBE 2008. The 2nd International Conference on*. IEEE, pp. 2590–2595.
- Sonka, M., Hlavac, V., Boyle, R., 2014. *Image Processing, Analysis, and Machine Vision*. Cengage Learning.
- Sotiras, A., Davatzikos, C., Paragios, N., 2013. Deformable Medical Image Registration: A Survey. *IEEE Trans. Med. Imaging* 32, 1153–1190. doi:10.1109/TMI.2013.2265603

- Szu, H., Kopriva, I., Hoekstra, P., Diakides, N., Diakides, M., Buss, J., Lupo, J., 2003. Early tumor detection by multiple infrared unsupervised neural nets fusion, in: Engineering in Medicine and Biology Society, 2003. Proceedings of the 25th Annual International Conference of the IEEE. IEEE, pp. 1133–1136.
- Tai, X., Song, W., 2007. An improved approach based on FCM using feature fusion for medical image retrieval, in: Fuzzy Systems and Knowledge Discovery, 2007. FSKD 2007. Fourth International Conference on. IEEE, pp. 336–342.
- Tang, X., Crocetti, D., Kuttan, K., Ceritoglu, C., Albert, M.S., Mori, S., Mostofsky, S.H., Miller, M.I., 2015. Segmentation of brain magnetic resonance images based on multi-atlas likelihood fusion: testing using data with a broad range of anatomical and photometric profiles. *Front. Neurosci.* 9. doi:10.3389/fnins.2015.00061
- Teng, J., Wang, S., Zhang, J., Wang, X., 2010a. Fusion algorithm of medical images based on fuzzy logic, in: Fuzzy Systems and Knowledge Discovery (FSKD), 2010 Seventh International Conference on. IEEE, pp. 546–550.
- Teng, J., Wang, X., Zhang, J., Wang, S., Huo, P., 2010b. A Multimodality Medical Image Fusion Algorithm Based on Wavelet Transform, in: Tan, Y., Shi, Y., Tan, K.C. (Eds.), *Advances in Swarm Intelligence, Lecture Notes in Computer Science*. Springer Berlin Heidelberg, pp. 627–633.
- Thiran, J.-P., Warscotte, V., Macq, B., 1997. A queue-based region growing algorithm for accurate segmentation of multi-dimensional digital images. *Signal Process.* 60, 1–10.
- Thompson, P.M., Woods, R.P., Mega, M.S., Toga, A.W., 2000. Mathematical/computational challenges in creating deformable and probabilistic atlases of the human brain. *Hum. Brain Mapp.* 9, 81–92. doi:10.1002/(SICI)1097-0193(200002)9:2<81::AID-HBM3>3.0.CO;2-8
- Toga, A.W., Thompson, P.M., 2001. The role of image registration in brain mapping. *Image Vis. Comput.* 19, 3–24. doi:10.1016/S0262-8856(00)00055-X
- Tohka, J., 2014. Partial volume effect modeling for segmentation and tissue classification of brain magnetic resonance images: A review. *World J. Radiol.* 6, 855–864.
- Tohka, J., 2013. FAST-PVE: Extremely fast markov random field based brain MRI tissue classification, in: *Image Analysis*. Springer, pp. 266–276.
- Tohka, J., Zijdenbos, A., Evans, A., 2004. Fast and robust parameter estimation for statistical partial volume models in brain MRI. *Neuroimage* 23, 84–97.
- van der Lijn, F., den Heijer, T., Breteler, M.M., Niessen, W.J., 2008. Hippocampus segmentation in MR images using atlas registration, voxel classification, and graph cuts. *Neuroimage* 43, 708–720.
- Van Leemput, K., Maes, F., Vandermeulen, D., Colchester, A., Suetens, P., 2001. Automated segmentation of multiple sclerosis lesions by model outlier detection. *Med. Imaging IEEE Trans. On* 20, 677–688.
- Van Leemput, K., Maes, F., Vandermeulen, D., Suetens, P., 2003. A unifying framework for partial volume segmentation of brain MR images. *Med. Imaging IEEE Trans. On* 22, 105–119.
- Van Leemput, K., Maes, F., Vandermeulen, D., Suetens, P., 1999a. Automated model-based bias field correction of MR images of the brain. *Med. Imaging IEEE Trans. On* 18, 885–896.
- Van Leemput, K., Maes, F., Vandermeulen, D., Suetens, P., 1999b. Automated model-based tissue classification of MR images of the brain. *Med. Imaging IEEE Trans. On* 18, 897–908.
- Van Reeth, E., Tham, I.W.K., Tan, C.H., Poh, C.L., 2012. Super-resolution in magnetic resonance imaging: A review. *Concepts Magn. Reson. Part A* 40A, 306–325. doi:10.1002/cmr.a.21249
- Varshney, P.K., 1997. Multisensor data fusion. *Electron. Commun. Eng. J.* 9, 245–253. doi:10.1049/ecej:19970602
- Vemuri, B.C., Rahman, S., Li, J., 1995. Multiresolution adaptive K-means algorithm for segmentation of brain MRI, in: *Image Analysis Applications and Computer Graphics*. Springer, pp. 347–354.
- Vrooman, H.A., Cocosco, C.A., van der Lijn, F., Stokking, R., Ikram, M.A., Vernooij, M.W., Breteler, M.M.B., Niessen, W.J., 2007. Multi-spectral brain tissue segmentation using automatically trained k-Nearest-Neighbor classification. *NeuroImage* 37, 71–81. doi:10.1016/j.neuroimage.2007.05.018
- Wang, A., Sun, H., Guan, Y., 2006. The Application of Wavelet Transform to Multi-modality Medical Image Fusion, in: *Proceedings of the 2006 IEEE International Conference on Networking, Sensing and Control, 2006. ICNSC '06*. Presented at the Proceedings of the 2006 IEEE International Conference on Networking, Sensing and Control, 2006. ICNSC '06, pp. 270–274. doi:10.1109/ICNSC.2006.1673156
- Wang, C., Ye, Z., 2006. First-order fusion of volumetric medical imagery. *IEE Proc. - Vis. Image Signal Process.* 153, 191. doi:10.1049/ip-vis:20045233
- Wang, L., Shi, F., Li, G., Gao, Y., Lin, W., Gilmore, J.H., Shen, D., 2014. Segmentation of neonatal brain MR images using patch-driven level sets. *NeuroImage* 84, 141–158. doi:10.1016/j.neuroimage.2013.08.008
- Wang, Y.-P., Dang, J.-W., Li, Q., Li, S., 2007. Multimodal medical image fusion using fuzzy radial basis function neural networks, in: *Wavelet Analysis and Pattern Recognition, 2007. ICWAPR'07. International Conference on. IEEE*, pp. 778–782.
- Wang, Z., Ma, Y., 2008. Medical image fusion using m-PCNN. *Inf. Fusion* 9, 176–185. doi:10.1016/j.inffus.2007.04.003
- Wansapura, J.P., Holland, S.K., Dunn, R.S., Ball, W.S., 1999. NMR relaxation times in the human brain at 3.0 tesla. *J. Magn. Reson. Imaging JMRI* 9, 531–538.
- Warnking, J., Dojat, M., Guérin-Dugué, A., Delon-Martin, C., Olympieff, S., Richard, N., Chéhikian, A., Segebarth, C., 2002. fMRI Retinotopic Mapping—Step by Step. *NeuroImage* 17, 1665–1683. doi:10.1006/nimg.2002.1304

- Weier, K., Fonov, V., Lavoie, K., Doyon, J., Collins, D.L., 2014. Rapid automatic segmentation of the human cerebellum and its lobules (RASCAL)--implementation and application of the patch-based label-fusion technique with a template library to segment the human cerebellum. *Hum. Brain Mapp.* 35, 5026–5039. doi:10.1002/hbm.22529
- Wells III, W.M., Grimson, W.E.L., Kikinis, R., Jolesz, F.A., 1996. Adaptive segmentation of MRI data. *Med. Imaging IEEE Trans.* On 15, 429–442.
- Winkler, G., 2012. *Image analysis, random fields and Markov chain Monte Carlo methods: a mathematical introduction.* Springer Science & Business Media.
- Winston, G.P., Cardoso, M.J., Williams, E.J., Burdett, J.L., Bartlett, P.A., Espak, M., Behr, C., Duncan, J.S., Ourselin, S., 2013. Automated hippocampal segmentation in patients with epilepsy: Available free online. *Epilepsia* 54, 2166–2173. doi:10.1111/epi.12408
- Wolz, R., Aljabar, P., Hajnal, J.V., Hammers, A., Rueckert, D., 2010. LEAP: Learning embeddings for atlas propagation. *NeuroImage* 49, 1316–1325. doi:10.1016/j.neuroimage.2009.09.069
- Wu, C.J., 1983. On the convergence properties of the EM algorithm. *Ann. Stat.* 95–103.
- Xiaoqi, L., Baohua, Z., Yong, G., 2007. Medical image fusion algorithm based on clustering neural network, in: *Bioinformatics and Biomedical Engineering, 2007. ICBBE 2007. The 1st International Conference on.* IEEE, pp. 637–640.
- Xin, G., Zou, B., Li, J., Liang, Y., 2011. Multi-focus Image Fusion Based on The Nonsampled Contourlet Transform and Dual-layer PCNN Model. *Inf. Technol. J.* 10, 1138–1149. doi:10.3923/itj.2011.1138.1149
- Yang, F., Kruggel, F., 2008. Automatic segmentation of human brain sulci. *Med. Image Anal.* 12, 442–451.
- Yang, J., Wright, J., Huang, T.S., Ma, Y., 2010. Image super-resolution via sparse representation. *Image Process. IEEE Trans.* On 19, 2861–2873.
- Yassa, M.A., Stark, C.E.L., 2009. A quantitative evaluation of cross-participant registration techniques for MRI studies of the medial temporal lobe. *NeuroImage* 44, 319–327. doi:10.1016/j.neuroimage.2008.09.016
- Yu, Z.Q., Zhu, Y., Yang, J., Zhu, Y.M., 2006. A hybrid region-boundary model for cerebral cortical segmentation in MRI. *Comput. Med. Imaging Graph.* 30, 197–208.
- Zaidi, H., Ruest, T., Schoenahl, F., Montandon, M.-L., 2006. Comparative assessment of statistical brain MR image segmentation algorithms and their impact on partial volume correction in PET. *Neuroimage* 32, 1591–1607.
- Zhang, J., 1992. The mean field theory in EM procedures for Markov random fields. *Signal Process. IEEE Trans.* On 40, 2570–2583.
- Zhang, N., Liao, Q., Ruan, S., Lebonvallet, S., Zhu, Y., 2009. Multi-kernel SVM based classification for tumor segmentation by fusion of MRI images, in: *Imaging Systems and Techniques, 2009. IST'09. IEEE International Workshop on.* IEEE, pp. 71–75.
- Zhang, Q.P., Liang, M., Sun, W.C., 2004. Medical Diagnostic Image Fusion Based on Feature Mapping Wavelet Neural Networks. *IEEE*, pp. 51–54. doi:10.1109/ICIG.2004.93
- Zhang, Q.P., Tang, W.J., Lai, L.L., Sun, W.C., Wong, K.P., 2004. Medical diagnostic image data fusion based on wavelet transformation and self-organising features mapping neural networks, in: *Machine Learning and Cybernetics, 2004. Proceedings of 2004 International Conference on.* IEEE, pp. 2708–2712.
- Zhang, Y., Brady, M., Smith, S., 2001. Segmentation of brain MR images through a hidden Markov random field model and the expectation-maximization algorithm. *Med. Imaging IEEE Trans.* On 20, 45–57.
- Zhang, Y., Hong, G., 2005. An IHS and Wavelet Integrated Approach to Improve Pan-sharpening Visual Quality of Natural Colour IKONOS and QuickBird Images. *Inf Fusion* 6, 225–234. doi:10.1016/j.inffus.2004.06.009
- Zhang, Z., Yao, J., Bajwa, S., Gudas, T., 2003. “Automatic” multimodal medical image fusion, in: *Proceedings of the 2003 IEEE International Workshop on Soft Computing in Industrial Applications, 2003. SMCia/03.* Presented at the Proceedings of the 2003 IEEE International Workshop on Soft Computing in Industrial Applications, 2003. SMCia/03, pp. 161–166. doi:10.1109/SMCIA.2003.1231363
- Zheng, Y. (Ed.), 2011. *Image Fusion and Its Applications.* InTech.
- Zheng, Y.-A., Song, J.-S., Zhou, W.-M., Wang, R.-H., 2007. False Color Fusion for Multi-band SAR Images Based on Contourlet Transform. *Acta Autom. Sin.* 33, 337–341. doi:10.1360/aas-007-0337
- Zikic, D., Glocker, B., Criminisi, A., 2014. Encoding atlases by randomized classification forests for efficient multi-atlas label propagation. *Med. Image Anal.* 18, 1262–1273. doi:10.1016/j.media.2014.06.010
- Zikic, D., Glocker, B., Criminisi, A., 2014. Classifier-Based Multi-atlas Label Propagation with Test-Specific Atlas Weighting for Correspondence-Free Scenarios, in: *Menze, B.H., Langs, G., Montillo, A., Kelm, B.M., Müller, H., Zhang, S., Cai, T.W., Metaxas, D.N. (Eds.), Medical Computer Vision: Algorithms for Big Data - International Workshop, MCV 2014, Held in Conjunction with MICCAI 2014, Cambridge, MA, USA, September 18, 2014, Revised Selected Papers, Lecture Notes in Computer Science.* Springer, pp. 116–124. doi:10.1007/978-3-319-13972-2_11