
Optimisation avec information visuelle

L'approche proposée dans la partie précédente et ses adaptations dans le cas pathologique utilisent des représentations de la forme de chacune des structures, qui proviennent d'un atlas anatomique ou simplement d'une base d'images. Cette connaissance a priori sur les objets de la scène apporte deux informations indispensables aux raisonnements proposés : la forme des objets utilisée dans le calcul des relations spatiales, et leur localisation, ou leur agencement. La prise en compte de la forme et de la taille des objets est importante dans la définition des relations spatiales, la sémantique de la relation pouvant être différente en fonction des caractéristiques morphologiques des objets. La localisation spatiale nous permet d'estimer la pertinence d'une relation spatiale par rapport à l'objet qu'elle vise.

Mais l'utilisation d'une telle connaissance générique a forcément des limites dans son exhaustivité, et plus encore en imagerie médicale, où le nombre de cas disponibles est plus limité que dans d'autres domaines. Notre base de données ne reflète pas la variabilité complète inter-patients, ni les différences qui peuvent exister avec par exemple des enfants plutôt que des adultes, ou inversement des personnes âgées, ou encore d'autres pathologies que des tumeurs cérébrales qui pourraient agir sur les structures cérébrales ou la matière. Nous avons vu que l'approche présentée ne pouvait pas prendre en compte les cas pathologiques (les tumeurs cérébrales) sans adaptation. Les adaptations proposées permettent de prendre en compte le degré de stabilité d'une relation spatiale pour un cas de pathologie donné. Mais là encore, il est difficile d'obtenir, pour chaque classe de pathologies et pour chaque étape du développement, une base d'apprentissage suffisante pour prendre en compte les différents cas possibles. Il est difficile d'être exhaustif, voire impossible et cela est encore plus vrai dans le cadre de l'imagerie cérébrale. De plus, même si nous pouvions obtenir un modèle générique de la connaissance que nous utilisons dans l'approche initiale, ce modèle ne permettrait plus forcément la reconnaissance telle qu'elle est effectuée.

Si la connaissance a priori telle que nous l'utilisons ne peut pas entièrement répondre à nos besoins, alors nous avons besoin d'aller chercher de l'information ailleurs. L'information que nous cherchons est bien entendu contenue dans l'image que nous voulons segmenter, mais inaccessible tant que le modèle n'est pas instancié pour cette image. En fait, avec un processus de segmentation séquentielle, le modèle est progressivement instancié, et nous pouvons obtenir des informations plus précises des parties déjà reconnues de l'image, de la même manière que dans les processus d'attention visuelle.

Nous proposons dans ce chapitre une méthode permettant de s'affranchir des représentations des formes des structures. Dans cette approche, nous utilisons un critère de sélection des structures qui est issu d'une information visuelle directement extraite de l'image à segmenter elle-même, permettant de prendre en compte les particularités de l'image. Nous utilisons pour cela une carte de saillance, selon un mécanisme pré-attentionnel que nous avons décrit dans le chapitre 2. Avec

cette approche, la segmentation de l'image est vue comme un processus d'exploration de l'image. Par rapport à la première méthode proposée, cette méthode ne permet pas d'évaluer un chemin complet avant segmentation. Le critère de sélection des structures permet ici de sélectionner la *prochaine* structure à segmenter uniquement. Le chemin de segmentation optimal est donc entièrement déterminé une fois toutes les segmentations effectuées.

5.1 Utilisation d'une information visuelle

Nous allons commencer dans cette partie par établir des correspondances, pour notre cas particulier, entre les mécanismes de l'attention visuelle et un processus de segmentation séquentielle tel celui que nous utilisons, et qui sera décrit dans la deuxième partie de ce chapitre. Nous allons également voir quel critère dérivé d'une information visuelle nous pouvons intégrer dans ce processus.

5.1.1 Attention visuelle et segmentation séquentielle

Nous avons décrit dans le chapitre 2 la notion d'attention visuelle. Les modèles du système visuel font en général apparaître deux étapes et deux types de mécanisme, respectivement attentionnel et pré-attentionnel. D'une manière simplifiée, l'objectif de l'étape pré-attentionnelle est de guider l'étape attentionnelle en sélectionnant les parties de l'image dites saillantes, c'est-à-dire qui « attirent l'œil ». La notion de saillance est généralement associée à la présence de discontinuités de caractéristiques de bas niveau dans l'image. La sélection qui est effectuée permet au processus attentionnel de se focaliser sur une partie restreinte de la scène. Cette partie peut être un objet ou une zone de l'image. La restriction de la phase attentionnelle à une zone réduite de l'image permet de réduire le coût de traitement de cette zone.

Nous proposons alors d'effectuer un rapprochement entre les différentes étapes du processus de segmentation séquentielle, la sélection de la séquence de segmentation et la segmentation elle-même, et les deux phases des modèles de l'attention visuelle. La phase attentionnelle où une zone restreinte de l'image est analysée avec attention correspond à la segmentation d'un objet. La sélection d'une zone à segmenter revient donc à guider l'attention visuelle, et correspond donc à l'étape pré-attentionnelle. Le tableau 5.1 présente en détail le parallèle effectué entre les deux notions.

Il existe différentes théories des mécanismes pré-attentionnels. Dans certaines approches, les interactions entre les deux étapes attentionnelles et pré-attentionnelles sont plus complexes et imbriquées. D'ailleurs, l'unité attentionnelle n'est pas toujours une région de l'image, mais parfois un objet. Le chapitre 2 présente les expériences qui ont mis en évidence une sélection autre que spatiale lorsque l'observateur a une tâche spécifique à accomplir. La tâche de l'observateur dans notre cas n'est pas comparable aux tâches de haut niveau qui peuvent être demandées à un observateur, comme de compter le nombre de personnages d'une scène, ou le nombre de passes d'un groupe de personnages jouant avec un ballon comme dans l'expérience illustrée dans la figure 2.3. Notre tâche n'est donc pas comparable, et avant de pouvoir éventuellement effectuer ce genre de tâche, il nous faut d'abord voir et reconnaître ce qu'il y a dans l'image. Nous nous intéressons donc plutôt aux processus d'exploration de l'image guidés par les données uniquement, comme la théorie très répandue de l'intégration de caractéristiques.

Dans cette théorie, le processus pré-attentionnel est un processus ascendant, c'est-à-dire uniquement guidé par les données, dont l'objectif est de sélectionner une région de l'espace qualifiée de saillante. La saillance est dérivée de caractéristiques globales de l'image. Puis l'information issue de chacune des caractéristiques est fusionnée pour donner une carte unique, représentant toutes

TAB. 5.1 – Un appariement de chaque étape d'un processus de segmentation séquentielle à une modélisation de l'attention visuelle telle que décrite par la théorie d'intégration des caractéristiques, décrite dans le chapitre 2. Dans ce cas, l'étape pré-attentionnelle est guidée par les données, ce qui est le cas des premières modélisations, mais les travaux plus récents proposent très souvent des liens descendants.

Étape :		Système visuel :	Segmentation Séquentielle :
Pré-attentionnelle	Objectif	Sélectionner une zone ou un objet de l'espace pour un examen attentif	Sélection de la zone de l'espace (ou de la prochaine structure) à segmenter
	Mode	Processus ascendant effectué à partir de l'image entière et où les caractéristiques sont traitées de manière parallèle	À partir de caractéristiques globales de l'image
Attentionnelle	Objectif	Examen attentif d'une petite zone de l'image	Segmentation d'une partie de l'image
	Mode	Sur une petite zone de l'image et de manière séquentielle	Dans une zone définie par des relations spatiales
Inhibition de retour	Objectif	Ne pas bloquer l'œil sur la dernière zone sélectionnée	Utiliser les objets déjà segmentés pour contraindre la recherche
	Mode	Masquage d'une zone temporairement	Masquage des zones déjà segmentées

les caractéristiques. Cette carte unique est nommée carte de saillance. Nous avons décrit dans la partie 2.3 le processus permettant d'extraire une carte de saillance d'une image, à partir des caractéristiques d'intensité, de couleur et d'orientation d'une image. Le mécanisme de création de ces cartes a été décrit par Itti *et al.* (1998) à la suite des travaux de Koch et Ullman (1985). Nous avons également décrit dans la partie 2.4 les adaptations nécessaires du mécanisme d'extraction des cartes de saillance aux images IRM.

Une autre étape, ou plutôt un mécanisme intégré dans l'étape pré-attentionnelle, peut trouver son équivalent dans le processus de segmentation séquentielle, il s'agit de l'inhibition de retour. Si un observateur regarde une scène fixe, alors les zones saillantes demeurent identiques au cours du temps. Mais si l'exploration de l'image est guidée par l'information de saillance, alors l'attention visuelle risque d'être bloquée sur une même zone en absence de mouvement. Il existe donc un mécanisme permettant d'inhiber pendant un bref laps de temps une zone saillante sur laquelle l'attention visuelle a été focalisée. Un problème similaire se pose si nous segmentons une zone d'une image qui se trouve à côté d'un objet qui attire le processus de segmentation (un fort contraste avec le reste de l'image par exemple). Dans Colliot *et al.* (2006), il est montré que l'utilisation des relations spatiales permet de contraindre un modèle déformable pour éviter de se retrouver sur les bords d'un objet déjà segmenté. La figure 5.1 illustre cet effet. La segmentation du noyau caudé

ne s'arrête pas sur les bords du ventricule. Nous pouvons donc, à l'aide des relations spatiales, simuler implicitement un mécanisme d'inhibition de retour.

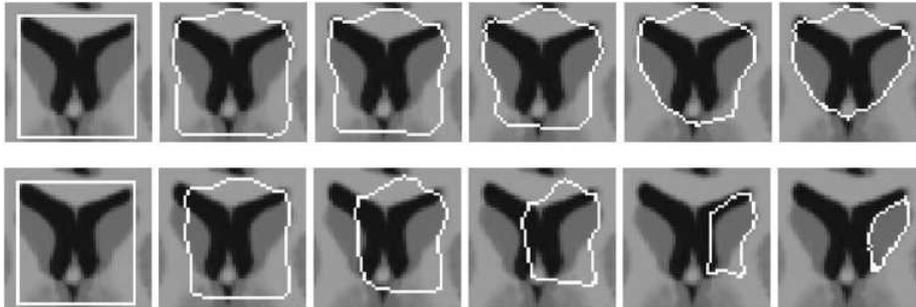


FIG. 5.1 – L'équivalent de l'inhibition de retour dans le cadre de la segmentation séquentielle. L'utilisation des relations spatiales permet d'éviter que le modèle déformable reste bloqué sur les bords du ventricule qui présentent un fort gradient d'intensité, comme c'est le cas dans la ligne supérieure de l'image. Sur la deuxième ligne, les relations spatiales entre le ventricule et le noyau caudé permettent de contraindre le modèle vers l'extérieur du ventricule et ainsi trouver le bon contour. Cet effet peut être comparé au mécanisme d'inhibition de retour qui permet à l'attention visuelle de ne pas rester bloquée sur une zone de l'image pourtant très saillante. De cette manière, toute l'image peut être explorée. [Source [Colliot et al. \(2006\)](#)].

Le cadre de segmentation séquentielle est donc vu comme un processus d'exploration et d'analyse progressive de la scène, ou de l'image. Nous proposons donc l'introduction d'un mécanisme pré-attentionnel dans le processus d'optimisation d'un chemin de segmentation pour une segmentation séquentielle d'une image. L'utilisation de cette information pour l'optimisation du chemin de segmentation doit nous permettre de nous passer de la connaissance a priori utilisée dans l'approche initiale pour optimiser le chemin de segmentation. En revanche, et contrairement à l'approche initiale, nous allons effectuer la sélection d'une zone de l'image, selon des critères reposant sur les données. Dans l'approche initiale, le chemin de segmentation était calculé à partir de l'information a priori et l'optimisation était effectuée sur l'ensemble du chemin avant segmentation.

Nous allons commencer par étudier, à l'aide d'images segmentées de la base de données, quelle est la saillance de chaque structure, c'est-à-dire étudier la saillance à l'emplacement de chacune des structures.

5.1.2 Saillance et difficulté de segmentation

Les approches précédentes ne tiennent pas compte de la difficulté intrinsèque de segmentation de chacune des structures, c'est-à-dire que la segmentation de chacune des structures est considérée avec une égale difficulté. Mais l'expérience de segmentation montre que cela n'est pas forcément vrai, et que la difficulté varie en fonction des structures et des images. Ces difficultés peuvent varier en fonction de plusieurs critères comme la forme, l'homogénéité, la texture, le contraste ou les contours d'une structure. Des règles génériques peuvent toujours être construites, par exemple : « cet objet est plus difficile à segmenter que cet autre objet » mais ce type de règle n'est pas toujours vrai, même dans un domaine d'application restreint.

Nous avons présenté dans le chapitre 2 la notion générique de saillance, et plus spécifiquement dans la partie 2.3 comment l'information de saillance est estimée par le système décrit par [Itti et al. \(1998\)](#). L'information de saillance dans ce système est dérivée de l'étude des discontinuités de certaines caractéristiques dans l'image : intensité, oppositions de couleur et orientations.

En effet, pour chaque caractéristique étudiée, les cartes de discontinuité générées reflètent la différence de niveau entre un point et son voisinage. Il s'agit donc d'une information de type gradient (ou une approximation locale du gradient de l'image filtrée pour représenter une caractéristique). Cette information est calculée selon différents niveaux d'échelles, puis fusionnée dans une carte unique. Cette carte unique représente donc les discontinuités d'une caractéristique donnée, et pour différents niveaux d'échelle. Toutes ces cartes sont ensuite fusionnées pour donner la carte de saillance.

Les algorithmes de segmentation d'image ont pour objectif de poser une frontière entre des régions d'une image, et en général cette frontière représente une discontinuité. Dans une application pour la segmentation des structures cérébrales, le problème est plutôt de savoir où placer une frontière, car les bords sont souvent flous et mal définis. Nous considérons donc que l'information de saillance est directement reliée aux difficultés de segmentation d'un objet en considérant qu'un objet avec un contour plus saillant, c'est-à-dire présentant une discontinuité plus marquée, sera plus aisé à segmenter qu'un objet comportant un contour moins saillant. Cependant, la saillance peut donner plus d'information. En effet, certaines tumeurs cérébrales par exemple sont très saillantes. Une forte saillance peut donc indiquer non seulement une zone plus aisée à segmenter, mais si nous disposons, via un apprentissage par exemple, de la distribution moyenne de saillance pour une zone, alors nous pouvons également détecter une anomalie comme une pathologie.

Nous proposons d'étudier la saillance d'une image segmentée, afin de vérifier empiriquement si le niveau de saillance d'un objet correspond à la difficulté notoire de le segmenter.

5.1.3 Apprentissage de la saillance

Nous souhaitons étudier dans cette partie les zones de la carte de saillance correspondant aux structures cérébrales comprises dans le modèle. Chaque carte de saillance est calculée sur une image complète. Mais grâce aux segmentations des images utilisées pour calculer la saillance, nous avons masqué la carte de saillance pour nous intéresser aux zones correspondant aux structures. L'objectif de cette partie est de construire un critère fondé sur la saillance qui sera utilisé dans les parties suivantes. Nous allons également effectuer un apprentissage des distributions de saillance.

En fonction de l'objectif de segmentation choisi, certaines parties d'un objet peuvent être plus intéressantes que d'autres. Si nous considérons un algorithme recherchant les contours, alors la zone la plus importante à prendre en compte est le contour de l'objet et son entourage immédiat. Mais nous allons regarder l'information de saillance, qui est calculée à différents niveaux d'échelle. L'information du contour est donc située sur une zone plus large que le contour. De plus, si nous considérons la taille des structures, petite par rapport à la taille du cerveau, il faut s'intéresser à l'information de saillance dans tout l'objet, ainsi que dans une couronne autour de l'objet, correspondant typiquement à une dilatation de l'objet par une boule unitaire en 6-connexité.

Pour chaque image $c \in K$, la carte de saillance SM_c est calculée sur l'image complète selon la méthode adaptée aux images IRM décrite dans la partie 2.4. La saillance SAL_{O_c} correspondant à un objet O_c de cette image est extraite en utilisant le masque dilaté de cet objet sur la carte de saillance :

$$\forall x \in \mathcal{S}, \quad SAL_{O_c}(x) = \min(\delta_1(O_c)(x), SM_c(x)) \quad ,$$

où \mathcal{S} représente l'espace de l'image. La saillance d'un objet est donc représentée dans cet espace.

Nous pouvons alors calculer un histogramme h de la saillance d'un objet, en calculant l'histogramme de SAL_{O_c} . Les cartes de saillance sont normalisées dans un intervalle $[0, 1]$. Le nombre N de niveaux de quantification de l'histogramme est fixé arbitrairement à 100.

$$h[i] = \sum_{x \in \mathcal{S}} \mathbb{1}_i(SAL_{O_c}(x)) \quad ,$$

où $1(\cdot)$ est la fonction indicatrice. Cet histogramme est ensuite normalisé afin d'obtenir une fonction de densité de probabilité : pour $i = 1, \dots, N$

$$h_{O_c}[i] = \frac{h[i]}{\sum_{i=1}^N h[i]} .$$

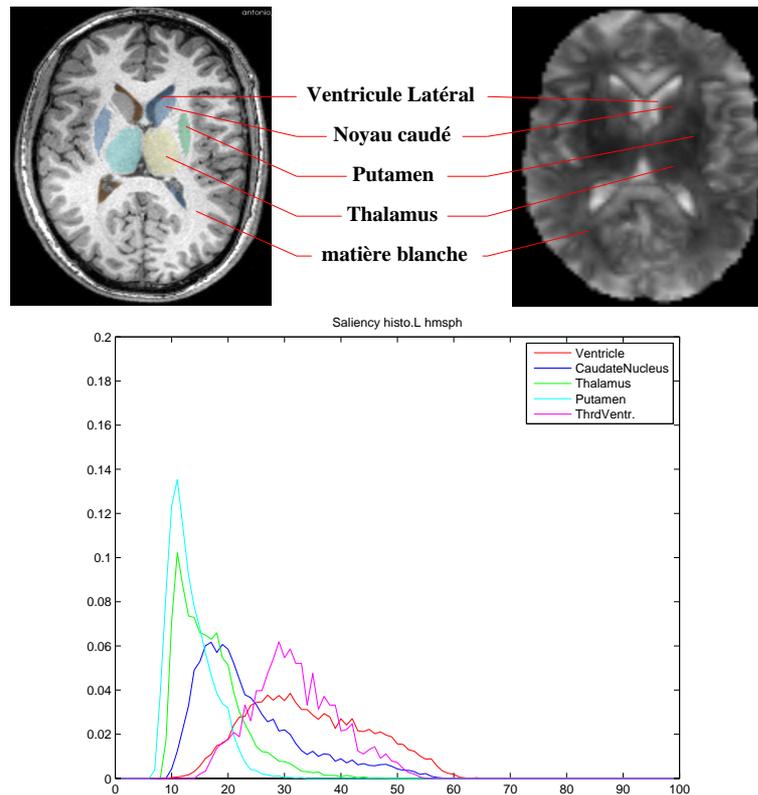


FIG. 5.2 – Les distributions de probabilité de saillance normalisées de cinq structures cérébrales de l'hémisphère gauche d'une image ne présentant pas de pathologie. En haut, l'image originale est présentée à gauche avec une segmentation en sur-impression et la carte de saillance correspondant à cette image est présentée à droite. Les structures sont pointées sur la segmentation de l'image ainsi que sur la carte de saillance. Le troisième ventricule qui apparaît sur l'histogramme n'est pas présent dans cette coupe. Les distributions du putamen et du thalamus présentent un pic pour des valeurs assez faibles de saillance. Les zones correspondantes dans la carte de saillance montrent des zones de faible saillance à l'emplacement de ces structures. La distribution correspondant au ventricule présente des valeurs plus élevées, et on distingue nettement ces plus fortes valeurs sur la carte de saillance.

La figure 5.2 présente les distributions de probabilité de saillance obtenues pour cinq structures localisées dans l'hémisphère gauche d'une image qui ne présente pas de pathologie. Nous pouvons voir, pour cette image, que les distributions du putamen et du thalamus sont des distributions mono-modales et centrées sur les valeurs faibles de saillance, et la carte de saillance présente aux emplacements de ces structures des valeurs faibles. Plus généralement, la matière blanche qui englobe ces structures présente des valeurs faibles. La distribution du ventricule est par contre plus étalée mais est centrée sur des valeurs de saillance plus importantes. Ce résultat était attendu car cette structure présente un fort contraste avec son entourage immédiat et peut être segmentée plus aisément que les autres structures présentées sur cette image.

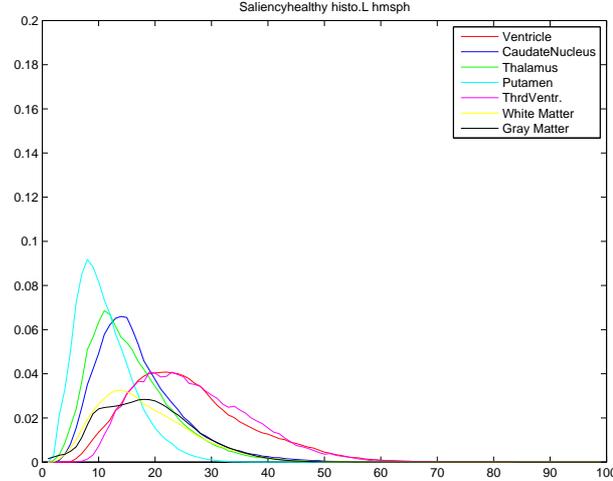


FIG. 5.3 – Distribution de saillance moyenne pour 5 structures cérébrales de l'hémisphère gauche (le troisième ventricule est en fait situé sur le plan inter-hémisphérique et n'est pas attribué à l'un ou l'autre des hémisphères, alors que les autres structures sont présentes dans les deux hémisphères). Les distributions sont calculées sur 30 cas sains (sans pathologies). Les distributions de la matière blanche (« WM ») et de la matière grise (« GM ») sont estimées sur les 18 cas de la base IBSR uniquement.

La figure 5.3 présente quelques distributions moyennes qui ont été estimées sur les 30 cas sains de la base d'apprentissage, pour des structures de l'hémisphère gauche. Pour la matière grise et la matière blanche, les distributions ont été estimées sur les 18 cas de la base IBSR uniquement, les segmentations n'étant pas disponibles pour les autres cas. L'apprentissage est effectué pour :

- les distributions de probabilité des cartes de saillance complètes ;
- chacune des structures du graphe ;
- les tumeurs dans les cas pathologiques.

La distribution de probabilité pour une structure donnée est calculée comme la moyenne des distributions de probabilité calculées pour cette structure sur chaque image :

$$\hat{h}_O[i] = \frac{\sum_{c \in K} h_{O_c}[i]}{\text{card}(K)} ,$$

où $\text{card}(K)$ représente le nombre de cas dans la base. Nous calculons ensuite la moyenne des distances EMD et la variance pour chacune des distributions, toutes les images prises en compte étant équiprobables. L'écart à la moyenne est estimé par une mesure EMD ou « Earth's Mover Distance » (Rubner *et al.* (1998)).

La mesure EMD :

Supposons que p et q sont deux histogrammes discrets avec N niveaux de quantification, et normalisés tel que $\sum_{i=1}^N p[i] = \sum_{i=1}^N q[i] = 1$. La mesure EMD entre ces deux distributions de probabilité est définie ainsi :

$$\text{emd}(p, q) = \min_{\alpha_{i,j} \in \mathcal{M}} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N \alpha_{i,j} c(i, j) ,$$

où $\mathcal{M} = \{(\alpha_{i,j}); \alpha_{i,j} \geq 0, \sum_j \alpha_{i,j} = p[i], \sum_i \alpha_{i,j} = q[j]\}$ et où $c(.,.)$ est une distance entre les niveaux de quantification. Mais pour des histogrammes non-circulaires et en une dimension

seulement, si $c(i, j) = \frac{\|i-j\|}{N}$, alors il est établi que la mesure EMD est la différence entre les histogrammes cumulés (Villani (2003)) :

$$emd(p, q) = \frac{\sum_{i=1}^N |P[i] - Q[i]|}{N}, \quad (5.1)$$

où p et q sont deux distributions de probabilité, P et Q sont les histogrammes cumulés correspondants et N le nombre de niveaux de quantification des histogrammes. Nous utilisons cette formulation dans nos expériences. L'écart à la moyenne entre distributions de saillance est donc calculé comme la variance selon la mesure EMD :

$$V_O = \frac{\sum_{c \in K^N} emd(\hat{h}_O, h_{O_c})^2}{card(K^N)}$$

5.1.4 Un critère reposant sur la saillance

Nous souhaitons à présent utiliser la saillance dans le processus de segmentation séquentielle. Nous avons défini des histogrammes de saillance qui seront calculés dans le processus décrit dans la partie suivante. Nous avons à présent besoin d'un critère pour effectuer la sélection de la prochaine structure à segmenter en utilisant les histogrammes de saillance.

5.1.4.1 Critère simple sans apprentissage

Nous avons utilisé dans un premier temps un critère simple et qui ne nécessite pas d'apprentissage dans nos expériences. Nous avons proposé d'utiliser l'énergie des histogrammes comme critère de comparaison. L'énergie d'un histogramme H , avec N niveaux de quantification, est calculée de la manière suivante :

$$energie(H) = \sum_{n=1}^N h(n)^2,$$

où h est la fonction dénombrant le nombre d'occurrences des valeurs n dans la carte de saillance masquée. L'énergie d'un histogramme va permettre de préférer les histogrammes qui ont un support resserré, c'est-à-dire qu'un pic à base étroite mais haut sera préféré à un histogramme plus étalé. La figure 5.3 présente les distributions de probabilité pour quelques structures, ainsi que pour la matière blanche qui les englobe. Le critère sélectionné permet de préférer les histogrammes des structures par rapport à celui de la matière blanche.

Le tableau 5.2 présente les mesures de saillance pour trois structures cérébrales, le noyau caudé (« LCN ») le thalamus (« LTH ») et le putamen (« LPU »), ainsi que pour la matière blanche (« LWM ») et la matière grise (« LGM »). Ces mesures (l'énergie de l'histogramme) sont toujours plus grandes pour les trois structures anatomiques que pour les matières. Nous avons cependant laissé ce critère, qui ne permet pas de déterminer précisément l'ordre entre deux distributions de saillance. La figure 5.4 donnera un exemple de comparaison où la distribution présentant des valeurs plus hautes de saillance présente une énergie inférieure. Nous remplaçons ce critère pour un autre qui utilise une mesure fondée sur la mesure EMD définie dans la partie précédente, et que nous allons décrire à présent.

5.1.4.2 Critère utilisant une mesure EMD

Nous souhaitons comparer des régions entre elles, et pour cela nous souhaitons comparer la saillance de ces régions, afin de déterminer laquelle est la plus propice à être segmentée à un

TAB. 5.2 – Mesures de saillance (mesure de l'énergie d'un histogramme de saillance) pour trois structures anatomiques, la matière blanche (LWM) et la matière grise (LGM) pour toutes les images de la banque de données IBSR. LCN : noyau caudé, LTH : thalamus and LPU : Putamen.

LCN	LTH	LPU	LWM	LGM
0,065	0,057	0,068	0,026	0,015
0,097	0,064	0,095	0,041	0,020
0,039	0,033	0,042	0,027	0,017
0,050	0,031	0,054	0,026	0,017
0,038	0,028	0,107	0,027	0,018
0,054	0,038	0,099	0,038	0,025
0,039	0,024	0,046	0,023	0,018
0,040	0,026	0,046	0,020	0,014
0,039	0,026	0,061	0,026	0,020
0,045	0,030	0,060	0,027	0,014
0,037	0,025	0,048	0,019	0,011
0,033	0,029	0,032	0,026	0,017
0,037	0,033	0,069	0,031	0,020
0,046	0,030	0,061	0,025	0,017
0,033	0,026	0,044	0,017	0,014
0,032	0,025	0,044	0,022	0,015
0,045	0,032	0,049	0,022	0,020

instant donné du processus et selon les connaissances disponibles à cet instant. Pour chacune des structures, nous calculons un ensemble flou correspondant à sa localisation. Le processus de calcul de ces ensembles flous est détaillé dans une partie suivante.

La précision de la localisation d'une structure dépend de l'information spatiale disponible au moment où elle est représentée. Moins il y a d'information spatiale disponible, et moins la localisation est précise, et plus la localisation risque d'inclure des objets en plus de l'objet recherché. Or, nous souhaitons comparer la saillance des objets recherchés. La distribution de saillance peut donc inclure de l'information non pertinente pour juger de la saillance d'une structure. Pour cette raison, la comparaison directe de deux localisations ne permet pas de comparer la saillance des structures visées.

Notre critère sera donc fondé sur deux informations. Nous allons extraire la distribution de saillance de la localisation d'une structure, puis elle est comparée :

- à la distribution moyenne de saillance pour cette structure. Si la localisation est peu précise et que d'autres objets présentant des distributions de saillance différentes de celle de la structure visée sont inclus, alors la comparaison avec le modèle permet de pénaliser cette localisation. Elle permet donc d'estimer la précision de la localisation ;
- aux distributions de saillance des autres localisations. Le but est d'ordonner les distributions de saillance et de privilégier la distribution la plus saillante.

La comparaison entre la distribution apprise et la distribution de la localisation s'effectue avec une mesure EMD. Les valeurs sont centrées et réduites. La distance est calculée ainsi :

$$d_o(loc_o, mod_o) = \frac{EMD(loc_o, mod_o) - \hat{m}od_o}{\sigma_{mod_o}} . \quad (5.2)$$

où loc_o représente la distribution de saillance issue de la segmentation, mod_o la distribution apprise pour cette structure, $\hat{m}od_o$ la moyenne des distances EMD entre chaque cas de la base et la

distribution moyenne pour cette structure, et σ_{mod_o} l'écart-type de ces distances.

Pour les comparaisons entre les distributions des localisations, nous avons besoin d'une mesure qui permette de donner un ordre entre ces distributions, et pas uniquement la distance. Nous allons à présent définir cette mesure.

Mesure EMD signée :

La mesure EMD permet de calculer une différence entre distributions de probabilité. Dans notre cas, nous souhaitons comparer deux zones de l'image, masquées par la carte de saillance, afin de déterminer laquelle de ces zones est la plus saillante. La mesure utilisée pour l'apprentissage de saillance précédemment est une mesure non signée, c'est-à-dire qu'elle indique la différence entre deux distributions, mais ne fournit pas l'ordre. Elle ne convient donc pas à nos besoins en l'état. Nous avons présenté comment cette mesure, dans le cas de distributions de probabilité normalisées, et avec une certaine norme, pouvait être calculée en effectuant une comparaison entre histogrammes cumulés. Pour obtenir une distance qui nous fournisse l'ordre, nous proposons de conserver cette formulation et de déterminer le signe de la distance en comparant les différences entre les histogrammes cumulés sans valeur absolue. La distance EMD entre deux distributions p et q est la même formulation que précédemment :

$$emd(p, q) = \frac{\sum_{i=1}^N |P[i] - Q[i]|}{N} ,$$

nous calculons également la somme sans les valeurs absolues :

$$s(p, q) = \sum_{i=1}^N P[i] - Q[i] ,$$

et la distance signée sera déterminée ainsi :

$$emds(p, q) = \begin{cases} emd(p, q) & \text{si } s(p, q) < 0 , \\ -emd(p, q) & \text{si } s(p, q) \geq 0 . \end{cases} \quad (5.3)$$

Cette mesure nous permet de comparer plusieurs distributions, à l'aide de comparaisons deux à deux, afin de déterminer la zone la plus saillante. La figure 5.4 présente un exemple de comparaison entre la localisation d'un thalamus et la localisation d'un putamen. Sur cet exemple, nous pouvons voir sur l'histogramme de saillance de ces localisations que le pic correspondant au putamen est légèrement décalé vers des valeurs plus hautes. Cette différence se reflète sur les histogrammes cumulés. La distance EMD entre ces deux distributions est de 0,017. Si nous souhaitons estimer la saillance selon notre critère du thalamus, alors nous calculons la distance signée :

$$EMDS(th, pu) = -0,017 .$$

À l'inverse, si nous souhaitons estimer la saillance selon notre critère du putamen, alors nous calculons la distance signée ainsi :

$$EMDS(pu, th) = 0,017 .$$

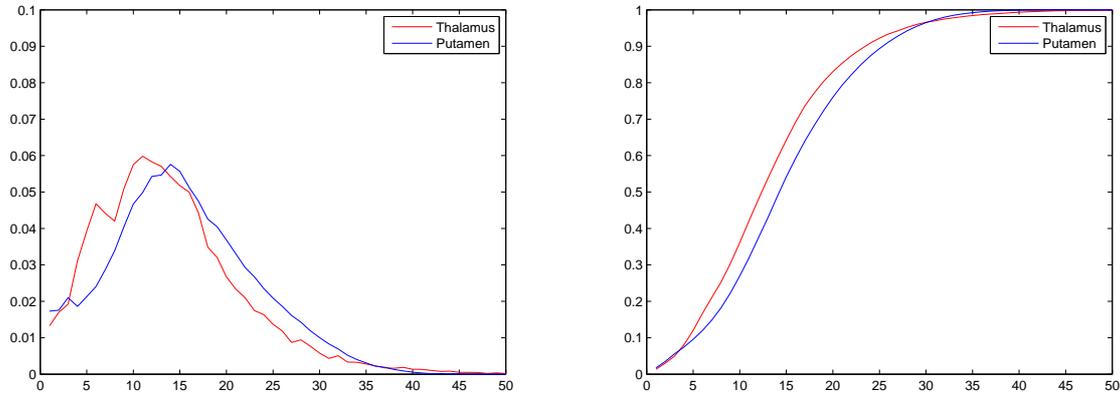


FIG. 5.4 – Comparaison entre les histogrammes de saillance des localisations de deux structures, le thalamus et le putamen au cours d’une étape. La distance EMD entre ces deux histogrammes nous donne une valeur de 0,017. La distance EMDS nous donnera une valeur de $-0,017$ pour le thalamus et une valeur de 0,017 pour le putamen, nous permettant de déterminer la distribution « la plus saillante ». L’énergie de l’histogramme pour la distribution du thalamus est de 0,040 alors que la distribution du putamen présente une énergie de 0,037. Le critère reposant sur l’énergie donne donc dans ce cas le résultat inverse du résultat souhaité, c’est-à-dire la sélection de la distribution « la plus saillante ».

Le critère de sélection :

Cette mesure nous permet donc d’obtenir une valeur signée et de pondérer ainsi le critère de sélection c , qui est défini ainsi :

$$c_o = |d_o| - \sum_{o' \in V_c \setminus \{o\}} EMDS(loc_o, loc_{o'})$$

où V_c est l’ensemble des nœuds candidats et o désigne l’objet dont nous avons calculé la localisation. La comparaison des localisations grâce à la mesure EMDS permet de pondérer le critère par la localisation la plus saillante. Dans notre exemple, si la distance EMD d_{th} entre la distribution de saillance du thalamus avec la distribution moyenne du thalamus est la même que la distance EMD d_{pu} entre la distribution de la localisation du putamen et le modèle, alors le critère de sélection vaut pour le thalamus $c_{th} = d_{th} - 0,017$ et le critère de sélection pour le putamen vaut $c_{pu} = d_{th} + 0,017$. La mesure EMDS nous a donc permis de pondérer la comparaison avec le modèle par la localisation la plus saillante. La comparaison avec la distribution moyenne de saillance étant centrée et réduite, les valeurs additionnées ne sont pas similaires. La mesure EMDS est donc plutôt une pondération, l’évaluation de la précision de la localisation étant importante d’après nos expériences.

5.1.5 La saillance des tumeurs cérébrales

L’objectif des mécanismes pré-attentionnels en général et des cartes de saillance en particulier est de détecter dans une scène les parties qui sont saillantes, c’est-à-dire qui s’imposent à l’utilisateur lors de l’exploration libre de cette scène. Les tumeurs cérébrales n’ont pas toutes cette caractéristique. La figure 5.5 présente des images avec des pathologies qui présentent des saillances élevées d’une part, à cause notamment du contraste de la tumeur, et de la présence d’une zone nécrotique au centre, et d’autre part, des tumeurs qui présentent au contraire des valeurs de saillance

faibles, voire très faibles. L'absence de saillance de ces dernières pathologies vient de leur taille plutôt large et de leur aspect uniforme.

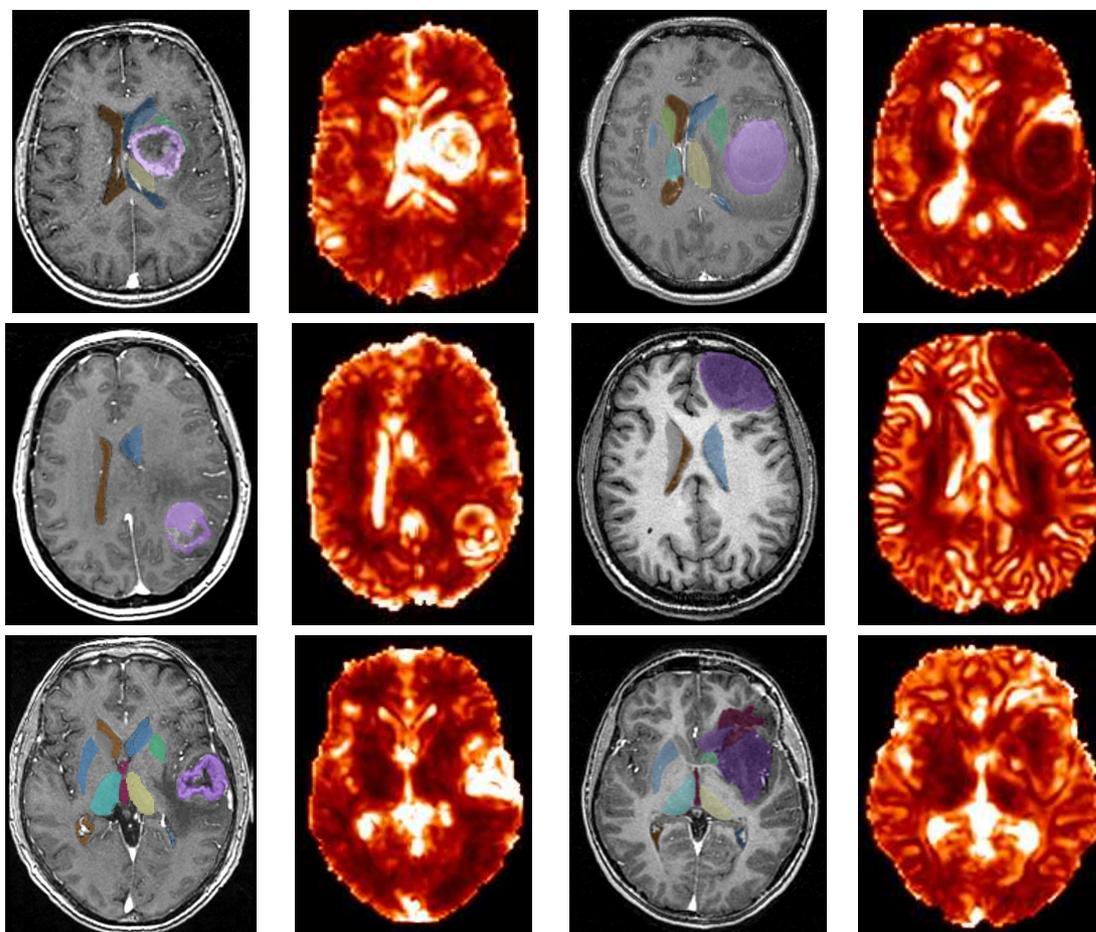


FIG. 5.5 – Deux groupes de pathologies avec des valeurs de saillance inversées. Pour chaque exemple nous présentons une coupe de l'image originale masquée par la carte d'étiquettes de la segmentation manuelle (à gauche, sur ces images, la tumeur apparaît en violet) et une coupe proche de la carte de saillance de la même image (à droite) avec une palette de couleur modifiée. Sur la colonne de gauche sont présentés trois exemples de tumeurs qui génèrent une forte saillance. Sur la colonne de droite, trois exemples de tumeurs présentant des valeurs plus faibles de saillance.

Toutes les pathologies ne partagent donc pas les mêmes caractéristiques de saillance. Parmi l'ensemble des tumeurs, certaines ont un impact immédiat sur les noyaux gris (comme les deux images présentées sur la ligne supérieure de la figure 5.5. Ces tumeurs déplacent des structures et entraînent de grandes altérations de leur morphologie. D'autres structures ont un impact beaucoup plus faible, voire nul sur les noyaux gris (il y a bien sûr un impact sur d'autres parties du cerveau). C'est le cas pour l'image à droite sur la ligne centrale de la figure 5.5. Cette pathologie est importante, mais localisée sur l'avant du cerveau. Le noyau caudé et le putamen ne sont pas vraiment affectés par cette pathologie (déformation très légère). En revanche, le ventricule de gauche est déformé, et le thalamus est écrasé.

Dans le cadre de la segmentation séquentielle, nous pouvons avoir deux objectifs par rapport à la gestion des pathologies : détecter la présence d'une pathologie d'une part, et utiliser cette connaissance pour adapter la segmentation des noyaux gris. La segmentation de la tumeur elle-

même n'est pas traitée dans nos travaux. Pour cela, nous pouvons utiliser les travaux développés par Khotanlou (2008).

5.2 Segmentation séquentielle avec un critère fondé sur la saillance

Si l'objectif suivi est toujours l'optimisation d'un chemin de segmentation, toutefois, l'approche proposée ici présente une optimisation a posteriori du chemin puisque les segmentations sont réalisées à chaque étape du processus. De ce point de vue, l'optimisation est effectuée localement.

Dans cette nouvelle approche, nous souhaitons garder la possibilité de mettre à jour le modèle, c'est-à-dire être capable d'ajouter ou de supprimer des structures du modèle, ce qui n'était pas possible dans la première approche. En effet, l'optimisation dans cette première approche est effectuée « off-line », sans tenir compte de l'information de l'image elle-même. De plus les représentations des relations spatiales sont toujours calculées à partir des représentations des formes d'un cas sain, même dans un cas pathologique. Les degrés de stabilité permettent une adaptation souple aux cas pathologiques. Cependant, il est nécessaire de pouvoir effectuer leur apprentissage sur une base de cas de pathologies similaires. Si nous pouvons obtenir des pathologies de même type, l'apprentissage des degrés de stabilité nécessite en outre que les localisations de la pathologie soient proches entre elles pour avoir des impacts comparables. L'apprentissage devrait donc être suffisant pour gérer tous les cas possibles.

5.2.1 Exploration progressive de l'image

Nous proposons une optimisation locale du chemin, qui tient compte de l'information disponible, à chaque étape du processus de segmentation séquentielle. Cette information provient du modèle générique et des parties de l'image déjà segmentées. Mais nous n'utilisons pas la forme des objets qui ne sont pas encore segmentés. Dans le cadre de la segmentation séquentielle, à un instant donné, nous connaissons la prochaine étape du processus. Nous voyons dans notre approche la prochaine étape comme une exploration d'une partie non connue de l'image. Seule une petite région de l'espace est analysée à un certain moment, ce qui correspond à la reconnaissance et à la segmentation d'un objet. Cette partie de l'espace est définie par les relations spatiales représentables, qui sont les relations spatiales ayant pour objet de référence un objet déjà segmenté.

Le processus est guidé en utilisant un mécanisme pré-attentionnel, ici une carte de saillance, qui indique la zone la plus saillante dans l'espace dans le domaine de recherche. Cette zone est générée en utilisant les parties déjà connues de la scène et les relations spatiales existant entre ces objets et les objets qui doivent encore être reconnus. La figure 5.6 présente le schéma général de la méthode.

Nous présentons d'abord le graphe spatial qui contient la connaissance générique et l'information de l'image extraite au cours du processus. Nous présenterons ensuite les différentes étapes de chaque étape du processus, en commençant par la manière dont le graphe est filtré pour ne conserver que l'information utile à l'étape courante. Ensuite, nous présenterons le mécanisme de sélection de la structure à segmenter, et la mise à jour du graphe après chaque segmentation.

5.2.2 Graphe spatial

Nous utilisons un graphe muni de relations spatiales tel que celui que nous avons décrit dans le chapitre 3. Les notations ont été introduites dans la partie 3.1.3. Le graphe spatial est issu de la connaissance experte et générique de la scène.

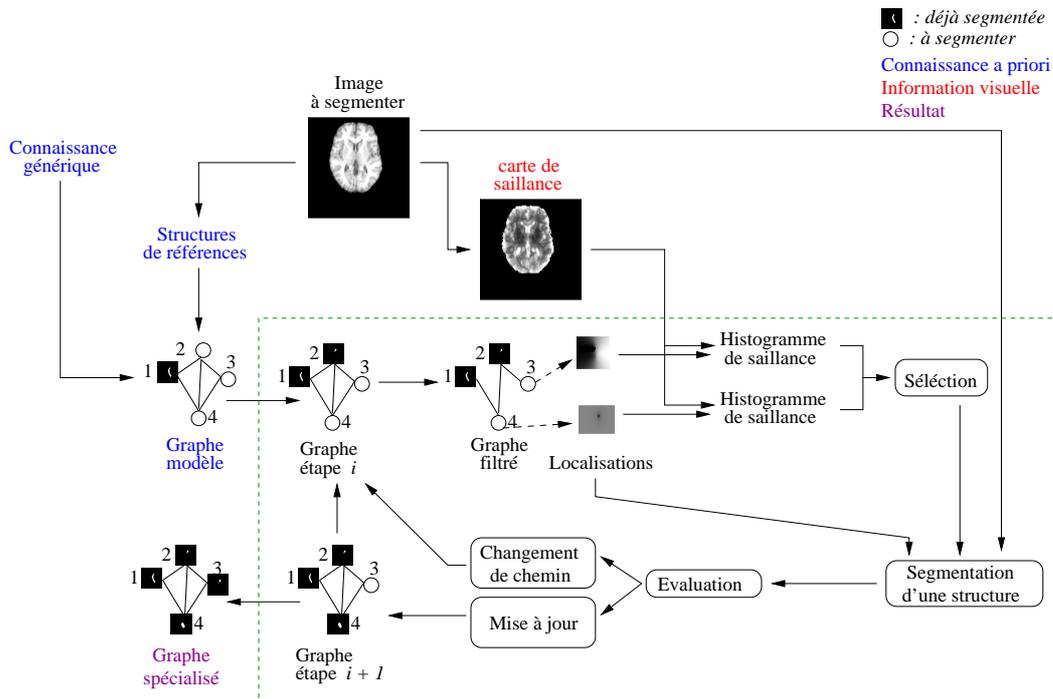


FIG. 5.6 – Schéma général de l'approche proposée qui permet l'intégration d'un mécanisme pré-attentionnel dans un processus de segmentation séquentielle. À une étape i , le graphe est filtré pour ne garder qu'un graphe bipartite entre les nœuds déjà segmentés et les nœuds à segmenter. Les relations spatiales portées par les arcs restants sont représentées dans l'espace de l'image. Elles sont fusionnées pour former le domaine de recherche et fournir la localisation de chaque structure candidate. Un critère dérivé de la saillance de ces localisations est utilisé pour sélectionner la structure à segmenter. La structure peut alors être segmentée à partir de l'information spatiale et de l'image originale. Une étape d'évaluation intervient ensuite pour détecter les éventuelles erreurs de segmentation d'une structure. Si la segmentation est suffisante, le graphe peut être mis à jour avec la segmentation de la structure. Dans le cas inverse, le graphe peut rester en l'état ou une segmentation existante peut être supprimée, avant de passer à la prochaine étape du processus.

Nous rappelons quelques notations ici. Par la suite, nous désignerons l'image originale par I . Un graphe $G = (V, E, L_e)$ est composé d'un ensemble de nœuds $v \in V$ correspondant chacun à une structure cérébrale. Il est également composé d'un ensemble d'arcs binaires $e \in E$. Chaque arc est muni d'un interpréteur permettant d'obtenir l'ensemble flou correspondant aux relations spatiales $\mu_e = L_e(e, v_1)$ portées par cet arc où v_1 est la structure de référence pour la relation. Le graphe utilisé dans nos expériences est présenté dans la figure 5.7. Il intègre 9 structures dont la plupart sont présentes de manière symétrique dans les deux hémisphères.

À l'initialisation du processus, nous avons une structure de référence. Dans le cas des structures cérébrales, le ventricule latéral peut être segmenté en utilisant une méthode de morphologie mathématique par exemple. De plus, sa position centrale et sa taille en font un bon point de référence pour les relations spatiales avec les autres structures. Nous utilisons donc les ventricules latéraux (droit et gauche) comme structures de référence, disponibles au début du processus. Le troisième ventricule est segmenté simultanément par la même procédure et est parfois connecté aux ventricules latéraux. Nous l'utiliserons comme structure de référence également.

Le choix de cette structure est cohérent par rapport à une exploration de l'image selon un

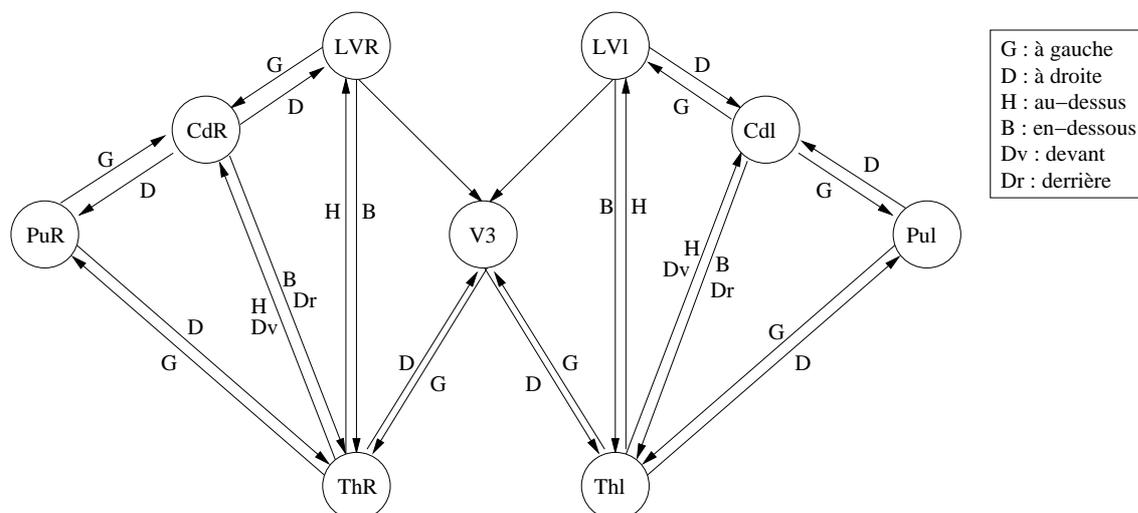


FIG. 5.7 – Le graphe utilisé dans nos expériences. Le graphe est orienté et les arcs entre deux nœuds sont doublés pour prendre en compte les différents chemins de segmentation possibles. Les relations d’orientation entre les structures sont indiquées. Nous utilisons également des relations de distance entre deux structures. Les structures présentes sont les suivantes : ventricule latéral (LV), troisième ventricule (V3), thalamus (TH), putamen (PU) et noyau caudé (CD).

critère de saillance. En effet, les ventricules sont des structures qui présentent presque toujours une forte valeur de saillance (à part dans un cas pathologique où leur grande taille diminue leur saillance). La figure 5.8 présente une image et un seuillage de la carte de saillance pour ne conserver que les plus hautes valeurs. Les ventricules apparaissent dans ces valeurs.

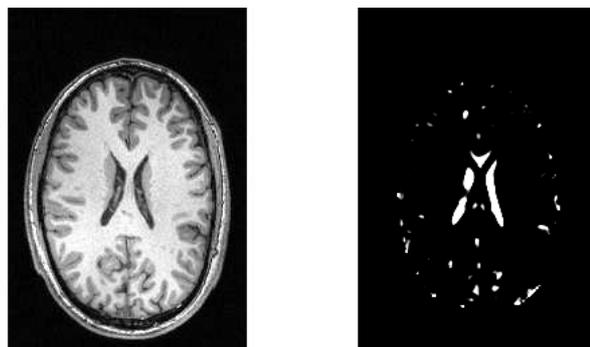


FIG. 5.8 – Une coupe d’une image (à gauche) et le seuillage de la carte de saillance de cette image. Les ventricules présentent des valeurs élevées de saillance et restent apparents même après un seuillage qui enlève la plupart de l’information de saillance. Ces structures sont donc indiquées pour débuter une exploration de l’image selon un critère de saillance.

Nous allons à présent présenter l’approche de segmentation séquentielle, en considérant une étape donnée du processus.

5.2.3 Filtrage du graphe

Nous allons à présent définir des ensembles de nœuds qui seront utilisés par la suite pour le raisonnement. Nous pouvons partitionner l’ensemble des nœuds du graphe V en deux ensembles

distincts : $V = V_{seg} \cup V_{obj}$. Nous avons d'abord l'ensemble V_{seg} des nœuds segmentés, que ce soit une structure de référence ou une structure segmentée au cours du processus. Nous avons également l'ensemble complémentaire V_{obj} des nœuds « objectifs », c'est-à-dire les nœuds qui ne sont pas encore segmentés.

À présent que ces deux ensembles sont définis, nous souhaitons maintenant exprimer la reconnaissance et la segmentation d'une structure cérébrale comme l'ensemble des opérations nécessaires pour transférer un nœud v de l'ensemble des nœuds objectifs vers l'ensemble des nœuds segmentés. À l'étape i nous avons :

$$V_{seg}^i = V_{seg}^{i-1} \cup \{\hat{v}^i\} ,$$

et

$$V_{obj}^i = V_{obj}^{i-1} \setminus \{\hat{v}^i\} ,$$

où \hat{v}^i est le nœud sélectionné à l'étape i du processus.

Nous voulons préciser les liens entre le nœud sélectionné et les deux ensembles de nœuds. Puisque nous avons choisi de voir le processus de segmentation séquentielle comme une exploration progressive de l'image, l'ensemble V_{seg} correspond aux parties déjà explorées de l'image. L'ensemble V_{obj} correspond aux parties inconnues. L'exploration progressive de l'image correspond à l'extension progressive des parties connues, et de ce point de vue, à effectuer l'exploration dans une zone proche des parties déjà connues. Nous pouvons définir E_f comme l'ensemble des arcs dont la source est un nœud appartenant à V_{seg} et dont la cible est un nœud appartenant à V_{obj} :

$$E_f = \{(v_t, v_s) \mid v_t \in V_{seg}, v_s \in V_{obj}\} .$$

Les indices correspondant à l'étape ne sont pas précisés afin de simplifier l'écriture. Cet ensemble est toutefois mis à jour à chaque étape en même temps que les ensembles V_{seg}^i et V_{obj}^i .

Tous les arcs $e \in E_f$ portent des relations spatiales fournissant une information sur la zone à explorer. Si nous définissons la zone de recherche comme une fonction de l'information spatiale portée par ces arcs, alors tous les nœuds ciblés par ces arcs sont dans la zone de recherche.

Nous pouvons définir l'ensemble $V_{fo} \subseteq V_{obj}$ des nœuds ciblés par les arcs contenus dans E_f comme l'ensemble des nœuds de V_{obj} qui sont la cible d'un arc appartenant à E_f . La source de l'arc est nécessairement dans V_{seg} :

$$V_{fo} = \{v_2 \in V_{obj} \mid \exists v_1 \in V_{seg}, (v_1, v_2) \in E_f\} .$$

Nous pouvons de même définir $V_{fs} \subseteq V_{seg}$ comme étant l'ensemble des nœuds de V_{seg} qui sont extrémités d'au moins un arc dont la cible n'appartient pas à V_{seg} :

$$V_{fs} = \{v_1 \in V_{seg} \mid \exists v_2 \in V, v_2 \notin V_{seg}, (v_1, v_2) \in E\} .$$

L'exploration progressive de l'image va donc consister à rechercher le prochain nœud à segmenter parmi les nœuds de V_{fo} . La recherche utilise l'information spatiale fournie par les nœuds de V_{fs} et portée par les arcs E_f . Nous pouvons filtrer le graphe pour ne conserver que V_{fo} , V_{fs} et E_f , ce qui permet de limiter le domaine de recherche. Le sous-graphe obtenu forme un graphe bipartite. Un exemple de graphe filtré à la première étape du processus est illustré par la figure 5.9.

Une étape de la segmentation séquentielle peut donc être formulée comme fonction :

- de l'image I ;
- des segmentations précédentes V_{fs} , qui fournissent l'information spatiale permettant d'explorer l'image ;

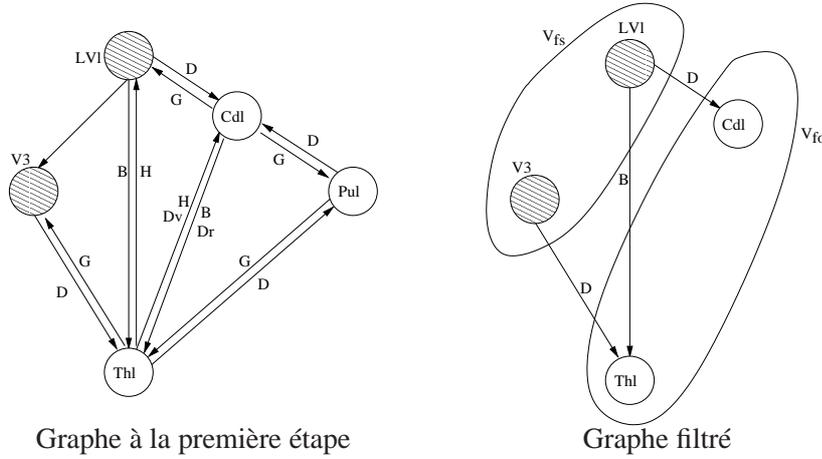


FIG. 5.9 – Le graphe filtré lors de la première étape du processus. Nous n’avons représenté ici que les structures de la partie gauche du cerveau par simplicité mais les structures de la partie droite sont présentes également à cette étape. L’ensemble V_{fs} est composé du ventricule latéral et du troisième ventricule (ces nœuds sont grisés sur la figure). L’ensemble V_{fo} est composé du noyau caudé et du thalamus. Seul les arcs issus des structures segmentées vers les structures non segmentées sont conservés et forment l’ensemble E_f .

- de l’ensemble V_{fo} des nœuds en relation avec V_{fs} ;
- des critères permettant la sélection du nœud, dérivés de la saillance, que nous allons présenter par la suite ;
- et des relations spatiales E_f existant entre les deux groupes de nœuds du graphe (segmentés et à segmenter).

Cela s’écrit :

$$V_{seg}^i = seqseg(V_{seg}^{i-1}, V_{obj}^{i-1}, sal_I, I, E_f^{i-1}) ,$$

où i indique l’étape courante.

5.2.4 Domaine de recherche

Nous avons introduit l’exploration progressive de l’image comme une extension proche des parties connues de l’image. Nous avons également spécifié que cette exploration est fonction de l’information spatiale calculée à partir des parties déjà explorées de l’image. Nous allons à présent définir le domaine de recherche, qui représente l’espace de l’image où nous cherchons la structure la plus à même d’être segmentée, selon un critère dérivé de la saillance que nous présentons dans la partie suivante.

Chaque arc de l’ensemble E_f porte des relations spatiales entre des objets déjà segmentés, et des objets à segmenter. Chaque relation spatiale est représentée dans l’espace de l’image, selon le formalisme décrit dans la partie 3.3. Pour chaque point de l’image, nous avons une valeur de satisfaction de la relation. De plus, un apprentissage des paramètres de ces relations spatiales est effectué tel qu’il a été décrit dans la partie 3.5. Cet apprentissage, effectué sur une base de cas sains et de cas pathologiques, nous permet d’effectuer l’hypothèse que la structure pointée par la relation spatiale est située dans le support de la représentation de la relation spatiale.

Chaque relation spatiale de l’ensemble E_f contribue ainsi à fournir une localisation robuste des structures recherchées. De plus, si plusieurs relations spatiales contribuent à localiser une même structure, alors la localisation peut être précisée en fusionnant ces informations. En particulier, si

nous ne disposons que d'une relation d'orientation pour une structure, alors la zone de l'image où cette relation sera satisfaite est grande par rapport à la structure. Mais si cette zone est liée à une relation de distance, alors la localisation de la structure sera beaucoup plus précise. La figure 5.10 sur la ligne du haut présente un exemple de la représentation d'une relation d'orientation (à gauche), et l'ensemble flou (à droite) correspondant à la fusion entre cette représentation et une relation de distance (au centre). La localisation de la relation est beaucoup plus précise dans ce dernier cas, même si elle reste grande par rapport à la taille de la structure.

Pour chaque arc e contenu dans E_f , un interpréteur d'arc L_e produit la représentation de chaque relation spatiale présente sur cet arc. L'interpréteur d'arc agit comme une fonction permettant d'indiquer quelles relations sont présentes sur l'arc, parmi toutes les relations spatiales possibles dans le modèle, et d'obtenir l'ensemble flou correspondant. Si la relation est présente, alors sa représentation est générée, avec des paramètres génériques pour le type de relation. L'arc contient également pour chaque relation spatiale l'intervalle flou issu de l'apprentissage pour cet arc (le couple de structures). L'intervalle flou est alors appliqué à la représentation de la relation spatiale pour générer la représentation exacte pour cette relation pour le couple de structures reliées par l'arc.

Une fois les relations spatiales portées par un arc représentées dans l'espace de l'image, nous pouvons fusionner toutes ces représentations pour obtenir un ensemble flou représentatif de l'information spatiale portée par cet arc e de manière conjonctive :

$$\mu_{Rel}^e = \top_{r \in e} \mu_e^r ,$$

où \top est une t-norme (Dubois et Prade (1980)).

Pour chaque nœud candidat v , sa localisation spatiale estimée est définie par la fusion des ensembles flous représentant chaque arc ayant ce nœud pour cible. Le nœud ciblé appartient à l'ensemble V_{fo} . La localisation est calculée ainsi :

$$loc_v = \top_{e \in (A(v) \cap E_f)} (\mu_{Rel}^e) ,$$

où \top est une t-norme, et $A(v)$ représente les arcs ayant le nœud v pour cible. La figure 5.10 présente le processus permettant d'obtenir la localisation de deux structures à la première étape.

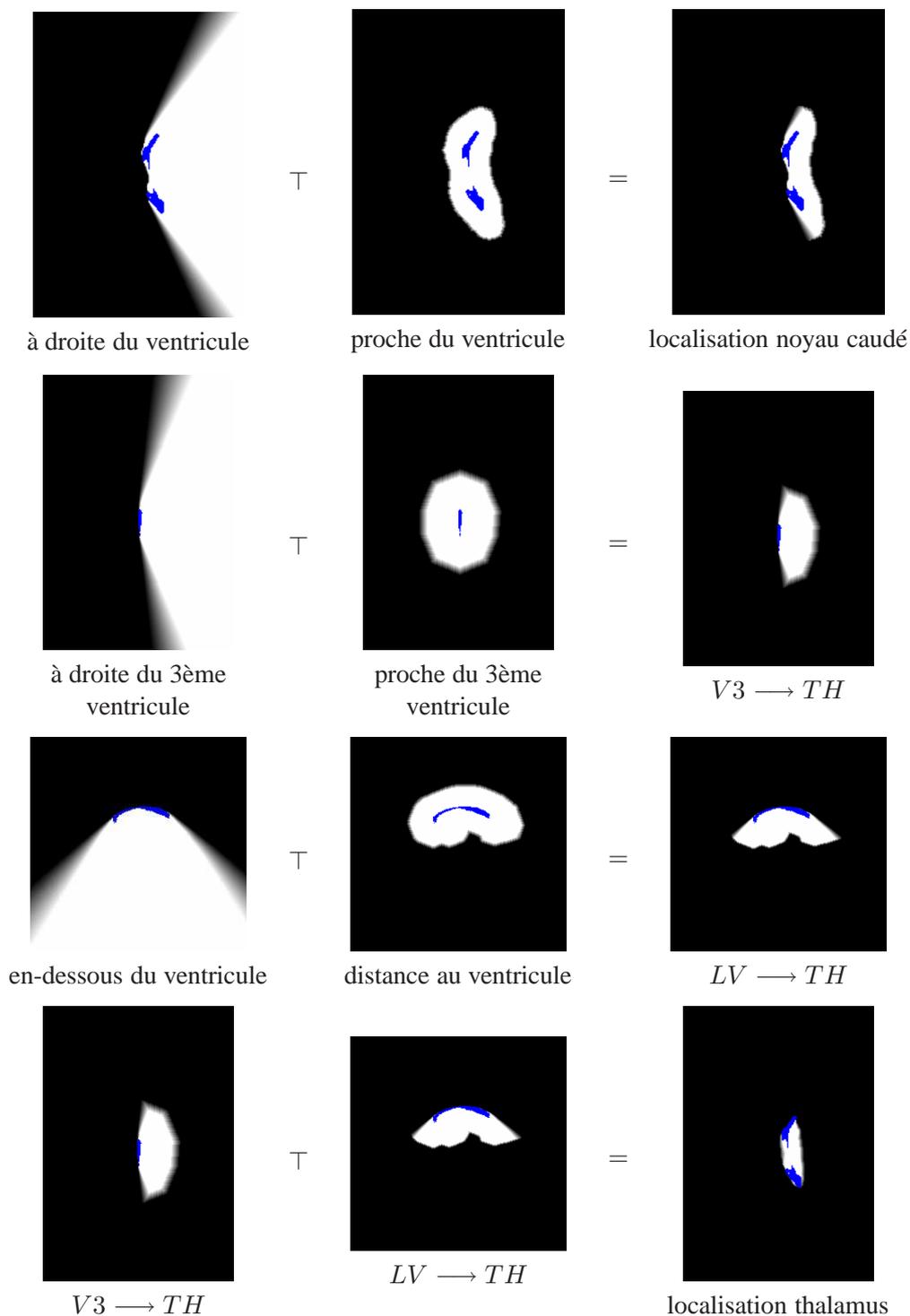


FIG. 5.10 – Représentation des relations spatiales. En haut, les relations portées par l’arc entre le ventricule (LV) et le noyau caudé (CN). La fusion (à droite) donne la localisation du noyau caudé (qui n’est pas connecté à une autre structure disponible à cette étape). Les deux lignes suivantes montrent les représentations des relations spatiales respectivement sur l’arc entre le 3ème ventricule (V3) et le thalamus (TH), et sur l’arc entre le ventricule et le thalamus (en vue sagittale). Les ensembles flous issus de ces deux arcs sont fusionnés pour donner la localisation du thalamus (ligne du bas). Le troisième ventricule est situé en-dessous du ventricule latéral.

Nous pouvons à présent définir l'ensemble flou correspondant au domaine de recherche de l'image, comme la fusion des ensembles flous portés par chaque arc composant l'ensemble E_f . Le domaine de recherche est défini ainsi :

$$\mu_{sd} = \perp_{e \in E_f} (\mu_{Rel}^e) ,$$

où \perp est une t-conorme (disjonction floue) (Dubois et Prade (1980)). Le domaine de recherche indique une zone de l'espace qui inclut la localisation spatiale de tous les objets cibles (la combinaison est disjonctive). Le domaine de recherche à la première étape est illustré par la figure 5.11.

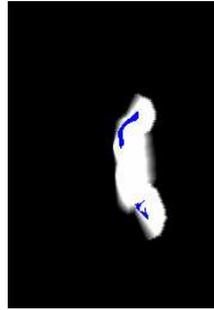


FIG. 5.11 – Domaine de recherche à la première étape du processus. Le domaine de recherche fusionne de manière disjonctive les localisations de toutes les relations spatiales de l'ensemble E_f et représente la zone de l'image où se situe l'ensemble des structures à rechercher V_{fo} . Dans cet exemple, le domaine de recherche est la fusion des relations entre le ventricule et le noyau caudé d'une part, entre le ventricule et le troisième ventricule vers le thalamus d'autre part.

5.2.5 Intégration de la saillance

La carte de saillance de l'image à explorer est calculée sur l'image complète au début du processus. La saillance est donc fixée et ne varie pas au cours des étapes du processus. Nous avons déterminé la localisation spatiale de chacune des structures de l'ensemble V_{fo} . Nous allons à présent combiner la carte de saillance avec l'espace de recherche et la localisation de chacune des structures, afin d'extraire, pour chaque structure, la saillance de la zone correspondante. Pour chaque nœud v de V_{fo} , nous déterminons :

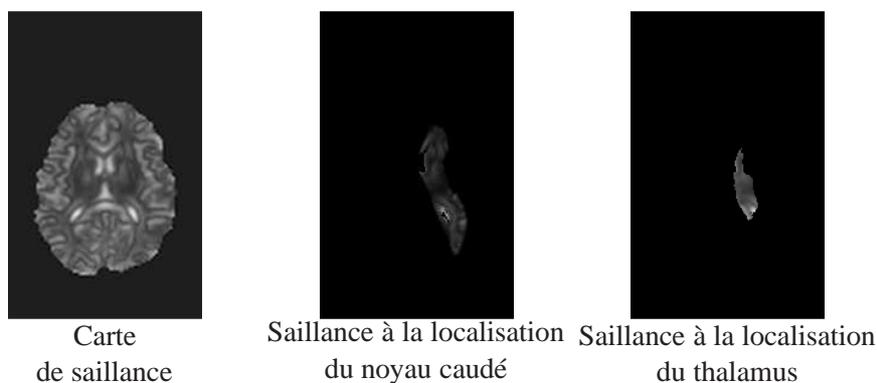
$$saillance_v = \top(loc_v, \mu_{sd}, sal_I) ,$$

où sal_I est la carte de saillance de l'image que nous explorons. Le domaine de recherche est ici une disjonction floue des localisations, il n'est donc pas utile à cette étape. Il est possible d'appliquer une restriction sur le domaine de recherche (pour limiter de manière quantitative la zone de recherche par exemple), ce qui n'est pas fait ici. Nous calculons ensuite un histogramme de la saillance de chaque localisation, dont le nombre N de niveaux de quantification de l'histogramme est fixé arbitrairement à 100 :

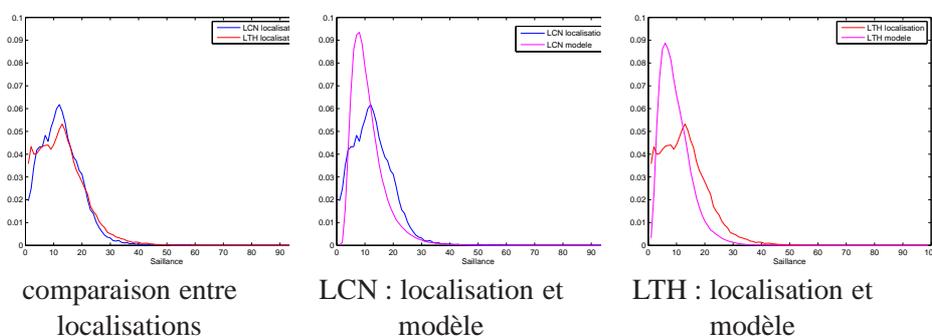
$$H_v[i] = \sum_{x \in \mathcal{S}} \mathbb{1}_i(saillance_v(x)) ,$$

où $\mathbb{1}(\cdot)$ représente la fonction indicatrice. Des exemples de ces histogrammes sont présentés dans la figure 5.12.

Masquage des localisations par la saillance :



Histogrammes de saillances :



Histogrammes cumulés :

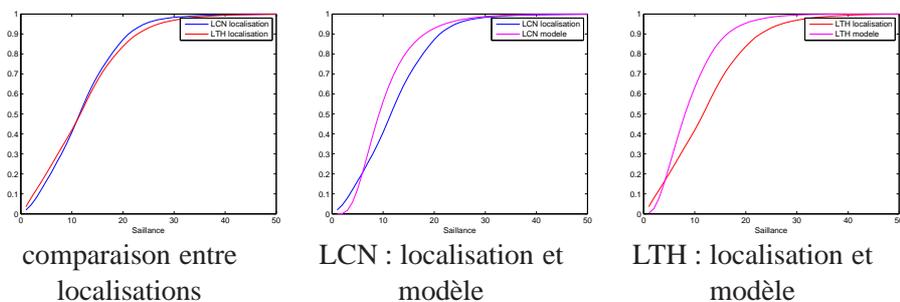


FIG. 5.12 – Masquage des localisations par la carte de saillance (en haut à gauche) et sélection de la localisation la plus saillante selon le critère retenu. Les deux localisations (noyau caudé et thalamus) sont directement comparées (histogrammes à gauche, la localisation du noyau caudé est plus saillante selon la mesure emds avec une valeur de 0,0084). Ici, ces deux localisations sont proches et se chevauchent en partie, ce qui explique la proximité des histogrammes. Chaque histogramme est ensuite comparé au modèle appris pour cette structure (histogramme au centre pour le noyau caudé avec une valeur de $-0,089$ et histogramme de droite pour le thalamus avec une valeur de $0,791$). Dans cet exemple, le noyau caudé sera sélectionné avec une mesure de $0,076$ qui est le minimum parmi les 4 localisations concernées à cette étape du processus.

5.2.6 Sélection du prochain objet

Nous pouvons à présent effectuer le processus de sélection du prochain objet à segmenter, c'est-à-dire la sélection du nœud cible du graphe représentant un objet en particulier, que nous allons relier à une partie de l'image. La sélection est effectuée par analyse de la saillance dans le domaine de recherche. Le filtrage du graphe nous donne deux groupes de nœuds : V_{fs} et V_{fo} et la sélection est effectuée dans V_{fo} (et donc l'objet représenté du prochain nœud).

Nous avons présenté dans la partie 5.1.4 le critère que nous utilisons pour comparer les histogrammes de saillance, qui est dérivé de la mesure EMD (eq. 5.3), et qui permet de refléter non seulement la localisation la plus saillante, mais aussi la différence par rapport au modèle de saillance appris pour la structure visée. La sélection du prochain objet à segmenter est effectuée à partir de l'histogramme de saillance généré pour chaque nœud candidat en sélectionnant le nœud qui présente l'histogramme « le plus saillant » :

$$\hat{v} = \arg \min_{v \in V_{fo}} \left(|d_o| - \sum_{o' \in V_c \setminus \{o\}} EMDS(loc_o, loc_{o'}) \right) . \quad (5.4)$$

La figure 5.12 présente deux localisations dont nous avons calculé les histogrammes de saillance, représentant respectivement le noyau caudé et le thalamus gauche. Nous allons calculer le critère permettant de sélectionner une localisation parmi les deux. Dans l'exemple choisi, il y a en fait 4 structures candidates, mais nous ne présenterons que les histogrammes et les localisations de deux de ces structures, dans le même hémisphère.

Nous allons d'abord comparer chacune des distributions de saillance avec le modèle appris pour la structure concernée selon le critère présenté par l'équation 5.2 :

$$d_{mod_{lcn}} = \frac{EMD(loc_{lcn}, mod_{lcn}) - \hat{mod}_{lcn}}{\sigma_{mod_{lcn}}} = -0,089 , \quad (5.5)$$

et

$$d_{mod_{lth}} = \frac{EMD(loc_{lth}, mod_{lth}) - \hat{mod}_{lth}}{\sigma_{mod_{lth}}} = 0,791 . \quad (5.6)$$

Nous pouvons voir ici que la distribution du noyau caudé gauche est plus proche du modèle que la distribution du thalamus gauche, une fois les valeurs centrées et réduites.

Nous allons ensuite comparer les localisations entre elles selon la mesure EMDS présentée par l'équation 5.3 :

$$emds(loc_{lcn}, loc_{lth}) = 0,0084 , \quad (5.7)$$

et

$$emds(loc_{lth}, loc_{lcn}) = -0,0084 . \quad (5.8)$$

La localisation du noyau caudé gauche est donc jugée plus saillante que la localisation du thalamus selon ce critère.

Pour chacune des localisations, nous ajoutons à cette dernière valeur la comparaison aux autres structures candidates, c'est-à-dire le noyau caudé droit et le thalamus droit dans ce cas. Nous obtenons les valeurs suivantes :

$$d_{inter_{lcn}} = \sum_{v \in V_{fo} \setminus lcn} emds(loc_{lcn}, loc_v) = 0,013 , \quad (5.9)$$

et

$$d_{inter_{lth}} = \sum_{v \in V_{fo} \setminus lth} emds(loc_{lth}, loc_v) = -0,040 . \quad (5.10)$$

Nous pouvons voir ici que la localisation du noyau caudé est jugée plus saillante que la moyenne des structures candidates (valeur positive). Par contre, la localisation du thalamus est moins saillante que les autres.

La sélection s'effectue donc sur ces valeurs :

$$c_{lOC_{lcn}} = |d_{mod_{lcn}}| - d_{inter_{lcn}} = 0,089 - 0,013 = 0,076 \quad , \quad (5.11)$$

$$c_{lOC_{lth}} = |d_{mod_{lth}}| - d_{inter_{lth}} = 0,791 + 0,040 = 0,831 \quad , \quad (5.12)$$

Nous allons donc sélectionner le critère minimum, c'est-à-dire le noyau caudé dans ce cas.

La sélection du nœud permet de segmenter l'objet. La segmentation peut être exprimée comme une fonction de l'objet sélectionné selon le critère dérivé de la saillance \hat{v} , en fonction des relations spatiales avec les objets déjà segmentés et en relation avec le nœud à segmenter, et de l'image originale :

$$seg_{\hat{v}} = segment(\hat{v}, loc_{\hat{v}}, I) \quad .$$

5.2.7 Le processus de segmentation

Rappelons que le processus de segmentation ne fait pas l'objet de nos travaux. Les entrées sont l'image à segmenter, ainsi que l'information spatiale dont nous disposons pour cette structure. La sortie de la méthode de segmentation est une carte binaire représentant l'objet. Cependant, les résultats étant dépendants du processus de segmentation, nous allons brièvement présenter le processus de segmentation qui a été défini par [Colliot \(2003\)](#). Il est divisé en deux parties. La première partie consiste à trouver une segmentation grossière de l'objet recherché. La deuxième partie affine cette segmentation à l'aide d'un modèle déformable.

Pour obtenir une segmentation grossière de l'objet recherché, la méthode repose sur deux types d'information : la radiométrie des noyaux gris du cerveau (dont font partie les structures que nous recherchons) et la limitation de l'espace de recherche grâce à l'information spatiale.

Radiométrie des structures cérébrales :

Une analyse de l'image nous fournit les caractéristiques de la matière blanche et de la matière grise du cerveau ([Mangin et al. \(1998\)](#)), la moyenne (resp. \hat{x}_{wm} , \hat{x}_{gm}) et l'écart-type (resp. σ_{wm} , σ_{gm}). À partir de ces valeurs, il est possible d'obtenir les caractéristiques radiométriques de chaque noyau gris du cerveau. Ces travaux ont été présentés par [Poupon et al. \(2008\)](#).

Pour une structure O d'une image I donnée, nous connaissons α_o et β_o , les paramètres permettant d'obtenir les caractéristiques de la structure O à partir des caractéristiques de la matière blanche et de la matière grise du cas c . Les caractéristiques radiométriques de la structure O sont dérivées ainsi :

$$\hat{x}_o = \alpha_o \hat{x}_{wm} + (1 - \alpha_o) \hat{x}_{gm} \quad ,$$

et

$$\sigma_o = \beta_o \frac{(\sigma_{wm} + \sigma_{gm})}{2} \quad .$$

Les paramètres α et β pour chaque noyau gris sont déterminés par apprentissage sur une base de données : si nous disposons de la segmentation des structures d'une image c , alors nous pouvons calculer les paramètres α_c et β_c à partir des caractéristiques des matières de l'image, et des niveaux de gris de chacune des structures. Nous pouvons ainsi estimer les paramètres α et β pour la base complète. Dans [Poupon et al. \(2008\)](#), le paramètre α est une moyenne des α_c calculés sur chaque image. Le paramètre β est le maximum des valeurs β_c calculées pour chaque image.

Nous avons effectué une nouvelle estimation de ces paramètres avec notre base d'apprentissage. La figure 5.13 présente les valeurs obtenues pour le noyau caudé. Deux nuages de points sont affichés. Le premier correspond aux valeurs constatées avec les images originales. Le deuxième correspond aux valeurs calculées à partir d'images dont nous avons corrigé l'hétérogénéité du champ par la méthode décrite par Mangin (2000). Ces images sont utilisées dans le processus de segmentation. Les nuages de points montrent une certaine dispersion des valeurs entre 0, 1 et 0, 45 pour α , et entre 0, 45 et 1, 4 pour β .

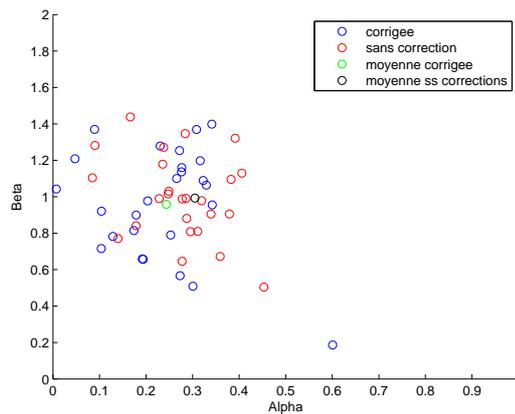


FIG. 5.13 – Les valeurs de α_c et β_c pour chaque cas sain de notre base d'apprentissage, et pour le noyau caudé. L'apprentissage a été effectué avec les images originales et avec des images dont le biais a été corrigé. Ces dernières images sont utilisées dans le processus de segmentation. Les moyennes obtenues avec notre base et avec les images originales sont proches des valeurs indiquées dans (Poupon *et al.* (2008)).

Le tableau 5.3 présente les valeurs des paramètres α et β appris sur notre base, ainsi qu'une comparaison avec les valeurs fournies par Poupon *et al.* (2008). Les valeurs apprises à partir des images originales sont assez proches de ces dernières valeurs, alors que celles calculées avec les images corrigées sont un peu plus éloignées.

TAB. 5.3 – Comparaison des valeurs α et β apprises sur notre base pour chacune des structures avec les valeurs présentées par Poupon *et al.* (2008). Les valeurs apprises avec les images originales sont assez proches des valeurs initiales. Il y a plus de différences avec les images corrigées.

Structure :	Poupon <i>et al.</i> (2008)		Img. Originales		Avec corrections	
	α	β	α	β	α	β
Noyau caudé	0,305	1,328	0,305	1,675	0,244	1,398
Thalamus	0,633	1,374	0,617	1,899	0,578	1,585
Putamen	0,508	1,072	0,539	1,210	0,527	1,023
Globus Pallidus	0,945	0,926				
Accumbens	0,265	1,016				

Nous avons également effectué un apprentissage en séparant les images de la base IBSR, les images de la base OASIS et les images des cas pathologiques. Le tableau présente les valeurs obtenues avec des images corrigées, pour les trois ensembles d'images. Nous utiliserons ces dernières valeurs dans nos expériences.

TAB. 5.4 – Comparaison des valeurs α et β apprises pour chacun des ensembles de la base (IBSR, OASIS et les cas pathologiques).

Structure :	IBSR		OASIS		Cas Pathologiques	
	α	β	α	β	α	β
Noyau caudé	0,216	1,208	0,278	1,398	0,303	1,693
Thalamus	0,557	1,586	0,606	1,152	0,592	1,483
Putamen	0,545	0,976	0,505	1,024	0,485	1,341

Une fois les caractéristiques \hat{x}_o et σ_o connues, nous pouvons les utiliser pour effectuer un seuillage de l'image. Les deux seuils ont été fixés arbitrairement aux valeurs suivantes : $\hat{x}_o - \sigma_o$ et $\hat{x}_o + \sigma_o$. Nous obtenons ainsi une carte d'appartenance à une structure particulière du cerveau. La figure 5.14 présente les cartes obtenues pour les structures suivantes : noyau caudé, thalamus et putamen. Nous pouvons voir sur cette figure que la carte du thalamus en particulier ne permet pas de distinguer clairement la structure malgré la connaissance de ses caractéristiques.

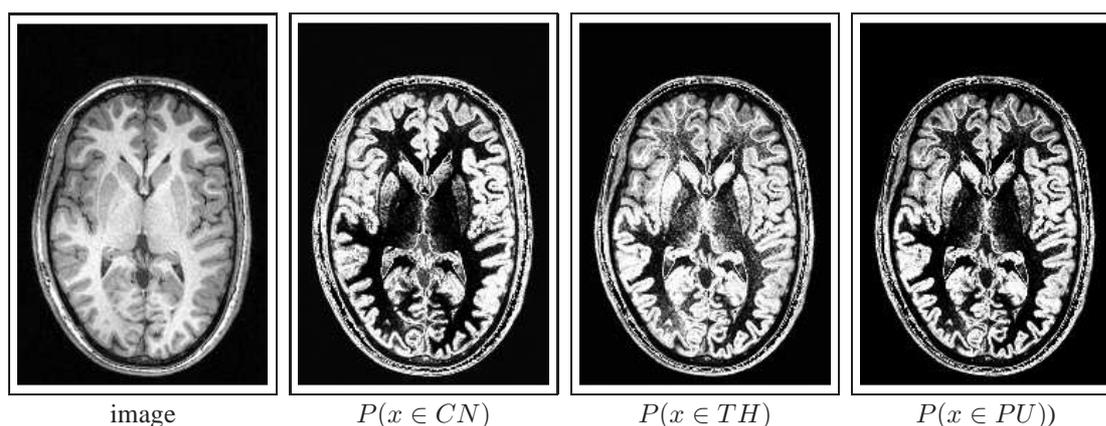


FIG. 5.14 – Carte d'appartenance à trois structures cérébrales : le noyau caudé (CN), le thalamus (TH) et le putamen (PU). Les valeurs (α, β) utilisées pour chacune des structures sont les suivantes : pour le noyau caudé (0, 305; 1, 328), pour le thalamus (0, 633; 1, 374) et pour le putamen (0, 508; 1, 072).

Identification et segmentation initiale :

Le seuillage de l'image grâce aux caractéristiques radiométriques permet d'obtenir une carte d'appartenance à la structure recherchée. Cependant, elle n'est pas suffisante pour identifier la structure. L'information spatiale permet de réduire l'espace de recherche autour de la structure. Une ouverture morphologique permet de séparer les différentes composantes restantes. La restriction de l'espace de recherche permet alors de considérer la plus grande composante restante comme étant la segmentation initiale de l'objet recherché. Cette segmentation n'a pas besoin d'être très précise, car elle sera affinée par la suite grâce au modèle déformable.

Les différentes étapes qui permettent d'obtenir la segmentation initiale sont illustrées dans la figure 5.15 en prenant l'exemple de la segmentation d'un thalamus (gauche) à partir des relations spatiales issues du ventricule latéral gauche et du troisième ventricule.

processus de segmentation du thalamus :

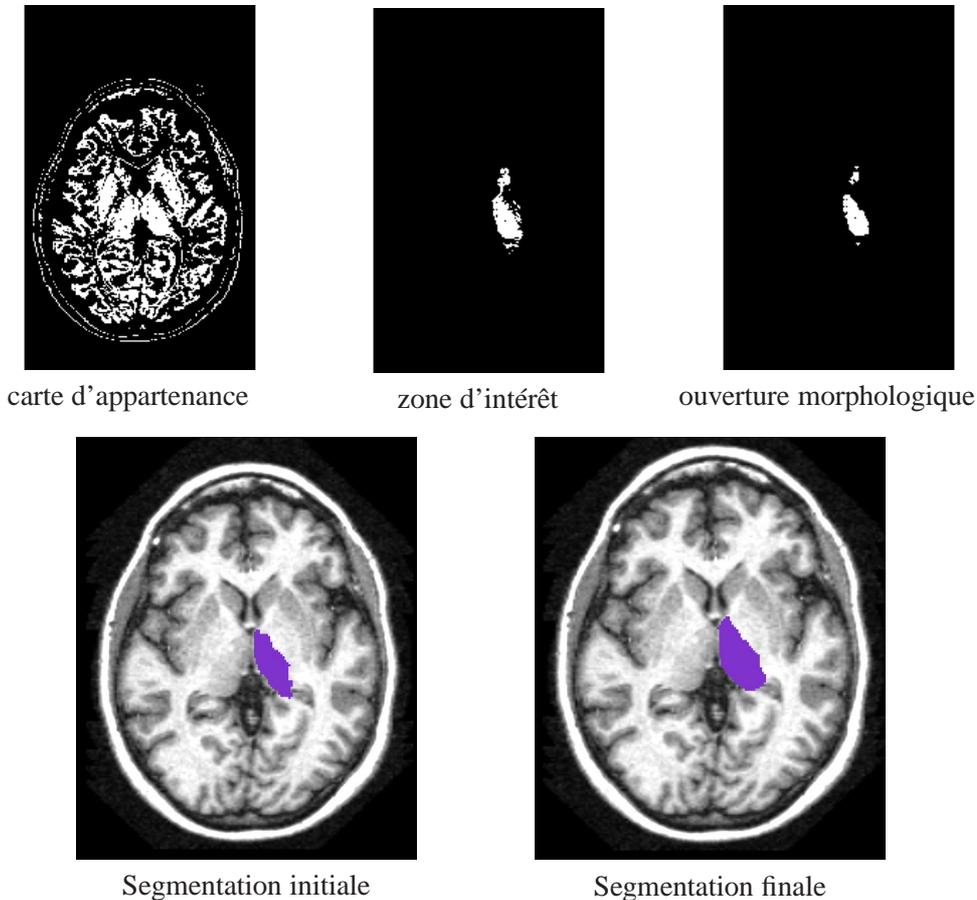


FIG. 5.15 – Les différentes étapes du processus de la segmentation du thalamus selon la méthode proposée par [Colliot \(2003\)](#). Les relations spatiales utilisées sont les relations entre le ventricule latéral, le troisième ventricule et le thalamus. La carte d'appartenance (en haut à gauche) est calculée à partir d'une analyse de l'image selon la méthode proposée par [Poupon et al. \(2008\)](#). Cette carte est masquée par la région d'intérêt, qui est une conjonction des représentations des relations spatiales ayant la structure comme cible (en haut au centre). Une ouverture morphologique permet de séparer les composantes. En particulier ici, un morceau du noyau caudé apparaissait en haut de la zone d'intérêt. La plus grande composante connexe est conservée comme segmentation initiale (après une fermeture morphologique, en bas à gauche). La segmentation initiale et les relations spatiales sont utilisées pour initialiser un modèle déformable et obtenir la segmentation finale (en bas à droite).

Modèle déformable contraint par les relations spatiales :

Le modèle déformable a été décrit en détail par [Colliot \(2003\)](#). Le modèle retenu utilise un maillage simplexe. La particularité du schéma d'évolution est d'intégrer les relations spatiales comme une force. L'évolution de la surface déformable S est décrite par l'équation suivante :

$$\gamma \frac{\partial S}{\partial t} = \mathbf{F}_{int}(S) + \mathbf{F}_{ext}(S) \quad (5.13)$$

où \mathbf{F}_{int} est la force interne contrôlant la régularité de la surface, décrite ainsi :

$$\mathbf{F}_{int}(S) = \alpha \nabla^2 S - \beta \nabla^2 (\nabla^2 S) \quad (5.14)$$

et où \mathbf{F}_{ext} est la force externe qui attire la surface vers les contours de l'objet recherché. La force externe est une combinaison de deux forces :

$$\mathbf{F}_{ext}(S) = \lambda\mathbf{F}_C + \nu\mathbf{F}_R \quad (5.15)$$

où \mathbf{F}_C est une force d'attache aux données dérivées d'un « Gradient Vector Flow » (Xu et Prince (1998)). La force \mathbf{F}_R est une force dérivée des relations spatiales utilisées pour définir la région d'intérêt. Pour chacune des structures à segmenter, nous utilisons les mêmes paramètres d'évolution pour ce modèle déformable.

Cette méthode de segmentation nécessite que la région d'intérêt, définie par les relations spatiales, soit précise. Si elle est trop restrictive, alors une partie de l'objet ne pourra pas être segmentée. D'un autre côté, si elle est trop large, alors l'identification de la composante ne peut plus s'effectuer uniquement par la taille. De tels problèmes peuvent apparaître dans notre cas lorsque nous utilisons le résultat des segmentations précédentes pour estimer la région d'intérêt et pas uniquement des structures de référence. Nous verrons dans la prochaine partie comment nous pouvons essayer de prendre en compte ce type de problème.

D'autres problèmes (décrits dans Colliot (2003)) peuvent survenir :

- lorsque la carte d'appartenance ne permet pas de faire apparaître clairement la structure, car l'ouverture morphologique risque de faire disparaître tout ou partie de la composante correspondant à l'objet recherché,
- ou au contraire, lorsque l'ouverture morphologique ne permet pas de séparer des composantes correspondant à différents objets de manière automatique (une méthode à base de ligne de partage des eaux est proposée).

Nous allons voir à présent comment nous pouvons évaluer le résultat d'une segmentation.

5.2.8 Mise à jour du graphe

Nous avons raisonné jusqu'ici à partir du modèle structurel et de l'information de saillance pour guider le choix d'une structure à segmenter. La segmentation d'une structure apporte une connaissance importante pour la suite du processus, qui permet de spécialiser progressivement le graphe vers le cas spécifique pris en compte. Cette information nous permet en outre de représenter les relations spatiales utilisées dans la suite du processus.

Il est donc important de pouvoir qualifier le résultat d'une segmentation afin de pouvoir adapter la stratégie si nécessaire. Nous présentons dans cette partie les différents cas à envisager.

Lorsqu'une structure est segmentée, le processus de segmentation utilise toute l'information spatiale disponible dans le modèle pour contraindre le processus de segmentation, en définissant une zone d'intérêt tout d'abord (la localisation de la structure), puis en contraignant le modèle déformable grâce à l'information spatiale ensuite. Cependant, lors de l'évaluation de la segmentation, nous nous limitons aux interactions entre la structure qui vient d'être segmentée et la dernière structure segmentée qui a fourni une information spatiale utilisée pour la segmentation. Cette structure est désignée comme la structure « parente » de la structure segmentée. En cas d'échec du processus de segmentation, ou si le résultat est jugé non satisfaisant selon les critères que nous présentons ensuite, les décisions concernent la structure segmentée, mais aussi la structure parente, dont la segmentation peut être supprimée.

Nous proposons principalement une stratégie en cas de problème de segmentation : nous pouvons contraindre le système à changer de chemin, c'est-à-dire à ne pas essayer de segmenter à nouveau une structure dans les conditions qui ont donné un résultat non satisfaisant. En pratique, une structure est marquée comme étant non segmentable tant qu'une structure voisine dans le graphe

n'a pas été segmentée. La segmentation d'une structure voisine permet d'utiliser l'information spatiale portée par l'arc entre les deux structures, et ainsi d'apporter de nouvelles informations. Si aucune structure ne permet d'apporter une information nouvelle, alors la structure ne peut pas être segmentée de nouveau.

À la sortie du processus de segmentation d'une structure, nous prenons en compte différents cas possibles, en fonction du résultat de la segmentation. Nous distinguons cinq cas :

- si la segmentation a échoué, c'est-à-dire que l'image produite est vide d'information, alors nous souhaitons contraindre le processus à choisir un nouveau chemin :
 1. si une structure parente existe, alors sa segmentation est supprimée et elle ne pourra être segmentée de nouveau en l'état ;
 2. sinon c'est la structure courante qui ne pourra pas être segmentée de nouveau en l'état ;
- si une segmentation a été produite, alors elle est évaluée selon un critère de cohérence spatiale et selon un critère reposant sur la saillance :
 3. soit la cohérence spatiale est trop faible, et dans ce cas la structure parente est supprimée et ne pourra être segmentée de nouveau en l'état ;
 4. soit la cohérence spatiale est suffisante mais le critère reposant sur la saillance est trop faible. Dans ce cas la segmentation est refusée et cette structure ne pourra être segmentée de nouveau en l'état ;
 5. soit la segmentation est acceptée selon les deux critères, et le graphe peut être mis à jour.

Nous allons à présent présenter ces différents cas, les critères d'évaluation, et les actions qu'ils engendrent. La figure 5.16 schématise les différents cas et les actions.

5.2.8.1 Pas de segmentation

Tout d'abord, il est possible qu'aucune segmentation ne soit possible, et cela pour deux raisons :

- soit la localisation a été mal définie, et est trop restrictive,
- soit la carte d'appartenance est insuffisante, mais ce problème est intrinsèque à la méthode de segmentation. La carte d'appartenance a été décrite dans la partie 5.2.7.

Nous n'avons pas de critère permettant de séparer ces deux cas. Une localisation est meilleure si elle est plus précise, donc plus restrictive qu'une autre. Mais si elle est trop restrictive, alors la segmentation peut échouer. Évaluer la pertinence d'une localisation nécessite un a priori sur la taille de la structure visée, ce que nous ne possédons pas. Fixer un seuil de taille peut également être hasardeux. De plus, même si la localisation a la taille de la structure, cela ne signifie pas que la structure est comprise, tout ou partie, dedans. La segmentation d'une structure est donc effectuée sans évaluation de la localisation au préalable.

Si la segmentation a échoué, alors nous pouvons uniquement émettre l'hypothèse que la segmentation d'une structure parente a donné une localisation trop restrictive. S'il y a une structure parente, alors nous supprimons sa segmentation, et nous l'empêchons d'être segmentée de nouveau en l'état.

Si la structure parente n'existe pas, alors dans ce cas, la structure a été segmentée à partir des structures de référence et le problème ne provient pas de la définition de la localisation. Dans ce cas, nous souhaitons également contraindre le processus à utiliser un autre chemin, afin de laisser au processus la possibilité de segmenter à nouveau cette structure une fois que nous aurons acquis plus d'information sur sa localisation.

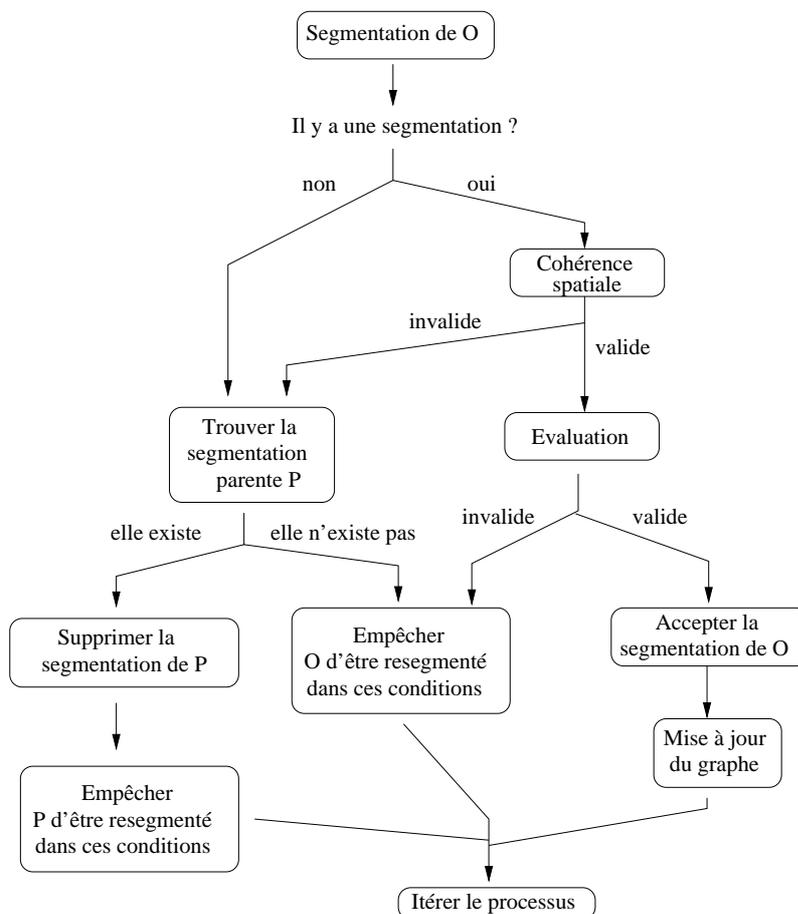


FIG. 5.16 – Procédure pour évaluer la segmentation. Si la segmentation échoue, alors le système est contraint de changer de chemin et de ne segmenter à nouveau la structure identifiée comme responsable qu’après avoir obtenu de nouvelles informations sur cette structure. Si une segmentation est produite, alors la cohérence spatiale avec la structure parente est évaluée et cette dernière peut être supprimée si elle n’est pas suffisante. Sinon, une distribution de saillance est générée et elle est comparée à la distribution apprise pour cette structure. Soit la segmentation est acceptée, soit elle ne l’est pas et dans ce dernier cas, le système est contraint à changer de chemin.

5.2.8.2 Il y a une segmentation

Si nous avons obtenu une segmentation, nous souhaitons faire une estimation de la qualité de cette segmentation. Mais, puisque nous ne souhaitons pas utiliser les représentations des structures, cette évaluation ne doit pas non plus reposer sur une comparaison avec un modèle morphologique de cette structure par exemple.

Nous proposons deux critères pour évaluer le résultat de la segmentation obtenue. Le premier critère évalue la cohérence spatiale du modèle après la segmentation. Le deuxième critère repose sur l’apprentissage de la saillance pour la structure segmentée. Ce critère est une mesure intrinsèque de la segmentation (une attache aux données).

Évaluation de la cohérence du modèle spatial :

Afin de pouvoir évaluer la cohérence du modèle, nous pouvons nous reposer sur les représen-

tations des relations spatiales qui sont déjà dans le modèle, et sur les relations que la nouvelle segmentation permet de représenter. Ces dernières visent aussi bien des structures non segmentées que des structures déjà segmentées.

La structure qui vient d'être segmentée se situe nécessairement dans la localisation définie par les relations spatiales visant cette structure. Ces relations spatiales n'apportent donc pas d'information sur la cohérence du modèle. D'un autre côté, les relations issues de la structure qui vient d'être segmentée et pointant vers des structures déjà segmentées (donc les relations inverses de celles qui ont été utilisées pour sa segmentation), peuvent nous fournir une information.

Nous proposons donc d'évaluer, à l'aide d'une mesure de satisfaction floue introduite dans le chapitre précédent, si les relations inverses sont satisfaites par la segmentation. La mesure de satisfaction f_s est définie ainsi (Bouchon-Meunier *et al.* (1996)) :

$$f_s(Rel, Obj) = \frac{\sum_{x \in \mathcal{S}} \min(\mu_{Rel}(x), \mu_{Obj}(x))}{\sum_{x \in \mathcal{S}} \mu_{Obj}(x)} , \quad (5.16)$$

où \mathcal{S} désigne l'espace de l'image. Cette mesure sera maximale si la structure représentée par μ_{obj} est située dans le noyau de la relation représentée par μ_{rel} . En particulier, cette satisfaction sera très faible si une segmentation est très petite par rapport à la structure visée. Cela peut se produire lorsqu'une segmentation précédente a reconnu la mauvaise structure. Nous utilisons pour ce critère un seuil qui a été fixé expérimentalement à 0,5.

Nous illustrons cet exemple dans la figure 5.17. Dans ce cas, la segmentation du thalamus, effectuée en premier, a échoué. La carte binaire utilisée (sur l'image de gauche) inclut les autres structures qui sont de plus connectées. La segmentation sélectionnant la plus grande composante, celle correspondant au thalamus, est supprimée et le noyau caudé et le putamen sont reconnus comme étant le thalamus. La comparaison des histogrammes de saillance ne permet pas dans ce cas de détecter le problème. La segmentation du noyau caudé qui est effectuée juste après donne une segmentation quasi vide (quelques pixels). Les relations spatiales issues du noyau caudé vers le thalamus sont alors représentées, permettant de calculer la satisfaction floue entre cette représentation et la segmentation du thalamus. La satisfaction dans ce cas donne une valeur de 0, ce qui permet de détecter un problème. Dans ce cas, la segmentation du thalamus sera supprimée, ce qui permettra de segmenter le noyau caudé avant le thalamus.

Comparaison de la saillance de la segmentation :

La comparaison des histogrammes de saillance est une mesure indicative, car elle ne compare pas une caractéristique particulière de la structure. La distribution de saillance apprise pour une structure nous donne plutôt une évaluation de l'aspect visuel d'une structure au sens de la saillance. En ce sens, cela permet de gérer la variabilité naturelle des structures anatomiques. Mais cela ne garantit pas de détecter un problème de segmentation, en particulier cela ne nous donne pas une évaluation de la précision de la segmentation. Cependant, cela nous permet d'obtenir une attache aux données.

Pour cela, nous avons besoin d'un histogramme de saillance défini à partir du résultat de la segmentation. Cet histogramme est défini ainsi :

$$saillance_{seg} = \top(seg_v, sal_I) , \quad (5.17)$$

où sal_I est la carte de saillance de l'image que nous explorons et seg_v représente la carte binaire de la segmentation. L'histogramme de cette zone sera défini avec le même niveau de quantification que précédemment ($N = 100$) de cette manière :

$$H_v[i] = \sum_{x \in \mathcal{S}} \mathbb{1}(saillance_{seg}(x)) ,$$

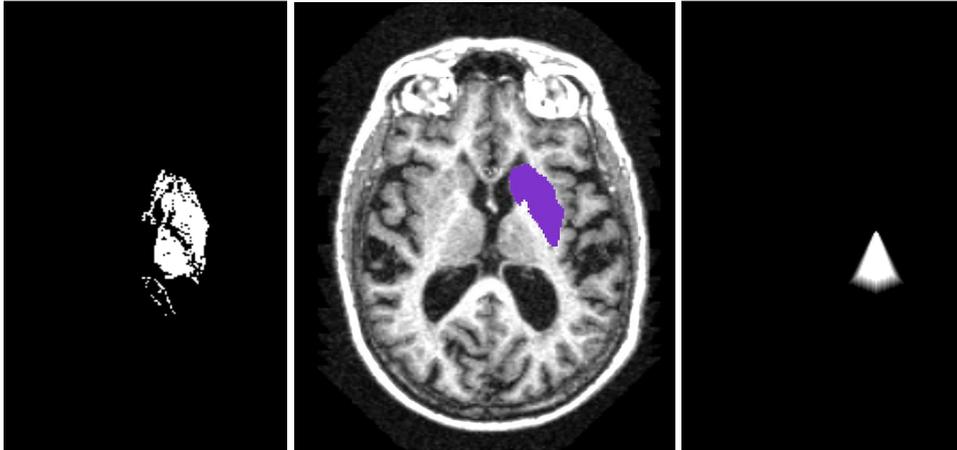


FIG. 5.17 – Illustration d’un problème de segmentation détecté grâce à la cohérence spatiale. L’estimation de la radiométrie (la carte binaire obtenue est à gauche) n’a pas permis de séparer le thalamus du noyau caudé et du putamen, et ce sont ces dernières structures qui ont été segmentées et reconnues comme étant le thalamus. La comparaison des distributions de saillance ne permet pas de détecter cette erreur. La segmentation du noyau caudé par la suite est limitée à un point. Les relations spatiales issues du noyau caudé peuvent tout de même être représentées (à droite). Le calcul de la satisfaction entre l’ensemble flou des relations issues du noyau caudé et la segmentation du thalamus est de 0 et permet donc de détecter le problème. Dans ce cas, la segmentation du thalamus doit être supprimée pour contraindre le processus à segmenter d’autres structures avant celle-ci.

où $1(\cdot)$ représente la fonction indicatrice.

Nous pouvons ensuite comparer la distribution de saillance obtenue à la distribution apprise pour le modèle à l’aide d’une mesure EMD (eq 5.1). Le modèle fournit la distribution moyenne, mais également la moyenne des distances EMD à cette distribution, ainsi que la variance de cette mesure. Nous pouvons donc centrer et réduire les valeurs. La distance entre les distributions de probabilité de la segmentation et du modèle d’une structure o est donc définie ainsi :

$$d_o(seg_o, mod_o) = \frac{EMD(seg_o, mod_o) - \hat{m}od_o}{\sigma_{mod_o}} .$$

où seg_o représente la distribution de saillance issue de la segmentation, mod_o la distribution apprise pour cette structure, $\hat{m}od_o$ la moyenne des distances EMD entre chaque cas de la base et la distribution moyenne pour cette structure, et σ_{mod_o} l’écart-type de ces distances.

Les données étant centrées et réduites, nous pouvons fixer un unique seuil pour toutes les structures $T = 2\sigma_{mod_o}$, considérant qu’un écart supérieur à deux fois l’écart type de la distribution n’est plus acceptable.

Décision :

Dans le cas où nous avons une segmentation, nous avons donc deux critères. Nous allons commencer par regarder si la cohérence spatiale est respectée. Si ce n’est pas le cas, alors nous supprimons la structure parente considérée comme responsable de l’incohérence constatée. La cohérence est mesurée uniquement sur l’arc entre la structure et sa structure parente, si elle existe. Si elle n’existe pas, alors la cohérence n’est pas prise en compte.

Nous regardons ensuite la distance entre les distributions de saillance, à l'aide du seuil que nous avons défini. Si la distance est supérieure au seuil, alors la segmentation est refusée et la structure ne pourra être segmentée de nouveau sans informations supplémentaires.

Enfin, si les distributions sont suffisamment proches, alors la segmentation est acceptée et le graphe peut être mis à jour avec cette segmentation.

5.2.8.3 Échec de la segmentation d'une structure

Si une segmentation échoue, et qu'il n'y a pas de structure parente à blâmer pour cela, alors il est possible que la structure concernée ne puisse être segmentée de nouveau qu'avec les mêmes conditions, c'est-à-dire en suivant le même chemin. Dans ce cas, la segmentation de cette structure a échoué, et il n'est plus possible de la segmenter.

5.2.8.4 Structure de contrôle

Le fait de supprimer des segmentations et de contraindre le modèle à changer de chemin peut faire boucler le processus. Par exemple, si nous segmentons des structures dans cet ordre : thalamus, noyau caudé, putamen, si la segmentation du putamen échoue, alors la segmentation du noyau caudé, sa structure parente peut être supprimée. Le processus peut alors être conduit à segmenter les structures dans cet ordre : thalamus, putamen, noyau caudé. Mais si la segmentation du noyau caudé échoue, alors la première solution sera tentée de nouveau.

Pour éviter ce problème, et pour ne pas essayer de segmenter de nouveau le même chemin, c'est-à-dire de ne pas segmenter de nouveau des structures dans les mêmes conditions, alors nous avons recours à une structure d'arbre. Une structure (anatomique) dans cet arbre aura pour « père » la structure parente que nous avons définie. À chaque nouvelle segmentation effectuée, un nouveau nœud est ajouté dans l'arbre. Si la segmentation n'est pas acceptée, l'arbre reste inchangé, mais la trace de l'échec est reportée dans le nœud correspondant. La racine de cet arbre est un nœud correspondant à toutes les structures de référence.

Outre le fait de garder une trace des segmentations déjà effectuées, nous avons introduit une procédure permettant de détecter un sous-arbre dont toutes les possibilités de chemin sont épuisées, mais qui n'a pas permis d'obtenir une segmentation acceptable de toutes les structures présentes dans ce sous-arbre. Cette procédure nous permet de considérer l'ensemble des chemins de ce sous-arbre comme défaillant et, de cette manière, de supprimer les structures segmentées de cet arbre. Nous pouvons ainsi contraindre le processus à explorer d'autres parties de l'arbre.

Grâce à cette structure, nous pouvons garantir qu'un chemin ne sera pas segmenté deux fois. De plus, nous conservons les résultats des critères d'évaluation de chaque segmentation dans la structure de l'arbre, ce qui permet une évaluation a posteriori des chemins. La figure 5.18 présente un exemple de la structure de l'arbre au cours du processus.

D'une manière plus générale, le processus d'évaluation avec les critères, notre stratégie en cas d'échec et la structure de contrôle nous permettent d'apporter une contribution à un problème inhérent aux segmentations séquentielles, qui, en utilisant l'information recueillie au cours du processus, favorisent la propagation des erreurs. Ainsi, le processus de segmentation est plus robuste aux échecs potentiels et le processus de contrôle permet de les corriger.

5.2.8.5 Mise à jour du graphe

Une fois la segmentation de l'objet validée, il faut à présent mettre à jour le graphe. Tout d'abord, il faut mettre à jour le nœud représentant la structure qui vient d'être segmentée. Le

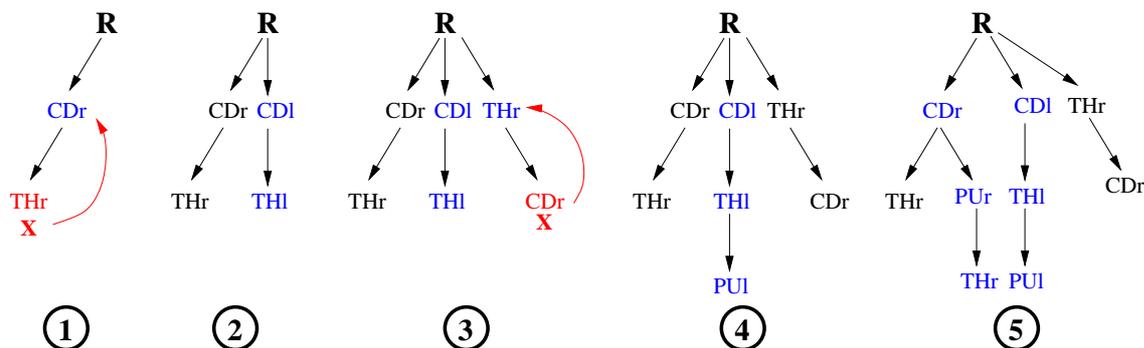


FIG. 5.18 – L’arbre de contrôle au cours du processus. Les structures notées en bleu sont les structures segmentées présentes dans l’arbre. Les structures en rouge indiquent une segmentation qui a échoué. Les structures en noir représentent les structures dont la segmentation a échoué ou dont la segmentation a été supprimée. 1) Les deux premières étapes (à gauche) : le noyau caudé droit a été segmenté, puis la segmentation du thalamus échoue à cause de la cohérence spatiale, ce qui provoque la suppression de la segmentation de sa structure parente, le noyau caudé. 2) Au cours des deux étapes suivantes, le noyau caudé gauche puis le thalamus gauche sont correctement segmentés. 3) Le thalamus droit est ensuite segmenté. Il faut noter que le noyau caudé droit n’est pas segmentable à cet instant, mais que la segmentation du thalamus va rendre possible sa segmentation. Mais la segmentation échoue et la segmentation du thalamus est supprimée. 4) Le putamen gauche est segmenté correctement. 5) La première segmentation du noyau caudé droit est rétablie, afin de permettre au processus d’explorer la branche manquante de cet arbre. La segmentation du putamen droit est effectuée correctement, puis le thalamus droit finalement.

nœud ne représente donc plus uniquement la connaissance générique mais contient également l’information de l’image.

Une fois le nœud mis à jour, nous pouvons mettre à jour les arcs issus de ce nœud. Sur chacun de ces arcs, nous générons les représentations des relations spatiales portées par cet arc. Ces représentations seront utilisées ensuite pour calculer les localisations des structures voisines (ou uniquement les préciser si elles étaient déjà connectées à un nœud précédemment segmenté. La figure 5.19 (à droite) montre comment la localisation d’une structure (le thalamus) est précisée après segmentation du noyau caudé.

Il est également nécessaire de mettre à jour les nœuds visés par ces arcs. En effet, à l’étape d’évaluation de la segmentation, nous pouvons être amenés à contraindre le modèle à ne pas segmenter de nouveau une structure tant qu’une nouvelle information (spatiale) n’est pas disponible. Si une segmentation est acceptée, alors cela constitue une information nouvelle pour les nœuds voisins. Ils peuvent donc être segmentés à nouveau, et la restriction est levée.

Enfin, il est nécessaire de mettre à jour les ensembles de nœuds utilisés au cours du processus : l’ensemble des nœuds segmentés V_{seg} reçoit le nœud \hat{v} et l’ensemble des nœuds objectifs V_{obj} est privé de ce nœud. Dans la continuation de notre exemple, le graphe de la figure 5.9 mis à jour est illustré par la figure 5.19 à gauche.

Les ensembles V_{fs} et V_{fo} sont également mis à jour. D’un côté, tous les nœuds de V_{fs} qui ne sont plus connectés à au moins une structure non segmentée (dans l’ensemble V_{obj}) sont supprimés de cet ensemble. D’un autre côté, il faut ajouter dans V_{fo} tous les nœuds de V_{obj} qui n’étaient pas déjà dans cet ensemble et qui sont à présent reliés à un nœud segmenté. L’ensemble des arcs E_f est mis à jour à partir des ensembles V_{fs} et V_{fo} .

L’exploration de la scène consiste donc à sélectionner séquentiellement les emplacements pré-

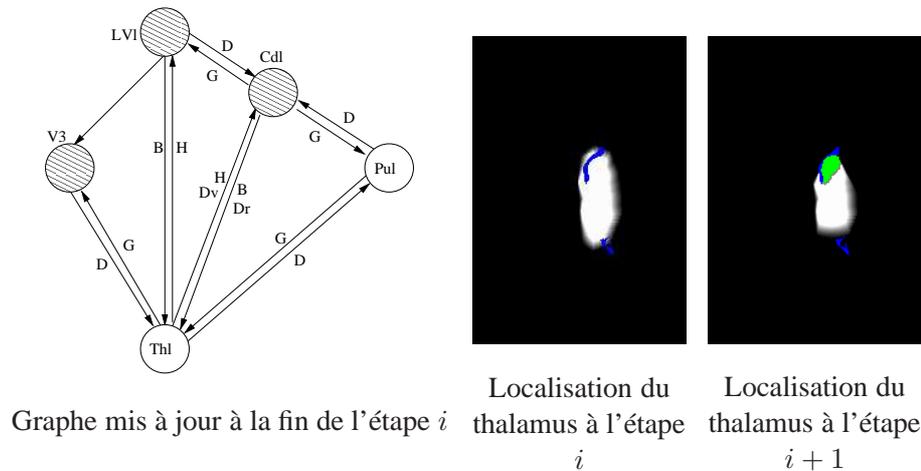


FIG. 5.19 – Mise à jour du graphe. Après segmentation du noyau caudé, il est ajouté dans les structures segmentées (les structures grisées dans le graphe à gauche). Le thalamus est toujours dans l'ensemble des nœuds V_{fo} candidats à une segmentation. Le putamen, qui n'était relié à aucune structure segmentée, est maintenant placé dans cet ensemble. La mise à jour du graphe permet de prendre en compte l'information recueillie sur l'image au cours du processus. À gauche, la localisation du thalamus à la première étape est estimée à partir des relations au ventricule et au troisième ventricule. À droite, la localisation du thalamus mise à jour après segmentation du noyau caudé (en vert) est plus précise (c'est-à-dire moins étendue) grâce à la prise en compte des relations spatiales entre le noyau caudé et le thalamus dans ce cas.

sentant les meilleures saillances au sens du critère retenu, cette sélection permet la segmentation et la reconnaissance immédiate d'un objet du modèle générique (l'objet segmenté étant identifié). Le graphe, qui ne porte au départ qu'une connaissance générique est donc progressivement spécialisé avec l'information de l'image qui est segmentée. Cette approche ne dépend pas d'une représentation des objets que nous devons reconnaître, comme c'était le cas de la première approche présentée. Enfin, cette approche nous permet de directement prendre en compte de l'information provenant de l'image à segmenter, et donc une meilleure adaptation, plutôt que de compter sur une exhaustivité du modèle.

5.3 Expériences

Nous avons effectué la segmentation des images dans le cas sain. Nous allons d'abord détailler le déroulement du processus pour un volume particulier. Nous présentons ensuite les résultats sur un ensemble d'images en nous intéressant tout d'abord aux différentes séquences de segmentation obtenues, puis nous présentons des résultats de segmentation sur la base de cas sains.

5.3.1 Déroulement du processus

Toutes les illustrations sont des coupes extraites des volumes résultats, mais tous les calculs sont effectués en trois dimensions. Les figures 5.20, 5.21 et 5.22 présentent les différentes étapes du processus. Nous présentons pour chaque image la même coupe extraite des volumes (100). La séquence de segmentation suivie est la suivante :

Noyau caudé droit
 Thalamus droit
 Putamen droit
 Thalamus gauche
 Noyau caudé gauche
 Putamen gauche

Nous pouvons remarquer que le chemin suivi dans l'hémisphère droit n'est pas le même que le chemin suivi dans l'hémisphère gauche. Cependant, comme le montrent les histogrammes de saillance présentés dans la figure 5.20, les localisations entre le noyau caudé et le thalamus produisent des distributions de saillance très proches. Le choix de l'un ou l'autre repose donc sur de petites différences. La raison principale pour laquelle les localisations entre ces deux structures sont proches est qu'elles sont en grande partie confondues car elles reposent principalement toutes les deux sur les relations issues de la même structure (le ventricule), qui est grand par rapport aux deux structures.

La figure 5.20 présente la première étape qui débouche sur la segmentation du noyau caudé droit. En haut de la figure, nous pouvons voir le graphe initial. Les nœuds candidats à la segmentation V_{fo} sont représentés en vert, et les structures de référence en bleu (V_{fs} à la première étape). Les structures de référence apparaissent également en bleu sur l'image à gauche du graphe. La connaissance spatiale utilisée à cette étape est portée par les arcs représentés en rouge.

Les localisations des quatre structures candidates sont générées. Elles sont représentées sur la deuxième ligne de la figure. Les structures de référence sont toujours représentées en bleu. La structure dont nous calculons la localisation a été ajoutée en vert sur la localisation afin de permettre une estimation de la précision de cette localisation.

Les histogrammes de saillance et les histogrammes cumulés correspondants sont ensuite calculés. La structure à segmenter est sélectionnée d'après le critère de saillance. La segmentation obtenue est présentée en rouge sur l'image en bas à gauche de la figure. Cette segmentation est correcte. Le graphe est alors mis à jour. Le noyau caudé droit est ajouté dans V_{fs} , le putamen est ajouté dans V_{fo} . L'ensemble d'arcs E_f est mis à jour en supprimant l'arc entre le ventricule et le noyau caudé à droite, et en ajoutant l'arc entre le noyau caudé et le putamen.

Les figures 5.21 et 5.22 présentent les étapes suivantes du processus. Pour chacune, nous présentons trois éléments : tout d'abord les localisations calculées ou mises à jour. Celles qui sont identiques à l'étape précédente, si aucune nouvelle information n'est intervenue, ne sont pas reportées ; ensuite, la segmentation effectuée à cette étape ; et enfin le graphe mis à jour.

Enfin, la segmentation finale obtenue est présentée en bas de la figure 5.22, et dans deux vues différentes. La segmentation des noyaux caudés est bonne. La segmentation des thalamus est presque correcte. Il manque un morceau du thalamus de gauche. La segmentation des putamens est moins correcte. Il manque dans les deux cas la queue du putamen, qui est assez fine et difficile à obtenir.

5.3.2 Les séquences de segmentation

La figure 5.23 présente de manière synthétique les différentes séquences de segmentation obtenues pour les cas sains de notre base. Nous avons séparé les structures de chaque côté de l'hémisphère pour ne laisser, de chaque côté, que quatre chemins possibles. La figure reflète le nombre d'occurrences de chaque chemin.

Un chemin en particulier apparaît dans la majorité des cas, il s'agit du chemin qui a été défini de manière ad hoc par Colliot (2003), ce qui montre la pertinence de ce choix. Dans cette

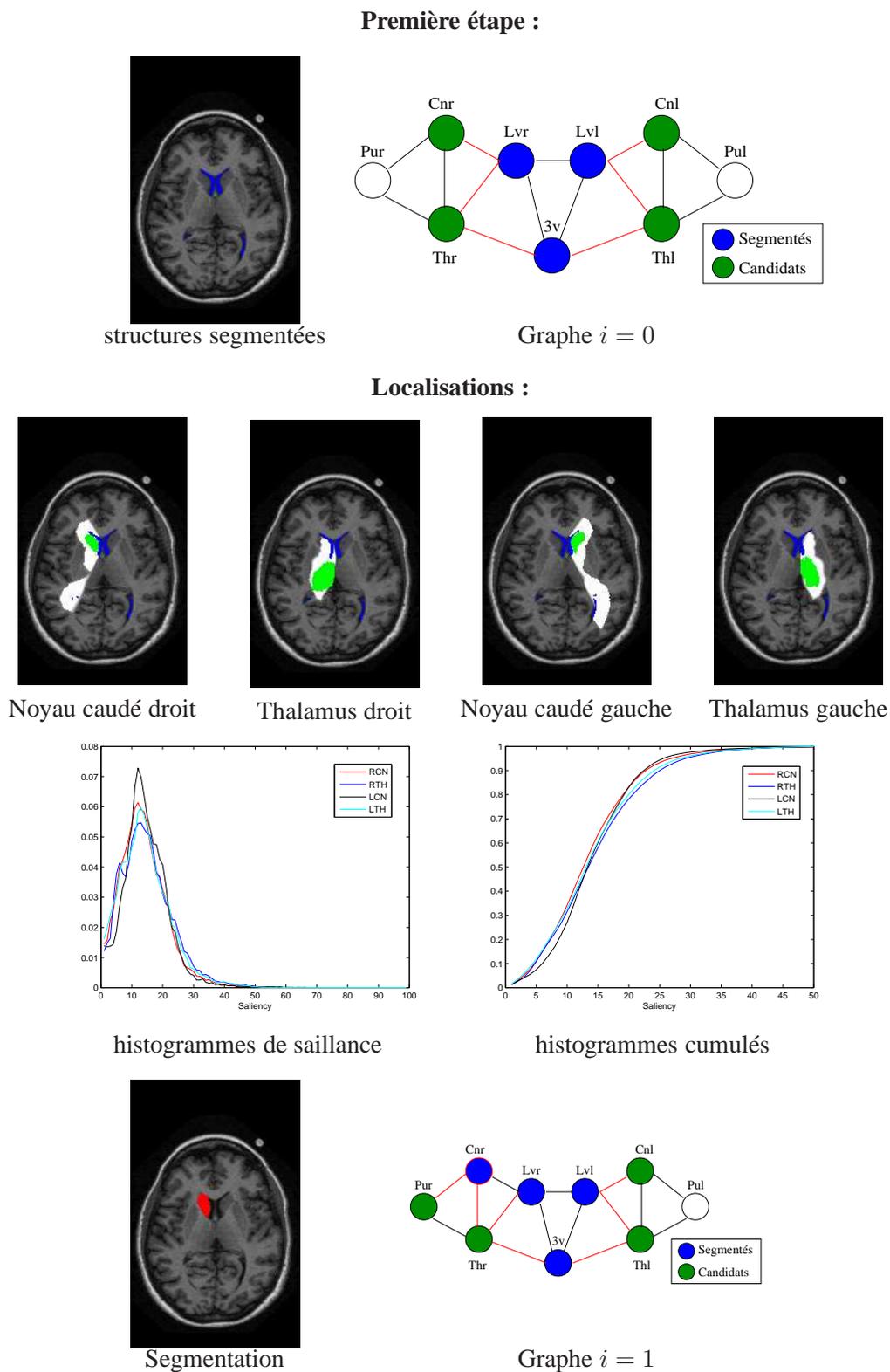
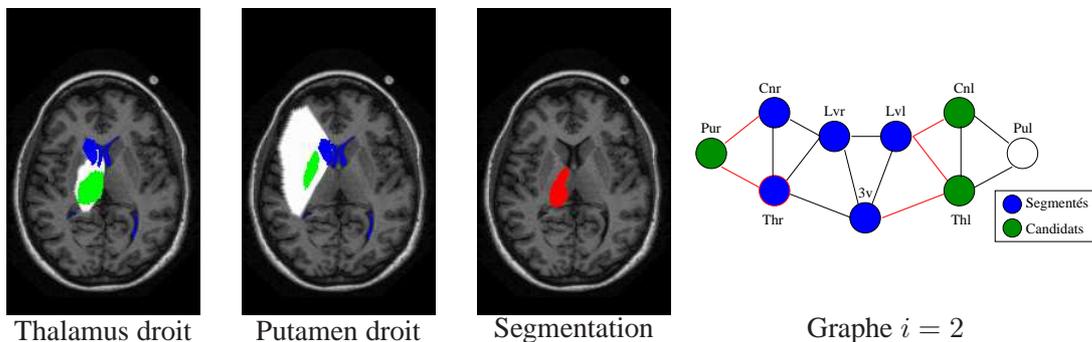
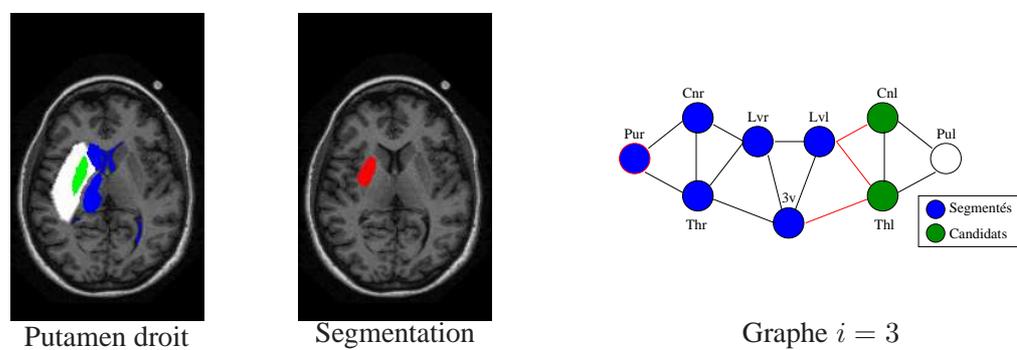


FIG. 5.20 – Première étape du processus de segmentation séquentielle. Le graphe initial est présenté en haut. Les arcs utilisés à cette étape sont en rouge. Les localisations des structures candidates sont présentées en-dessous, l'ensemble flou correspondant apparaît en blanc, et la structure correspondante à été ajoutée (en vert). Les histogrammes de saillance sont très proches, mais les localisations se chevauchent en grande partie. La structure segmentée est le noyau caudé droit (en rouge). Le graphe mis à jour est présenté en bas. Le putamen droit est ajouté aux structures candidates.

Deuxième étape :



Troisième étape :



Quatrième étape :

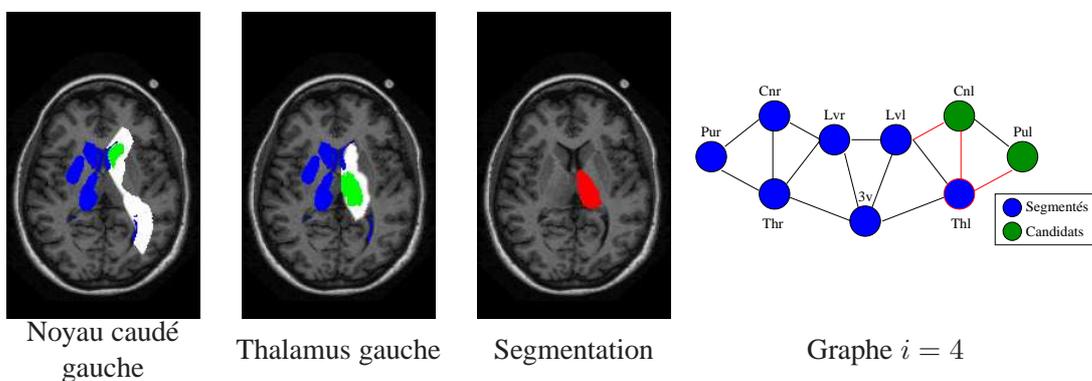


FIG. 5.21 – Les étapes 2 à 4 du processus. Seuls les ensembles flous des localisations mises à jour sont présentés. Le graphe mis à jour à chaque étape est présenté sur la droite. Les structures segmentées sont le thalamus droit, puis le putamen droit et le thalamus gauche.

séquence de segmentation, la première structure reconnue est le noyau caudé (en utilisant les relations spatiales issues du ventricule latéral). La deuxième structure est le thalamus, qui profite de l'information spatiale provenant de 3 structures, le ventricule, le troisième ventricule et le noyau caudé. Enfin, le putamen, qui profite des relations issues des deux structures déjà segmentées : le noyau caudé et le thalamus. Le deuxième chemin est proche, il y a juste une inversion entre le noyau caudé et le thalamus. A chaque étape, avec ces deux chemins, l'information spatiale utilisée provient d'au moins deux structures.

Cela n'est pas le cas avec les deux autres chemins, qui sont également beaucoup moins fré-

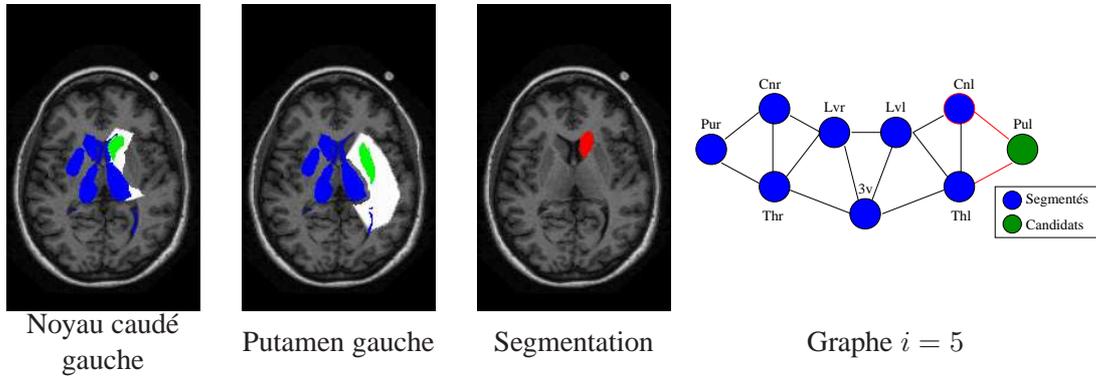
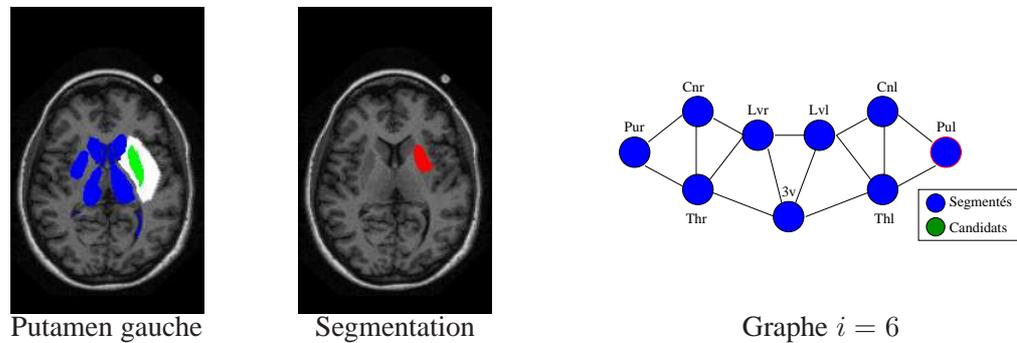
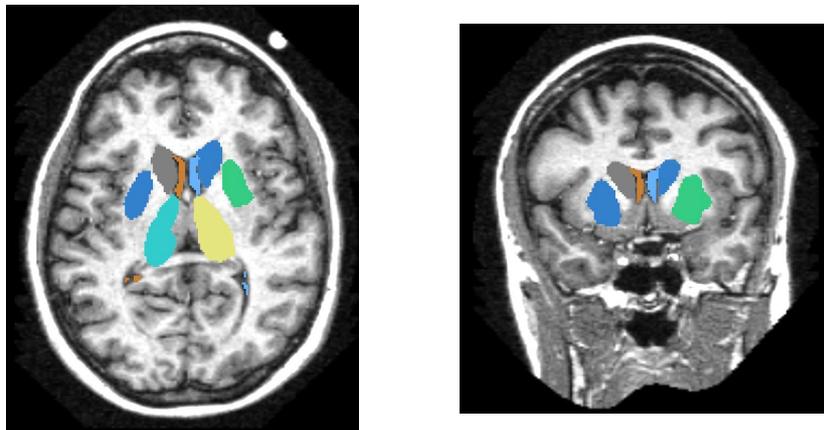
Cinquième étape :**Sixième étape :****Segmentation finale :**

FIG. 5.22 – Les deux dernières étapes (5 et 6). Les structures segmentées sont le noyau caudé gauche et le putamen gauche. La segmentation de l'image est présentée en bas dans deux vues différentes : axiale et coronale.

quents. Dans ce cas, la segmentation du putamen, en deuxième position, s'effectue avec de l'information spatiale issue d'une unique structure. Plus une localisation utilise d'information provenant de différentes structures, plus la disjonction va réduire la localisation. Dans notre cas, cela signifie que la localisation est plus précise. Les résultats montrent que les chemins plus précis sont privilégiés aux autres chemins. Cet effet n'est pas directement lié au critère de saillance. Cependant, il est préférable d'avoir des chemins plus précis, ce résultat est donc satisfaisant.

Plus généralement, nous avons une certaine variabilité dans les chemins suivis. Il y a également une variabilité entre les deux hémisphères, la première structure segmentée étant sélectionnée dans un côté ou un autre avec une fréquence similaire. Il y a principalement deux facteurs pour la sélection des structures :

- la morphologie des structures de référence, utilisées pour calculer les localisations des premières structures ;
- et la saillance de ces localisations.

Dans les deux cas, nous tenons compte des informations de l'image pour effectuer le choix, ce qui était un objectif de cette approche.

Changements de chemin au cours du processus :

Nous présentons dans les tableaux 5.6 et 5.5 les occurrences où le processus a détecté un problème au cours du processus, et a dû changer de chemin. La détection d'un problème dans l'image ne signifie pas que la segmentation finale sera erronée, mais uniquement que le chemin initial n'a pas permis d'effectuer la segmentation complète, et qu'il a été nécessaire de l'adapter au cours du processus.

Le premier tableau donne la répartition du type de problème détecté, identifié par le critère correspondant. Les chiffres proviennent de la segmentation des 30 cas sains de la base. Au cours de l'ensemble des processus de segmentation de ces images, 195 segmentations ont été initialement acceptées, alors que 38 segmentations ne l'ont pas été. Parmi les segmentations acceptées, certaines seront supprimées a posteriori si elles sont désignées responsable de l'échec d'une segmentation ultérieure sur laquelle elles ont une influence. Dans la grande majorité des cas, c'est le critère de cohérence spatiale qui a été utilisé pour rejeter une segmentation. Cependant ce critère est le premier critère testé et s'il n'est pas satisfait, alors le critère de saillance n'est pas testé. Ce résultat montre tout de même la pertinence de ce critère. Le critère sur les distributions de saillance est ensuite peu utilisé.

TAB. 5.5 – La répartition des problèmes détectés au cours du processus et qui ont mené à un changement de chemin. Dans la grande majorité des cas, c'est le critère de cohérence spatiale qui a détecté le problème. Le critère de saillance n'est presque jamais utilisé. Il y a peu de cas où aucune segmentation n'est produite.

segmentation initialement acceptée		195
segmentation refusée	critère de saillance	2
	pas de segmentation	5
	cohérence spatiale	31

Le deuxième tableau indique une répartition des images en fonction du nombre de changements de chemin effectués, et cela en différenciant les images de la base IBSR et celles de la base OASIS. Pour la plupart des images, il n'y a pas ou peu (1) de changements de chemin nécessaires. Pour certaines images, le chemin nécessite plus d'adaptations. Le nombre de changements effectués permet ainsi de mesurer la difficulté de segmentation d'une image en particulier, sans en donner les raisons de manière explicite. Les résultats confirment la difficulté de segmentation de la base IBSR par rapport à la base OASIS.

5.3.3 Les résultats de segmentation

Nous présentons dans les figures 5.24 et 5.25 les résultats de la segmentation sur les images de cas sains de notre base. Comme précédemment, les expériences sont réalisées sur les volumes

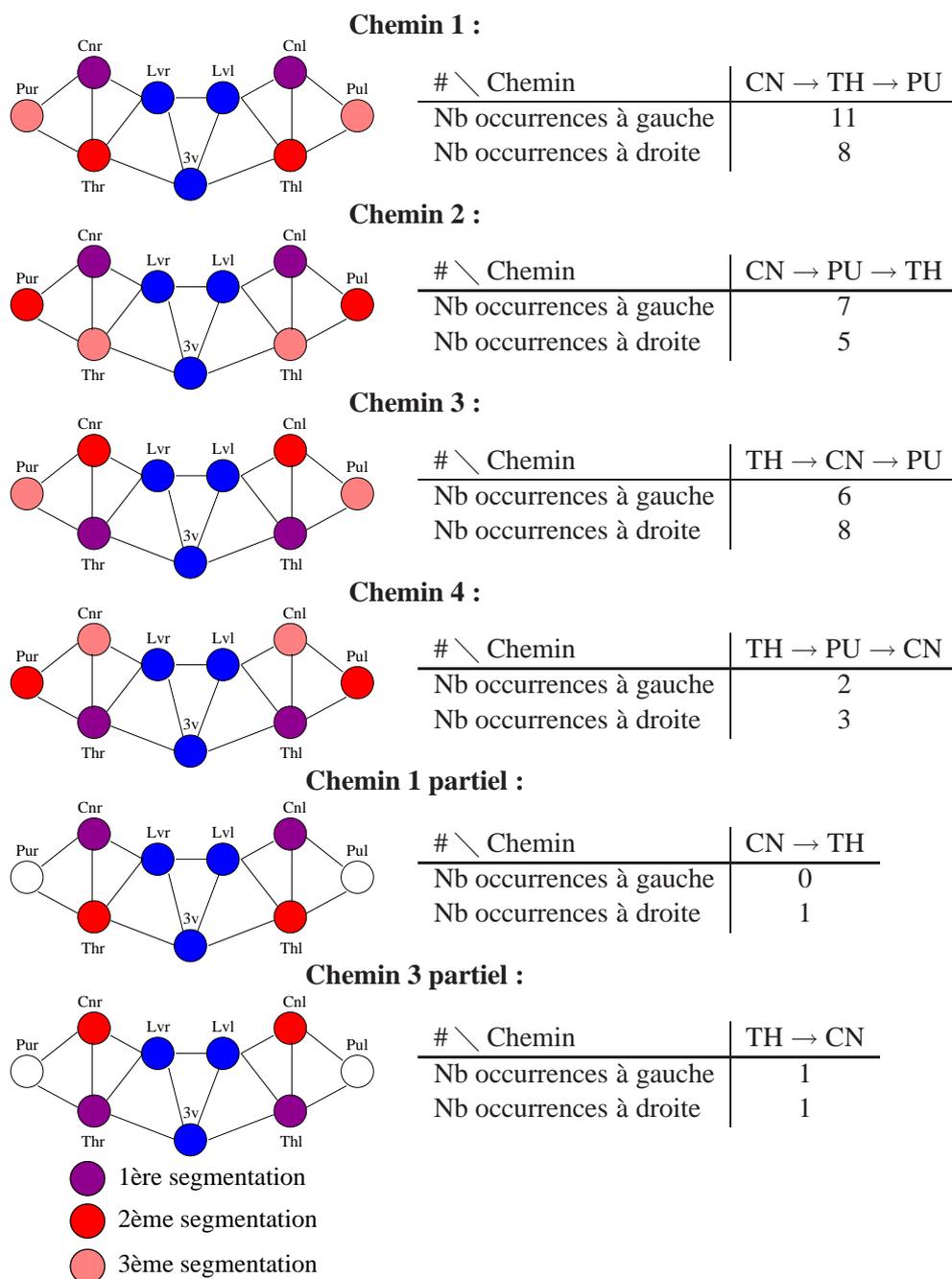


FIG. 5.23 – Les chemins de segmentation présentés de manière synthétique. Ces schémas ne reflètent que les occurrences de chaque chemin, dans chaque hémisphère. Mais le chemin suivi dans l'hémisphère droit et celui suivi dans l'hémisphère gauche peuvent être différents. Les chemins les plus fréquents sont les chemins privilégiant les structures proches des structures de référence, qui permettent d'utiliser au mieux l'information spatiale. Lorsque le putamen est segmenté en deuxième position, les relations spatiales qui permettent sa localisation ne sont issues que d'une seule structure. Le chemin le plus utilisé est le chemin ad-hoc qui était utilisé précédemment par Colliot (2003).

TAB. 5.6 – Répartition des images en fonction du nombre de changements de chemin effectués par le processus au cours de leur segmentation. Sur la plupart des images, il y a peu de changements (0 ou 1). D'autres images nécessitent plus d'adaptations au cours du processus.

	IBSR	OASIS
Aucun changement	6 (35%)	7 (64%)
1 changement	2	2
2 changements	5	2
3 changements et plus	4	0
Total	17	11

en trois dimensions, mais seule une coupe est présentée ici. Le temps de calcul pour le processus complet, sans changement de chemin, est de l'ordre de 75 minutes sur une machine récente, la calcul de la carte de saillance étant effectué à part. La grande majorité de ce temps est pris par le processus de segmentation d'une structure. Le calcul des paysages flous est également coûteux, mais l'utilisation d'une approximation de ces paysages permet de réduire le temps de calcul à environ 30 secondes par paysage.

Sur ces images, les structures de référence ont été indiquées en bleu clair, les noyaux caudés sont en jaune, les thalamus en magenta et les putamens en bleu foncé. Pour simplifier, nous avons attribué les mêmes couleurs aux structures des deux côtés de l'hémisphère (la même couleur pour les deux noyaux caudés par exemple). Sur la plupart des images, les structures ont été correctement reconnues, même si la segmentation est parfois imprécise. D'autres images présentent des structures manquantes, ou des structures qui n'ont pas été reconnues correctement, c'est-à-dire qu'elles ont été segmentées mais que leur étiquette n'est pas correcte. C'est le cas par exemple pour l'image en haut au centre de la figure 5.25 où le thalamus droit (à gauche sur l'image) a une étiquette correspondant au noyau caudé droit. Ce cas de figure se présente sur plusieurs images. La prise en compte de la cohérence spatiale a néanmoins permis de diminuer ce type d'erreur. Le seuil de la cohérence spatiale a été fixé relativement bas (0, 5), ce qui explique que ce type d'erreur puisse se produire encore.

Les segmentations sur la base IBSR sont moins correctes en général. Les images de cette base ont été recalées et les images sont souvent floues. Lorsque les frontières des structures sont fines, comme c'est souvent le cas pour les structures sous-corticales, ce flou rend le problème de la segmentation plus difficile.

Mauvaise reconnaissance :

Une mauvaise reconnaissance est une conséquence d'une localisation imprécise de la structure (si le thalamus est inclus dans la localisation du noyau caudé dans notre exemple), conjointement avec une mauvaise estimation de la radiométrie des différentes structures qui ne permet pas de les différencier (du noyau caudé dans ce cas), c'est-à-dire que les valeurs μ_s et σ_s qui estiment la radiométrie de la structure s ne sont pas adéquates. Nous avons montré dans une partie précédente que les paramètres α et β utilisés pour estimer les valeurs μ_s et σ_s étaient une moyenne pour α et un maximum pour β de valeurs relativement dispersées. Ce genre d'imprécision n'est donc pas imprévu.

Imprécision des segmentations :

Nous retrouvons les problèmes de segmentation du putamen déjà évoqués dans la présentation du déroulement complet du processus. Le putamen est une structure qui s'étire et dont la pointe est

difficile à récupérer lors de la segmentation. En particulier lors du seuillage de la région d'intérêt, l'effet de volume partiel sépare le corps du putamen de la queue, ce qui empêche une bonne segmentation. La forme de la pointe est ensuite difficile à récupérer avec un modèle déformable. Un autre problème avec le putamen se pose dans les coupes basses, où il se confond avec la matière grise environnante.

Il y a d'autres imprécisions pour la segmentation du thalamus, dont les contours ne sont presque pas visibles dans certaines coupes, sa radiométrie se confondant avec celle de la matière blanche. Dans les deux cas, avec le putamen ou avec le thalamus, le problème se pose au niveau de la segmentation initiale. Le modèle déformable permet de récupérer une meilleure segmentation, si la solution initiale est suffisante.

5.3.4 Résultats dans les cas pathologiques

Les expériences réalisées avec des images présentant des pathologies ont été effectuées dans des conditions similaires à celles des expériences précédentes. En particulier, l'apprentissage des relations spatiales est effectué sur la même base d'apprentissage, contenant des images saines ou pathologiques. Les seuils utilisés dans nos expériences sont également les mêmes. La connaissance de la pathologie n'est donc pas utilisée ici. Nous avons toutefois effectué un apprentissage particulier des informations a priori radiométriques pour la base de cas pathologiques. Cependant, si les bases IBSR et OASIS sont relativement homogènes, la base de cas pathologiques l'est moins, et la moyenne des valeurs est donc moins pertinente.

La figure 5.26 présente quelques résultats de segmentation dans des cas pathologiques. Si les putamens sont souvent manquants, les noyaux caudés et les thalamus sont par contre reconnus correctement dans la plupart de ces cas. Le putamen, par sa position et sa forme allongée, est une structure plus sensible aux déformations que d'autres structures.

Les trois cas sur la première ligne de la figure 5.26 présentent de fortes déformations des structures. Dans ces cas, les structures qui sont moins touchées ont pu être reconnues, alors que les structures les plus déformées ne le sont pas. Ces résultats nous donnent une piste afin de détecter la présence d'une pathologie dans le modèle. Si une pathologie est détectée, alors nous pouvons la segmenter de manière indépendante grâce aux travaux de thèse de H. Khotanlou ([Khotanlou \(2008\)](#)) et ajouter un nœud correspondant dans le modèle, relié aux autres structures. Toutefois, une estimation de la déformation et de l'impact sur les relations spatiales environnantes serait nécessaire pour adapter le modèle.

5.4 Conclusion

Nous avons présenté une approche qui intègre dans un processus de segmentation séquentielle un critère fondé sur la saillance de l'image que nous souhaitons segmenter et reconnaître. Cette approche n'a plus besoin des représentations des objets avant qu'ils ne soient segmentés pour procéder à l'optimisation du chemin, permettant une plus grande adaptation à l'image à segmenter. La variabilité dans les chemins de segmentation obtenus montre que nous tenons compte de la variabilité des images dans le processus d'optimisation.

L'approche itérative présente un avantage certain en permettant d'effectuer conjointement la segmentation et la reconnaissance des structures. Cela permet d'exploiter au mieux l'information spatiale du modèle au cours du processus. Nous avons introduit un processus de contrôle de la segmentation séquentielle utilisant l'information spatiale et l'information visuelle qui permet de rendre le processus de segmentation plus robuste aux échecs éventuels et de les corriger.

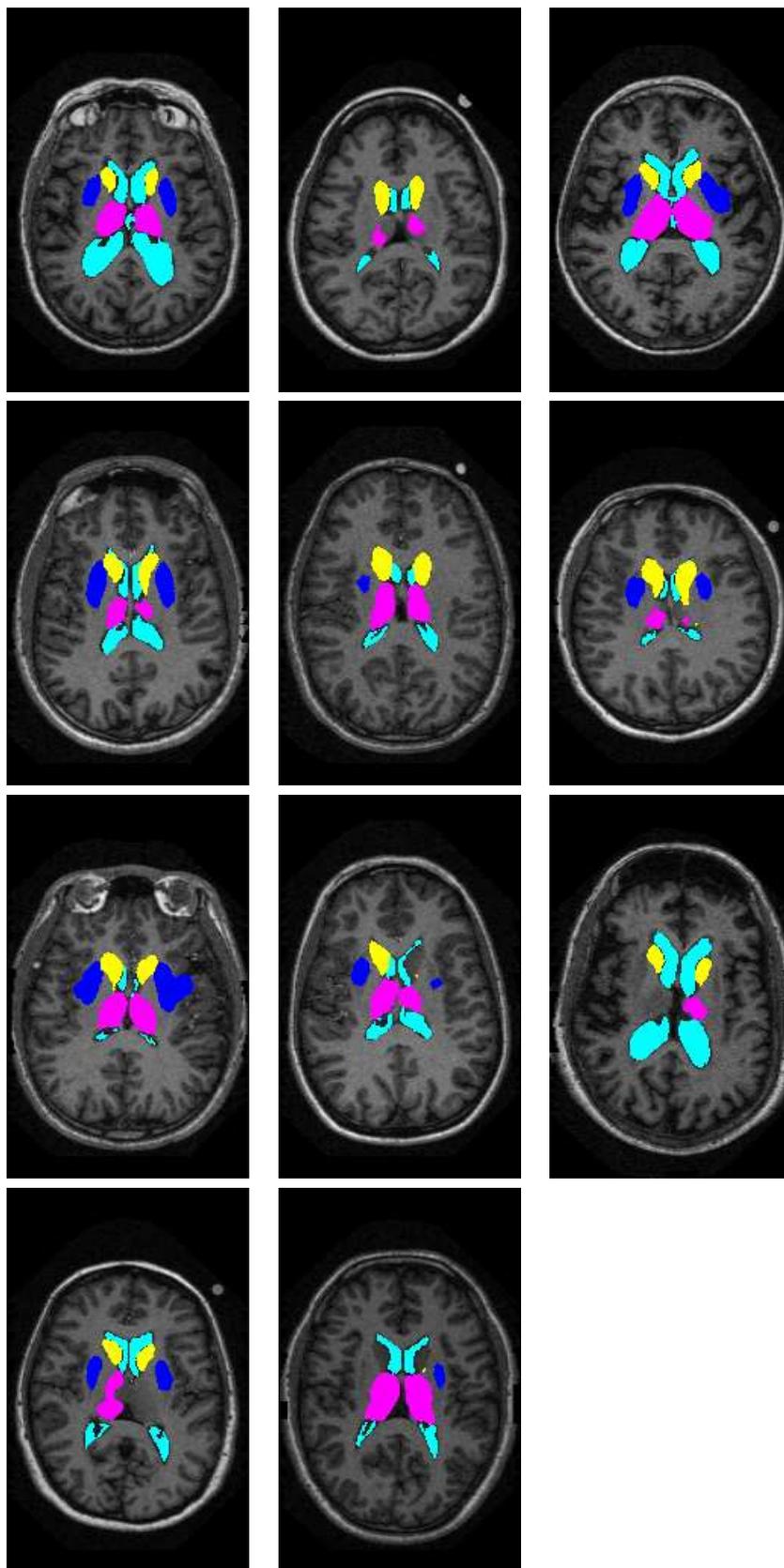


FIG. 5.24 – Résultats de segmentation dans le cas sain sur les images de la base OASIS présentes dans notre base.

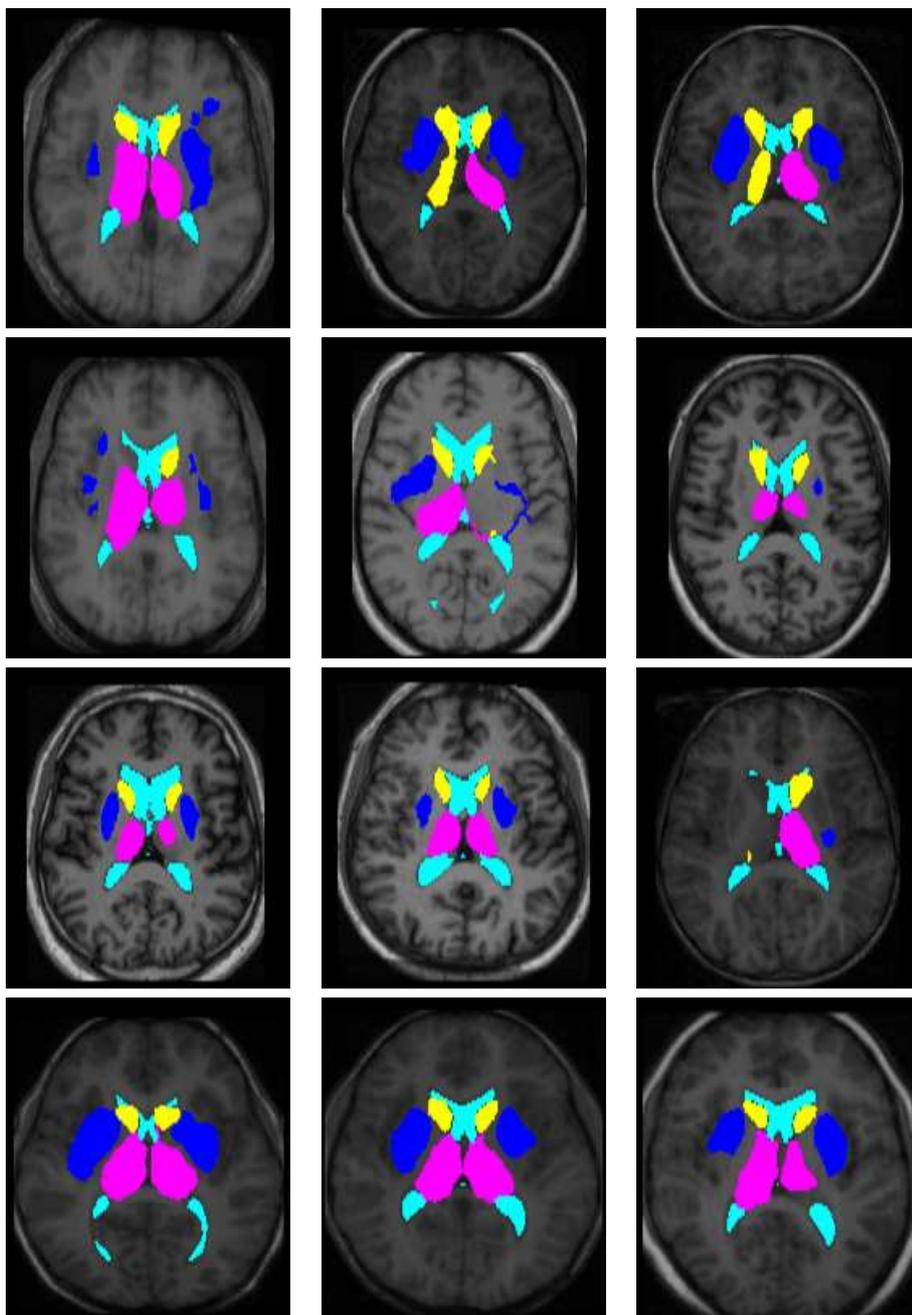


FIG. 5.25 – Résultats de segmentation dans le cas sain sur les images de la base IBSR présentes dans notre base.

Nous avons effectué la segmentation et la reconnaissance des images de notre base. Si la segmentation est parfois imprécise, la reconnaissance des diverses structures est, le plus souvent, correctement effectuée, en particulier grâce au critère de cohérence de l'information spatiale du modèle. Ces résultats montrent l'intérêt d'utiliser l'information spatiale pour segmenter ce type de structure. Les segmentations obtenues ne sont toutefois pas toujours correctes, en particulier nous avons soulevé deux problèmes : la mauvaise reconnaissance d'une structure (identifiée comme une autre structure) et l'imprécision de la segmentation.

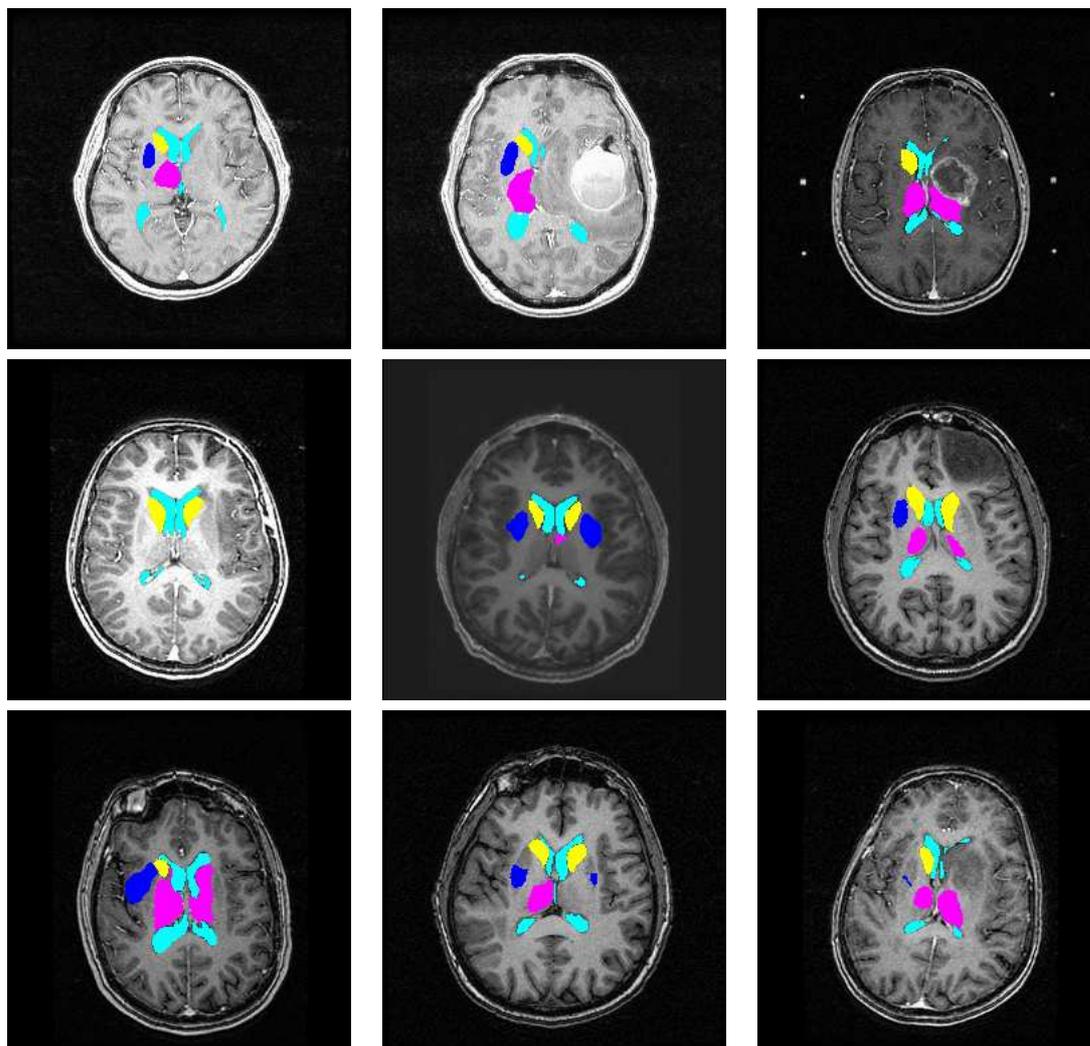


FIG. 5.26 – Résultats de segmentation dans les cas pathologiques. Le contraste des images a été augmenté pour une meilleure visibilité.

Nous avons également effectué la segmentation et la reconnaissance des cas pathologiques. L'apprentissage effectué sur la base prend en compte les cas pathologiques, en particulier dans l'apprentissage des relations spatiales, mais le processus est le même dans les cas normaux et les cas pathologiques. Dans ces cas, il manque des structures, surtout lorsque l'image subit une grande déformation, mais cela nous fournit une piste pour détecter ces cas.

La saillance est issue des travaux sur les mécanismes pré-attentionnels bio-inspirés. L'apport d'un critère fondé sur la saillance est de chercher à détecter ce qui est saillant dans une image, c'est-à-dire ce qui « accroche l'œil » à l'étape pré-attentionnelle. L'apprentissage de la saillance confirme certaines intuitions sur les structures : la visibilité du ventricule, la difficulté de voir des structures comme le thalamus, dont les valeurs sont proches des valeurs de la matière environnante.

L'approche précédente permettait de déterminer le chemin complet avant de commencer les segmentations. Cette approche effectue une optimisation locale uniquement, au sens où uniquement la prochaine structure à reconnaître est choisie à chaque étape. D'un autre côté, la première approche ne permettait pas de prendre en compte l'information issue de l'image, alors que cette approche permet d'intégrer naturellement l'information recueillie au cours du processus.

