

préparée à

L'INRIA Sophia-Antipolis

et présentée à

L'UNIVERSITÉ de NICE SOPHIA-ANTIPOLIS

pour obtenir le grade de

DOCTEUR

Spécialité

Informatique

par

Johan MONTAGNAT

Sujet de la thèse :

**MODÈLES DÉFORMABLES POUR LA SEGMENTATION ET
LA MODÉLISATION D'IMAGES MÉDICALES 3D ET 4D**

Soutenue le 9 décembre 1999 à l'E.S.S.I. devant un jury composé de :

M	Jean-Paul	RIGAULT	Président
Mme	Isabelle	MAGNIN	Rapporteurs
M	Philippe	CINQUIN	
M	Hervé	DELINGETTE	Co-Directeurs
M	Jean-Philippe	THIRION	
M	Nicholas	AYACHE	Examineurs
M	Laurent	COHEN	
M	Demetri	TERZOPOULOS	

À mes parents.

Remerciements

Je remercie vivement Hervé Delingette et Jean-Philippe Thirion qui ont dirigé ces travaux tout au long de ces trois années, ainsi que Nicholas Ayache pour m'avoir accueilli dans le projet Epidaure à l'INRIA.

J'exprime toute ma gratitude à Isabelle Magnin et à Philippe Cinquin qui ont accepté la charge de rapporteur et qui ont participé activement à la mise au point de ce manuscrit.

Je tiens à remercier particulièrement les membres de mon jury, Nicholas Ayache, Philippe Cinquin, Laurent Cohen, Hervé Delingette, Isabelle Magnin, Jean-Paul Rigault, Demetri Terzopoulos et Jean-Philippe Thirion pour leur disponibilité et leurs conseils.

Les travaux exposés dans ce manuscrit ne sont pas ceux d'une seule personne et je voudrais remercier tous les membres du projet Epidaure qui ont, par leur participation, leurs commentaires et leurs conseils éclairés, aidé à la réalisation de ce manuscrit. Merci à Hervé, Gérard et Nicholas pour leur minutieux travail de relecture. Merci à Grégoire, Xavier et Jean-Christophe pour leur présence au cours de ces trois années. Merci à mes frères thésards, ceux de la lointaine époque des translokos (Stéphane, Jérôme, Luc, Alexandre et Karl) et les autres (Guillaume, Alexis, Sylvain, Pascal, David, Sébastien et Marie-Laure) ainsi qu'à Jérémie, Nicolas et Maxime qui m'ont initié aux joies de l'encadrement. Je remercie l'incomparable Janet pour sa disponibilité à toute heure ainsi que le reste de l'équipe du Semir. Merci à Françoise pour son efficacité au quotidien. Je ne voudrais pas oublier en dehors toutes les personnes et les services de l'INRIA sur lesquels j'ai toujours pu compter pendant ce trois ans.

L'équipe du professeur Caubet à l'Institut de Recherche en Informatique de Toulouse et l'équipe PARSIM du professeur Ayani à l'Institut Royal de Technologie de Stockholm (KTH, Suède) m'ont accueilli et ont guidé mes premiers pas dans la recherche. Qu'ils en soit ici remerciés. Merci en particulier à Jean-Pierre Jessel et Robert Rönngren pour leur encadrement.

Enfin, je remercie mes parents, Camille, Cécile, mes adorables petites sœurs et mes grands parents pour leur indéfectible soutien au long de plus nombreuses années encore. Merci Liliane d'avoir apporté un peu de repos après les années de tempête. Merci Diane pour tout ce bonheur partagé!

Table des matières

Notations	1
Introduction	4
1 Contexte	6
2 Segmentation d'images	6
3 Modèles déformables	7
4 Plan	8
5 Contributions	9
6 Applications	10
I Modèles déformables	11
1 Contours et surfaces déformables	13
1.1 Modèles déformables	14
1.1.1 Définition des modèles déformables	14
1.1.2 Modèles surfaciques pour la segmentation d'images 3D	14
1.2 Représentation géométrique des modèles déformables	15
1.2.1 Modèles explicites	15
1.2.2 Modèles paramétrés	17
1.2.3 Modèles discrets	22
1.2.4 Représentation implicite	23
1.2.5 Systèmes de particules	25
1.3 Évolution des modèles déformables	25
1.3.1 Énergie	26
1.3.2 Discrétisation par les différences finies	28
1.3.3 Discrétisation par les éléments finis	29
1.3.4 Programmation dynamique	31
1.3.5 Approche Bayésienne	31
1.3.6 Forces	32
1.3.7 Équation d'évolution	33

1.3.8	Évolution des modèles discrets	37
1.3.9	Évolution des modèles implicites	38
1.3.10	Évolution des représentations modales	39
1.4	Topologie des modèles déformables	40
1.4.1	Modèles adaptatifs	40
1.4.2	Topologies adaptatives	43
1.5	Discussion	45
2	Maillages simplexes	47
2.1	Topologie	48
2.1.1	Maillages simplexes et triangulations	49
2.1.2	Bord d'un maillage simplexe	51
2.1.3	Contour d'un 2-maillage simplexe	51
2.1.4	Voisinage d'un sommet	52
2.2	Géométrie	52
2.2.1	Géométrie des 1-maillages simplexes du plan	52
2.2.2	Géométrie des 1-maillages simplexes de l'espace	53
2.2.3	Géométrie des 2-maillages simplexes de l'espace	54
2.3	Évolution	54
2.3.1	Forces internes	55
2.3.2	Forces externes	56
2.4	Qualité topologique et géométrique	57
2.4.1	Critères de qualité	57
2.4.2	Optimisation de la topologie	58
2.4.3	Raffinement global	59
2.4.4	Raffinement local	62
2.5	Changements de topologie	64
2.5.1	Opérateurs de changement de topologie	64
2.5.2	Changements automatiques de topologie	67
2.6	Comparaison avec les représentations implicites	71
2.6.1	Mise en œuvre des ensembles de niveaux	72
2.6.2	Images synthétiques	73
2.6.3	Image médicale	75
3	Forces internes	79
3.1	Forces internes des contours déformables	80
3.1.1	Quelques expressions de forces internes	80
3.1.2	Une nouvelle force interne	82
3.2	Résultats de stabilité	83
3.2.1	Schéma Lagrangien	83

3.2.2	Schéma Newtonien	87
3.3	Forces internes des surfaces déformables	89
3.3.1	Stabilité numérique	91
3.3.2	Contrainte de courbure	91
3.3.3	Contrainte de forme	93
4	Régularisation locale et globale	99
4.1	Régularisation des déformations	100
4.1.1	Convexité de l'énergie	100
4.1.2	Contraintes de régularisation locales	101
4.1.3	Régularisation par décomposition modale	102
4.1.4	Régularisation par transformations contraintes	103
4.1.5	Approche pyramidale	104
4.2	Déformations locales	105
4.3	Recalage	105
4.3.1	L'algorithme du plus proche point itéré	107
4.3.2	Estimation des transformations globales	110
4.3.3	Influence du nombre de degrés de liberté	114
4.3.4	Recalage hiérarchique	116
4.3.5	Incidence des degrés de liberté sur le temps de calcul	119
4.3.6	Problèmes numériques	119
4.4	Déformations à contrainte globale	120
4.4.1	Recalage et déformations locales	120
4.4.2	Déformations locales à contraintes globales	121
4.4.3	Un schéma continu de global vers local	121
4.4.4	Fidélité des déformations hiérarchiques	123
4.4.5	Préservation de la géométrie	124
4.4.6	Contraintes globales dépendantes de l'application	127
4.5	Contrainte globale de forme	130
II	Application aux images tridimensionnelles	135
5	Images tridimensionnelles	137
5.1	Acquisition d'images tridimensionnelles	138
5.1.1	Images radiographiques	138
5.1.2	Images tomographiques par rayons-X	139
5.1.3	Images par résonance magnétique	141
5.1.4	Images ultrasonores	144
5.1.5	Images isotopiques	145

5.2	Géométrie des images	146
5.2.1	Les géométries rencontrées en imagerie médicale	146
5.2.2	Conversion en géométrie Cartésienne	151
5.2.3	Filtrage en géométrie non Cartésienne	152
5.3	Quelques algorithmes de prétraitement	156
5.3.1	Correction du biais inter-coupes	156
5.3.2	Diffusion anisotrope	157
6	Segmentation d'images tridimensionnelles à base de modèles déformables	159
6.1	Immersion d'un modèle dans une image	160
6.1.1	Initialisation du modèle dans les données	160
6.1.2	Expressions des forces externes	160
6.1.3	Algorithme de propagation suivant la normale	162
6.2	Forces de gradient	163
6.2.1	Exemple de déformation	164
6.2.2	Discrimination des points de gradient	164
6.3	Approche région	166
6.3.1	Interface de régions homogènes	166
6.3.2	Régions et gradients	168
6.3.3	Comparaison des deux approches région	170
6.4	Profil d'intensité	170
6.4.1	Construction de profils d'intensité	171
6.4.2	Mesures de similarité	171
6.5	Résultats de segmentation	173
6.5.1	Segmentation à partir de l'information de gradient	173
6.5.2	Segmentation adaptative	174
6.5.3	Segmentation à partir de l'information de région	174
6.5.4	Segmentation à partir des profils d'intensité	178
6.5.5	Recalage multimodalités	179
6.6	Segmentation des angioscanners du foie	183
6.6.1	Présentation des images	183
6.6.2	Segmentation par modélisation de la texture	185
6.6.3	Segmentation par modèle déformable	191
III	Application aux séquences temporelles d'images	203
7	Séquences temporelles d'images	205
7.1	Séquences d'images	206
7.1.1	Imagerie cardiaque	206

7.1.2	Images ultrasonores du cœur	208
7.1.3	Travaux antérieurs	209
7.2	Prétraitement des images ultrasonores 4D	213
7.3	Difficultés de la segmentation des séquences temporelles	215
7.3.1	Séquences temporelles d'images 2D	215
7.3.2	Séquences temporelles d'images 3D	217
8	Modèles simplexes pour la segmentation d'images tétradimensionnelles	223
8.1	Maillages simplexes 4D	224
8.1.1	Topologie et géométrie	224
8.1.2	Équation d'évolution	225
8.1.3	Régularisation temporelle	226
8.1.4	Initialisation d'un modèle 4D	228
8.2	Déformations locales contraintes	229
8.2.1	Recalage	229
8.2.2	Déformations à contrainte globale	230
8.2.3	Contrainte globale de forme	230
8.3	Segmentation de séquences d'images du cœur	231
8.3.1	Images par résonance magnétique	231
8.3.2	Images isotopiques	233
8.3.3	Images ultrasonores	238
	Conclusion	249
1	Résumé et contributions	250
2	Problèmes rencontrés	252
3	Perspectives	254
	Annexes	257
A	Développements logiciel	259
A.1	Choix logiciels	260
A.2	Objets C++ et objets TCL	261
A.3	Visualisation et interaction avec l'utilisateur	262
B	Éléments d'anatomie	265
B.1	Le foie	266
B.1.1	Anatomie	266
B.1.2	Principales pathologies	268
B.1.3	Imagerie du foie	269
B.2	Le cœur	269

B.2.1 Anatomie	269
B.2.2 Imagerie du cœur	270
Bibliographie	273
Index	289

Notations utilisées

Espaces

- \mathbb{N} Ensemble des entiers naturels.
 \mathbb{R} Ensemble des nombres réels.
 Q Ensemble des quaternions.

Ensembles et intervalles

- $[a, b]$ Intervalle des réels compris entre a et b .
 $[[1, n]]$ Intervalle des entiers naturels compris entre 1 et n .
 $\{x_i\}$ Singleton x_i .
 $\{x_i\}_i$ Ensemble des éléments x_i .

Modèles

- \mathcal{C} Contour déformable.
 \mathcal{S} Surface déformable.
 \mathcal{M} Maillage simplexe.
 \mathcal{T} Triangulation.
 \mathcal{A} Axe d'un modèle de cylindre généralisé.
 $n_s(\mathcal{M})$ Nombre de sommets du maillage \mathcal{M} .
 $n_a(\mathcal{M})$ Nombre d'arêtes du maillage \mathcal{M} .
 $n_f(\mathcal{M})$ Nombre de faces du maillage \mathcal{M} .
 $n_g(\mathcal{M})$ Genre du maillage \mathcal{M} .

Données

- \mathcal{D} Ensemble de données.

Maillages simplexes

- \mathbf{p}_i Position du sommet numéro i .
- \mathbf{n}_i Normale au sommet numéro i .
- \mathbf{t}_i Tangente au sommet numéro i .
- f_i Face numéro i .
- a_i Arête numéro i .
- C_i Contour numéro i .
- $PP_i(j)$ Numéro du $j^{\text{ème}}$ sommet voisin du sommet numéro i .
- $\mathbf{p}_{PP_i(j)}$ Position du $j^{\text{ème}}$ sommet voisin du sommet numéro i .
- $PC_i(j)$ Numéro du $j^{\text{ème}}$ sommet du contour numéro i .
- $PF_i(j)$ Numéro du $j^{\text{ème}}$ sommet de la face numéro i .
- $FP_i(j)$ Numéro de la $j^{\text{ème}}$ face du sommet numéro i .
- \mathbf{p}_i^\perp Projection orthogonale de \mathbf{p}_i sur l'hyperplan de ses voisins.
- φ_i Angle simplexe du sommet numéro i .
- ε_i^j Paramètre métrique j du sommet numéro i .
- $A(f_i)$ Aire de la face numéro i .
- $N(f_i)$ Nombre d'arêtes de la face numéro i .
- $\mathcal{V}_\eta(i)$ Voisinage d'ordre η du sommet numéro i .
- $|\mathcal{V}_\eta(i)|$ Nombre de sommets de $\mathcal{V}_\eta(i)$.
- TO_i^k Opération topologique numéro i sur un k -maillage simplexe.

Forces

- f_{int} Force interne régularisante.
- f_{tg} Composante tangentielle de la force interne.
- f_{nr} Composante normale de la force interne.
- f_{ext} Force externe d'attache aux données.
- f_{global} Force globale.
- f_{temps} Force de régularisation temporelle.
- α Coefficient pondérateur de la force interne.
- β Coefficient pondérateur de la force externe.
- δ Coefficient pondérateur de la force temporelle.
- γ Viscosité du milieu.
- λ Paramètre de localité.

Transformations

- \mathbf{T}_{reg} Espace de transformations.
- $\mathbf{T}_{\text{rigide}}$ Groupe des transformations rigides.

- T**_{similitude} Groupe des similitudes.
- T**_{affine} Groupe des transformations affines.
- T**_{B-spline} Groupe des transformations B-splines.
- $T, T(\mathbf{p})$ Une transformation T et la transformée du point \mathbf{p} par T .

Scalars

- $a - z$ Les scalaires sont notés en minuscules.
- $a[b]$ a modulo b .

Vectors

- $\mathbf{a} - \mathbf{z}$ Les vecteurs sont notés en minuscules grasses.
- \mathbf{a}^T Vecteur ligne \mathbf{a} .
- $\mathbf{a} \cdot \mathbf{b}$ Produit scalaire de \mathbf{a} et \mathbf{b} .
- $\mathbf{a} \wedge \mathbf{b}$ Produit vectoriel de \mathbf{a} et \mathbf{b} .
- $\|\mathbf{a}\|$ Norme Euclidienne de \mathbf{a} .
- \mathbf{n} Vecteur normal à un modèle.
- \mathbf{t} Vecteur tangent à un modèle.
- \mathbf{o} Origine de l'espace Euclidien.
- \mathbf{x} Vecteur unitaire de la première dimension de l'espace Euclidien.
- \mathbf{y} Vecteur unitaire de la seconde dimension de l'espace Euclidien.
- \mathbf{z} Vecteur unitaire de la troisième dimension de l'espace Euclidien.

Matrices

- $\mathbf{A} - \mathbf{Z}$ Les matrices sont notées en majuscules grasses.
- \mathbf{A}^T Transposée de \mathbf{A} .
- $|\mathbf{A}|$ Déterminant de \mathbf{A} .
- \mathbf{I} Matrice identité.
- $\text{diag}(a_1, \dots, a_n)$ La matrice diagonale de dimensions $n \times n$ et d'éléments diagonaux a_1 à a_n .
- $\text{Tr}(\mathbf{A})$ Trace de la matrice \mathbf{A} .

Functions

- Opérateur de composition.
- ⊗ Opérateur de convolution.

Introduction

La segmentation demeure l'un des problèmes principaux de l'analyse d'images. En imagerie médicale tridimensionnelle, la segmentation automatique devient un outil indispensable en regard de la quantité de données à exploiter. Nous étudions

dans ce manuscrit l'utilisation des modèles déformables discrets appliqués à la segmentation. Nous gardons comme fil directeur la réalisation d'un outil de segmentation polyvalent et robuste vis à vis de données bruitées, permettant de s'adapter à des situations variées.

1 Contexte

Le volume d'images médicales produites dans le monde est en constante augmentation depuis plusieurs décennies. L'image est un outil qui est entré dans la routine de la pratique clinique. L'utilisation d'images tridimensionnelles (images 3D), voire de séquences temporelles d'images 3D, devient de plus en plus fréquente et les volumes de données produits par les hôpitaux demandent d'importantes ressources de traitement (Ayache, 1998). Si les images 2D, comme les images radiographiques ou les échographies, suffisent à de nombreuses applications et sont largement utilisées pour des raisons de coût d'acquisition, l'emploi d'images 3D tend à se banaliser. La plupart des modalités d'acquisition d'images médicales sont aujourd'hui capables de produire des images 3D, qu'il s'agisse des rayons-X (tomographie), de la résonance magnétique (IRM), des ultrasons (échographies) ou du rayonnement radioactif (tomographie monophotonique ou tomographie par émission de positons).

De l'héritage des images 2D, il reste que les images 3D sont souvent produites comme une succession de coupes. Le volume n'est pas échantillonné avec la même fréquence dans les trois dimensions. De fait, le praticien est confronté devant son négatoscope à une succession de coupes qu'il doit mentalement «empiler» pour se faire une représentation du volume des données observées. Cette reconstruction est nécessairement subjective. De plus le traitement manuel d'images coupe à coupe conduit à une perte d'information puisque la troisième dimension est peu ou pas prise en compte.

L'interprétation automatique d'images médicales pour l'aide au diagnostic ou la modélisation géométrique des structures anatomiques nécessite d'isoler, ou *segmenter*, les structures de l'image. En regard de la quantité d'informations à traiter dans les images 3D, il est indispensable de pouvoir automatiser cette tâche.

2 Segmentation d'images

La *segmentation* d'images consiste à isoler les structures visibles par délimitation de leurs contours. Elle demeure l'un des problèmes principaux de l'analyse d'images. Les approches proposées pour résoudre le problème de la segmentation de manière automatique sont extrêmement variées. La segmentation est une tâche rendue difficile dans les images de qualité médiocre par le trop faible contraste ne permettant pas de distinguer clairement les différentes structures et la présence de bruit perturbant les données.

D'une manière très générale on peut classer les outils de segmentation selon deux grandes catégories comme l'illustre la figure 1. L'*approche directe* extrait à partir de l'image seule une information pertinente, tandis que l'*approche par modèle* fait intervenir une modélisation de l'image ou de la donnée recherchée.

L'approche directe consiste à appliquer des opérateurs travaillant sur les intensités de l'image. On peut classer dans cette catégorie le seuillage et ses différents raffinements, les opérations morphomathématiques et les approches par croissance de régions. Ces opérations conduisent à des transformations de l'image mais ne permettent pas l'interprétation ou la modélisation des infor-

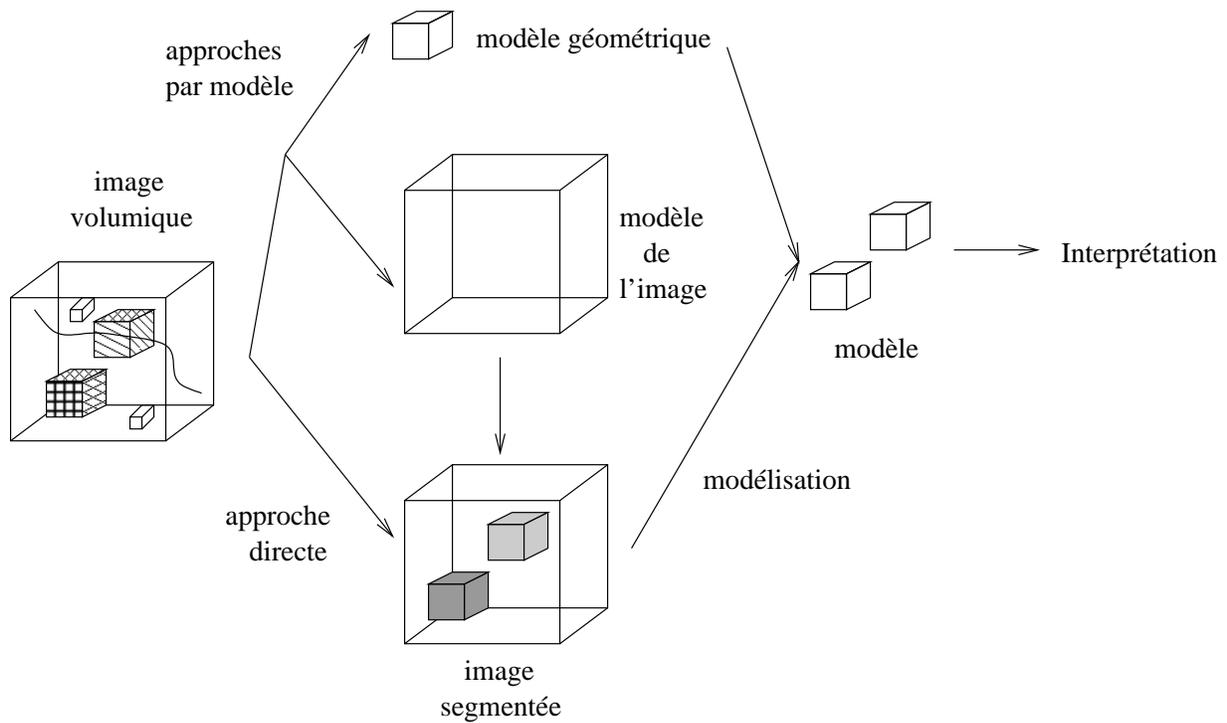


FIG. 1 – *Segmentation : approche directe et approche par modèle.*

mations contenues. L'extraction d'isosurfaces en revanche conduit à la reconstruction géométrique de différentes structures de l'image. Elle nécessite cependant des images très contrastées ou pré-segmentées.

À partir de la connaissance dont on dispose sur les données traitées, l'approche par modèles introduit dans le processus de segmentation une information *a priori* sur les structures recherchées. Il peut s'agir d'une information sur la forme des objets, leur régularité, leur texture, l'environnement et les conditions d'acquisition de l'image, etc. On peut encore distinguer les modèles géométriques et les modélisations de l'image. Les modèles géométriques les plus utilisés sont les modèles déformables. Parmi les modèles d'images on trouve les modèles statistiques comme les champs de Markov, les processus Bayesiens, etc.

3 Modèles déformables

En présence de données bruitées contenant des points aberrants, l'introduction d'un modèle dans le processus de segmentation est indispensable à la réalisation d'un outil fiable et indépendant d'un contrôle humain. Le traitement d'images médicales peut se révéler particulièrement difficile selon les modalités d'acquisition envisagées. Il est donc important d'introduire une connaissance forte sur les objets recherchés.

Les modèles déformables ont donné naissance à de nombreuses études depuis plus d'une décennie. Ils permettent d'introduire une connaissance de la forme des objets recherchés mais aussi

beaucoup d'autres informations comme la variabilité statistique, l'intensité des structures, etc. Les modèles déformables produisent directement une représentation géométrique des objets segmentés. En trois dimensions, leur représentation surfacique est particulièrement adaptée à la visualisation des objets qu'ils modélisent, ce qui correspond à l'une des premières attentes des praticiens du domaine de l'informatique médicale. La disponibilité croissante sur le marché, à coût modeste, de processeurs spécialisés dans le traitement des primitives graphiques permet la construction d'outils de visualisation rapides et accessibles. En outre, de nombreux traitements d'images médicales comme l'aide au diagnostic ou la simulation de chirurgie nécessitent l'interprétation des données à partir des grandeurs quantitatives extraites des images. La modélisation de l'image est un premier pas vers l'interprétation des données ou leur intégration dans un système de réalité virtuelle.

Dans cette thèse nous étudions les modèles déformables comme outil de segmentation des images médicales 3D ou des séquences d'images. Nous nous intéressons plus particulièrement aux maillages simplexes dont la représentation discrète conduit à des algorithmes particulièrement efficaces en terme de temps de traitement. Ce critère de rapidité est très souvent mis en avant par les utilisateurs médicaux. En outre, les modèles discrets offrent en vaste éventail de possibilités et peuvent s'adapter à des problèmes variés, comme la segmentation d'images provenant de modalités très différentes, la possibilité de changer de topologie, etc.

Nous recherchons à la fois la fiabilité du processus de segmentation et son indépendance vis-à-vis d'une application particulière. Nous verrons que ce compromis est souvent difficile à obtenir et qu'il peut devenir indispensable d'attacher une connaissance *a priori* des structures à segmenter de manière à contraindre suffisamment l'espace des transformations du modèle déformable.

4 Plan

Nous proposons d'abord au chapitre 1 une revue des différentes représentations des modèles déformables proposées dans la littérature et nous justifions l'utilisation des modèles surfaciques discrets. Nous nous intéressons particulièrement aux maillages simplexes introduits dans le chapitre 2. Nous en étudions la topologie et la géométrie. Nous proposons plusieurs algorithmes permettant d'optimiser la topologie des maillages et nous comparons les résultats obtenus avec les représentations implicites souvent mises en avant pour leur capacité à gérer différentes topologies de manière élégante. Dans les chapitres 3 et 4, nous nous intéressons à l'équation d'évolution des maillages simplexes. Nous apportons quelques résultats de stabilité numérique et nous introduisons des contraintes locales et globales permettant à différents niveaux de rendre les équations d'évolution plus convexes et de faciliter la convergence vers une solution satisfaisante.

Dans la seconde partie de ce manuscrit, nous appliquons les modèles déformables à la segmentation d'images 3D. Nous détaillons les particularités des images 3D au chapitre 5. Nous décrivons différentes géométries produites par les appareils d'acquisition d'images médicales. Nous étudions ensuite comment déformer une surface plongée dans une image 3D discrète. Au chapitre 6, nous énumérons différentes expressions du terme d'attache aux données conçu pour guider le modèle vers

les contours des structures d'intérêt. Plusieurs expressions des forces externes sont proposées pour introduire une connaissance *a priori* forte dans le processus de segmentation. Nous éprouvons l'utilisation de la modélisation Markovienne de l'image pour la segmentation. Nous donnons plusieurs résultats de segmentation. En particulier, nous présentons la segmentation de l'enveloppe du foie dans des angioscanners. Grâce à une base de données d'images abdominales conséquente et par comparaison avec quelques segmentation manuelles, nous présentons des résultats de fiabilité de l'algorithme même si cette étude est trop préliminaire pour constituer une validation clinique.

Enfin, nous étudions l'extension des maillages simplexes à la représentation des surfaces déformables dans des séquences temporelles d'images 2D et 3D. Nous nous intéressons aux séquences d'images utilisées pour l'étude du muscle cardiaque (chapitre 7) et aux traitements adaptés à ces séquences. Nous introduisons une représentation tétradimensionnelle des surfaces incluant un terme de régularité temporelle au chapitre 8. Nous présentons des résultats de segmentation du ventricule gauche du cœur dans quelques séquences d'images provenant de modalités différentes.

Pour une définition des termes médicaux employés, le lecteur pourra se reporter à l'annexe B décrivant l'anatomie du foie et du cœur ainsi que leurs procédés d'imagerie.

5 Contributions

Le premier chapitre est essentiellement bibliographique et le début du second chapitre présente les maillages simplexes tels qu'ils ont été définis dans (Delingette, 1994a). La suite du second chapitre présente des travaux sur la définition des qualités géométrique et topologique des maillages simplexes ainsi que des algorithmes de raffinement et de décimation développés en collaboration avec N. Scapel et H. Delingette (Montagnat et al., 2000; Scapel, 1999). Le paragraphe 2.5 décrit un nouvel algorithme de changement automatique de topologie des contours déformables efficace en terme de temps de calcul (Delingette et Montagnat, 2000a). Il s'appuie sur les opérateurs de changement de topologie des maillages simplexes définis par (Delingette, 1994a).

Le troisième chapitre présente des résultats originaux sur la définition des forces régularisantes des contours déformables (Delingette et Montagnat, 2000b). Des preuves de stabilité du schéma numérique explicite utilisé sont données. Un paramètre de rigidité est introduit qui permet de contrôler la régularisation de la forme d'une surface au niveau local (Montagnat et Delingette, 1997c).

Le chapitre 4 introduit un algorithme de régularisation global des déformations par l'utilisation de transformations globales. Un schéma de déformations locales à contrainte globale est proposé qui autorise à contrôler le nombre de degrés de liberté du modèle déformable à moindre coût (Montagnat et Delingette, 1997a). Il établit un lien entre déformations locales et recalage. Des contraintes de déformation spécifiques comme la contrainte axiale (paragraphe 4.4.6) ou la contrainte globale de forme (paragraphe 4.5) s'expriment aisément dans ce cadre (Montagnat et Delingette, 1998).

La première partie du chapitre 5 présente différentes modalités d'acquisition des images médicales. Dans le paragraphe 5.2 nous nous intéressons à des images ultrasonores acquises dans des

géométries différentes. Ce problème a été relativement peu étudié aujourd’hui. Nous proposons un algorithme de filtrage de ces images prenant la géométrie en considération (Montagnat et al., 1999).

Le chapitre 6 présente l’algorithme de calcul des forces externes du modèle (Delingette, 1997) adapté à différentes géométries d’images (Montagnat et al., 1999). Des critères classiques faisant intervenir la norme du gradient de l’image mais aussi des critères originaux basés sur les régions d’intensité homogène. L’utilisation de profils d’intensité standards (non publié à ce jour) permet de réaliser un recalage multimodalités, introduisant ainsi une information géométrique dans les approches iconiques. La segmentation du foie dans des images scanners est étudiée en détails (Montagnat et al., 1997; Montagnat et Delingette, 1997b).

Les chapitres 7 et 8 s’intéressent au traitement de séquences temporelles d’images. Des résultats d’un algorithme de diffusion anisotrope développé par (Sermesant, 1999) sont présentés sur des séquences temporelles d’images ultrasonores 3D. Une extension originale des maillages simplex pour le traitement de séquences d’images 3D est proposée. Des forces de régularisation temporelle permettant de définir une notion de mémoire de trajectoire sont introduites (non publié à ce jour).

6 Applications

Ce travail a été l’occasion d’importants développements logiciels sur différentes plateformes matérielles. L’architecture logicielle retenue est ébauchée en annexe A.

Nous illustrons les techniques exposées dans ce manuscrit sur de nombreux exemples de segmentation dans des images de différentes modalités, provenant de nos partenaires médicaux ou industriels. Nous présenterons ainsi la segmentation de l’encéphale, du foie et du rein dans des images scanner, du cœur et du cerveau dans des images par résonance magnétique et du cœur en mouvement dans des séquences temporelles d’images angiographiques par rayons-X, d’IRM, d’images de médecine nucléaire et d’images ultrasonores.

Première partie

MODÈLES DÉFORMABLES

Chapitre 1

Contours et surfaces déformables

Les modèles déformables constituent un outil général très utilisé pour la segmentation ou la modélisation géométrique de structures à partir d'images. Dans ce chapitre, nous étudions différents types de modèles déformables proposés dans

la littérature et nous motivons l'utilisation des maillages simplexes sur lesquels nous nous reposons tout au long de ce manuscrit. Nous nous intéressons particulièrement au traitement d'images 3D. Nous étudierons donc plus en détails les modèles surfaciques.

1.1 Modèles déformables

Depuis plusieurs années, les modèles déformables connaissent un large succès, en particulier dans le domaine du traitement d'images médicales (McInerney et Terzopoulos, 1996), pour la segmentation et la représentation géométrique de structures anatomiques. Ils fournissent un outil particulièrement souple permettant d'extraire à partir de données éparses, généralement non structurées, une représentation des structures recherchées compacte et adaptée aux post-traitements informatiques.

Les modèles déformables constituent un outil très général employé dans des domaines aussi divers que la reconnaissance de formes (Dorai et Jain, 1997; Aguado et al., 1998), l'animation (Terzopoulos et al., 1987), la modélisation géométrique (Bainville, 1996; Mallet, 1992), la simulation (Delingette et al., 1992), le suivi de contours (Blake et Michael, 1994), la segmentation (Montagnat et Delingette, 1997c), etc. Dans ce manuscrit, nous nous intéressons essentiellement à la segmentation d'images, et le plus souvent d'images médicales 3D, mais nous utiliserons régulièrement des exemples variés d'application des modèles déformables pour illustrer notre propos.

1.1.1 Définition des modèles déformables

Un modèle déformable est un objet capable d'évoluer de manière à venir se mettre en correspondance avec les données traitées. Il est constitué d'une représentation géométrique et d'une loi d'évolution régissant ses déformations. Les modèles déformables sont souvent représentés par des surfaces qui modélisent la frontière d'une ou plusieurs structures d'intérêt. Dans un image 2D, il s'agit d'un contour, comme les célèbres «snakes» (Kass et al., 1988) et dans une image 3D d'une surface (Terzopoulos et al., 1988). La loi d'évolution s'appuie sur la mise en correspondance de la surface et des points caractéristiques extraits de l'image. Un modèle permet d'interpréter une image en fonction de la connaissance qu'il apporte, en particulier par sa géométrie. Il fournit une information de forme correspondant à la structure étudiée. Nous avons retenu l'approche surfacique pour ce travail et nous étudions ci-après plus en détail les différents modèles existants.

Les articles (Kass et al., 1987; Kass et al., 1988), font souvent référence pour les modèles déformables. L'idée est pourtant née un peu plus tôt (Terzopoulos, 1986a; Terzopoulos, 1986b). Les modèles déformables ont depuis trouvé un large champ d'applications, en particulier dans le domaine du traitement d'images médicales. Ils s'adaptent à la plupart des modalités d'images rencontrées.

Certains modèles hybrides combinent plusieurs représentations. Ainsi, (Wang et Staib, 1998) proposent un algorithme de recalage élastique s'appuyant sur la connaissance statistique des contours de certaines structures pour contraindre le champ de déformation obtenu. (Cloppet-Oliva et Stamon, 1996) utilisent une information mixte de région et de contour pour la segmentation de cellules en culture.

1.1.2 Modèles surfaciques pour la segmentation d'images 3D

La segmentation et la reconstruction géométrique de structures anatomiques dans des images médicales est rendue difficile par la qualité des images, la complexité et la variabilité des formes

rencontrées. De nombreux artefacts dûs aux procédés d’acquisition, le faible contraste et les effets de volume partiel rendent les données difficiles à interpréter et provoquent des discontinuités dans les contours observés. Les modèles déformables surfaciques constituent un outil adapté qui renforce la cohérence spatiale et fournit directement un modèle géométrique des structures segmentées. Dans la suite de ce manuscrit, nous appellerons «modèle déformable» les modèles déformables surfaciques par abus de langage.

Les différents modèles proposés dans la littérature se distinguent par leur description géométrique (discrète ou continue) et les lois d’évolution gouvernant leurs déformations. Une analyse assez complète des différents types de modèles déformables est donnée dans (McInerney et Terzopoulos, 1996). Dans sa thèse, chapitre 4, (Lachaud, 1998), propose une revue des modèles déformables dans laquelle il traite simultanément les aspects géométriques et évolutifs. Une revue plus spécialisée des modèles paramétrés est disponible dans (Robert, 1996). Les tentatives de classification des modèles déformables sont nombreuses et les critères retenus dépendent souvent de l’application envisagée. Nous nous attachons dans ce chapitre à donner une vue d’ensemble des modèles existant en les classant en fonction de leur géométrie. Nous décrivons également différentes lois d’évolution existantes et nous cherchons à mettre en évidence les analogies entre les différentes approches.

1.2 Représentation géométrique des modèles déformables

La figure 1.1 montre les différents types de représentation géométrique des modèles déformables détaillés dans ce paragraphe.

1.2.1 Modèles explicites

Historiquement, les premiers modèles déformables proposés ont été les contours paramétrés. De nombreux travaux utilisent le cadre très général des surfaces paramétrées pour mettre en œuvre des modèles déformables. Cette paramétrisation est *explicite* dans le sens où le modèle dépend directement des paramètres. On parlera donc de *modèles explicites* pour éviter la confusion avec les *modèles paramétrés* issus de familles de surfaces paramétrées (voir paragraphe 1.2.2).

Snakes

Les *snakes*, introduits dans (Kass et al., 1988), sont des contours déformables décrits comme une courbe \mathcal{C} paramétrée :

$$\begin{aligned} \mathcal{C} &: \Omega \rightarrow \mathbb{R}^2 \\ r &\mapsto (\mathbf{x}(r), \mathbf{y}(r))^T. \end{aligned}$$

Le paramètre r est le plus souvent normalisé entre 0 et 1 ($\Omega = [0,1]$).

Surfaces explicites

Ce formalisme s’étend naturellement aux modèles déformables de \mathbb{R}^3 . (Terzopoulos et al., 1988;

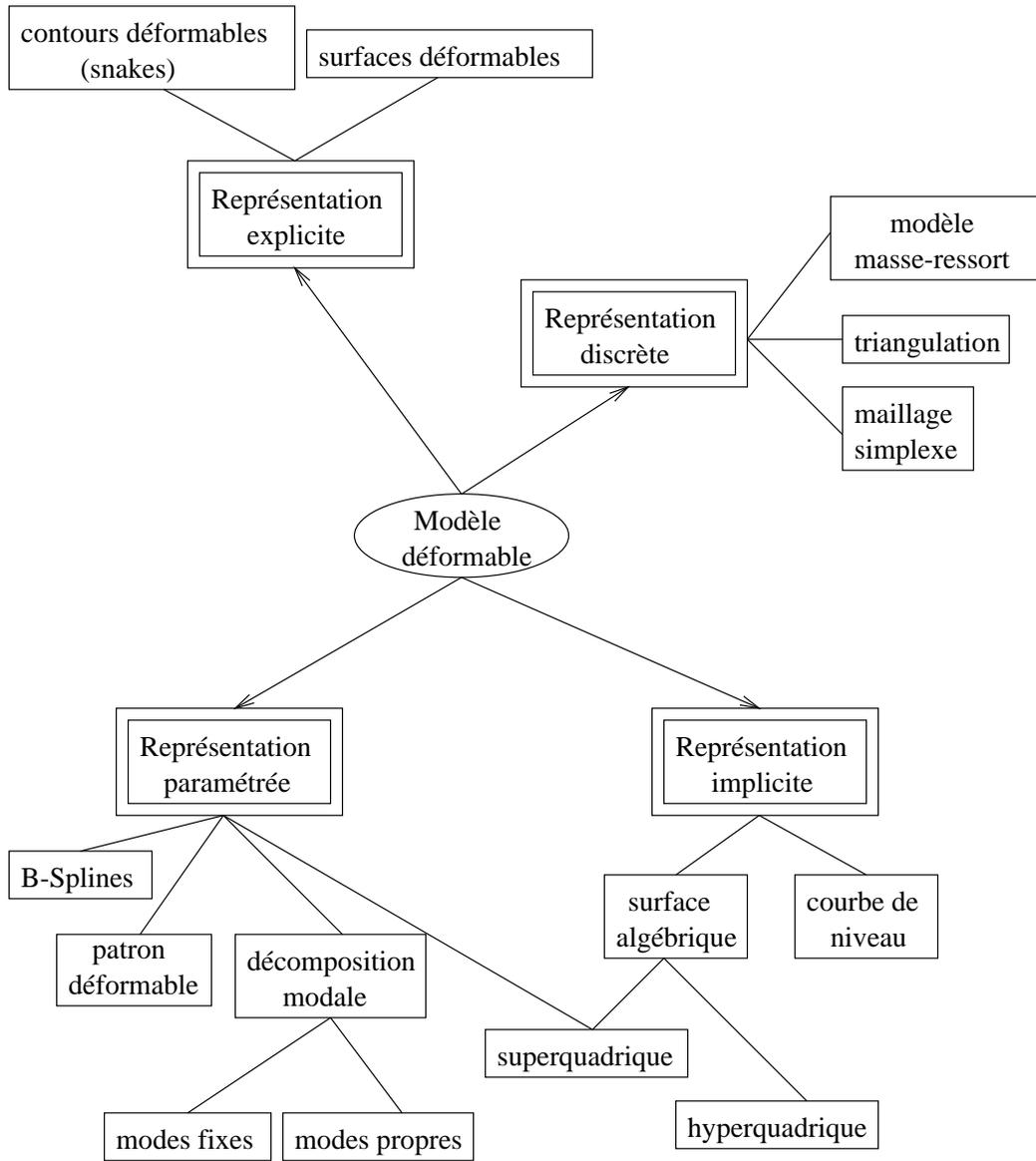


FIG. 1.1 – Différentes représentations géométriques des modèles déformables.

Terzopoulos et Fleisher, 1988) introduisent des modèles composés d'un axe (une courbe de \mathbb{R}^3) :

$$\begin{aligned} \mathcal{A} &: [0,1] \rightarrow \mathbb{R}^3 \\ r &\mapsto (\mathbf{x}(r), \mathbf{y}(r), \mathbf{z}(r))^T \end{aligned}$$

et d'une surface :

$$\begin{aligned} \mathcal{S} &: [0,1]^2 \rightarrow \mathbb{R}^3 \\ (r,s) &\mapsto (\mathbf{x}(r,s), \mathbf{y}(r,s), \mathbf{z}(r,s))^T. \end{aligned}$$

Cette formulation sera reprise dans de nombreux travaux postérieurs (Szelisky et Terzopoulos, 1989; Cohen, 1991; Terzopoulos et Szelisky, 1991; Cohen et al., 1992; McInerney et Terzopoulos, 1995a). Les surfaces déformables sont utilisées pour la reconstruction d'images médicales 3D à partir de (Cohen, 1991). Dans la suite de ce chapitre, nous noterons d'une manière plus générale un modèle déformable explicite par :

$$\begin{aligned} \mathcal{S} &: \Omega \rightarrow \mathbb{R}^n \\ \mathbf{u} &\mapsto \mathcal{S}(\mathbf{u}) = (\mathbf{x}_1(\mathbf{u}), \dots, \mathbf{x}_n(\mathbf{u}))^T, \end{aligned}$$

où $\Omega = [0,1]^p$ est l'espace des paramètres, $\mathbf{u} = (x_1, \dots, x_p)^T$ et \mathbf{x}_i est la $i^{\text{ème}}$ fonction coordonnée.

Les modèles explicites rencontrent des difficultés liées à leur nature continue. La résolution de l'évolution des modèles nécessite la discrétisation de l'espace des paramètres. Les méthodes couramment utilisées sont les différences finies ou la méthode des éléments finis. Le découpage de l'espace des paramètres en intervalles réguliers ne conduit en général pas à un découpage conforme de la surface considérée.

En outre, la représentation explicite nécessite d'introduire des conditions aux limites pour définir la topologie de la surface. Une condition de périodicité dans l'une ou les deux dimensions paramétriques conduit à une topologie cylindrique ou toroïdale respectivement. L'introduction de points pôles dans le cas cylindrique permet de représenter une sphère.

1.2.2 Modèles paramétrés

De nombreux modèles s'expriment comme une surface appartenant à une famille de surfaces paramétrées. Les paramètres du modèle sont alors ceux de la famille de surfaces à laquelle il appartient. Cette représentation est plus restrictive que la précédente puisqu'elle impose aux fonctions coordonnées $\{\mathbf{x}_i\}_i$ d'appartenir à une famille donnée de fonctions. Elle diminue le nombre de surfaces représentables. En contrepartie, le modèle ne dépend que d'un nombre restreint de paramètres et l'évolution du système en sera simplifiée d'autant.

B-splines

Très utilisées pour l'animation, les surfaces B-splines ont également séduit la communauté des modèles déformables pour la mise en correspondance de structures anatomiques (Guézic et Ayache, 1992; Blake et al., 1993) ou le suivi de contours (Bascle et Deriche, 1994) dans des séquences d'images. La transformation affine d'une modèle B-spline peut s'appliquer indifféremment aux points de contrôle ou au modèle lui-même. (Menet et al., 1991) introduisent des «*B-snakes*», contours

représentés par des courbes B-splines. En dupliquant certains points de contrôle, il imposent une continuité C^0 de la courbe qui peut alors posséder des points de coin pour représenter le contour de bâtiments. (Leitner et al., 1991; Leitner et Cinquin, 1993) modélisent des contours ou des surfaces déformables à partir de B-snakes. Les paramètres de leurs modèles sont les coefficients des fonctions de base des B-splines et pas la position des points de contrôle.

Superquadriques

Les superquadriques constituent certainement le modèle le plus fréquemment utilisé (Terzopoulos et Metaxas, 1991; Bardin et al., 1996; Robert, 1996; Vemuri et al., 1997). Les superellipsoïdes en particulier permettent de représenter des surfaces fermées. Un superellipsoïde est défini par l'équation paramétrique :

$$\mathcal{Q}_{\mathbf{q}}(r, s) = \begin{cases} a_1 \text{signe}(\cos r \cos s) |\cos r \cos s|^{\epsilon_1} \\ a_2 \text{signe}(\cos r \sin s) |\cos r \sin s|^{\epsilon_2} \\ a_3 \text{signe}(\sin s) |\sin s|^{\epsilon_3} \end{cases},$$

où $\mathbf{q} = (a_1, a_2, a_3, \epsilon_1, \epsilon_2, \epsilon_3)^T$ est le vecteur de paramètres de la famille de surfaces, $r \in [0, 2\pi[$ et $s \in [-\frac{\pi}{2}, \frac{\pi}{2}]$. Les superquadriques permettent de construire des surfaces relativement variées mais possédant toutes des axes de symétrie. Elles ne sont donc pas adaptées, dans leur forme primitive, à la représentation de structures anatomiques.

Les superquadriques disposent également d'une représentation implicite de la forme

$$F_{\mathbf{q}}(\mathbf{p}) = \left| \frac{\mathbf{p}_x}{a_1} \right|^{2/\epsilon_1} + \left| \frac{\mathbf{p}_y}{a_2} \right|^{2/\epsilon_2} + \left| \frac{\mathbf{p}_z}{a_3} \right|^{2/\epsilon_3} = 1.$$

La surface est alors définie comme $\mathcal{S}_{\mathbf{q}} = \{\mathbf{p} \in \mathbb{R}^3 | F_{\mathbf{q}}(\mathbf{p}) = 1\}$. Cette représentation permet de déterminer très facilement si un point \mathbf{p} de \mathbb{R}^3 appartient ou non à l'intérieur ($F_{\mathbf{q}}(\mathbf{p}) < 1$) ou à l'extérieur ($F_{\mathbf{q}}(\mathbf{p}) > 1$) de la surface. Dans (Bardin et al., 1995), un modèle basé sur un superellipsoïde d'équation :

$$F_{\mathbf{q}}(\mathbf{p}) = \left(\left(\left(\frac{\mathbf{p}_x}{a_1} \right)^{\frac{2}{\epsilon_2}} + \left(\frac{\mathbf{p}_y}{a_2} \right)^{\frac{2}{\epsilon_2}} \right)^{\frac{\epsilon_2}{\epsilon_1}} + \left(\frac{\mathbf{p}_z}{a_3} \right)^{\frac{2}{\epsilon_1}} \right)^{\frac{\epsilon_1}{2}} = 1 \quad (1.1)$$

est utilisée. Le choix de ce mode de représentation a une influence sur l'évolution du modèle.

Extensions des superquadriques

(Terzopoulos et Metaxas, 1991) utilisent un modèle composé d'une superquadrique qui sert de référence sur laquelle vient s'ajouter un terme de déformation autorisant des perturbations locales de la surface. La surface du modèle est définie par :

$$\mathcal{S}_{\mathbf{q}}(r, s) = \mathbf{c} + \mathbf{R} (\mathcal{Q}_{\mathbf{q}_i}(r, s) + \mathbf{d}(r, s)),$$

où \mathbf{c} représente la position du centre d'inertie de la superquadrique \mathcal{Q} , \mathbf{R} est une matrice de rotation et \mathbf{d} est un champ vectoriel de déplacement par rapport à la surface de \mathcal{Q} . Ils expriment \mathbf{d} comme

une combinaison linéaire de fonctions de déplacement de base : $\mathbf{d} = \mathbf{S}\mathbf{q}_d$ où \mathbf{S} est la matrice des fonctions de bases et \mathbf{q}_d est un vecteur de poids. Si \mathbf{q}_θ représente les paramètres de la rotation \mathbf{R} , le vecteur des paramètres du modèle s'exprime alors comme $\mathbf{q} = (\mathbf{c}_x, \mathbf{c}_y, \mathbf{q}_\theta, \mathbf{q}_l, \mathbf{q}_d)$. Cette formulation permet de représenter des surfaces moins régulières que les superquadriques, mais il ne s'agit que d'une perturbation locale et la surface reste topologiquement homéomorphe à une sphère, limitée par le modèle sous-jacent.

Dans (Metaxas et Terzopoulos, 1991), le modèle est encore enrichi pour représenter des déformations avec un sens physique de la superquadrique initiale (torsion, flexion, pincement,...). La surface du modèle s'exprime alors :

$$\mathcal{S}_{\mathbf{q}}(r, s) = \mathbf{c} + \mathbf{R}(T\mathcal{Q}_{\mathbf{q}_l}(r, s) + \mathbf{d}(r, s)),$$

où T est une transformation dont les paramètres \mathbf{q}_T s'ajoutent au vecteur \mathbf{q} .

(Vemuri et Radisavljevic, 1993) proposent à partir de ce modèle un moyen d'obtenir une transition continue entre des déformations globales (faisant intervenir les paramètres de la superquadrique seulement) et des déformations locales (faisant intervenir le terme de perturbation locale \mathbf{d}). Ils décomposent \mathbf{q}_d sur une base orthogonale d'ondelettes et choisissent le nombre de modes utiles pour représenter la déformation. Plus un grand nombre de modes est pris en considération et plus les perturbations locales ont de l'influence.

(Bardinet, 1995) utilise un modèle à base de superquadrique. Des déformations locales de la surface sont introduites par l'utilisation de déformations de forme libre de l'espace.

Patrons déformables

Dans leur article, (Yuille et Hallinan, 1991) proposent un modèle paramétré adapté à la description de l'œil (iris et pupille). La famille de contours représentables est adaptée au problème traité de manière à ne pas souffrir des limitations habituelles des modèles paramétrés.

Décomposition modale

De nombreuses représentations font intervenir la décomposition du modèle en différents modes. La base de décomposition correspond à un ensemble d'harmoniques de différentes fréquences. Cette représentation s'apparente à une famille de surfaces paramétrées dont les paramètres sont les poids des différents modes.

Plusieurs bases de décomposition peuvent être utilisées. En l'absence d'information *a priori*, la base de décomposition est fixée à l'avance, indépendamment de la surface représentée. Si un échantillon représentatif des formes à reconstruire est disponible, il est possible de déterminer une base propre des variations de la surface grâce à l'analyse en composantes principales (ACP).

- **Modes fixes**

Toute surface peut se représenter comme une série de modes de vibration. La somme des premiers modes constitue une approximation de la surface qui s'affine avec le nombre de modes pris en considération. En pratique, on cherche à utiliser un nombre minimal de modes, sachant que quelques modes suffisent à représenter des surfaces relativement complexes. En

outre, la restriction du nombre de modes correspond à un critère de régularisation de la surface. On limite ainsi l'espace de recherche de la surface lors de l'étape de reconstruction (Nastar et Ayache, 1996; Pentland et Sclaroff, 1991).

(Staib et Duncan, 1992) proposent d'utiliser une surface décomposée en modes de Fourier. Une courbe peut se représenter sous la forme :

$$\mathcal{C}_{\mathbf{q}}(r) = \begin{pmatrix} a_0 \\ c_0 \end{pmatrix} + \sum_{k=1}^{\infty} \begin{pmatrix} a_k & b_k \\ c_k & d_k \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} \cos kr \\ \sin kr \end{pmatrix},$$

où le vecteur de paramètres est $\mathbf{q} = (a_0, \dots, a_K, b_1, \dots, b_K, c_0, \dots, c_n, d_1, \dots, d_n)^T$ si on ne considère que les n premiers modes. Cette représentation s'étend aux surfaces en utilisant, par exemple, la base des harmoniques sphériques (Székely et al., 1995) pour décomposer le modèle :

$$\mathcal{S}_{\mathbf{q}}(r, s) = \sum_{k=0}^{\infty} \sum_{m=-k}^k c_k^m Y_k^m(r, s),$$

où Y_k^m représente l'harmonique sphérique de degré k et d'ordre m et $\mathbf{q} = (c_0^{-n}, \dots, c_n^n)^T$. Ce formalisme s'étend à la décomposition sur d'autres bases. Pour simplifier la paramétrisation d'une surface quelconque, Staib et Duncan proposent différentes bases de décomposition en se limitant à quelques topologies (surfaces homéomorphes à une sphère, un tore, un cylindre ou un plan).

- **Modes propres de déformation**

(Cootes et al., 1993) utilisent l'*analyse en composantes principales* (aussi connue sous le nom de décomposition de Karhunen-Loeve) pour décomposer le modèle sur les modes propres issus d'un ensemble d'apprentissage. La richesse de la base de décomposition dépend du nombre d'éléments disponibles dans l'ensemble d'apprentissage. Contrairement aux décompositions de Fourier, l'analyse en composantes principales ne permet pas de représenter une surface quelconque mais seulement les modèles qui s'expriment sous forme de combinaison linéaire des modes propres. Il s'agit de limiter les variations possibles de la forme représentée en contraignant le modèle à conserver une forme «cohérente» avec l'ensemble d'apprentissage.

L'analyse en composantes principales s'intéresse aux déformations résiduelles de l'ensemble d'apprentissage après recalage par une similitude de tous ses éléments. Une instance particulière de cet ensemble est donc définie comme :

$$\mathcal{S}_i = T(\mathbf{x}_i),$$

où \mathbf{x}_i est un vecteur de paramètres de dimension d décrivant la surface \mathcal{S}_i . Soit le vecteur \mathbf{x}_i contient les coordonnées d'un ensemble de $d/3$ sommets représentant un modèle discret $\mathbf{x}_i = (x_1, \dots, x_d)^T$ (Baldwin et al., 1998; Cootes et al., 1995) et T est une similitude, soit \mathbf{x}_i est un vecteur de paramètres $\mathbf{x}_i = \mathbf{q} = (q_1, \dots, q_d)^T$ (Székely et al., 1996) représentant la surface. Dans ce dernier cas T est une transformation de l'espace des paramètres vers l'espace

de variation de la surface. On considère un ensemble d'apprentissage constitué de n instances $(\mathbf{x}_1, \dots, \mathbf{x}_n)$ de la structure étudiée. La forme moyenne de cet ensemble est définie comme :

$$\bar{\mathbf{x}} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i$$

et sa matrice de covariance (symétrique et définie positive) :

$$\mathbf{C} = \sum_{i=1}^n (\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})(\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})^T.$$

Par diagonalisation, $\mathbf{C}\mathbf{U} = \mathbf{U}\mathbf{V}$, où \mathbf{U} est la matrice dont chaque colonne est un vecteur propre de \mathbf{C} et $\mathbf{V} = \text{diag}(v_1, \dots, v_n)$ est la matrice diagonale des valeurs propres associées. Les vecteurs colonnes \mathbf{u}_i de \mathbf{U} correspondent aux déformations « caractéristiques » présentes dans l'ensemble d'apprentissage. Chaque mode \mathbf{u}_i est pondéré par la valeur propre associée v_i . \mathbf{U} représente une base orthogonale des modes de variation des modèles de l'ensemble d'apprentissage. L'analyse en composantes principales s'appuie sur l'hypothèse d'une distribution Gaussienne des données qui conduit à une représentation linéaire. Le vecteur \mathbf{x}_i varie dans un ellipsoïde de dimension n dont les axes ont pour direction les vecteurs propres et pour amplitude les valeurs propres de \mathbf{C} .

Une nouvelle instance de la forme est représentée par une combinaison linéaire :

$$\mathbf{x} = \bar{\mathbf{x}} + \mathbf{U}\mathbf{q},$$

où \mathbf{q} est le vecteur paramètres pondérant l'influence de chaque mode de déformation. En général, on cherche à obtenir une forme qui varie relativement peu par rapport à la connaissance que l'on a des modes de déformations. On impose donc que chaque composante q_i de \mathbf{q} soit bornée : $-kv_i \leq q_i \leq kv_i$.

En pratique, n est souvent très inférieur à d et la diagonalisation de \mathbf{C} conduit à $n - 1$ vecteurs propres associés à $n - 1$ valeurs propres non nulles. Le nombre de modes disponibles dépend donc de la taille de l'ensemble d'apprentissage. Celui-ci doit être suffisamment important par rapport à la taille d des vecteurs paramètres de manière à pouvoir représenter convenablement les variations naturelles de l'objet à reconstruire. Une difficulté de cette approche consiste en la construction de l'ensemble d'apprentissage. Elle nécessite la mise en correspondance sur n modèles de d points « identiques ». Cette étape, généralement manuelle, est très fastidieuse en deux dimensions et peut devenir impossible en trois dimensions. De plus, déterminer des points identiques sur des surfaces assez lisses représentant des structures anatomiques est une tâche ardue pour un opérateur humain en dehors de quelques points caractéristiques facilement identifiables comme les extrema de courbure. Plusieurs méthodes de mise en correspondance automatique de points sur des surfaces sont présentées dans (Caunce et Taylor, 1998).

L'analyse en composantes principales a rencontré un large succès dans la littérature pour la segmentation (Cootes et al., 1995), en particulier de structures anatomiques (Ruff et al., 1996;

Hill et al., 1993), le suivi de contours (Heap et Hogg, 1998; Kervrann et Heitz, 1996) et la classification (Nastar et al., 1996). Des extensions non linéaires sont proposées dans (Chalmond et Girard, 1998; Sozou et al., 1995; Sozou et al., 1994).

1.2.3 Modèles discrets

La représentation directe des modèles déformables sous une forme discrète permet de s'affranchir complètement des problèmes de paramétrisation et de discrétisation rencontrés par les modèles paramétrés. Cependant, cette approche conduit naturellement à un schéma numérique explicite dans lequel les équations locales du mouvement ne permettent pas une régularisation importante de la surface. Il est donc souvent nécessaire d'introduire des contraintes régularisantes fortes dans le schéma d'évolution des modèles discrets.

Contour discret

Un contour déformable discret \mathcal{C} est simplement représenté par un ensemble de sommets $\{\mathbf{p}_0, \dots, \mathbf{p}_{d-1}\}$ connectés pour former une ligne polygonale fermée ou ouverte. Soit $PP_i : \{0,1\} \rightarrow \llbracket 0, d-1 \rrbracket$ la relation de voisinage du sommet numéro i :

$$\begin{cases} \forall i \in \llbracket 1, d-2 \rrbracket, PP_i(0) = i+1 \text{ et } PP_i(1) = i-1 \\ PP_0(0) = 1 \text{ et } PP_{d-1}(1) = d-2 \\ PP_0(1) = d-1 \text{ et } PP_{d-1}(0) = 0 \text{ si } \mathcal{C} \text{ est fermé.} \end{cases}$$

Triangulation

Une surface est de même représentée par un ensemble de points et une relation de voisinage entre ces points induisant des contraintes topologiques. Les triangulations, très utilisées (Lötjönen et al., 1999b), vérifient la relation (voir figure 1.2, gauche) :

$$\forall i, \forall j, \exists k, PP_i(k) = j \Rightarrow \begin{cases} \exists k_1 \neq j, \exists l, m & \text{tel que } PP_i(l) = k_1 \text{ et } PP_j(m) = k_1 \\ \exists k_2 \neq k_1, k_2 \neq j, \exists l, m & \text{tel que } PP_i(l) = k_2 \text{ et } PP_j(m) = k_2 \\ & \text{si l'arrête } \mathbf{p}_i \mathbf{p}_j \text{ n'est pas un bord} \\ \exists k_3, \exists l, m & \text{tel que } PP_i(l) = k_3 \text{ et } PP_i(m) = k_3 \Rightarrow \\ & k_3 = k_1 \text{ ou } k_3 = k_2 \end{cases}$$

Modèle masse-ressort

(Nastar et Ayache, 1996) proposent un modèle *masse-ressort* où n masses ponctuelles sont reliées quatre à quatre selon un maillage régulier (figure 1.2, centre) par des ressorts de raideur fixée. Les modèles surfaciques à base de ressort présentent l'inconvénient de connaître plusieurs positions d'équilibre au repos. Il est cependant possible d'ajouter des ressorts entre des points qui ne sont pas des voisins directs de manière à renforcer la stabilité du maillage et à lui donner un comportement volumique.

Maillages simplexes

Dans sa thèse, (Delingette, 1994b) propose une représentation particulière des surface discrètes connues sous le nom de *maillages simplexes*. Un maillage simplexe présente une structure régulière

dont chaque sommet possède exactement trois voisins (figure 1.2, droite). Nous reviendrons beaucoup plus en détail sur les maillages simplexés et leurs propriétés dans le chapitre 2 puisqu'ils constituent le centre de cette étude. La représentation géométrique des maillages simplexés est utilisée dans (Monserrat Aranda et al., 1999; Wehrmann et al., 1999; González Ballester et al., 1998).

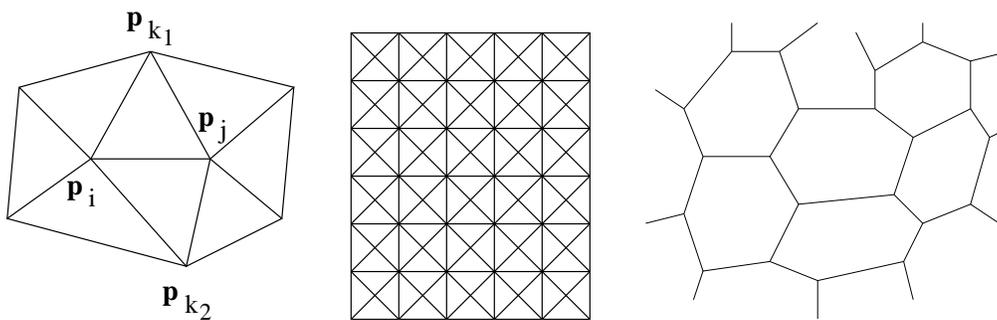


FIG. 1.2 – À gauche : triangulation. Au centre : modèle masse-ressort. À droite : maillage simplexe.

Les autres modèles discrets

(Vemuri et Guo, 1998) utilisent un modèle hybride composé d'un contour déformable discret qui, en collaboration avec une ellipse génératrice (paramétrée), permet de composer un «serpent à pédale» (*pedal snake*). La représentation discrète est également adaptée à la programmation dynamique de l'évolution du modèle comme démontré dans (Amini et al., 1990).

1.2.4 Représentation implicite

Certains modèles acceptent une représentation implicite, voire ne possèdent pas de représentation explicite. Une surface implicite est en général représentée comme l'ensemble des zéros d'une fonction f à valeurs dans \mathbb{R} , c'est à dire :

$$S_f = \{ \mathbf{p} \in \mathbb{R}^3 | f(\mathbf{p}) = 0 \}. \quad (1.2)$$

Surfaces algébriques

Les surfaces algébriques sont les surfaces vérifiant l'équation 1.2 où f est un polynôme. Elles sont intensivement utilisées dans les domaines du graphisme et de la modélisation (Taubin, 1994). (Taubin et al., 1994) utilisent des surfaces algébriques pour reconstruire des données acquises sous forme de nuages de points non structurés. Les surfaces algébriques rencontrent plusieurs problèmes. Les surfaces représentées ne sont pas nécessairement fermées. On peut cependant se restreindre à certains polynômes d'ordre pair. Les surfaces algébriques posent des difficultés de représentation graphique. En outre, le calcul de la distance d'un point à une surface algébrique, nécessaire aux algorithmes de mise en correspondance, est non trivial.

Deux types de surfaces algébriques fermées ont particulièrement retenu l'attention des chercheurs dans le domaine de l'imagerie médicale : les superquadriques et les hyperquadriques.

- **Superquadriques**

Les superquadriques, présentées dans le paragraphe 1.2.2, disposent d'une double représentation explicite et implicite. Les superellipsoïdes (équation 1.1) permettent en particulier de représenter des surfaces fermées.

- **Hyperquadriques**

Les hyperquadriques (Han et Goldgof, 1993; Cohen et Cohen, 1994) ont été définies comme une extension des superquadriques. Elles permettent de représenter une famille de surfaces plus riche. Une hyperquadrique est définie en 3D par l'équation implicite :

$$f_{\mathbf{q}}(\mathbf{p}) = \sum_{j=1}^{n \geq 3} |a_j \mathbf{p}_x + b_j \mathbf{p}_y + c_j \mathbf{p}_z + d_j|^{\epsilon_j} = 1,$$

avec $\epsilon_j > 0$ pour tout j , $\mathbf{q} = (a_1, b_1, c_1, d_1, \epsilon_1, \dots, a_n, b_n, c_n, d_n, \epsilon_n)^T$. Cette équation n'admet pas de représentation explicite dans le cas général dès que $n > 3$. La surface représentée est enfermée entre les plans d'équation $a_j \mathbf{p}_x + b_j \mathbf{p}_y + c_j \mathbf{p}_z + d_j = \pm 1$. Quand les coefficients ϵ_j tendent vers l'infini, la surface vient se confondre avec l'enveloppe convexe définie par ces plans. Tout comme les représentations modales, les hyperquadriques constituent une formulation extensible qui permet de rajouter des termes afin d'obtenir une description plus fine de la surface. Cependant, cette représentation reste limitée à la description d'objets topologiquement homéomorphes à une sphère.

Ensembles de niveaux

La technique des *ensembles de niveaux*, plus connue sous le nom de *level set*, est due à (Osher et Sethian, 1988). (Malladi et al., 1995) ont adapté cette approche pour la segmentation d'images. L'idée centrale est de représenter une surface \mathcal{S} comme une isovaleur d'une fonction $\Psi : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}$ de dimension supérieure :

$$\mathcal{S} = \{\mathbf{p} \in \mathbb{R}^3 \mid \Psi(\mathbf{p}) = 0\}.$$

Étant donnée une surface \mathcal{S}_0 , l'hyper-surface Ψ est par exemple définie comme :

$$\Psi(\mathbf{p}) = \text{dist}(\mathbf{p}, \mathcal{S}_0),$$

où «dist» représente la distance euclidienne signée d'un point à une surface (la distance est positive si le point est à l'extérieur de la surface et négative sinon). L'évolution de ce système repose sur une équation aux dérivées partielles faisant intervenir Ψ . Ce formalisme s'étend directement aux dimensions supérieures.

Le grand avantage de cette méthode est d'autoriser des changements de topologie de la surface \mathcal{S} ; elle peut connaître des ruptures ou la fusion de plusieurs composantes connexes alors que Ψ demeure une fonction. L'inconvénient principal est de devoir travailler dans un espace de dimension supérieure ce qui alourdit considérablement la charge des calculs. (Malladi et Sethian, 1998) proposent plusieurs optimisations pour accélérer les aspects numériques.

(Siddiqui et al., 1998) utilisent une équation de propagation similaire à celle de Osher *et al* pour reconnaître la forme de structures binaires à différentes échelles de lissage.

1.2.5 Systèmes de particules

Les systèmes de particules sont composés d'un grand nombre d'objets élémentaires, les *particules*, décrits par leur position, leur vitesse, leur accélération, leur masse, et tout autre paramètre d'intérêt pour l'application envisagée. Chaque particule évolue selon les lois de la mécanique Newtonienne. Les particules interagissent par l'intermédiaire de forces d'attraction-répulsion qui tendent à les organiser selon un arrangement régulier (grille hexagonale) en l'absence de sollicitation externe. La figure 1.3 montre un exemple de l'amplitude d'une force utilisée pour les systèmes de particules dans (Lombardo, 1996). De par leur définition, les systèmes de particules sont particulièrement adaptés à la représentation des solides visqueux ou des fluides (Desbrun et Gascuel, 1996).

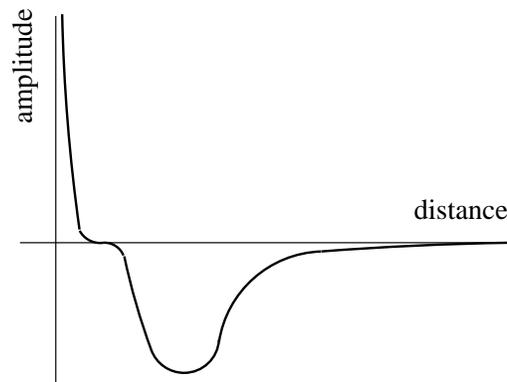


FIG. 1.3 – Amplitude d'une force de cohésion d'un système de particules.

(Szelisky et Tonnesen, 1992) définissent des particules orientées propres à construire des systèmes de particules surfaciques. Chaque particule devient un élément de surface, ou «*surfel*» par analogie aux *pixels*. À chaque particule est associée une matrice de rotation et les auteurs définissent des énergies de coplanarité et de cocircularité qui amènent les particules à se ranger sur un plan ou autour d'une sphère respectivement en l'absence de sollicitation externe. (Lombardo, 1996) étend ce concept pour pouvoir définir la courbure sur la surface du système de particules. Il propose un modèle hybride combinant un système de particules et une surface implicite représentant l'enveloppe de l'objet modélisé.

Les systèmes de particules sont très adaptés pour décrire des surfaces à topologie adaptative. (Szelisky et Tonnesen, 1992) proposent des règles *ad hoc* pour ajouter ou enlever des particules au système de manière à venir combler les trous dans la surface. Cependant, les systèmes de particules ne permettent pas de calculer directement les caractéristiques géométriques de la surface représentée et sont relativement complexes à visualiser.

1.3 Évolution des modèles déformables

Quelle que soit la représentation retenue, il est nécessaire de déformer le modèle utilisé selon un critère faisant intervenir à la fois les données à reconstruire et des contraintes régularisantes. Les

données servent de guide pour la déformation du modèle mais leur nature imparfaite nécessite en général de contraindre l'espace des déformations possibles afin de stabiliser les équations d'évolution.

Une approche classique consiste à définir une fonctionnelle E communément appelée *énergie* d'un modèle déformable. L'énergie permet de quantifier à la fois la qualité géométrique du modèle (sa régularité ou sa fidélité à une forme de référence) et la précision de la reconstruction des données. Un modèle régulier et approchant bien les données possède une énergie faible tandis que l'énergie augmente avec les irrégularités du modèle et sa distance aux données. On cherche donc un modèle minimisant E . Cette résolution nécessite de différencier puis de discrétiser l'équation de l'énergie.

Une seconde approche consiste à construire directement l'équation dérivée. Dans la mesure où la dérivée de l'énergie exprime une force, par analogie aux systèmes mécaniques, on définit de manière *ad hoc* un ensemble de forces s'exerçant sur la surface.

La figure 1.4 résume les différentes méthodes de résolution de l'équation d'évolution exposées dans les paragraphes suivants.

1.3.1 Énergie

L'énergie E d'un modèle est composée de plusieurs termes incluant au minimum un terme intrinsèque régularisant E_{reg} et un terme externe d'attache aux données E_{ext} . Dans la suite de cet exposé, on travaille dans $L^2(\Omega)$, l'ensemble des fonctions carré intégrables sur Ω : $L^2(\Omega) = \{f \in (\Omega \rightarrow \mathbb{R}) \mid \int_{\Omega} f^2 < +\infty\}$. $L^2(\Omega)$ est pourvu du produit scalaire $(f, g) = \int_{\Omega} fg$ et de la norme induite $\|f\|^2 = (f, f)$.

L'énergie d'une surface paramétrée $\mathcal{S} \in L^2(\Omega)^n$ en dimension n est définie par :

$$\begin{aligned} E & : L^2(\Omega)^n \rightarrow \mathbb{R} \\ \mathcal{S} & \mapsto E(\mathcal{S}) = E_{\text{reg}}(\mathcal{S}) + E_{\text{ext}}(\mathcal{S}). \end{aligned}$$

On admet que la fonctionnelle d'énergie est construite de manière à ce que son minimum global corresponde à la solution \mathcal{S}_0 recherchée :

$$\mathcal{S}_0 = \min_{\mathcal{S}} E(\mathcal{S}).$$

Le terme régularisant joue un rôle stabilisateur puisque le terme d'attache aux données est en général extrêmement perturbé et présente de nombreux minima locaux. Les stabilisateurs de Tikhonov sont souvent utilisés pour exprimer la régularité du modèle. Ainsi pour une surface :

$$E_{\text{reg}}(\mathcal{S}) = \int_{\Omega} \sum_{1 \leq i+j \leq k} \frac{(i+j)!}{i!j!} w_{ij}(r, s) \left\| \frac{\partial^{i+j} \mathcal{S}}{\partial r^i \partial s^j} \right\|^2 dr ds, \quad (1.3)$$

où les w_{ij} sont des fonctions positives. On utilise généralement des stabilisateurs d'ordre 2 ($k = 2$). Les surfaces utilisées doivent alors être dérivables au second ordre, c'est à dire $\mathcal{S} \in H^2(\Omega)^p$ où $H^2(\Omega)$ est l'espace de Sobolev défini par :

$$H^2(\Omega) = \left\{ f \in L^2(\Omega) \mid \forall i, j \frac{\partial^2 f}{\partial x_i \partial x_j} \in L^2(\Omega) \right\}.$$

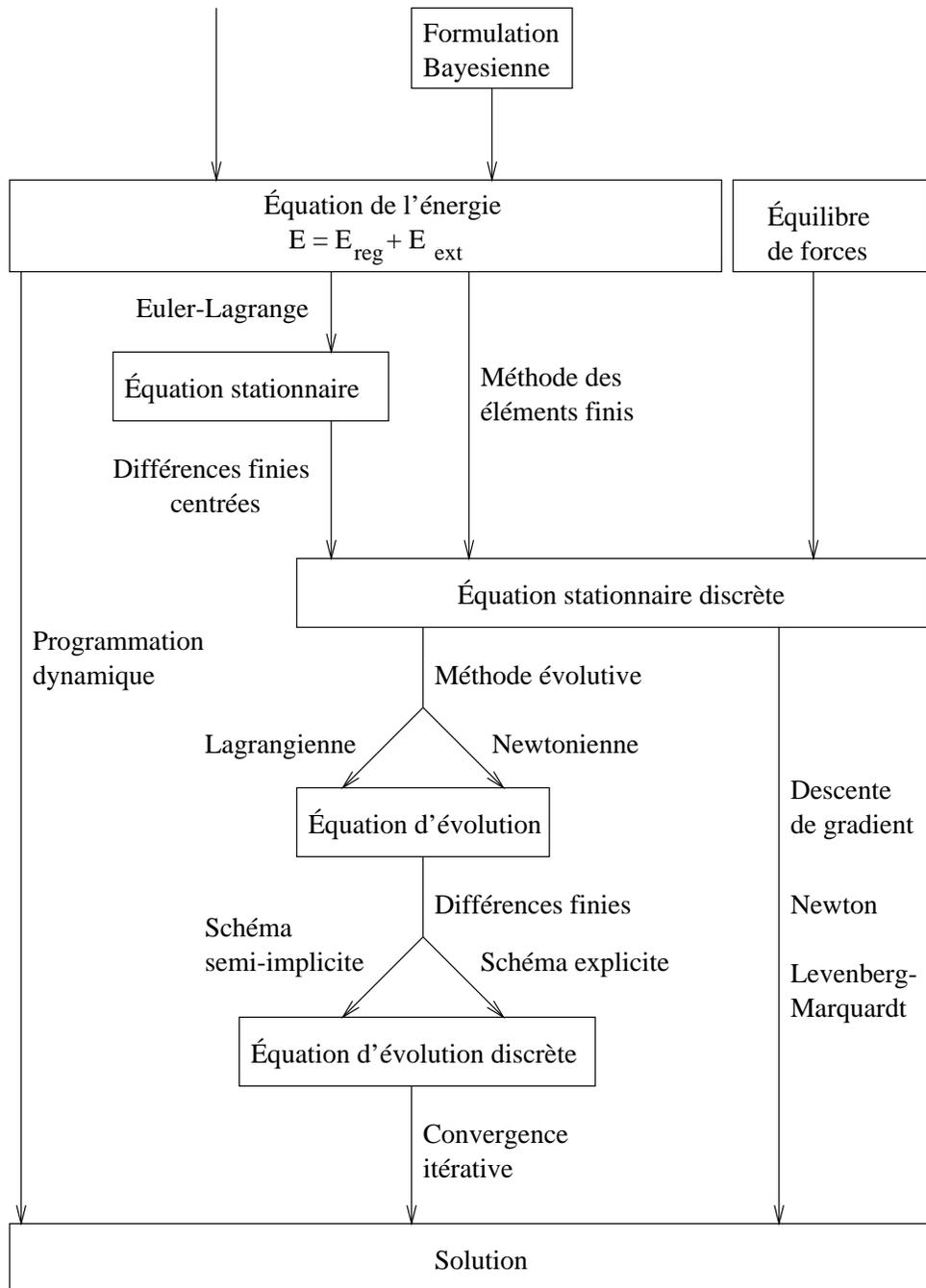


FIG. 1.4 – Résolution de l'équation d'évolution des modèles déformables.

Une surface régularisée par un stabilisateur de Tikhonov du second ordre est assimilable à une membrane fine d'énergie mécanique E_{reg} . Les fonctions w_{10} et w_{01} expriment la tension de la membrane et w_{20} , w_{02} et w_{11} sa rigidité.

Le terme d'attache aux données est dépendant d'un potentiel P calculé à partir des données ($P = -\|\nabla I\|^2$ pour l'image I dans sa forme la plus simple) :

$$E_{\text{ext}}(\mathcal{S}) = \int_{\Omega} P(\mathcal{S}(r,s)) dr ds.$$

Le problème consiste donc à déterminer la surface \mathcal{S}_0 telle que :

$$\mathcal{S}_0 = \min_{\mathcal{S}} \int_{\Omega} w_{10} \left| \frac{\partial \mathcal{S}}{\partial r} \right|^2 + w_{01} \left| \frac{\partial \mathcal{S}}{\partial s} \right|^2 + 2w_{11} \left| \frac{\partial^2 \mathcal{S}}{\partial r \partial s} \right|^2 + w_{20} \left| \frac{\partial^2 \mathcal{S}}{\partial r^2} \right|^2 + w_{02} \left| \frac{\partial^2 \mathcal{S}}{\partial s^2} \right|^2 dr ds + \int_{\Omega} P(\mathcal{S}) dr ds. \quad (1.4)$$

L'équation 1.4 ne connaît pas de solution analytique. Il est nécessaire de la discrétiser et d'utiliser un schéma itératif de résolution. La méthode la plus couramment utilisée est de réécrire cette équation comme une équation stationnaire correspondant à un équilibre de forces puis de la discrétiser en utilisant les différences finies. Des méthodes concurrentes comme les éléments finis, la programmation dynamique (Amini et al., 1990) ou les algorithmes gloutons (Williams et Shah, 1992) sont également utilisées.

1.3.2 Discrétisation par les différences finies

L'énergie est généralement non convexe et possède plusieurs minima locaux. On cherche un moyen de faire converger le modèle vers l'un de ces minima. Le résultat de la minimisation sera donc dépendant des conditions initiales choisies.

Équation stationnaire

En utilisant l'équation d'Euler-Lagrange ($\nabla E(\mathcal{S}) = 0$), on peut prouver qu'un minimum local de l'énergie vérifie nécessairement (Cohen, 1992), chapitre 4 :

$$\left\{ \begin{array}{l} -\frac{\partial}{\partial r} \left(w_{10} \frac{\partial \mathcal{S}}{\partial r} \right) - \frac{\partial}{\partial s} \left(w_{01} \frac{\partial \mathcal{S}}{\partial s} \right) + 2 \frac{\partial^2}{\partial r \partial s} \left(w_{11} \frac{\partial^2 \mathcal{S}}{\partial r \partial s} \right) + \frac{\partial^2}{\partial r^2} \left(w_{20} \frac{\partial^2 \mathcal{S}}{\partial r^2} \right) + \frac{\partial^2}{\partial s^2} \left(w_{02} \frac{\partial^2 \mathcal{S}}{\partial s^2} \right) = -\nabla P(\mathcal{S}) \\ \text{conditions aux limites.} \end{array} \right. \quad (1.5)$$

Cette équation peut être vue comme un équilibre des forces internes régularisant la surface et des forces externes issues des données. Elle fait intervenir des dérivées à l'ordre quatre de la surface qui risquent de poser des problèmes d'instabilité des calculs. \mathcal{S} doit nécessairement appartenir à $H^4(\Omega)^p$.

On détermine une solution de 1.5 en discrétisant cette équation par la méthode des différences finies centrées.

Différences finies

Le domaine des paramètres Ω est discrétisé selon une grille régulière $\Omega_{\Delta r \Delta s}$ de nœuds de taille $M \times N$. Les nœuds sont espacés de $\Delta r = \frac{1}{M-1}$ et $\Delta s = \frac{1}{N-1}$. La fonction $f(r,s)$ est représentée

par le tableau de valeurs $f[m,n] = f(m\Delta r, n\Delta s)$ avec $0 \leq m \leq M$ et $0 \leq n \leq N$. Les opérateurs discrets de dérivation dans l'espace des paramètres sont définis par des différences centrées :

$$\frac{\partial f}{\partial r}(mh_1, nh_2) \simeq D_r f[m,n] = \frac{f[m+1,n] - f[m-1,n]}{2\Delta r},$$

$$\frac{\partial f}{\partial s}(mh_1, nh_2) \simeq D_s f[m,n] = \frac{f[m,n+1] - f[m,n-1]}{2\Delta s},$$

$$\frac{\partial^2 f}{\partial r^2}(mh_1, nh_2) \simeq D_{rr} f[m,n] = \frac{f[m+1,n] - 2f[m,n] + f[m-1,n]}{4\Delta r^2},$$

$$\frac{\partial^2 f}{\partial s^2}(mh_1, nh_2) \simeq D_{ss} f[m,n] = \frac{f[m,n+1] - 2f[m,n] + f[m,n-1]}{4\Delta s^2},$$

$$\frac{\partial^2 f}{\partial r \partial s}(mh_1, nh_2) \simeq D_{rs} f[m,n] = \frac{f[m+1,n+1] - f[m-1,n+1] - f[m+1,n-1] + f[m-1,n-1]}{4\Delta r \Delta s}.$$

Après discrétisation de l'équation 1.3, l'énergie interne s'exprime sous la forme matricielle $\mathbf{K}(\mathcal{S})\mathcal{S}$ où \mathbf{K} est une matrice de rigidité de taille $MN \times MN$ et le potentiel des données s'exprime comme un vecteur force $\mathbf{f}(\mathcal{S})$. L'équation stationnaire forme donc un système non linéaire d'équations couplées :

$$\mathbf{K}(\mathcal{S})\mathcal{S} = \mathbf{f}(\mathcal{S}). \quad (1.6)$$

Lorsque les fonctions w_{ij} sont fixées, le système d'équation devient linéaire :

$$\mathbf{K}\mathcal{S} = \mathbf{f}(\mathcal{S}). \quad (1.7)$$

1.3.3 Discrétisation par les éléments finis

L'espace de Sobolev $H_0^2(\Omega)$ est défini par :

$$H_0^2(\Omega) = \left\{ f \in H^2(\Omega) \mid f|_{\partial\Omega} = 0 \text{ et } \partial f|_{\partial\Omega} = 0 \text{ et } \partial^2 f|_{\partial\Omega} = 0 \right\},$$

où $\partial\Omega$ représente le bord de Ω . On peut prouver (Cohen, 1992), chapitre 4, que la résolution de l'équation 1.5 est équivalente à trouver une fonction $v : t \in [0, T] \mapsto v(t) = (\mathbf{u} \in \Omega \mapsto \mathcal{S}(\mathbf{u}, t)) \in H_0^2(\Omega)$ telle que :

$$\forall u \in H_0^2(\Omega), a(v(t), u) = L_v(u),$$

où la forme bilinéaire a est définie par :

$$a(u, v) = \int_{\Omega} w_{10} \frac{\partial u}{\partial r} \frac{\partial v}{\partial r} + w_{01} \frac{\partial u}{\partial s} \frac{\partial v}{\partial s} + w_{20} \frac{\partial^2 u}{\partial r^2} \frac{\partial^2 v}{\partial r^2} + 2w_{11} \frac{\partial^2 u}{\partial r \partial s} \frac{\partial^2 v}{\partial r \partial s} + w_{02} \frac{\partial^2 u}{\partial s^2} \frac{\partial^2 v}{\partial s^2} ds dr$$

et la forme linéaire L_v par :

$$L_v(u) = - \int_{\Omega} \nabla P(v) u dr ds.$$

On s'intéresse donc à la résolution du problème variationnel :

$$a(\mathcal{S}, u) = L_{\mathcal{S}}(u), \forall u \in H_0^2(\Omega)$$

qui admet une solution unique si les coefficients de régularisation (w_{10} , w_{01} , w_{11} , w_{20} et w_{02}) sont positifs puisque a est H_0^2 -elliptique.

La méthode des éléments finis permet de déterminer une approximation discrète v_h de la solution v dans un espace de dimension finie $V_h \subset H_0^2(\Omega)$ qui vérifie :

$$\lim_{h \rightarrow 0} \|v - v_h\| = 0.$$

La fonction v_h est polynomiale par morceaux sur une base de V_h dont les fonctions génératrices sont définies sur un petit support.

Ω est décomposé en éléments triangulaires ou rectangulaires. Les éléments rectangulaires ne permettent pas de représenter toutes les topologies mais conduisent à un système linéaire moins important à résoudre. Considérons, comme dans le cas des différences finies, l'ensemble des nœuds $\Omega_{\Delta r \Delta s} = \{N_{m,n}\}_{m,n}$ tels que $N_{m,n} = (m\Delta r, n\Delta s)$ définissant des éléments finis rectangulaires $K_{m,n} = [N_{m,n}, N_{m+1,n}] \times [N_{m,n}, N_{m,n+1}]$.

Nous considérons ici les éléments finis de Bogner-Fox-Schmidt. Soit $Q_3(\mathbb{R}^2)$ l'ensemble des polynômes $\left\{p(r,s) = \sum_{0 \leq k,l \leq 3} \gamma_{k,l} s^k r^l\right\}$, on définit alors V_h par :

$$V_h = \left\{v \in C^1(\Omega) \mid v|_{K_{i,j}} \in Q_3(K_{i,j})\right\},$$

où $Q_3(K_{i,j}) = \left\{p|_{K_{i,j}} \mid p \in Q_3(\mathbb{R}^2)\right\}$. La base des éléments finis de Bogner-Fox-Schmidt est obtenue par produit tensoriel des fonctions de base Φ et Ψ des éléments finis de Hermite dans \mathbb{R} :

$$\Phi(x) = \begin{cases} -\frac{2}{h^3}x^3 - \frac{3}{h^2}x^2 + 1 & \text{si } x \in [-h,0] \\ \frac{2}{h^3}x^3 - \frac{3}{h^2}x^2 + 1 & \text{si } x \in [0,h] \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad \Psi(x) = \begin{cases} \frac{1}{h^2}x^3 + \frac{2}{h}x^2 + x & \text{si } x \in [-h,0] \\ \frac{1}{h^2}x^3 - \frac{2}{h}x^2 + x & \text{si } x \in [0,h] \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

On peut alors exprimer v_h comme :

$$v_h(r,s) = \sum_{|k-i|<1, |l-j|<1} \left(v_h(N_{k,l})\Phi(r) + \frac{\partial v_h}{\partial r}(N_{k,l})\Psi(r) \right) \Phi(s) + \left(\frac{\partial v_h}{\partial s}(N_{k,l})\Phi(r) + \frac{\partial^2 v_h}{\partial r \partial s}(N_{k,l})\Psi(r) \right) \Psi(s)$$

qui constitue un système linéaire dont les inconnues sont les termes $v_h(N_{k,l})$, $\frac{\partial v_h}{\partial r}(N_{k,l})$, $\frac{\partial v_h}{\partial s}(N_{k,l})\Phi(r)$ et $\frac{\partial^2 v_h}{\partial r \partial s}(N_{k,l})$ en chaque nœud. Ce système s'écrit sous la forme :

$$\mathbf{Kx} = \mathbf{f}$$

équivalente à l'équation 1.7.

Comme les éléments finis, les B-splines représentent le modèle par un produit tensoriel de courbes polynomiales et contrôlent sa forme en fonction d'un certain nombre de nœuds. La formulation B-spline est en fait équivalente à l'utilisation d'éléments finis sur une base particulière (Cohen et Cohen, 1993).

La formulation par éléments finis ne fait intervenir que les dérivées secondes de la surface contrairement aux différences finies. En outre, elle permet de déterminer la surface et ses valeurs différentielles en tout point et pas seulement aux nœuds. L'expression de v_h peut ne pas être linéaire mais faire intervenir des combinaisons d'ordre supérieur. Cette formulation nécessite moins de nœuds que les différences finies puisqu'elle réalise l'interpolation des fonctions manipulées entre les nœuds. Cependant elle est sensiblement plus coûteuse en temps de calcul que la méthode des différences finies.

1.3.4 Programmation dynamique

L'utilisation de la programmation dynamique pour la résolution de l'équation d'évolution est introduite dans (Amini et al., 1990). Elle repose sur une expression discrétisée de l'énergie d'un contour déformable :

$$E(\mathcal{C}) = \sum_{i=0}^{d-1} E_{\text{reg}}(\mathbf{p}_i) + E_{\text{ext}}(\mathbf{p}_i),$$

où $\mathcal{C} = \{\mathbf{p}_0, \dots, \mathbf{p}_{d-1}\}$. Cette énergie peut se réécrire sous la forme :

$$E(\mathcal{C}) = E_0(\mathbf{p}_0, \mathbf{p}_1) + E_1(\mathbf{p}_1, \mathbf{p}_2) + \dots + E_{d-1}(\mathbf{p}_{d-1}, \mathbf{p}_{d-2}). \quad (1.8)$$

En introduisant les notations :

$$\begin{cases} s_0(\mathbf{p}_1) = \min_{\mathbf{p}_0} E_0(\mathbf{p}_0, \mathbf{p}_1) \\ \forall k \in [1, d-1], s_k(\mathbf{p}_{k+1}) = \min_{\mathbf{p}_k} \{s_{k-1}(\mathbf{p}_k) + E_k(\mathbf{p}_k, \mathbf{p}_{k-1})\} \end{cases},$$

on trouve le minimum global de la fonctionnelle d'énergie $\min E = \min_{\mathbf{p}_{d-1}} s_{d-2}(\mathbf{p}_{d-1})$ par une méthode de programmation dynamique. Le contour correspondant à ce minimum est reconstruit en remontant dans la matrice des positions. (Geiger et al., 1995) optimisent cet algorithme en utilisant une méthode multi-échelle.

La programmation dynamique permet de retrouver directement le minimum global de la fonctionnelle d'énergie. Il est également possible d'introduire des contraintes supplémentaires comme, par exemple, une distance minimale à respecter entre chaque paire de sommets. L'algorithme n'est alors plus assuré de trouver une solution si aucun minimum ne vérifie la contrainte imposée.

L'extension de cet algorithme au cas de surfaces déformables est non trivial en raison de la difficulté à décomposer l'énergie discrète en une somme de termes comme dans l'équation 1.8.

1.3.5 Approche Bayésienne

Une autre approche classique de l'optimisation d'une surface \mathcal{S} dans une image I est d'utiliser un cadre statistique (Yuille et Hallinan, 1991). On appelle $P(\mathcal{S}|I)$ le *modèle statistique a posteriori*. Il permet d'estimer l'adéquation de la surface \mathcal{S} en fonction de la donnée image I . La solution recherchée est le *maximum a posteriori* (MAP) c'est à dire la surface maximisant la probabilité du modèle *a posteriori* :

$$\text{MAP} = \max_{\mathcal{S}} P(\mathcal{S}|I)$$

Le modèle *a posteriori* est estimé en faisant appel à la règle de Bayes :

$$P(\mathcal{S}|I) = \frac{P(I|\mathcal{S})P(\mathcal{S})}{P(I)} \quad (1.9)$$

dont les différents termes sont :

- $P(I) = \sum_{\mathcal{S}} P(I|\mathcal{S})$ est une constante de normalisation.
- Le *modèle a priori* $P(\mathcal{S})$ est un modèle géométrique qui mesure la qualité de la forme de la surface \mathcal{S} en l'absence de données.
- Le *modèle de données* $P(I|\mathcal{S})$ décrit comment une surface donnée engendre les intensités présentes dans l'image. C'est une description du processus stochastique qui relie l'état inconnu \mathcal{S} aux données I .

Le modèle *a priori* doit conduire à des probabilités fortes pour des configurations de \mathcal{S} correspondant à une énergie régularisante faible. Il est courant d'utiliser une distribution de Gibbs (ou Boltzmann) de la forme :

$$P(\mathcal{S}) = \frac{1}{Z_{\text{reg}}} e^{-E_{\text{reg}}(\mathcal{S})},$$

où Z_{reg} est une constante de normalisation appelée la fonction de partition.

De la même façon, le modèle de données peut s'exprimer en utilisant la distribution de Gibbs, si on suppose un modèle d'acquisition basé sur des mesures linéaires avec un bruit Gaussien :

$$P(I|\mathcal{S}) = \frac{1}{Z_{\text{ext}}} e^{-E_{\text{ext}}(\mathcal{S})}$$

et finalement le modèle *a posteriori* s'exprime comme :

$$P(\mathcal{S}|I) = \frac{1}{Z} e^{-E(\mathcal{S})}.$$

Le maximum de la probabilité conditionnelle $P(\mathcal{S}|I)$ coïncide donc avec le minimum de l'énergie.

Cette approche est intéressante dans le cas où le terme d'attache aux données peut être dérivé en prenant en compte les caractéristiques du bruit lors de l'acquisition dans le modèle de données. Elle permet de quantifier l'incertitude correspondant au modèle *a posteriori*.

(Terzopoulos et Szelisky, 1991) décrivent un «*snake* de Kalman» basé sur une modélisation probabiliste en ajoutant un filtre de Kalman aux modèles *a priori* et de données dans la formulation Bayésienne.

1.3.6 Forces

Alternativement, chaque terme de l'équation stationnaire 1.5 peut être vu comme un équilibre entre des forces internes (le terme de gauche) et des forces externes (le terme de droite) s'appliquant sur la surface. On peut donc définir directement des forces f_{int} assurant certaines propriétés de régularité de la surface et des forces externes f_{ext} contrôlant la convergence de la surface vers les données et écrire l'équation d'équilibre des forces :

$$\sum f_{\text{int}}(\mathcal{S}) = - \sum f_{\text{ext}}(\mathcal{S})$$

qui se résout de manière similaire à l'équation stationnaire 1.5.

Ces forces ne dérivant pas d'une énergie, on devra s'assurer lors de leur construction qu'elles induisent un schéma numérique stable et qu'elles assurent les propriétés de régularité désirées. Les forces internes doivent amener le modèle à converger vers une forme unique et s'annuler lorsque les contraintes régularisantes sont satisfaites. Les forces externes doivent permettre de converger vers les données sans introduire d'oscillations. On utilise des fonctions de distance : des forces proportionnelles à la distance du modèle aux données qui s'annulent lorsque le modèle se superpose aux données.

1.3.7 Équation d'évolution

La résolution de l'équation stationnaire nécessite une méthode itérative qui, dans tous les cas, part d'une solution initiale pour converger. Les méthodes directes sont des techniques classiques de minimisation d'une fonction multivariée comme la descente de gradient. Un autre approche consiste à introduire des termes évolutifs dans l'équation stationnaire puis à résoudre itérativement le système différentiel.

Résolution par descente de gradient

La descente de gradient ou l'un des algorithmes dérivés (Press et al., 1992) permettent la minimisation d'une fonction comme celle de l'énergie. On suppose ici que l'énergie E est discrétisée en utilisant un schéma des différences finies comme explicité dans le paragraphe 1.3.2 par exemple.

- **Descente de gradient.**

Cette méthode nécessite de prendre une surface initiale \mathcal{S}_0 à partir de laquelle on évolue en suivant la ligne de plus grande pente de l'énergie. On itère en appliquant la formule :

$$\mathcal{S}_{k+1} = \mathcal{S}_k - \Delta t \nabla \mathbf{E}(\mathcal{S}_k) \quad (1.10)$$

où Δt est une constante strictement positive. Cette méthode converge vers un minimum local. Le choix de la solution initiale est donc déterminant.

Lorsque l'on trouve le minimum d'une fonction selon une direction, le gradient en ce minimum est nécessairement orthogonal à la direction suivie. Une descente de gradient va donc tendre à évoluer par pas constants en suivant des directions orthogonales les unes aux autres, ce qui ne conduit en général pas au plus vite vers le minimum local de la fonction. En conséquence, la convergence peut nécessiter un grand nombre d'itérations.

- **Gradient conjugué.**

La méthode des gradients conjugués est similaire à la précédente, mais cherche à chaque itération à se déplacer dans une nouvelle direction orthogonale à toutes les précédentes. Soit $g_k = -\nabla E(\mathcal{S}_k)$. Si d_k est la direction suivie par l'algorithme à l'itération k , alors la direction :

$$d_{k+1} = g_k + \frac{(g_k - g_{k-1}) \cdot g_k}{g_{k-1} \cdot g_{k-1}} d_k$$

est conjuguée aux directions $d_i, i \in [0, k]$. Si \mathbf{E} est une forme quadratique, l'algorithme converge de manière optimale en m itérations, où m est la dimension de la matrice \mathbf{E} .

- **Méthode de Newton.**

Si la fonctionnelle d'énergie est de classe \mathcal{C}^2 , on peut l'approcher par son développement de Taylor au second ordre au voisinage d'un point \mathcal{S}_k :

$$T(\mathcal{S}) = \mathbf{E}(\mathcal{S}_k) + (\mathcal{S} - \mathcal{S}_k)\nabla\mathbf{E}(\mathcal{S}_k) + \frac{1}{2}(\mathcal{S} - \mathcal{S}_k)^T\nabla^2\mathbf{E}(\mathcal{S}_k)(\mathcal{S} - \mathcal{S}_k)$$

Si la matrice Hessienne $\nabla^2\mathbf{E}(\mathcal{S}_k)$ est définie positive alors T admet un minimum unique défini par :

$$\mathcal{S}_{k+1} = \mathcal{S}_k - \left[\nabla^2\mathbf{E}(\mathcal{S}_k)\right]^{-1} \nabla\mathbf{E}(\mathcal{S}_k) \quad (1.11)$$

Dans le cas d'une forme quadratique, cette méthode converge vers le minimum en une itération. Dans le cas contraire, il faut itérer jusqu'à convergence.

- **Méthode de Levenberg-Marquardt.**

Si la fonctionnelle d'énergie est proche d'une forme quadratique, la méthode de Newton (équation 1.11) est efficace et conduit à une bonne approximation du résultat. Dans le cas contraire, le mieux que l'on puisse faire est d'utiliser une méthode de descente de gradient (équation 1.10). La méthode de Levenberg-Marquardt permet de passer de manière continue d'une convergence de type Newton à une convergence de type descente de gradient alors qu'on s'approche du minimum. On peut mettre les équations 1.10 et 1.11 sous la forme :

$$\mathbf{A}(\mathcal{S}_k)(\mathcal{S}_{k+1} - \mathcal{S}_k) = \nabla\mathbf{E}(\mathcal{S}_k) \quad \text{avec} \quad \mathbf{A}(\mathcal{S}_k) = \begin{cases} \frac{\mathbf{I}}{\Delta t} & \text{pour 1.10} \\ \nabla^2\mathbf{E}(\mathcal{S}_k) & \text{pour 1.11} \end{cases}, \quad (1.12)$$

où \mathbf{I} représente la matrice identité. La méthode de Levenberg-Marquardt consiste à prendre :

$$\mathbf{A}(\mathcal{S}_k) = \nabla^2\mathbf{E}(\mathcal{S}_k) + \rho\mathbf{I}$$

dans l'équation 1.12. Lorsque la constante ρ est nulle ou presque, on s'approche d'une résolution de Newton. En revanche, si ρ est grand, les termes diagonaux de la matrice $\mathbf{A}(\mathcal{S}_k)$ deviennent prépondérants et la résolution est proche d'une descente de gradient.

(Vemuri et al., 1997) introduisent de nouveaux algorithmes de résolution numérique et comparent leur efficacité.

Résolution par méthodes itératives

L'équation stationnaire discrète 1.7 est non linéaire. Sa résolution nécessite une expression évolutive qui va itérativement converger vers la solution. De nombreuses méthodes de résolution des systèmes évolutifs sont présentées dans (Press et al., 1992), chapitres 10 et 14.

L'approche évolutive consiste à considérer le modèle comme une entité dynamique évoluant selon un paramètre t :

$$\begin{aligned} \mathcal{S} & : \quad \Omega \times [0, +\infty] \rightarrow \mathbb{R}^n \\ & \quad (\mathbf{u}, t) \mapsto \mathcal{S}(\mathbf{u}, t) \end{aligned}$$

et un terme d'énergie correspondant :

$$\mathbf{E}(\mathcal{S}, t) = \mathbf{E}(\mathcal{S}(\cdot, t)).$$

On introduit alors des termes inertiels dans l'équation 1.7 du premier ordre (évolution Lagrangienne) :

$$\frac{\partial \mathcal{S}}{\partial t} + \mathbf{K}\mathcal{S} = \mathbf{f}(\mathcal{S})$$

ou du second ordre (évolution Newtonienne) :

$$\mathbf{M}\frac{\partial^2 \mathcal{S}}{\partial t^2} + \mathbf{C}\frac{\partial \mathcal{S}}{\partial t} + \mathbf{K}\mathcal{S} = \mathbf{f}(\mathcal{S}), \quad (1.13)$$

où \mathbf{M} et \mathbf{C} sont deux matrices $NM \times NM$ représentant la masse du modèle et la viscosité du milieu. M et N sont les dimensions de l'espace discrétisé des paramètres $\Omega_{\Delta s \Delta r}$.

Cette formulation aboutit à un schéma évolutif adapté aux contours actifs puisqu'il permet à l'utilisateur d'interagir avec le modèle au cours du processus de déformation. Elle nécessite de disposer d'une surface initiale proche de la solution $\mathcal{S}_0 = \mathcal{S}(\cdot, 0)$ qui évolue jusqu'à ce que les termes inertiels s'annulent. La surface est alors en équilibre entre les forces régularisantes et les forces d'attache aux données.

Dans la mesure où on ne cherche pas à donner une signification physique aux déformations du système, de nombreux auteurs considèrent que la masse du système est nulle, supprimant ainsi le terme du second ordre (Terzopoulos et Metaxas, 1991; Cohen, 1991).

Le système dynamique 1.13 doit encore être discrétisé dans le temps. La discrétisation de la variable t nécessite l'utilisation d'un schéma de différences finies. Étant donné un pas de temps Δt , la différenciation dans le temps est approchée par :

$$\frac{\partial \mathcal{S}}{\partial t} \simeq \frac{\mathcal{S}_{t+\Delta t} - \mathcal{S}_{t-\Delta t}}{2\Delta t} \simeq \frac{\mathcal{S}_{t+\Delta t} - \mathcal{S}_t}{\Delta t} \quad \text{et} \quad \frac{\partial^2 \mathcal{S}}{\partial t^2} \simeq \frac{\mathcal{S}_{t+\Delta t} - 2\mathcal{S}_t + \mathcal{S}_{t-\Delta t}}{\Delta t^2}.$$

Les matrices \mathbf{M} et \mathbf{C} sont construites de manière à être diagonales ou diagonales par bandes. Elles conduisent donc à des équations découplées et sont facilement inversibles. Le résultat de la discrétisation dans le temps conduit soit à un schéma explicite, soit à un schéma implicite.

Un schéma explicite :

$$\mathbf{M}\frac{\mathcal{S}_{t+\Delta t} - 2\mathcal{S}_t + \mathcal{S}_{t-\Delta t}}{\Delta t^2} + \mathbf{C}\frac{\mathcal{S}_{t+\Delta t} - \mathcal{S}_t}{\Delta t} + \mathbf{K}\mathcal{S}_t = \mathbf{f}(\mathcal{S}_t), \quad (1.14)$$

n'est assuré de converger que si le pas de temps est choisi suffisamment faible (Press et al., 1992), chapitre 17. Cependant l'équation 1.14 permet de déterminer $\mathcal{S}_{t+\Delta t}$ explicitement à partir de \mathcal{S}_t et $\mathcal{S}_{t-\Delta t}$:

$$\mathcal{S}_{t+\Delta t} = \left(\frac{\mathbf{M}}{\Delta t^2} + \frac{\mathbf{C}}{\Delta t} \right)^{-1} \left(\left(\frac{2\mathbf{M}}{\Delta t^2} + \frac{\mathbf{C}}{\Delta t} - \mathbf{K} \right) \mathcal{S}_t - \frac{\mathbf{M}}{\Delta t^2} \mathcal{S}_{t-\Delta t} + \mathbf{f}(\mathcal{S}_t) \right). \quad (1.15)$$

Elle est simple et peu coûteuse à résoudre. Dans le cas où $\mathbf{M} = 0$, et $\mathbf{C} = \mathbf{I}$, l'équation 1.15 se simplifie en :

$$\mathcal{S}_{t+\Delta t} = \mathcal{S}_t - \Delta t(\mathbf{K}\mathcal{S}_t - \mathbf{f}(\mathcal{S}_t)) = \mathcal{S}_t - \Delta t \nabla \mathbf{E}.$$

Le schéma explicite Lagrangien conduit donc exactement à la même équation que la descente de gradient 1.10.

Un schéma implicite :

$$\mathbf{M} \frac{\mathcal{S}_{t+\Delta t} - 2\mathcal{S}_t + \mathcal{S}_{t-\Delta t}}{\Delta t^2} + \mathbf{C} \frac{\mathcal{S}_{t+\Delta t} - \mathcal{S}_{t-\Delta t}}{2\Delta t} + \mathbf{K}\mathcal{S}_{t+\Delta t} = \mathbf{f}(\mathcal{S}_{t+\Delta t}).$$

est impossible à résoudre puisqu'il nécessiterait de pouvoir calculer $\mathbf{f}(\mathcal{S}_{t+\Delta t})$. On se reporte en pratique sur un schéma semi-implicite :

$$\mathbf{M} \frac{\mathcal{S}_{t+\Delta t} - 2\mathcal{S}_t + \mathcal{S}_{t-\Delta t}}{\Delta t^2} + \mathbf{C} \frac{\mathcal{S}_{t+\Delta t} - \mathcal{S}_{t-\Delta t}}{2\Delta t} + \mathbf{K}\mathcal{S}_{t+\Delta t} = \mathbf{f}(\mathcal{S}_t). \quad (1.16)$$

Le schéma semi-implicite est plus stable que le schéma explicite et assure la convergence numérique pour des pas de temps plus élevés. Le schéma semi-implicite 1.16 nécessite la résolution d'un système d'équations linéaires couplées à chaque itération :

$$\mathcal{S}_{t+\Delta t} = \left(\frac{\mathbf{M}}{\Delta t^2} + \frac{\mathbf{C}}{2\Delta t} + \mathbf{K} \right)^{-1} \left(\frac{2\mathbf{M}}{\Delta t^2} \mathcal{S}_t + \left(\frac{\mathbf{C}}{2\Delta t} - \frac{\mathbf{M}}{\Delta t^2} \right) \mathcal{S}_{t-\Delta t} + \mathbf{f}(\mathcal{S}_t) \right)$$

Bien que nécessitant moins d'itérations que le schéma explicite puisqu'utilisant un pas de temps plus grand, il nécessite l'inversion coûteuse de la matrice \mathbf{K} . Cette matrice est susceptible de changer et doit être inversée de nouveau si la topologie ou les paramètres physiques du maillage évoluent.

Cas des modèles paramétrés

Dans le cas des modèles paramétrés, on cherche à déterminer un vecteur de paramètres \mathbf{q} décrivant la surface $\mathcal{S}_q = \mathbf{T}\mathbf{q}$ où \mathbf{T} est une matrice de transformation. Cette représentation discrète conduit à une équation d'évolution similaire à 1.13 :

$$\mathbf{M}' \frac{d^2 \mathbf{q}}{dt^2} + \mathbf{C}' \frac{d\mathbf{q}}{dt} + \mathbf{K}' \mathbf{q} = \mathbf{f}',$$

où \mathbf{M}' , \mathbf{C}' et \mathbf{K}' s'expriment en fonction de \mathbf{M} , \mathbf{C} , \mathbf{K} et \mathbf{T} . La résolution temporelle est ensuite similaire à celle de l'équation 1.13.

Optimisation par analyse modale

(Pentland et Sclaroff, 1991) proposent d'optimiser la résolution du système discrétisé en espace 1.13 en décomposant sur une nouvelle base le vecteur \mathcal{S} qui représente un modèle discrétisé en n points. Soit $\tilde{\mathcal{S}} = \Phi \mathcal{S}$ où Φ est une matrice carrée orthogonale de transformation. L'équation 1.13 s'écrit :

$$\tilde{M} \frac{d^2 \tilde{\mathcal{S}}}{dt^2} + \tilde{C} \frac{d\tilde{\mathcal{S}}}{dt} + \tilde{K} \tilde{\mathcal{S}} = \tilde{F}, \quad (1.17)$$

où \tilde{M} , \tilde{C} , \tilde{K} et \tilde{F} s'expriment en fonction de \mathbf{M} , \mathbf{C} , \mathbf{K} , \mathbf{f} et Φ .

On recherche une matrice de transformation Φ optimale qui diagonalise simultanément M , K et C et telle que le système d'équations 1.17 soit découpé. On cherche donc à résoudre le problème aux valeurs propres :

$$\mathbf{K}\Phi = \Omega^2 \Phi \mathbf{M},$$

où $\Phi = [\phi_1, \phi_2, \dots, \phi_{3n}]$ et $\Omega = \text{diag}(\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_{3n})$ sont telles que les vecteurs propres soient M-orthonormalisés, c'est à dire que $\Phi^T \mathbf{K} \Phi = \Omega^2$ et $\Phi^T \mathbf{M} \Phi = \mathbf{I}$. Le vecteur propre ϕ_i est le $i^{\text{ème}}$ mode vecteur de forme et ω_i la fréquence de vibration associée.

La diagonalisation de la matrice de viscosité \mathbf{C} implique qu'elle soit définie sous la forme d'une série de Caughey :

$$\mathbf{C} = \mathbf{M} \sum_{k=0}^{p-1} a_k [\mathbf{M}^{-1} \mathbf{K}]^k.$$

Si $p = 2$, on a $\mathbf{C} = a_0 \mathbf{M} + a_1 \mathbf{K}$ et l'équation 1.17 se simplifie en :

$$\frac{d^2 \tilde{\mathcal{S}}}{dt^2} + \tilde{\mathbf{C}} \frac{d\tilde{\mathcal{S}}}{dt} + \Omega^2 \tilde{\mathcal{S}} = \Phi^T \tilde{\mathbf{f}},$$

où $\tilde{\mathbf{C}} = a_0 \mathbf{I} + a_1 \Omega^2$. Ce système est composé de $3n$ équations indépendantes qu'il est possible de résoudre en discrétisant le temps.

Approche hiérarchique

(Szelisky, 1990) propose une approche hiérarchique pour la minimisation de la fonctionnelle d'énergie guidant les déformations de la surface. Il construit une pyramide multi-résolution de fonctions de base. Il est ainsi possible d'exprimer l'énergie discrète à différents niveaux de précision. La minimisation de l'énergie débute à une échelle grossière qui est raffinée avec la convergence de l'algorithme.

1.3.8 Évolution des modèles discrets

La géométrie d'un modèle discret n'est définie qu'en ses sommets. La déformation du modèle n'est donc plus gouvernée par une équation aux dérivées partielles (ses dérivées n'ont pas de sens), mais par le déplacement d'un sommet par rapport à ses voisins. On peut considérer chaque sommet i comme une masse ponctuelle soumise à une loi Newtonienne du mouvement :

$$m(i) \frac{d^2 \mathbf{p}_i}{dt^2} = -\gamma(i) \frac{d\mathbf{p}_i}{dt} + \alpha(i) f_{\text{int}}(\mathbf{p}_i) + \beta(i) f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_i), \quad (1.18)$$

où $m(i)$ représente la masse d'un sommet, $\gamma(i)$ la viscosité du milieu, f_{int} la force régularisante et f_{ext} la force d'attache aux données et α et β deux poids contrôlant l'importance respective des termes régularisant et d'attache aux données. Cette équation correspond à une équation d'équilibre entre le terme d'accélération, la force inertielle, la force régularisante et la force externe. Le terme régularisant et le terme d'attache aux données s'expriment comme des forces, ne dérivant pas d'une fonction d'énergie.

On dispose de n équations linéaires découplées pour un modèle à n sommets que l'on peut écrire sous la forme matricielle équivalente à l'équation 1.13 :

$$\mathbf{M} \frac{d^2 \mathcal{S}}{dt^2} + \mathbf{C} \frac{d\mathcal{S}}{dt} + \mathbf{f}_{\text{int}} = -\mathbf{f}_{\text{ext}},$$

où $\mathbf{M} = \text{diag}(m(0), \dots, m(n-1))$, $\mathbf{C} = \text{diag}(\gamma(0), \dots, \gamma(n-1))$ et \mathbf{f}_{int} et \mathbf{f}_{ext} sont des vecteurs des forces internes et externes de chaque sommet. La résolution de l'équation 1.18 est réalisée par discrétisation en chaque sommet, en utilisant les différences finies centrées avec un schéma explicite :

$$\mathbf{p}_i^{t+\Delta t} = \mathbf{p}_i^t + \left(1 - \frac{\gamma(i)\Delta t}{m(i)}\right) (\mathbf{p}_i^t - \mathbf{p}_i^{t-\Delta t}) + \frac{\Delta t^2}{m(i)} \left(\alpha(i)f_{\text{int}}(\mathbf{p}_i^t) + \beta(i)f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_i^t)\right). \quad (1.19)$$

1.3.9 Évolution des modèles implicites

Surfaces algébriques

Les modèles implicites sont caractérisés par une équation du type $F_{\mathbf{q}}(\mathbf{p}) = 1$. On évalue alors la distance d'un point \mathbf{p} au modèle par $F_{\mathbf{q}}(\mathbf{p}) - 1$. Étant donnés d points de données $\{\mathbf{p}_i\}_{i \in [0, d-1]}$, on peut estimer l'énergie du modèle :

$$E_{\mathbf{q}}(\{\mathbf{p}_i\}) = \sum_{i=0}^{d-1} |1 - F_{\mathbf{q}}(\mathbf{p}_i)|^2.$$

Et on recherche les paramètres de la surface implicite $F_{\mathbf{q}_0}$ qui vérifient :

$$E_{\mathbf{q}_0} = \min_{\mathbf{q}} E_{\mathbf{q}}.$$

Cette énergie est minimisée en utilisant l'une des méthodes de descente de gradient proposée dans le paragraphe 1.3.7. La fonction $|1 - F_{\mathbf{q}}|$ s'avère être une mauvaise estimation de la distance d'un point à la surface dans de nombreux cas et les auteurs proposent généralement de meilleures approximations qui reposent sur une connaissance de la nature de la surface (Robert, 1996; Taubin, 1994).

Ensembles de niveaux

(Malladi et al., 1995) qualifient de *dynamique Eulerienne* les équations d'évolution des ensembles de niveaux, par opposition à la *dynamique Lagrangienne* des modèles déformables «classiques». Soit $\{\mathcal{S}(\mathbf{u}, t)\}_t$ une famille de surfaces évoluant selon l'équation aux dérivées partielles :

$$\frac{\partial \mathcal{S}}{\partial t} = \nu \mathbf{n},$$

où \mathbf{n} représente la normale à la surface et ν la vitesse de déplacement. Par exemple, $\nu = \kappa_{\mathcal{S}}$ la courbure moyenne de la surface. Puisque Ψ est toujours nulle sur \mathcal{S} , on a :

$$\Psi(\mathcal{S}(t), t) = 0, \forall t.$$

Sachant que $\mathbf{n} = \frac{\nabla \Psi}{\|\nabla \Psi\|}$ et par différenciation on obtient l'équation de Hamilton-Jacobi :

$$\frac{\partial \Psi}{\partial t} = \bar{\nu} \|\nabla \Psi\|, \quad (1.20)$$

où $\bar{\nu}$ est une fonction de $\mathbb{R}^4 \rightarrow \mathbb{R}$ qui coïncide avec ν sur son domaine de définition. Par exemple, $\bar{\nu}(\mathbf{u}, t) = \kappa_{\Psi}(\mathbf{u}, t)$, la courbure moyenne de la courbe de niveau qui passe par \mathbf{u} , coïncidant avec ν sur \mathcal{S} ($\kappa_{\Psi}(\mathbf{u}, 0) = \kappa_{\mathcal{S}}(\mathbf{u})$).

Si la fonction $\bar{\nu}$ est suffisamment régulière, Ψ ne présente jamais de singularité au cours de son évolution et l'équation 1.20 peut se résoudre en utilisant les différences finies (en temps et en espace) :

$$\Psi_{ijk}^{t+\Delta t} = \Psi_{ijk}^t - \Delta t \bar{\nu}_{ijk} \|\nabla_{ijk} \Psi_{ijk}^t\|. \quad (1.21)$$

De plus, les attributs géométriques de la surface sont déterminés par des expressions analytiques :

$$\mathbf{n} = \frac{\nabla \Psi}{\|\nabla \Psi\|} \text{ et } \kappa = \nabla \cdot \frac{\nabla \Psi}{\|\nabla \Psi\|}.$$

Pour la segmentation d'images, la vitesse d'évolution de la surface ν doit être construite de manière à ce que le front s'arrête sur les contours des objets détectés. Il peut être difficile d'assurer la nullité de ν suivant l'expression utilisée.

La vitesse de propagation de l'hypersurface peut devenir discontinue aux points distants de la courbe de niveau 0. En conséquence, il est nécessaire de réinitialiser périodiquement Ψ comme la fonction de distance à la surface courante, de manière à conserver des courbes de niveau régulièrement réparties.

Le calcul de l'équation d'évolution discrète 1.21 est coûteux puisqu'il nécessite de mettre à jour une grille de dimension 3 pour une surface déformable. La réduction du temps de calcul est possible en ne calculant la valeur de Ψ que dans une bande mince autour de la surface $\{\Psi = 0\}$. Il est nécessaire de détecter les collisions de la surface en déformation avec les bords de la bande mince afin de réajuster la position de la bande mince.

1.3.10 Évolution des représentations modales

Dans le cadre de l'analyse en composantes principales, le modèle n'est plus nécessairement régularisé par un stabilisateur de Tikhonov dans la mesure où la surface est déjà contrainte par les modes propres de variation de l'ensemble d'apprentissage. Si \mathbf{x} représente une instance d'un modèle dans l'espace centré ($\mathbf{x} = \bar{\mathbf{x}} + \mathbf{P}\mathbf{q}$), la surface du modèle s'exprime :

$$\mathcal{S} = \mathbf{E}\mathbf{R}\mathbf{x} + \mathbf{t},$$

où $\mathbf{E} = \text{diag}(e, e, \dots, e)$ est une matrice de facteur d'échelle e , \mathbf{R} est une matrice de rotation et \mathbf{t} un vecteur de translation.

(Cootes et al., 1995) utilisent un modèle discret aux sommets duquel des déplacements $d\mathcal{S}$ sont calculés à chaque itération. À l'instant $t + \Delta t$, on cherche une instance du modèle $\mathbf{x}^{t+\Delta t}$ qui vérifie :

$$\mathcal{S}_t + d\mathcal{S} \simeq \mathbf{E}_{t+\Delta t} \mathbf{R}_{t+\Delta t} \mathbf{x}_{t+\Delta t} + \mathbf{t}_{t+\Delta t}$$

conduisant, si $\mathbf{x}_{t+\Delta t} = \mathbf{x}_t + d\mathbf{x}$ à :

$$d\mathbf{x} = \mathbf{E}_{t+\Delta t}^{-1} \mathbf{R}_{t+\Delta t}^{-1} (\mathcal{S}_t + d\mathcal{S} - \mathbf{t}_{t+\Delta t}) - \mathbf{x}_t.$$

Il reste à trouver, dans l'espace des déformations propres, les paramètres permettant d'estimer le déplacement $d\mathbf{x}$ dans l'espace centré. Il n'est en général pas possible d'exprimer exactement

l'instance $\mathbf{x} + d\mathbf{x}$, on cherche donc à l'approcher au mieux (estimation aux moindres carrés) :

$$\mathbf{x} + d\mathbf{x} \simeq \bar{\mathbf{x}} + \mathbf{P}(\mathbf{q} + d\mathbf{q}) \Rightarrow d\mathbf{q} = \mathbf{P}^T d\mathbf{x}.$$

Le vecteur $d\mathbf{q}$ est tronqué en fonction des valeurs propres de la matrice de covariance de manière à ce qu'aucune de ses composantes ne prenne de valeur trop importante ($-kv_i \leq \mathbf{q}_i + d\mathbf{q}_i \leq kv_i$).

1.4 Topologie des modèles déformables

Les modèles déformables apportent une information sur la forme des objets à reconstruire. Cependant, si la forme *a priori* du modèle diffère trop des données, le modèle peut ne pas être capable de s'adapter correctement. Pour circonvier à ce problème, plusieurs travaux portent sur des modèles adaptatifs capables de changer de topologie.

Par changement de topologie, on entend aussi bien des changements de la structure du maillage (figure 1.5, haut), que des modifications du genre de la surface (figure 1.5, bas), c'est-à-dire une modification de la surface telle qu'elle ne soit plus homéomorphe à son ancienne représentation. Dans le premier cas, on parlera alors d'*adaptation* des modèles, alors que des changements de genre sont propres aux modèles à *topologie variable*.

1.4.1 Modèles adaptatifs

L'adaptation des modèles est nécessaire pour faire correspondre le niveau de détail de la représentation géométrique avec le niveau de détail des données considérées.

Adaptation des modèles explicites

Les modèles paramétrés nécessitent une adaptation aux données lorsque la discrétisation de l'espace des paramètres est trop grossière pour décrire de manière précise les données. (McInerney et Terzopoulos, 1995b) proposent un rééchantillonnage du nombre de nœuds de la méthode des éléments finis au cours du temps. Cette approche multi-échelle permet une transition *gros grain* à *grain fin*. Le modèle est d'abord discrétisé grossièrement et il converge de manière approximative vers la surface à reconstruire. Alors qu'il se rapproche des données, la surface est adaptée de manière à représenter une forme plus détaillée. Cette approche permet de réduire sensiblement la charge de calculs pendant les premières itérations du modèle.

Dans le cas de modèles explicites, l'échantillonnage régulier de l'espace des paramètres ne conduit pas nécessairement à l'échantillonnage régulier de la surface. (Vemuri et Radisavljevic, 1994) proposent une transformation de l'espace des paramètres pour résoudre ce problème dans le cas particulier de leur étude. (Székely et al., 1996) cherchent à conserver au mieux le rapport entre l'aire d'un morceau de surface compris entre les trois points de paramètres (r_1, s_1) , (r_2, s_2) et (r_3, s_3) et l'aire du triangle courbe de la sphère unité avec les trois sommets correspondant aux mêmes paramètres.

D'un point de vue numérique, le rééchantillonnage des modèles paramétrés conduit nécessairement à une nouvelle évaluation des matrices de masse, de viscosité et de rigidité. Dans le cas

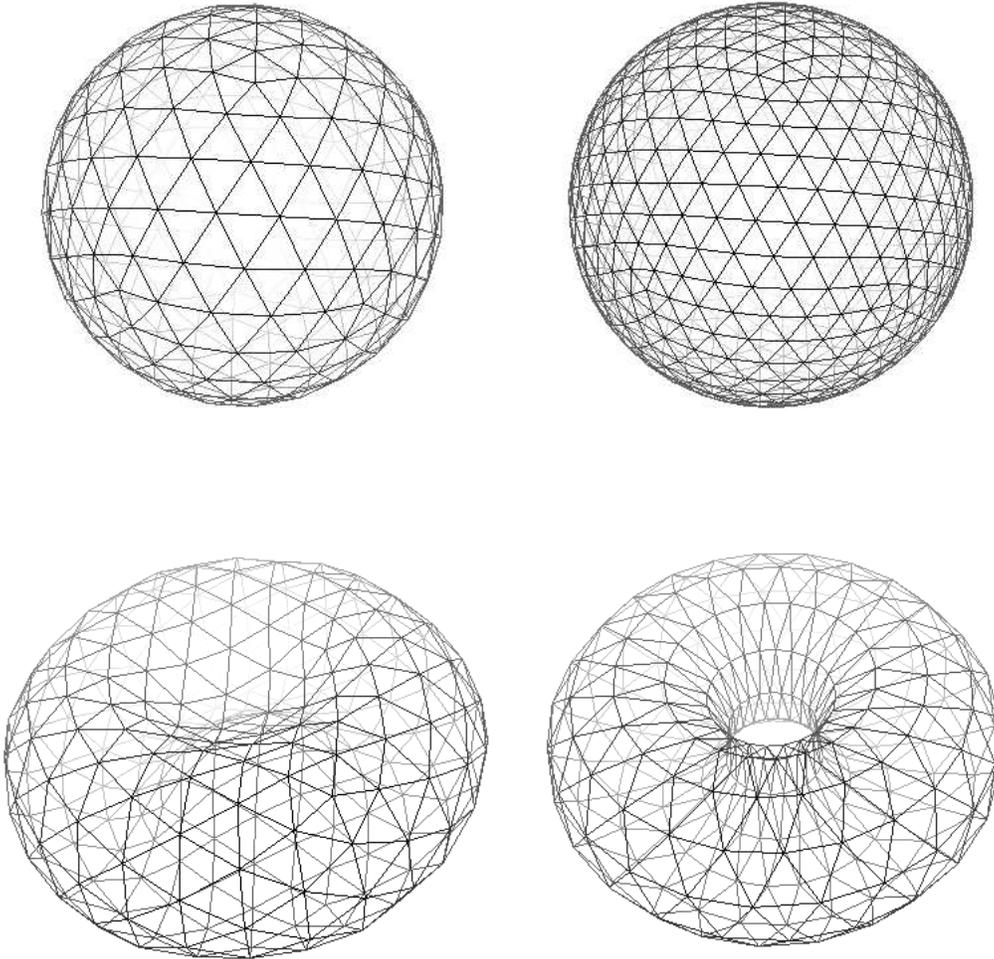


FIG. 1.5 – *En haut : topologie adaptative. En bas : changement de topologie.*

d'un schéma semi-implicite, il faut ensuite inverser ces matrices. Il peut donc s'avérer coûteux s'il intervient trop fréquemment dans le schéma itératif.

Modèles discrets adaptatifs

Dans le cas de modèles discrets, l'adaptation peut se faire localement en ajoutant des sommets. Dans la mesure où les équations du mouvement sont locales à chaque sommet, l'adaptation de la surface a peu ou pas d'incidence sur le schéma dynamique. (Bulpitt et Efford, 1995) proposent un algorithme de raffinement des surfaces triangulées régulières (chaque sommet possède six voisins). Nous détaillerons au chapitre 2 les opérations d'adaptation des maillages complexes.

Le formalisme des surfaces morcelées (*subdivision surfaces* en anglais) offre une représentation multi-échelle des maillages discrets, indépendamment de leur structure. Une surface morcelée est représentée par un ensemble de points qu'il est possible d'enrichir pour affiner la description de la surface.

L'approche la plus courante consiste à considérer l'ensemble des points $\{\mathbf{p}_i^0\}_i$ comme les sommets d'un maillage \mathcal{M}^0 . On construit alors une suite de maillages $(\mathcal{M}^0, \dots, \mathcal{M}^j, \dots)$ de plus en plus détaillés qui converge vers une surface continue, c'est à dire $\lim_{j \rightarrow \infty} \mathbf{p}_i^j$ existe pour tout i et la suite $\{\mathbf{p}_i^j\}_j$ converge uniformément.

De nombreux schémas de raffinement des surfaces morcelées existent. Ils cherchent à conserver les propriétés de :

- *Interpolation*. les sommets créés appartiennent à la surface limite.
- *Localité*. Le voisinage nécessaire au calcul de la position d'un nouveau sommet doit être aussi restreint que possible.
- *Symétrie*. Le schéma doit présenter les mêmes symétries que la topologie locale du maillage.
- *Généralité*. Le schéma doit s'appliquer à tout type de surfaces discrètes sans restriction topologique, y-compris sur les bords du maillage.
- *Régularité*. Les surfaces engendrées doivent garantir un certain niveau de continuité.

Il est difficile de respecter simultanément l'ensemble des ces critères et plusieurs schémas de division des surfaces concurrents existent (Zorin et al., 1997).

Une approche un peu différente consiste à considérer $\{\mathbf{p}_i^0\}_i$ comme un ensemble de points de contrôle engendrant une surface qui n'a pas de représentation directe. On affine cette surface en ajoutant des points de contrôle.

Adaptation selon le nombre de modes

La décomposition des modèles en modes de vibration comme présentée dans (Mozelle et Prêteux, 1996; Nastar et Ayache, 1994; Vemuri et Radisavljevic, 1994; Pentland et Sclaroff, 1991) conduit à une représentation adaptative où un nombre restreint de modes basse fréquence représentent une surface grossière. En ajoutant des modes, on peut affiner progressivement la représentation du modèle.

1.4.2 Topologies adaptatives

Plusieurs auteurs (Lachaud et Montanvert, 1999; McInerney et Terzopoulos, 1997; Leitner et Cinquin, 1991) proposent des modèles déformables dont la topologie est capable d'évoluer au cours du processus de déformation pour s'adapter aux données à reconstruire. L'initialisation du modèle peut donc être plus grossière que dans le cas général. Le processus de reconstruction s'appuie beaucoup moins sur la forme *a priori* du modèle et dispose d'un plus grand nombre de degrés de liberté.

Si cette idée est assez séduisante, elle est en pratique difficile à mettre en œuvre dans des images médicales bruitées. L'évolution des modèles déformables est en général très dépendante de l'initialisation du modèle à cause de la non convexité de la fonctionnelle d'énergie. Déterminer de manière automatique les changements topologiques d'une structure sans information *a priori* dans une image bruitée ou faiblement contrastée est une opération très délicate.

Représentation paramétrées

Pour les modèles paramétrés, des topologies différentes conduisent à des conditions aux limites sur les paramètres différentes. (Leitner et Cinquin, 1993) proposent un algorithme de détection d'auto-intersection des surfaces représentées par un produit tensoriel de B-splines. Les auto-intersections sont traitées en raffinant puis en perforant la surface dans les régions d'intersection. Les trous créés dans la surface sont connectés en ré-ordonnant les points de contrôle définissant la surface.

Représentation implicite

Comme indiqué précédemment, les ensembles de niveaux permettent de représenter de manière très naturelle les changements de topologie. On ne s'intéresse qu'à l'évolution de la fonction Ψ mais ses isovaleurs représentent des courbes dont la topologie peut évoluer librement. Cependant, ce formalisme ne permet aucune interaction de l'utilisateur ce qui peut s'avérer ennuyeux dans le cas de la segmentation d'images médicales.

Représentation discrète

McInerney et Terzopoulos proposent des contours «*T-snakes*» (McInerney et Terzopoulos, 1995c) et des surfaces «*T-surfaces*» (McInerney et Terzopoulos, 1997) à topologie adaptative. Leur approche repose sur une décomposition simpliciale de l'espace en une grille tétraédrale quasi-régulière. Le modèle est initialement représenté comme une triangulation dont les sommets s'appuient sur les arêtes des tétraèdres formant la décomposition simpliciale (voir figure 1.6). L'algorithme alterne entre deux étapes dans le processus de déformation :

- Le modèle est déformé en utilisant la dynamique Lagrangienne des modèles discrets pendant quelques itérations.
- Le modèle déformé est approché par une *T-surface* correspondant à un rééchantillonnage de la triangulation sur la décomposition simpliciale.

Pendant la phase de déformation, les sommets de la décomposition simpliciale qui se retrouvent à l'intérieur ou à l'extérieur de la surface sont marqués. Après déformation, la surface est redéfinie

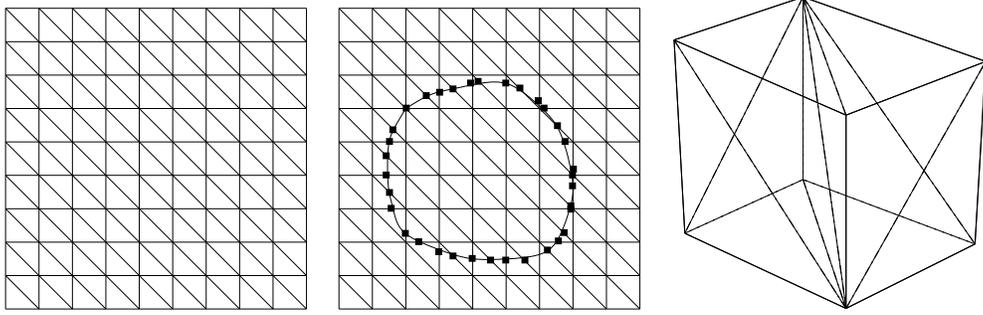


FIG. 1.6 – À gauche : décomposition simpliciale triangulaire de \mathbb{R}^2 . Au centre : T-snake. À droite : cellule simplexe de \mathbb{R}^3 .

comme la limite entre les sommets intérieurs et les sommets extérieurs. Une nouvelle triangulation est rééchantillonnée qui approche le modèle déformé et qui s'appuie de nouveau sur la décomposition simpliciale. Si le modèle se recoupe, ou si deux modèles se coupent, l'un des tétraèdres de la décomposition simpliciale est partagé entre deux triangles différents. Ces deux triangles sont alors connectés durant la phase de rééchantillonnage et des changements de topologie interviennent.

Cette approche est rendue efficace par l'utilisation d'un modèle discret pour lequel la reparamétrisation n'est pas trop coûteuse. Cependant, elle implique de définir l'intérieur et l'extérieur de la surface. Il n'est donc pas possible de représenter des contours ouverts ou des surfaces à bords. Le processus de déformation nécessite également que la surface gonfle ou se rétracte dans son ensemble, ce qui peut causer des problèmes si l'initialisation n'est pas propre.

(Lachaud et Montanvert, 1999) proposent également des triangulations à topologie adaptative en s'appuyant sur le concept de δ -snakes défini par (Bainville, 1992). Un paramètre $\delta > 0$ est utilisé pour contrôler l'échantillonnage de la triangulation et détecter les auto-intersections à partir de deux règles élémentaires :

- la distance entre deux sommets voisins doit être comprise entre δ et 2.5δ ;
- la distance entre deux sommets non voisins doit être supérieure à $\frac{2.5}{\sqrt{3}}\delta$.

La première contrainte impose un échantillonnage régulier de la surface tandis que la seconde détermine le seuil au delà duquel on considère que la surface entre en collision avec elle-même. Le non respect de la première contrainte provoque une opération de création, de destruction ou d'échange d'un sommet (voir figure 1.7). Le non respect de la seconde contrainte conduit à une transformation axiale ou annulaire (voir figure 1.8).

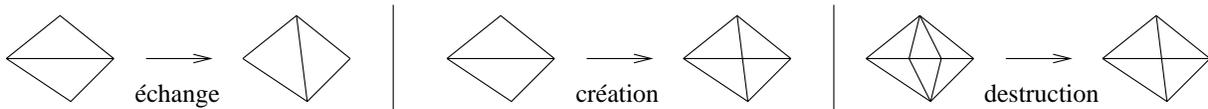


FIG. 1.7 – Opérations topologiques Euleriennes sur les triangulations.

L'approche de Lachaud *et al* est relativement coûteuse car elle nécessite la comparaison de la

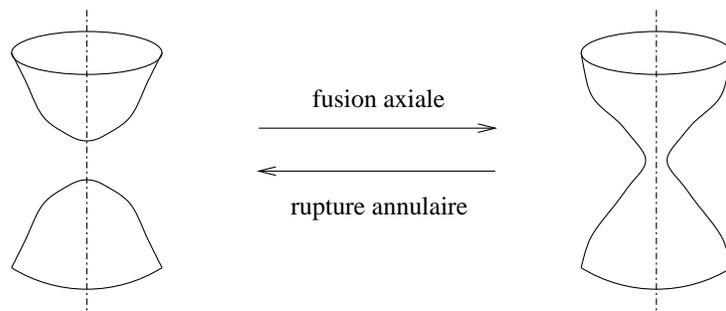


FIG. 1.8 – *Opérations topologiques non-Euleriennes sur les triangulations.*

distance entre chaque paire de sommets. Une structure d'*octree* est utilisée pour réduire la complexité algorithmique.

Dans le chapitre 2, nous introduisons un algorithme de changement de topologie adapté aux maillages simplex qui découple les aspects géométriques et topologiques.

1.5 Discussion

Nous avons présenté un inventaire des principales approches proposées dans la littérature pour modéliser des contours ou des surfaces. La littérature sur les modèles déformables est abondante et il existe des représentations très variées. On s'aperçoit cependant que la nécessaire discrétisation des modèles et des équations d'évolution pour la résolution numérique conduit souvent à des schémas itératifs très proches, si ce ne sont les problèmes de résolution numérique qui peuvent conduire à des résultats sensiblement différents.

Dans le cas de notre étude nous nous intéressons à la segmentation d'images médicales de qualité très variable. Notre préoccupation principale sera d'obtenir des résultats robustes même en présence de bruit et dans des images faiblement contrastées. L'hypothèse selon laquelle le minimum global de la fonctionnelle d'énergie correspond à une description des objets désirés n'est pas garantie dans la mesure où les structures d'intérêt ne sont pas forcément les plus contrastées de l'image. On se satisfait donc d'un processus de recherche des minima locaux de la fonctionnelle d'énergie. Le processus de reconstruction sera dépendant de l'initialisation du modèle dans l'image, c'est-à-dire de l'information *a priori* que le modèle apporte en terme de position et de forme.

Enfin, le traitement d'images médicales nécessite d'attacher le plus grand soin quant à la validité des résultats obtenus bien que cette étape de validation s'avère souvent très complexe. En premier lieu, le praticien doit pouvoir intervenir pour corriger les erreurs des algorithmes de reconstruction automatique. L'outil de segmentation est un assistant parfois indispensable pour l'interprétation et la modélisation des images médicales 3D, mais le praticien à besoin de pouvoir décider, en définitive, de la validité des résultats obtenus.

Parmi les différents types des modèles déformables, nous avons choisi une représentation discrète qui nous permet de nous affranchir de nombreux problèmes de paramétrisation de la surface et de

discrétisation de l'équation d'évolution. Cette approche permet de plus de manipuler simplement la topologie des surfaces considérées. Elle conduit à une résolution rapide de l'équation d'évolution ce qui permet de proposer des applications interactives où le praticien peut guider et corriger le modèle en cours de déformation.

Chapitre 2

Maillages simplexes

Les maillages simplexes constituent une représentation discrète des modèles déformables surfaciques. Ce sont des maillages discrets réguliers topologiquement équivalents aux triangulations. Ils sont fondés sur un formalisme élégant permettant de définir la forme d'une surface localement en chaque sommet du maillage. Ils permettent de représenter des surfaces avec n'importe quelle topologie. Nous rappelons ici la définition des maillages

simplexes (Delingette, 1994a). Nous définissons des notions de qualité géométrique et topologique des maillages simplexes et nous proposons des algorithmes de raffinement et de décimation (Montagnat et al., 2000; Scapel, 1999). Nous introduisons un algorithme de changement automatique de topologie que nous comparons à l'approche classique par ensembles de niveaux (Delingette et Montagnat, 2000a).

2.1 Topologie

Les maillages simplexes ont été introduits par (Delingette, 1994a). Dans ce paragraphe, nous définissons les maillages simplexes complets de \mathbb{R}^3 que nous utilisons pour représenter des surfaces déformables. Nous nous intéressons plus particulièrement aux 1- et aux 2-maillages simplexes permettant de représenter des contours et des surfaces respectivement. Le lecteur désireux d'étudier la généralisation aux k -maillages simplexes pourra se reporter à (Delingette, 1994a).

Sommets

Un k -maillage simplexe de \mathbb{R}^n , est un maillage dont chaque sommet possède exactement $(k+1)$ voisins. Il est défini par l'ensemble de ses sommets $\{i\}_{i \in \llbracket 0, d-1 \rrbracket}$ et des relations de voisinage pour chaque sommet $(PP_1(i), \dots, PP_{k+1}(i)) \in (\mathbb{N} \rightarrow \mathbb{N})^{k+1}$ vérifiant les propriétés suivantes.

- *Unicité.* Un sommet ne peut pas être son propre voisin et un sommet ne peut pas posséder deux fois le même voisin :

$$\forall i \in \llbracket 0, d-1 \rrbracket, \forall j \in \llbracket 1, k+1 \rrbracket, PP_j(i) \neq i$$

$$\forall i \in \llbracket 0, d-1 \rrbracket, \forall j \neq l \in \llbracket 1, k+1 \rrbracket, PP_j(i) \neq i \text{ et } PP_l(i) \neq PP_j(i).$$

- *Réciprocité.* Si i est un voisin de l alors l est un voisin de i :

$$PP_j(i) = l \Rightarrow \exists m \in \llbracket 1, k+1 \rrbracket, PP_m(l) = i.$$

On note \mathbf{p}_i la position du sommet i .

Arêtes

Les relations de voisinage permettent de définir les *arêtes* qui relient certains sommets du maillage entre eux. D'après la définition donnée ci-dessus, un k -maillage simplexe ne peut avoir au plus qu'une arête reliant deux sommets.

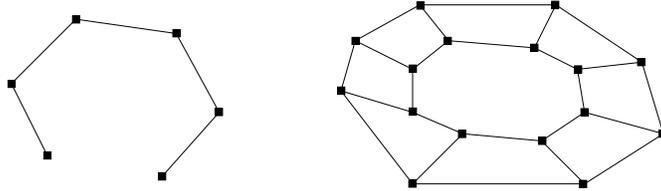


FIG. 2.1 – 1-maillage simplexe ouvert et 2-maillage simplexe fermé de \mathbb{R}^2 .

Faces

On appelle *face* d'un 2-maillage simplexe un ensemble de sommets $\{PF_i(0), PF_i(1), \dots, PF_i(m-1)\}$ vérifiant les propriétés suivantes.

- *Fermeture.* Les sommets d'une face sont reliés deux à deux par une succession d'arêtes jointives fermée :

$$\forall j \in \llbracket 0, m-1 \rrbracket, \exists l \in \llbracket 1, 3 \rrbracket \text{ tel que } PP_l(PF_i(j)) = PF_i((j+1)[m]).$$

- *Unicité.* Aucune arête ne partage une face en deux :

$$\forall j, h \in \llbracket 0, m-1 \rrbracket, \forall l \in \llbracket 1, 3 \rrbracket, \text{PP}_l(\text{PF}_i(j)) = \text{PF}_i(h) \Rightarrow h = (j+1)[m] \vee j = (h+1)[m].$$

Une face définit donc un polygone $(\mathbf{p}_{\text{PF}_i(0)}, \mathbf{p}_{\text{PF}_i(1)}, \dots, \mathbf{p}_{\text{PF}_i(m-1)})$ généralement non plan de sommets adjacents. D'après les propriétés précédentes, deux faces partagent au plus une arête. Deux faces partageant une arête sont dites adjacentes. Les faces d'un maillage réalisent une partition de l'ensemble des sommets, chacun appartenant à exactement trois faces.

Orientation

Les relations de voisinage induisent une orientation des arêtes autour des sommets et donc une orientation des sommets d'un k -maillage simplexe. On impose à tous les sommets d'une face d'être orientés de manière cohérente, induisant ainsi une orientation de la face. La figure 2.2 illustre une face orientée à partir de l'orientation de ses sommets (à gauche) et l'orientation de l'ensemble des sommets et des faces d'un 2-maillage simplexe (à droite).

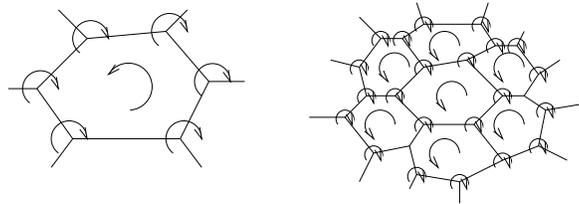


FIG. 2.2 – *Orientation des sommets d'une face, orientation induite de la face (à gauche) et orientation induite sur l'ensemble d'un 2-maillage simplexe (à droite).*

2.1.1 Maillages simplexes et triangulations

Il existe une équivalence topologique entre les k -maillages simplexes et les k -solides. Dans le cas des 1- et des 2-maillages simplexes, le tableau 2.3 définit la dualité entre les composants d'un simplexe et ceux d'un solide.

1-maillage simplexe	\Leftrightarrow	polygone	2-maillage simplexe	\Leftrightarrow	triangulation
sommet	\Leftrightarrow	arête	sommet	\Leftrightarrow	face
arête	\Leftrightarrow	sommet	arête	\Leftrightarrow	arête
			triangle	\Leftrightarrow	sommet

FIG. 2.3 – *Dualité entre les maillages simplexes et les solides.*

En particulier, un 2-maillage simplexe est topologiquement dual d'une triangulation, comme l'illustre la figure 2.4. Cette dualité est purement topologique et il n'existe pas d'homéomorphisme transformant les coordonnées d'un maillage simplexe en les coordonnées du solide dual.

La figure 2.5 montre plusieurs surfaces simplexes, de différentes topologies.

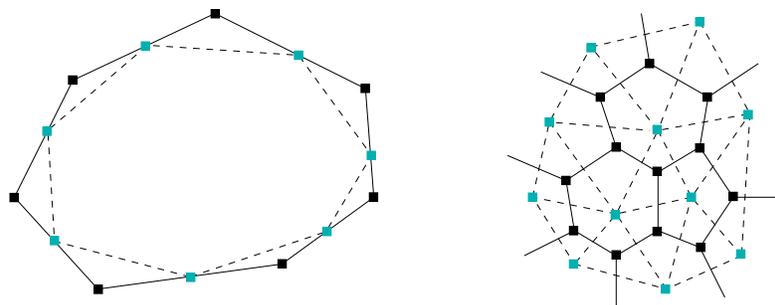


FIG. 2.4 – 1-, 2-maillage simplexe (en traits pleins) et leurs duaux topologiques (en tirets discontinus).

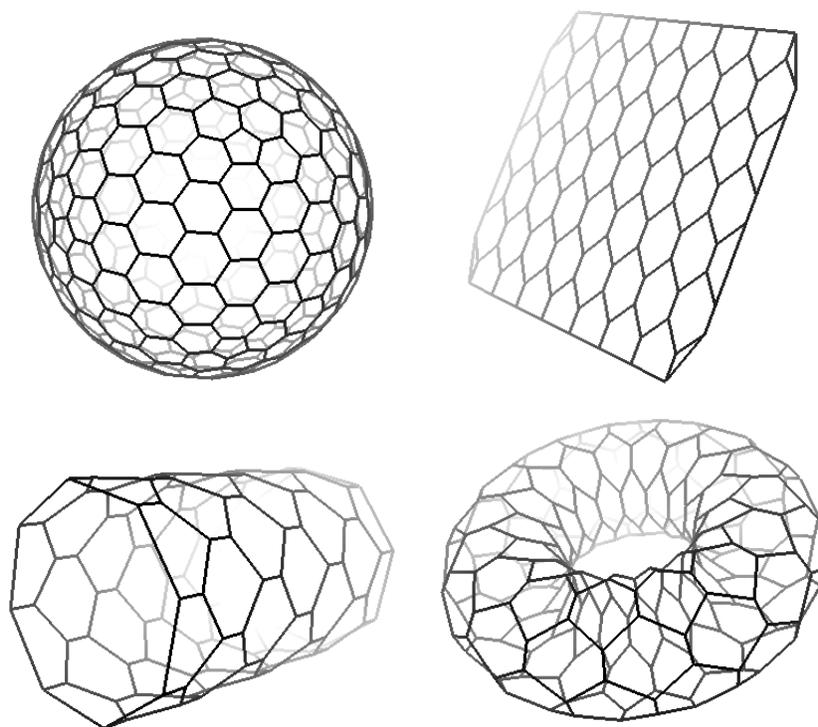


FIG. 2.5 – Quatre exemples de 2-maillages simplexes de \mathbb{R}^3 .

2.1.2 Bord d'un maillage simplexe

Un bord d'un k -maillage simplexe est un $(k - 1)$ -maillage simplexe. Un 1-maillage simplexe possède exactement zéro ou un bord (il est soit ouvert, soit fermé). Un bord d'un 1-maillage simplexe est une arête marquée absente qui relie deux sommets correspondant aux extrémités du maillage. Un 2-maillage simplexe peut posséder plusieurs bords. Chaque bord est une face marquée absente qui constitue un trou dans la surface.

La figure 2.6 représente un 1- et un 2-maillage simplexe avec bord.

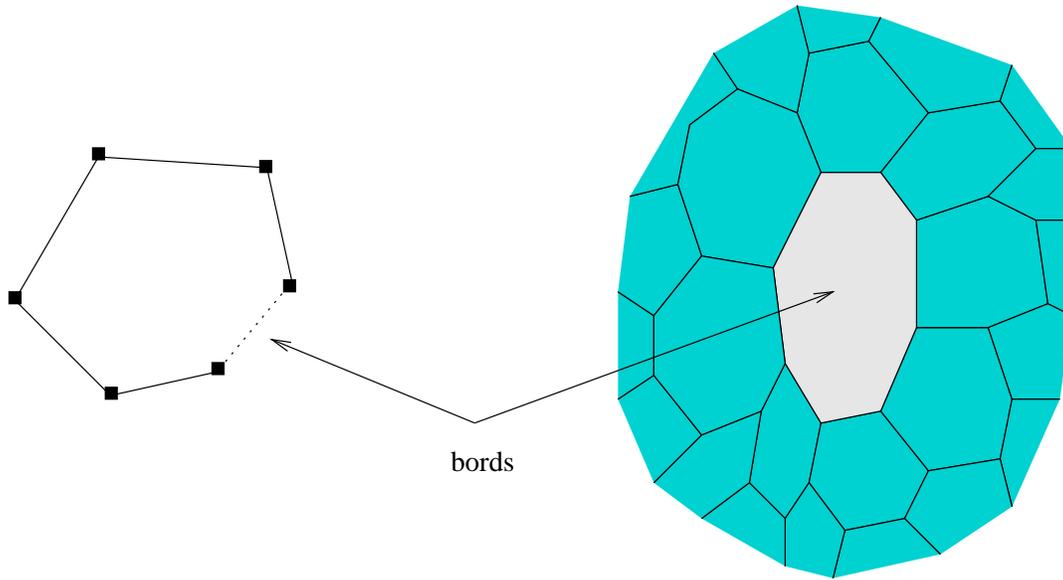


FIG. 2.6 – 1- et 2-maillage simplexe avec un bord.

2.1.3 Contour d'un 2-maillage simplexe

Un *contour* d'un 2-maillage simplexe \mathcal{M} est un 1-maillage simplexe dont les sommets et les arêtes coïncident avec des sommets et des arêtes de \mathcal{M} . Les contours sont utiles pour définir des opérations topologiques et appliquer des contraintes localement sur la surface d'un maillage. On définit un contour \mathcal{C}_i de longueur l sur un 2-maillage simplexe \mathcal{M} de d sommets à l'aide d'une fonction d'adjacence :

$$\begin{aligned} \text{PC}_i &: \llbracket 0, l - 1 \rrbracket \rightarrow \llbracket 0, d - 1 \rrbracket \\ & \quad j \quad \mapsto \text{PC}_i(j) \text{ le rang d'un sommet de } \mathcal{M} \end{aligned}$$

qui vérifie les propriétés :

- *Fermeture*. Le contour est nécessairement fermé : $\forall j \in \llbracket 0, l - 1 \rrbracket, \exists k \in \llbracket 1, 3 \rrbracket, \text{PC}_i((j + 1)[l]) = \text{PP}_k(j)$.
- *Contour simple*. Un contour ne peut pas se recouper : $\forall j, k \in \llbracket 0, l - 1 \rrbracket, \text{PC}_i(j) \neq \text{PC}_i(k)$.
- *Indépendance*. Un sommet appartenant à un contour ne peut pas avoir ses trois voisins sur le contour : $\forall j \in \llbracket 0, l - 1 \rrbracket, \exists k \in \llbracket 1, 3 \rrbracket, \forall m \in \llbracket 0, l - 1 \rrbracket, \text{PP}_k(\text{PC}_i(j)) \neq \text{PC}_i(m)$.

2.1.4 Voisinage d'un sommet

On appelle *voisinage d'ordre η* d'un sommet i et on note $\mathcal{V}_\eta(i)$ l'ensemble des sommets du maillage qui sont topologiquement distants de i d'au plus η . C'est à dire qu'il existe un chemin d'arêtes jointives de longueur au plus η entre i et chaque sommet de $\mathcal{V}_\eta(i)$. La figure 2.7 illustre les voisinages d'ordre 1, 2 et 3 d'un sommet d'un 2-maillage simplexe.

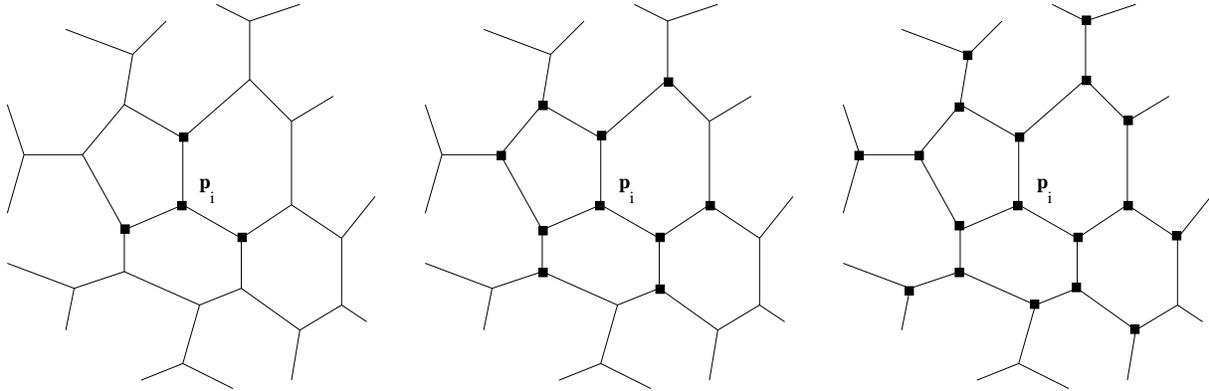


FIG. 2.7 – Voisinages d'ordre 1, 2 et 3 d'un sommet d'un 2-maillage simplexe.

On note $|\mathcal{V}_\eta(i)|$ le nombre de sommets du voisinage $\mathcal{V}_\eta(i)$.

2.2 Géométrie

Nous nous intéressons particulièrement aux maillages simplexes de \mathbb{R}^3 pour la segmentation d'images 3D. Nous utiliserons également les 1-maillages simplexes de \mathbb{R}^2 dans ce manuscrit pour illustrer de manière simple certains concepts.

2.2.1 Géométrie des 1-maillages simplexes du plan

Un 1-maillage simplexe de \mathbb{R}^2 est une ligne polygonale du plan. On s'intéresse à sa géométrie localement en un sommet \mathbf{p}_i du maillage. Soit \mathbf{p}_i^\perp la projection orthogonale de \mathbf{p}_i sur le segment formé par ses deux voisins \mathbf{p}_{i-1} et \mathbf{p}_{i+1} (voir figure 2.8).

On note \mathbf{t}_i et \mathbf{n}_i la *tangente* et la *normale discrète* en \mathbf{p}_i définies comme :

$$\mathbf{t}_i = \frac{\mathbf{p}_{i-1}\mathbf{p}_{i+1}}{\|\mathbf{p}_{i-1}\mathbf{p}_{i+1}\|} \text{ et } \mathbf{n}_i = \frac{\mathbf{p}_i^\perp\mathbf{p}_i}{\|\mathbf{p}_i^\perp\mathbf{p}_i\|}.$$

On définit les *paramètres métriques* de \mathbf{p}_i comme :

$$\varepsilon_i^1 = \frac{\|\mathbf{p}_i^\perp\mathbf{p}_{i+1}\|}{\|\mathbf{p}_{i-1}\mathbf{p}_{i+1}\|} \text{ et } \varepsilon_i^2 = \frac{\|\mathbf{p}_{i-1}\mathbf{p}_i^\perp\|}{\|\mathbf{p}_{i-1}\mathbf{p}_{i+1}\|} = 1 - \varepsilon_i^1.$$

On définit également l'*angle simplexe* $\varphi_i = (\mathbf{p}_i\mathbf{p}_{i+1}, \mathbf{p}_{i-1}\mathbf{p}_i)$. À partir de l'angle simplexe on définit la *courbure discrète* du maillage :

$$k_i = \frac{2\sin(\varphi_i)}{\mathbf{p}_{i-1}\mathbf{p}_{i+1}}.$$

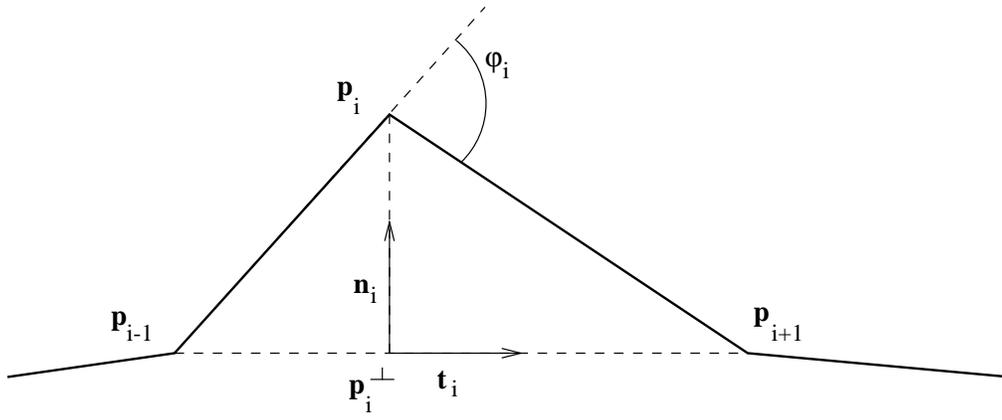


FIG. 2.8 – Géométrie des 1-maillages simplexes du plan.

Sous certaines hypothèses, on peut montrer que la tangente et la courbure discrète convergent bien vers leurs homologues continues quand la densité du maillage tend vers l'infini justifiant ainsi ces appellations (Delingette, 1994a).

Un point \mathbf{p}_i est décrit localement par la connaissance de ses deux voisins, de ses paramètres métriques et de son angle simplexe. En effet, soit r_i la demi-longueur $\|\mathbf{p}_{i-1}\mathbf{p}_{i+1}\|/2$, la longueur $\|\mathbf{p}_i^\perp\mathbf{p}_i\|$ est définie par :

$$\|\mathbf{p}_i^\perp\mathbf{p}_i\| = h(r_i, \varepsilon_i^1, \varphi_i) = \frac{r_i}{\tan(\varphi_i)} \left(-1 + \varepsilon \sqrt{1 + 4\varepsilon_i^1 \varepsilon_i^2 \tan^2(\varphi_i)} \right) \text{ où } \varepsilon = \begin{cases} 1 & \text{si } |\varphi_i| < \frac{\pi}{2} \\ -1 & \text{si } |\varphi_i| > \frac{\pi}{2} \end{cases},$$

et donc :

$$\mathbf{p}_i = \varepsilon_i^1 \mathbf{p}_{i-1} + \varepsilon_i^2 \mathbf{p}_{i+1} + h(r_i, \varepsilon_i^1, \varphi_i) \mathbf{n}_i \quad (2.1)$$

Cette dernière équation est importante car elle permet de décrire localement la forme du maillage simplexe en chaque sommet en fonction de ses voisins et des deux paramètres ε_i^1 et φ_i seulement ($\varepsilon_i^2 = 1 - \varepsilon_i^1$). On montre que l'ensemble $\{\varepsilon_i^1, \varphi_i\}_i$ définit la forme d'un 1-maillage simplexe à une similitude du plan près.

2.2.2 Géométrie des 1-maillages simplexes de l'espace

Dans \mathbb{R}^3 on introduit le vecteur binormal \mathbf{b}_i en chaque sommet pour construire une base locale à \mathbf{p}_i :

$$\mathbf{t}_i = \frac{\mathbf{p}_{i-1}\mathbf{p}_{i+1}}{\|\mathbf{p}_{i-1}\mathbf{p}_{i+1}\|}, \mathbf{b}_i = \frac{\mathbf{p}_i\mathbf{p}_{i+1} \wedge \mathbf{p}_{i-1}\mathbf{p}_i}{\|\mathbf{p}_i\mathbf{p}_{i+1} \wedge \mathbf{p}_{i-1}\mathbf{p}_i\|}, \mathbf{n}_i = \mathbf{b}_i \wedge \mathbf{t}_i.$$

On définit ε_i^1 , ε_i^2 et φ_i comme précédemment et on introduit ψ_i l'angle orienté défini par :

$$\mathbf{r}_i = \frac{\mathbf{t}_i \wedge (\mathbf{p}_{i-2}\mathbf{p}_{i-1} \wedge \mathbf{p}_{i+1}\mathbf{p}_{i+2})}{\|\mathbf{t}_i \wedge (\mathbf{p}_{i-2}\mathbf{p}_{i-1} \wedge \mathbf{p}_{i+1}\mathbf{p}_{i+2})\|} \text{ et } \mathbf{n}_i = \cos(\psi_i) \mathbf{r}_i + \sin(\psi_i) \mathbf{t}_i \wedge \mathbf{r}_i,$$

qui représente une mesure discrète de la torsion au point \mathbf{p}_i . Notons que les paramètres vérifient $\varepsilon_i^1 + \varepsilon_i^2 = 1$, $\varphi_i \in [0, \pi[$ et $\psi_i \in [-\pi, \pi]$.

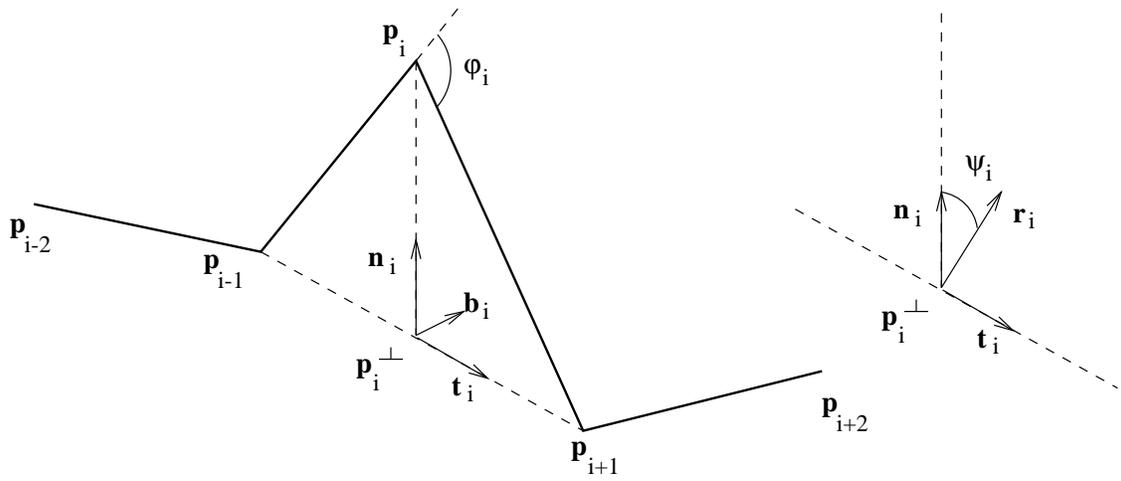


FIG. 2.9 – Géométrie des 1-maillages simplexes de l'espace.

On peut encore définir la position de \mathbf{p}_i par rapport à ses voisins et au triplet $\{\varepsilon_i^1, \varphi_i, \psi_i\}$:

$$\mathbf{p}_i = \varepsilon_i^1 \mathbf{p}_{i-1} + \varepsilon_i^2 \mathbf{p}_{i+1} + h(r_i, \varepsilon_i^1, \varphi_i) (\cos(\psi_i) \mathbf{r}_i + \sin(\psi_i) \mathbf{t}_i \wedge \mathbf{r}_i).$$

L'ensemble $\{\varepsilon_i^1, \varphi_i, \psi_i\}_i$ suffit à déterminer la forme du maillage à une similitude de l'espace près.

2.2.3 Géométrie des 2-maillages simplexes de l'espace

Les trois voisins du sommet \mathbf{p}_i d'un 2-maillages simplexe forment un plan normal au vecteur :

$$\mathbf{n}_i = \frac{\mathbf{p}_{PP_1(i)} \wedge \mathbf{p}_{PP_2(i)} + \mathbf{p}_{PP_2(i)} \wedge \mathbf{p}_{PP_3(i)} + \mathbf{p}_{PP_3(i)} \wedge \mathbf{p}_{PP_1(i)}}{\|\mathbf{p}_{PP_1(i)} \wedge \mathbf{p}_{PP_2(i)} + \mathbf{p}_{PP_2(i)} \wedge \mathbf{p}_{PP_3(i)} + \mathbf{p}_{PP_3(i)} \wedge \mathbf{p}_{PP_1(i)}\|}.$$

Soit \mathcal{C}_i le cercle de centre \mathbf{c}_i et de rayon r_i circonscrit aux trois sommets $(\mathbf{p}_{PP_1(i)}, \mathbf{p}_{PP_2(i)}, \mathbf{p}_{PP_3(i)})$ et \mathcal{S}_i la sphère de centre \mathbf{o}_i et de rayon R_i circonscrite au tétraèdre $(\mathbf{p}_i, \mathbf{p}_{PP_1(i)}, \mathbf{p}_{PP_2(i)}, \mathbf{p}_{PP_3(i)})$ (voir figure 2.10).

Les paramètres métriques ε_i^1 , ε_i^2 et ε_i^3 sont les coefficients barycentriques de la projection \mathbf{p}_i^\perp de \mathbf{p}_i sur le plan de ses voisins. L'angle simplexe est défini par les relations :

$$\begin{cases} \varphi_i \in [-\pi, \pi] \\ \sin(\varphi_i) = \frac{r_i}{R_i} \text{signe}(\mathbf{p}_i \mathbf{p}_{PP_1(i)} \cdot \mathbf{n}_i) \\ \cos(\varphi_i) = \frac{\|\mathbf{o}_i \mathbf{c}_i\|}{R_i} \text{signe}(\mathbf{o}_i \mathbf{c}_i \cdot \mathbf{n}_i) \end{cases} .$$

L'angle simplexe s'interprète encore comme un angle géométrique dans le plan $(\mathbf{p}_i, \mathbf{c}_i, \mathbf{o}_i)$ (voir figure 2.10, droite). L'ensemble des paramètres $\{\varepsilon_i^1, \varepsilon_i^2, \varphi_i\}_i$ définit la forme d'un 2-maillage simplexe à une similitude de l'espace près.

2.3 Évolution

Nous définissons l'équation d'évolution des maillages simplexes en fonction des forces locales qui s'appliquent en chaque sommet du maillage. En remplaçant $\frac{\gamma(i)\Delta t}{m(i)}$ par γ (la masse et la viscosité

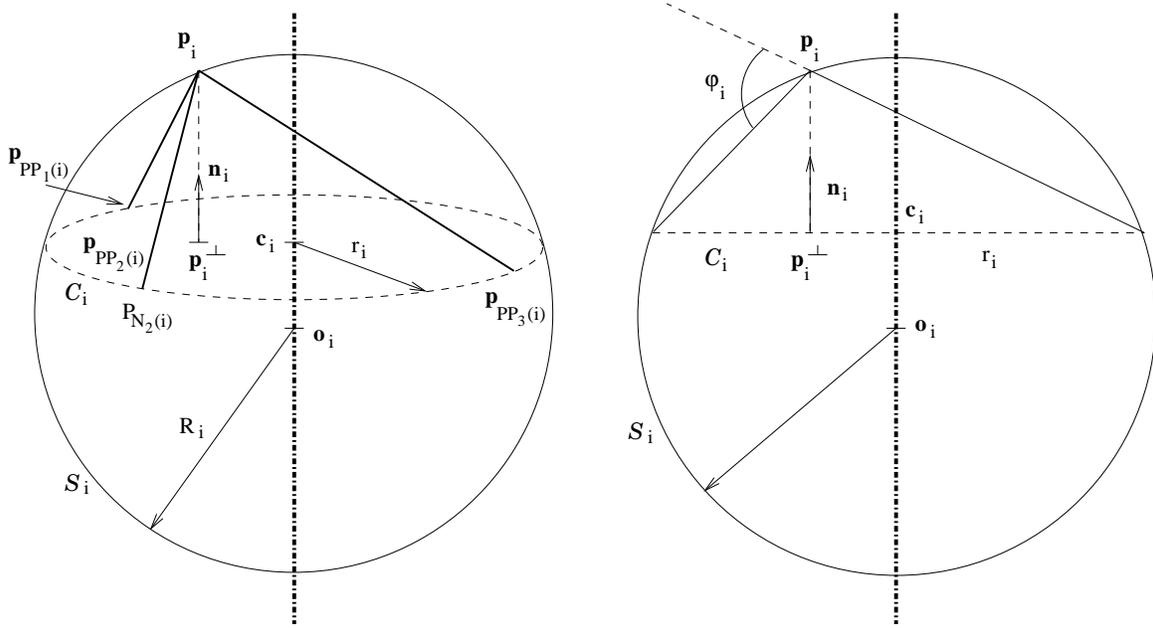


FIG. 2.10 – Géométrie des 2-maillages simples de l'espace.

sont supposées constantes en tous sommets), $\frac{\alpha(i)\Delta t^2}{m(i)}$ par $\alpha(i)$ et $\frac{\beta(i)\Delta t^2}{m(i)}$ par $\beta(i)$ dans l'équation 1.19, on obtient :

$$\mathbf{p}_i^{t+\Delta t} = \mathbf{p}_i^t + (1 - \gamma)(\mathbf{p}_i^t - \mathbf{p}_i^{t-\Delta t}) + \alpha(i)f_{\text{int}}(\mathbf{p}_i^t) + \beta(i)f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_i^t), \quad (2.2)$$

où la viscosité γ du milieu est constante en chaque sommet, et les coefficients $\alpha(i)$ et $\beta(i)$ sont les poids des forces internes et externes au sommet \mathbf{p}_i . Le pas de temps Δt est intégré aux expressions de α , β et γ qui doivent garder des valeurs suffisamment faibles pour assurer la stabilité du schéma numérique explicite.

2.3.1 Forces internes

Les paramètres métriques ε_i^j ($\sum_j \varepsilon_i^j = 1, \forall j, 0 < \varepsilon_i^j < 1$) permettent de contrôler l'espacement relatif entre un sommet \mathbf{p}_i et ses voisins. L'angle simplexe φ_i est une mesure de la courbure en \mathbf{p}_i . Soit $\tilde{\mathbf{p}}_i$ le point désignant la position définie par les voisins du sommet \mathbf{p}_i et les paramètres $\{\tilde{\varepsilon}_i^j, \tilde{\varphi}_i\}_{i,j}$ et $\tilde{\mathbf{p}}_i^\perp$ la projection de $\tilde{\mathbf{p}}_i$ sur le plan tangent au sommet \mathbf{p}_i . La force interne s'exprime en fonction de ses composantes tangentielle et normale (voir figure 2.11) :

$$f_{\text{int}}(\mathbf{p}_i) = \alpha(i)\mathbf{p}_i\tilde{\mathbf{p}}_i = \alpha(i)(f_{\text{tg}}(\mathbf{p}_i) + f_{\text{nr}}(\mathbf{p}_i)),$$

avec :

$$f_{\text{tg}}(\mathbf{p}_i) = \tilde{\mathbf{p}}_i^\perp - \mathbf{p}_i^\perp = \sum_j (\varepsilon_i^j - \tilde{\varepsilon}_i^j)\mathbf{p}_{\text{PP}_j(i)} \quad \text{et} \quad f_{\text{nr}}(\mathbf{p}_i) = (h(r_i, \varepsilon_i^1, \varepsilon_i^2, \varphi_i) - h(r_i, \tilde{\varepsilon}_i^1, \tilde{\varepsilon}_i^2, \tilde{\varphi}_i))\mathbf{n}_i.$$

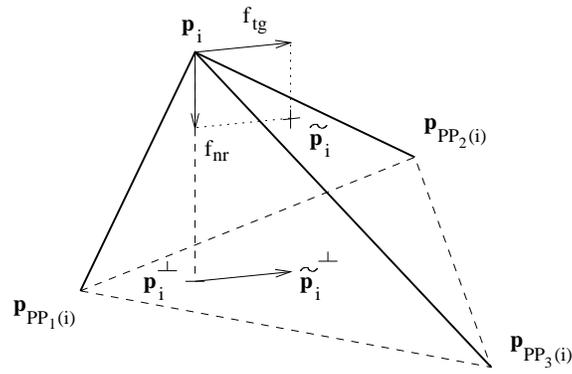


FIG. 2.11 – Composantes tangentielle et normale de la force interne d'un 2-maillage simplexe.

La composante tangentielle est une force de rappel de \mathbf{p}_i^\perp vers $\tilde{\mathbf{p}}_i^\perp$. Elle permet de contrôler la position relative des sommets sur la surface. Si on désire une distribution uniforme des sommets du maillage, on prend $\forall j, \varepsilon_i^j = \frac{1}{3}$. Les paramètres métriques étant fixés, la composante normale permet d'exprimer le type de régularité attendue de la surface.

2.3.2 Forces externes

Les forces externes permettent le déplacement de chaque sommet vers les données. Leur calcul dépend de la nature des données considérées. Dans les images, ces forces sont généralement calculées en fonction des points de contour détectés par un opérateur de gradient ou de l'intensité de chaque voxel. Les forces externes s'expriment donc comme un champ de vecteurs de déplacement.

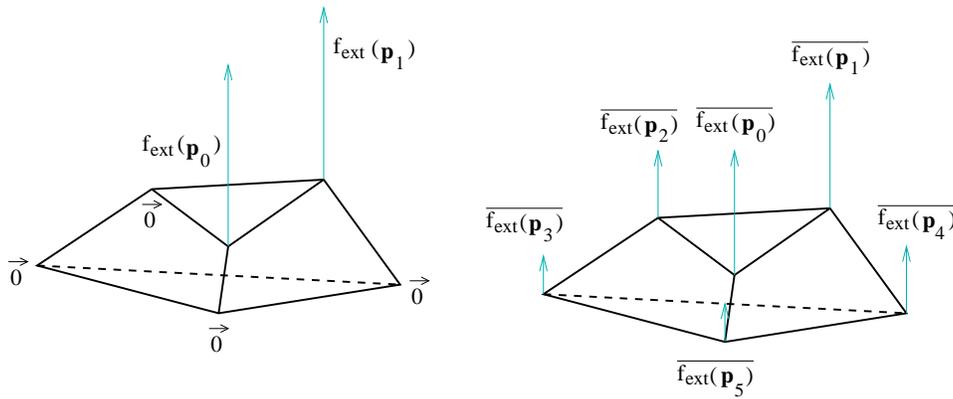


FIG. 2.12 – Champ de forces externes (à gauche) et forces régularisées (à droite) sur un 2-maillage simplexe.

Le champ de force calculé dans une image est en général très irrégulier en raison des nombreux faux positifs ou faux négatifs détectés lors de l'opération d'extraction de contours. On le régularise

en prenant la moyenne sur un voisinage de taille η :

$$\forall i, \overline{f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_i)} = \frac{1}{|\mathcal{V}_\eta(i)|} \sum_{\mathbf{p}_j \in \mathcal{V}_\eta(i)} f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_j).$$

Le paramètre de *rigidité* η détermine donc dans quel voisinage l'application d'une force locale a un impact direct sur le maillage (les termes inertiels de l'équation d'évolution propageant un résidu de déformation sur l'ensemble du maillage).

2.4 Qualité topologique et géométrique

Il existe six opérations topologiques élémentaires sur les k -maillages simplexes nommées TO_1^k à TO_6^k . Ces opérations sont complètes et indépendantes, c'est à dire qu'il est toujours possible de passer d'un k -maillage simplexe à un autre par une succession finie de ces six opérations topologiques et que chaque opération ne peut pas être obtenue par une succession des cinq autres.

Les opérations TO_1 et TO_2 sont Euleriennes. Elles ne modifient pas le genre ou la connexité d'un maillage et sont utilisées pour le raffinement ou la décimation de la surface. Les opérations TO_2 à TO_6 provoquent des changements topologiques et sont l'objet d'étude du paragraphe 2.5.

Les opérations TO_1 et TO_2 consistent à ajouter et à supprimer un sommet (respectivement un arête) d'un 1-maillage simplexe (respectivement d'un 2-maillage simplexe). Elles sont réciproques l'une de l'autre. La figure 2.13 illustre l'action des transformations TO_1^1 , TO_2^1 , TO_1^2 et TO_2^2 .

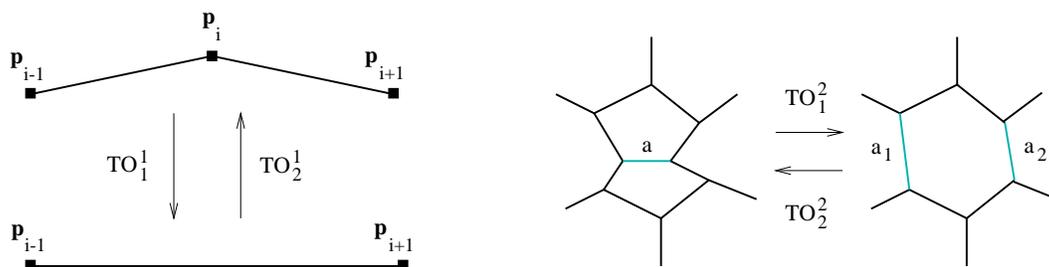


FIG. 2.13 – Opérations Euleriennes sur les 1- (à gauche) et les 2- (à droite) maillages simplexes.

2.4.1 Critères de qualité

On attend d'un maillage déformable qu'il s'adapte de manière précise aux données à segmenter. Il doit disposer de bonnes caractéristiques topologiques et géométriques de manière à fournir une représentation géométrique utilisable de la surface étudiée.

La *qualité topologique* d'un maillage est définie comme la régularité du nombre d'arêtes composant chaque face. Un maillage doit disposer de faces régulières. La figure 2.14 montre deux maillages représentant une sphère, le premier (à gauche) avec une grande régularité dans les faces (six arêtes par face, à l'exception de quelques pentagones) tandis que le second (au centre), qui possède le même nombre de sommets, est topologiquement très mal conditionné.

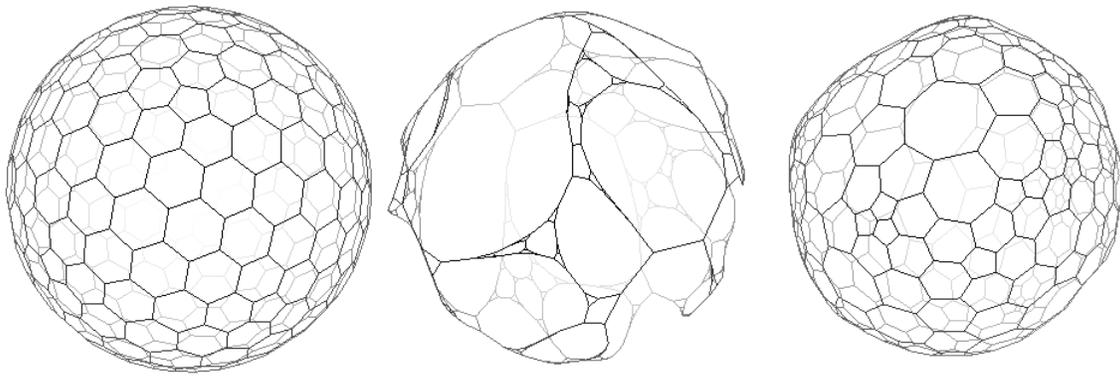


FIG. 2.14 – Maillages simplexes sphérique. À gauche : bonne qualité topologique. Au centre : mauvaise qualité topologique. À droite : maillage obtenu après optimisation topologique à partir du maillage du centre.

La *qualité géométrique* mesure la régularité de la disposition des sommets. On préfère souvent une répartition uniforme des sommets (les faces constituant des polygones réguliers) plutôt que des faces excessivement allongées.

La préservation de la qualité géométrique du maillage au cours du processus de déformation est l'un des problèmes principaux de la segmentation par surface déformable discrète.

2.4.2 Optimisation de la topologie

Par composition d'une opération TO_2^2 et d'une opération TO_1^2 on définit l'*opération d'échange* (voir figure 2.15).

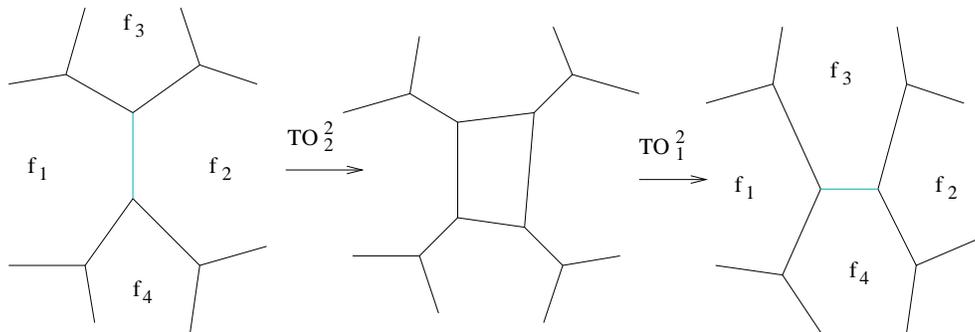


FIG. 2.15 – Opération topologique d'échange.

L'opération d'échange ne modifie pas le nombre de sommets, d'arêtes ou de faces d'un maillage. En revanche, elle modifie le nombre d'arêtes par face du maillage (f_1 et f_2 perdent une arête tandis que f_3 et f_4 gagnent une arête) et elle est donc susceptible de changer la qualité topologique d'un maillage. Pour chaque arête du maillage, on calcule $(N(f_1) + N(f_2) - N(f_3) - N(f_4))$, où $N(f_i)$ représente le nombre d'arêtes de la face f_i . Si cette valeur est strictement supérieure à deux, alors on échange l'arête. On peut ainsi améliorer considérablement la topologie d'un maillage comme

l'illustre la figure 2.14. Un maillage très mal conditionné (au centre) est transformé par un succession d'opérations d'échange en un maillage de meilleur qualité topologique (à droite).

2.4.3 Raffinement global

Le niveau de détail que peut représenter un maillage dépend avant tout du niveau de détail des données à segmenter. Des critères comme la précision désirée en fonction de l'utilisation que l'on fait de la représentation géométrique obtenue rentrent également en considération dans la mesure où un modèle plus fin conduit à des calculs plus coûteux.

Une approche multi-échelle consistant à segmenter d'abord de manière grossière les données (voire un sous-échantillonnage des données) puis à affiner le modèle alors qu'il converge est séduisante (Lachaud et Montanvert, 1999). Elle permet de diminuer le temps de calcul pendant toute la première partie de la déformation et d'affiner le résultat à la fin seulement. Cependant, cette approche rend difficile l'utilisation des informations géométriques *a priori* inhérentes à un modèle détaillé.

Nous proposons ici un algorithme de raffinement global d'un maillage simplexe initialement décrit dans (Scapel, 1999). Il s'appuie sur une opération topologique duale d'une opération de raffinement classique des triangulations. La figure 2.16 illustre le raffinement d'une partie de la surface d'un 2-maillage simplexe par cette méthode (à gauche) et l'opération duale sur une triangulation (à droite).

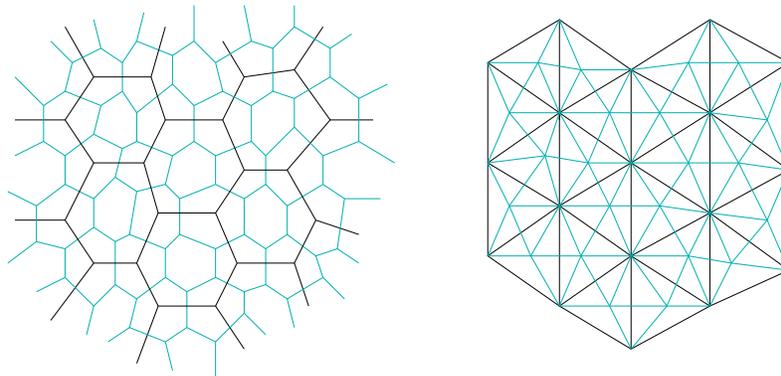


FIG. 2.16 – Raffinement d'un 2-maillage simplexe et opération duale sur une triangulation.

Sur une triangulation \mathcal{T} , on obtient la triangulation raffinée \mathcal{T}' de la manière suivante :

- un sommet de \mathcal{T}' est créé en chaque sommet de \mathcal{T} et au centre de chaque triangle de \mathcal{T} ;
- une arête de \mathcal{T}' connecte chaque sommet de \mathcal{T} avec chaque centre d'un triangle adjacent;
- une arête de \mathcal{T}' connecte tous les centres des triangles adjacents de \mathcal{T} .

Soit $n_s(\mathcal{T})$, $n_a(\mathcal{T})$, $n_f(\mathcal{T})$ et $n_g(\mathcal{T})$ le nombre de sommets, d'arêtes, de faces et le genre de \mathcal{T} respectivement. La triangulation \mathcal{T}' dispose d'un sommet par sommet et par triangle de \mathcal{T} donc :

$$n_s(\mathcal{T}') = n_s(\mathcal{T}) + n_f(\mathcal{T}).$$

D'après la relation d'Euler ($2n_s(\mathcal{T}) = n_f(\mathcal{T}) + 4(1 - n_g(\mathcal{T}))$) le nombre de sommets de \mathcal{T}' est donc :

$$n_s(\mathcal{T}') = 3n_s(\mathcal{T}) - 4(1 - n_g(\mathcal{T})),$$

soit approximativement le triple du nombre de sommets de \mathcal{T} pour une surface homéomorphe à une sphère.

Soit \mathcal{M} et \mathcal{M}' les maillages simplexés duaux de \mathcal{T} et \mathcal{T}' . Par dualité, les nombres de sommets $n_s(\mathcal{M})$, d'arêtes $n_a(\mathcal{M})$ et de faces $n_f(\mathcal{M})$ de \mathcal{M} vérifient :

$$n_f(\mathcal{M}) = n_s(\mathcal{T}), \quad n_s(\mathcal{M}) = n_f(\mathcal{T}) \quad \text{et} \quad n_a(\mathcal{M}) = n_a(\mathcal{T}).$$

En conséquence, l'opération proposée modifie le nombres de faces du maillage raffiné selon la relation :

$$n_f(\mathcal{M}') = 3n_f(\mathcal{M}) - 4(1 - n_g(\mathcal{M})).$$

Elle triple approximativement le nombres de faces du maillage simplexe \mathcal{M} s'il est homéomorphe à une sphère.

L'opération de raffinement se décompose en une succession d'opérations TO_2^2 et d'échanges comme l'illustre la figure 2.17.

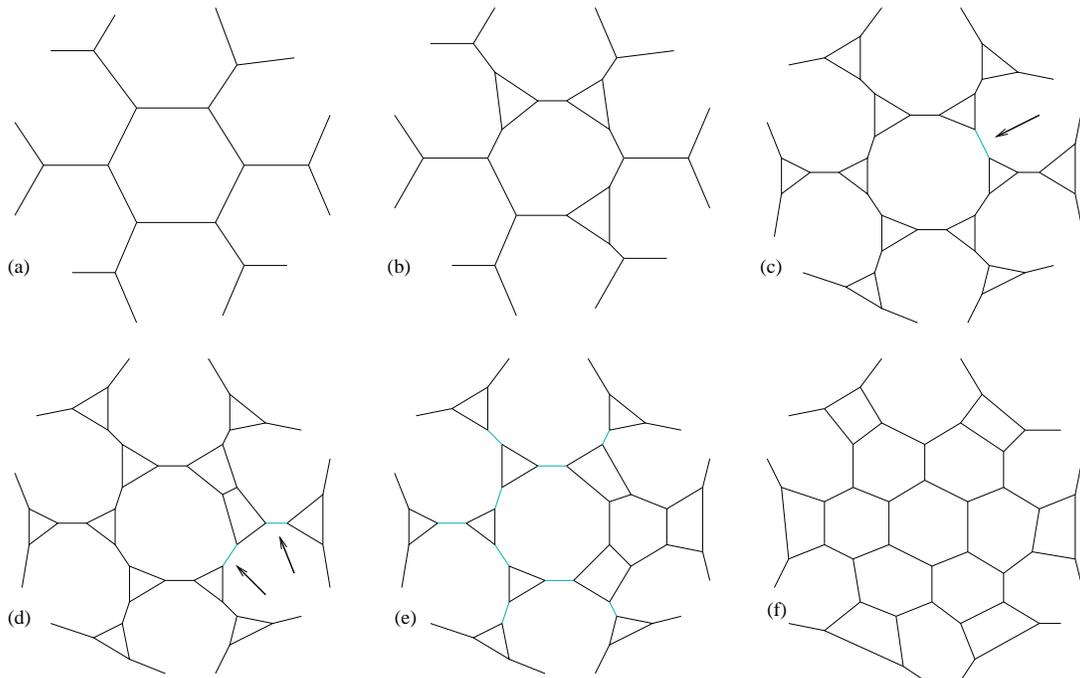


FIG. 2.17 – Raffinement d'une face d'un 2-maillage simplexe.

On considère chaque face du maillage simplexe (a). En chaque sommet de la face (b) et sur les voisinages d'ordre 1 de ces sommets (c) on applique une opération TO_2^2 sur deux des arêtes adjacentes au sommet. Ceci résulte en une transformation *triangle-étoile* où une face triangulaire est créée en chaque sommet. L'application d'opérations d'échanges TO_2^2 aux endroits indiqués par

des flèches en (c) et en (d) conduit au raffinement successif des côtés de la face. Lorsque tous les côtés (e) ont été échangés, on obtient la face raffinée (f). On itère sur l'ensemble des faces du maillages en prenant garde de ne pas traiter deux fois un sommet déjà transformé.

L'opération de raffinement proposée conserve les qualités topologique et géométrique du maillage raffiné. Dans \mathcal{M}' une face est créée au centre de chaque face de \mathcal{M} avec le même nombre d'arêtes que la face originale. Une face est également créée autour de chaque sommet de \mathcal{M} avec exactement six arêtes.

Exemples de segmentation par une approche multi-échelle

La figure 2.18 montre la segmentation du ventricule gauche du cœur dans un angioscanner. Cette image isotrope a été obtenue à la Mayo Clinic¹ avec l'injection d'un produit de contraste dans le sang. La figure de gauche montre le modèle initial sphérique plongé dans l'image 3D. Il est constitué de 500 sommets. Les trois figures suivantes montrent le modèle après déformation, puis après raffinement et déformation à deux reprises (1500 et 4500 sommets).

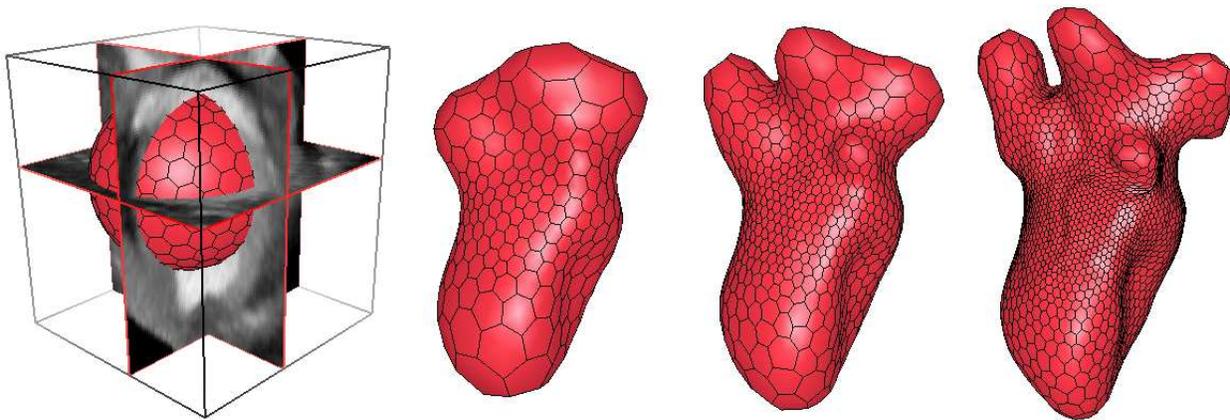


FIG. 2.18 – *Segmentation de l'endocarde par une approche multi-échelle.*

Le modèle initial est très grossier par rapport aux données disponibles et il n'est pas capable de segmenter de manière satisfaisante le cœur. Sa convergence est en revanche très rapide et peu sensible au bruit. Une fois le modèle déformé, on dispose d'une bonne initialisation. Les raffinements successifs permettent de mieux représenter la forme du cœur, de l'artère aorte et des artères pulmonaires visibles sur l'image.

La figure 2.19 montre un exemple de segmentation du cortex dans une image IRM provenant du Brigham and Women's Hospital² en utilisant une approche multi-échelle. Le modèle initial (à gauche) est composé de 500 sommets. Les deux modèles raffinés (au centre et à droite) correspondent à deux itérations de l'algorithme de raffinement (1500 et 4500 sommets). Les structures de plus en plus fines apparaissent au cours des étapes de raffinement. Grâce à l'initialisation grossière, les sommets créés sont proches de la surface corticale et convergent correctement.

1. <http://www.mayo.edu/>

2. <http://www.partners.org/bwh/home.html>

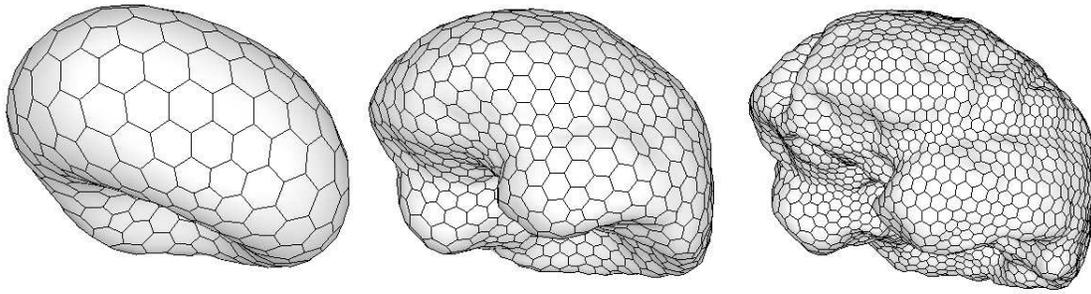


FIG. 2.19 – *Segmentation du cortex par une approche multi-échelle.*

2.4.4 Raffinement local

Lors de la reconstruction d’une structure, on cherche à obtenir une surface la moins dense possible de manière à alléger la représentation géométrique et le temps de calcul. Cette surface doit cependant disposer d’un niveau de détail suffisant pour décrire la forme de la structure segmentée. La qualité des données dicte le niveau de détail maximum que l’on peut espérer obtenir d’un maillage. Des critères géométriques permettent également d’optimiser la taille du maillage.

Des surfaces planes nécessitent très peu de sommets délimitant de grandes faces pour les représenter tandis que des zones de forte courbure nécessitent un maillage beaucoup plus dense. Un critère souvent recherché est donc de concentrer les sommets dans les régions de forte courbure de la surface. Au contraire, le processus de déformation tend souvent à étirer la surface dans certaines zones ou à la concentrer en d’autres endroits. Une répartition uniforme de sommets sur le maillage original conduit après déformation à des zones peu denses et à des zones de forte concentration. Il est possible d’optimiser la qualité du maillage en répartissant les sommets de manière plus uniforme, soit en les faisant glisser sur la surface, soit en détruisant des sommets dans les zones de trop forte concentration et en les créant dans des zones moins denses. La déformation illustrée dans la figure 2.18 présente bien le problème d’inhomogénéité de la surface. Le modèle initial est une sphère régulièrement échantillonnée tandis que le modèle déformé présente des faces d’aires très inégales.

Ces deux critères de concentration dans les zones de forte courbure et de répartition uniforme des sommets sont antinomiques (voir figure 2.20). Là encore, c’est souvent la qualité des données qui va permettre de déterminer quel critère utiliser. Il est possible de concentrer les sommets dans les régions de forte courbure si les données sont très peu bruitées. Dans le cas contraire, on ne peut autoriser la densification locale du maillage au risque de segmenter le bruit. On cherchera plutôt à imposer une certaine régularité du maillage.

Optimisation de la qualité géométrique par ajustement des paramètres métriques

Dans le cas des maillages simplexes, les paramètres métriques ε_i^j gouvernent la position relative des sommets (voir paragraphe 2.3.1). Ils permettent donc de répartir les sommets sur la surface. On propose d’ajuster les paramètres métriques en chaque sommet de façon à ce que les aires de toutes les faces du maillage s’égalisent.

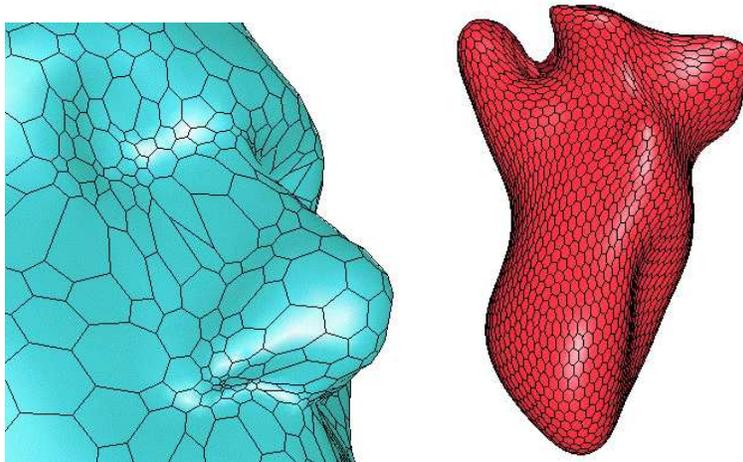


FIG. 2.20 – *Modèle d'un visage raffiné dans les zones de forte courbure (à gauche); modèle d'un cœur avec répartition uniforme des sommets (à droite).*

Chaque sommet i d'un k -maillage simplexe est entouré de $k + 1$ faces ($f_{\text{FP}_i(1)}, \dots, f_{\text{FP}_i(k+1)}$). Soit $A(f_{\text{FP}_i(j)})$ l'aire de la $j^{\text{ème}}$ face du sommet numéro i et $\bar{A}_i = \frac{\sum_j A(f_{\text{FP}_i(j)})}{k+1}$ l'aire moyenne des faces adjacentes à i . En fixant :

$$\forall j, \tilde{\varepsilon}_i^j = \frac{1}{3} + \zeta \frac{A(f_{\text{FP}_i(j)})}{\bar{A}_i},$$

où ζ est une constante, la composante tangentielle de la force interne fait itérativement converger le projeté \mathbf{p}_i^\perp de \mathbf{p}_i sur l'hyperplan de ses voisins vers le point $\tilde{\mathbf{p}}_i^\perp$ défini par les paramètres métriques $\tilde{\varepsilon}_i^j$. Chaque sommet évolue donc de manière à égaliser les aires de ses trois faces adjacentes. En pratique, on borne les paramètres métriques de i ($\forall j, \xi < \tilde{\varepsilon}_i^j < 1 - \xi$) de façon à éviter des distorsions trop importantes du maillage.

La figure 2.21 illustre la réaction d'un maillage simplexe soumis à une force locale (en haut à gauche) sans (en haut à droite) ou avec (en bas à gauche) régularisation de l'aire des faces. L'adaptation du maillage permet de mieux décrire la forme imposée par la force externe, mais certaines faces s'allongent et la qualité géométrique du maillage s'en trouve dégradée.

Optimisation de la qualité géométrique par raffinement et décimation de la surface

On peut également optimiser la qualité géométrique d'un maillage en ajoutant dynamiquement des sommets dans les zones trop épaisses et en supprimant des sommets dans les zones de forte concentration. On définit deux contraintes géométriques sur les faces du maillage :

- *Contrainte d'aire.* Si l'aire d'une face devient trop importante (respectivement trop petite) par rapport à l'aire moyenne des faces du maillage, on raffine (respectivement on décime) localement la surface.
- *Contrainte d'élongation.* On découpe en deux chaque face présentant un paramètre d'élongation trop élevé.

La contrainte d'aire consiste simplement à comparer l'aire $A(f_i)$ de chaque face f_i avec l'aire moyenne $\bar{A} = \frac{\sum_i f_i}{\mathcal{M}_s}$, ou l'aire médiane des faces du maillage. Si le rapport des deux aires est supérieur à un ratio fixé r , on découpe la face en deux raffinant ainsi le maillage. Si au contraire ce rapport est inférieur à $\frac{1}{r}$, on détruit une arête, fusionnant ainsi deux faces :

$$\begin{cases} \frac{f_i}{A} < \frac{1}{r} \Rightarrow \text{fusion de } f_i \text{ et de la face adjacente d'aire minimale} \\ \frac{f_i}{A} > r \Rightarrow \text{découpe de } f_i. \end{cases}$$

La contrainte d'élongation consiste également à découper une face en deux si elle devient trop étirée. On définit l'élongation d'une face par une mesure robuste et géométriquement significative. Soit $\{\mathbf{p}_{\mathbf{PF}_i(j)}\}_j$ l'ensemble des sommets de la face f_i ($|\{\mathbf{p}_{\mathbf{PF}_i(j)}\}_j| = N(f_i)$), le rapport d'élongation de la face est déterminé en fonction de la longueur respective de ses arêtes :

$$\text{élongation} = \frac{\max_j \left\| \mathbf{p}_{\mathbf{PF}_i(j)} \mathbf{p}_{\mathbf{PF}_i((j+1)[N(f_i)])} \right\|}{\text{médiane}_j \left\| \mathbf{p}_{\mathbf{PF}_i(j)} \mathbf{p}_{\mathbf{PF}_i((j+1)[N(f_i)])} \right\|}.$$

Si ce rapport dépasse un ratio d'élongation fixé, on découpe la face en deux dans sa partie la plus étroite.

La figure 2.21 (en bas, à droite) montre le résultat de l'application d'une force locale sur un modèle déformable en utilisant les contraintes d'aire et d'élongation. Contrairement à l'égalisation des aires produite par ajustement des paramètres métriques (en bas à gauche), la qualité géométrique du maillage est préservée. En revanche, l'aire des faces varie d'avantage. Ces deux approches sont donc complémentaires et peuvent s'utiliser simultanément.

2.5 Changements de topologie

2.5.1 Opérateurs de changement de topologie

Les opérations TO_3 et TO_4 permettent de séparer une composante connexe en plusieurs ou au contraire de fusionner plusieurs composantes connexes. Dans le cas particulier des 1-maillages simplexés, les opérations TO_3^1 et TO_4^1 sont identiques. Elle permettent de fusionner deux arêtes d'un même maillage ou de deux maillages différents. Dans le cas des 2-maillages simplexés, l'opération TO_3^2 découpe un maillage selon un contour, créant ainsi une nouvelle face et l'opération TO_4^2 fusionne deux faces. La figure 2.22 illustre les transformations TO_3^1 , TO_3^2 et TO_4^2 .

Les opérations topologiques TO_5 et TO_6 permettent d'ouvrir (respectivement de fermer) des maillages simplexés en changeant le nombre de bords. Dans le cas des 1-maillages simplexés, un bord est un sommet avec un seul voisin. L'opération TO_5^1 marque une arête absente et ses sommets deviennent deux extrémités du modèle. Au contraire, l'opération TO_6^1 connecte deux extrémités en marquant leur arête présente. Sur les 2-maillages simplexés, l'opération TO_5^2 consiste à marquer une face absente. On introduit ainsi un trou dans la surface. L'opération TO_6^2 referme une surface ouverte en marquant la face présente. La figure 2.23 illustre l'application des opérations topologiques TO_5^1 , TO_6^1 , TO_5^2 et TO_6^2 .

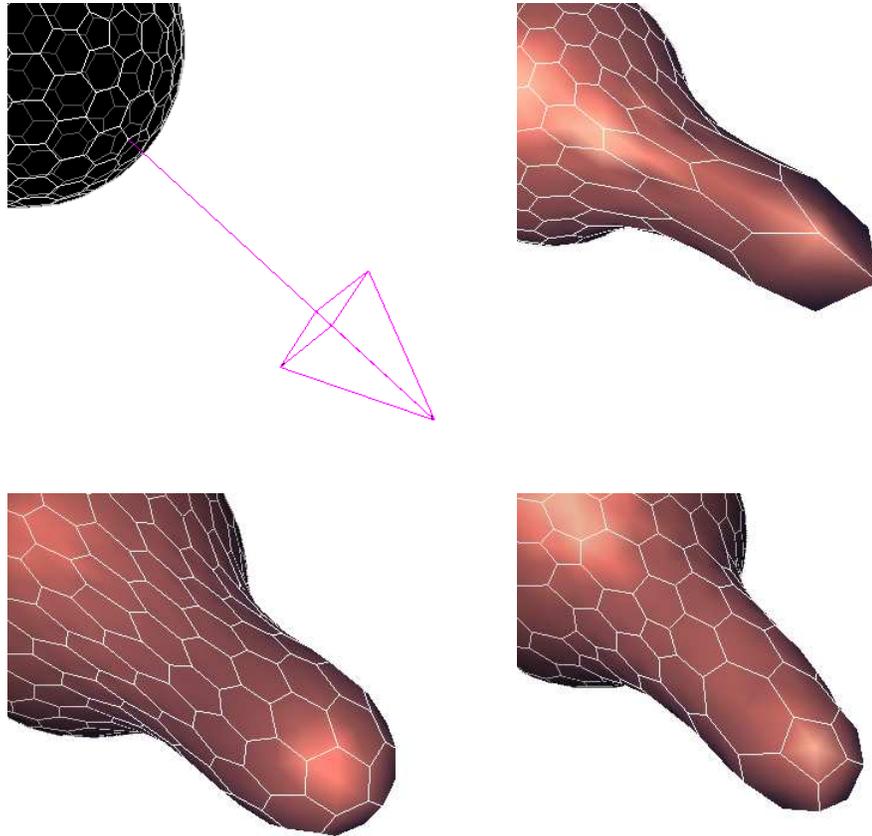


FIG. 2.21 – Réponse d'une surface déformable à une perturbation locale. Ligne du haut: force locale (à gauche) et déformation sans contrainte topologique (à droite). Ligne du bas: égalisation de l'aire des faces (à gauche) et contraintes géométriques (à droite).

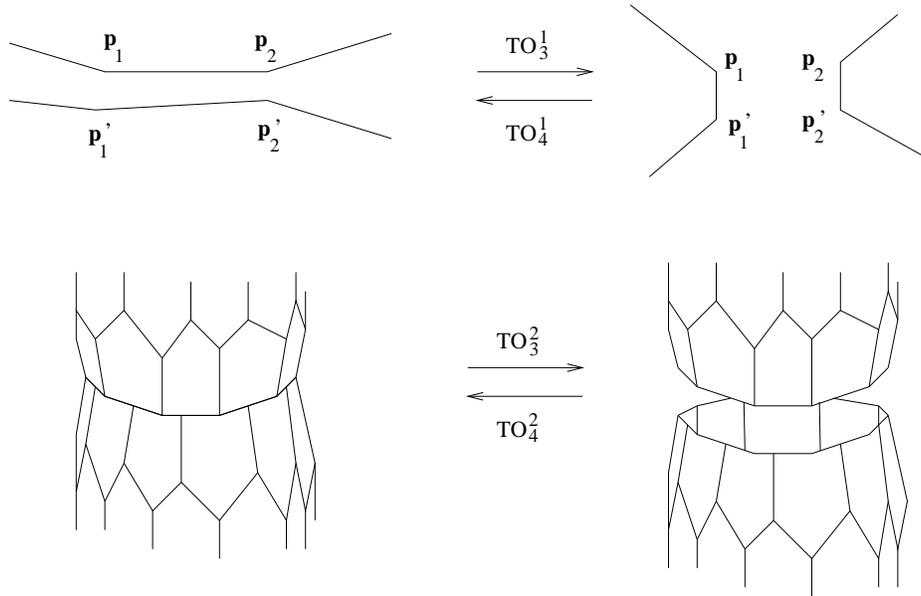


FIG. 2.22 – Opérations non-Euleriennes TO_3 et TO_4 sur les maillages simples.

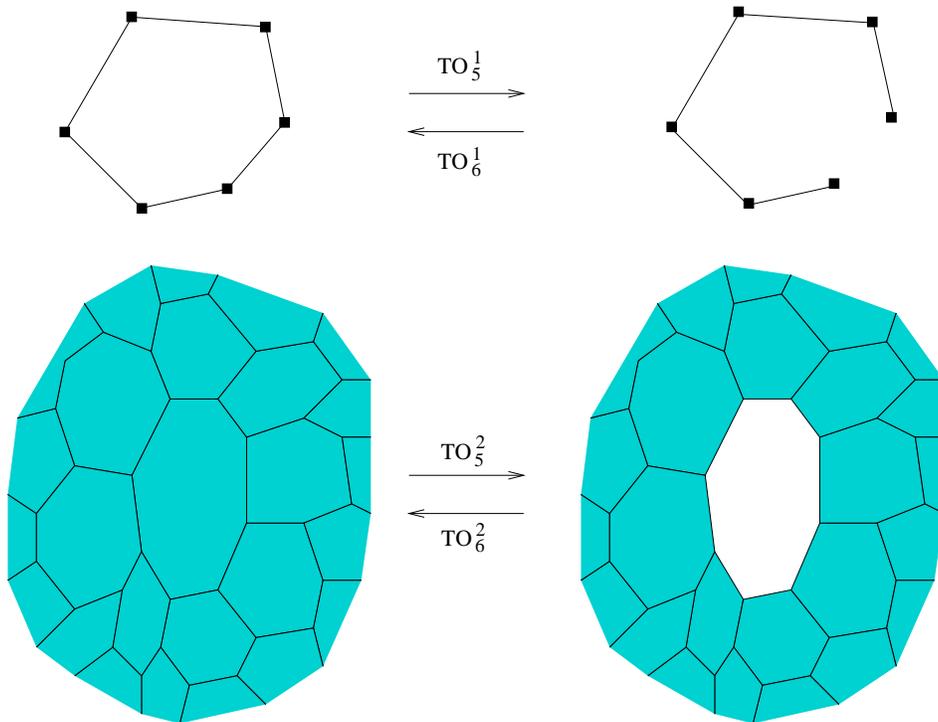


FIG. 2.23 – Opérations non-Euleriennes TO_5 et TO_6 sur les maillages simples.

2.5.2 Changements automatiques de topologie

Nous proposons un algorithme de changement automatique de topologie des 1-maillages simples de \mathbb{R}^2 . Notre approche est fondée sur un découpage régulier de l'espace selon une grille. Contrairement à ce qui est fait dans (McInerney et Terzopoulos, 1995c), notre approche ne nécessite pas de reparamétriser le contour à chaque itération. Le comportement physique et topologique des contours déformables est complètement découplé. Nous ne sommes donc pas limités à une évolution monotone d'inflation ou de déflation du contour. L'algorithme proposé est efficace en raison de sa nature discrète. En outre, notre approche permet de traiter des courbes ouvertes, ce qui n'est le cas ni des courbes implicites, ni des «T-snakes».

Au cours du processus de déformation, nous appliquons l'algorithme d'adaptation du contour proposé dans le paragraphe 2.4.4. Le contour reste ainsi régulièrement échantillonné ce qui est nécessaire pour une détection correcte des auto-intersections. Les contours topologiquement trop courts (moins de 8 sommets) sont détruits.

L'algorithme met en œuvre l'opérateur de changement de topologie TO_3^1 . Il nécessite de détecter quelles arêtes des contours déformables entrent en collision et d'appliquer les opérations topologiques nécessaires. Pour cela, on décompose le plan ($\mathbf{o}, \mathbf{x}, \mathbf{y}$) en une grille régulière de taille d . Les contours déformables sont décomposés sur la grille. On crée un *sommet de la grille* pour chaque intersection d'une arête d'un contour avec le bord d'une case et pour chaque bord d'un contour. Des *arêtes de la grille* (voir figure 2.24) relient les sommets de la grille dans l'ordre des intersections avec le contour. La figure 2.25 montre un exemple de décomposition d'un contour ouvert sur une grille.

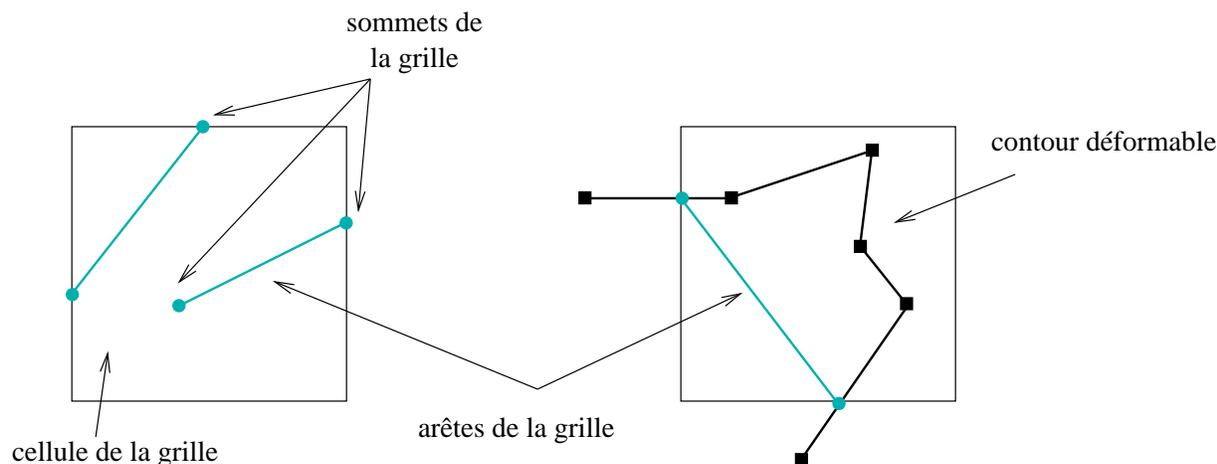


FIG. 2.24 – Gauche: définition des sommets et des arêtes de la grille. Droite: arête de la grille associée aux arêtes du contour.

Soit ℓ la longueur totale des contours déformables utilisés. Les cellules de la grille non vides sont rangées dans une table de hachage. Il y a au maximum ℓ cellules. Chaque cellule de la grille mémorise la liste des arêtes de la grille qu'elle contient. Pour chaque cellule contenant plus d'une arête de la grille, on teste les intersections des arêtes de la grille deux à deux. Pour chaque intersection d'une

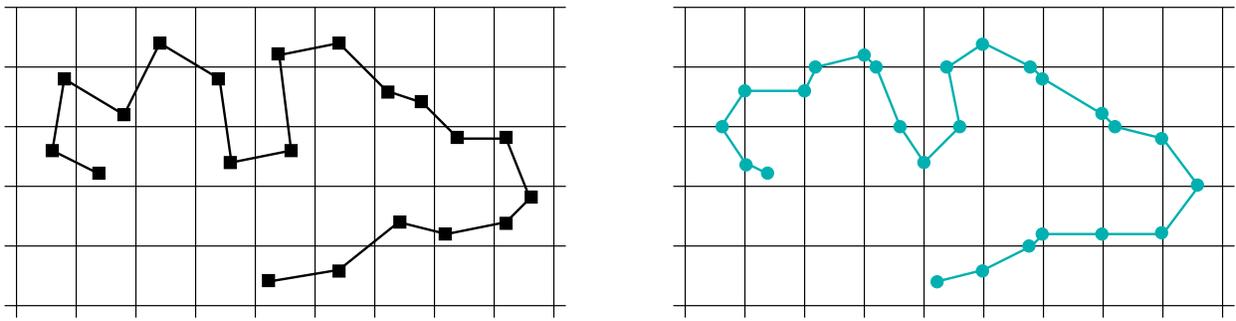


FIG. 2.25 – Un contour déformable ouvert (gauche) et sa décomposition sur une grille régulière (droite).

paire d'arêtes de la grille, on associe une paire d'arête des contours déformables (les arêtes médianes en terme de distance topologique).

Chaque paire d'arêtes provoquant une intersection est rangée dans une table de hachage. Comme deux composantes connexes se recoupent généralement en deux points (voir figure 2.26), on recherche pour toute intersection détectée une deuxième intersection impliquant les mêmes contours. Si une telle intersection existe, elle est traitée juste après la première. Les arêtes sécantes sont fusionnées par une opération topologique TO_3^1 . La seule exception est le cas où les deux arêtes appartiennent à un même maillage et sont à une distance topologique trop courte. On abandonne alors la fusion pour éviter de créer des composantes connexes trop petites.

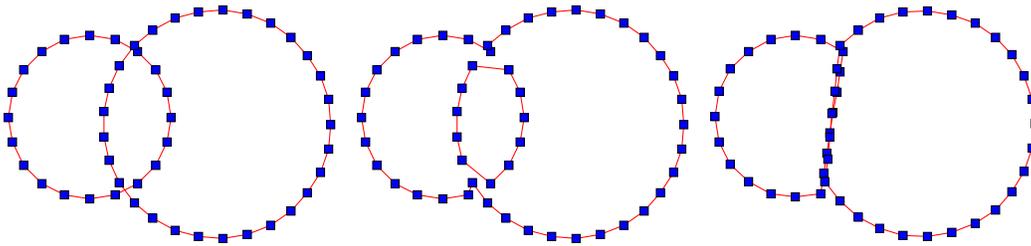


FIG. 2.26 – Détection de l'intersection de deux composantes connexes (à gauche) et découpe simultanée des deux intersections (au centre) ou répulsion des deux composantes (à droite).

En raison de la discrétisation sur une grille de taille d , l'algorithme proposé garantit que :

- si une paire d'arêtes de la grille se coupent, alors au moins une paire d'arêtes des contours se coupent à l'intérieur de la cellule;
- si une paire d'arêtes des contours se coupent et si l'aire commune des deux contours dépasse d^2 , alors il existe une paire d'arêtes de la grille correspondante qui se coupent.

En d'autres termes, Nous sommes certains de détecter une intersection dès que la surface commune des deux contours dépasse d^2 . En pratique, on fixe aléatoirement le point d'origine \mathbf{o} de la grille à chaque itération de manière à renforcer la détection des intersections.

Les figures 2.27 et 2.28 montrent le résultat de l'utilisation de l'algorithme de changement de

topologie sur deux exemples synthétiques. Dans l'expérience 2.27, un modèle circulaire est initialisé dans un coin de l'image d'un tore. Le modèle attiré par les contours du tore évolue tout au long de l'objet en se raffinant jusqu'à auto-intersection et se sépare en deux composantes connexes. Une force de ballon aide l'évolution du modèle. Le nombre de sommets du modèle est périodiquement mis à jour pour tenir compte du grossissement du modèle. Dans l'expérience 2.28, trois modèles fermés et un modèle ouvert sont initialisés et évoluent sous l'action d'une force interne minimisant l'aire. Les petites composantes connexes disparaissent et les modèles subissent de nombreuses séparations et fusions avant de se réduire à un segment.

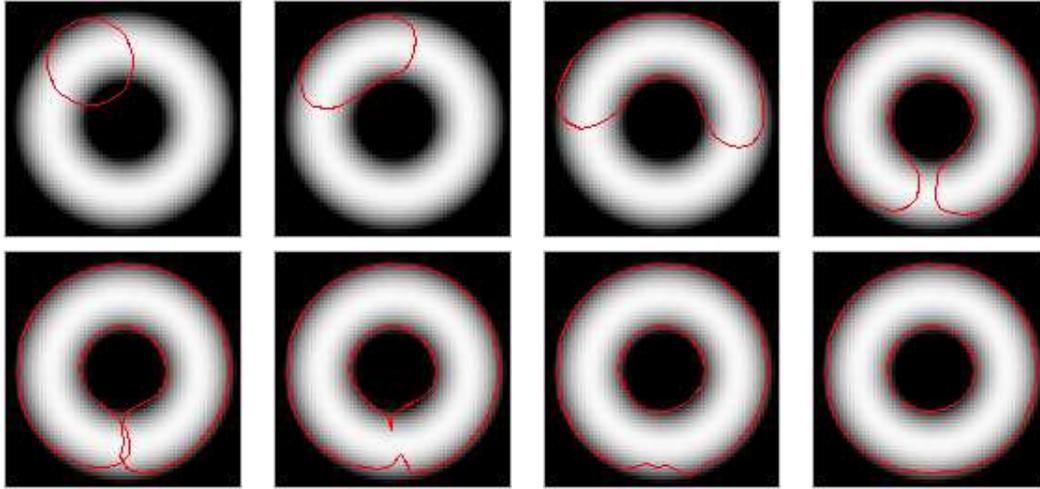


FIG. 2.27 – Évolution d'un modèle homéomorphe à un cercle vers un objet de topologie torique.

Contraintes répulsives

Dans certains cas, il est utile de segmenter simultanément plusieurs structures avec différents modèles en s'assurant que les modèles ne se recoupent pas (Poupon, 1999; Poupon et al., 1998). L'algorithme précédent permet d'empêcher les modèles de se couper plutôt que d'opérer des changements topologiques (voir figure 2.26, droite). Si les arêtes sécantes appartiennent à deux contours différents, on peut décider de ne pas les fusionner. On recherche alors les deux points d'intersection des deux contours comme précédemment. On aligne tous les sommets se trouvant entre les deux points d'intersection sur une ligne médiatrice. La figure 2.29 illustre la segmentation des oreillettes gauche et droite du cœur dans une coupe petit axe à l'aide de deux contours déformables sans contrainte (à gauche) et avec un comportement répulsif (à droite).

Coût de l'algorithme et influence de la résolution d de la grille

En pratique, la construction de la grille et la détection de collision n'ont lieu qu'une fois toutes les quelques itérations du processus de déformation. Dans la mesure où les calculs sont optimisés par l'utilisation des tables de hachage et la discrétisation sur la grille, le surcoût en temps de calcul est peu important. Le coût d'une étape de transformation topologique est typiquement du même ordre de grandeur qu'une étape de déformation. En réalisant les calculs toutes les cinq itérations, on introduit un surcoût de 20% du temps de calcul seulement.

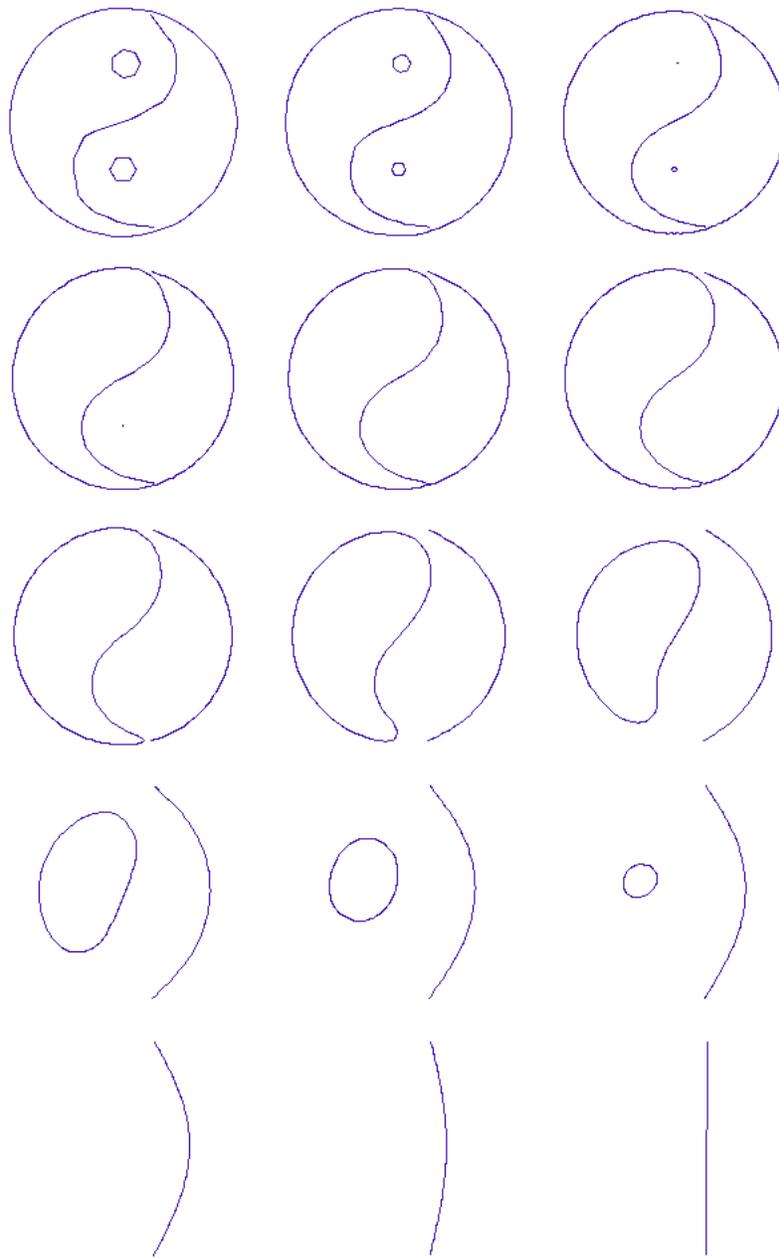


FIG. 2.28 – Évolution de quatre modèles composant le symbole du ying-yang sous l'action de forces internes minimisant l'aire.

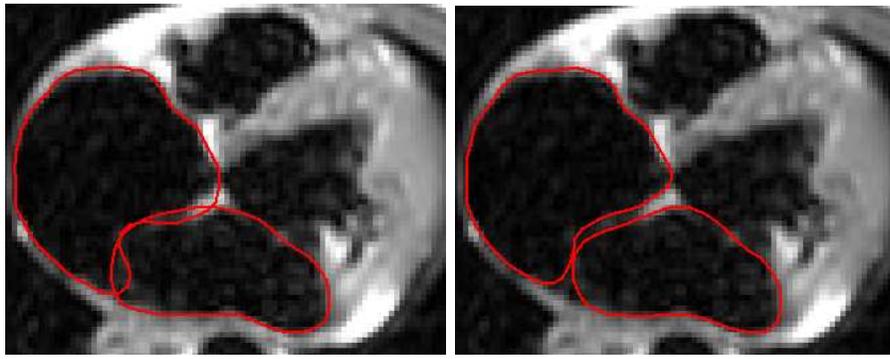


FIG. 2.29 – *Segmentation des oreillettes gauche et droite du cœur par deux contours déformables sans contrainte (à gauche) et avec un comportement répulsif (à droite).*

La figure 2.30 montre l'évolution du temps de calcul des intersections en fonction de la taille de la grille d pour l'expérience montrée sur la figure 2.27. Le temps de calcul devient faible dès qu'une dimension d de l'ordre de quelques pixels est choisie. Au delà de six pixels, le gain de temps devient négligeable. Dans la mesure où une grille de taille trop importante risque de conduire à une détection tardive des collisions, on prend un pas de la grille d de l'ordre de la longueur des arêtes du contour.

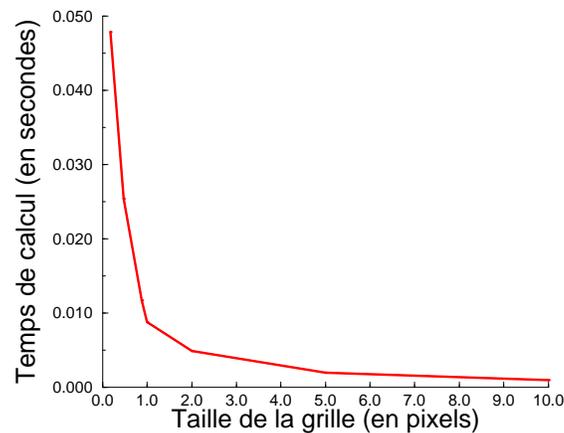


FIG. 2.30 – *Évolution du temps de calcul des intersections en fonction de la taille de la grille.*

2.6 Comparaison avec les représentations implicites

Nous proposons de comparer les résultats obtenus par l'algorithme de changement de topologie décrit au paragraphe 2.5 et le formalisme des ensembles de niveaux sur des exemples concrets de segmentation faisant intervenir un changement de topologie du modèle déformable.

2.6.1 Mise en œuvre des ensembles de niveaux

Nous avons programmé une mise en œuvre des ensembles de niveaux en deux dimensions. La courbe de niveau 0 est définie par l'ensemble des points :

$$\mathcal{C} = \{ \mathbf{p} \in \mathbb{R}^2 \mid \Psi(\mathbf{p}) = 0 \}.$$

La fonction Ψ est initialisée à partir d'un contour fermé comme une carte de distance signée à ce contour. Elle est discrétisée sur une grille de résolution spatiale de la taille des voxels dans l'image.

La fonction Ψ évolue selon le schéma numérique explicite 1.21. La vitesse de propagation du front \bar{v} est définie par :

$$\bar{v}(\mathbf{p}) = \beta(\mathbf{p}) (\kappa(\mathbf{p}) + c)$$

où :

- $\kappa(\mathbf{p}) = \frac{\frac{\partial^2 \Psi}{\partial x^2} \frac{\partial \Psi}{\partial y} - 2 \frac{\partial \Psi}{\partial x} \frac{\partial \Psi}{\partial y} \frac{\partial^2 \Psi}{\partial x \partial y} + \frac{\partial^2 \Psi}{\partial y^2} \frac{\partial \Psi}{\partial x}}{\left(\frac{\partial \Psi}{\partial y} \frac{\partial \Psi}{\partial x} \right)^{\frac{3}{2}}}$ représente la courbure de Ψ au point \mathbf{p} . Ce terme régularise les courbes de niveaux en faisant converger leur forme vers un cercle.
- c est un terme constant forçant l'évolution des courbes de niveau vers l'intérieur ou l'extérieur. Ce terme est équivalent à une force de ballon.
- $\beta(\mathbf{p}) \in [0,1]$ est un coefficient multiplicatif dépendant de la norme du gradient de l'image I au point \mathbf{p} . Une fonction décroissante tronquée comme illustré sur la figure 2.31 est utilisée de manière à arrêter la propagation du front sur les points de fort contour. Le seuil s fixe

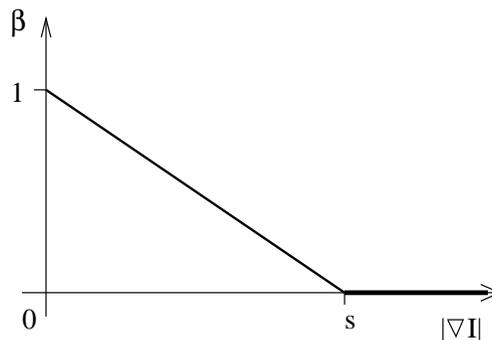


FIG. 2.31 – Coefficient multiplicatif de la vitesse de propagation du front.

la valeur de la norme du gradient au delà de laquelle le front est complètement stoppé dans l'image.

Nous utilisons une technique de bande mince afin d'optimiser les calculs et de réinitialiser périodiquement l'ensemble de niveaux.

Afin d'obtenir des résultats comparables avec les contours discrets, ceux-ci évoluent sous l'action d'un terme d'attache aux données orienté suivant leur normale dans l'une ou l'autre direction (force de ballon) pondéré par le coefficient multiplicatif β proposé pour les ensembles de niveaux. Le modèle tend ainsi à se dilater ou à se comprimer mais s'arrête sur les points de fort gradient.

2.6.2 Images synthétiques

Nous utilisons des images synthétiques très contrastées pour montrer les capacités de changement de topologie des deux approches.

Section d'un tore

Le premier exemple fait intervenir la segmentation de deux composantes connexes à partir d'un contour initial rectangulaire. L'image d'intensité et l'image de la norme du gradient sont montrées sur la figure 2.32 à gauche et au centre respectivement. Cette image a été obtenue par intersection d'un tore avec un plan (voir figure 2.32 à droite). À cause des effets de volume partiel, les voxels du centre ne sont pas noirs et la réponse de l'opérateur de gradient n'y est pas nulle.

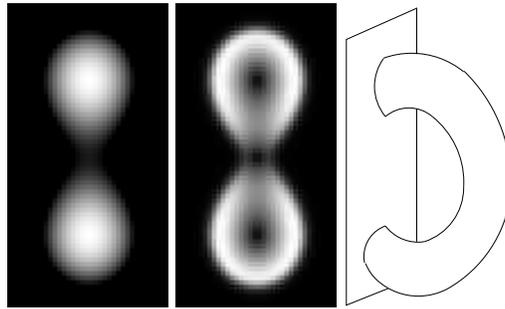


FIG. 2.32 – Image d'intensité (à gauche) et de gradient (au centre) obtenues par intersection d'un tore avec un plan (à droite).

Avec l'ensemble de niveaux, nous utilisons un pas de temps de 0,3, limite au delà de laquelle des phénomènes d'instabilité apparaissent. Une bande mince de largeur 7 pixels est apparue comme le meilleur compromis entre fréquence des réinitialisations et coût de l'évolution. La figure 2.33, ligne du haut, montre la convergence d'un ensemble de niveau vers sa position d'équilibre. La forme légèrement irrégulière du contour initial est due à une approximation de l'algorithme d'initialisation qui n'a pas d'incidence sur le reste du processus de déformation.

Le contour discret est régularisé par une contrainte de continuité de courbure. Une taille de grille moyenne est utilisée avec application de l'algorithme de topologie toutes les dix itérations. Le contour est rééchantillonné toutes les dix itérations de manière à ce que les arêtes conservent toutes des longueurs à peu près égales. La figure 2.33 montre la convergence du contour déformable dans la ligne du bas. En raison des contraintes régularisantes, le modèle évolue vers une forme plus circulaire que les courbes de niveau.

Le temps de convergence pour le contour discret est de 0,42 secondes contre 3,30 secondes pour l'ensemble de niveaux soit un facteur d'accélération de 7,85. Ces temps sont mesurés sans affichage de l'évolution des contours qui défavoriserait les ensembles de niveaux pour lesquelles la procédure d'affichage est plus complexe. Ce résultat est dû au faible nombre de sommets du contour discret (48 sommets au début et 36 sommets à la fin de la déformation) en regard du nombre de points de l'ensemble de niveaux à mettre à jour, et au très faible coût de l'algorithme de changement de topologie.

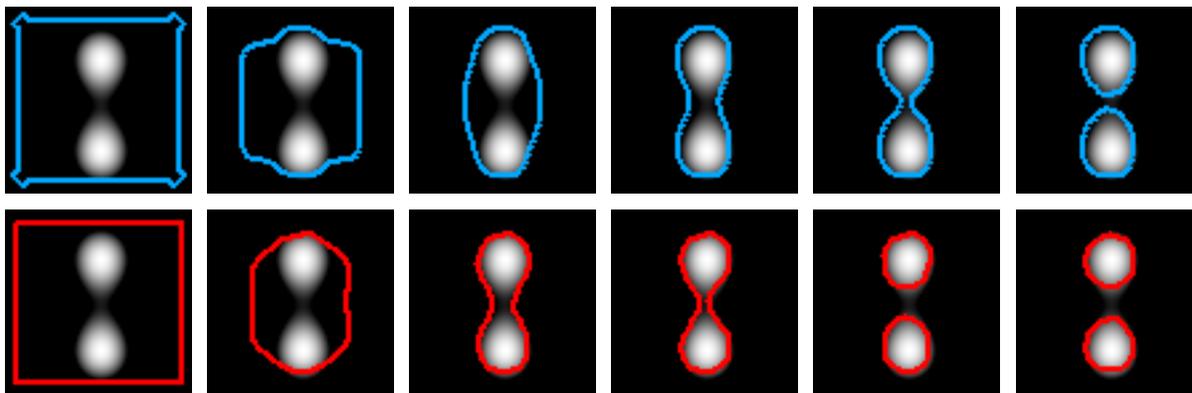


FIG. 2.33 – Convergence d'un ensemble de niveaux (ligne du haut) et d'un contour discret (ligne du bas) dans les mêmes conditions vers deux composantes connexes de l'image.

Les ensembles de niveaux sont très sensibles au seuil s de la valeur du gradient arrêtant complètement le front. Une valeur un peu trop faible ne permet pas la réunion du contour dans la partie centrale tandis qu'une valeur un peu trop élevée provoque le franchissement de la barrière de gradient refermant chaque composante connexe. Le contour discret n'est pas sujet à ces problèmes grâce à ses contraintes régularisantes. La figure 2.34 montre l'ensemble de niveaux en cours de déformation et la bande mince utilisée (à gauche), ainsi que le résultat obtenu pour un seuil trop faible ou un seuil trop élevé de la force de gradient.

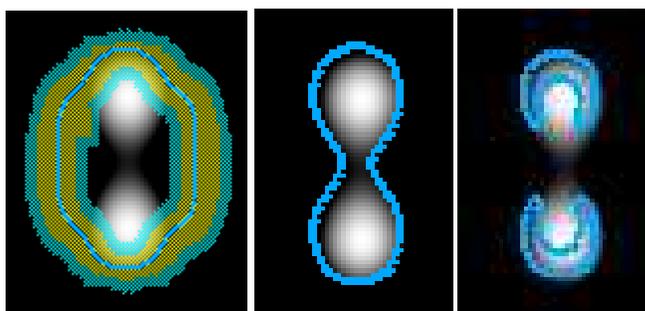


FIG. 2.34 – Ensemble de niveaux en cours de déformation et sa bande mince (à gauche) et résultat de segmentation pour un seuil sur le gradient trop faible (au centre) ou trop fort (à droite).

Fractale de Sirpinsky

L'image de la fractale de Sirpinsky présentée dans la figure 2.35, à gauche est segmentée. La figure de droite montre l'intensité de la norme du gradient dans l'image.

Un contour est initialisé à l'intérieur du grand carré de l'image. Dans le cas de l'ensemble de niveaux, nous utilisons un pas de temps de 0,3 correspondant à la limite de stabilité du schéma numérique. Dans cette expérience, une bande mince n'apporte pas d'amélioration en terme de temps de calcul car la courbe de niveau 0 remplit peu à peu l'ensemble de l'image. Les contours étant très francs, le seuil s sur la valeur de la norme du gradient est élevé.

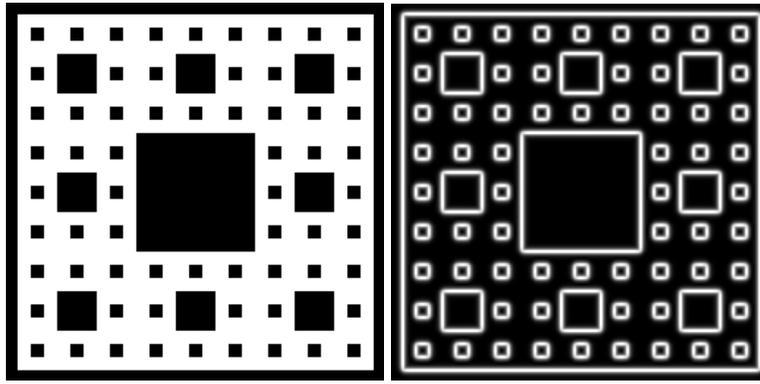


FIG. 2.35 – Image de la fractale de Sirpinsky (à gauche) et intensité de la norme du gradient (à droite).

Le contour simplexe utilise une force régularisante de faible amplitude de manière à ce que le terme de lissage ne vienne pas arrondir les coins des carrés à segmenter dans l'image. Le contour est rééchantillonné toutes les dix itérations pour conserver un faible écart entre les sommets pour la segmentation correcte des petites structures. L'algorithme de changement de topologie est utilisé toutes les cinq itérations. Une grille de faible résolution est nécessaire (4 pixels de côté) en raison de la petite taille des structures de l'image.

La figure 2.36 montre, sur les deux lignes du haut, l'évolution d'un ensemble de niveaux jusqu'à la convergence en 80 itérations. Les deux lignes du bas montrent la convergence du contour simplexe en 280 itérations à partir du même contour initial. Dans les deux cas, toutes les structures sont segmentées. L'ensemble de niveaux montre des petites instabilités pendant son évolution en raison des valeurs limites des paramètres de pas de temps et de vitesse de ballon utilisées.

La figure 2.37 montre le temps mis par l'ensemble de niveaux jusqu'à la convergence (en trait plein) et par les contours discrets (en tirets discontinus). Afin de ne pas pénaliser l'ensemble de niveaux, les temps sont mesurés sans affichage de la progression. Le temps mis par l'ensemble de niveaux est linéaire en le nombre d'itérations puisque nous n'utilisons pas de bande mince. La vitesse de convergence du contour discret ralentit alors que des sommets sont ajoutés pour représenter toutes les petites structures de l'image. Le résultat donne un net avantage au contour discret (presque quatre fois plus rapide).

2.6.3 Image médicale

Enfin, nous présentons la segmentation d'une vertèbre par les deux méthodes proposées. La figure 2.38, en haut, montre la segmentation par un ensemble de niveaux. La segmentation du contour de l'image est due aux effets de bords de l'image (les valeurs de la fonctionnelle sont fixées sur les bords). Cette méthode résulte en une segmentation simultanée de l'intérieur et de l'extérieur des contours. Les lignes du bas de la figure 2.38 montrent la segmentation à partir de la même position initiale par un contour discret. Les algorithmes de rééchantillonnage du contour et

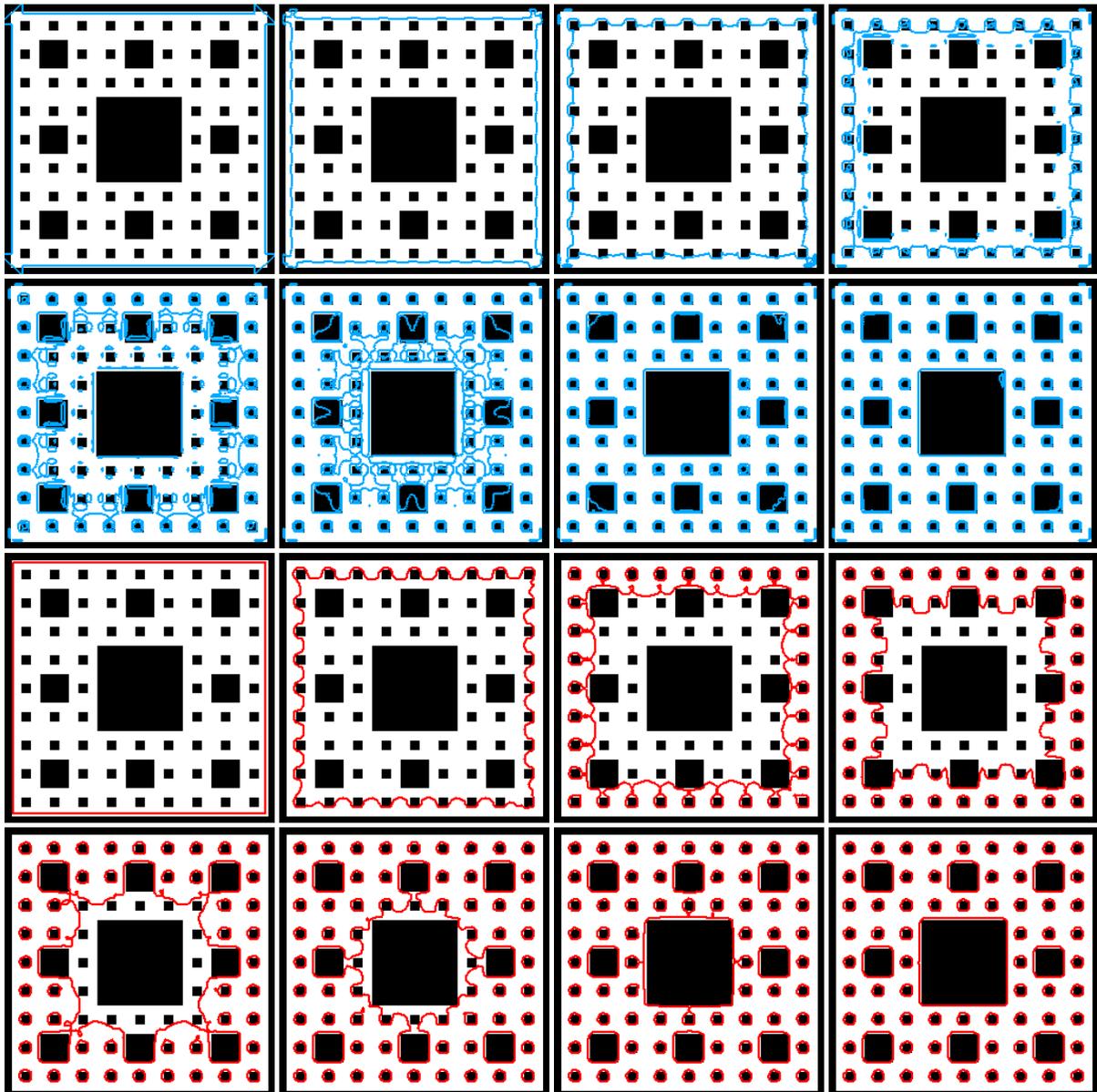


FIG. 2.36 – Deux lignes du haut : convergence de la courbe de niveau 0. Deux lignes du bas : convergence d'un modèle discret dans les mêmes conditions.

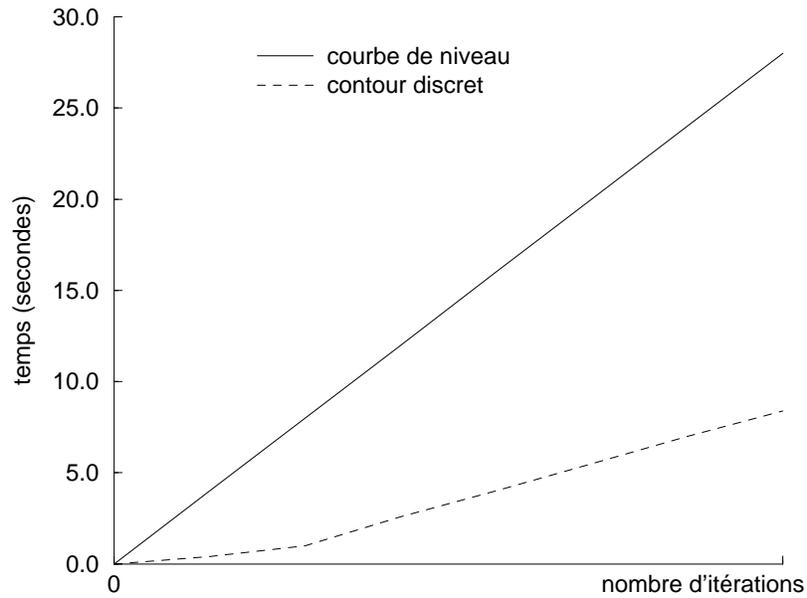


FIG. 2.37 – Temps mis par l'ensemble de niveaux (trait plein) et le contour discret (tirets discontinus) pour converger.

de changement de topologie sont appliqués toutes les cinq itérations. La segmentation par contour discret nécessite 3,5 secondes contre 4,2 secondes pour l'ensemble de niveaux. Les paramètres limites de l'ensemble de niveaux (pas de temps égal à 0,5 et très forte composante d'inflation) la rendent efficace mais assez instable.

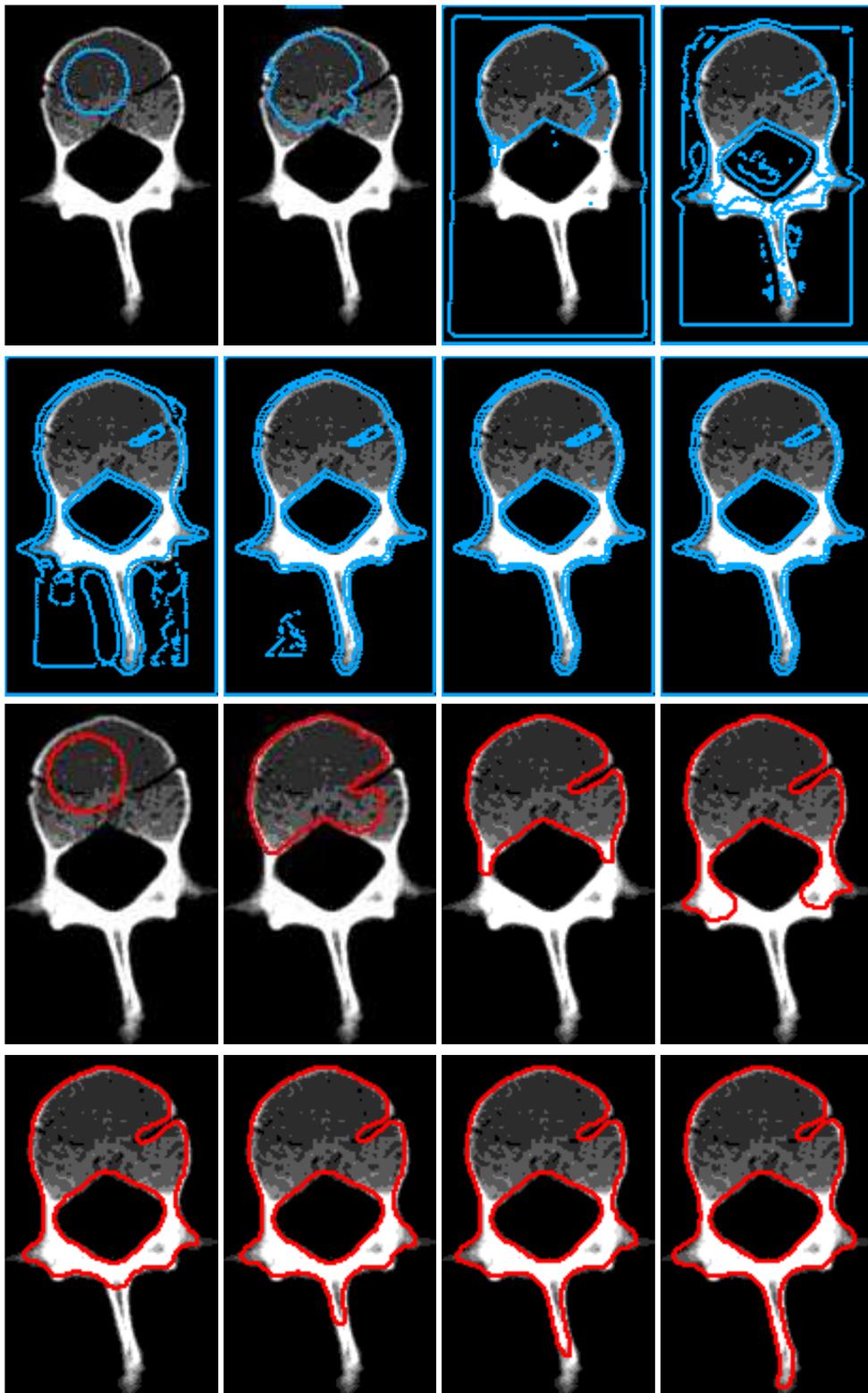


FIG. 2.38 – Deux lignes du haut: segmentation par ensemble de niveaux. Deux lignes du bas: segmentation par modèle discret dans les mêmes conditions.

Chapitre 3

Forces internes

Les forces internes régularisantes jouent un rôle important pour obtenir des surfaces lisses peu sensibles au bruit que l'on trouve dans les images. Nous étudions dans ce chapitre plusieurs types de forces qui sont particulièrement adaptées pour la segmentation d'images médicales (Delingette et

Montagnat, 2000b). Nous nous intéressons dans un premier temps au cas bidimensionnel, dans lequel il est possible de prouver analytiquement quelques résultats de stabilité du schéma numérique. Nous introduisons un paramètre de rigidité permettant de contrôler la contrainte de forme dans le processus de déformation (Montagnat et Delingette, 1997c).

Les forces internes jouent un rôle régularisant. Elles rendent la fonctionnelle d'énergie localement convexe et permettent au modèle de se déformer en respectant certains critères de régularité. Nous étudions dans ce chapitre plusieurs types de forces internes développées pour les contours déformables, et nous proposons des forces régularisantes des 2-maillages simplexés qui nous sont utiles dans le cadre de la segmentation d'images médicales.

3.1 Forces internes des contours déformables

Soit \mathcal{C} un contour déformable explicite paramétré par l'indice r variant sur l'intervalle Ω . L'abscisse curviligne s de \mathcal{C} est reliée au paramètre r par l'intermédiaire de la métrique g définie telle que :

$$s(r) = \int_0^r g(u) du \quad \text{avec} \quad g = \left\| \frac{\partial \mathcal{C}}{\partial r} \right\|.$$

Dans la suite on note :

- $\mathbf{t} = \frac{\partial \mathcal{C}}{\partial s}$ la tangente au contour;
- $\mathbf{n} = \frac{-\partial \mathbf{t}}{\partial s} / \left\| \frac{\partial \mathbf{t}}{\partial s} \right\|$ sa normale;
- et $\kappa = \left\| \frac{\partial \mathbf{t}}{\partial s} \right\|$ sa courbure Gaussienne.

3.1.1 Quelques expressions de forces internes

De très nombreux types de forces régularisantes ont été proposés dans la littérature (Kass et al., 1988; Cohen, 1991; Kimia et al., 1992). Elles font en général intervenir la courbure du contour ou des caractéristiques différentielles d'ordre supérieur. Nous étudions ici quelques unes des forces les plus largement utilisées.

- *Courbure moyenne :*

L'énergie :

$$E_{\text{reg}} = \int_{\Omega} \left\| \frac{\partial \mathcal{C}}{\partial r} \right\| dr$$

est dépendante de la longueur de la courbe. L'équation d'Euler-Lagrange appliquée à un contour soumis à cette seule énergie conduit à l'expression des forces internes :

$$f_{\text{int}}(r) = \kappa(r) \mathbf{n}(r).$$

Cette force dirigée vers l'intérieur d'un contour fermé tend à minimiser la longueur de la courbe. C'est la force régularisante généralement utilisée dans le formalisme des ensembles de niveaux.

- *Lissage Laplacien :*

L'énergie élastique du contour s'exprime :

$$E_{\text{reg}} = \int_{\Omega} \left\| \frac{\partial \mathcal{C}}{\partial r} \right\|^2 dr.$$

La minimisation de l'énergie élastique conduit à la force interne :

$$f_{\text{int}}(r) = \frac{\partial^2 \mathcal{C}}{\partial r^2}.$$

L'équation d'évolution Lagrangienne correspondante :

$$\frac{\partial \mathcal{C}}{\partial t} = \frac{\partial^2 \mathcal{C}}{\partial r^2}$$

est une équation de diffusion qui provoque un lissage Laplacien du contour. (À l'équilibre, $\frac{\partial^2 \mathcal{C}}{\partial r^2} = 0$).

- *Énergie de flexion :*

La minimisation de l'énergie de flexion d'une baguette mince :

$$E_{\text{reg}} = \int_{\Omega} \left\| \frac{\partial^2 \mathcal{C}}{\partial r^2} \right\|^2 dr$$

conduit à une force interne définie comme :

$$f_{\text{int}}(r) = -\frac{\partial^4 \mathcal{C}}{\partial r^4}.$$

- *Force de ballon :*

Enfin, la force :

$$f_{\text{int}}(r) = -k\mathbf{n}(r),$$

où k est une constante positive correspond à la minimisation de l'aire délimitée par un contour fermé (Cohen, 1991).

Décomposons la force interne en ses composantes tangentielles et normales :

$$f_{\text{int}}(r) = f_{\text{tg}}(r)\mathbf{t}(r) + f_{\text{nr}}(r)\mathbf{n}(r).$$

Comme indiqué dans le paragraphe 2.3.1 et dans (Kimia et al., 1992), la composante tangentielle de la force interne affecte la paramétrisation du contour \mathcal{C} mais pas sa forme. C'est pourquoi le seul terme normal est considéré dans l'approche par ensembles de niveaux où aucune paramétrisation n'est nécessaire. La paramétrisation est en revanche un facteur déterminant dans le cas des modèles explicites discrétisés. Parmi les quatre types de forces proposés, les forces de courbure moyenne et de ballon ont une composante tangentielle nulle. La figure 3.1 montre l'évolution d'un contour déformable ouvert (ligne du haut) sous l'action des forces de courbure moyenne (en bas à gauche) et de lissage Laplacien (en bas à droite).

Dans le premier cas, les sommets sont très irrégulièrement répartis après déformation. Le lissage Laplacien espace les sommets régulièrement. En revanche, tous les stabilisateurs différentiels linéaires provoquent une sous-estimation de la courbure du contour lors de la reconstruction (Delingette et al., 1991). Le lissage Laplacien basé sur la dérivée seconde du contour provoque une sous-estimation beaucoup plus sensible que les forces internes sans composante tangentielle. L'énergie de flexion qui fait intervenir une dérivée quatrième du contour est également moins sensible à ce problème.

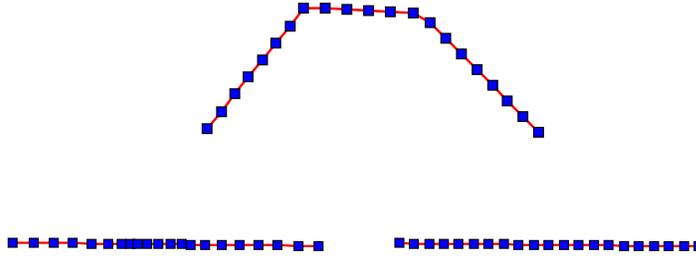


FIG. 3.1 – Lissage d'un contour déformable ouvert (en haut) sous l'action de la force de courbure moyenne (en bas à gauche) et de lissage Laplacien (en bas à droite).

3.1.2 Une nouvelle force interne

Étudions l'évolution de caractéristiques différentielles de \mathcal{C} dans le temps. On considère la tangente $\mathbf{t}(r,t)$, la normale $\mathbf{n}(r,t)$, la courbure Gaussienne $\kappa(r,t)$ et la métrique $g(r,t)$ de la courbe comme des fonctions dépendantes du temps. Puisque :

$$\mathbf{t} = \frac{1}{g} \frac{\partial \mathcal{C}}{\partial r}, \quad \kappa = \frac{1}{g} \left\| \frac{\partial \mathbf{t}}{\partial r} \right\|, \quad \mathbf{n} = \frac{-1}{\kappa g} \frac{\partial \mathbf{t}}{\partial r}, \quad \frac{\partial \mathbf{t}}{\partial r} = -\kappa g \mathbf{n}, \quad \text{et} \quad \frac{\partial \mathbf{n}}{\partial r} = \kappa g \mathbf{t},$$

on montre que :

$$\frac{\partial g^2}{\partial t} = \frac{\partial}{\partial t} \left(\frac{\partial \mathcal{C}}{\partial r} \cdot \frac{\partial \mathcal{C}}{\partial r} \right) = 2g \mathbf{t} \cdot \frac{\partial}{\partial r} \frac{\partial \mathcal{C}}{\partial t} = 2g \left(\frac{\partial f_{\text{tg}}}{\partial r} + \kappa g f_{\text{nr}} \right)$$

et donc :

$$\frac{\partial g}{\partial t} = \frac{\partial f_{\text{tg}}}{\partial r} + \kappa g f_{\text{nr}}. \quad (3.1)$$

Si on définit la composante tangentielle de la force régularisante comme

$$f_{\text{tg}} = \frac{\partial g}{\partial r} \quad (3.2)$$

alors l'évolution de la métrique (équation 3.1) devient :

$$\frac{\partial g}{\partial t} = \frac{\partial^2 g}{\partial r^2} + \kappa g f_{\text{nr}}. \quad (3.3)$$

Quand la composante normale est négligeable, l'équation 3.3 est une équation de diffusion de la métrique tout au long du contour. À l'équilibre, la métrique est uniforme donc le paramètre r et l'abscisse curviligne sont proportionnels.

En fait, la force interne de lissage Laplacien s'exprime :

$$f_{\text{int}} = \frac{\partial^2 \mathcal{C}}{\partial r^2} = \frac{\partial g}{\partial r} \mathbf{t} + g^2 \kappa \mathbf{n}$$

Sa composante tangentielle correspond donc exactement à l'équation 3.2 et sa composante normale est identique à celle de la courbure moyenne. En combinant la composante tangentielle du lissage Laplacien et la composante normale de l'énergie de flexion, on obtient une nouvelle force :

$$f_{\text{int}} = \frac{\partial g}{\partial r} \mathbf{t} - \left(\frac{\partial^4 \mathcal{C}}{\partial r^4} \cdot \mathbf{n} \right) \mathbf{n} \quad (3.4)$$

permettant un bon contrôle de la paramétrisation et introduisant une faible sous-estimation de la courbure. La figure 3.2 compare la reconstruction d'un contour en utilisant le lissage Laplacien (à gauche) et la force de l'équation 3.4 (à droite).

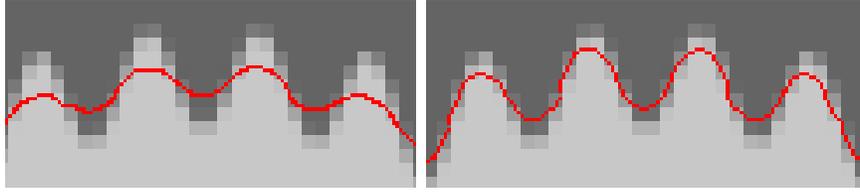


FIG. 3.2 – Reconstruction d'un contour avec la force de lissage Laplacien (à gauche) et la force correspondant à l'équation 3.4 (à droite).

Dans le second cas, l'équilibre entre forces internes régularisantes et terme d'attache aux données est plus proche du contour visible dans l'image. La reconstruction est plus fidèle aux données.

Dans le cas des modèles déformables discrets, la tangente au contour en un sommet i est définie comme :

$$\mathbf{t}_i = \frac{\mathbf{p}_{i+1} - \mathbf{p}_{i-1}}{\|\mathbf{p}_{i+1} - \mathbf{p}_{i-1}\|}$$

et la composante tangentielle de la force est :

$$\frac{\partial g}{\partial r} \mathbf{t} \approx \left(\left(\frac{\mathbf{p}_{i+1} + \mathbf{p}_{i-1}}{2} - \mathbf{p}_i \right) \cdot \mathbf{t}_i \right) \mathbf{t}_i. \quad (3.5)$$

L'équation 3.5 possède une interprétation géométrique simple. Elle correspond à une attraction du projeté du sommet \mathbf{p}_i vers le centre du segment $[\mathbf{p}_{i-1}, \mathbf{p}_{i+1}]$.

3.2 Résultats de stabilité

Nous étudions la stabilité du schéma numérique discret explicite des contours déformables dans les cas relativement simples d'un modèle soumis aux forces internes de lissage Laplacien et d'énergie de flexion.

3.2.1 Schéma Lagrangien

Nous considérons ici le cas de la discrétisation du système par un schéma numérique explicite et une équation d'évolution Lagrangienne. L'équation d'évolution du contour :

$$\frac{\partial \mathcal{C}}{\partial t} = \alpha f_{\text{int}}$$

est discrétisée en espace. L'équation Lagrangienne de l'évolution de l'ensemble $\{\mathbf{p}_i\}_{i \in [0, n-1]}$ des points du contour est :

$$\forall i, \mathbf{p}_i^{t+\Delta t} = \mathbf{p}_i^t + \alpha f_{\text{int}}(\mathbf{p}_i^t). \quad (3.6)$$

Comme pour l'équation d'évolution 2.2, le paramètre α intègre le pas de temps. On considère dans ce paragraphe que α est constant en tous points du contour.

Soit $\mathbf{H}(E_{\text{reg}})$ la matrice Hessienne de l'énergie discrétisée et $\{v_m\}_m$ l'ensemble de ses valeurs propres. On peut montrer (Promayon, 1997) que le schéma numérique 3.6 est stable à condition que pour chaque valeur propre v_m :

- v_m est réelle et $|v_m| < 1$;
- ou v_m est complexe, $|v_m| < 1$ et $\text{Re}(v_m) \neq 0$.

Soit $\mathbf{x} = (p_0, \dots, p_{n-1})^T$ et $f = (f_0, \dots, f_{n-1})^T$ la fonction vectorielle définie par :

$$\forall i, \mathbf{p}_i^{t+\Delta t} = f_i(\mathbf{x}^t).$$

Dans le cas où le contour est soumis à un ensemble de forces discrètes, la matrice Hessienne de l'énergie est égale à la matrice Jacobienne $\mathbf{J}(f)$ de f . On s'intéressera donc aux valeurs propres de $\mathbf{J}(f)$.

Lissage Laplacien

En discrétisant la force interne du lissage Laplacien :

$$f_{\text{int}}(\mathbf{x}) = \mathbf{p}_{i+1} - 2\mathbf{p}_i + \mathbf{p}_{i-1},$$

on trouve l'expression de $\mathbf{p}_i^{t+\Delta t}$:

$$\mathbf{p}_i^{t+\Delta t} = f_i(\mathbf{x}^t) = \mathbf{p}_i^t + \alpha(\mathbf{p}_{i+1}^t - 2\mathbf{p}_i^t + \mathbf{p}_{i-1}^t).$$

Par différenciation :

$$\frac{\partial f_i}{\partial \mathbf{p}_j} = \begin{cases} 1 - 2\alpha & \text{si } i = j \\ \alpha & \text{si } (i+1)[n] = j \text{ ou } (i-1)[n] = j \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

d'où la matrice Jacobienne :

$$\mathbf{J}(f) = \begin{pmatrix} 1 - 2\alpha & \alpha & 0 & \dots & 0 & \alpha \\ \alpha & 1 - 2\alpha & \alpha & \dots & & 0 \\ 0 & \alpha & 1 - 2\alpha & \dots & & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \ddots & \ddots & \vdots \\ 0 & \dots & 0 & \alpha & 1 - 2\alpha & \alpha \\ \alpha & 0 & \dots & 0 & \alpha & 1 - 2\alpha \end{pmatrix}$$

$\mathbf{J}(f)$ est une matrice de Toeplitz symétrique, aussi connue sous le nom de matrice circulante. On peut montrer (Morrison, 1995) que les valeurs propres $\{v_m\}_m$ de toute matrice circulante de la

forme :

$$\begin{pmatrix} c_0 & c_{n-1} & \dots & c_1 \\ c_1 & c_0 & \dots & c_2 \\ c_2 & c_1 & \ddots & c_3 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ c_{n-2} & c_{n-3} & \dots & c_{n-1} \\ c_{n-1} & c_{n-2} & \dots & c_0 \end{pmatrix}$$

s'expriment de manière analytique :

$$\{v_m\}_{m \in \llbracket 0, n-1 \rrbracket} = \left\{ \sum_{k=0}^{n-1} c_k e^{\frac{2i\pi km}{n}} \right\}_m$$

Dans le cas qui nous intéresse, seuls c_0 , c_1 et c_{n-1} ne sont pas nuls donc :

$$v_m = 1 - 2\alpha + \alpha \left(e^{\frac{2i\pi m}{n}} + e^{\frac{2i\pi(n-1)m}{n}} \right) = 1 + 2\alpha \left(\cos \left(2\pi \frac{m}{n} \right) - 1 \right).$$

On remarque que pour $m = 0$, la valeur propre vaut toujours $v_0 = 1$, et comme :

$$\mathbf{J}(f) \begin{pmatrix} 1 \\ \vdots \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 \\ \vdots \\ 1 \end{pmatrix},$$

$\mathbf{v}_0 = (1, \dots, 1)^T$ est le vecteur propre associé à la valeur propre v_0 . Soit $\mathbf{V} = \text{diag}(v_0, \dots, v_{n-1})$ et \mathbf{P} la matrice des vecteurs propres de $\mathbf{J}(f)$: $\mathbf{J}(f) = \mathbf{PVP}^{-1}$. On note \mathbf{y} le transformé de \mathbf{x} selon le changement de base $\mathbf{y} = \mathbf{P}^{-1}\mathbf{xP}$. Comme $\mathbf{x}^{t+\Delta t} = \mathbf{J}(f)\mathbf{x}^t$, on obtient :

$$\mathbf{y}^{t+\Delta t} = \mathbf{P}^{-1}\mathbf{J}(f)\mathbf{x}^t\mathbf{P} = \mathbf{P}^{-1}\mathbf{PVP}^{-1}\mathbf{x}^t\mathbf{P} = \mathbf{Vy}^t.$$

Puisque $v_0 = 1$, la première composante de \mathbf{y} est constante ($\forall t, \mathbf{y}_0^t = \mathbf{y}_0^0$), ce qui signifie que le barycentre du modèle \mathbf{x} est constant au cours du processus de déformation.

Pour étudier le module des autre valeurs propres, on s'intéresse à l'analyse de la fonction $g : x \mapsto \cos(2\pi x) - 1$. Ses variations dans l'intervalle $[0, 1[$ sont :

x	0		$\frac{1}{2}$		1
$g(x)$	0	\searrow	-2	\nearrow	0

La fonction g a un seul minimum et donc :

$$\forall m, 1 - 4\alpha \leq v_m \leq 1.$$

Ce minimum est atteint si $\frac{m}{n} = \frac{1}{2}$, c'est à dire $m = \frac{n}{2}$. Le minimum est atteint pour toute matrice d'ordre pair. Pour assurer la stabilité du schéma numérique, on devra donc imposer $1 - 4\alpha > -1$ ($\alpha > 1/2$). Des valeurs négatives d'une valeur propre correspondent à une convergence du schéma

numérique après oscillations. On préférera donc imposer des valeurs positives aux valeurs propres; c'est à dire :

$$0 < 1 - 4\alpha < 1 \text{ soit } 0 < \alpha < \frac{1}{4}.$$

Énergie de flexion

On applique un raisonnement similaire, à la force interne de l'énergie de flexion : $f_{\text{int}} = -\frac{\partial^4 C}{\partial s^4}$. Après discrétisation en espace :

$$\forall i, \mathbf{p}_i^{t+\Delta t} = f_i(\mathbf{x}) = \mathbf{p}_i^t - \alpha(\mathbf{p}_{i-2}^t - 4\mathbf{p}_{i-1}^t + 6\mathbf{p}_i^t - 4\mathbf{p}_{i+1}^t + \mathbf{p}_{i+2}^t).$$

Par différenciation on obtient la matrice Jacobienne :

$$\mathbf{J}(f) = \begin{pmatrix} 1-6\alpha & 4\alpha & -\alpha & 0 & \dots & 0 & -\alpha & 4\alpha \\ 4\alpha & 1-6\alpha & 4\alpha & -\alpha & & & 0 & -\alpha \\ -\alpha & 4\alpha & 1-6\alpha & 4\alpha & \ddots & & & 0 \\ 0 & -\alpha & 4\alpha & \ddots & \ddots & \ddots & & \vdots \\ \vdots & & \ddots & \ddots & \ddots & \ddots & \ddots & 0 \\ 0 & & & \ddots & \ddots & 1-6\alpha & 4\alpha & -\alpha \\ -\alpha & 0 & & & \ddots & 4\alpha & 1-6\alpha & 4\alpha \\ 4\alpha & -\alpha & 0 & \dots & 0 & -\alpha & 4\alpha & 1-6\alpha \end{pmatrix}$$

dont la $m^{\text{ième}}$ valeur propre s'écrit :

$$\begin{aligned} v_m &= 1 - 6\alpha + 4\alpha \left(e^{\frac{2i\pi m}{n}} + e^{\frac{2i\pi(n-1)m}{n}} \right) - \alpha \left(e^{\frac{4i\pi m}{n}} + e^{\frac{2i\pi(n-2)m}{n}} \right) \\ &= 1 + \alpha \left(-6 + 8 \cos \left(2\pi \frac{m}{n} \right) - 2 \cos \left(4\pi \frac{m}{n} \right) \right). \end{aligned}$$

On s'intéresse cette fois aux variations de $g(x) = 8 \cos(2\pi x) - 2 \cos(4\pi x) - 6$ dans l'intervalle $[0,1[$.

$$g'(x) = 0 \Leftrightarrow \sin(2\pi x) = \sin(2\pi x) \cos(2\pi x)$$

x	0		$\frac{1}{2}$		1
$g(x)$	0	\searrow	-16	\nearrow	0

La valeur minimale des valeurs propres ($1 - 16\alpha$) est atteinte si $m = \frac{n}{2}$, donc pour toute matrice d'ordre pair. La condition de stabilité ($0 < v_m < 1$) implique :

$$0 < \alpha < \frac{1}{16}.$$

L'utilisation d'une force de type énergie de flexion nécessite donc de diminuer le pas de temps du schéma numérique.

3.2.2 Schéma Newtonien

En utilisant une loi Newtonienne du mouvement et en considérant les coefficients α et γ constants, l'équation 2.2 se réécrit :

$$\mathbf{p}_i^{t+\Delta t} = \mathbf{p}_i^t + (1 - \gamma)(\mathbf{p}_i^t - \mathbf{p}_i^{t-\Delta t}) + \alpha f_{\text{int}}(\{\mathbf{p}_i^t\}_i).$$

Considérons le cas du lissage Laplacien :

$$\mathbf{p}_i^{t+\Delta t} = \mathbf{p}_i^t + (1 - \gamma)(\mathbf{p}_i^t - \mathbf{p}_i^{t-\Delta t}) + \alpha(\mathbf{p}_{i-1}^t - 2\mathbf{p}_i^t + \mathbf{p}_{i+1}^t). \quad (3.7)$$

On considère maintenant le vecteur positions \mathbf{x}^t défini par :

$$\mathbf{x}^t = (\mathbf{p}_0^t, \dots, \mathbf{p}_{n-1}^t, \mathbf{p}_0^{t-1}, \dots, \mathbf{p}_{n-1}^{t-1})^T.$$

L'équation 3.7 s'écrit sous forme vectorielle $\mathbf{x}^{t+\Delta t} = \mathbf{F}\mathbf{x}^t$ où la matrice \mathbf{F} est définie par :

$$\left(\begin{array}{cccccc|cccc} 2 - \gamma - 2\alpha & \alpha & 0 & \dots & 0 & \alpha & \gamma - 1 & & & & & \\ \alpha & 2 - \gamma - 2\alpha & \alpha & \dots & 0 & 0 & & \gamma - 1 & & & & \\ & & & \ddots & & & & & \ddots & & & \\ & & & & & & & & & \ddots & & \\ \alpha & 0 & \dots & 0 & \alpha & 2 - \gamma - 2\alpha & & & & & \gamma - 1 & \\ \hline 1 & & & & & & 0 & \dots & & & 0 & \\ & 1 & & & & & 0 & \dots & & & 0 & \\ & & & \ddots & & & \vdots & \ddots & & & \vdots & \\ & & & & & 1 & 0 & \dots & & & 0 & \end{array} \right) = \begin{pmatrix} \mathbf{A} & \mathbf{D} \\ \mathbf{I} & \mathbf{0} \end{pmatrix}.$$

Les matrices \mathbf{A} , \mathbf{D} et \mathbf{I} sont des matrices carrées de dimension $n \times n$. \mathbf{I} représente l'identité et \mathbf{D} est une matrice diagonale ($\mathbf{D} = (\gamma - 1)\mathbf{I}$).

Comme précédemment, on peut calculer les valeurs propres de la matrice circulante \mathbf{A} de manière analytique. Soit $\{u_m\}_{m \in \llbracket 0, n-1 \rrbracket}$ l'ensemble des n valeurs propres de \mathbf{A} :

$$u_m = 2 - \gamma + \alpha \left(\cos \left(2\pi \frac{m}{n} \right) - 2 \right).$$

et $\{\mathbf{u}_m\}_m$ les vecteurs propres associés. On se propose de montrer que les deux complexes v_{+m} et v_{-m} racines de l'équation :

$$x^2 = u_m x + \gamma - 1$$

sont deux valeurs propres de \mathbf{F} avec le vecteur propre associé $\mathbf{v}_{\pm m} = (\mathbf{u}_m^T, \frac{1}{v_{\pm m}} \mathbf{u}_m^T)^T$. En effet :

$$\begin{aligned} \begin{pmatrix} \mathbf{A} & \mathbf{D} \\ \mathbf{I} & \mathbf{0} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{u}_m \\ \frac{\mathbf{u}_m}{v_{\pm m}} \end{pmatrix} &= \begin{pmatrix} \mathbf{A}\mathbf{u}_m + \frac{\gamma-1}{v_{\pm m}} \mathbf{u}_m \\ \mathbf{u}_m \end{pmatrix} = v_{\pm m} \begin{pmatrix} \left(\frac{u_m}{v_{\pm m}} + \frac{\gamma-1}{v_{\pm m}^2} \right) \mathbf{u}_m \\ \frac{\mathbf{u}_m}{v_{\pm m}} \end{pmatrix} \\ &= v_{\pm m} \begin{pmatrix} \mathbf{u}_m \\ \frac{\mathbf{u}_m}{v_{\pm m}} \end{pmatrix} = v_{\pm m} \mathbf{v}_{\pm m}. \end{aligned}$$

Contrairement au cas précédent, la matrice \mathbf{F} n'est pas Hermitienne et ses valeurs propres peuvent prendre des valeurs complexes.

Pour étudier la stabilité, on s'intéresse aux fonctions :

$$u(\alpha, \gamma, x) = 2 - \gamma + \alpha (\cos(2\pi x) - 2)$$

$$f_{\pm}(\alpha, \gamma, x) = \left| \frac{1}{2} \left(u(\alpha, \gamma, x) \pm \sqrt{u^2(\alpha, \gamma, x) - 4(1 - \gamma)} \right) \right|.$$

Les valeurs des fonction f_+ et f_- correspondent à toutes les valeurs possible des normes des valeurs propres de la matrice \mathbf{F} en dimension quelconque. L'étude analytique de f_{\pm} est complexe et nous nous contentons ici d'observer son comportement sur quelques cas en considérant les paramètres variables dans les intervalles : $\alpha \in [0,1]$, $\gamma \in [0,1]$ et $x = \frac{m}{n} \in [0,1[$.

On constate que par parité de la fonction cosinus, $f_{\pm}(\alpha, \gamma, x) = f_{\pm}(\alpha, \gamma, 1 - x)$. On restreint donc l'intervalle de variation de x à $[0, \frac{1}{2}]$. Les figures 3.3 et 3.4 montrent l'évolution des fonctions f_+ et f_- respectivement pour $x \in \left\{ 0, \frac{1}{10}, \frac{2}{10}, \frac{3}{10}, \frac{4}{10}, \frac{1}{2} \right\}$ en fonction de α et γ .

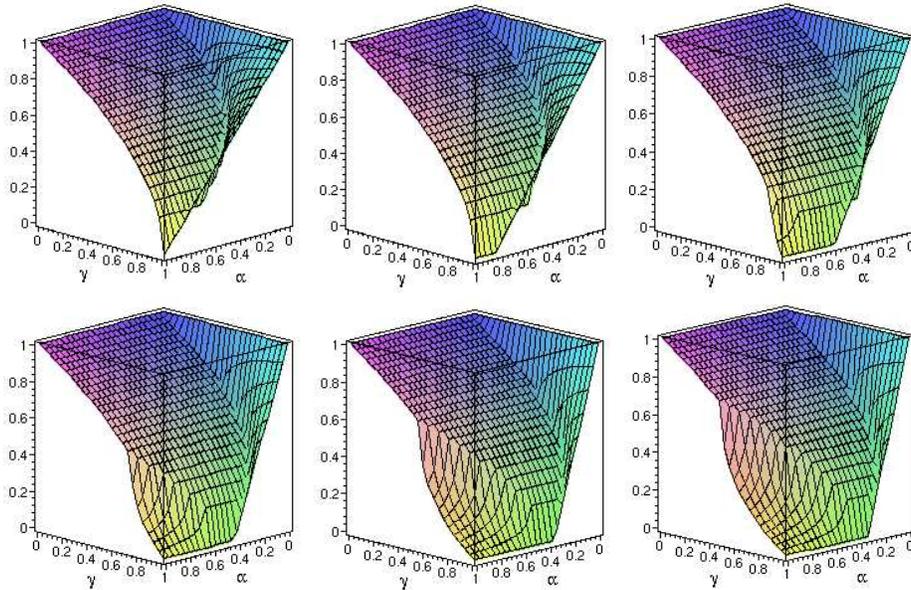


FIG. 3.3 – Valeurs de f_+ en fonction de α et γ . De haut en bas, de gauche à droite : $x = 0, \frac{1}{10}, \frac{2}{10}, \frac{3}{10}, \frac{4}{10}, \frac{1}{2}$.

Il apparaît que le module des valeurs propres $\{v_{+m}\}_m$ est toujours compris entre 0 et 1. En revanche, le module des valeurs propres $\{v_{-m}\}_m$ peut dépasser 1. Le plus mauvais cas correspond comme précédemment à $x = \frac{1}{2}$, c'est à dire $m = \frac{n}{2}$. Le système reste cependant stable pour toute valeur de α tant que γ est suffisamment faible ($\gamma < \frac{1}{2}$). L'introduction d'un terme du second ordre concourt donc à stabiliser le schéma numérique. Des valeurs de α supérieures à $\frac{1}{2}$ sont admissibles dans ce cas.

Si on regarde plus en détail le comportement de f_+ et f_- dans le cas extrême où $\alpha = 1$ en fonction de γ et x , on obtient les surfaces de la figure 3.5. Comme vu précédemment, la valeur de

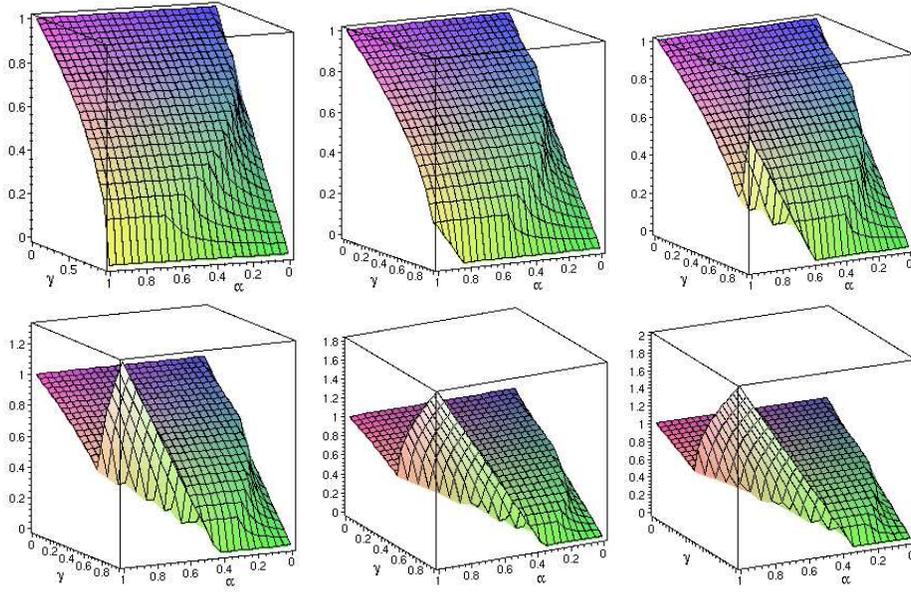


FIG. 3.4 – Valeurs de f_- en fonction de α et γ . De haut en bas, de gauche à droite : $x = 0, \frac{1}{10}, \frac{2}{10}, \frac{3}{10}, \frac{4}{10}, \frac{1}{2}$.

f_+ est toujours inférieure à 1, assurant la stabilité numérique. En revanche, f_- prend des valeurs supérieures à 1 pour les grandes valeurs de γ dans une région assez grande pour y trouver des valeurs propres de la matrice \mathbf{F} . La région d'instabilité est plus visible dans la figure 3.6 où le plan d'équation $z = 1$ coupe f_- . Il apparaît encore que le schéma reste stable tant que $\gamma < \frac{1}{2}$.

3.3 Forces internes des surfaces déformables

En traitement d'images médicales, les structures anatomiques présentent des formes relativement lisses. En l'absence d'informations sur les structures à reconstruire, on utilise donc des forces assurant une continuité de la courbure du modèle. Si une forme de l'organe à segmenter est connue, on préférera introduire cette information dans le processus de déformation en utilisant une contrainte de forme tendant à ramener le maillage vers sa forme d'origine. En l'absence de terme d'attache aux données, le modèle utilise ainsi la connaissance *a priori* de la forme de l'organe.

Dans le paragraphe 2.3.1 nous introduisons un formalisme où la force interne est vue comme une force de rappel de chaque sommet \mathbf{p}_i vers le point $\tilde{\mathbf{p}}_i$ défini par les voisins $\mathbf{p}_{PP_1(i)}$, $\mathbf{p}_{PP_2(i)}$ et $\mathbf{p}_{PP_3(i)}$ de \mathbf{p}_i et les paramètres $\{\tilde{\varepsilon}_i^1, \tilde{\varepsilon}_i^2, \tilde{\varphi}_i\}$. Les paramètres métriques $\tilde{\varepsilon}_i^1$ et $\tilde{\varepsilon}_i^2$ sont définis en fonction de la répartition désirée des sommets sur la surface. Nous nous intéressons ici à la détermination de $\tilde{\varphi}_i$ qui permet de déterminer le type de continuité attendu de la surface. Nous introduisons les contraintes de *régularité de la courbure* et de *mémoire de forme* utiles au traitement d'images médicales. Cependant, le formalisme est plus général et peut s'étendre à d'autres types de contraintes internes des modèles adaptées à d'autres applications. On peut par exemple imposer des discontinuités de la normale afin

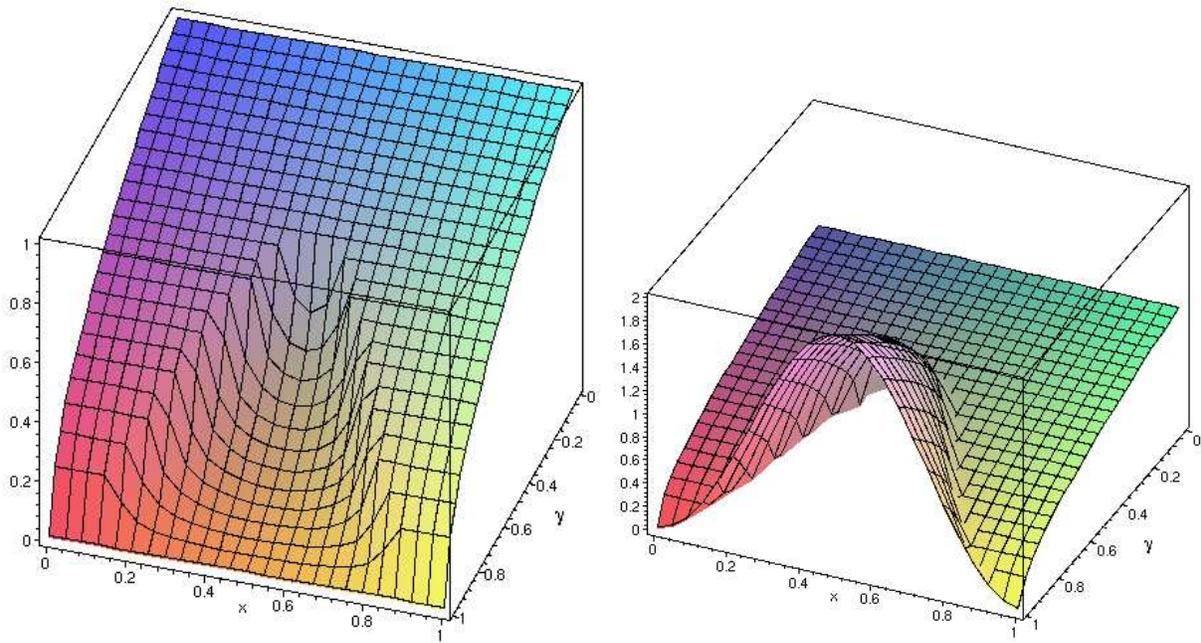


FIG. 3.5 – Les fonction f_+ (à gauche) et f_- (à droite) en fonction de γ et x pour $\alpha = 1$.

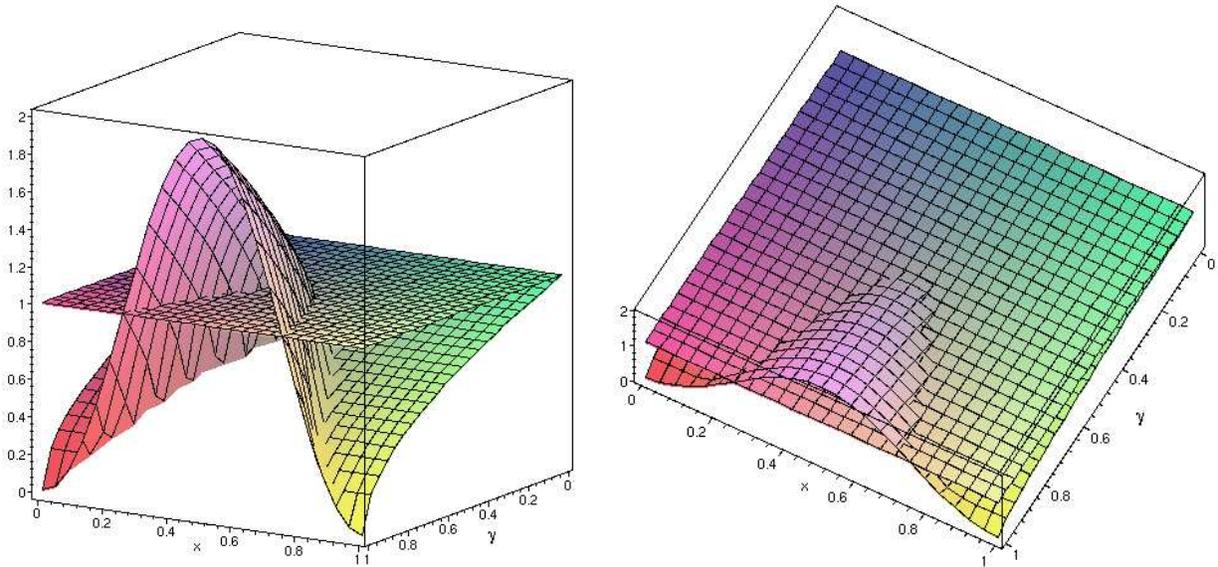


FIG. 3.6 – La fonction f_- en fonction de γ et x et son intersection avec le plan $z = 1$ sous deux angles de vue.

de permettre la reconstruction de coins ou d'arêtes saillantes.

(Ghanei et al., 1998) réalisent la définition d'un modèle déformable basé sur les triangulations dont la géométrie est très proche de celle que nous utilisons avec les maillages simplexes. En particulier, ils définissent une notion de courbure discrète aux sommets de la triangulation d'où dérivent les forces régularisantes de la surface.

3.3.1 Stabilité numérique

La démonstration analytique de la stabilité du schéma numérique des modèles surfaciques est beaucoup plus délicate que celle des contours déformables. Chaque sommet d'un 2-maillage simplexe étant connecté à trois voisins, l'expression des fonctions $\{f_i\}_i$ telles que $\forall i, \mathbf{p}_i^{t+\Delta t} = f_i(\mathbf{x}^t)$ font intervenir d'autres sommets que $\mathbf{p}_{i-2}, \mathbf{p}_{i-1}, \mathbf{p}_i, \mathbf{p}_{i+1}$ et \mathbf{p}_{i+2} . La matrice Jacobienne $\mathbf{J}(f)$ n'est donc plus une matrice tri- ou pentadiagonale mais une matrice creuse. Il est alors impossible de donner une expression analytique de ses valeurs propres à l'exception de quelques cas particuliers très simples. Dans le cas des triangulations, la matrice $\mathbf{J}(f)$ est d'autant plus irrégulière qu'un sommet possède un nombre variable de voisins.

En pratique, nous utilisons un schéma évolutif Newtonien avec un coefficient γ inférieur à $\frac{1}{2}$ et un coefficient α borné entre 0 et $\frac{1}{2}$. Ceci correspond à des paramètres stables dans cas bidimensionnel et s'avère encore stable, de manière empirique, dans le cas tridimensionnel.

3.3.2 Contrainte de courbure

La contrainte de courbure impose une certaine régularité de l'angle simplexe, et donc de la courbure discrète d'une surface. On définit :

$$\tilde{\varphi}_i = \sum_{\mathbf{p}_j \in \mathcal{V}_\eta(i)} \frac{\varphi_j}{|V_\eta(i)|}.$$

La valeur de l'angle simplexe en chaque sommet tend ainsi à s'égaliser avec celle de ses voisins. Les forces internes résultantes font converger le maillage vers une forme de courbure constante : un cercle (1-simplexe) ou une sphère (2-simplexe) dans le cas de maillages sans bords. Notons néanmoins que le maillage ne se réduit pas à un point contrairement au cas classique de la minimisation de l'énergie d'une plaque mince où l'on minimise l'aire (respectivement le volume) du contour (respectivement de la surface) déformable, provoquant l'effondrement du modèle sur lui-même en l'absence de terme d'attache aux données.

Le paramètre de taille topologique des voisinages η correspond à la *rigidité* de la surface. Les déformations du maillage sont plus locales si le paramètre de rigidité est petit et affectent la surface sur une plus grande étendue quand le paramètre de rigidité augmente. La figure 3.7 illustre l'impact du paramètre de rigidité sur la déformation d'un modèle. Un nuage de points très épars (en haut à gauche) est utilisé pour attirer une surface initialement sphérique. La figure montre, de haut en bas et de gauche à droite, la surface déformée en utilisant un paramètre de rigidité de valeur 1, 3, 5, 7, 9, 11 et 13.

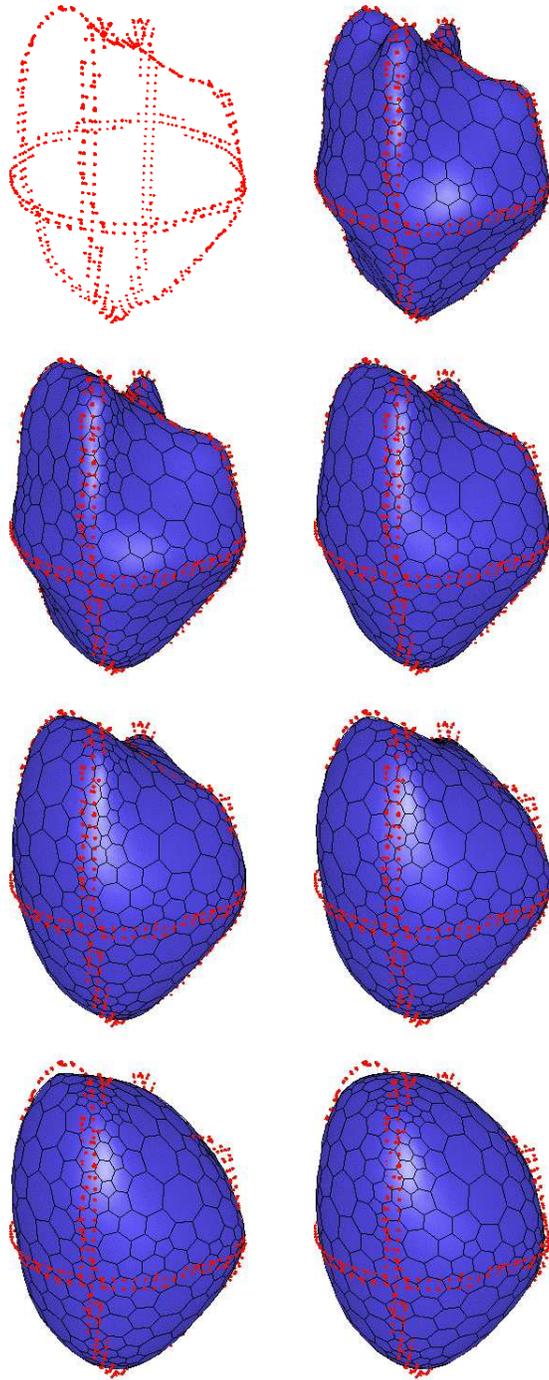


FIG. 3.7 – Nuage de point épars et surface reconstruite à partir d'une sphère en fonction du paramètre de rigidité (1, 3, 5, 7, 9, 11 et 13).

Plus la rigidité du modèle augmente et plus la surface devient lisse. Le terme d'attache aux données a relativement moins d'importance. En revanche, la surface présente un aspect plus régulier dans les zones ne disposant pas de points de données.

3.3.3 Contrainte de forme

Soit $\varepsilon_i^{1^0}$, $\varepsilon_i^{2^0}$ et φ_i^0 les paramètres métriques et l'angle simplexe du sommet i à l'origine des déformations de la surface. Si on impose à chaque étape du processus de déformation :

$$\forall i, \tilde{\varepsilon}_i^1 = \varepsilon_i^{1^0}, \tilde{\varepsilon}_i^2 = \varepsilon_i^{2^0} \text{ et } \tilde{\varphi}_i = \varphi_i^0, \quad (3.8)$$

alors le maillage converge vers sa forme d'origine, à une similitude près, puisque les paramètres métriques et les angles simplexes définissent une forme unique. La contrainte de forme donne au maillage déformable un comportement intéressant. En l'absence de terme d'attache aux données, le maillage converge vers sa forme de référence comme illustré dans la figure 3.8.



FIG. 3.8 – Convergence d'un modèle déformé vers sa forme de référence sous l'action des forces internes. La texture attachée à chaque sommet permet de vérifier qu'il n'y a pas de glissement des sommets sur la surface.

La contrainte de courbure peut être renforcée par l'intermédiaire du paramètre de rigidité η qui permet de lisser la courbure sur un voisinage de taille variable. Nous proposons d'introduire un paramètre de rigidité similaire à celui de la contrainte de courbure de manière à permettre une convergence plus ou moins rapide vers la forme de référence.

Dans l'équation 3.8, l'angle simplexe en chaque sommet est défini de manière purement locale, indépendamment des sommets voisins. L'idée est de trouver un schéma itératif du modèle déformable qui autorise une convergence de la surface vers sa forme de référence d'autant plus rapidement que la taille η du voisinage pris en considération est élevée. Dans la mesure où l'angle simplexe ne doit pas passer d'une valeur extrême ($-\pi$) à l'autre (π) et où des valeurs extrêmes signifient des distorsions de la surface correspondant à des situations anormales dans le cadre des surfaces régulières représentant des structures anatomiques, on utilise une métrique plus adaptée à l'angle simplexe :

$$y_i = \tan\left(\frac{\varphi_i}{2}\right).$$

Le transformé y_i de φ_i est un élément de l'espace vectoriel \mathbb{R} dans lequel on peut utiliser la notion de distance usuelle tandis que φ_i appartient à la variété circulaire $[-\pi, \pi]$.

Soit $\{u_{ij}\}_{ij}$ un ensemble de réels et $\{y_i^\circ\}_i$ les transformés des angles simplexes de référence $\{\varphi_i^\circ\}_i$ d'un modèle \mathcal{M} . Considérons le schéma itératif :

$$\forall i, y_i^{k+1} = y_i^\circ + \sum_{\mathbf{p}_j \in \mathcal{V}_\eta(i)} u_{ij} (y_j^k - y_j^\circ).$$

Il s'écrit sous une forme vectorielle :

$$\mathbf{y}^{k+1} = \mathbf{y}^\circ + \mathbf{U}(\mathbf{y}^k - \mathbf{y}^\circ),$$

où \mathbf{y} est le vecteur de composantes y_i , \mathbf{y}° est le vecteur de composantes y_i° , et \mathbf{U} est une matrice dont le terme de la ligne i et de la colonne j vaut u_{ij} si $\mathbf{p}_j \in \mathcal{V}_\eta(i)$ et 0 sinon. On montre facilement par récurrence que :

$$\mathbf{y}^n = \mathbf{U}^n(\mathbf{y}^0 - \mathbf{y}^\circ) + \mathbf{y}^\circ. \quad (3.9)$$

L'équation 3.9 converge si et seulement si la plus grande des valeurs propres de la matrice \mathbf{U} est strictement inférieure à 1. On peut également montrer que le schéma converge dès que $\sum_j u_{ij} = \rho < 1$ (Montagnat, 1996). C'est à dire que les suites des $\{y_i\}$ convergent vers y_i° quel que soit i . Pour donner une importance égale à tous les points du voisinage de \mathbf{p}_i , on prend $\forall i, \forall j, u_{ij} = \frac{\rho}{|\mathcal{V}_\eta(i)|}$.

On définit donc la force interne de forme sur un voisinage d'ordre η par :

$$f_{\text{int}}^\eta(\mathbf{p}_i) = \alpha(i) \mathbf{p}_i \tilde{\mathbf{p}}_i$$

où $\tilde{\mathbf{p}}_i$ est défini par l'angle simplexe :

$$\tilde{\varphi}_i = 2 \tan^{-1} \left(\tan \left(\frac{\varphi_i^\circ}{2} \right) + \frac{\rho}{|\mathcal{V}_\eta(i)|} \sum_{\mathbf{p}_j \in \mathcal{V}_\eta(i)} \left(\tan \left(\frac{\varphi_j}{2} \right) - \tan \left(\frac{\varphi_j^\circ}{2} \right) \right) \right).$$

Validité du schéma itératif

Nous présentons deux expériences qui illustrent l'effet de la force régularisante proposée précédemment. Dans la première nous montrons l'accélération de la convergence en fonction du paramètre de rigidité η et du paramètre de normalisation ρ . Dans la seconde, nous analysons la réduction des distorsions produites sur la surface par le paramètre de rigidité.

Convergence

Considérons un maillage surfacique \mathcal{M} d'une sphère que l'on perturbe localement et qui évolue sous l'action des seules forces régularisantes de forme. Après un nombre fixé d'itérations, on estime la distance entre la sphère déformée et la sphère d'origine. Une distance appropriée et invariante par une similitude est la somme quadratique des écarts des angles simplexes du modèle avant et après déformation. Soit $\{\varphi_i^\circ\}_i$ la valeur des angles simplexes de la sphère d'origine et $\{\varphi_i\}_i$ la valeur des angles simplexes après un certain nombre d'itérations. La distance considérée est donc :

$$d(\{\varphi_i^\circ\}_i, \{\varphi_i\}_i) = \sqrt{\sum_{\mathbf{p}_i \in \mathcal{M}} (\varphi_i - \varphi_i^\circ)^2}. \quad (3.10)$$

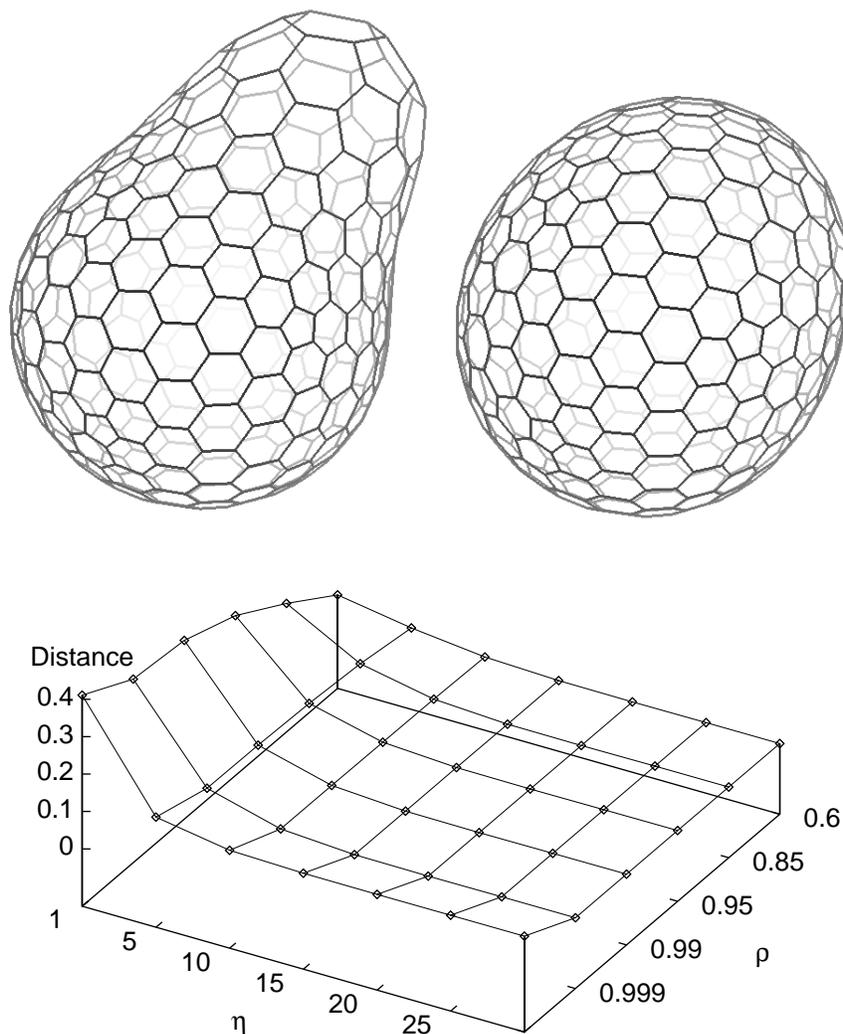


FIG. 3.9 – *Ligne du haut*: maillage surfacique d'une sphère après perturbation locale (à gauche) et 100 itérations (à droite) sous l'action de forces régularisantes de forme. *Ligne du bas*: distance des angles simplexes du maillage déformé aux valeurs d'origine après 100 itérations en fonction du paramètre de rigidité η et de la constante de normalisation ρ .

La figure 3.9 montre l'évolution du maillage surfacique avant et après une centaine d'itérations. Le graphique mesure la distance d'après l'équation 3.10 en fonction des paramètres η et ρ . Il apparaît clairement que la convergence est meilleure quand le paramètre de rigidité augmente. D'autre part, la diminution de ρ accélère également la convergence. Mais si ρ devient trop petit, le paramètre de rigidité perd de son influence. En pratique nous avons fixé ρ à 0,95.

Distorsions de la surface

Nous considérons ici un objet surfacique en forme de croix ayant subi une transformation rigide par rapport à sa position de référence. Sous l'action de forces externes, le maillage évolue vers sa position initiale. La figure 3.10, à gauche, montre la surface (en faces pleines) et sa position initiale (en fil de fer).

Après un nombre fixé d'itérations, le maillage revient à sa position initiale mais la surface subit une distorsion en raison de la nature locale des déformations. C'est à dire qu'un sommet revient sur la surface d'origine mais pas forcément à sa position d'origine sur cette surface et qu'il se trouve donc en plus mauvaise adéquation avec la surface puisque la courbure de sa nouvelle position ne correspond pas forcément avec sa courbure d'origine. On mesure la distorsion de la surface comme la somme des distances entre la position $\{\mathbf{p}_i\}_i$ des sommets après déformation et la position $\{\mathbf{p}_i^o\}_i$ sommets du modèle à l'origine :

$$d(\{\mathbf{p}_i\}_i, \{\mathbf{p}_i^o\}_i) = \sum_i \|\mathbf{p}_i - \mathbf{p}_i^o\|.$$

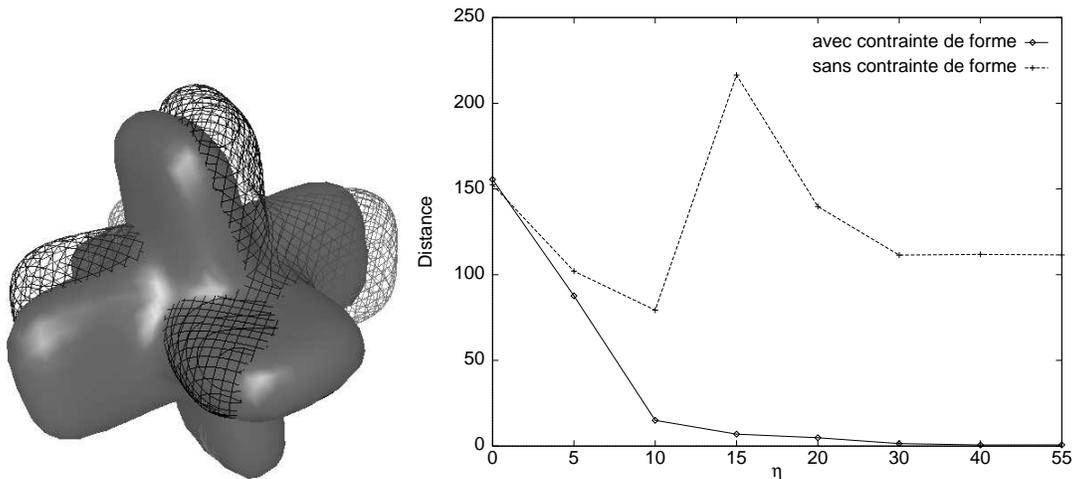


FIG. 3.10 – À gauche: une surface décalée par un transformation rigide par rapport à sa position initiale. À droite: distance de la surface à la surface initiale après convergence en fonction du paramètre de rigidité η .

La figure 3.10, à droite, montre l'évolution de la distance après convergence en fonction de l'accroissement du paramètre de rigidité en utilisant la contrainte de courbure (tirets discontinus) ou la contrainte de forme (trait plein). Cette dernière permet une meilleure convergence dans tous

les cas, et surtout, la distance décroît de manière monotone lorsque η augmente. La prise en compte d'un voisinage plus important permet une convergence plus homogène des sommets du maillage.

Chapitre 4

Régularisation locale et globale

L'évolution des modèles déformables s'appuie en général sur l'hypothèse que les contours délimitant les objets recherchés correspondent à un minimum global ou local d'une énergie potentielle. En pratique, on ne garantit la convergence que vers un minimum local. Il convient donc de rendre la fonction d'énergie aussi convexe que possible au voisinage de la solution de manière à ce que le modèle soit moins dépendant de sa position et de sa forme initiale. Nous proposons ici un schéma d'évolution

à contrainte globale permettant de mieux contrôler les déformations du modèle de manière efficace (Montagnat et Delingette, 1997a). Il permet une initialisation plus grossière du modèle et rend possible la segmentation de données bruitées grâce à un comportement adéquat du processus de déformation. Des contraintes de déformations spécifiques ou une contrainte globale de forme s'expriment en outre de manière naturelle dans ce cadre (Montagnat et Delingette, 1998).

4.1 Régularisation des déformations

La qualité parfois très médiocre des images médicales ou le manque de contraste dû à une mauvaise discrimination des tissus par le processus physique d'acquisition d'images rendent le problème de reconstruction des modèles déformables difficile. La fonctionnelle d'énergie n'est pas convexe et le processus de déformation est très sensible à la position initiale du modèle.

4.1.1 Convexité de l'énergie

La fonctionnelle d'énergie d'un modèle déformable est composée d'un terme régularisant, en général convexe, et d'un terme d'attache aux données, en général très irrégulier. L'équation d'Euler-Lagrange ne fournit qu'une condition suffisante pour déterminer un minimum local de l'énergie. Les approches permettant de trouver le minimum global de la fonctionnelle d'énergie sont peu nombreuses. On rencontre essentiellement le *recuit simulé* (*simulated annealing* en anglais). Les méthodes déterministes comme les descentes de gradient ne conduisent qu'à des minima locaux. L'algorithme de *non-convexité graduée* (*Graduated Non-Convexity* ou GNC en anglais) a été proposé pour améliorer la solution sans garantir une convergence vers le minimum global. Soit E une fonctionnelle d'énergie discrétisée dépendante des paramètres $\mathbf{q} = (q_0, \dots, q_{n-1})$.

Le recuit simulé est une méthode très générale. Elle consiste à introduire un comportement aléatoire dans une méthode de descente de gradient lui permettant de sortir des minima locaux. Un paramètre de température t du système décroît depuis une valeur initiale fixée vers zéro. À chaque étape de l'algorithme, l'un des paramètres q_i est sélectionné de manière aléatoire et la variation d'énergie en fonction d'une variation ξ de q_i est évaluée :

$$\Delta E = E(q_0, \dots, q_i + \xi, \dots, q_{n-1}) - E(\mathbf{q}).$$

Si l'énergie diminue ($\Delta E < 0$), l'algorithme descend le long de la fonctionnelle. Dans le cas contraire, l'algorithme autorise de remonter la fonctionnelle avec une probabilité proportionnelle à $e^{-\Delta E/t}$. Lorsque la température du système est élevée, il est possible de sortir de minima importants avec une probabilité non nulle. Quand le système «gèle» au contraire, l'algorithme s'apparente à une descente de gradient classique. Cet algorithme est non déterministe. Son succès et son temps de convergence sont largement dépendants de la loi de décroissance de t .

L'algorithme de non-convexité graduée décrit dans (Blake et Zisserman, 1987) permet de rendre localement convexe une fonctionnelle d'énergie composée de la somme d'un terme convexe et d'un terme non convexe. L'idée consiste à rendre la dérivée seconde (positive) du terme convexe supérieure à la dérivée seconde (négative) du terme non convexe. La fonctionnelle d'énergie E est remplacée par une fonctionnelle convexe E^1 . Le minimum de E^1 ne correspondant pas nécessairement au minimum global de E , on construit une famille d'énergies $\{E^p\}_p$ telle que $E^0 = E$ et E^1 est convexe. En faisant progressivement varier p de 1 vers 0 et en utilisant à chaque étape le minimum de l'étape précédente comme minimisation, on converge vers un minimum de E qui s'approche du minimum global. Blake et Zisserman prouvent la convergence de l'algorithme dans le cas particulier

des fonctionnelles d'énergie qu'ils étudient. Cependant, ils précisent que cet algorithme n'est pas valide dans le cas général. (Davatzikos et Prince, 1993) construisent une famille de fonctionnelles d'énergie de manière similaire à l'algorithme de non-convexité gradué. Ils appliquent le résultat à la déformation d'un contour déformable guidé pour détecter les lignes épaisses. (Cohen et Gorre, 1995) utilisent l'algorithme de non-convexité graduée en construisant une famille de fonctionnelles d'énergie dépendante d'un paramètre dans le cas où le potentiel en un point \mathbf{p} est une fonction de la distance au point de contour le plus proche.

(Cohen et Kimmel, 1996b; Cohen et Kimmel, 1996a) reconstruisent le chemin d'énergie minimale entre deux points fixés. Un algorithme itératif calcule les courbes de niveau d'une fonction de potentiel à partir d'un point de départ. Il est alors possible de déterminer le chemin correspondant à un minimum global de la fonction d'énergie.

Dans le cas du traitement d'images médicales complexes et bruitées, la fonctionnelle d'énergie est très irrégulière et la convergence de l'algorithme de non-convexité graduée n'est pas assurée. Le coût d'un algorithme de recuit simulé est prohibitif en raison de l'importance de l'espace des configurations. Il est même peu probable que le minimum global de la fonctionnelle d'énergie définie dans une image non triviale corresponde effectivement aux structures recherchées. Nous nous attacherons donc d'avantage à retrouver un minimum local de la fonctionnelle d'énergie. Nous proposons dans ce chapitre une méthode permettant de rendre l'énergie localement convexe. Nous verrons dans les chapitres suivant comment introduire d'avantage d'informations *a priori* dans le processus de déformation afin d'augmenter la convexité de l'énergie en prenant en considération la nature des images traitées.

4.1.2 Contraintes de régularisation locales

Nous avons vu dans les chapitres précédents le rôle important joué par les forces internes pour régulariser localement la fonctionnelle d'énergie et stabiliser le processus de déformation. L'introduction d'un paramètre d'extension spatiale, ou rigidité, permet de donner une influence spatiale plus importante aux forces internes. Il est ainsi possible de contrôler de manière moins locale les déformations de la surface.

En pratique, cette approche souffre d'une première limitation : l'extension spatiale est définie de manière purement topologique et pas en regard de l'espace Euclidien dans lequel est plongé le modèle. En fonction de la finesse du maillage, un voisinage topologique donné de taille η représente un morceau de surface plus ou moins grand. Les forces internes dépendantes du paramètre η régularisent le modèle à une échelle différente en fonction du niveau de raffinement de la surface. (Feldmar et Ayache, 1996) utilisent une définition géométrique des voisinages pour éviter ce problème. Le voisinage d'un sommet i est défini comme l'ensemble $\mathcal{B}_r(i)$ des sommets se trouvant dans une sphère de rayon r fixé. Le nombre de sommets dans $\mathcal{B}_r(i)$ varie si la surface est raffinée contrairement à $|\mathcal{V}_\eta(i)|$. Cette approche est en revanche plus coûteuse en temps de calcul.

Dans tous les cas, les forces internes ont une action purement locale qui ne permet pas toujours de contraindre de manière satisfaisante les déformations.

4.1.3 Régularisation par décomposition modale

De nombreux auteurs insistent sur la nécessité de régulariser les déformations du modèle. (Terzopoulos et Metaxas, 1991) introduisent un modèle de superquadrique sur lequel vient s'ajouter un terme de perturbation locale (voir paragraphe 1.2.2). À chaque itération, ils estiment une transformation rigide de la superquadrique (translation et rotation) ainsi que ses paramètres. La variabilité de la surface est ainsi limitée par le faible nombre de degrés de liberté (paramètres) du modèle. Le terme de déformation local perturbe la surface et autorise une plus grande variabilité de la forme. Ce modèle déformable à deux niveaux a pour but de mieux contrôler les déformations de la surface tout en gardant une capacité élevée d'exprimer des formes variées.

(Vemuri et Radisavljevic, 1994; Vemuri et Radisavljevic, 1993) comparent les déformations appliquées sur un modèle paramétré aux déformations d'un modèle explicite. Ils qualifient de *déformations locales* les déformations des modèles explicites qui s'appliquent localement sur la surface. Elles se traduisent par une modification locale de la géométrie de la surface. Par opposition Vemuri et Radisavljevic, parlent de *déformations globales* pour qualifier les déformations des modèles paramétrés. La modification d'un paramètre affecte la géométrie du modèle dans son ensemble et l'espace des déformations admissibles du modèle est réduit par le nombre limité de paramètres.

Vemuri *et al* font remarquer qu'il est impossible avec l'approche de Terzopoulos et Metaxas de réaliser une transition continue entre déformations globales et locales. La solution qu'ils apportent consiste à décomposer le modèle surfacique sur une base d'ondelettes. La transformée en ondelettes présente l'avantage d'être réversible et de ne pas conduire à une perte d'informations. De plus, elle transforme la matrice de rigidité K en une matrice presque diagonale inversible à moindre coût, tout en conservant les mêmes valeurs propres et les mêmes vecteurs propres que la matrice d'origine. Ils construisent un modèle hiérarchique dont la donnée du nombre de modes fixe la variabilité. En accroissant progressivement le nombre de modes, le processus de déformation affecte la géométrie de la surface de plus en plus localement, permettant ainsi de reconstruire des formes de plus en plus détaillées.

Cette méthode de contrôle du nombre de degrés de liberté de la surface en fixant le nombre de modes d'une décomposition modale a été largement utilisée par la suite. L'analyse en composantes principales limite naturellement le nombre des modes disponibles pour la représentation d'un modèle en fonction de la taille de l'ensemble d'apprentissage. (Cootes et al., 1995) utilisent un nombre de modes plus réduit que le nombre de modes disponibles en s'appuyant sur le fait que l'importance des modes est ordonnée en fonction des valeurs propres associées. En travaillant avec un nombre de modes limités puis en accroissant progressivement le nombre de modes, il est possible d'optimiser le temps de calcul nécessaire pour la convergence d'un modèle.

(Nastar et Ayache, 1996) utilisent également l'analyse modale introduite dans (Pentland et Sclaroff, 1991) pour réduire le nombre de degrés de liberté du modèle. Puisque les modes basses fréquences correspondent à des déformations plus régulières, l'évolution de la surface peut se faire avec un pas de temps plus important quand un nombre réduit de modes est pris en considération. On optimise le temps de convergence du modèle en faisant varier le pas de temps en fonction du

nombre de modes considérés.

(Cohen et Cohen, 1996) proposent une approche alternative en définissant un modèle paramétrique dérivé d'une hyperquadrique. Le modèle est défini de manière implicite comme la somme d'un terme définissant une hyperquadrique (la forme convexe globale) et d'un nombre quelconque d'exponentielles d'hyperquadriques définissant des déformations non convexes locales. Ils montrent que ces termes locaux n'ont qu'une incidence localisée sur la forme du modèle. Ils définissent une fonctionnelle d'énergie correspondant à ce modèle et proposent une méthode d'estimation simultanée des paramètres de l'hyperquadrique et des termes locaux par une minimisation de cette énergie. Ils introduisent une résolution hiérarchique où des termes locaux s'ajoutent progressivement à la représentation du modèle au cours des déformations.

4.1.4 Régularisation par transformations contraintes

La recherche des déformations autorisant la mise en correspondance d'un modèle déformable avec des données peut être vue sous deux angles. On cherche soit à déterminer une transformation de l'espace contenant le modèle et l'image, soit à déformer le modèle à l'intérieur de l'image (figure 4.1). Dans le premier cas on parle de *recalage*. Une transformation est définie en tous points de l'espace. Dans le second cas, on parle de *déformations* du modèle. La transformation s'applique au modèle uniquement et n'est pas connue dans l'espace à l'extérieur du modèle.

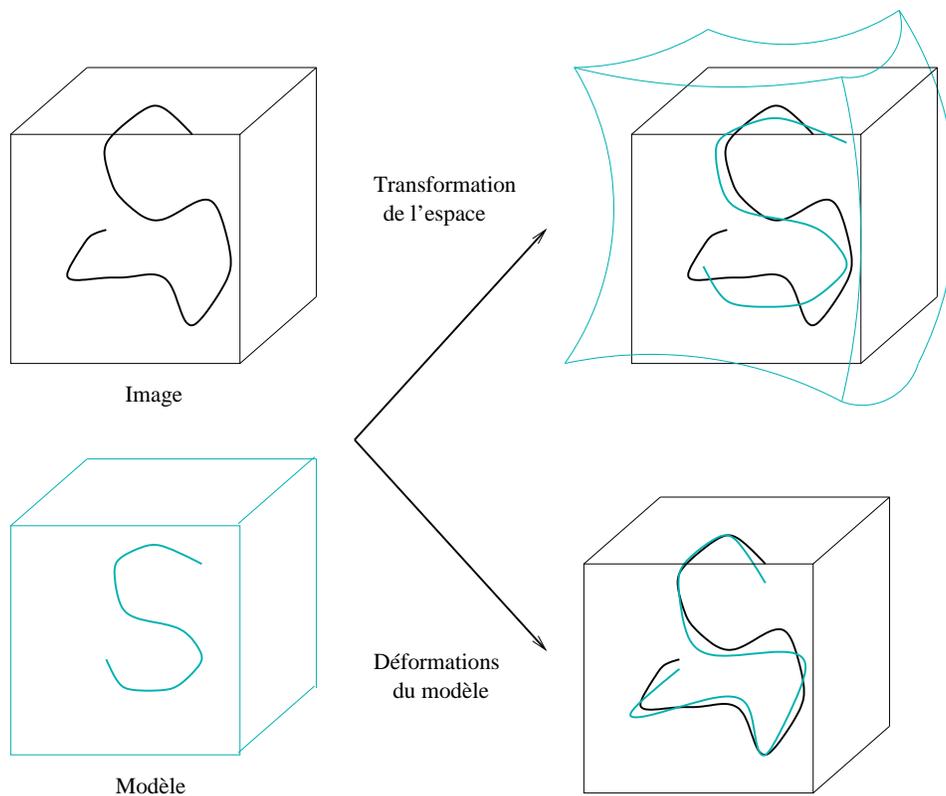


FIG. 4.1 – *Recalage et déformations*

(Feldmar et Ayache, 1996; Feldmar et Ayache, 1994) n'appliquent aux modèles déformables que des transformations avec un nombre de degrés de liberté limité de manière à ne pas autoriser n'importe quel type de déformation de la surface. Le modèle est alors recalé de manière globale par une transformation rigide ou affine. Une transformation affine n'autorisant pas des déformations très importantes de la géométrie du modèle, les auteurs introduisent des transformations localement affines. Ils s'agit d'estimer une transformation affine en chaque sommet du maillage. Un voisinage géométrique est défini autour de chaque sommet de la surface. Une transformation rigide est estimée sur chaque voisinage et la transformation affine locale à un sommet est obtenue en moyennant les transformations rigides qui s'appliquent sur chaque voisin du sommet. Par construction, les transformations affines calculées en des points voisins sont similaires et les déplacements induits des sommets de la surface sont en pratique réguliers même si l'algorithme proposé ne garantit pas de critère de régularité de la surface.

(Declerck et al., 1997) utilisent des transformations B-splines pour déformer leurs modèles. L'introduction d'un terme de lissage dans l'expression de la transformation permet de contraindre d'avantage les déformations. À la limite, une transformation B-spline excessivement contrainte n'autorise pas plus de déformations qu'une transformation affine. Les auteurs définissent donc un moyen d'appliquer aux modèles des transformations affines, B-splines, ou toute combinaison intermédiaire grâce à un simple paramètre de pondération.

(Lötjönen et al., 1999b; Lötjönen et al., 1999a; Bardinet et al., 1996) utilisent les déformations de forme libre (*free-form deformations*, ou FFD, en anglais) pour déformer leurs modèles. Ils sont également amenés à introduire un terme régularisant qui limite la quantité de déformation autorisée par les déformations de forme libre.

4.1.5 Approche pyramidale

(Reissman, 1997) propose deux méthodes de régularisation des déformations fondées sur l'utilisation d'une pyramide d'images et de modèles. Une pyramide d'images est construite récursivement en utilisant l'image initiale comme niveau de base de la pyramide puis en convoluant l'image avec un filtre pour construire une image de dimension moitié au niveau supérieur.

Dans (Reissman et Magnin, 1997), les auteurs proposent de déformer un graphe de cellules caractérisant les régions de l'images par un vecteur de paramètres. Le graphe de cellules de chaque étage de la pyramide est construit en minimisant une énergie somme d'un terme mesurant l'étirement des cellules et d'un terme dépendant du gradient de l'image. Un algorithme de mise en correspondance de deux pyramides minimise un terme d'énergie dépendant d'une distance entre cellules des deux pyramides. La minimisation exploite la structure pyramidale en résolvant la mise en correspondance des pyramides niveau par niveau. Un champ de déformations entre les sommets des deux pyramides est d'abord estimé. Les déformations servent d'initialisation à la mise en correspondance des cellules du niveau inférieur. Les déformations sont ainsi propagées du niveau le plus global de la pyramide vers la base locale.

(Lötjönen et al., 1999b) proposent de mettre en correspondance un modèle surfacique pyramidal

avec une pyramide d'images. À chaque niveau du modèle pyramidal, une triangulation est construite par extraction d'une isosurface (Lorensen et Cline, 1987) dans une image de référence pré-segmentée. Un algorithme de décimation (Lötjönen et al., 1998) permet de fixer la distance moyenne des sommets du maillage. L'algorithme utilise la distance géodésique discrète entre les points de la surface afin de mieux préserver sa topologie. La pyramide de modèles est construite en recalculant une triangulation à partir de chaque niveau de la pyramide d'images. Comme précédemment, le modèle le plus grossier est d'abord déformé dans l'image du haut de la pyramide. Les déformations sont ensuite propagées aux niveaux inférieurs. À chaque niveau de déformation, un nombre croissant de points de contrôle est également utilisé pour réaliser une mise en correspondance de plus en plus élastique.

4.2 Déformations locales

Les modèles déformables sont soumis à l'action de forces locales qu'elles dérivent d'une énergie potentielle ou non. Ces forces s'appliquent en chaque sommet d'un maillage. On parle alors de *déformations locales* dans la mesure où les modifications de la géométrie de la surface n'ont lieu que localement, en ne tenant compte que d'un voisinage limité en chaque sommet.

Soit \mathcal{M} un modèle déformable discret constitué des sommets $\{\mathbf{p}_i\}_{i \in [0, d-1]}$ et d'une relation de voisinage. Soit \mathcal{D} un ensemble de données que l'on désire reconstruire avec le modèle \mathcal{M} . On note \mathcal{M}^t le modèle déformé à l'instant t . Les déformations du modèle s'expriment comme une transformation géométrique T^t telle que $\{T^t(\mathcal{M}^t)\}_t$ converge vers \mathcal{D} . Dans le cadre des déformations locales, T^t est uniquement définie aux sommets du maillage en fonction des forces internes et externes comme un champ de vecteurs déplacements :

$$T^t : \mathcal{M} \mapsto T^t(\mathcal{M}^t) = \{T^t(\mathbf{p}_i^t)\}_i,$$

où d'après l'équation d'évolution des maillages simplexes 2.2 :

$$T^t(\mathbf{p}_i^t) = \mathbf{p}_i^{t+\Delta t} = \mathbf{p}_i^t + (1 - \gamma)(\mathbf{p}_i^t - \mathbf{p}_i^{t-\Delta t}) + \alpha(i)f_{\text{int}}(\mathbf{p}_i^t) + \beta(i)f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_i^t). \quad (4.1)$$

Le processus des déformations locales est illustré dans la figure 4.2.

La figure 2.18 montre des exemples de surfaces obtenues par déformations locales. Le modèle initial est une sphère et la surface résultante a une forme très différente. En raison du très bon contraste présent dans cette image (l'injection d'un produit de contraste dans le sang rend le cœur particulièrement visible), les déformations locales permettent une très grande variabilité de la surface et ne sont pas perturbés par des faux positifs.

4.3 Recalage

Le recalage d'un modèle \mathcal{M} avec les données \mathcal{D} consiste à trouver une transformation T de l'espace Euclidien minimisant la distance entre les données et le modèle déformé. On contraint T

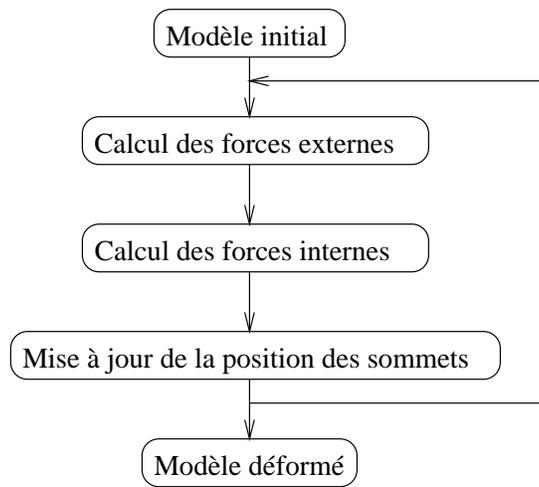


FIG. 4.2 – *Le processus itératif des déformations locales.*

à appartenir à un groupe donné de transformations \mathbf{T}_{reg} de manière à contrôler les déformations possibles du modèle. L'espace des transformations \mathbf{T}_{reg} est en général un groupe pour l'opération de composition. Dans le cas de maillages discrets, les relations d'adjacences sont conservées par la transformation T qui est de nature purement géométrique.

En réduisant considérablement l'espace des déformations possibles le recalage rend le processus de déformation plus robuste que les déformations locales. Des déformations locales permettent des variations très localisées de la surface et donc la segmentation potentielle du bruit présent dans les données. De même, un point aberrant peut avoir une influence sur la surface et provoquer une perturbation non désirée. Le recalage est moins sensible au bruit et aux points aberrants dont l'action ponctuelle est minimisée par la prise en compte simultanée de tous les points de données. En outre, le formalisme du recalage permet de filtrer de manière efficace les points aberrants. Le recalage ne nécessite donc pas de terme de régularisation supplémentaire et il est moins sensible à l'initialisation du modèle.

En contrepartie, le recalage peut s'avérer trop contraint et interdire une variabilité suffisante du modèle pour reconstruire les données de manière satisfaisante. De plus l'estimation d'une transformation avec un grand nombre de degrés de liberté peut devenir coûteuse (voir ci-dessous). Le tableau 4.3 compare les déformations locales et le recalage.

	Recalage	Déformations locales
Variabilité	★	★★★
Robustesse	★★★	★
Éfficacité	★	★★

FIG. 4.3 – *Comparaison du recalage et des déformations locales.*

Un inventaire des principales méthodes de recalage utilisées en traitement d'images médicales est donné dans (Maintz et Viergever, 1998; Brown, 1992). On fait souvent la distinction entre recalage

rigide et non-rigide. Le recalage rigide limite les transformations admissibles aux transformations rigides de l'espace (rotations et translations). Il est adapté pour recaler dans l'espace deux données provenant d'un même sujet. Le recalage non-rigide (par exemple affine) autorise des degrés de liberté supplémentaires et donc des déformations plus importantes. Il s'utilise pour mettre en correspondance des données de formes différentes (recalage inter-patient, évolution temporelle, etc).

La figure 4.4 montre un exemple de recalage rigide d'un modèle surfacique sur un nuage de points. Dans la ligne du haut apparaissent les données sous deux angles de vue différents. Les deux lignes du bas montrent l'évolution de la surface sous ces deux angles de vue. Le modèle est initialisé dans la position de gauche, puis il évolue (au centre) jusqu'à se stabiliser dans la position de droite. Les données à reconstruire sont très incomplètes. Cependant, une transformation rigide avec seulement six degrés de liberté est évaluée à chaque itération et le recalage assure la stabilité de la déformation.

Dans la suite de ce paragraphe, nous introduisons l'algorithme du plus proche point itéré décrit dans (Zhang, 1994; Besl et McKay, 1992). Nous proposons ensuite des méthodes d'estimation de plusieurs types de transformation T .

4.3.1 L'algorithme du plus proche point itéré

L'algorithme du Plus Proche Point itéré ou PPP (*iterative closest point* ou ICP en anglais) est un algorithme itératif qui nécessite la répétition alternative de trois étapes :

- *Appariement*. Chaque sommet du modèle est apparié avec un point correspondant des données.
- *Estimation*. Une transformation est estimée qui minimise la distance entre les données et le modèle transformé.
- *Mise à jour*. La transformation est appliquée au modèle.

La figure 4.5 illustre le schéma itératif du recalage.

Description de l'algorithme

Dans un premier temps, chaque sommet du modèle est mis en correspondance avec un point attracteur en fonction des données. Soit $\text{PPP}(\mathbf{p}_i)$ le point apparié avec le sommet \mathbf{p}_i . Étant donné n appariements, on cherche à l'instant t la transformation T^t dans un espace de transformations fixé qui minimise la somme des distances quadratiques entre les sommets du modèle déformé et les points appariés :

$$T^t = \arg \min_{T^t \in \mathbf{T}_{\text{reg}}} \left\{ \sum_{i=0}^{d-1} \|T^t(\mathbf{p}_i^t) - \text{PPP}(\mathbf{p}_i^t)\|^2 \right\}. \quad (4.2)$$

La méthode d'estimation de T^t dépend du groupe de transformations utilisé. Le modèle est transformé par T^t :

$$\forall i, \mathbf{p}_i^{t+\Delta t} = T^t(\mathbf{p}_i^t)$$

avant l'itération suivante. Alternativement, on peut considérer le recalage comme l'application d'un champ de *forces globales* définies par : $f_{\text{global}}(\mathbf{p}_i^t) = T^t(\mathbf{p}_i^t) - \mathbf{p}_i^t$.

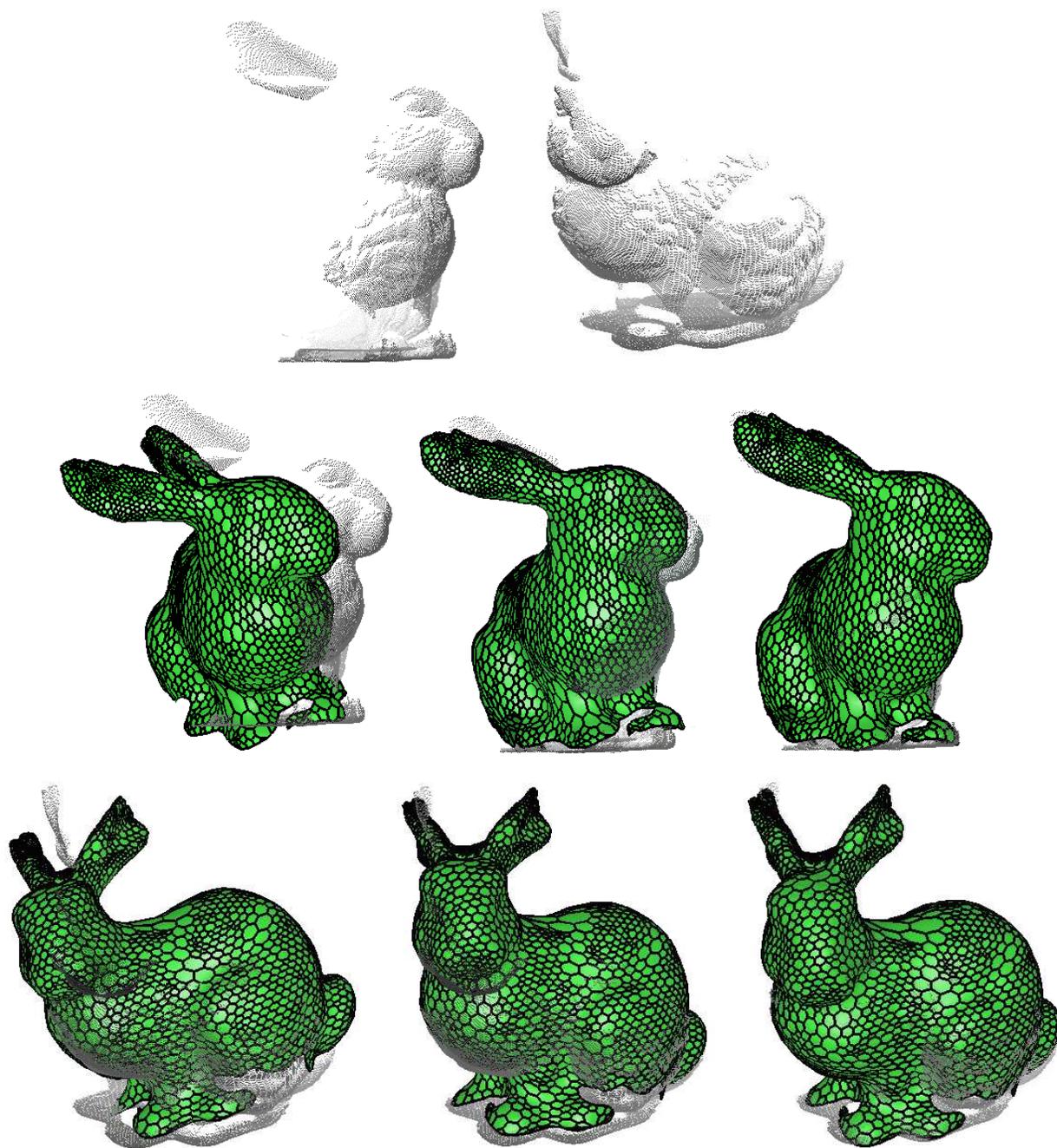


FIG. 4.4 – Convergence d'une surface déformable vers un nuage de points incomplet par un processus de recalage rigide.

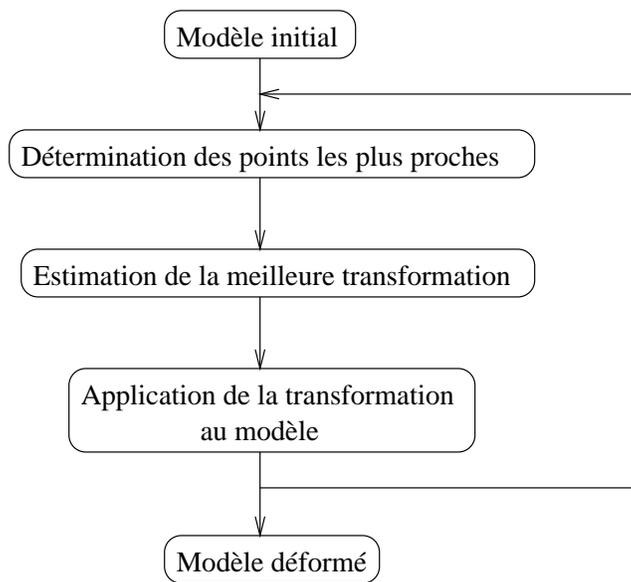


FIG. 4.5 – *Le processus itératif du recalage.*

Comme démontré par (Besl et McKay, 1992), l’algorithme du plus proche point itéré converge toujours de manière monotone vers un minimum local. Comme dans le cas des déformations locales, la détermination de T^t nécessite la minimisation d’une énergie globale E_{global} . (Cohen, 1995) donne une justification théorique de la convergence en introduisant une variable auxiliaire dans l’expression de la fonctionnelle d’énergie.

En limitant considérablement l’espace de variabilité du modèle, le recalage simplifie la fonctionnelle d’énergie qui s’en trouve plus convexe autour de ses minima locaux. Le recalage est donc d’une manière générale plus stable et moins sensible à la position initiale du modèle que les déformations locales.

Appariement des points

L’algorithme de recalage nécessite la mise en correspondance de points du modèle avec des points caractéristiques, ou *amers*, de l’image. Le recalage est basé sur l’estimation d’une transformation de mise en correspondance des structures extraites et du modèle. La nature de amers extraits dépend du type de mise en correspondance envisagé.

(Thirion, 1994) utilise par exemple des opérateurs de géométrie différentielle pour extraire des point extrema. Si les amers extraits sont mal localisés, le processus de recalage devient instable. On peut faire appel à des post-traitements de filtrage ou utiliser des opérateurs faisant intervenir les dérivées premières de l’image seulement et invariants par certaines transformations (Rohr, 1999).

On peut également chercher à extraire des amers plus représentatifs comme les lignes de crête (Subsol, 1995). Ce sont des lignes «saillantes» constituées de points de courbure maximale dans la direction principale d’une surface qui apportent une représentation très compacte tout en gardant une information topologique forte (les points constituant la ligne de crête sont ordonnés). La mise en correspondance d’un modèle constitué de lignes de crête avec les lignes de crêtes extraites d’une

image est décrite dans (Subsol et al., 1998; Guézic et Ayache, 1992). Cette approche nécessite d’extraire d’abord une surface de l’objet étudié puis les lignes de crête sur cette surface.

(Clarysse et al., 1997) proposent un algorithme de mise en correspondance de surfaces. Ils utilisent des descripteurs géométriques basés sur la courbure locale des points des deux surfaces. Le critère d’appariement des morceaux de surface fait intervenir simultanément une mesure de distance des courbures et la proximité spatiale.

Enfin, de nombreux travaux reposent sur le recalage d’une image dans son ensemble avec une autre. Ce recalage peut être rigide (Ourselin et al., 1998) ou non-rigide, élastique (Miller et al., 1993), ou visqueux (Thirion, 1998; Christensen et al., 1996). Dans ce dernier cas, le modèle s’apparente plutôt à un modèle déformable volumique.

Si les données sont définies par un nuage de points comme c’est le cas dans la figure 4.4, $\text{PPP}(\mathbf{p}_i)$ est simplement le Point le Plus Proche de \mathbf{p}_i . Dans le cadre des images médicales 3D nous verrons dans le chapitre 5 comment les appariements sont déterminés.

4.3.2 Estimation des transformations globales

Nous étudions ici des méthodes d’estimation des transformations rigides, des similitudes, des transformations affines et des transformations B-splines. Dans le cas des transformations rigides, des similitudes ou des transformations affines, il existe une expression analytique de T à partir de l’équation 4.2 (Pennec, 1996). La convergence de l’algorithme est alors beaucoup plus rapide qu’avec une méthode de minimisation comme une descente de gradient et ne nécessite pas de calcul des dérivées du critère à minimiser. L’estimation des transformations B-splines nécessite en revanche un algorithme itératif (Declerck et al., 1997).

Nous faisons l’hypothèse que les points de données ($\{\text{PPP}(\mathbf{p}_i)\}_i$) peuvent être bruités tandis que les points du modèle ($\{\mathbf{p}_i\}_i$) sont exacts. Dans ce cas, le critère de minimisation des moindres carrés de l’équation 4.2 correspond au critère optimal qui minimise la norme du bruit des données pour les transformations rigides, les similitudes et les transformations affines.

Transformations rigides

Soit $\mathbf{T}_{\text{rigide}}$ le groupe des transformations rigides de \mathbb{R}^3 . Une transformation rigide permet de changer d’orientation dans l’espace. C’est la composition d’une rotation \mathbf{R} (trois degrés de liberté) et d’une translation \mathbf{t} (trois degrés de liberté supplémentaires). Une transformation rigide possède donc six degrés de liberté.

$$\forall T = (\mathbf{R}, \mathbf{t}) \in \mathbf{T}_{\text{rigide}}, T(\mathbf{p}) = \mathbf{R}\mathbf{p} + \mathbf{t}.$$

L’équation 4.2 définit un critère à minimiser qui s’exprime dans le cas des transformations rigides comme :

$$C(\mathbf{R}, \mathbf{t}) = \sum_{i=1}^n \|\mathbf{R}\mathbf{p}_i + \mathbf{t} - \text{PPP}(\mathbf{p}_i)\|^2.$$

Ce critère est symétrique. C’est à dire que la meilleur transformation rigide (au sens de C) qui recale le modèle sur les données à partir des appariements utilisés est l’inverse de la meilleur transformation

rigide (au sens de $C'(\mathbf{R}, \mathbf{t}) = \sum_{i=1}^n \|\mathbf{R}\text{PPP}(\mathbf{p}_i) + \mathbf{t} - \mathbf{p}_i\|^2$) qui recale les données sur le modèle.

En résolvant l'équation $\frac{\partial C(\mathbf{R}, \mathbf{t})}{\partial \mathbf{t}} = 0$, on montre que :

$$\mathbf{t} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\text{PPP}(\mathbf{p}_i) - \mathbf{R}\mathbf{p}_i).$$

Pour estimer la rotation, on utilise le formalisme des quaternions. Un quaternion q est un élément de l'espace à quatre dimensions Q constituant une généralisation des nombres complexes. Un quaternion est identifiable à un vecteur $\mathbf{q} = (a, \mathbf{v}^T)^T$ où $a \in \mathbb{R}$ et $\mathbf{v} \in \mathbb{R}^3$. On appelle $\bar{\mathbf{q}} = (a, -\mathbf{v}^T)^T$ le quaternion conjugué de \mathbf{q} . Un quaternion de la forme $(0, \mathbf{v}^T)^T$ est dit pur. Le produit de deux quaternions $\mathbf{p} = (a, \mathbf{v}^T)^T$ et $\mathbf{q} = (b, \mathbf{w}^T)^T$ est défini par $\mathbf{p}\mathbf{q} = (ab - \mathbf{v} \cdot \mathbf{w}, (\mathbf{v} \wedge \mathbf{w} + a\mathbf{w} + b\mathbf{v})^T)^T$. Une norme est définie sur Q : $|\mathbf{q}|^2 = a^2 + \|\mathbf{v}\|^2$. Pour tout quaternion unitaire \mathbf{q} , la relation :

$$\begin{aligned} R_{\mathbf{q}} &: Q \rightarrow Q \\ \mathbf{p} &\mapsto \mathbf{q}\mathbf{p}\bar{\mathbf{q}} \end{aligned}$$

définit un automorphisme de Q qui conserve les quaternions purs. Sa restriction à \mathbb{R}^3 représente une rotation de \mathbb{R}^3 . Les quaternions admettent deux représentations matricielles. Soit $\mathbf{S}_{\mathbf{v}}$ la matrice produit vectoriel à gauche par le vecteur \mathbf{v} :

$$\mathbf{S}_{\mathbf{v}} = \begin{pmatrix} 0 & -v_z & v_y \\ v_z & 0 & -v_x \\ -v_y & v_x & 0 \end{pmatrix}.$$

Si $\mathbf{q} = (a, \mathbf{v}^T)^T$, la matrice $\mathbf{M}_{\mathbf{q}}$ de dimensions 4×4 associée est :

$$\mathbf{M}_{\mathbf{q}} = a\mathbf{I} + \begin{pmatrix} 0 & -\mathbf{v}^T \\ \mathbf{v} & \mathbf{S}_{\mathbf{v}} \end{pmatrix}.$$

Le produit matriciel est équivalent au produit des quaternions, c'est à dire que $\forall \mathbf{p}, \mathbf{q} \in Q, \mathbf{M}_{\mathbf{p}}\mathbf{M}_{\mathbf{q}} = \mathbf{M}_{\mathbf{p}\mathbf{q}}$. De la même manière, la matrice :

$$\bar{\mathbf{M}}_{\mathbf{q}} = a\mathbf{I} + \begin{pmatrix} 0 & \mathbf{v}^T \\ -\mathbf{v} & \mathbf{S}_{\mathbf{v}} \end{pmatrix}$$

fournit une autre représentation des quaternions vérifiant $\forall \mathbf{p}, \mathbf{q} \in Q, \bar{\mathbf{M}}_{\mathbf{p}}\bar{\mathbf{M}}_{\mathbf{q}} = \bar{\mathbf{M}}_{\mathbf{p}\mathbf{q}}$. On appelle $\bar{\mathbf{M}}_{\mathbf{q}}$ l'anti-quaternion de \mathbf{q} .

Soit $\underline{\mathbf{p}}_i = (0, (\mathbf{p}_i - \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{p}_i)^T)^T$ et $\underline{\text{PPP}}(\mathbf{p}_i) = (0, (\text{PPP}(\mathbf{p}_i) - \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \text{PPP}(\mathbf{p}_i))^T)^T$ les positions des points appariés dans le repère barycentrique, identifiés à des quaternions purs. Exprimons le critère de la rotation dans le repère barycentrique en utilisant les quaternions :

$$C(\mathbf{q}) = \sum_{i=1}^n \|\mathbf{q}\underline{\mathbf{p}}_i\bar{\mathbf{q}} - \underline{\text{PPP}}(\mathbf{p}_i)\|^2 = \mathbf{q}^T \mathbf{A} \mathbf{q}$$

avec

$$\mathbf{A} = \sum_{i=1}^n (\mathbf{M}_{\underline{\text{PPP}}(\mathbf{p}_i)} + \bar{\mathbf{M}}_{\underline{\mathbf{p}}_i})^2.$$

Pour minimiser le critère $C(\mathbf{q})$ sous la contrainte $|\mathbf{q}| = 1$ on utilise la méthode des multiplicateurs de Lagrange. Le Lagrangien :

$$L(\mathbf{q}) = C(\mathbf{q}) - \rho(|\mathbf{q}|^2 - 1) = \mathbf{q}^T \cdot (\mathbf{A} - \rho \mathbf{I}) \mathbf{q} + \rho$$

est minimum si $\frac{\partial L(\mathbf{q})}{\partial \mathbf{q}} = 0$, c'est à dire $(\mathbf{A} - \rho \mathbf{I}) \mathbf{q} = 0$. Les optimums sont les vecteurs propres de la matrice \mathbf{A} et le minimum absolu est celui qui est associé à la plus petite des valeurs propres.

Similitudes

Une similitude est la composition d'une transformation rigide et d'une homothétie. Les similitudes ont donc sept degrés de liberté. Soit $\mathbf{T}_{\text{similitude}}$ le groupe des similitudes de \mathbb{R}^3 . La transformée d'un point \mathbf{p} par la similitude de translation \mathbf{t} , de rotation \mathbf{R} et de facteur d'échelle e est :

$$\forall T = (\mathbf{R}, \mathbf{t}, e) \in \mathbf{T}_{\text{similitude}}, T(\mathbf{p}) = \mathbf{E} \mathbf{R} \mathbf{p} + \mathbf{t},$$

où $\mathbf{E} = \text{diag}(e, \dots, e)$. Comme dans le cas des transformations rigides, on écrit le critère à optimiser issu de l'équation 4.2 :

$$C(\mathbf{R}, \mathbf{t}, e) = \sum_{i=1}^n \|\mathbf{E} \mathbf{R} \mathbf{p}_i + \mathbf{t} - \text{PPP}(\mathbf{p}_i)\|^2.$$

Ce critère n'est plus symétrique mais il correspond au critère optimal qui minimise la norme du bruit des points de données.

La translation \mathbf{t} est déterminée par les barycentres comme dans le cas précédent. En travaillant dans le repère barycentrique, le critère se simplifie :

$$C(\mathbf{R}, e) = \sum_{i=1}^n \|\mathbf{E} \mathbf{R} \underline{\mathbf{p}}_i - \underline{\text{PPP}}(\mathbf{p}_i)\|^2 = e^2 \sigma_x^2 - 2e \text{Tr}(\mathbf{R} \underline{\Sigma}_{xy}^T) + \sigma_y^2,$$

où $\sigma_x^2 = \sum_i \|\underline{\mathbf{p}}_i\|^2$, $\sigma_y^2 = \sum_i \|\underline{\text{PPP}}(\mathbf{p}_i)\|^2$ et $\underline{\Sigma}_{xy} = \sum_i \underline{\text{PPP}}(\mathbf{p}_i) \underline{\mathbf{p}}_i^T$. Le minimum de la rotation est obtenu comme dans le cas de la transformation rigide et le facteur d'échelle vérifie $\frac{\partial C(\mathbf{R}, e)}{\partial e} = 0$, c'est à dire :

$$e = \frac{\text{Tr}(\mathbf{R} \underline{\Sigma}_{xy})}{\sigma_x^2}.$$

Transformations affines

Une transformation affine est une transformation qui, en plus des sept degrés de liberté d'une similitude, ne conserve pas les angles. Il s'agit d'une transformation à douze degrés de liberté qui peut s'exprimer comme une matrice de changement de base \mathbf{A} de dimensions 3×3 quelconque et une translation \mathbf{t} :

$$\forall T = (\mathbf{A}, \mathbf{t}) \in \mathbf{T}_{\text{affine}}, T(\mathbf{p}_i) = \mathbf{A} \mathbf{p}_i + \mathbf{t}.$$

La translation optimale s'obtient toujours par le déplacement du barycentre et le critère à optimiser dans le repère barycentrique s'exprime :

$$C(\mathbf{A}) = \sum_{i=1}^n \|\mathbf{A} \underline{\mathbf{p}}_i - \underline{\text{PPP}}(\mathbf{p}_i)\|^2.$$

L'optimum (qui minimise la norme du bruit des données) est obtenu pour $\frac{\partial C(\mathbf{A})}{\partial \mathbf{A}} = 0$, c'est à dire :

$$\mathbf{A} = \Sigma_{yx} (\Sigma_{xx})^{-1},$$

où $\Sigma_{xx} = \sum_{i=1}^n \mathbf{p}_i \mathbf{p}_i^T$.

Transformations B-splines

Les déformations de forme libre (*Free-Form deformations*, ou FFD, en anglais) sont définies comme le produit tensoriel de polynômes (Bardinet, 1995; Coquillart, 1990; Sederberg et Parry, 1986). Un cas particulier de déformations libres sont les transformations B-splines pour lesquelles les polynômes de base sont des courbes B-splines.

Une courbe B-spline monodimensionnelle est définie comme une courbe polynomiale par morceaux. Soit m et n deux entiers et $(t_0, t_1, \dots, t_{n+m})$ une suite de réels ordonnés appelés nœuds de la transformation. On définit les fonctions B-splines de degré m de manière récursive :

$$\forall i \in \llbracket 0, n-1 \rrbracket, \begin{cases} B_i^0(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } t_i \leq x \leq t_{i+1} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \\ B_i^m(x) = \frac{x - t_i}{t_{i+m} - t_i} B_i^{m-1}(x) + \frac{t_{i+m+1} - x}{t_{i+m+1} - t_{i+1}} B_{i+1}^{m-1}(x). \end{cases}$$

Une transformation volumique B-spline est définie par un produit tensoriel de courbes B-splines. Soit $\{\mathbf{c}^{ijk}\}_{ijk}$ un ensemble de points de contrôle de \mathbb{R}^3 et $\{B_{x,i}^m\}_i$, $\{B_{y,j}^m\}_j$ et $\{B_{z,k}^m\}_k$, trois ensembles de fonctions B-splines monodimensionnelles sur les coordonnées x , y et z . La transformée d'un point \mathbf{p} par la transformation volumique B-spline T s'exprime :

$$\forall T \in \mathbf{T}_{\text{B-spline}}, T(\mathbf{p}) = \begin{cases} T_x(\mathbf{p}) = \sum_{i=0}^{n_x-1} \sum_{j=0}^{n_y-1} \sum_{k=0}^{n_z-1} \mathbf{c}_x^{ijk} B_{i,x}^m(x) B_{j,y}^m(y) B_{k,z}^m(z) \\ T_y(\mathbf{p}) = \sum_{i=0}^{n_x-1} \sum_{j=0}^{n_y-1} \sum_{k=0}^{n_z-1} \mathbf{c}_y^{ijk} B_{i,x}^m(x) B_{j,y}^m(y) B_{k,z}^m(z) \\ T_z(\mathbf{p}) = \sum_{i=0}^{n_x-1} \sum_{j=0}^{n_y-1} \sum_{k=0}^{n_z-1} \mathbf{c}_z^{ijk} B_{i,x}^m(x) B_{j,y}^m(y) B_{k,z}^m(z). \end{cases}$$

Le critère de distance aux données s'exprime pour les transformations B-splines :

$$C_{\text{distance}}(T) = \sum_{i=1}^n \|T(\mathbf{p}_i) - \text{PPP}(\mathbf{p}_i)\|^2.$$

Comme dans (Champleboux, 1991), nous utilisons un critère supplémentaire qui permet d'estimer la régularité de la transformation. On exprime l'énergie de la déformation par un stabilisateur de Tikhonov et le critère de régularité de la déformation correspondant comme :

$$C_{\text{régularité}}(T) = \int_{\mathbb{R}^3} \|\mathbf{H}(T)\|^2 = \int_{\mathbb{R}^3} \left(\left(\frac{\partial^2 T}{\partial x^2} \right)^2 + \left(\frac{\partial^2 T}{\partial y^2} \right)^2 + \left(\frac{\partial^2 T}{\partial z^2} \right)^2 + 2 \left(\left(\frac{\partial^2 T}{\partial x \partial y} \right)^2 + \left(\frac{\partial^2 T}{\partial x \partial z} \right)^2 + \left(\frac{\partial^2 T}{\partial y \partial z} \right)^2 \right)$$

où $\mathbf{H}(T)$ est la matrice Hessienne de T . D'après Euler-Lagrange, la transformation minimisant ce critère vérifie nécessairement $\Delta \Delta T = 0$. Il est à noter que ce critère s'annule pour une transformation affine. Il mesure une «distance» de la transformation T à une transformation affine.

Le critère total à optimiser s'exprime :

$$C(T) = C_{\text{distance}}(T) + \rho C_{\text{régularité}}(T),$$

où ρ est un paramètre pondérant l'importance du critère de régularité. Si ρ est nul, la transformation est purement B-spline tandis que si ρ augmente jusqu'à l'infini, le terme de régularité devient prépondérant. À la limite, seul le critère de régularité entre en compte et la transformation estimée possède des dérivées quatrièmes nulles.

Le critère $C(T)$ peut être minimisé sur l'espace de paramètres (les coordonnées des points de contrôle de la transformation) en utilisant l'une des méthodes proposées dans le chapitre 1.3.7. Nous utilisons une méthode de gradient conjugué. Le nombre de degrés de liberté dépend du nombre de points de contrôle considérés. Plus ce nombre est élevé et plus les déformations peuvent être locales, au prix d'un plus grand nombre d'itérations de l'algorithme de minimisation.

L'utilisation de transformations B-splines s'approche des déformations locales dans la mesure où elles permettent d'introduire un très grand nombre de degrés de liberté et donc des déformations avec une forte composante locale. Cependant, la minimisation du critère proposé ci-dessus est beaucoup plus coûteuse que le calcul des formes analytiques des transformations rigides, des similitudes ou des transformations affines.

4.3.3 Influence du nombre de degrés de liberté

La figure 4.6 montre le résultat du recalage d'un modèle surfacique de visage sur un nuage de points obtenu par un scanner à balayage laser Cyberware¹. Le nuage de points des données et le modèle de référence décrivant une géométrie optimisée d'un visage sont montrés dans la ligne du haut (gauche et centre). Le modèle est initialisé grossièrement (en haut à droite) dans le nuage de points représentant un visage différent. Il est ensuite recalé en utilisant un recalage rigide, par similitude, affine et B-spline toujours en gardant la même position de départ. Dans tous les cas, le résultat est montré après un nombre fixé de 150 itérations.

On mesure la qualité du recalage comme la somme des distances entre chaque sommet du maillage et son plus proche voisin dans le nuage de points. La figure 4.7 montre l'évolution de la qualité du recalage en fonction de la classe de transformations (donc du nombre de degrés de liberté) et le coût en terme de temps de calcul correspondant. Il apparaît qu'accroître le nombre de degrés de liberté conduit à une meilleur représentation des données. Dans le cas des transformations B-splines, le grand nombre de degrés de liberté permet un écart minimum entre les données et le modèle déformé. Cependant, les déformations générées ne préservent pas la géométrie *a priori* du modèle. Par exemple, les sommets du modèle représentant le nez se trouvent concentrés sur la joue en raison de la position initiale. De ce fait, on ne tire pas correctement parti de la géométrie optimisée du modèle de référence.

D'une manière générale, accroître le nombre de degrés de liberté nécessite un temps de calcul plus long puisque cela implique la convergence d'un algorithme itératif à chaque étape de l'algorithme du plus proche point itéré. Les transformations affines sont néanmoins sensiblement plus efficaces à calculer que les transformations rigides pour des raisons de mise en œuvre.

1. <http://www.cyberware.com>

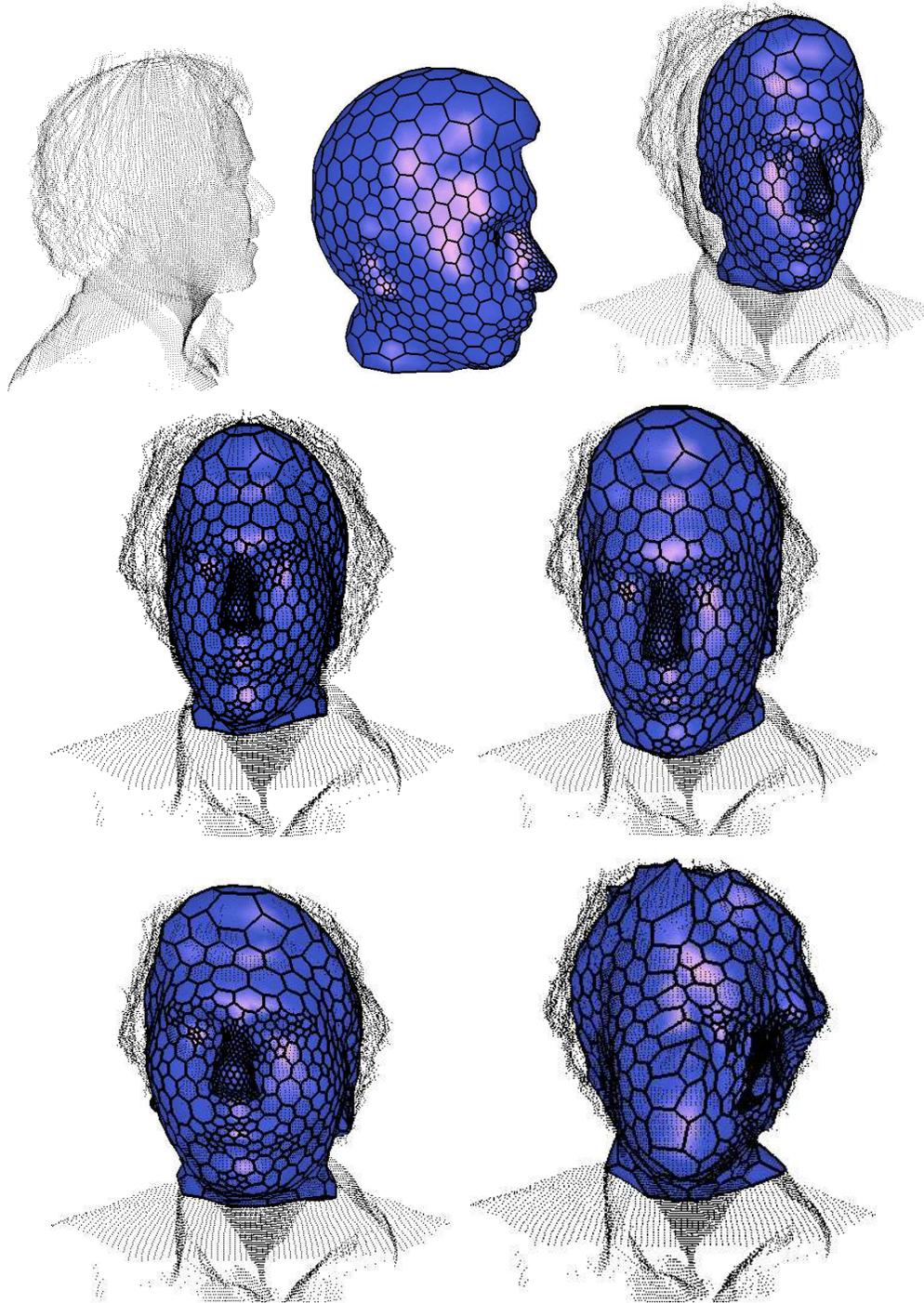


FIG. 4.6 – *Ligne du haut: données (gauche), modèle surfacique d'un visage (centre) et sa position initiale par rapport aux données (droite). Puis de haut en bas, de gauche à droite: recalage rigide, par similitude, affine et B-spline.*

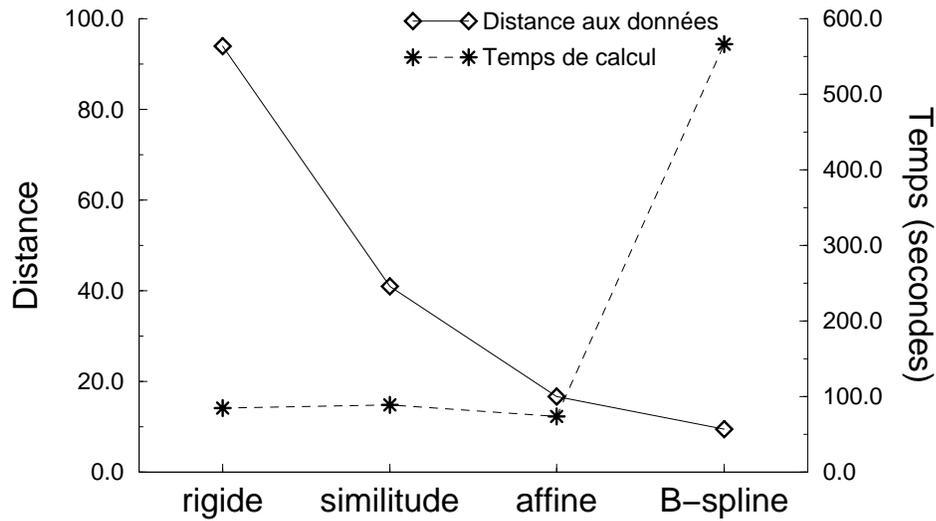


FIG. 4.7 – Qualité et temps de calcul de chaque groupe de transformations utilisé pour le recalage.

4.3.4 Recalage hiérarchique

Le recalage B-spline détruit les correspondances géométriques. Le résultat est un modèle proche des données mais présente une très mauvaise qualité géométrique (voir figure 4.6 en bas à droite). Dans ce cas, les déformations ne sont pas suffisamment régularisées. En utilisant les autres classes de transformation, le nombre de degrés de liberté est suffisamment faible pour éviter ce problème.

Pour réaliser une reconstruction précise des données tout en conservant la qualité géométrique de la surface, nous proposons d'accroître progressivement le nombre de degrés de liberté des transformations. En commençant le processus de déformation avec peu de degrés de liberté on renforce sa robustesse vis à vis du bruit des données. Alors que le modèle converge et se rapproche de sa position d'équilibre, les correspondances entre sommets et points de données s'améliorent et il devient possible de laisser plus de variabilité à la surface. En utilisant différentes transformations au cours des déformations on réalise un recalage hiérarchique qui accroît peu à peu le nombre de degrés de liberté. La figure 4.8 montre le résultat du recalage du modèle de la figure 4.6 sur les mêmes données et à partir de la même position initiale. Le modèle obtenu après transformations B-spline présente une géométrie de bien meilleure qualité que précédemment.

Il reste à déterminer quand est-ce qu'il est possible de changer de classe de transformation et donc d'augmenter le nombre de degrés de liberté. Dans la figure 4.9, les graphiques montrent la somme des déplacements de tous les points du modèle à chaque étape de l'algorithme du plus proche point itéré. En raison de la très rapide convergence de l'algorithme (remarquons l'échelle logarithmique sur l'axe des ordonnées), le déplacement de chaque sommet décroît rapidement. Quand la quantité totale de déplacement du modèle devient assez faible, le modèle ne se déforme plus de manière significative. Nous pouvons donc fixer un seuil bas à partir duquel une étape du recalage se termine

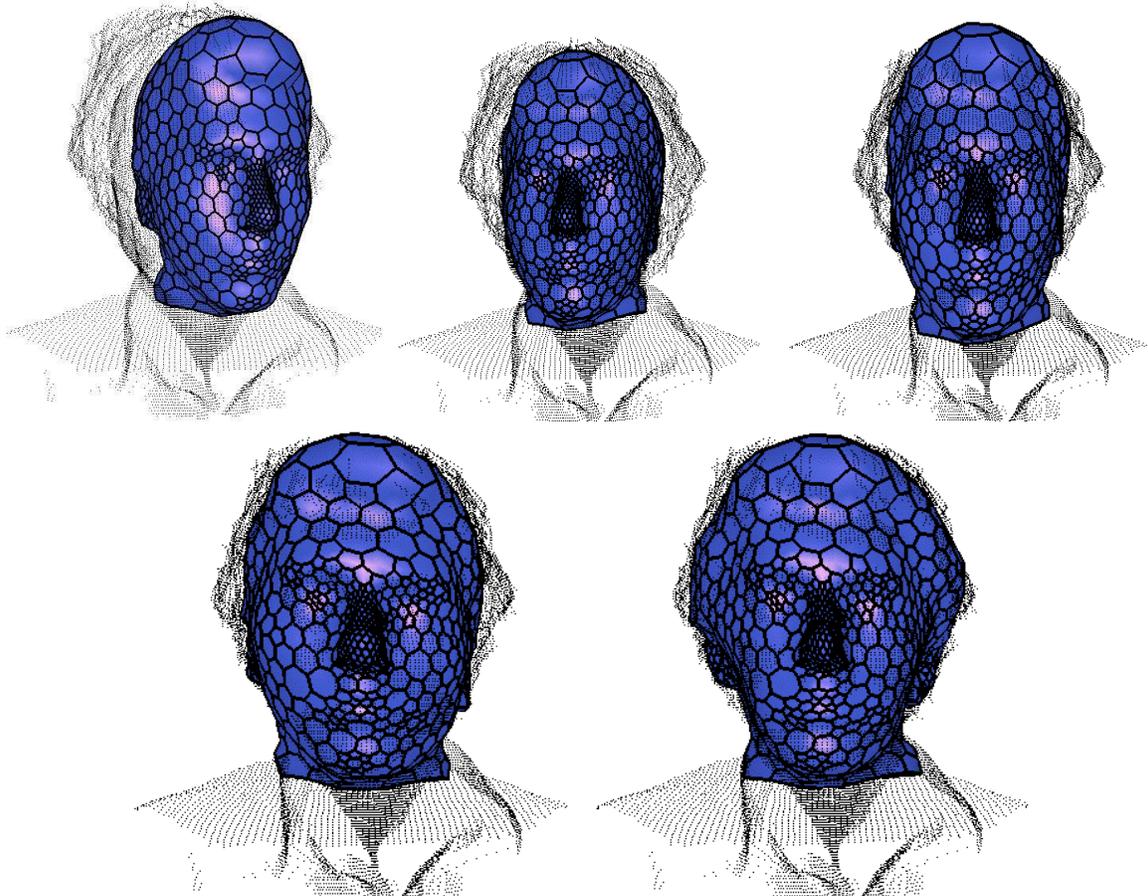


FIG. 4.8 – Recalage hiérarchique d'un modèle de visage à partir de la position initiale (en haut à gauche) en utilisant successivement des transformations rigides, des similitudes, des transformations affines et des transformations B-splines.

et une transformation avec d'avantage de degrés de liberté peut être utilisée.

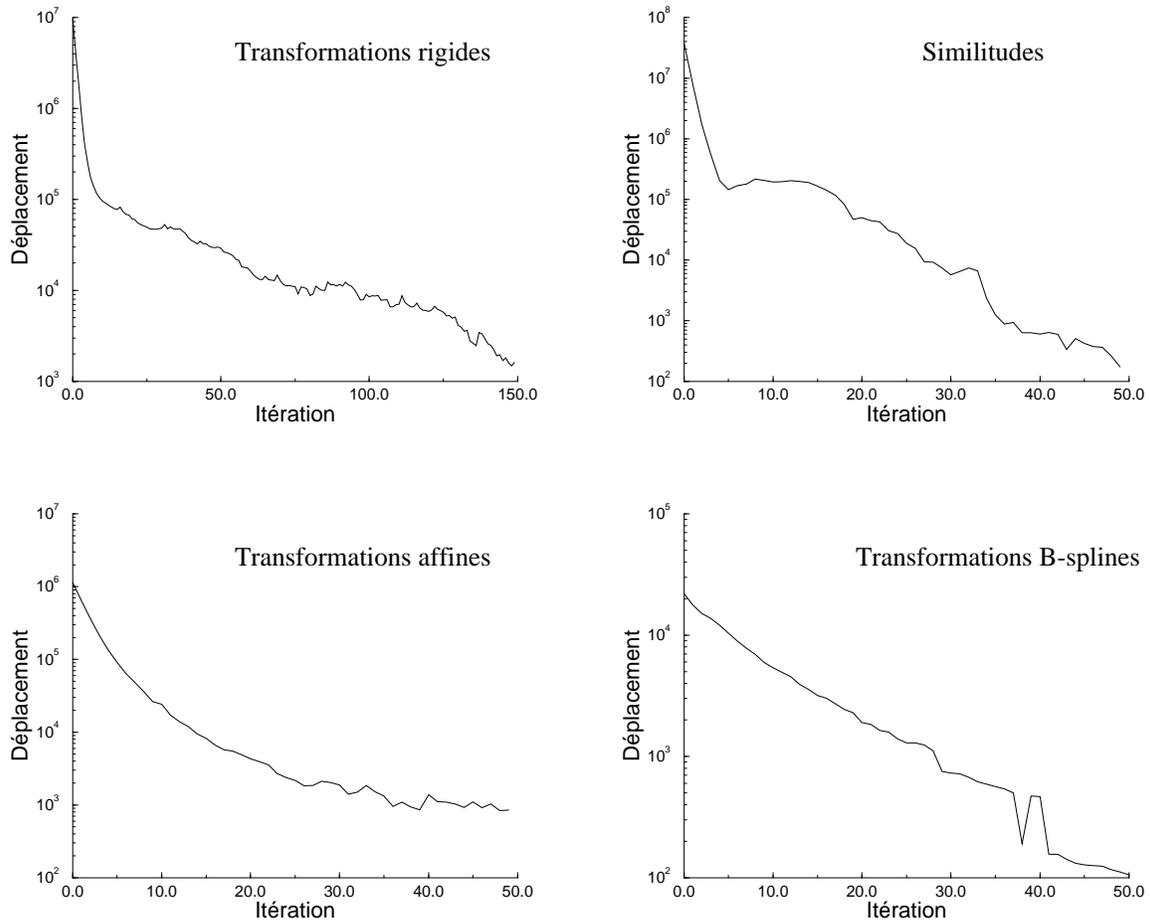


FIG. 4.9 – *Quantité de déplacement du modèle de visage à chaque itération de l’algorithme du plus proche point itéré pour des transformations rigides (en haut à gauche), des similitudes (en haut à droite), des transformations affines (en bas à gauche) et des transformations B-splines (en bas à droite).*

Le seuil bas peut être fixé par l'utilisateur mais il est difficile de connaître les valeurs significatives du déplacement du modèle qui sont en outre dépendantes de l'échelle des données. Nous calculons donc le seuil bas comme une fraction du déplacement des premières étapes de déformation du modèle. Le recalage hiérarchique présenté dans la figure 4.8 a été obtenu par évolution automatique du nombre de degrés de liberté en changeant de transformation dès que la quantité de déplacement du modèle devenait inférieure à 0.1% de la quantité de déplacement initiale. De plus l'évolution a lieu dès que le modèle converge, sans être dépendante de la réaction non reproductible d'un utilisateur.

4.3.5 Incidence des degrés de liberté sur le temps de calcul

L'augmentation du nombre de degrés de liberté s'accompagne d'une augmentation du temps de calcul. En particulier, les transformations B-splines sont bien plus coûteuses que les autres groupes de transformations. Le coût de l'algorithme de recalage est la somme du coût de l'algorithme d'appariement des points (C_{PPP}) et de l'algorithme d'estimation de la transformation (C_{EMC} , Estimation aux Moindres Carrés). Soit d le nombre de sommets du modèle et n le nombre de degrés de liberté de la transformation :

$$C_{\text{recalage}} = C_{\text{PPP}}(d) + C_{\text{EMC}}(n).$$

Le coût de l'algorithme d'appariements, $C_{\text{PPP}}(d)$, n'est dépendant que du nombre de sommets du modèle. Le coût $C_{\text{EMC}}(n)$ dépend du nombre de degrés de liberté et de l'algorithme de minimisation utilisé. Ainsi, $C_{\text{PPP}}(d)$ est constant, quel que soit le groupe de transformations considéré et C_{recalage} est presque constant tant que $C_{\text{EMC}}(n)$ reste négligeable devant $C_{\text{PPP}}(d)$. C'est le cas pour les algorithmes de recalage rigide, par similitude ou affine puisqu'il existe une expression analytique de la solution. Dans le cas des transformations B-spline, l'algorithme fait appel à une descente de gradient beaucoup plus coûteuse.

Incidence des paramètres de la transformation B-spline

Dans le cas des transformations B-splines, le critère suivant est minimisé à chaque étape :

$$C(T \in \mathbf{T}_{\text{B-spline}}) = C_{\text{distance}}(T) + \rho C_{\text{régularité}}(T).$$

Quand ρ tend vers l'infini, la fonction de coût C_{distance} devient négligeable devant $C_{\text{régularité}}$ et le nombre de degrés de liberté diminue. Le nombre de degrés de liberté est également dépendant du nombre de nœuds utilisé pour l'estimation de la transformation. Le nombre maximal de nœuds est imposé par le nombre de sommets du modèle et donc le nombre maximum d'appariements utiles pour l'estimation de la transformation. Mais il est également possible de réduire le nombre de nœuds pour limiter le temps de calcul et réduire le nombre de degrés de liberté. La figure 4.10 montre l'évolution de la qualité du recalage B-spline et du temps de calcul en fonction du paramètre ρ d'une part et de la fraction des sommets utilisés pour l'estimation de la transformation d'autre part.

La qualité du maillage s'améliore lorsqu'un plus grand nombre de nœuds est pris en considération au détriment du temps de calcul qui augmente de manière très significative. La diminution de ρ autorise des déformations plus libres et c'est également un facteur permettant d'améliorer la qualité de la reconstruction. En revanche, ρ a très peu d'influence sur le temps de calcul.

4.3.6 Problèmes numériques

La stabilité numérique du processus de minimisation peut également devenir un problème. Le nombre d'équations (et donc de points appariés) minimum nécessaire pour la résolution numérique est dépendant du nombre de degrés de liberté de la transformation. Dans le cas d'une transformation affine, seulement douze paramètres sont évalués et très peu d'appariements sont nécessaires. Pour

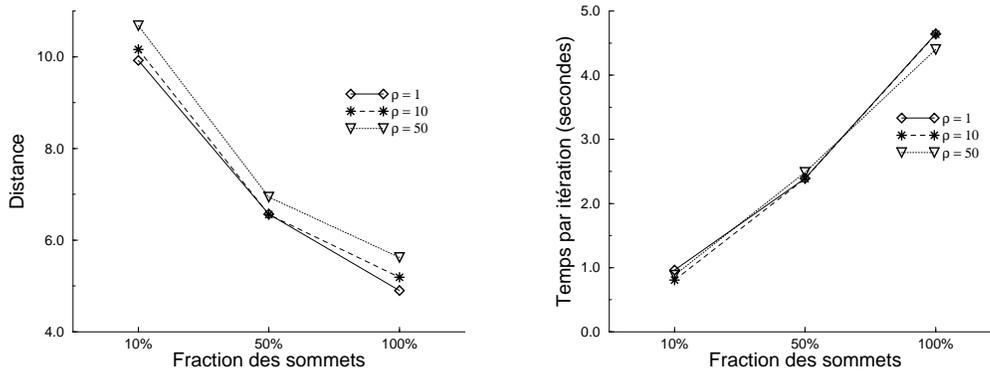


FIG. 4.10 – Qualité (à gauche) et coût (à droite) du recalage B-spline en fonction du paramètre ρ et du nombre de sommets.

les transformations B-spline en revanche, un nombre conséquent d'appariements doit être trouvé. La figure 4.11 montre le résultat du recalage B-spline en partant des mêmes conditions initiales en prenant en considération un nombre variable d'appariements (10% des appariements dans la figure de gauche, 50% dans la figure centrale et 100% dans la figure de droite).

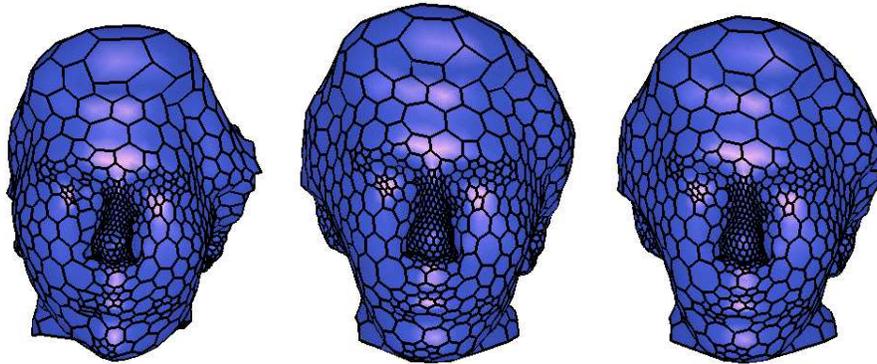


FIG. 4.11 – Influence du nombre d'appariements disponibles pour le calcul du recalage B-spline. À gauche, 10% des appariements sont utilisés, au centre 50% et à droite 100%.

La figure de gauche montre les effets de l'instabilité du calcul de la transformation. La partie gauche du visage et le nez sont mal déformés.

4.4 Déformations à contrainte globale

4.4.1 Recalage et déformations locales

Comme les déformations locales, le recalage est estimé par la minimisation d'une fonctionnelle (E_{global}) et s'exprime localement comme l'application d'un champ de forces ($\{f_{\text{global}}(\mathbf{p}_i)\}_i$). La force

globale est une force externe qui conduit à un champ de déformation avec un nombre limité de degrés de liberté puisqu'elle est contrainte par la nature de la transformation T . La figure 4.12 montre le champ de déplacement d'un objet synthétique dans le cas de déformations locales (à droite) et de déformations issues d'une transformation rigide (à gauche).

4.4.2 Déformations locales à contraintes globales

Dans (Montagnat et Delingette, 1998), nous proposons un schéma de déformation local à contrainte globale qui s'appuie sur l'équivalence entre déformations locales et transformations globales. Chaque sommet du modèle est soumis à trois types de forces : les forces internes, les forces externes et les forces globales. Un coefficient de *localité*, λ , permet de pondérer l'influence respective des forces externes et globales :

$$\mathbf{p}_i^{t+\Delta t} = \mathbf{p}_i^t + (1 - \gamma)(\mathbf{p}_i^t - \mathbf{p}_i^{t-\Delta t}) + \lambda(\alpha(i)f_{\text{int}}(\mathbf{p}_i^t) + \beta(i)f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_i^t)) + (1 - \lambda)f_{\text{global}}(\mathbf{p}_i^t).$$

Ce schéma permet de conserver un calcul peu coûteux des déformations de la surface tout en introduisant un contrôle facile du nombre de degrés de libertés à travers le paramètre de localité. Si $\lambda = 1$, le modèle est sous l'influence des seules forces internes et externes. On se trouve dans le cas de déformations locales. Si $\lambda = 0$ au contraire, le modèle évolue sous l'action d'une transformation globale avec un nombre réduit de degrés de liberté. Des valeurs intermédiaires de λ permettent de contrôler la variabilité autorisée à la surface pendant les déformations. Lorsque λ est petit, les forces internes régularisantes jouent un rôle réduit dans la mesure où la transformation globale assure déjà une régularisation de la surface. La figure 4.12, colonne du centre, montre le champ de vecteurs issus d'une déformation locale à contrainte globale rigide avec un paramètre de localité $\lambda = 20\%$. Le champ présente un aspect intermédiaire, plus régulier que les déformations locales (colonne de droite) mais introduisant une composante locale qui est absente du recalage rigide (colonne de gauche).

Le schéma de calcul des déformations locales à contrainte globale est illustré sur la figure 4.13.

4.4.3 Un schéma continu de global vers local

Les déformations à contraintes globales constituent un intermédiaire entre recalage et déformations locales. Il est naturel d'étendre le schéma de recalage hiérarchique décrit au paragraphe 4.3.4. On commence les déformations par un recalage hiérarchique du modèle ($\lambda = 0$) et on change de groupe de transformations à chaque fois que le modèle converge. Lorsque le modèle n'évolue plus par le processus de recalage, on augmente peu à peu λ de manière à introduire des degrés de liberté supplémentaires. À la limite, on termine par des déformations locales sans contraintes (voir figure 4.14).

Le formalisme des déformations locales à contraintes globales étend les déformations locales de manière efficace en terme de coût des calculs. En effet, les appariements sont calculés une seule fois pour la détermination des forces externes et de la transformation globale. Le seul surcoût est

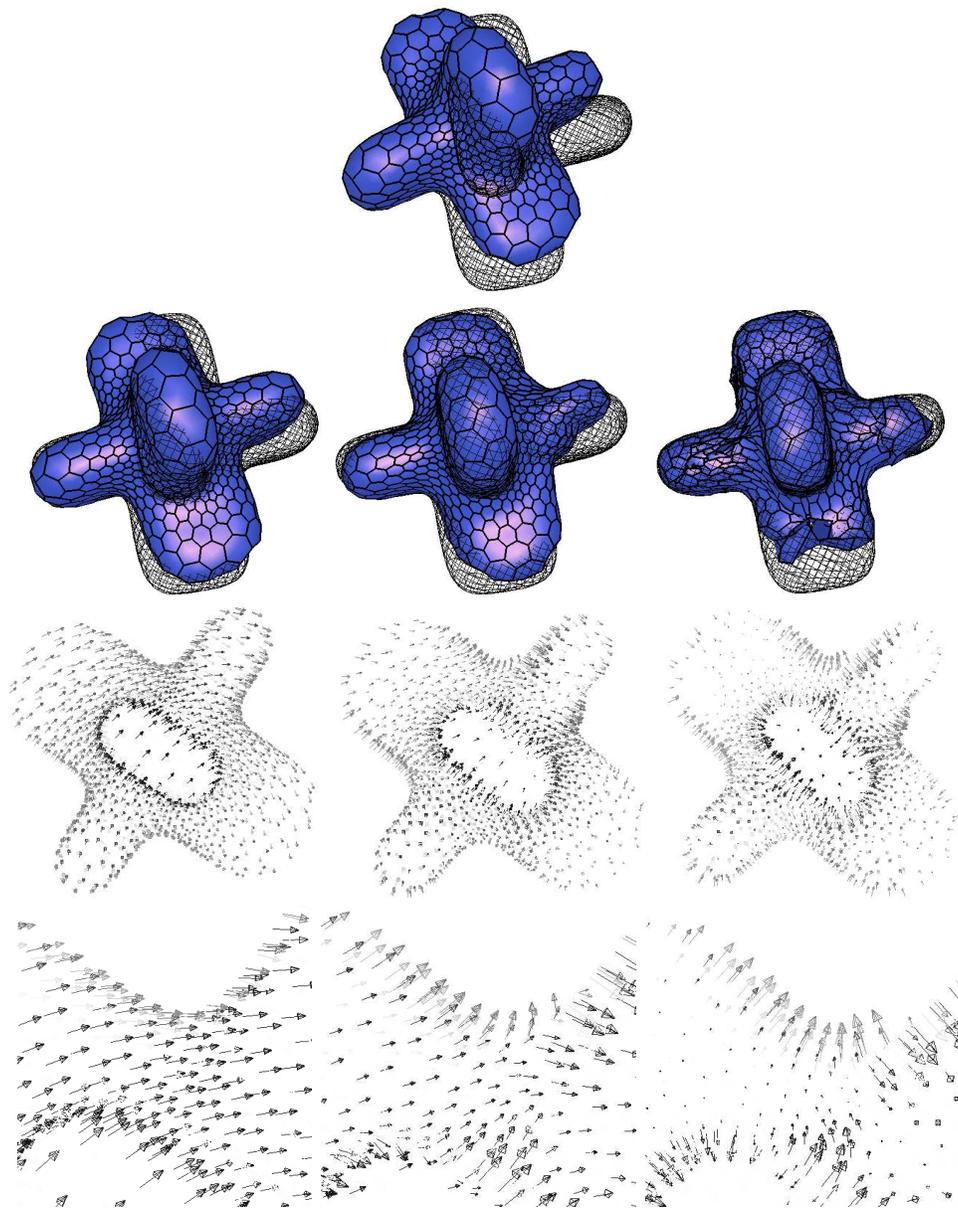


FIG. 4.12 – Ligne 1 : Modèle initial (surface pleine) et position d'équilibre (surface fil de fer). Ligne 2 : Déformation du modèle en utilisant une transformation rigide (à gauche), des déformations globalement contraintes par une transformation rigide ($\lambda = 20\%$, au centre) et des déformations locales (à droite). Lignes 3 : Champs de déformations résultants. Ligne 4 : détail des champs de déformation.

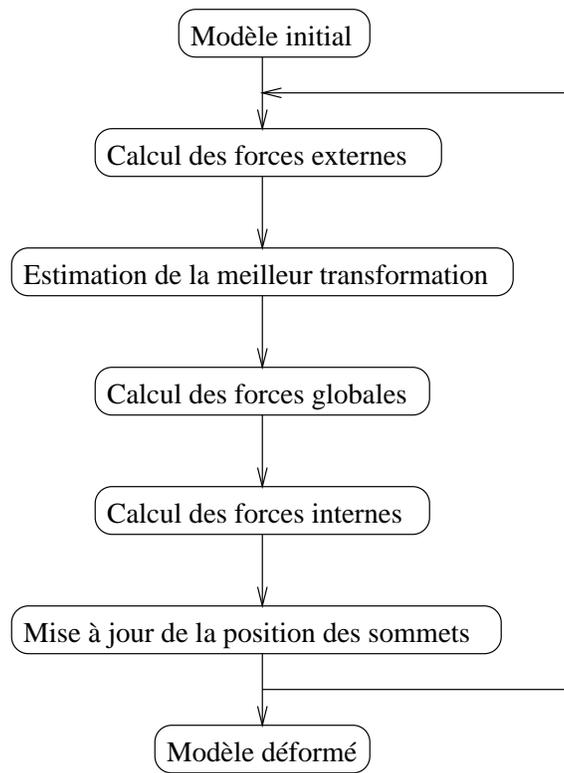


FIG. 4.13 – *Le processus itératif des déformations locales à contrainte globale.*

l'estimation de la transformation globale. Comme un grand nombre de degrés de liberté est introduit par les déformations locales, il n'est pas utile de calculer une transformation globale complexe. On se satisfait d'une transformation peu coûteuse à évaluer comme une transformation affine.

L'approche hiérarchique des déformations s'approche de l'idée de la non-convexité graduée. En effet, on limite d'abord l'espace des variations pour rendre la fonctionnelle d'énergie plus convexe. On change de fonctionnelle par augmentation de λ en utilisant comme initialisation la position optimale du modèle pour l'énergie précédente.

4.4.4 Fidélité des déformations hiérarchiques

Les transformations B-splines, comme les déformations locales à contraintes globales, permettent d'introduire un grand nombre de degrés de liberté dans le schéma de déformation du modèle. Nous comparons les deux approches en réalisant la reconstruction hiérarchique du visage de la figure 4.8. Les étapes de recalage rigide, par similitude et affine sont identiques dans les deux cas. La dernière étape fait intervenir des déformations B-splines dans le premier cas et des déformations locales avec une contrainte affine dans le second cas. La figure 4.15 montre la surface du visage obtenue après déformation (ligne du haut) dans le cas des transformations B-splines (à gauche) et dans le cas des déformations locales (à droite).

Les graphiques de la figure 4.15 montrent la fidélité du modèle déformé (en terme de distance

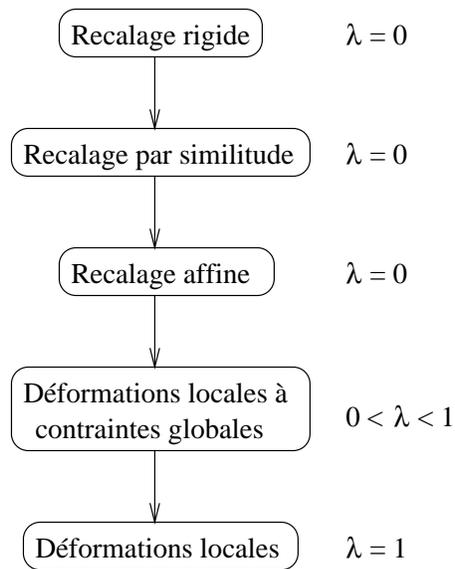


FIG. 4.14 – *Approche hiérarchique des déformations d'un modèle.*

de la surface aux données) à gauche, et le temps de calcul nécessaire à droite. Un meilleur résultat est obtenu par les déformations locales avec une contrainte affine dans la mesure où un plus grand nombre de degrés de liberté est introduit qu'avec les transformations B-splines à la fin du processus de déformation. Le temps de calcul nécessaire est également largement à l'avantage des déformations contraintes. Il est donc plus adapté d'utiliser une transformation globale avec peu de degrés de liberté en introduisant des degrés de liberté grâce aux déformations locales.

4.4.5 Préservation de la géométrie

Nous évaluons la qualité de la reconstruction en utilisant des déformations locales à contrainte globale affine en fonction du paramètre de localité. La figure 4.16 montre un modèle surfacique reconstruit à partir d'un nuage de points représentant un pied (en haut à gauche). Ce modèle est déformé de manière non-rigide par rapport à sa forme de référence (en haut à droite). On déforme ensuite le modèle sous l'influence du nuage de points pour qu'il reprenne sa forme d'origine. Dans la ligne du centre, la figure 4.16 montre de gauche à droite le modèle après recalage rigide, après déformations locales et contrainte affine ($\lambda = 10\%$) et après déformations locales.

On évalue la distorsion géométrique de la surface comme la somme des distances quadratiques entre la position de chaque sommet du modèle avant perturbation et après déformation. On mesure ainsi le décalage des sommets par rapport à leur position d'origine (le glissement des sommets sur la surface). Dans le cas d'un recalage rigide, le nombre de degrés de liberté trop limité n'autorise pas une reconstruction de la surface correcte. En accroissant graduellement le nombre de degrés de liberté, la surface est de mieux en mieux recalée et la distorsion géométrique diminue (voir graphique 4.16, en bas à droite). Cependant, la distorsion géométrique augmente si la déformation présente une trop grande composante locale. Cela est dû au fait que la surface étant moins contrainte, chaque

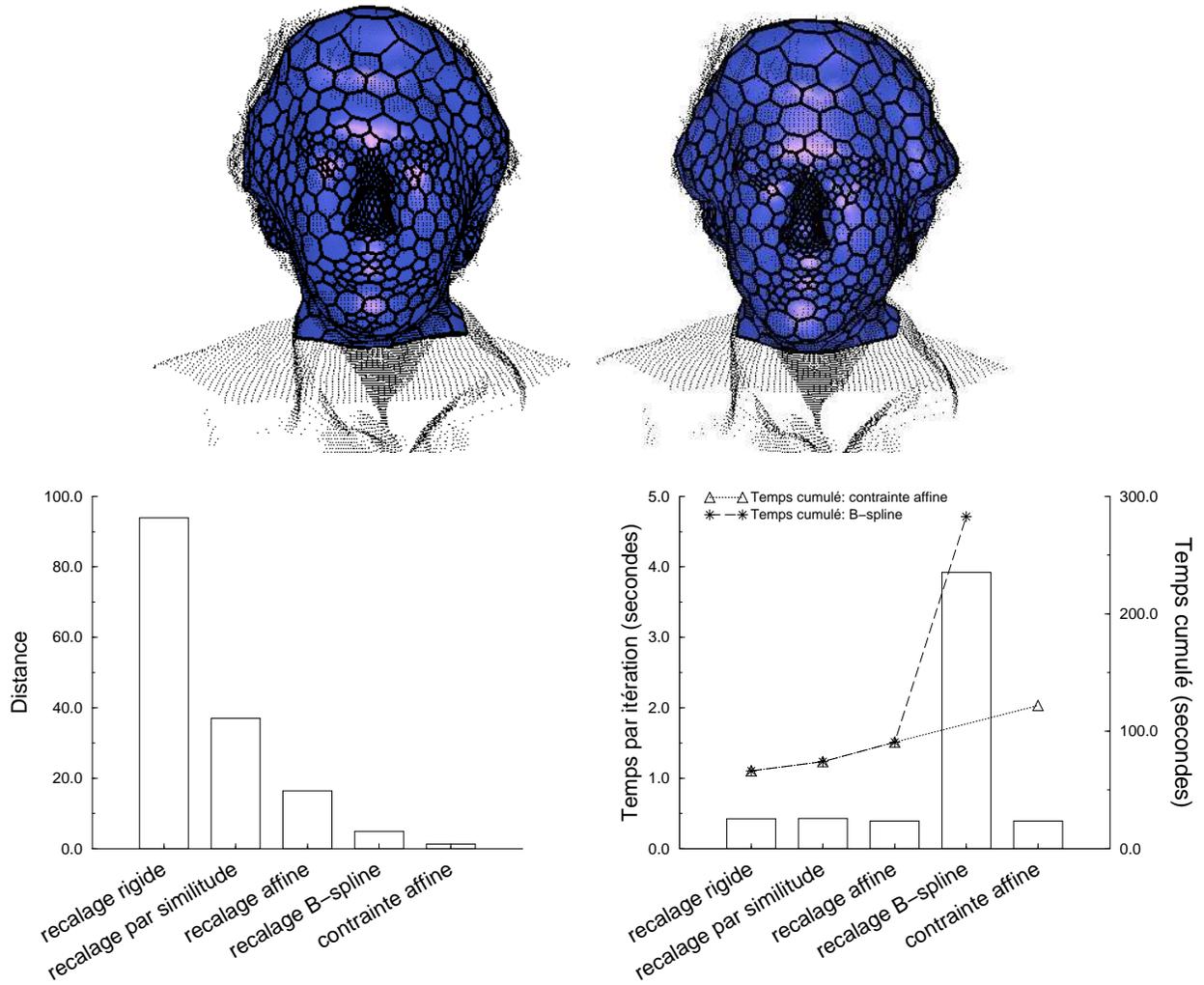


FIG. 4.15 – Comparaison du recalage hiérarchique avec transformations B-splines et des déformations locales contraintes. Ligne du haut: résultat après déformations B-splines (à gauche) et locales (à droite). Ligne du bas: évaluation de la qualité du recalage (à gauche) et du temps de calcul (à droite).

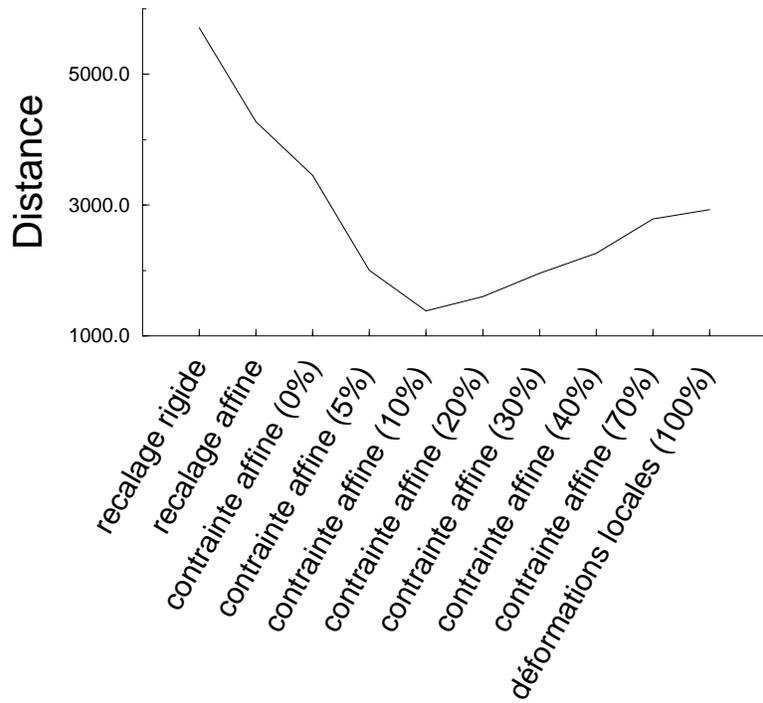
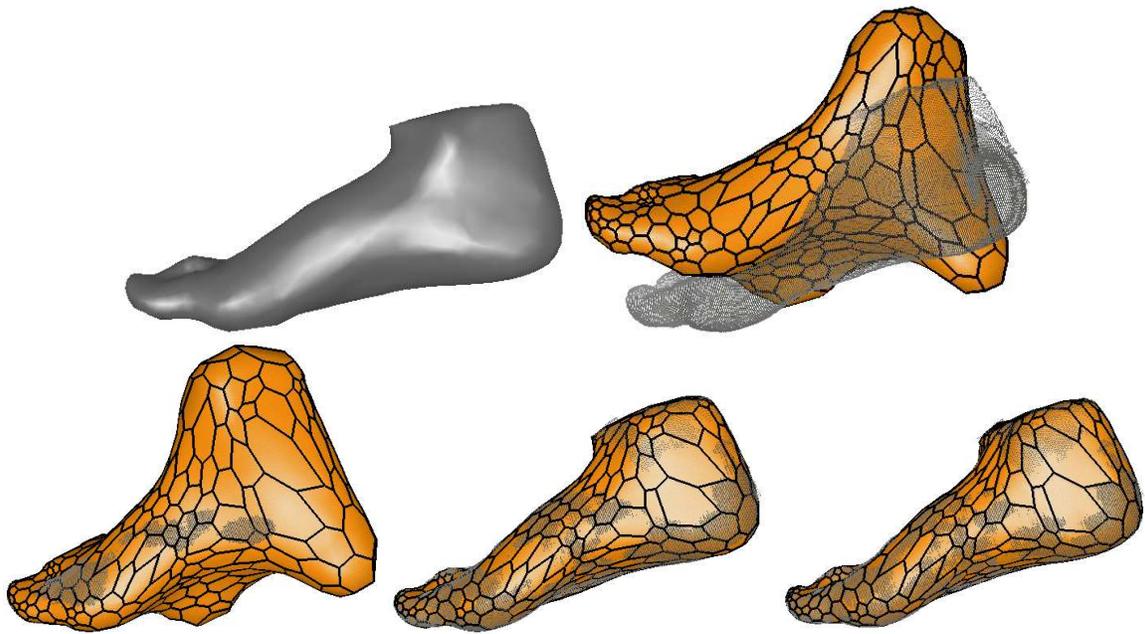


FIG. 4.16 – Ligne du haut : modèle initial (à gauche) et modèle déformé (à droite). Ligne du centre : reconstruction par recalage rigide (à gauche), déformations locales à contrainte affine (centre) et déformations locales (à droite). Ligne du bas : évaluation de la distorsion géométrique.

sommet du modèle converge vers le point des données le plus proche qui n'est en général pas le point géométriquement équivalent. Il est donc utile de contraindre suffisamment les déformations pour assurer une bonne préservation de la géométrie du modèle reconstruit.

4.4.6 Contraintes globales dépendantes de l'application

La contrainte globale introduite dans les déformations locales peut prendre d'autres formes que les transformations que nous avons étudiées jusqu'à présent. Il est possible d'introduire une contrainte spécifique à un problème particulier. Nous proposons par exemple d'ajouter une contrainte axiale à des modèles présentant une symétrie de révolution.

Contrainte globale axiale

Des modèles déformables surfaciques dont les déformations sont guidées en prenant leur symétrie de révolution en compte sont introduits dans (Terzopoulos et al., 1988). D'autres types de cylindres généralisés utilisés pour la reconstruction d'objets sont proposés dans (O'Donnell et Xi-Sheng, 1994). (O'Donnell et al., 1997) utilisent un modèle composé d'un axe (une courbe B-spline) et d'une surface composée par l'assemblage de contours (également des courbes B-splines) dans des plans orthogonaux à l'axe pour segmenter des vaisseaux sanguins. Un modèle géométrique pour la représentation de structures vasculaires (vaisseaux, connexions et anévrisme) est présentée dans (Juhan et al., 1997). (Moreau-Gaudry et al., 1998) proposent un modèle paramétrique de surface pour représenter l'intersection en forme de "Y" d'un branchement artériel. Le modèle est composé d'un axe (squelette interne) et d'une courbe convexe définissant la partie supérieure du branchement (squelette externe) sur lesquels vient s'appuyer une surface. Il est utilisé pour la segmentation d'images ultrasonores 3D de la carotide dans (Moreau-Gaudry et al., 1999).

Pour déformer des structures munies d'un axe de révolution, nous proposons d'introduire une contrainte axiale à l'aide du formalisme de déformation à contrainte globale présenté ci-dessus. Sous l'action d'une contrainte axiale, la surface d'un modèle ne se déforme plus localement mais elle fléchit avec l'axe. La figure 4.17 illustre la contrainte axiale. En haut, un même modèle cylindrique se déforme sous l'action de sollicitations locales avec (à droite) ou sans (à gauche) contrainte axiale.

Soit \mathcal{M} un 2-maillage simplexe constitué des sommets $\{\mathbf{p}_i\}_i$ disposant d'une symétrie de révolution. L'axe \mathcal{A} de \mathcal{M} est défini comme un 1-maillage simplexe dont les sommets sont $\{\mathbf{a}_i\}_i$. Si la surface est de topologie cylindrique, l'axe est un maillage simplexe avec bord. Dans le cas d'une topologie toroïdale, c'est un maillage fermé. La figure 4.17, ligne du bas, illustre deux modèles de topologies différentes avec un axe central. Chaque sommet \mathbf{p}_j du maillage surfacique est attaché aux trois sommets les plus proches de l'axe \mathbf{a}_{i-1} , \mathbf{a}_i et \mathbf{a}_{i+1} . Réciproquement, chaque sommet \mathbf{a}_i de l'axe est associé à un ensemble \mathcal{E}_i de sommets de la surface. La figure 4.18 (à gauche) illustre la connexion entre un sommet de la surface et les sommets de l'axe.

Un poids ν_{ji} dépendant de la distance entre l'axe et la surface est associé à chaque couple de sommets appariés de la surface et de l'axe $\{\mathbf{p}_j, \mathbf{a}_i\}$. Pendant le processus de déformation, les forces externes s'appliquant sur la surface du maillage sont d'abord calculées de manière classique. Les

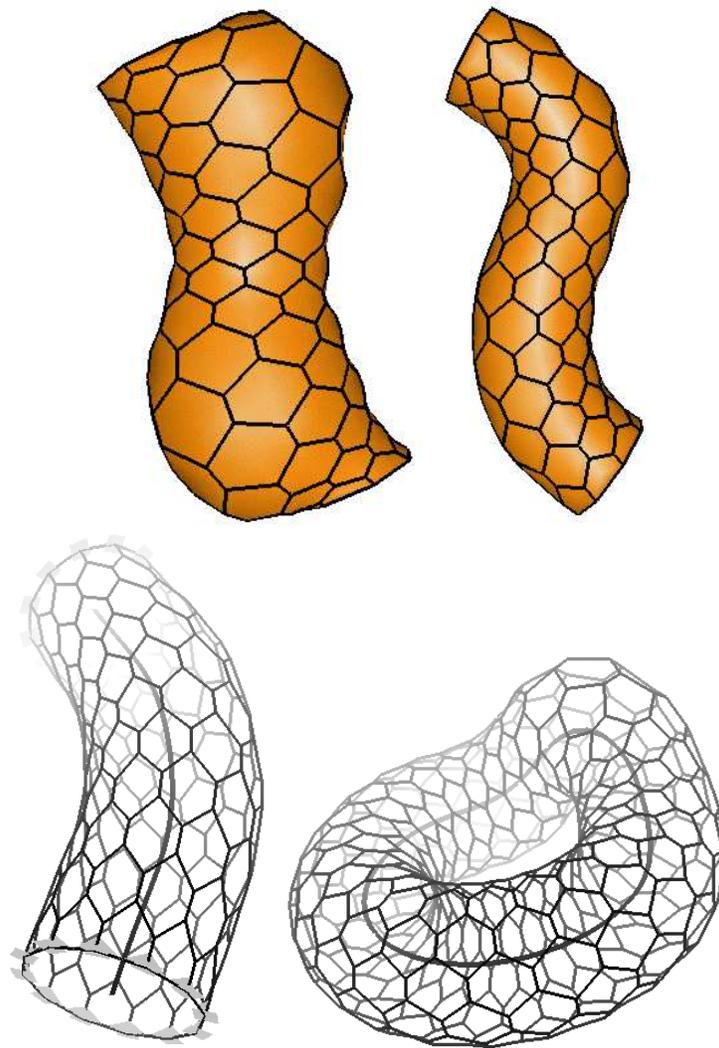


FIG. 4.17 – Ligne du haut : déformation d'un cylindre sans (à gauche) et avec (à droite) contrainte axiale. Ligne du bas : maillages simplexés d'un cylindre et d'un tore munis d'un axe central.

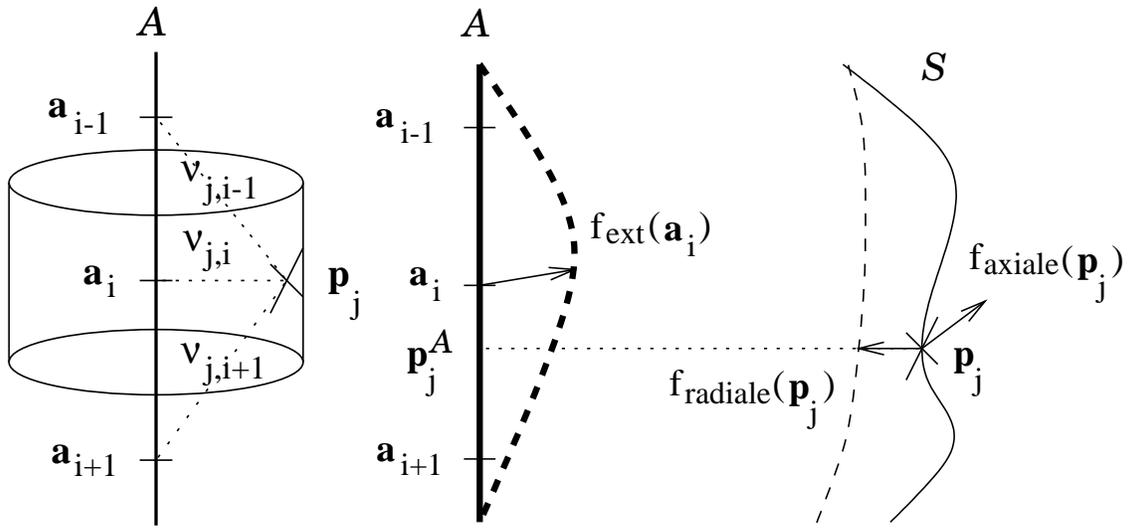


FIG. 4.18 – À gauche : relation d'un sommet du maillage aux sommets de l'axe. À droite : calcul des forces axiales en fonction des forces surfaciques.

forces sont alors répercutées sur l'axe en calculant en chaque sommet \mathbf{a}_i :

$$f_{\text{ext}}(\mathbf{a}_i) = \frac{\sum_{\mathbf{p}_j \in \mathcal{E}_i} \nu_{ji} f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_j)}{\sum_{\mathbf{p}_j \in \mathcal{E}_i} \nu_{ji}}.$$

Les forces régularisantes des 1-maillages simplexés sont calculées sur l'axe et chaque sommet de l'axe est soumis à la force :

$$f(\mathbf{a}_i) = \alpha(i) f_{\text{int}}(\mathbf{a}_i) + \beta(i) f_{\text{ext}}(\mathbf{a}_i).$$

Réciproquement, les déformations de l'axe sous l'action des forces calculées ci-dessus induisent une déformation de la surface qui subit une flexion. Chaque sommet est soumis à une force composée d'une composante axiale (f_{axiale}) et d'une composante radiale (f_{radiale}). La force axiale est dépendante du déplacement de l'axe :

$$f_{\text{axiale}}(\mathbf{p}_j) = \sum_{k=i-1}^{i+1} \nu_{jk} f(\mathbf{a}_k).$$

La force radiale est orientée selon la perpendiculaire à l'axe et tend à ramener tous les sommet autour d'un point de l'axe à une même distance de l'axe. La position d'équilibre de la surface est donc localement circulaire dans chaque plan perpendiculaire à l'axe. Soit \mathbf{p}_j^A la projection orthogonale du sommet \mathbf{p}_j sur l'axe et

$$\mathbf{n}_j = \frac{\mathbf{p}_j^A \mathbf{p}_j}{\|\mathbf{p}_j^A \mathbf{p}_j\|}$$

la direction radiale. Le rayon moyen de la surface autour du point de l'axe \mathbf{a}_i est :

$$r_i = \sum_{\mathbf{p}_j \in \mathcal{E}_i} \nu_{ji} \|\mathbf{p}_j^A \mathbf{p}_j\|$$

et la force radiale exercée par le sommet de l'axe \mathbf{a}_i sur le sommet de la surface \mathbf{p}_j est définie comme :

$$f_{\text{radiale}}(\mathbf{a}_i, \mathbf{p}_j) = \mathbf{p}_j^A + \left((1 - \xi) \left\| \mathbf{p}_j^A \mathbf{p}_j \right\| + \xi r_i \right) \mathbf{n}_j - \mathbf{p}_j,$$

où ξ est un coefficient d'influence radiale. Finalement, la force radiale exercée au sommet \mathbf{p}_j est :

$$f_{\text{radiale}}(\mathbf{p}_j) = \sum_{k=i-1}^{i+1} f_{\text{radiale}}(\mathbf{a}_k, \mathbf{p}_j).$$

Sous l'action de la seule contrainte axiale, la surface du modèle se déforme selon les flexions de l'axe en conservant des sections circulaires tout au long de son axe. En utilisant des déformations locales avec une contrainte globale axiale, il est possible pour la surface d'exprimer un ensemble plus riche de formes. On peut ainsi représenter des objets à caractère cylindrique mais ne présentant pas une géométrie très régulière.

Nous avons utilisé les contraintes axiales pour segmenter des anévrismes dans des images angiographiques de vaisseaux cérébraux. Le but est de reconstruire la géométrie détaillée de l'arbre vasculaire dans des régions où un anévrisme a été détecté pour déterminer la topologie précise des interconnexions vasculaires dans cette zone sensible. La figure 4.19 (en haut) montre trois plans de coupes dans trois directions orthogonales de l'image angiographique tridimensionnelle. Dans la ligne centrale, quatre modèles cylindriques sont initialisés grossièrement autour des vaisseaux sanguins et un modèle sphérique est centré sur la lésion. Les modèles sont alors déformés dans l'image. Les modèles cylindriques sont soumis à des déformations locales avec une contrainte axiale. La ligne du bas de la figure 4.19 montre les cinq modèles après opérations topologiques pour relier les différentes composantes.

D'autres contraintes globales

On peut bien entendu imaginer différentes contraintes dépendantes de problèmes particuliers. L'analyse en composantes principales constitue par exemple un moyen de régulariser la surface en fonction d'une connaissance que l'on a des déformations probables d'un modèle. Un objet déformé en utilisant les modes de déformation de l'analyse en composantes principales ne peut exprimer que des formes qui sont définies comme une combinaison linéaire de ces modes. En introduisant des déformations locales, on peut imaginer des déformations plus souples de la surface pour segmenter des objets qui sont mal représentés par les modes de déformation connus.

4.5 Contrainte globale de forme

Dans le cadre des déformations locales à contrainte globale, la régularisation n'est plus assurée par les seules forces internes. Lorsque le paramètre de localité tend vers zéro, les forces internes ne jouent plus de rôle et c'est la transformation globale qui assure la régularité de la surface. Nous proposons alors une contrainte globale de forme permettant d'appliquer à la surface une force de rappel vers une forme de référence définie à une transformation globale près.

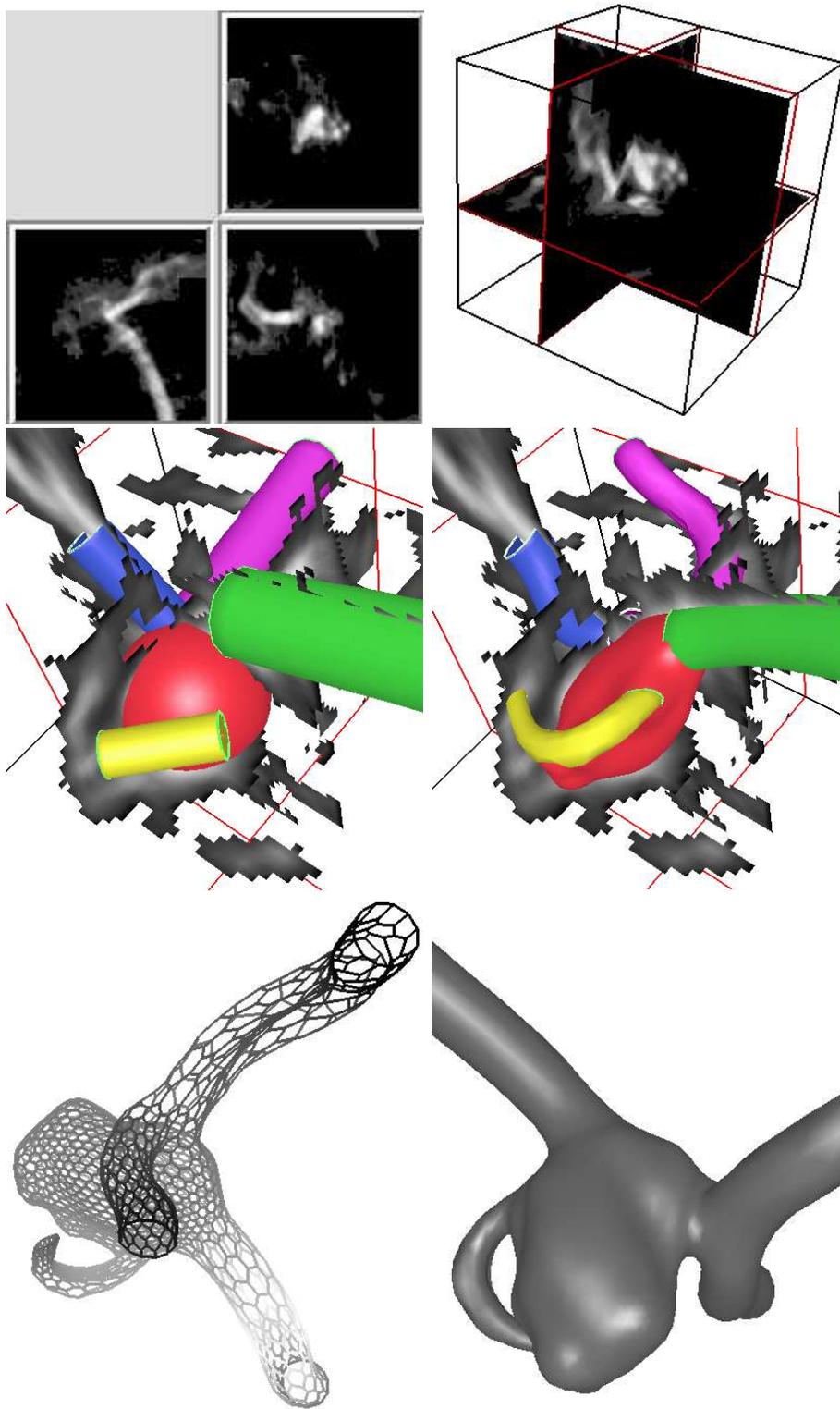


FIG. 4.19 – *Ligne du haut : image angiographique d'un anévrisme. Ligne centrale : modèles déformables initialisés dans l'image puis déformés. Ligne du bas : modèle résultant de l'anévrisme et des vaisseaux après opérations topologiques.*

Dans le cadre des déformations locales, les forces s'appliquant en un point s'expriment sous la forme :

$$f(\mathbf{p}_i) = \alpha(i)f_{\text{int}}(\mathbf{p}_i) + \beta(i)f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_i).$$

Les coefficients $\alpha(i)$ et $\beta(i)$ sont contraints d'appartenir aux intervalles $[0, \frac{1}{2}]$ et $[0, 1]$ respectivement pour assurer la stabilité du schéma numérique. Les forces internes et externes peuvent être d'amplitude très différente. Les forces internes sont très localisées puisque calculées en fonction des voisins de \mathbf{p}_i géométriquement très proches. Les forces externes en revanche sont homogènes à un déplacement vers des points de données qui peuvent être très éloignés. Il est possible de diminuer le coefficient $\beta(i)$ pour homogénéiser l'amplitude des forces internes et externes mais cela revient à diminuer le pas de temps du processus de déformation et peut provoquer un allongement considérable du temps de convergence du modèle.

En utilisant une force globale comme contrainte régularisante, il est encore possible d'exprimer une contrainte de forme. Soit \mathcal{M} un modèle déformable et \mathcal{M}' le modèle correspondant à la forme de référence (initialement, $\mathcal{M}^0 = \mathcal{M}'$). À chaque étape de déformation, on remplace le modèle \mathcal{M}^t par $\mathcal{M}^{t+\Delta t}$ dans l'estimation de la transformation globale. C'est à dire qu'on calcule la transformation T^t qui recale au mieux (au sens des moindres carrés) $\mathcal{M}^{t+\Delta t}$ sur l'ensemble des points $\{\mathbf{p}_i^{t+\Delta t} + \beta(i)f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_i^{t+\Delta t})\}_i$. \mathcal{M}' évolue selon la seule transformation globale :

$$\mathcal{M}^{t+\Delta t} = T^t(\mathcal{M}^t).$$

Par composition des transformations, si \mathbf{T}_{reg} est un groupe, $\mathcal{M}^{t+\Delta t}$ reste identique à $\mathcal{M}^0 = \mathcal{M}'$ à une transformation près. On applique aux sommets de $\mathcal{M}^{t+\Delta t}$ une force de forme qui provoque un rappel vers le maillage \mathcal{M}' :

$$f_{\text{forme}}(\mathbf{p}_i) = \alpha(i)\mathbf{p}_i\mathbf{p}_i^{t+\Delta t}.$$

La figure 4.20 illustre le processus de contrainte de forme globale. Un 1-maillage simplexe \mathcal{M} est dessiné en traits pleins et sa forme de référence \mathcal{M}' en tirets discontinus. Le maillage est soumis à un champ de forces externes qui induit un champ de forces sur \mathcal{M}' (en haut à gauche). Une transformation T , estimée à partir de ce champ de force (en haut à droite), permet de calculer la position de référence des sommets à une transformation près. Un terme de force est alors calculé qui tend à ramener le sommet $\mathbf{p}_i^{t+\Delta t}$ vers sa position de référence $\mathbf{p}_i^{t+\Delta t}$ (en bas).

Cette méthode présente l'avantage de définir la forme de référence non pas forcément à une similitude près (comme c'est le cas pour les contraintes internes de forme) mais à une transformation globale près qui peut appartenir à n'importe quel groupe de transformations. Le paramètre de localité permet de pondérer l'influence de la contrainte de forme.

La figure 4.21 montre un exemple de modèle de visage déformé qui retourne vers sa forme de référence sous l'action d'une contrainte de forme à une transformation affine près. L'avant dernière image montre le modèle après convergence (25 itérations) et la dernière image le modèle original. La forme finale correspond à la forme de référence à une transformation affine près et le visage déformé est plus large que le visage de référence.

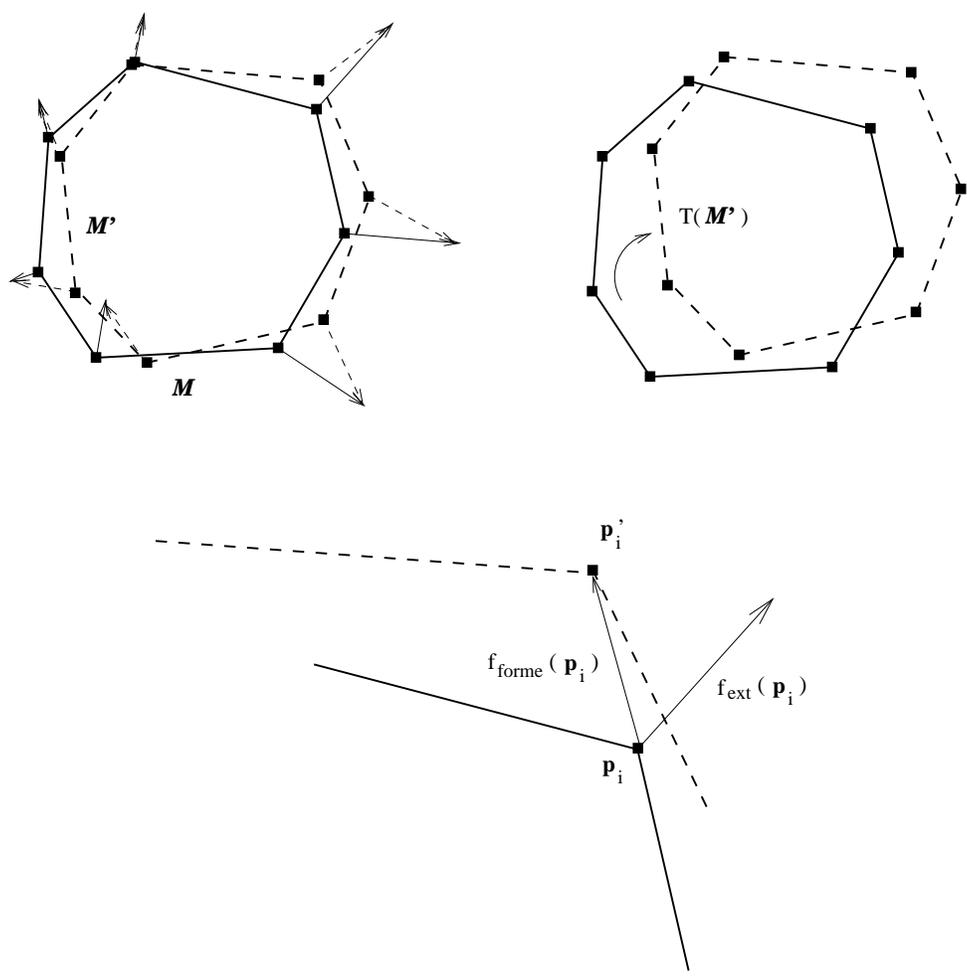


FIG. 4.20 – Calcul des forces de forme.

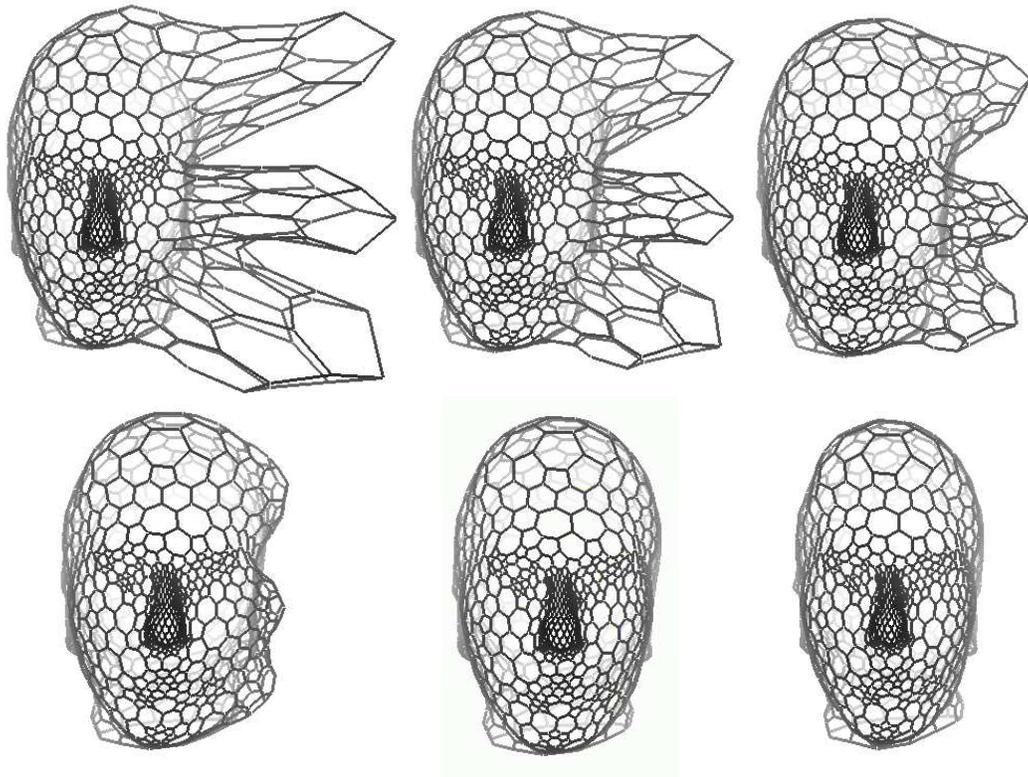


FIG. 4.21 – Convergence d'un modèle déformé vers sa forme de référence sous l'influence d'une contrainte affine de forme. De haut en bas, de gauche à droite, le modèle converge jusqu'à la vingt cinquième itération. L'image du bas à droite montre le modèle original.

Deuxième partie

APPLICATION AUX IMAGES
TRIDIMENSIONNELLES

Chapitre 5

Images tridimensionnelles

Nous étudions dans ce chapitre les principaux procédés d'acquisition des images tridimensionnelles et les particularités de ces images. Le contenu d'une image dépend du procédé physique permettant de quantifier le volume observé. La géométrie de l'image dépend du type de sonde utilisée pour l'acquisition. Nous étudions différentes géomé-

tries rencontrées en imagerie médicale. Nous proposons une extension des algorithmes de filtrage à des géométries quelconques (Montagnat et al., 1999). Ces filtres sont utilisés pour améliorer l'image ou calculer leurs caractéristiques différentielles. Nous étudions quelques algorithmes adaptés au prétraitement d'images médicales.

Les images 3D sont aujourd'hui très répandues, notamment dans le domaine médical où de nombreux appareils d'acquisition tridimensionnels existent. Dans ce chapitre, nous étudions les procédés d'acquisition d'images tridimensionnelles et nous nous intéressons aux caractéristiques de ces images.

5.1 Acquisition d'images tridimensionnelles

Les différents appareils d'acquisition d'images tridimensionnelles sont nombreux et permettent d'obtenir des informations différentes selon le procédé physique utilisé pour observer les tissus du corps humain. Certains procédés apportent une information anatomique (une carte du corps étudié) tandis que d'autres détectent la fonctionnalité des organes (une carte d'activité). Sans vouloir être exhaustifs, nous décrivons rapidement dans ce paragraphe les principales méthodes d'acquisition d'images 3D en mettant l'accent sur leurs spécificités. Une étude détaillée des différentes modalités d'acquisition est disponible dans (Acharya et al., 1995).

5.1.1 Images radiographiques

Historiquement, les images radiographiques, ou images par rayons-X, furent les premières images médicales. La capacité des rayons-X à traverser le corps humain fut mise en évidence peu après leur découverte par Roentgen qui réalisa la première radiographie à la fin du dix-neuvième siècle. Le procédé consiste à émettre un faisceau de rayons-X qui traverse le corps étudié et qui vient imprimer une matrice de détecteurs photo-sensibles (voir figure 5.1, à gauche). Les films photographiques utilisés à l'origine comme détecteurs sont parfois remplacés par des capteurs digitaux, fournissant une image numérique de résolution typique 1024×1024 pixels. De par leur conception, les procédés d'acquisition radiographiques mesurent la quantité de rayons-X parvenant sur les détecteurs et donc le coefficient d'absorption des rayons-X par les tissus traversés. Cette information est de nature purement anatomique. Les images radiographiques permettent d'obtenir une ou plusieurs projections bidimensionnelles du corps humain.



FIG. 5.1 – *Images radiographiques.*

La figure 5.1 montre deux exemples d'images radiographiques des mains et des poumons.

5.1.2 Images tomographiques par rayons-X

Comme les images radiographiques, les images tomographiques par rayons X, ou images scanner, utilisent des rayons-X et mesurent le coefficient d'absorption des rayons qui est une fonction de la densité des tissus humains. Ce procédé d'acquisition permet d'obtenir une succession de coupes parallèles formant un volume tridimensionnel. Chaque coupe (dans le plan (\mathbf{oxy})) est obtenue en réalisant une série d'acquisitions monodimensionnelles par rotation de la source de rayons-X autour du corps radiographié (voir figure 5.2 à gauche).

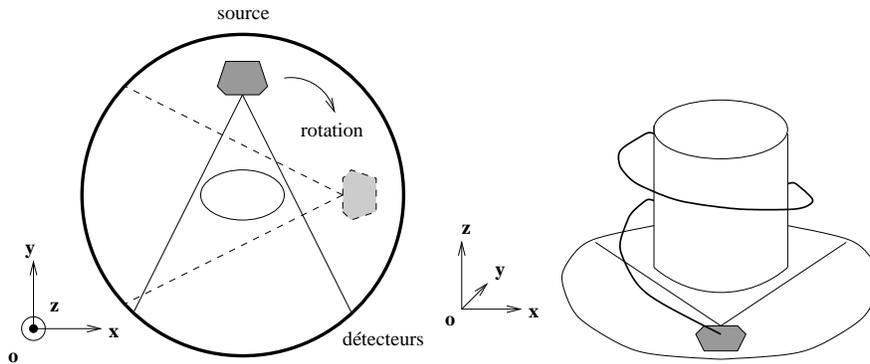


FIG. 5.2 – Acquisition des images scanner. Tomographie (à gauche) et scanner hélicoïdal (à droite).

La transformée inverse de Radon ou le théorème du profil central de la transformée de Fourier permettent de reconstruire un plan à partir de l'ensemble de ses projections monodimensionnelles. On parle de tomographie axiale transverse. En théorie, une infinité de projections est nécessaire à la reconstruction du plan. En pratique, on reconstruit une grille discrète de pixels pour laquelle un nombre fini de projections est suffisant. En faisant avancer la source et les détecteurs selon l'axe (\mathbf{oz}) et en réalisant une nouvelle acquisition, on construit une image 3D plan par plan. La figure 5.3 montre quelques coupes tomographiques abdominales (du bas vers le haut de l'abdomen) et l'image 3D correspondante. Seuls trois plans de l'image 3D sont visualisés dans trois directions orthogonales. Deux des plans sont reconstruits par l'empilement de coupes tomographiques.

En raison du procédé d'acquisition coupe par coupe des images scanner, elles présentent une résolution différente dans le plan (\mathbf{oxy}) et sur l'axe (\mathbf{oz}) . Un volume scanner possède typiquement une définition de l'ordre de $512 \times 512 \times 128$ voxels pour une résolution de $0,5 \times 0,5 \times 1$ millimètres. L'image est donc en général anisotrope. Il existe également des scanners hélicoïdaux pour lesquels le déplacement de la source se fait simultanément dans le plan (\mathbf{oxy}) et selon l'axe (\mathbf{oz}) , en hélice (voir figure 5.2 à droite).

Les scanners hélicoïdaux permettent l'acquisition plus rapide du volume de l'image au détriment de la qualité puisqu'une interpolation plus importante est nécessaire à la reconstruction des coupes. Le temps d'acquisition au scanner hélicoïdal d'un volume correspondant à une centaine de plans sur une quinzaine de centimètres est de l'ordre de 30 secondes contre quelques minutes pour les

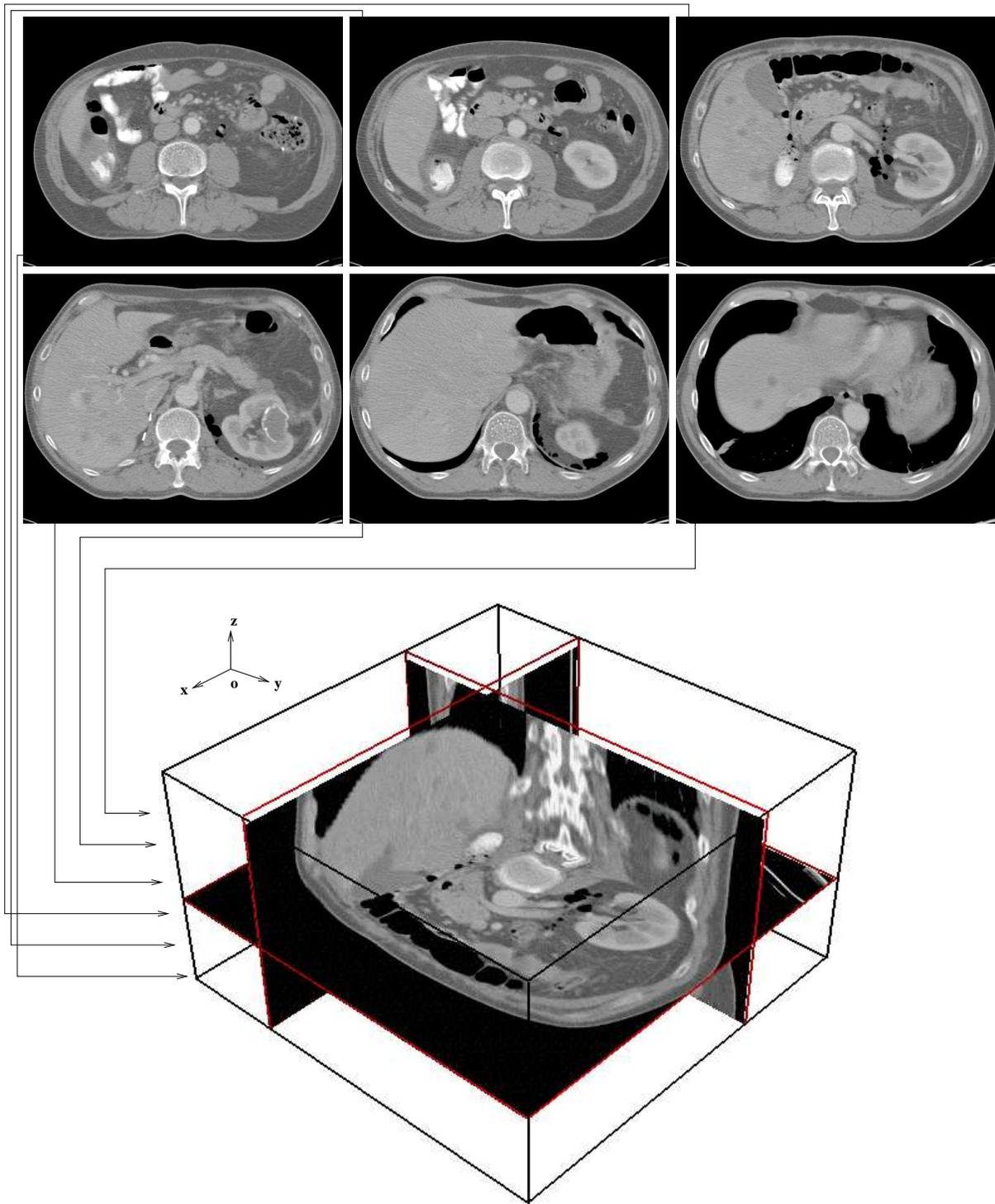


FIG. 5.3 – Coupes scanner de l'abdomen et image tridimensionnelle reconstruite.

scanners classiques. Les dernières générations de scanners (*multiarray*) permettent de réduire encore sensiblement ce temps. Enfin, le DSR¹ développé à la Mayo Clinic² (Robb et al., 1979) et le morphomètre de General Electric³ sont deux prototypes de scanners capables de réaliser l'acquisition de volumes complets. Ils ont été utilisés pour l'acquisition d'images cardiaques.

En imagerie médicale, la capacité d'absorption des rayons-X de chaque tissu du corps humain est constante. Il est dès lors facile d'identifier chaque tissu en fonction de l'intensité à laquelle il correspond dans l'image. L'échelle absolue des niveaux d'intensité mesurée par un scanner est graduée en unité *Hounsfield* du nom de l'inventeur de l'appareil. La fenêtre Hounsfield (fenêtre de sensibilité des rayons détectés) est adaptée selon le type de tissus étudiés. Cependant, plusieurs tissus différents peuvent avoir la même capacité d'absorption des rayons-X et de nombreux artefacts (effets de masse, etc) rendent les tissus plus ou moins homogènes. Le problème de la segmentation dans des images scanners est donc loin de se réduire à un seuillage sur l'intensité.

En radiographie ou en tomographie par rayons-X, des substances radio-opaques peuvent être injectées dans le corps pour améliorer la visualisation de certains organes. Les produits de contraste sont utilisés pour la réalisation d'angiographies. Deux images sont acquise avec et sans réhaussement du contraste. Par soustraction des deux images on met en évidence les structures atteintes par le produit de contraste. L'utilisation de produit de contraste fausse l'échelle Hounsfield. La figure 5.4 montre deux images angiographiques par rayons-X.

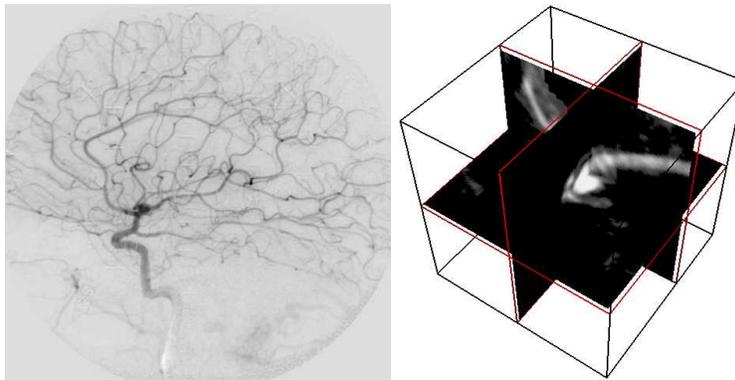


FIG. 5.4 – Angiographie radiographique (à gauche) et angioscanner (à droite).

5.1.3 Images par résonance magnétique

L'imagerie par résonance magnétique, ou IRM, exploite le phénomène de résonance des noyaux atomiques et en particulier du noyau d'hydrogène. Un noyau atomique possède un moment magnétique μ relié au moment cinétique (ou spin) σ par le rapport gyromagnétique γ : $\mu = \gamma\sigma$. Pour les noyaux d'hydrogène (protons), $\gamma = 42,58\text{MHz.T}^{-1}$. Le corps étudié en IRM est plongé dans

1. Dynamic Spatial Reconstructor
2. <http://www.mayo.edu/>
3. <http://www.ge.com/>

un champ magnétique intense B . L'énergie des noyaux d'hydrogène est quantifiée. Sous l'action du champ magnétique B , leur moment cinétique s'oriente soit parallèlement à B (état de spin $+\frac{1}{2}$), soit anti-parallèlement (état de spin $-\frac{1}{2}$) à ce champ. La différence d'énergie entre les deux états est proportionnelle à l'intensité du champ B :

$$\Delta E = \frac{\gamma h}{2\pi} \|B\|,$$

où h est la constante de Planck. D'après la loi de Boltzmann, le rapport entre le nombre d'atomes dans chaque état en fonction de la température T est :

$$r = e^{\frac{\Delta E}{kT}},$$

où k est la constante de Boltzmann. Pour $T = 300K$ et $\|B\| = 1$ Tesla, par exemple, $r = 1 + 10^{-6}$ seulement, d'où la nécessité d'utiliser des champs magnétiques intenses (de 0,5 à 3 Tesla en pratique). La différence entre le nombre de noyaux dans chaque état crée une aimantation macroscopique M parallèle à B . L'état de spin $+\frac{1}{2}$ étant plus stable, M est orientée dans la même direction que B . Le moment magnétique des noyaux est soumis à un mouvement de précession autour de l'axe du champ magnétique B à la fréquence $f = \frac{\Delta E}{h}$ (fréquence de Larmor) comme illustré dans la figure 5.5, à gauche. L'aimantation macroscopique est de trop faible amplitude pour une observation directe. Il est donc nécessaire d'utiliser une méthode indirecte par résonance magnétique.

Une excitation sous forme d'onde radio-fréquence émise en train d'ondes pulsées à la fréquence de Larmor fait entrer les atomes en résonance : ils absorbent de l'énergie en passant de l'état plus stable (spin $+\frac{1}{2}$) à l'état moins stable (spin $-\frac{1}{2}$). Cette perturbation fait basculer M d'un angle θ par rapport à sa position d'équilibre. La composante transversale de M induit une force électromotrice dans une bobine réceptrice dont l'axe est perpendiculaire à B et à l'axe de la bobine d'excitation. Lorsque l'excitation cesse, l'énergie absorbée par les atomes qui retournent à l'équilibre est restituée sous forme d'une onde radio-fréquence dont l'amplitude est proportionnelle au nombre de noyaux excités. C'est pendant ce retour à l'équilibre, ou relaxation, que le signal de résonance magnétique (une sinusoïdale amortie) est mesuré. Les relaxations de la composante longitudinale μ_z et de la composante transversale μ_{xy} du moment magnétique des atomes suivent deux lois exponentielles de constante de temps T_1 et T_2 respectivement. Les valeurs de T_1 et T_2 sont liées aux atomes considérés mais aussi à leur entourage immédiat. Elle dépendent donc des tissus observés. D'une manière générale, T_1 s'élève à quelques centaines de millisecondes et T_2 à quelques dizaines.

La fréquence de l'onde excitatrice étant directement proportionnelle à l'intensité de B , la détection spatiale est réalisée en modifiant localement l'intensité du champ magnétique. En appliquant un gradient magnétique dans une direction, par exemple (\mathbf{oz}) (figure 5.5, droite), tous les atomes d'un plan orthogonal à (\mathbf{oz}) vont résonner à la même fréquence caractéristique. On sélectionne ainsi une tranche du volume observé. Notons que l'orientation du gradient magnétique permet de sélectionner des tranches dans n'importe quelle direction de l'espace. La lecture de la position à l'intérieur de la tranche est réalisée en appliquant deux gradients de champ magnétique dans les deux directions orthogonales (\mathbf{ox}) et (\mathbf{oy}) avant et pendant la lecture de l'écho respectivement.

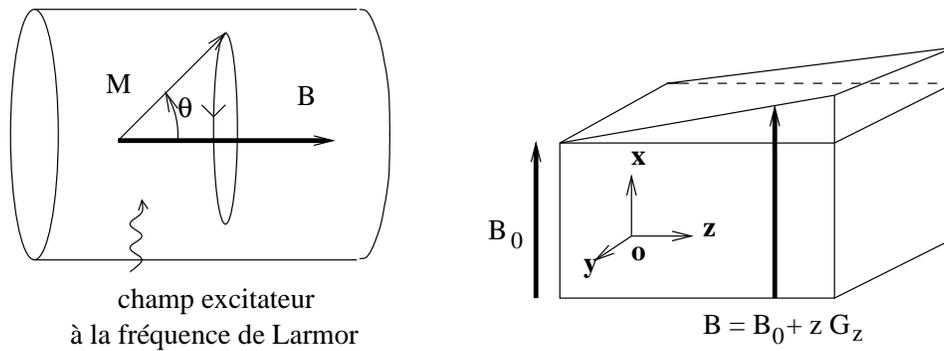


FIG. 5.5 – Procédé d'acquisition par résonance magnétique.

L'imagerie par résonance magnétique permet de détecter une densité de noyaux d'hydrogène et en particulier des molécules d'eau du corps humain riches en hydrogène. Elle fournit donc une information anatomique mais celle-ci est différente de l'acquisition par rayons-X qui privilégie les tissus denses comme les os. L'IRM est particulièrement utilisée pour l'étude du cerveau (voir figure 5.6). Une IRM possède une définition typique de $256 \times 256 \times 128$ voxels pour une résolution de l'ordre de $1 \times 1 \times 1,5$ millimètres. Des micro-IRM, utilisant des champs magnétiques particulièrement intenses (aujourd'hui de 4 à 7 Tesla), permettent la visualisation de structures très détaillées.

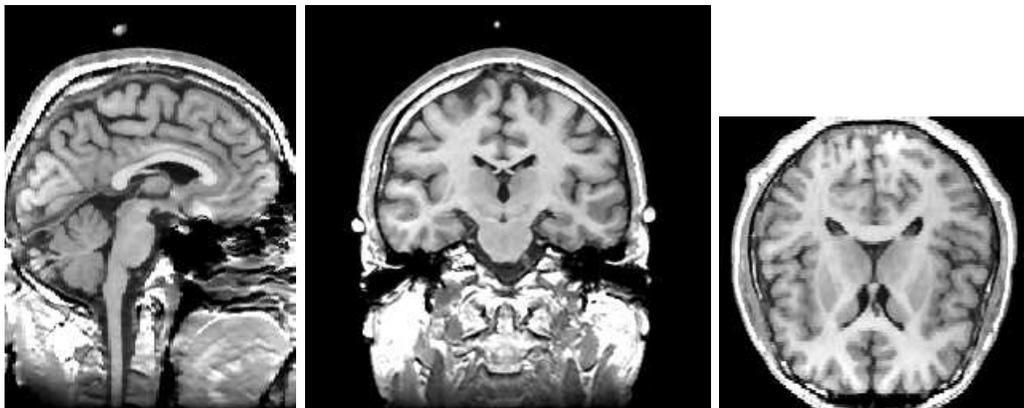


FIG. 5.6 – Trois coupes orthogonales d'une image par résonance magnétique cérébrale.

Dans les images IRM, des tissus de nature différentes provoquent des hétérogénéités de champ magnétique qui se traduisent par une délocalisation spatiale des structures. Certaines antennes d'acquisition IRM pour lesquelles le champ magnétique n'est pas uniforme introduisent en outre un biais dans l'espace. Ces perturbations peuvent être identifiées et dans une certaine mesure compensées dans l'image (Styner et Gerig, 1997; Guillemaud et Brady, 1997; Brechbühler et al., 1996; Gilles et al., 1996; Guillemaud et Brady, 1996).

L'IRM marquée est un procédé d'acquisition particulier utilisé pour l'étude du mouvement cardiaque. Il consiste à envoyer juste avant l'acquisition une onde excitatrice dans des plans déterminés. Cette onde inverse le moment magnétique de certains atomes. Ces atomes saturés donneront lors

de la mesure du signal de résonance magnétique une réponse différente des autres atomes et apparaîtrons dans l'image produite comme des bandes sombres. Ce marquage magnétique présente l'intérêt de rester accroché aux tissus et de suivre leurs mouvements. La persistance du marquage est néanmoins de courte durée (environ 400 millisecondes) ce qui ne rend possible que l'étude de demi cycles cardiaques.

5.1.4 Images ultrasonores

L'imagerie ultrasonore, ou échographie en mode B, a été inspirée des sonars. Le principe consiste à émettre une onde ultrasonore à travers le corps humain. L'onde se propage dans les milieux homogènes que constituent chaque tissu mais elle est partiellement réfléchi à l'interface entre les tissus. La détection du temps mis par le rayon réfléchi pour revenir à la sonde permet d'estimer la profondeur des interfaces connaissant la vitesse moyenne de propagation des ultrasons à travers le corps humain. Les ondes ultrasonores sont produites par des céramiques piézo-électriques vibrant sous l'action d'une tension alternative appliquée à leurs bornes. Réciproquement, à la réception, ces mêmes céramiques permettent de transformer l'onde ultrasonore incidente en courant électrique (voir figure 5.7). Des fréquences de 3 à 30 MHz sont aujourd'hui utilisées en médecine.

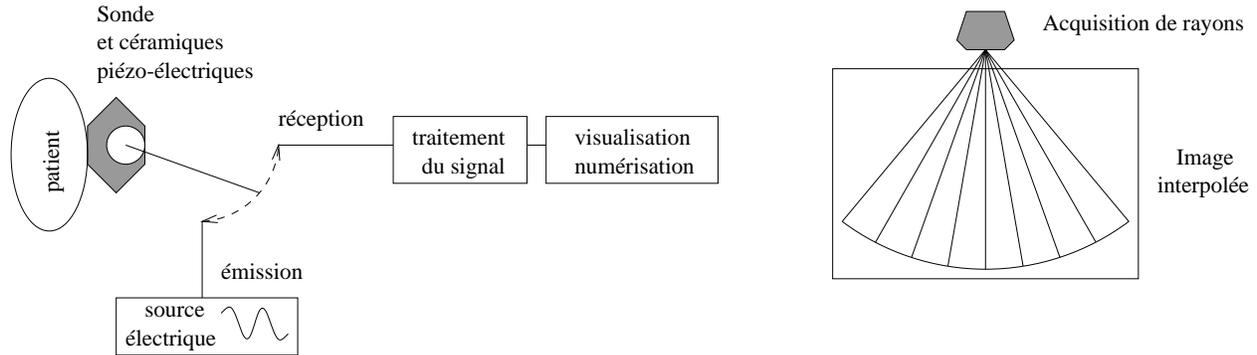


FIG. 5.7 – *Système d'acquisition d'images ultrasonores.*

Pour construire une image 2D, plusieurs rayons sont acquis par la sonde dans des directions différentes et l'image résultante est interpolée. L'acquisition d'images ultrasonores est peu coûteuse et d'une innocuité totale. Cependant, les images obtenues présentent un phénomène de *speckle* (ou scintillement) provoqué par des phénomènes d'interférences des ondes diffusées à travers les tissus traversés. En outre le traitement et la numérisation de l'onde introduisent un bruit dans l'image. L'atténuation des rayons ultrasonores dans le corps rend difficile la perception d'organes profonds. Les os et l'air (des poumons) sont particulièrement opaques aux ultrasons et peuvent provoquer des occultations dans l'image. La figure 5.8 montre deux exemples d'images ultrasonores de la vésicule biliaire et du cœur. La rapidité d'acquisition des images ultrasonores les rend adaptées à l'étude cardiaque.

Des produits de contraste sous forme de micro-bulles d'air enfermées dans des sucres permettent d'améliorer certaines images, des vaisseaux sanguins et des cavités cardiaques en particulier.

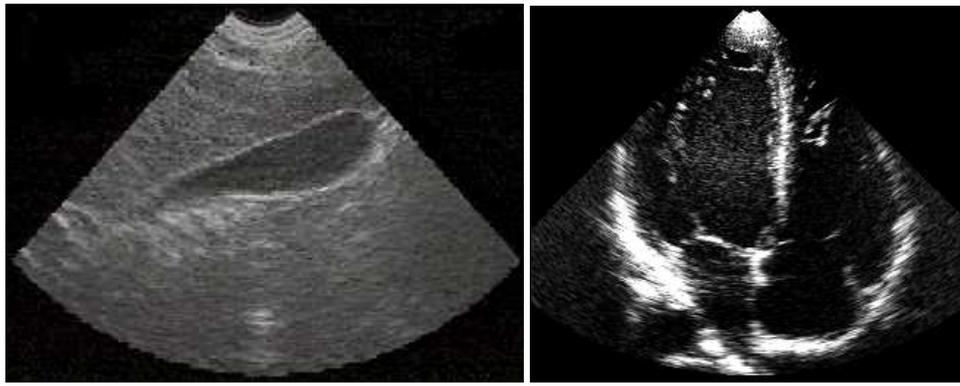


FIG. 5.8 – Exemples d’images ultrasonores de la vésicule (à gauche) et du cœur (à droite).

De plus en plus de systèmes d’acquisition d’images tridimensionnelles ultrasonores sont aujourd’hui en développement. Ils sont fondés sur l’acquisition de plusieurs plans pour constituer un volume. Le mouvement de la sonde est contrôlé mécaniquement ou électroniquement pour réaliser des acquisitions de plans géométriquement bien définis dans l’espace, ou bien la sonde est déplacée manuellement. Le mouvement d’une sonde manuelle doit être suivi à l’aide de détecteurs de position pour restituer la géométrie de l’image. Cette dernière approche présente l’inconvénient de fournir des plans irrégulièrement distribués dans l’espace avec, potentiellement, des zones où aucune information n’est disponible. La figure 5.9 montre quelques sondes motorisées et les plans acquis en fonction du mouvement de la sonde.

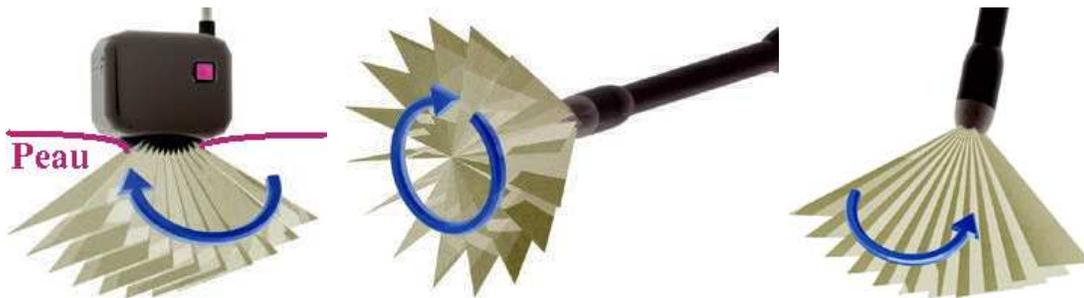


FIG. 5.9 – Sondes ultrasonores tridimensionnelles motorisées.

5.1.5 Images isotopiques

Les images de médecine nucléaire sont fondées sur l’acquisition du rayonnement émis par un isotope radioactif injecté dans le corps. La médecine nucléaire fournit une information purement fonctionnelle. On distingue la tomographie par émission de positons (TEP ou PET en anglais) et la tomographie par émission monophotonique (TEMP ou SPECT en anglais).

La tomographie par émission de positons utilise des isotopes produisant des positons lors de leur désintégration. Un isotope instable (par exemple O^{15} , C^{11} , N^{13} ou F^{18}) est attaché à une molécule

physiologique (par exemple H_2O^{15} ou $F^{18}DG$, fluoro-désoxyglucose) choisie pour la fonctionnalité qu'elle remplit dans le corps humain. Chaque positon rencontre, après un parcours de l'ordre de quelques millimètres, un électron au contact duquel les deux particules s'annihilent en produisant deux photons gamma (511 keV) dans des directions opposées. La détection des deux photons par un paire de détecteurs permet de déterminer les annihilations. La connaissance de la loi de décroissance radioactive de l'isotope est utilisée pour estimer la quantité de désintégrations et donc la concentration de la substance radioactive en fonction du rayonnement perçu. La reconstruction de l'image 3D est réalisée, comme pour les images scanner, par tomographie axiale transverse. Ce procédé ne permet pas d'obtenir une résolution inférieure à quelques millimètres à cause de la distance parcourue par les positons avant annihilation.

La tomographie par émission monophotonique produit directement des photons gamma par décomposition d'un isotope. Elle nécessite l'utilisation d'isotopes qui n'entrent pas dans la constitution des molécules physiologiques (par exemple Tc^{99} , Tl^{201} ou In^{111}). Les détecteurs de rayons gamma sont composés d'un cristal couplé à un photo-multiplicateur devant lequel un collimateur filtre les impacts provenant de directions non orthogonales au cristal. La résolution de ce type d'image est de l'ordre de plusieurs millimètres.

La figure 5.10 montre deux exemples d'images de tomographie monophotonique (en haut) et de tomographie par émission de positons (en bas). Dans l'image du haut, trois coupes dans les directions quatre cavités, grand axe et petit axe du cœur (de gauche à droite) représentent la perfusion du myocarde du ventricule gauche. Dans l'image du bas, deux coupes coronales de la tête montrent l'activité cérébrale. Dans les deux cas, seule une intensité est détectée en chaque voxel de l'image. L'échelle de fausses couleurs est créée de manière artificielle pour améliorer la visualisation.

5.2 Géométrie des images

Tous les procédés d'acquisition que nous avons décrits ont en commun de restituer un signal sous forme d'une intensité lumineuse en un nombre fini de points de l'espace. Par la suite, nous noterons $\Gamma \subset \mathbb{R}^3$ la grille discrète des points sur lesquels est échantillonnée l'image. En chaque point, la fonction image I associe une valeur d'intensité, ou niveau de gris, dans l'ensemble discrétisé $G = [g_0, g_h]$.

$$\begin{aligned} I &: \Gamma \subset \mathbb{R}^3 &\rightarrow G \\ \mathbf{v} &&\mapsto I(\mathbf{v}). \end{aligned}$$

5.2.1 Les géométries rencontrées en imagerie médicale

La majorité des images 3D produites actuellement sont échantillonnées selon un grille régulière de voxels parallélépipédiques. Nous parlerons alors d'images en géométrie Cartésienne. Nous avons vu que les sondes échographiques tridimensionnelles produisent en général des images qui sont échantillonnées selon d'autres géométries. Nous nous intéresserons en particulier aux géométries cylindriques et coniques car nous avons été amenés à travailler sur des images du cœur de ce type.

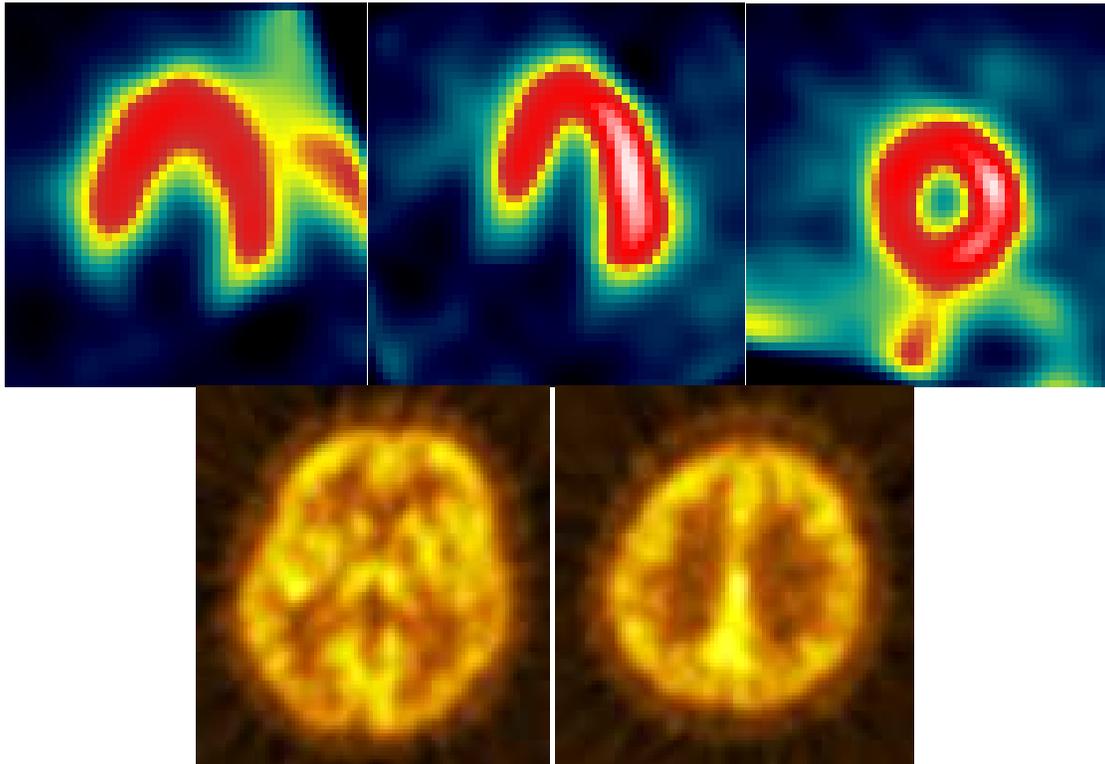


FIG. 5.10 – Ligne du haut: image de tomographie monophotonique de la perfusion myocardique du ventricule gauche. Ligne du bas: image de tomographie par émission de positons de l'activité cérébrale.

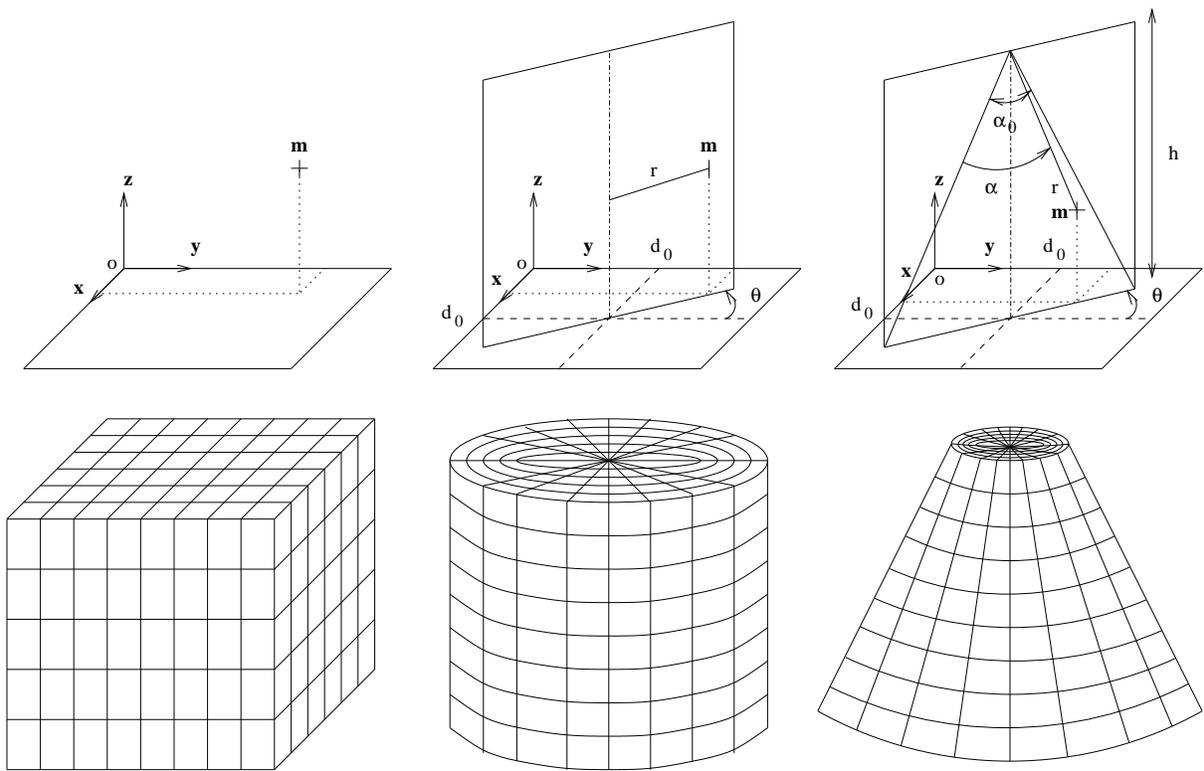


FIG. 5.11 – Les trois géométries étudiées des images tridimensionnelles. Géométrie classique Cartésienne (à gauche), géométrie cylindrique (au centre) et géométrie conique (à droite).

Géométrie Cartésienne

Le cas le plus fréquemment rencontré est celui des images Cartésiennes échantillonnées selon une grille parallélépipédique (voir figure 5.11, à gauche). De nombreux algorithmes ont été développés pour le traitement des images Cartésiennes. L'échantillonnage Cartésien est en général le résultat d'une interpolation de l'algorithme de reconstruction de l'image.

Les voxels d'une image Cartésienne sont des parallélépipèdes. Comme indiqué dans le chapitre 5.1, les voxels ont en général la même dimension selon les axes x et y mais une dimension supérieure dans la direction z orthogonale aux plans d'acquisition. Cet héritage des images 2D peut pénaliser les algorithmes traitant l'image en prenant en compte leur nature tridimensionnelle.

Géométrie cylindrique

Les sondes ultrasonores à tête rotative produisent des images dans une géométrie conique. La sonde réalise l'acquisition d'une série de plans partageant un axe central de rotation. Dans chaque plan, une série de rayons avec un décalage angulaire constant est acquise. Les rayons sont en général interpolés dans chaque plan afin de faciliter la visualisation. L'image est alors définie dans une géométrie cylindrique : chaque point est défini par un angle θ (l'angle du plan auquel il appartient), une distance r à l'axe central et une élévation z (voir figure 5.11, centre).

La figure 5.12 montre les plans d'une image ultrasonore du cœur échantillonnée selon une géométrie cylindrique.

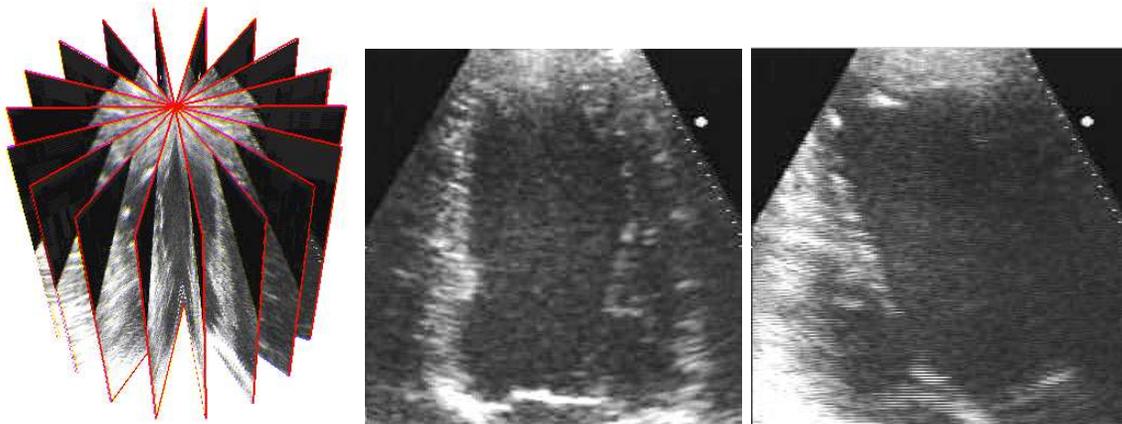


FIG. 5.12 – Image ultrasonore du cœur en géométrie cylindrique. Vue tridimensionnelle (à gauche) et deux plans à $\theta = 0^\circ$ (au centre) et $\theta = 90^\circ$ (à droite).

Les images en géométrie cylindrique disposent d'une information très riche, même redondante, au centre, tandis que la quantité d'information décroît en fonction de la distance à l'axe. À la périphérie, les données disponibles sont très lacunaires si l'angle d'acquisition n'est pas extrêmement faible. Les formules de transformation de la géométrie cylindrique vers la géométrie Cartésienne sont :

$$\begin{cases} x = d_0 - r \sin \theta \\ y = d_0 + r \cos \theta \\ z = z. \end{cases} \quad (5.1)$$

Géométrie conique

Si la géométrie cylindrique présente un avantage certain pour la visualisation, il peut s'avérer préférable dans certains cas de travailler directement dans la géométrie conique originale afin de ne pas utiliser de données interpolées. En géométrie conique un point est déterminé par sa distance r à la sonde, l'angle α du rayon auquel il appartient et l'angle θ du plan de ce rayon (voir figure 5.11, à droite).

La figure 5.13 montre deux coupes orthogonales d'une image ultrasonore cardiaque dans sa géométrie conique originale. Ces données ne sont pas lisibles pour un opérateur humain.

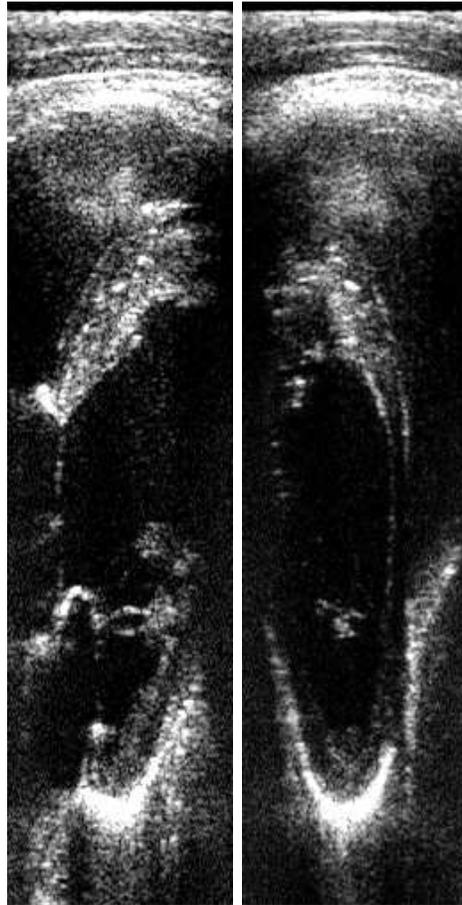


FIG. 5.13 – Image ultrasonore du cœur en géométrie conique. Deux plans à $\theta = 0^\circ$ (à gauche) et $\theta = 90^\circ$ (à droite). La sonde est située en haut de l'image.

La densité de données en géométrie conique décroît en fonction de la distance à la sonde. Les formules de changement de coordonnées de la géométrie conique à la géométrie Cartésienne avec les conventions de la figure 5.11 (droite) sont :

$$\begin{cases} x = d_0 - r \sin\left(\alpha - \frac{\alpha_0}{2}\right) \sin \theta \\ y = d_0 + r \sin\left(\alpha - \frac{\alpha_0}{2}\right) \cos \theta \\ z = h - r \cos\left(\alpha - \frac{\alpha}{2}\right). \end{cases}$$

5.2.2 Conversion en géométrie Cartésienne

Du fait du procédé physique d'acquisition et de la discrétisation, l'intensité lumineuse en tout point d'une image 3D correspond à la moyenne d'un signal physique sur une certaine région de l'espace. On associe l'intensité à la mesure physique réalisée au centre de chaque voxel. Le rééchantillonnage consiste à déterminer les intensités de l'image en de nouveaux points en fonction des valeurs connues. Il peut permettre de compléter une information lacunaire dans certaines zones ou au contraire de déterminer une valeur moyenne sur une région de l'espace.

Certains appareils d'acquisition d'images tridimensionnelles produisent des images échantillonnées sur une grille non rectangulaire. Même les images échantillonnées en géométrie Cartésienne présentent en général une anisotropie dans la direction normale aux plans de coupe. De nombreux algorithmes ne traitent que les images en géométrie Cartésienne. L'anisotropie peut se révéler pénalisante pour un algorithme qui traite l'information comme un véritable volume régulier. Le rééchantillonnage permet de s'affranchir de ces deux difficultés, en rééchantillonnant une géométrie non Cartésienne sur une grille rectangulaire ou en produisant des plans «manquant» dans l'image Cartésienne pour la rendre isotrope. L'idée la plus simple à mettre en œuvre consiste à déterminer l'intensité d'un point de l'espace par interpolation trilineaire de ses huit plus proches voisins. Dans certaines situations, un voxel de l'image rééchantillonnée peut correspondre à plusieurs voxels de l'image originale. Il est alors nécessaire de calculer la moyenne des intensités concernées. La figure 5.14, à gauche, illustre le rééchantillonnage d'une image cylindrique en géométrie cartésienne. L'image est simultanément sous- et sur-échantillonnée en fonction de la distance des voxels à l'axe.

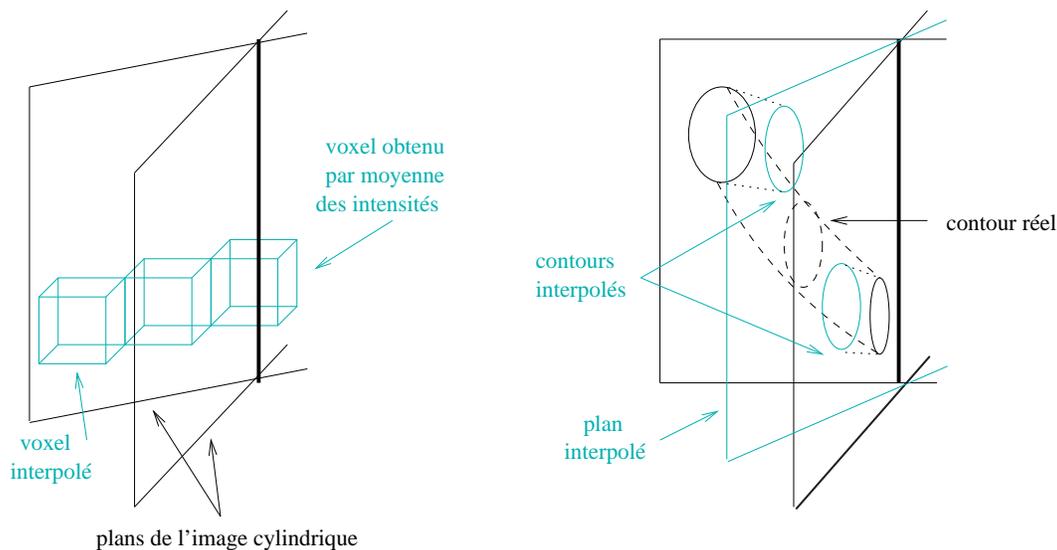


FIG. 5.14 – Interpolation des plans d'une image anisotrope (à gauche) et problème lié à l'interpolation linéaire (à droite).

Cependant cette méthode présente des limitations si l'anisotropie est trop importante, comme l'illustre la figure 5.14 à droite. La discontinuité d'un objet peut provoquer par rééchantillonnage

une double réponse dans le plan interpolé. Le rééchantillonnage d'une image présentant une trop forte disparité spatiale et un niveau de bruit élevé est inexploitable, comme l'illustre la figure 5.15 qui montre une image rééchantillonnée sur une grille Cartésienne à partir d'une image en géométrie cylindrique avec une résolution angulaire de 20° .

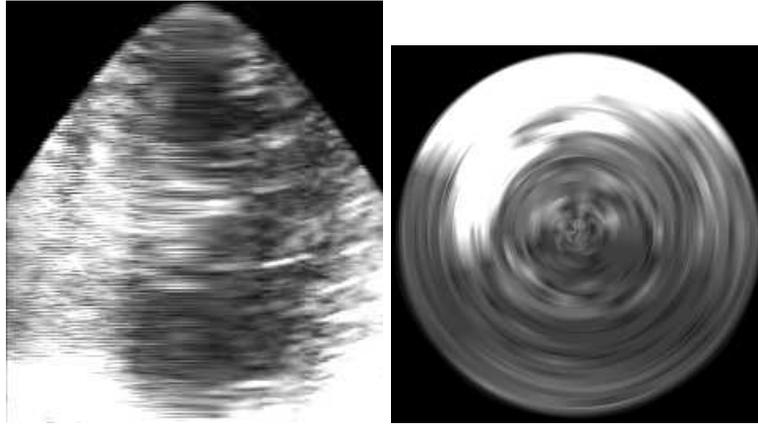


FIG. 5.15 – Deux coupes orthogonales d'une image ultrasonore cylindrique rééchantillonnée dans une géométrie Cartésienne.

Pour éviter ce phénomène, certaines techniques d'interpolation prennent en compte la forme des objets (Treece et al., 1999; Treece et al., 1998; Grevera et Udupa, 1996). Nous préférons dans le cas qui nous intéresse reposer sur le modèle déformable pour apporter cette information de continuité entre les coupes en profitant de la forme *a priori* de la surface.

5.2.3 Filtrage en géométrie non Cartésienne

La convolution d'une image par un filtre est une opération classique qui permet de lisser l'image ou d'en extraire des caractéristiques différentielles. Deux méthodes sont souvent utilisées : les masques discrets pour leur simplicité et les filtres récursifs (Shen et Castan, 1986; Deriche, 1987) pour leur efficacité. Ces deux approches ne sont pourtant adaptées qu'au traitement d'images en géométrie Cartésienne. Nous proposons ici une extension des masques de convolution à d'autres géométries (Montagnat et al., 1999).

Masques discrets Cartésiens

L'opération de convolution d'une image I par un filtre f s'exprime au point \mathbf{v} de l'espace par :

$$(I \otimes f)(\mathbf{v}) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} f(\mathbf{v}_x - x, \mathbf{v}_y - y, \mathbf{v}_z - z) I(x, y, z) dx dy dz. \quad (5.2)$$

Elle peut être discrétisée et approchée par une somme finie de termes :

$$(I \otimes f)(\mathbf{v}) = \sum_{x=\mathbf{v}_x-\delta x}^{\mathbf{v}_x+\delta x} \sum_{y=\mathbf{v}_y-\delta y}^{\mathbf{v}_y+\delta y} \sum_{z=\mathbf{v}_z-\delta z}^{\mathbf{v}_z+\delta z} f(\mathbf{v}_x - x, \mathbf{v}_y - y, \mathbf{v}_z - z) I(x, y, z).$$

Cette opération correspond à la convolution discrète de chaque voxel de l'image par une matrice 3D de dimensions $(2\delta x + 1) \times (2\delta y + 1) \times (2\delta z + 1)$.

La matrice de convolution doit vérifier les propriétés suivantes pour réaliser une opération conforme sur l'image :

- *Neutralité.* La convolution de toute valeur de l'espace des niveaux de gris de l'image G par la matrice de filtre est un élément de G .
- *Normalisation.* La somme des termes d'un filtre de dérivation est nulle. La somme des termes d'un filtre de lissage est égale à 1. Le filtre n'introduit ainsi pas de biais dans l'image.

Les filtres les plus utilisés sont les filtres monodimensionnels séparables. Un filtre est séparable si il peut être décomposé en plusieurs filtres de dimension inférieurs appliqués à l'image les uns après les autres. L'utilisation de filtres de plus faibles dimensions réduit considérablement la complexité algorithmique du filtrage.

Cette approche est adaptée aux images de géométrie Cartésienne pour lesquelles les voxels sont répartis selon une grille régulière mais il est possible de l'adapter au cas non Cartésien.

Masques discrets en géométrie non cartésienne

Les opérateurs classiques de convolution peuvent s'appliquer sur une image de géométrie quelconque après son rééchantillonnage en géométrie Cartésienne. Cependant, la réponse d'un opérateur à des valeurs d'intensité délocalisées ou erronées par le rééchantillonnage rend souvent le résultat inutilisable (voir figure 5.15). Il est aussi possible, dans certains cas, d'appliquer des opérateurs bidimensionnels. En géométrie cylindrique par exemple, un opérateur bidimensionnel permet de traiter chaque plan. Cependant, cette approche ne prend pas en compte l'information qu'apporte la troisième dimension et réduit sensiblement les capacités du filtrage.

Nous proposons de calculer un vecteur de gradient tridimensionnel pour chaque voxel de l'image. Une approche similaire en deux dimensions a été proposée dans (Herlin et Ayache, 1992). Soit \mathbf{v} un point de l'espace Euclidien de coordonnées Cartésiennes $(\mathbf{v}_x, \mathbf{v}_y, \mathbf{v}_z)$ et I une image. Dans une géométrie non Cartésienne, les coordonnées $(\mathbf{v}_a, \mathbf{v}_b, \mathbf{v}_c)$ de \mathbf{v} vérifient les relations :

$$\begin{cases} \mathbf{v}_x = C_x(\mathbf{v}_a, \mathbf{v}_b, \mathbf{v}_c) \\ \mathbf{v}_y = C_y(\mathbf{v}_a, \mathbf{v}_b, \mathbf{v}_c) \\ \mathbf{v}_z = C_z(\mathbf{v}_a, \mathbf{v}_b, \mathbf{v}_c), \end{cases}$$

où C_x , C_y et C_z sont trois fonctions de changement de coordonnées.

L'équation 5.2 de convolution de l'image par un filtre f s'exprime par changement de système de coordonnées :

$$(I \otimes f)(\mathbf{v}) = \int \int \int f(\mathbf{v}_x - C_x(a, b, c), \mathbf{v}_y - C_y(a, b, c), \mathbf{v}_z - C_z(a, b, c)) I(a, b, c) |J| da db dc$$

où J est la matrice Jacobienne de changement de coordonnées :

$$J = \begin{pmatrix} \frac{\partial C_x}{\partial a} & \frac{\partial C_x}{\partial b} & \frac{\partial C_x}{\partial c} \\ \frac{\partial C_y}{\partial a} & \frac{\partial C_y}{\partial b} & \frac{\partial C_y}{\partial c} \\ \frac{\partial C_z}{\partial a} & \frac{\partial C_z}{\partial b} & \frac{\partial C_z}{\partial c} \end{pmatrix}.$$

Dans le cas de la géométrie cylindrique par exemple, les relations C_x , C_y et C_z sont définies par l'équation 5.1, $|J| = r$ et l'équation de convolution devient :

$$(I \otimes f)(\mathbf{v}) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_0^{2\pi} \int_0^{\infty} r f(\mathbf{v}_x - x_0 + r \sin(\theta), \mathbf{v}_y - x_0 - r \cos(\theta), \mathbf{v}_z - z) I(r, \theta, z) dr d\theta dz$$

Dans le cas conique, $|J| = -r^2 \sin(\alpha - \frac{\alpha_0}{2})$.

Après discrétisation :

$$(I \otimes f)(\mathbf{v}) = \sum_{x=\mathbf{v}_x-\delta x}^{\mathbf{v}_x+\delta x} \sum_{y=\mathbf{v}_y-\delta y}^{\mathbf{v}_y+\delta y} \sum_{z=\mathbf{v}_z-\delta z}^{\mathbf{v}_z+\delta z} r f(\mathbf{v}_x - x_0 + r \sin(\theta), \mathbf{v}_y - x_0 - r \cos(\theta), \mathbf{v}_z - z) I(r, \theta, z).$$

Pour dériver une image, par exemple, nous calculons les masques à partir des filtres de Deriche (Deriche, 1987). Soit D_d le filtre de dérivation et L_d le filtre de lissage dans la dimension $d \in \{x, y, z\}$.

$$D_d(u) = u e^{-\alpha|u|}, \quad S_d(u) = (\alpha|u| + 1) e^{-\alpha|u|}.$$

Les opérateurs directionnels de gradient sont définis comme :

$$\begin{cases} G_x(u) = D_x(u) L_y(u) L_z(u) \\ G_y(u) = L_x(u) D_y(u) L_z(u) \\ G_z(u) = L_x(u) L_y(u) D_z(u) \end{cases}$$

et les masques sont calculés par échantillonnage de G_x , G_y et G_z . Les valeurs obtenues sont normalisées de façon à ce que la somme des coefficients positifs égale 1 et la somme des coefficients négatifs égale -1 . La somme des coefficients de chaque masque est ainsi nulle.

Cette approche est coûteuse comparée au filtrage en géométrie Cartésienne car elle nécessite de recalculer les masques en chaque voxel de l'image. Cependant, le calcul du filtrage ne fait intervenir que les valeurs de l'intensité aux points connus de l'image et les coefficients des masques en ces points. La méthode garantit donc l'exactitude du calcul des caractéristiques différentielles de l'image. La figure 5.16 montre la réponse des filtres de dérivation dans une coupe d'une image synthétique d'un cube échantillonné en géométrie cylindrique. La norme du gradient est calculée correctement dans toutes les directions et la réponse du filtre est stable en tout point de l'image malgré la variation de la densité d'information à une certaine distance de l'axe. Des filtres de différentes tailles sont testés : $\delta r = \delta \theta = \delta z = 1$ à gauche, $\delta r = \delta \theta = \delta z = 2$ au centre et $\delta r = \delta \theta = \delta z = 3$ à droite.

La figure 5.17 compare le résultat du calcul de la norme du gradient par filtres de Sobel 2D (au centre) et par masque cylindrique 3D (à droite) dans une coupe d'une image ultrasonore en géométrie cylindrique (à gauche). L'ensemble de la coupe est visualisée dans la ligne du haut tandis qu'un détail apparaît sur la ligne du bas. Le masque cylindrique améliore sensiblement la détection des contours. Il diminue d'avantage l'importance du *speckle* en prenant en compte la cohérence spatiale dans la troisième dimension de l'image. Il permet un filtrage plus efficace notamment dans la région centrale où les données sont assez denses. La réponse du filtre est également plus régulière.

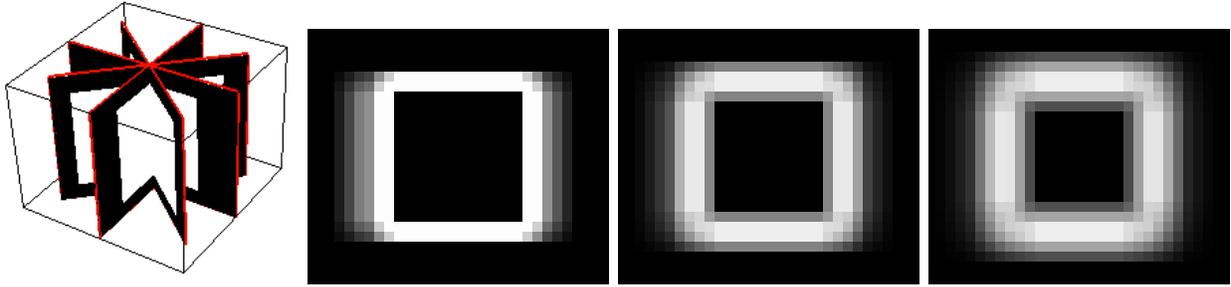


FIG. 5.16 – Image d'un cube en géométrie cylindrique et réponse de filtres de dérivation cylindrique dans l'un des plan de l'image. De gauche à droite : filtres de taille 3^2 , 5^2 et 7^2 .

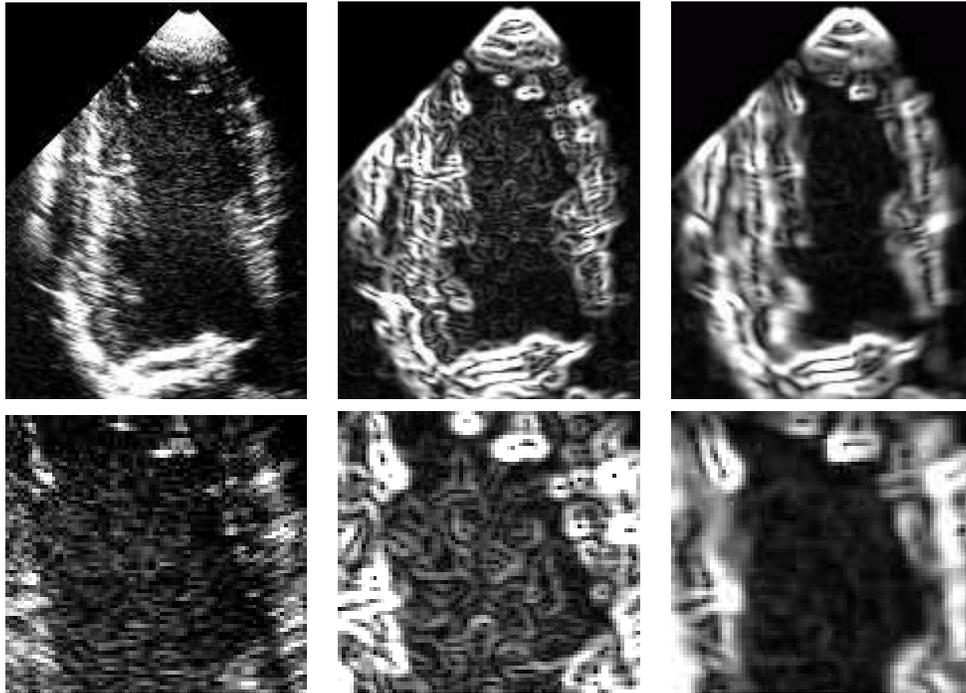


FIG. 5.17 – Calcul de la norme du gradient dans une coupe d'une image ultrasonore cylindrique (à gauche) en utilisant les masques de Sobel 2D (au centre) et un masque cylindrique 3D (à droite). La ligne du bas présente un détail de l'image du haut.

5.3 Quelques algorithmes de prétraitement

La segmentation par modèle est un traitement de haut niveau sur l'image qui peut être envisagé directement à partir des données originales. Pourtant, il existe dans certains cas des techniques d'amélioration de l'image qui la transforment de manière à mieux la faire correspondre au modèle utilisé. La tâche de l'algorithme de segmentation par modèle en est ainsi facilitée. Nous introduisons dans ce paragraphe différents algorithmes de prétraitement que nous avons été amenés à appliquer à certaines images avant leur segmentation par modèle déformable.

5.3.1 Correction du biais inter-coupes

Certains procédés d'acquisition introduisent un biais sur les intensités d'une image qu'il est possible de traiter avant d'utiliser d'autres algorithmes. Les biais sont la source de différents problèmes puisqu'une grande partie des algorithmes de segmentation s'appuient sur les niveaux de gris pour isoler les différentes structures.

L'utilisation de produits de contraste est susceptible de provoquer un biais entre les coupes d'une image. Si l'acquisition des différentes coupes de l'image 3D s'étale sur une période de temps trop longue, le produit de contraste se diffuse peu à peu provoquant un changement progressif de l'intensité entre les coupes. Ce biais peut se manifester :

- dans l'ensemble de l'image si le produit de contraste est diffusé dans le système sanguin et relève le contraste de toutes les organes;
- ou dans certaines régions de l'image seulement si le produit de contraste se fixe sur certaines structures anatomiques.

De la même façon, l'acquisition de coupes histologiques, suivant les conditions, peut conduire à des coupes inégalement contrastées.

Nous proposons un algorithme de correction du biais coupe à coupe qui réalise une transformation affine de l'intensité de chaque coupe pour normaliser les intensités. Soit I une image 3D, I_z l'ensemble des voxels de la coupe numéro z et I_z^b l'ensemble des voxels de la coupe numéro z dont l'intensité est modifiée par un biais. Dans le cas d'un produit de contraste diffus ou des coupes histologiques, $I_z^b = I_z$. Dans le cas contraire, I_z^b est approché par une segmentation, même grossière, des structures d'intérêt à base de seuillage et d'opérations morphomathématiques. On note $|I_z^b|$ le cardinal de l'ensemble I_z^b . Soit m_z la moyenne et σ_z l'écart-type des intensités lumineuses des voxels de I_z^b :

$$m_z = \frac{1}{|I_z^b|} \sum_{\mathbf{v} \in I_z^b} I(\mathbf{v}), \quad \sigma_z = \sqrt{\frac{1}{|I_z^b|} \sum_{\mathbf{v} \in I_z^b} (I(\mathbf{v}) - m_z)^2}.$$

Soit m et σ la moyenne des ensembles de valeurs $\{m_z\}_z$ et $\{\sigma_z\}_z$ respectivement. On calcul pour chaque coupe la transformation affine permettant de transformer le couple (m_z, σ_z) en (m, σ) . Afin de ne pas provoquer de dépassements de la fenêtre d'intensité originale, on applique une transformation affine par morceaux en décomposant l'intervalle des niveaux de gris $[g_0, g_h]$ en trois intervalles $[g_0, \max(g_0, m_z - \sigma_z)]$, $[\max(g_0, m_z - \sigma_z), \min(m_z + \sigma_z, g_h)]$ et $[\min(m_z + \sigma_z, g_h), g_h]$ (voir figure 5.18,

à gauche). La figure 5.18 montre un empilement de coupes histologiques du cerveau d'un rat inégalement contrastées (ligne du haut) et les mêmes coupes après recalage des intensités en ne prenant en considération que les voxels des structures cérébrales (ligne du bas).

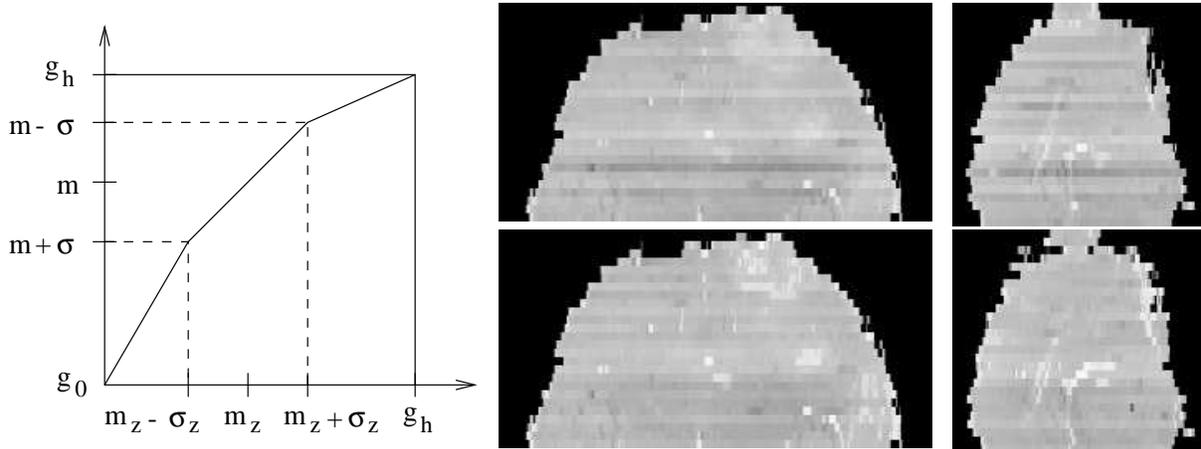


FIG. 5.18 – À gauche : transformation affine par morceaux des intensités. À droite : empilement de coupes histologiques avant (ligne du haut) et après (ligne du bas) correction du biais.

5.3.2 Diffusion anisotrope

Pour s'affranchir du bruit dans une image, de nombreuses techniques de filtrage existent qui sont basées sur le calcul d'une intensité moyenne localement en chaque voxel de l'image en prenant un voisinage en considération. Cependant, ces techniques ont également tendance à délocaliser les structures et à atténuer les contours présents dans l'image. Cet effet de bord est particulièrement pénalisant pour les algorithmes de segmentation dont la finalité est de retrouver les contours. La diffusion anisotrope permet de lisser une image tout en préservant les contours (Weickert, 1997; Gerig et al., 1992; Alvarez et al., 1992; Perona et Malik, 1990).

La théorie de la diffusion en imagerie est née d'une analogie avec la diffusion des fluides. Les équations de la diffusion sont similaires à celles d'un fluide dont les différences de concentration s'équilibrent en différents points de l'espace. En traitement d'image, l'intensité lumineuse représente la concentration. L'image I est considérée comme une fonction dépendante du temps : $I : \Gamma \times [0, \infty] \rightarrow G$. L'équation de diffusion, de I s'écrit :

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \text{div}(\mathbf{D} \cdot \nabla I). \quad (5.3)$$

où \mathbf{D} est un tenseur de diffusion (une matrice définie positive). Si \mathbf{D} est constant en tout point de l'espace, la diffusion est *homogène*. Si \mathbf{D} ne dépend pas de I , la diffusion est *linéaire*.

La diffusion linéaire homogène conduit à l'équation $\frac{\partial I}{\partial t} = \Delta I$ avec comme condition aux limites $I(\cdot, 0) = I^\circ$ (I est connue à l'origine de la diffusion). Sa solution est $I(\mathbf{v}, t) = (K_{\sqrt{2t}} \otimes I^\circ)(\mathbf{v})$ où K_σ est une Gaussienne d'écart-type σ . Elle correspond au lissage Gaussien classique d'une image.

La diffusion linéaire inhomogène fait intervenir un terme variable dans l'équation de diffusion, par exemple :

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \text{div}(g(|\nabla I^\circ|)\nabla I), \quad g(x) = \frac{1}{\sqrt{1 + (x/a)^2}}.$$

Aux alentours des points de contours, $|\nabla I^\circ|$ est élevé et g est faible. Il y a donc très peu de diffusion. Dans les régions homogènes au contraire, g est proche de 1 et l'image est diffusée de manière isotrope comme dans le cas précédent.

La diffusion linéaire propage les défauts de l'image originale dans l'image filtrée. On peut simplement passer à un schéma non linéaire en remplaçant la fonction de diffusion par :

$$g(|\nabla I_\sigma|) \quad \text{où} \quad I_\sigma = K_\sigma \otimes I.$$

En remplaçant le scalaire $g(|\nabla I_\sigma|)$ par un tenseur dont les composantes sont différentes selon les directions, il est possible de privilégier la diffusion selon une direction (qui ne rencontre pas de contour) ou au contraire d'empêcher la diffusion dans une autre direction (perpendiculaire à un contour). Le tenseur s'écrit par exemple :

$$\mathbf{D}(\nabla I_\sigma) = \text{diag} \left(\frac{1}{\sqrt{1 + \left(\frac{\partial I_\sigma}{\partial x} / a_x\right)^2}}, \frac{1}{\sqrt{1 + \left(\frac{\partial I_\sigma}{\partial y} / a_y\right)^2}}, \frac{1}{\sqrt{1 + \left(\frac{\partial I_\sigma}{\partial z} / a_z\right)^2}} \right).$$

Quel que soit le schéma de diffusion retenu, il faut discrétiser l'équation différentielle, par les différences finies, pour pouvoir la résoudre. Un schéma explicite ne permet que l'utilisation de faibles pas de temps mais chaque itération est peu coûteuse à calculer. Un schéma implicite est plus coûteux à résoudre mais aussi plus stable autorisant des pas de temps plus importants (voir paragraphe 1.3.7). La théorie multi-échelle discrète a conduit au développement de schémas rapides basés sur des opérateurs additifs séparables (*additive operator splitting* ou AOS en anglais) (Weickert, 1998). Ils permettent une accélération considérable de la convergence en gardant une stabilité remarquable.

La diffusion anisotrope peut constituer un prétraitement important pour la segmentation par modèle. Elle permet de réduire considérablement le bruit de l'image tout en conservant l'information de contours.

Chapitre 6

Segmentation d'images tridimensionnelles à base de modèles déformables

L'immersion d'un modèle déformable dans une image 3D pour la segmentation nécessite une adaptation du modèle à la nature discrète de l'image. Dans ce chapitre nous introduisons l'algorithme de déformation et différentes méthodes de calcul du terme d'attache aux données. Nous proposons des approches basées sur la convergence vers des points de contour, autour de régions d'intensité

homogène ou vers des régions de profil d'intensité connu. Ces critères variés permettent de s'adapter à de nombreuses situations. Il est ainsi possible de segmenter des images de modalités très différentes et même d'envisager le recalage multimodalités. Nous éprouvons la validité de cette approche à travers de nombreux exemples de segmentation d'images.

6.1 Immersion d'un modèle dans une image

Une fois une surface déformable immergée dans une image 3D, elle doit se déformer pour venir épouser l'enveloppe des structures anatomiques étudiées. Il est nécessaire de définir les frontières entre organes pour guider la déformation du modèle. Ces frontières apparaissent souvent comme des ruptures d'intensité lumineuses caractérisant différents tissus. Les opérateurs différentiels sont adaptés à la détection de ces discontinuités. Cependant, de nombreux points de contours sont extraits dans une image par l'application d'opérateurs différentiels créant de nombreux minima de potentiel susceptibles d'attirer le modèle. Il peut être utile de discriminer les points de contour détectés en introduisant une connaissance plus importante des objets à segmenter comme l'intensité lumineuse des régions qu'ils occupent.

Un maillage simplexe est défini par un ensemble de sommet de \mathbb{R}^3 . Il permet une représentation des données avec une précision inférieure à la taille des voxels de l'image. Il fournit une interpolation fiable des données entre les voxels.

6.1.1 Initialisation du modèle dans les données

Lorsque la forme initiale et l'orientation des structures anatomiques à segmenter sont inconnues, il est possible de recourir à un algorithme d'initialisation automatique. Il est nécessaire de segmenter même grossièrement la structure d'intérêt par seuillage et opérations morphomathématiques. (Delingette, 1998) propose une méthode de génération d'un maillage simplexe directement à partir de l'image binaire. Les déformations du modèle permettent ensuite de rattraper les erreurs de segmentation dues à la première étape approximative.

Dans de nombreuses applications en traitement d'images médicales, une forme *a priori* de la structure d'intérêt est connue et l'orientation du patient dans l'appareil d'acquisition donne une idée approximative de l'orientation de la structure anatomique. Il est donc possible de plonger un modèle approximatif avec une position initiale relativement proche de l'organe visible dans l'image. Le processus de recalage permet alors d'aligner plus précisément le modèle sur le patient en compensant éventuellement un facteur d'échelle. Les déformations locales doivent ensuite conduire le modèle vers la forme de l'organe à segmenter.

6.1.2 Expressions des forces externes

De nombreuses expressions du terme d'attache aux données ont été proposées dans la littérature pour permettre la convergence du modèle en garantissant la stabilité de la résolution numérique. (Cohen et Cohen, 1993) proposent une revue de différentes expressions des forces externes.

Dérivée de la norme du gradient

(Kass et al., 1988) ont proposé de calculer les forces externes comme le gradient du champ de potentiel $\|\nabla I\|^2$. En convoluant l'image avec une Gaussienne d'écart-type σ , on élargit la zone de réponse de l'opérateur de gradient autour des contours. On paramètre ainsi la largeur du potentiel

d'attraction. La force externe s'exprime alors :

$$f_{\text{ext}} = \nabla(\|\nabla I \otimes K_\sigma\|^2).$$

Cette expression rencontre plusieurs limitations. Un opérateur Gaussien fait progressivement disparaître les contours. Le champ de potentiel attracteur autour des points de contour détectés par l'opérateur de gradient reste donc de faible étendue spatiale et il n'est possible de faire converger un modèle que s'il se trouve très près des données. En outre, la force exprimée ainsi n'est pas une fonction de la distance aux données. Elle ne rencontre pas de passage par 0 sur les points de contour et provoque des oscillations du modèle qui ne converge pas complètement. Certains auteurs (McInerney et Terzopoulos, 1995d) ont proposé de figer progressivement le modèle en diminuant le coefficient pondérateur β de la force externe à chaque changement de direction d'un sommet du modèle. Enfin, le calcul de cette force nécessite l'extraction des dérivées secondes de l'image, expression qui peut se révéler instable dans le cas d'image trop bruitées.

Normalisation de la force externe

(Cohen, 1991) montre que la représentation discrète des forces externes proposées précédemment peut s'avérer instable dès que les déplacements d'un point sont supérieurs à l'ordre de grandeur d'un voxel. Il propose de normaliser la force externe afin d'empêcher des déplacements trop importants et de toujours rester dans la zone de stabilité de la résolution discrète :

$$f_{\text{ext}} = \frac{\nabla(\|\nabla I \otimes K_\sigma\|^2)}{\|\nabla(\|\nabla I \otimes K_\sigma\|^2)\|}.$$

Cette approche garantit la stabilité et limite les oscillations à une amplitude inférieure à la taille des voxels, mais elle diminue également considérablement la vitesse de convergence du modèle.

(Cohen, 1991) propose également un terme additionnel, dit force de ballon, orienté selon la normale à la surface qui provoque l'inflation du modèle afin d'éviter l'effet d'effondrement dû aux contraintes de régularisation des modèles déformables. Nous avons vu comment définir, avec le formalisme des maillages simplex, des forces régularisantes ne souffrant pas de cet effet indésirable.

Force de gradient et force de contour

(Delingette, 1999; McInerney et Terzopoulos, 1993; Cohen et al., 1992) utilisent une information de contour en plus de l'information locale de gradient. La force externe s'exprime comme la combinaison de deux termes :

$$f_{\text{ext}}(\mathbf{p}) = f_{\text{gradient}}(\mathbf{p}) + f_{\text{contour}}(\mathbf{p})$$

où f_{gradient} est une expression dérivant d'un potentiel comme défini ci-dessus et f_{contour} est une expression attirant un sommet vers un point de contour proche.

(Cohen et al., 1992) proposent d'utiliser une carte de distance (distance Euclidienne ou distance discrète extraite à l'aide de masques de Chamfer) pour déterminer le point de contour le plus proche de chaque voxel de l'image. La force de contour est alors définie comme une fonction de la distance au point des données le plus proche. La fonction de la distance peut prendre différentes

formes suivant la vitesse de convergence désirée. Dans des images où l'information de contours est lacunaire, l'utilisation d'une carte de distance peut provoquer des déformations très importantes à partir de points des contours très éloignés du modèle.

(Delingette, 1999) recherche un voxel de contour sur la normale au modèle à partir de chaque sommet. Cette approche limite la portée des forces externes. La restriction des déplacements selon la normale conduit à des déformations plus régulières sans limiter les possibilités de déformation du modèle.

La force de contour permet une convergence rapide du modèle en recherchant les points attracteurs à grande distance. Elle est homogène à une distance aux données et ne provoque pas d'oscillations.

6.1.3 Algorithme de propagation suivant la normale

Pour guider les déformations d'un maillage simplexe, nous déterminons en chaque sommet une force externe dirigée suivant la normale au modèle. Il faut déterminer dans les voxels voisins d'un sommet un point attracteur. Comme dans (Delingette, 1999), nous limitons la recherche d'un point de données sur la normale à la surface. Cette approche apporte deux grand avantage :

- un contrôle de la distance maximale des points de données attracteurs, de manière à réduire l'influence de points aberrants;
- une recherche rapide du point le plus proche puisque limitée à un segment de droite.

Elle ne restreint pas les possibilités de déformation de la surface, et sous l'influence de la composante tangentielle des forces internes, un point peut changer de position relativement à ses voisins.

Pour déterminer les points de contour appartenant aux normales au modèle, nous utilisons un algorithme de propagation similaire à l'algorithme de dessin de lignes de Bresenham étendu au cas tridimensionnel. On détermine le voxel dans lequel se situe un sommet du modèle puis on calcule itérativement tous les voxels appartenant à la normale au modèle dans une certaine portée. Cet algorithme s'adapte à n'importe quelle géométrie de l'image. Dans le cas Cartésien, le calcul de la normale avec les voxels de forme parallélépipédique est simple. Dans les autres géométries, il faut calculer l'intersection d'un ligne avec des éléments de volume moins réguliers. Si les calculs sont en général plus complexes et plus coûteux, la mise en œuvre est similaire. La figure 6.1 illustre l'algorithme de propagation le long des lignes normales dans le cas des géométries Cartésienne et cylindrique que nous avons implantés.

Afin de limiter l'influence des points aberrants et le coût de l'algorithme, on fixe un paramètre de portée maximale de la recherche. Cette distance est en général déterminée comme une fraction de la taille des structures recherchées. Si cette taille est inconnue, on se fixe une fraction de la dimension de l'image. D'une manière générale, il peut être utile de réduire la portée des forces externes lorsque le modèle converge puisqu'il se rapproche des données. On diminue ainsi le temps de calcul et le modèle est de moins en moins sensible aux points aberrants en ne prenant en considération que les points de données très proches.

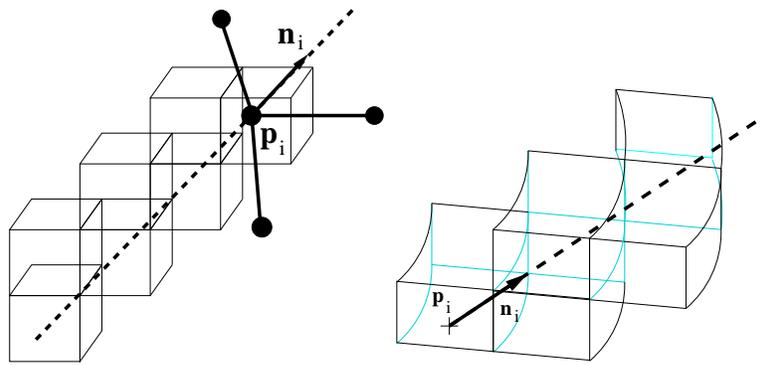


FIG. 6.1 – L’algorithme de propagation le long des lignes normales discrètes en un sommet du modèle en coordonnées Cartésiennes (à gauche) et cylindriques (à droite).

La figure 6.2 montre la normale discrétisée en un sommet d’un modèle sphérique dans le cas des géométries Cartésienne et cylindrique comme une ligne de voxels 6-connexes.

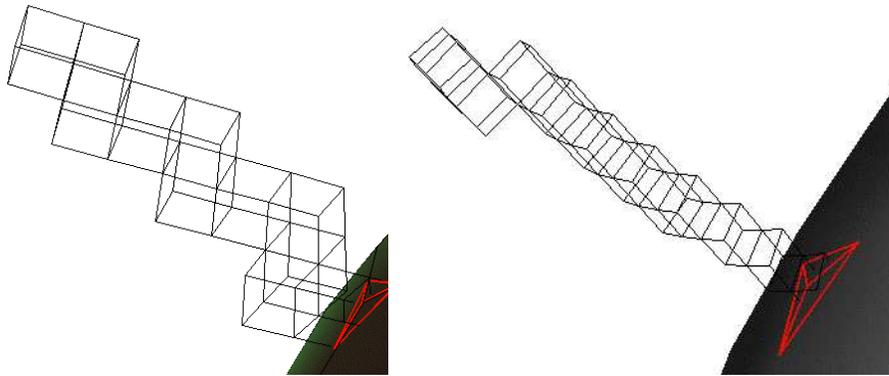


FIG. 6.2 – Normale discrétisée en un sommet d’un modèle en géométrie Cartésienne (à gauche) et cylindrique (à droite).

6.2 Forces de gradient

L’information la plus souvent retenue pour déterminer les contours de structures dans une image est l’information de gradient (Rosenfeld et Kak, 1976). (Delingette, 1999; McInerney et Terzopoulos, 1993; Cohen et al., 1992) utilisent une carte des contours principaux obtenue par seuillage de la norme du gradient. Au contraire, nous travaillons directement sur l’image de la norme du gradient. En conséquence, nous pouvons être sensibles même aux faibles gradients et nous n’utilisons pas de terme additionnel f_{gradient} dérivant d’un potentiel. En pratique, ce choix est justifié par le fait que lorsque les points de données sont distants, le terme f_{gradient} , en général très local, n’a pratiquement aucune influence sur le déplacement du modèle. Quand le modèle s’est rapproché des points de données, le terme f_{contour} prend le même ordre de grandeur que f_{gradient} et attire le modèle vers

le point des données correspondant également à un minimum de potentiel. Les deux termes sont souvent redondants et nous avons pu constater que le terme local n'apporte pas d'amélioration sensible aux résultats de segmentation.

Avec l'algorithme de propagation proposé précédemment, on détermine simplement le point des données le plus proche d'un sommet du modèle comme un point de fort gradient sur la normale discrète. Nous pouvons décider d'arrêter l'algorithme de propagation sur le premier point de gradient détecté ou sur le point de gradient de plus forte intensité dans la portée considérée. Dans le premier cas, le modèle converge plus localement. Dans le second cas, il converge vers les interfaces les plus contrastées. Ceci n'est possible que dans les images où les structures d'intérêt apparaissent comme les mieux contrastées. À la limite, un simple seuillage suffit à la segmentation dans ce cas idéal.

6.2.1 Exemple de déformation

Nous proposons dans ce paragraphe un exemple de segmentation en utilisant l'algorithme de propagation et les forces de gradient pour calculer les déformations d'un modèle. Nous nous plaçons dans le cas idéal d'une image contrastée sans bruit, générée de manière synthétique. L'image en géométrie cylindrique est obtenue à partir du modèle de visage présenté dans la figure 6.3 (en haut à gauche) par intersection du modèle avec les plans de l'image (au centre). Un modèle sphérique est initialisé au centre de l'image (à droite) puis déformé. Le modèle évolue sous l'action des forces externes et de forces internes de continuité de courbure. Le résultat de la déformation est présenté pour une image cylindrique échantillonnée avec une résolution angulaire de 20° , 10° , 5° et 3° . Comme attendu, la finesse de la reconstruction est meilleure lorsque la résolution de l'image augmente. En fait, les contraintes régularisantes utilisées sont plus forte dans le cas des faibles résolutions angulaires pour mieux lisser la surface.

D'autres exemples de segmentation à partir de l'information de gradient dans des images suffisamment contrastées ont été présentés dans les figures 2.18, 2.19 et 4.19.

6.2.2 Discrimination des points de gradient

Dans la mesure où on est souvent amené à faire converger le modèle vers des contours locaux ne correspondant pas nécessairement aux plus forts gradients de l'image, on recherche d'autres critères que l'intensité permettant de discriminer les points de contour indésirables. Un seuil bas sur l'intensité du gradient permet de ne pas prendre en compte les trop faibles réponses de l'opérateur de détection de contours correspondant en général à du bruit dans l'image. Ce seuil dépend du niveau de bruit résultant du procédé d'acquisition et doit être fixé en fonction des images traitées.

Si les régions d'intérêt se trouvent être plus brillantes (respectivement plus sombres) que les structures voisines sur tout leur contour, alors la direction du gradient est systématiquement orientée vers l'intérieur (respectivement l'extérieur) des structures concernées. La discrimination des points de contour en fonction de leur orientation par rapport à celle du modèle peut considérablement améliorer le résultat de l'algorithme de propagation. En ne prenant en compte que les points de gradient grossièrement orientés dans la même direction que la normale au modèle (respectivement

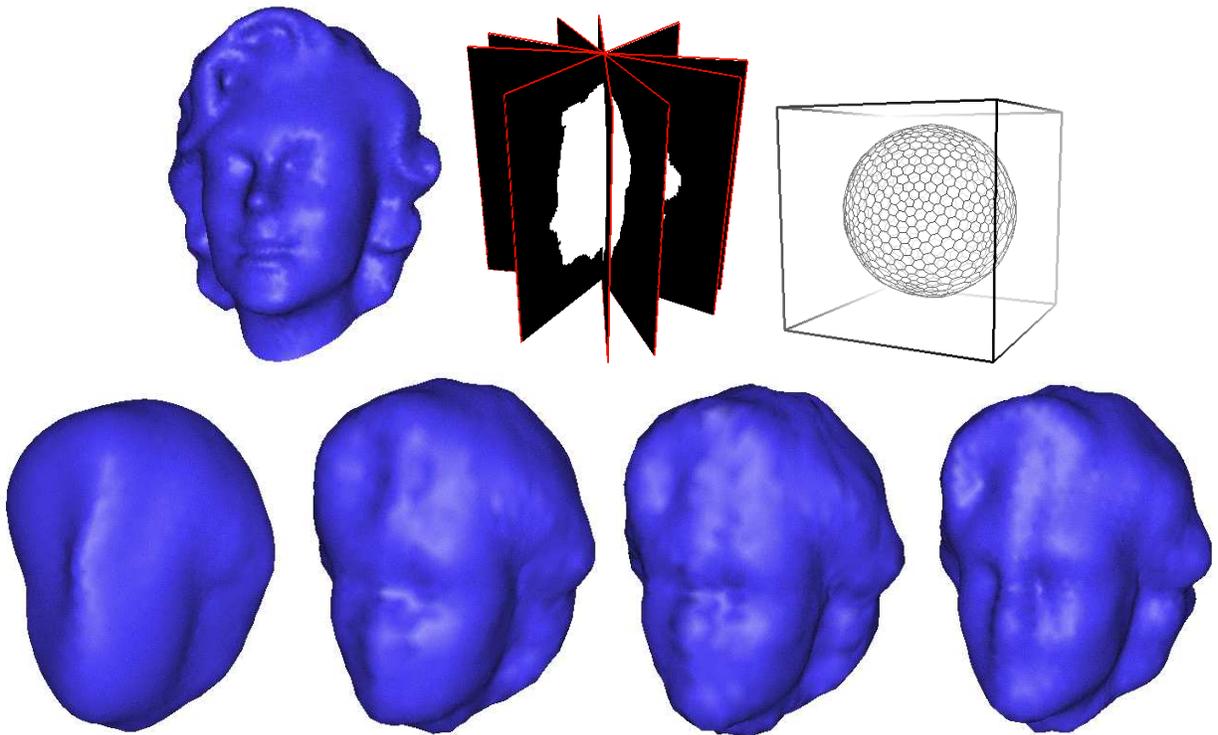


FIG. 6.3 – *Ligne du haut*: modèle original d'un visage, image binaire échantillonnée en géométrie cylindrique et modèle sphérique initial utilisé pour la segmentation. *Ligne du bas*: Modèle déformé en fonction de l'information de contours dans une image de résolution angulaire 20° , 10° , 5° et 3° .

dans la direction opposée), on introduit une information sur l'orientation attendue des structures segmentées.

Enfin, l'image originale peut apporter une information supplémentaire si une plage d'intensité des structures à segmenter est connue. On peut ne retenir que les voxels d'assez fort gradient dont le correspondant dans l'image d'intensité appartient à une plage d'intensité fixée. Cette information peut s'avérer délicate à manipuler dans la mesure où les points de fort gradient correspondent justement aux régions de discontinuité de l'intensité de l'image originale.

6.3 Approche région

Si les critères proposés au paragraphe précédent ne permettent pas de discriminer de manière suffisamment fine les points de contour de l'image, il est nécessaire d'introduire une connaissance plus forte des structures à segmenter. (Liu et al., 1995) proposent des opérateurs d'extraction de contours robustes au bruit de l'image. Une autre approche consiste à rechercher des régions homogènes d'une image. (Cohen et al., 1993) proposent une méthode pour délimiter des régions d'élévation constante (des lacs) dans un modèle numérique de terrain. Leur formulation fait intervenir un opérateur de détection des lacs et une énergie prenant en compte la région interne au contour déformable (le lac) et les régions externes. D'une manière générale, l'information de région est plus riche que la simple information de gradient (Cocquerez et Sylvie, 1995; Ronfard, 1994; Zhu, 1994). Nous proposons ici deux types de calcul efficaces de forces basés sur la recherche de régions d'intensité homogène dans les images.

6.3.1 Interface de régions homogènes

La première force de région consiste à extraire sur la normale discrète de chaque sommet du modèle le profil d'intensité, c'est à dire les valeurs de l'intensité de l'image en fonction de la distance au sommet. La figure 6.4, à gauche, montre un exemple de profil d'intensité extrait de cette manière. Dans le cas de la géométrie cylindrique, un voxel peut recouvrir une portion considérable de l'espace. On utilise alors une interpolation trilinéaire des valeurs de l'intensité afin de déterminer une valeur plus juste aux coordonnées des points de la normale au modèle.

Pour rendre le calcul de la force moins sensible au bruit, on lisse les valeurs d'intensité sur un petit voisinage autour de chaque point de la normale discrète. Lorsque le modèle converge vers une surface de l'image, le plan tangent local à chaque sommet du modèle est très proche du plan tangent aux contours recherchés. Les normales du modèle s'orientent dans la même direction que les normales aux contours. De manière à ne pas estomper les contours, nous réalisons un filtrage anisotrope en ne lissant l'image que dans le plan tangent au modèle. La figure 6.4, à droite, illustre le voisinage considéré pour le lissage de l'intensité en un point du profil d'intensité. Après filtrage, le profil d'intensité présente un aspect relativement régulier. Si le niveau de bruit est élevé, il est possible de convoluer l'image dans le plan tangent avec un filtre de plus grande extension spatiale; ceci bien entendu au détriment du temps de calcul.

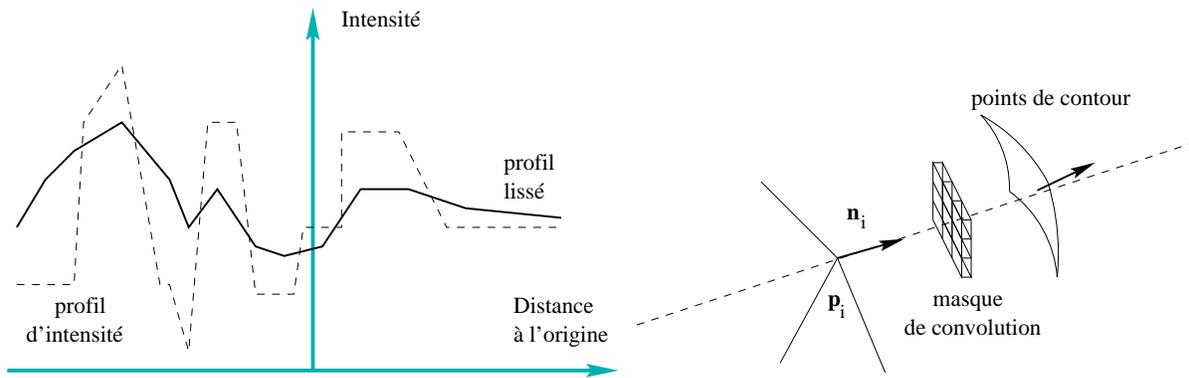


FIG. 6.4 – Exemple de profil d'intensité extrait le long de la normale au sommet d'un modèle plongé dans une image 3D (à gauche) et représentation du filtre anisotrope utilisé pour lisser le profil (à droite)

On définit des régions homogènes comme des plateaux d'intensité relativement constante du profil et la frontière entre les régions comme les points équidistants aux bords de deux régions voisines (voir figure 6.5). La force appliquée en un sommet du modèle est alors simplement une fonction de la distance du sommet à la plus proche frontière.

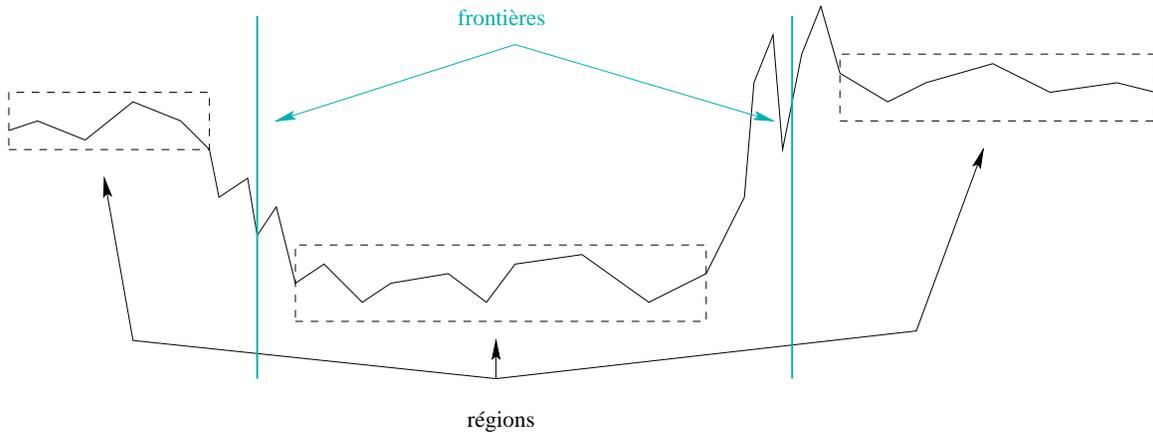


FIG. 6.5 – Définitions des régions et de leurs frontières.

En plus de la portée des forces externes et de la taille du masque de lissage, l'algorithme proposé nécessite la donnée de paramètres définissant les régions :

- *Longueur*. La longueur minimale d'une succession de voxels pour être considérée comme une région homogène.
- *Variation maximale*. L'écart type maximal des variations d'intensité admissibles autour de la valeur d'intensité moyenne d'une région.

Dans la mesure où ces paramètres sont très dépendants des structures à segmenter, il revient à l'utilisateur de les définir pour l'application qui l'intéresse. Il est possible de renforcer la connaissance *a priori* des régions en indiquant des plages d'intensité pour plusieurs régions correspondant à

différentes structures inventoriées dans l'image.

La figure 6.6 montre un exemple synthétique de segmentation en utilisant l'information de région. L'image synthétique, montrée dans la ligne du haut, à gauche, représente deux régions homogènes de niveaux de gris proches. L'image originale (I_0) est bruitée par application successive d'un bruit additif Gaussien d'écart type $\sigma = 5$ (I_1) puis d'un bruit multiplicatif (I_2). Le bruit multiplicatif est défini par :

$$I_2 = I_1 + \sqrt{I_1}G_\sigma$$

où G_σ est une Gaussienne centrée d'écart type $\sigma = 2$. Ce bruit modélise celui des images ultrasonores d'après les mesures expérimentales de (loupas, 1998). La ligne du haut de la figure 6.6 montre, de gauche à droite, l'image 3D originale I_0 , une coupe de cette image, la même coupe de l'image I_1 et celle de l'image I_2 . La ligne centrale montre l'image 3D I_2 , un modèle sphérique initialisé au centre de cette image et le résultat de sa déformation en utilisant le critère de région. Des régions de longueur minimal 6 voxels et dont l'écart type des variations n'excède pas 15 unités sont détectées. En raison de la position et de la forme initiale du modèle, seuls les contours externes sont segmentés. Une contrainte régularisante de courbure arrondit les arêtes et les coins de l'image. La ligne du bas de la figure 6.6 montre l'intersection de la surface déformée avec trois plans orthogonaux de l'image originale.

6.3.2 Régions et gradients

Une approche différente consiste à considérer l'information de région comme un critère discriminant permettant de filtrer les points de contour pris en considération. On extrait donc une information de gradient à partir de l'image comme dans le paragraphe 6.2. Dans la mesure où l'information de gradient est connue, il est possible de filtrer les profils d'intensité de l'image dans la direction de la normale. On utilise l'intensité du gradient pour déterminer les zones à ne pas filtrer afin de ne pas atténuer les contours, de manière similaire à ce qui est fait dans les algorithmes de diffusion anisotrope.

Comme dans le cas précédent, une région est définie comme une succession de voxels de longueur minimale fixée appartenant à un intervalle d'intensité fixé. On ne retient que les points de fort gradient situés à proximité du bord d'une région. La force s'exprime alors de manière classique comme une fonction de la distance du sommet au point retenu. En pratique, il n'est souvent nécessaire de ne définir qu'une région correspondant soit à la structure segmentée (intérieure au modèle) soit à la structure voisine (extérieure au modèle).

La figure 6.7 montre un nouvel exemple synthétique de segmentation en utilisant l'information de contour. Les forces externes sont calculées en recherchant une région intérieure au modèle d'intensité 100. La ligne du haut montre l'image originale, l'image bruitée et l'image de la norme du gradient. La ligne du bas montre la déformation d'un modèle sphérique et son intersection avec trois plans orthogonaux de l'image.

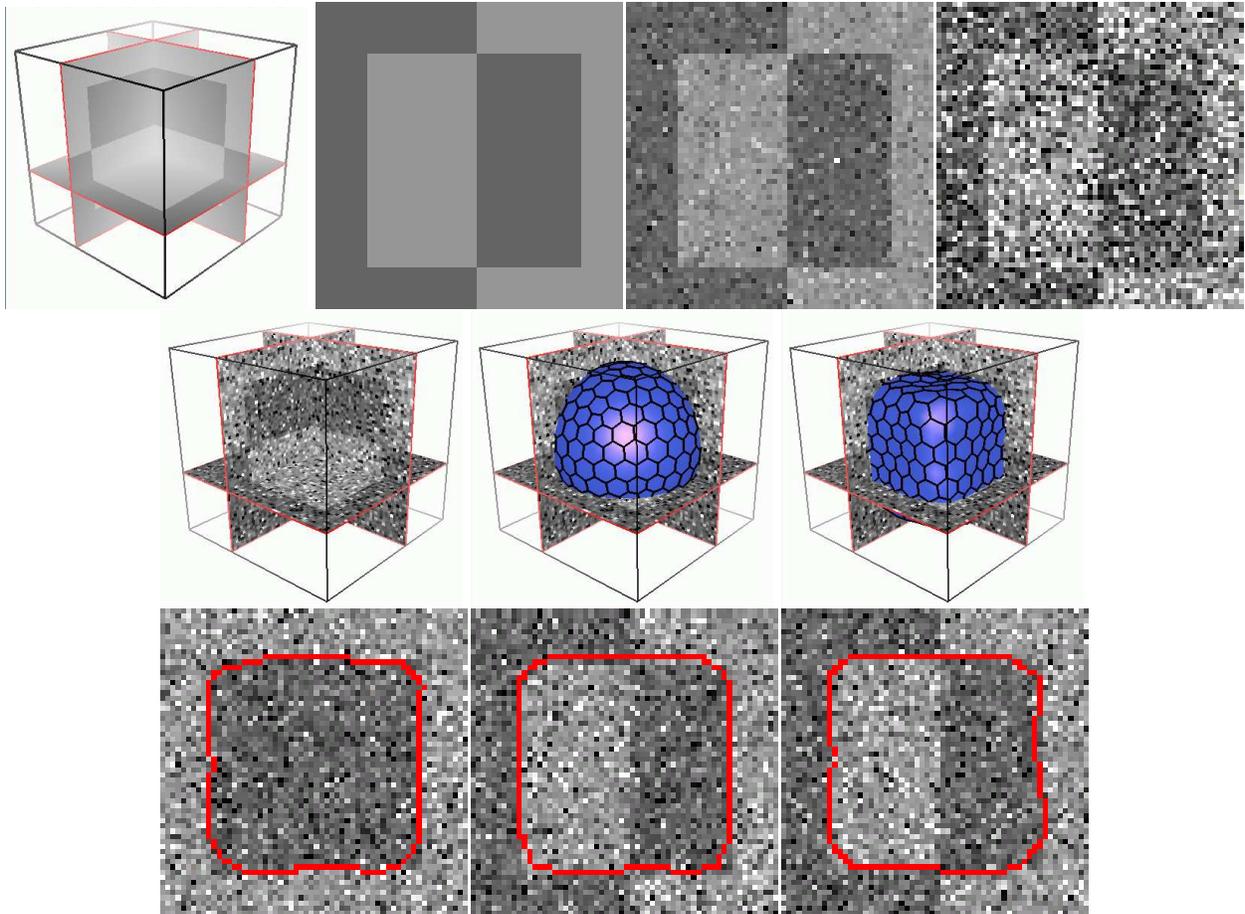


FIG. 6.6 – *Ligne du haut : image 3D bruitée. Ligne centrale : déformation d'un modèle dans l'image sous une contrainte de région. Ligne du bas : intersection du modèle déformé avec trois plans orthogonaux de l'image originale.*

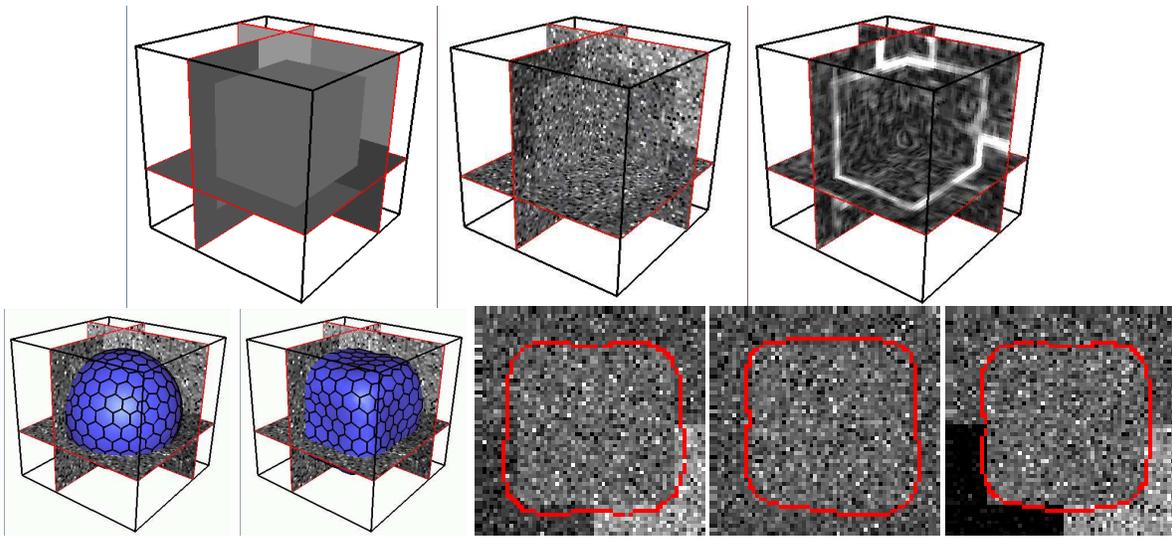


FIG. 6.7 – *Ligne du haut: image 3D originale, image bruitée et image de la norme du gradient. Ligne du bas: modèle initial, modèle déformé et intersection du modèle déformé avec trois plans orthogonaux de l'image.*

6.3.3 Comparaison des deux approches région

La première approche n'utilise pas d'information de gradient. Elle réalise le filtrage des intensités sur un voisinage de chaque voxel. Elle permet donc de prendre en considération une section tubulaire autour de la normale à chaque sommet. La seconde approche nécessite des points de gradient bien définis et réalise un filtrage moins étendu. Elle est donc susceptible d'être plus sensible à un fort niveau de bruit dans l'image. En revanche, elle est sensiblement plus efficace en terme de temps de calcul puisque le filtrage de l'intensité est monodimensionnel, le long de la direction normale au contour.

En pratique, nous avons trouvé les approches régions particulièrement adaptées à la segmentation d'images ultrasonores. Ces images présentent en général des structures assez contrastées mais perturbées par un *speckle* élevé. Les frontières entre organes apparaissent comme des lignes épaisses qui provoquent une double réponse des opérateurs de gradient. Elles peuvent être considérées comme des petites régions d'intensité élevée. Contrairement à (Rohling et al., 1997) qui utilisent la composition d'acquisitions multiples pour réduire le *speckle* et (Czerwinski, 1998) qui modélise le *speckle* des images échographiques, nous nous reposons sur l'information de région et les contraintes de continuité du modèle pour retrouver les contours significatifs de l'image.

6.4 Profil d'intensité

Dans certaines applications, les structures d'intérêt ne définissent pas des régions de l'image très homogènes en raison de la présence d'une texture ou d'organes voisins d'intensité variable tout au long des frontières. Il est alors nécessaire d'introduire une connaissance plus fine des données. Nous

proposons dans ce paragraphe l'utilisation de profils d'intensité donnant une information locale sur l'évolution de l'intensité de voxels de l'image le long de chaque normale au modèle. Cette approche est à comparer aux approches iconiques (Zhang, 1993; Brown, 1992) qui utilisent la correspondance entre la distribution de niveaux de gris de deux images pour le recalage multimodalités.

6.4.1 Construction de profils d'intensité

L'utilisation de profils d'intensité différents en chaque sommet d'un modèle rend la définition manuelle de l'information d'intensité excessivement fastidieuse. Les profils sont donc déterminés automatiquement en capturant les valeurs de l'intensité d'une image le long des normales d'un modèle. L'opération nécessite de disposer d'un modèle de référence déformé dans une image 3D. On ajoute à l'information de forme contenue dans le modèle l'information des valeurs d'intensité attendues *pour une modalité donnée* dont l'image fournit un exemple représentatif. Un profil se présente sous la forme d'un ensemble de valeurs irrégulièrement espacées puisque la ligne normale coupe les voxels de l'image de manière irrégulière.

6.4.2 Mesures de similarité

Un modèle enrichi de la connaissance de profils d'intensité de référence et plongé dans une image doit se déformer de manière cohérente aux profils d'intensité perceptibles dans l'image. Il est donc nécessaire de trouver la translation du profil d'intensité de référence qui l'amène vers une portion similaire du profil d'intensité de l'image (voir figure 6.8).

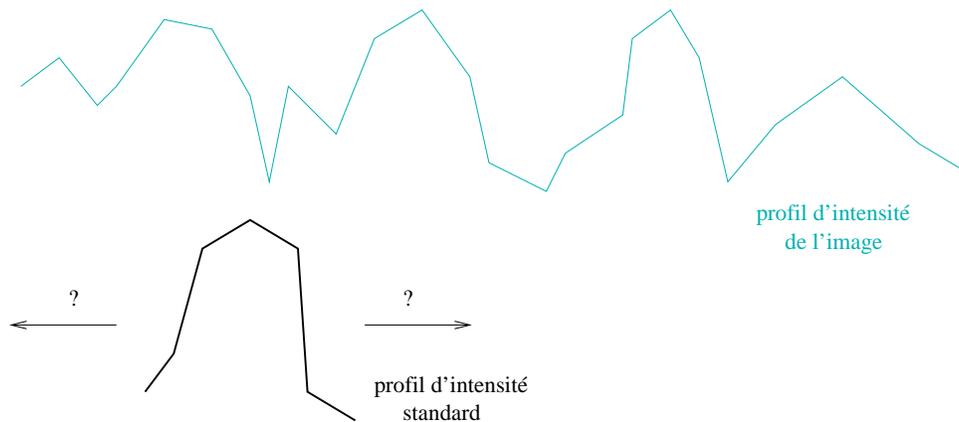


FIG. 6.8 – Recalage d'un profil d'intensité de référence sur le profil d'intensité extrait de l'image le long de la normale au modèle.

La force externe en un sommet est calculée comme la translation optimisant la mise en correspondance des deux profils. La comparaison des profils nécessite dans un premier temps leur rééchantillonnage sur un même intervalle. Pour toute translation t du profil de référence, on détermine ses valeurs aux points du profil d'intensité de l'image par une interpolation linéaire comme l'illustre la figure 6.9. D'autres types d'interpolation comme le volume partiel pourraient être utilisés

(Maes et al., 1997). L'algorithme de mise en correspondance réalise de manière exhaustive l'estimation de l'adéquation du profil de référence et du profil image par l'intermédiaire d'une mesure de similarité pour toute translation du profil de référence. On utilise la fréquence d'échantillonnage du profil de l'image pour déterminer les valeurs successives du vecteur translation \mathbf{t} .

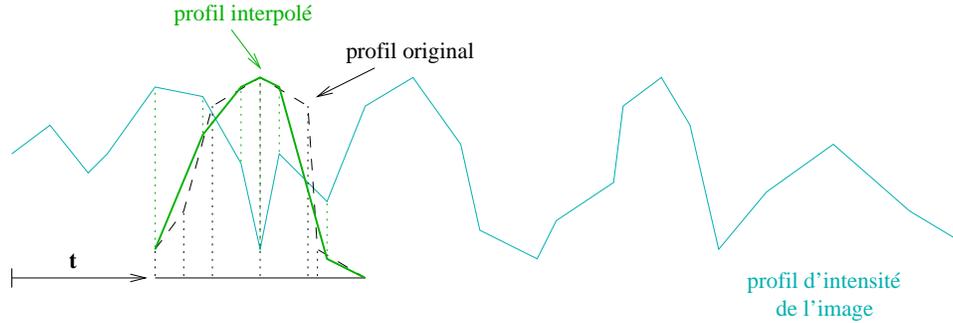


FIG. 6.9 – Interpolation linéaire des valeurs du profil de référence pour estimer la corrélation avec le profil de l'image.

De nombreux critères de corrélation ont été définis dans la littérature pour le recalage d'images (Roche et al., 1998a; Roche et al., 1998b; Buzug et Weese, 1998; Penney et al., 1998). Nous avons implanté la somme des différences, un critère linéaire et le coefficient de corrélation. Soit $\{v_i\}_{i \in [1, n]}$ l'ensemble des valeurs d'intensité du profil de référence rééchantillonné et $\{w_i\}_{i \in [1, n]}$ les valeurs d'intensité correspondantes du profil de l'image. On note \bar{v} , \bar{w} , σ_v et σ_w les moyennes et les écarts-types des ensembles $\{v_i\}_i$ et $\{w_i\}_i$.

Somme des différences

Ce critère défini comme :

$$C(\{v_i\}_i, \{w_i\}_i) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |v_i - w_i|$$

est une simple comparaison point à point des valeurs de l'intensité. Il est simple et statistiquement robuste mais il ne permet la comparaison que de profils d'intensité de modalités proches.

Critère linéaire

Le critère linéaire :

$$C(\{v_i\}_i, \{w_i\}_i) = \frac{(\sum_i v_i w_i)^2}{\sum_i v_i^2 \sum_i w_i^2}$$

est une mesure robuste normalisée faisant l'hypothèse d'une transformation linéaire entre les valeurs des ensembles $\{v_i\}_i$ et $\{w_i\}_i$. Elle est bornée dans l'intervalle $[0, 1]$ et sa valeur est une mesure de la similarité à une transformation linéaire près.

Coefficient de corrélation

De manière similaire, le coefficient de corrélation :

$$C(\{v_i\}_i, \{w_i\}_i) = \frac{1}{n^2 \sigma_v^2 \sigma_w^2} \left(\sum_i (v_i - \bar{v})(w_i - \bar{w}) \right)^2$$

est une mesure robuste normalisée de la corrélation. Il mesure la similarité des intensités à une transformation affine près.

6.5 Résultats de segmentation

Nous proposons dans ce paragraphe différents résultats de segmentation illustrant les méthodes proposées dans ce chapitre. Ces exemples ont pour but de montrer la validité de l'approche dans des cas variés de traitement d'images 3D.

6.5.1 Segmentation à partir de l'information de gradient

Dans les images scanner ou par résonance magnétique généralement assez contrastées, l'information de gradient donne des résultats très satisfaisants.

Le premier exemple est une segmentation de l'encéphale d'un crâne de l'homme de Tautavel. Des fragments du crâne d'un homme de Tautavel, datés d'environ 450000 ans, ont été récemment découverts. Des paléontologues ont complété les fragments manquants du crâne et réalisé un moulage de l'ensemble. La mesure de la volumétrie endo-crânienne présente un intérêt pour l'étude de l'évolution du cerveau et des capacités cognitives de l'homme (Conroy et al., 1998; Semendeferi et al., 1997).

Nous disposons d'une acquisition scanner du moulage du crâne. Elle est composée de structures très contrastées et l'opérateur d'extraction de contours donne une réponse forte sur les contours internes et externes de l'os. L'information de direction du gradient est utilisée pour forcer le modèle à converger vers les contours de l'encéphale.

Le modèle initial ovoïde est d'abord recalé par transformations affines. Des déformations locales à contrainte globale permettent alors une convergence plus locale. Le tableau suivant montre l'évolution des coefficients β (poids des forces externes) et l (portée de l'algorithme de propagation) avec le coefficient λ (localité) :

λ	β	l (en nombre de voxels)	nombre d'itérations
0	1	10	40
0,4	0,3	6	45
0,6	0,15	4	35

Le coefficient α (poids des forces internes) et le paramètre de rigidité sont constants, tous deux égaux à 1. L'influence des forces externes diminue alors que le nombre de degrés de liberté du modèle augmente afin de limiter la sensibilité aux données. La portée de l'algorithme de propagation diminue également alors que le modèle se rapproche des frontières de l'image ce qui a pour conséquence d'accélérer le calcul.

La figure 6.10 montre les résultats de segmentation obtenus. L'image du haut montre le modèle plongé dans l'image 3D après déformation. La seconde ligne montre trois représentations du modèle surfacique sous trois angles de vue différents. Enfin, la dernière ligne montre l'intersection de la surface avec trois plans de coupe orthogonaux de l'image. Dans cette expérience, nous avons calculé

un volume de 1169 cm^3 pour le modèle, ce qui correspond avec très peu d'erreur aux résultats obtenus par mesure du volume du moulage original de l'encéphale (1150 cm^3).

6.5.2 Segmentation adaptative

Nous présentons ici un exemple de segmentation des reins avec raffinement local du modèle. L'image scanner abdominale a été acquise par Dosigray¹ et présente un bon contraste au niveau des reins. Un modèle de référence est plongé de manière approximative dans l'image 3D comme le montre la figure 6.11 dans la ligne du haut. Le modèle est d'abord recalé (transformation rigides puis similitudes) avant d'être déformé localement (figure 6.11, ligne centrale). Les paramètres de la déformation évoluent selon le tableau suivant :

λ	β	l	nombre d'itérations
0	1	10	50
0,1	0,5	6	50
0,2	0,5	5	50

Le coefficient $\alpha = 1$ et le paramètre de rigidité $r = 5$ sont constants.

La forme de référence du modèle n'intégrant pas la cavité centrale du rein, celle-ci n'est pas reconstruite. Le fort contraste des images autorise de raffiner le modèle automatiquement dans les régions de forte courbure. Des sommets sont ainsi ajoutés dans la région de la cavité qui se dessine sur la surface comme illustré dans la ligne du bas de la figure 6.11. La déformation du modèle vers la cavité centrale nécessite des déformations suffisamment locales ($\lambda = 0,5$, $\beta = 0,1$, $l = 5$, $r = 2$).

6.5.3 Segmentation à partir de l'information de région

Nous avons réalisé la segmentation du ventricule gauche du cœur dans des images 3D acquises en géométrie cylindrique grâce à une sonde rotative. Une image haute résolution (4° d'angle) acquise par la compagnie ATL Ultrasound² nous permet de confronter différents types de forces externes dans ces images. La figure 6.12, ligne du haut, montre quelques plans de l'image ultrasonore originale. La segmentation est réalisée à trois reprises à partir d'un même modèle de référence initialisé dans la même position. Les forces externes utilisées (de gauche à droite dans l'image 6.12) sont :

- Les vecteurs de Gradient de la norme du gradient définis au paragraphe 6.1.2.
- La force de Gradient définie au paragraphe 6.2. Un seuil bas sur les valeurs admissibles du gradient permet de filtrer le bruit et la contrainte de direction du gradient renforce la discrimination des points de contour.
- La force de région définie au paragraphe 6.3.2. La cavité du ventricule gauche correspond à une région sombre de l'image entourée de lignes épaisses brillantes.

La ligne centrale de la figure 6.12 montre les modèles déformés dans les trois cas et la ligne du bas l'intersection de ces modèles dans une même coupe de l'image. La dérivée de la norme du gradient

1. http://www.fixma.es/dosigray/index_uk.html

2. ATL Ultrasound, filiale de Philips Medical System, <http://www.atl.com/>

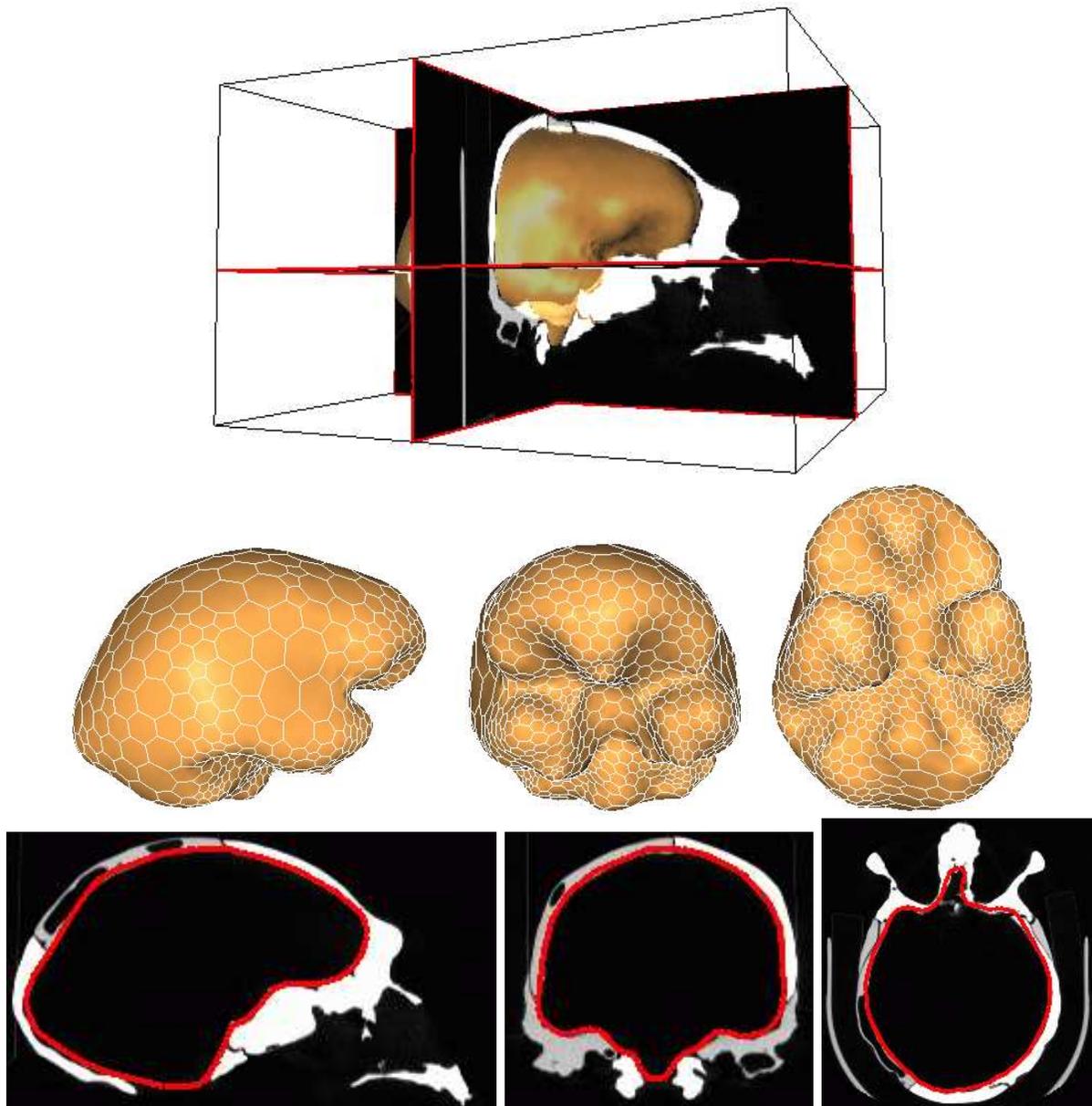


FIG. 6.10 – Image du haut: modèle de l'encéphale de l'homme de Tautavel plongé dans l'image originale. Ligne du centre: trois vues du modèle de l'encéphale. Ligne du bas: intersections du modèle et de l'image dans trois plans orthogonaux.

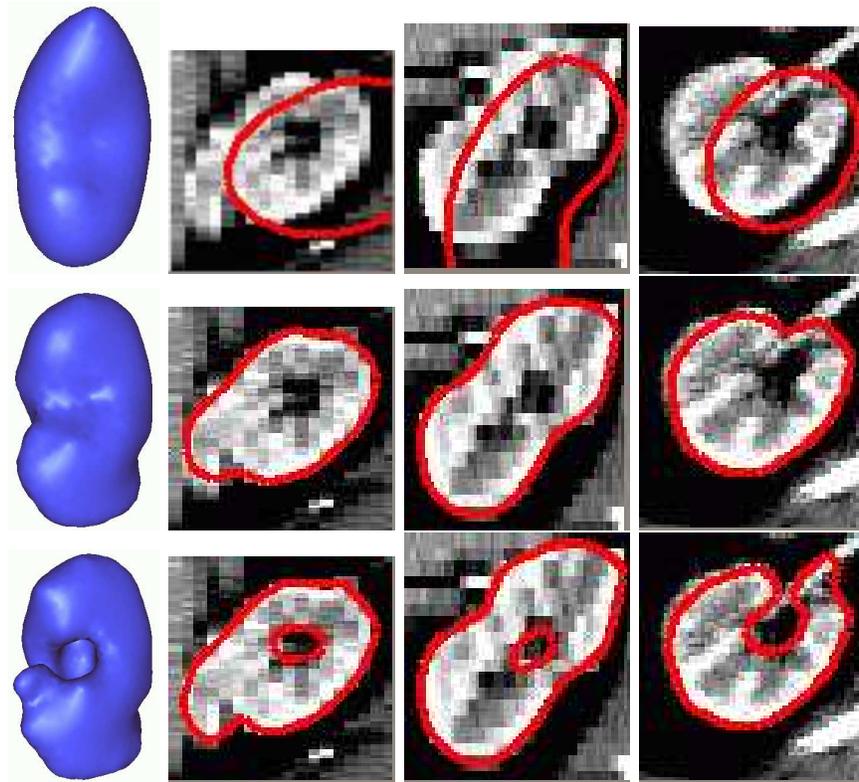


FIG. 6.11 – *Ligne du haut : modèle de référence d'un rein et son intersection dans trois plans de l'image. Ligne du centre : modèle du rein après déformation. Ligne du bas : modèle après raffinement local de la surface et déformation.*

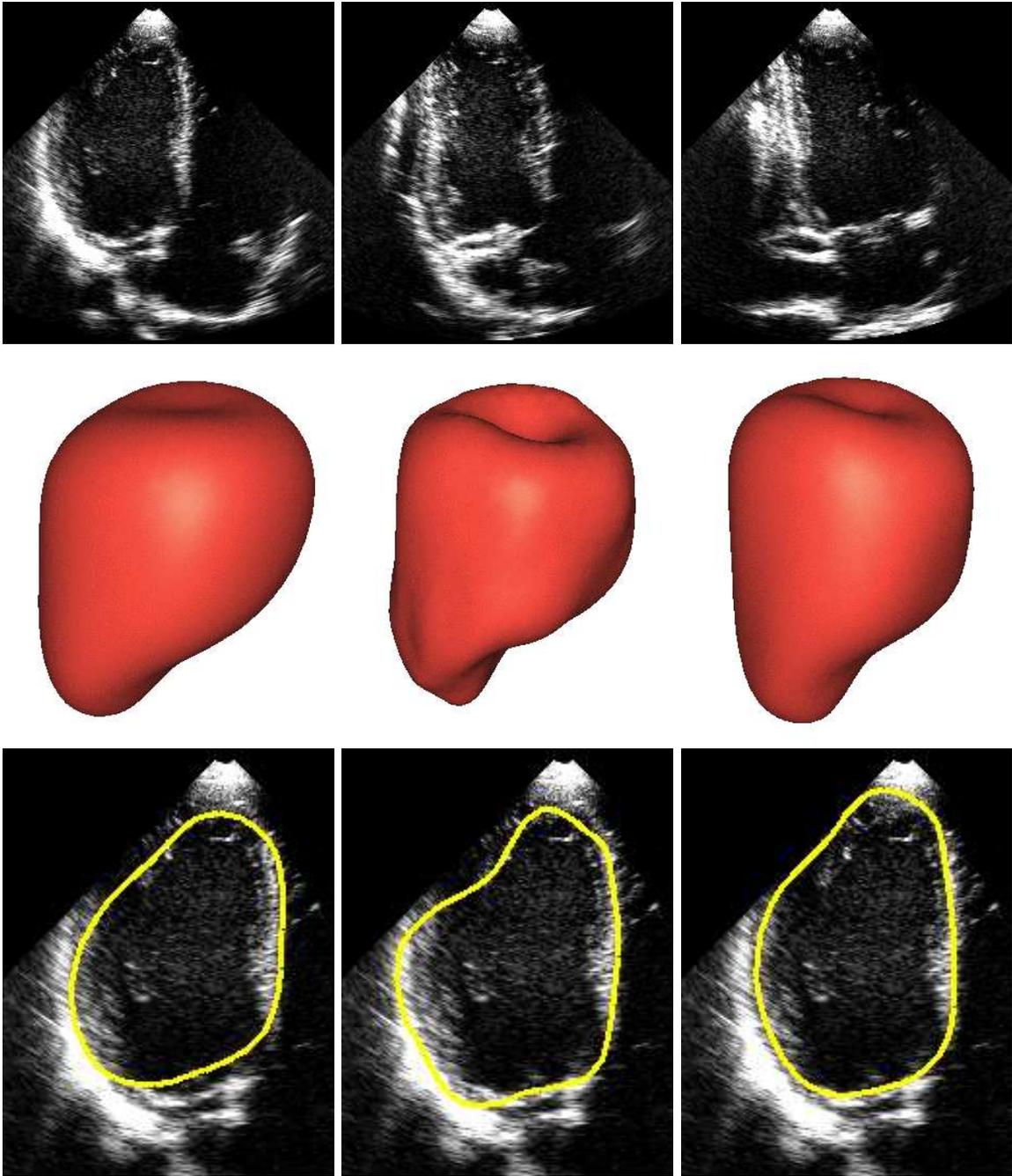


FIG. 6.12 – *Ligne du haut : trois plans de l'image ultrasonore cylindrique originale. Ligne centrale : modèles surfaciques après déformation dans l'image. Ligne du bas : intersection de chaque modèle avec un même plan de l'image.*

ne fournit pas assez d'informations en raison du niveau élevé de *speckle* présent dans les images et de l'irrégularité des points de gradient détectés. La recherche des contours par l'algorithme de propagation donne de meilleurs résultats mais reste sensible aux faux positifs de l'image. L'approche région conduit à un résultat plus fidèle aux contours. Elle renforce bien la discrimination des points de contours sélectionnés.

6.5.4 Segmentation à partir des profils d'intensité

Nous avons utilisé l'information d'intensité pour déformer un modèle de référence dans des images isotopiques. Un modèle de l'endocrâne est établi à partir d'un patient pour lequel nous disposons d'une image scanner et d'une image par tomодensitométrie par émission de positons (TEMPS) de la tête. Le modèle est construit dans l'image scanner de manière similaire à ce qui est décrit dans le paragraphe 6.5.1. Ce modèle est ensuite recalé rigidement dans l'image TEMPS à partir de l'information de gradient. Du fait de la grande robustesse du recalage rigide, une bonne déformation du modèle est possible malgré le manque de contours francs de l'image TEMPS. Une fois le modèle recalé, un profil d'intensité est capturé en chaque sommet selon la direction normale à la surface dans l'image TEMPS.

Le modèle est alors plongé dans l'image TEMPS de nouveaux patients. On utilise la corrélation entre les profils d'intensité acquis sur le patient de référence et l'image pour calculer les forces externes. En raison de la forte similarité entre les intensités de l'image de référence et des images à segmenter, le critère de somme des différences s'avère à la fois performant et robuste. Le modèle est d'abord recalé rigidement puis par transformations affines dans l'image. Des transformations locales contraintes par similitudes sont ensuite utilisées. En raison de la faible résolution des images et de la difficulté de mise en correspondance des profils d'intensité, une faible valeur du coefficient de localité assure une déformation régulière de la surface :

λ	contrainte	β	r	nombre d'itérations
0	rigide	1		100
0	similitude	1		30
0,05	similitude	0,2	5	60
0,10	similitude	0,2	4	50
0,15	similitude	0,15	3	50

Le coefficient $\alpha = 1$ est constant. La convergence est relativement lente et le nombre d'itérations nécessaire assez élevé.

La figure 6.13 montre dans la ligne du haut le modèle de référence plongé dans une image d'un autre patient. La ligne du bas montre le modèle déformé et son intersection avec le même plan de l'image.

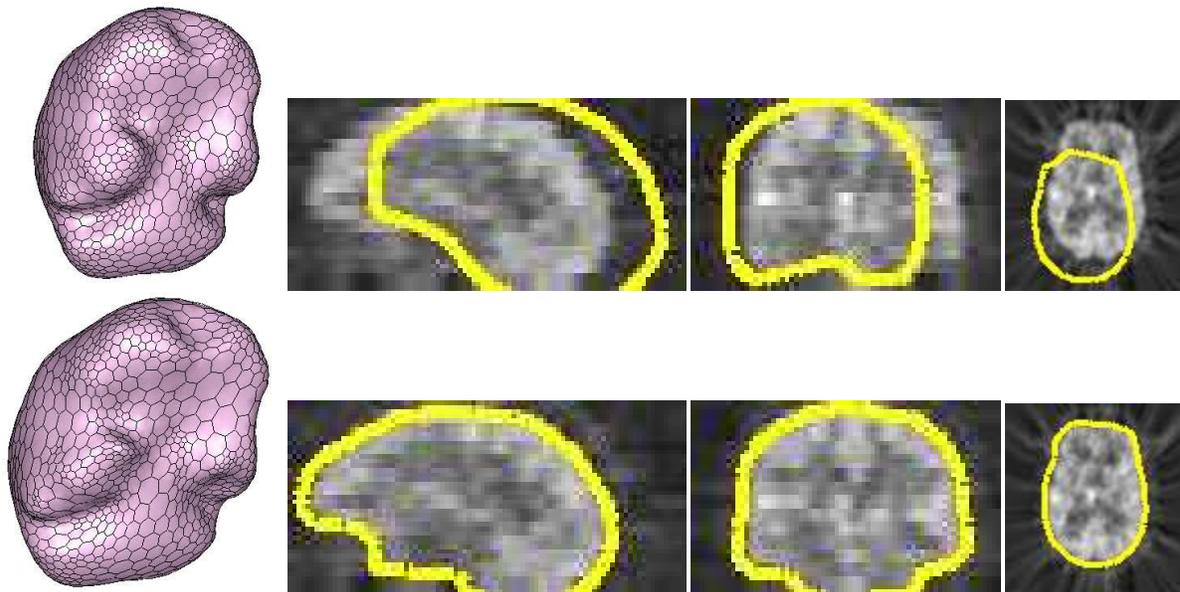


FIG. 6.13 – *Ligne du haut : modèle de l'endocrâne plongé dans une image isotopique. Ligne du bas : modèle déformé à l'aide de l'information d'intensité*

6.5.5 Recalage multimodalités

Recalage à partir des profils d'intensité

L'utilisation de critères de similarité permet d'envisager la mise en correspondance de profils d'intensité de natures différentes. On peut donc réaliser un recalage multimodalités. En comparaison des algorithmes de recalage multimodalités classiques basés sur l'optimisation d'un critère de similarité sur l'ensemble des intensités de l'image (approche iconique), cette approche apporte une information géométrique supplémentaire. Seules les intensités de l'image situées dans le voisinage de la surface sont prises en considération. En contrepartie, notre approche n'utilise qu'une quantité d'information très réduite pour estimer la transformation recalant au mieux les profils d'intensité. Elle est donc susceptible de donner des résultats moins stables. Afin d'assurer une estimation correcte de mise en correspondance, il est nécessaire de travailler avec des profils d'intensité de taille suffisante.

Une autre différence fondamentale réside dans le fait que la mise en correspondance est réalisée de manière individuelle en chaque sommet du maillage. L'algorithme estime donc un grand nombre de transformations de l'intensité locales qui génèrent des forces sur les sommets du maillage. Le champ de force est alors régularisé par les contraintes globales de déformation. Il est donc à noter que si le coefficient de corrélation ne permet d'estimer que des transformations affines de l'intensité, différentes transformations en différents points de l'image sont utilisées, autorisant en fait d'avantage de variations.

Cette approche présente des aspects similaires aux travaux de (Bouchard et al., 1997). Les auteurs utilisent une information géométrique acquise dans le repère d'une image isotopique. Un

balayage laser est utilisé pour extraire un nuage de points sur le visage du patient. Ces points sont ensuite recalés sur la surface du visage extraite d'une image scanner ou IRM. Cette information géométrique permet le recalage entre l'image de médecine nucléaire et l'image scanner ou IRM.

Expériences de recalage rigide

Nous avons utilisé la base de données de l'Université de Vanderbilt, décrite dans (West et al., 1997). Elle contient, pour plusieurs patients :

- une image scanner (taille : $512 \times 512 \times 28$ voxels, résolution : $0,65 \times 0,65 \times 4$ millimètres);
- une IRM T1 (taille : $256 \times 256 \times 26$ voxels, résolution : $1,25 \times 1,25 \times 4$ millimètres);
- une IRM T2 (taille : $256 \times 256 \times 26$ voxels, résolution : $1,25 \times 1,25 \times 4$ millimètres);
- une image TEMPS (taille : $128 \times 128 \times 15$ voxels, résolution : $2,59 \times 2,59 \times 8$ millimètres).

Les transformations rigides entre les différentes images ont été estimées de manière très précise grâce à la présence de marqueurs qui ont ensuite été retirés des images. La figure 6.14 montre un exemple d'images provenant d'un même patient dans les différentes modalités proposées.

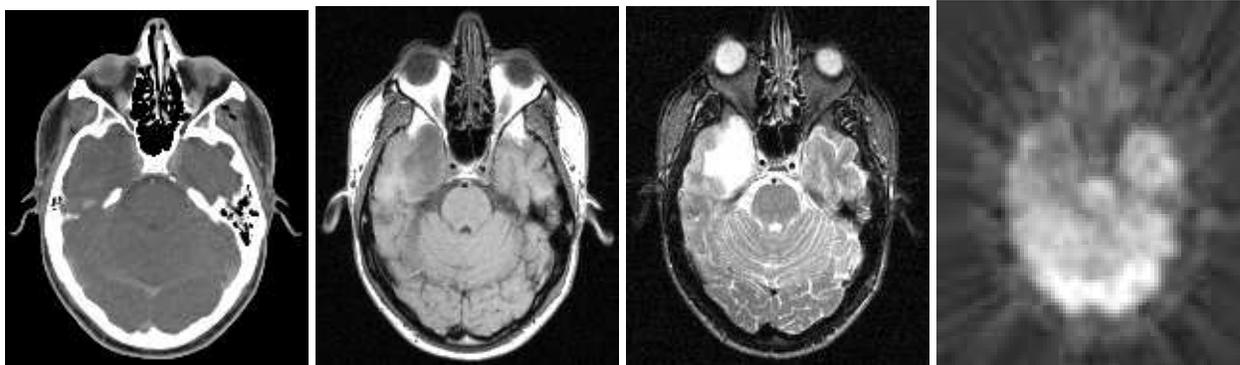


FIG. 6.14 – Coupes provenant d'images de différentes modalités d'un même patient. De gauche à droite : image scanner, IRM T1, IRM T2 et image TEMPS.

Nous avons réalisé plusieurs expériences de recalage en utilisant des modèles surfaciques de l'endocrâne du visage. Les trois mesures de similarité proposées ont été comparées pour le recalage scanner-IRM T1, IRM T1-IRM T2 et TEMPS-IRM T1. De ces expériences il ressort que :

- Le modèle surfacique du visage permet un meilleur recalage que le modèle de l'endocrâne. Ce résultat s'explique par le fait que de par sa forme sphérique dans la partie supérieure visible dans les images, l'endocrâne offre une représentation relativement ambiguë de la forme. Une représentation géométrique significative est donc importante pour obtenir un recalage précis.
- Le critère de somme des différences permet un bon recalage scanner-IRM T1. C'est peu étonnant en raison de la similarité entre les intensités perceptibles dans ces deux modalités.
- Le recalage IRM T1-IRM T2 ou TEMPS-IRM T1 nécessite l'estimation d'une transformation sur les profils d'intensité. Le critère de corrélation est alors nécessaire. La stabilité de cette estimation pose des problèmes et il est nécessaire de manipuler des profils d'intensité relativement importants (une trentaine de voxels au minimum).

Nous présentons ici le recalage scanner-IRM T1 qui conduit à de bons résultats. Le recalage d'autres modalités est encore à l'étude et nécessite des améliorations pour rendre l'estimation des paramètres de transformation plus robustes. Il est à noter que notre méthode permet facilement de créer un modèle de référence dans une image de la modalité désirée (disons TEMPS), d'en extraire les profils d'intensité, de déformer ce modèle de manière non rigide dans l'image (disons scanner) d'un autre patient par une technique classique puis d'utiliser les profils d'intensité originaux pour réaliser le recalage rigide scanner-TEMPS du patient étudié. Les profils d'intensité utilisés pour le recalage sont ainsi de même nature et leur mise en correspondance peut être réalisée par un critère robuste de somme des différences.

Nous réalisons le recalage rigide du modèle de visage en utilisant les profils d'intensité extraits de l'image scanner. Un critère de somme des différences est utilisé pour la mise en correspondance des profils d'intensité dans l'image par résonance magnétique. Alors que le modèle converge vers sa position d'équilibre, nous réduisons peu à peu le seuil minimum admissible de la mesure de similarité. Les points attracteurs sont ainsi d'avantage filtrés. Dans les dernières étapes de déformation, seules les très bonnes mises en correspondance sont prises en considération. En contrepartie, le processus de recalage est ralenti par le faible nombre d'appariements utilisés à chaque itération pour estimer la transformation rigide. La convergence d'un modèle nécessite au total un vingtaine de minutes sur une Alpha Personal Workstation 500.

La figure 6.15 montre sur la ligne du haut un modèle du visage extrait de l'image scanner, ce même modèle plongé dans l'image IRM T1 puis le modèle après recalage rigide. Pour cet expérience, un modèle grossier suffit puisqu'on ne s'intéresse pas particulièrement à la représentation géométrique. Les deux lignes du bas montrent l'intersection du modèle avec trois plans de l'image avant et après recalage.

Nous connaissons la transformation rigide $(\mathbf{R}_e, \mathbf{t}_e)$ exacte entre un couple d'images scanner et IRM T1. La transformation rigide (\mathbf{R}, \mathbf{t}) obtenue par recalage est comparée à $(\mathbf{R}_e, \mathbf{t}_e)$ en calculant l'erreur en translation (δt) et en rotation ($\delta \mathbf{R}$) de la manière suivante :

$$\delta t = \|\mathbf{t}_e - \mathbf{t}\|$$

$$\delta \mathbf{R} = \mathbf{R}_e^{-1} \mathbf{R}.$$

L'angle $\delta \theta$ de la rotation $\delta \mathbf{R}$ est utilisé comme une mesure plus intuitive de l'erreur en rotation. La figure 6.16 montre l'erreur obtenue pour quatre patients différents et l'erreur quadratique moyenne résultante. L'erreur quadratique moyenne, ou RMS (*Root Mean Square*), d'un ensemble de valeurs $\{v_i\}_i$ est définie comme :

$$e = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_i v_i^2}.$$

Ces résultats sont à comparer à ceux d'une technique éprouvée de recalage rigide (Roche et al., 1999). Pour la même expérience de recalage, les résultats obtenus en utilisant le coefficient de corrélation et l'information mutuelle sur l'ensemble des voxels de l'image sont donnés sur la figure 6.17

Cette approche donne donc des résultats encourageants mais nécessite encore d'être optimisée.

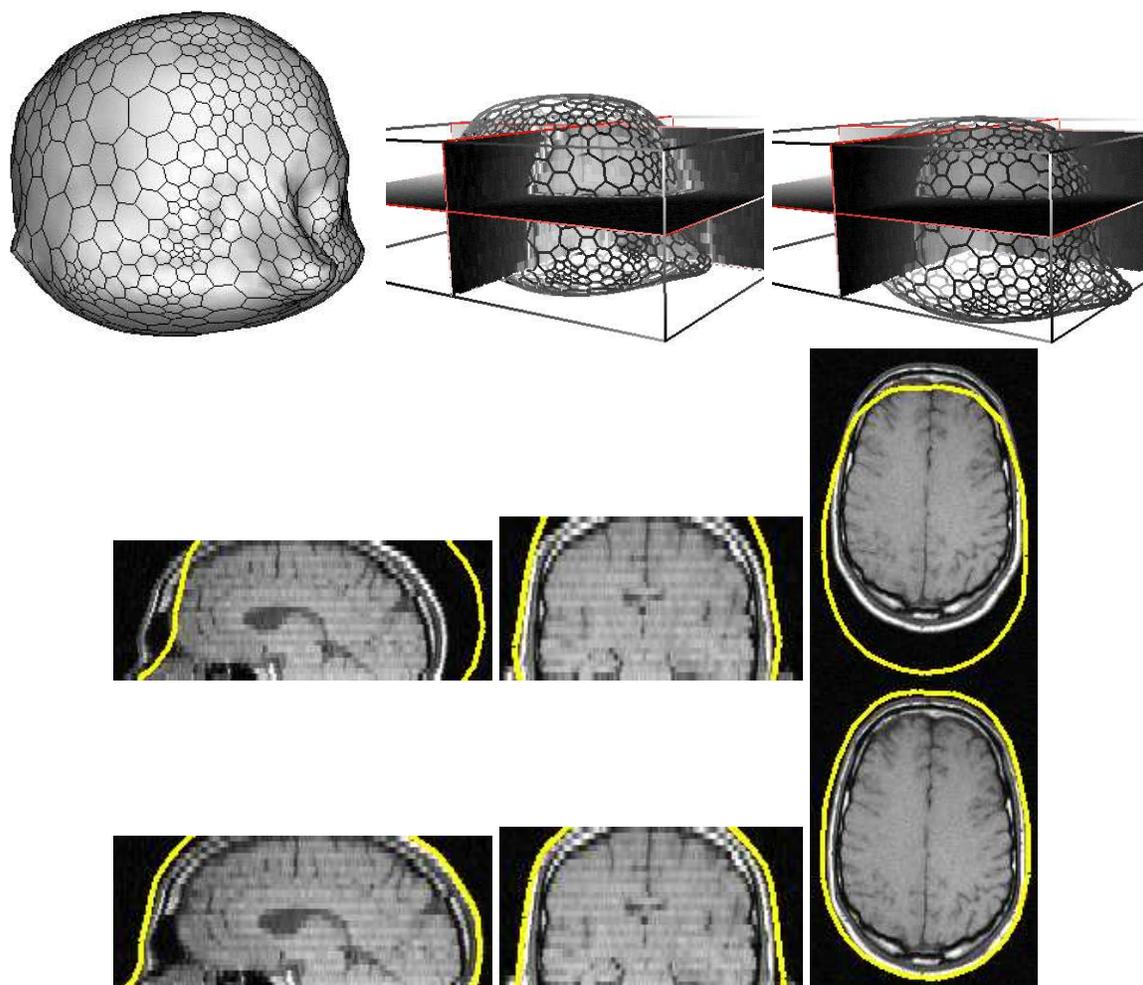


FIG. 6.15 – *Recalage multimodal scanner-IRM T1. Ligne du haut : modèle reconstruit à partir de l'image scanner, modèle plongé dans l'IRM T1 et modèle plongé dans l'image après recalage rigide. Ligne centrale : intersection du modèle et de trois plans de l'image avant recalage. Ligne du bas : intersection du modèle avec les mêmes plans après recalage.*

	δt (mm)	$\delta \theta$
patient 1	4.74	0.97
patient 2	1.18	0.76
patient 3	10.70	1.46
patient 4	1.94	1.00
RMS	5.96	1.08

FIG. 6.16 – *Erreurs de recalage en translation et en rotation*

RMS	δt (mm)	$\delta \theta$
recalage par modèle (somme des différences)	5.96	1.08
coefficient de corrélation	2.28	0.31
information mutuelle	2.19	0.58

FIG. 6.17 – Comparaison du recalage par modèle, par maximisation du coefficient de corrélation et par l'information mutuelle.

6.6 Segmentation des angioscanners du foie

Dans le cadre du projet européen MASTER³ et de l'action AISIM⁴, les projet Epidaure, Sinus, Imagis, Sharp et Mostra de l'INRIA⁵, en collaboration avec l'IRCAD⁶, développent un prototype de simulateur de chirurgie laparoscopique. La première étape de la construction du simulateur est l'extraction d'un modèle géométrique du foie, de ses arborescences vasculaires et des structures pathologiques à partir de l'image scanner d'un patient. Nous nous intéressons ici à la segmentation de l'enveloppe du foie telle que présentée dans (Montagnat et Delingette, 1997a; Montagnat et al., 1997). L'extraction des arborescences vasculaire, des structures pathologiques et la création des segments anatomiques de Couinaud (Couinaud, 1957) est détaillée dans (Soler et al., 1997; Soler, 1998). La création d'un modèle volumique du foie avec des propriétés biomécaniques réalistes et son intégration dans un simulateur de chirurgie à retour d'efforts est présentée dans (Cotin, 1997; Picinbono et Lombardo, 1999; Lombardo et al., 1999). Enfin, le rendu réaliste du foie est abordé dans (Neyret et Cani, 1999).

La segmentation du foie dans des image médicales 3D a attiré l'attention de nombreux auteurs (Bellon et al., 1997; Kobashi et Shapiro, 1995; Bae et al., 1993) pour l'étude du foie fœtal (Ruff et al., 1996), la planification de radiothérapie (Boes et al., 1995) et la planification de chirurgie (Fishman et al., 1996). (Dokládál et al., 1999) s'intéressent à l'extraction de l'arborescence vasculaire du foie.

6.6.1 Présentation des images

Les images de l'abdomen traitées sont acquises par un scanner hélicoïdal. La prise d'image dure une trentaine de secondes, alors que le patient réalise une apnée, pour produire une image de l'ordre de $512 \times 512 \times 80$ voxels de résolution $0,5 \times 0,5 \times 3$ millimètres. L'image est acquise quelques secondes après l'injection d'un produit de contraste par voie *intraveineuse* par le bras du patient. Le temps nécessaire au produit de contraste pour cheminer du bras du patient à la veine porte du foie (*temps porte*) est de l'ordre d'une cinquantaine de secondes mais il dépend de la morphologie du patient. L'injection rehausse le contraste dans l'ensemble de l'image grâce à la diffusion du produit dans le sang, et en particulier permet la visualisation du système porte du foie. Si le temps porte est

3. Minimal Access Surgery by Telecommunications and Robotics

4. <http://www-sop.inria.fr/epidaure/AISIM/index-gb.html>

5. Institut National de Recherche en Informatique et Automatique, <http://www.inria.fr/>

6. Institut de Recherche contre le Cancer de l'Appareil Digestif, <http://www.ircad.com/>

mal estimé, l'image est plus difficile à traiter et il peut être impossible de segmenter l'arborescence vasculaire.

Les angioscanners du foie résultants sont des images plus ou moins contrastées, dans lesquelles le foie présente un aspect assez texturé avec des niveaux de gris proches des structures anatomiques voisines (muscles intercostaux, estomac, intestins). Le foie est un organe mou dont la forme est très variable d'un individu à l'autre. La figure 6.18 montre trois exemples de coupes scanner provenant de trois patients différents. D'avantage d'informations sur les angioscanners du foie sont disponibles dans (Soler, 1998), chapitre 3, et l'annexe B de ce manuscrit donne une rapide présentation de l'anatomie du foie.

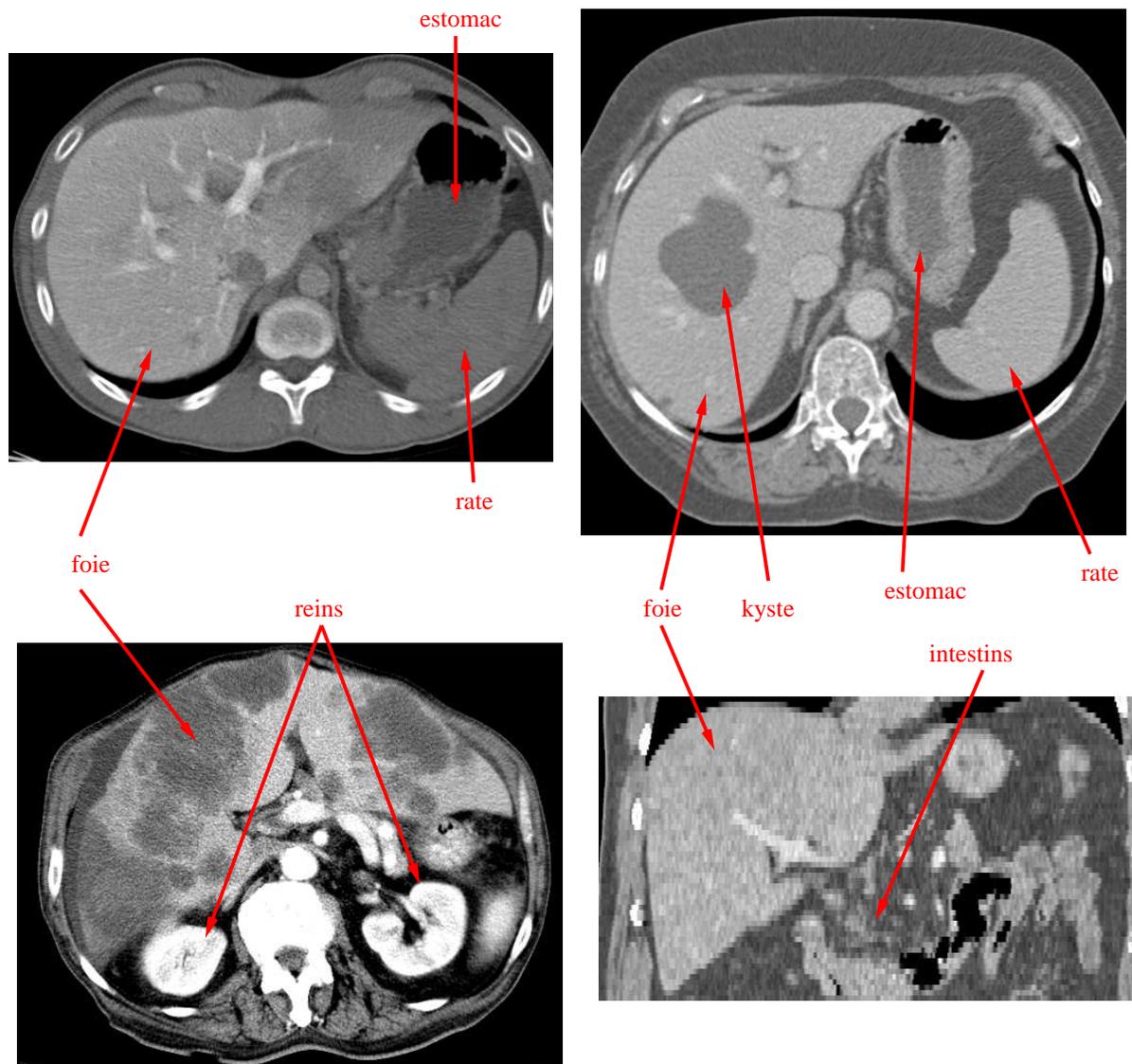


FIG. 6.18 – En haut et en bas à gauche : trois coupes coronales de trois scanners abdominaux. En bas à droite : une coupe transversale mettant en évidence la forte anisotropie des images (aspect des voxels en «marches d'escalier» dans la troisième dimension).

6.6.2 Segmentation par modélisation de la texture

Le foie apparaît très texturé dans les images angiographiques abdominales. La figure 6.19 montre des échantillons de texture extraits à partir d'une coupe dans une image scanner.

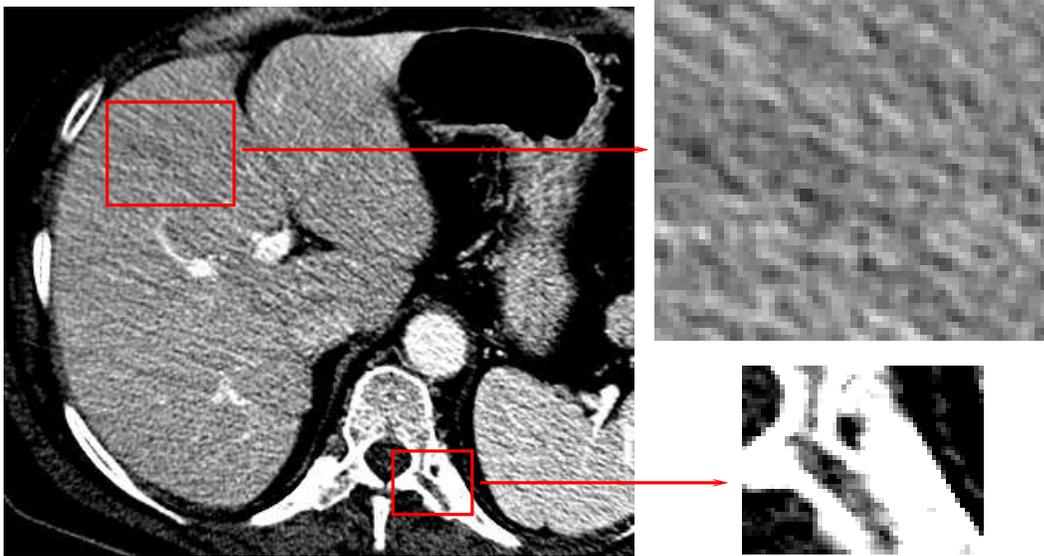


FIG. 6.19 – Exemple de coupe abdominale tomographique du foie et échantillons de texture du parenchyme hépatique et des os.

Les distributions de Gibbs construites à partir de champs aléatoires de Markov (*Markov Random Fields* ou MRF en anglais) permettent de modéliser le bruit ou la texture d'une image en niveaux de gris. Nous avons utilisé cette approche pour la segmentation des angioscanners du foie.

Le résumé de la théorie des distributions de Gibbs, des champs aléatoires de Markov, et de la segmentation Bayésienne d'images texturées présenté ici est extrait des articles de (Derin et Elliott, 1987; Geman et Geman, 1984; Derin et al., 1984; Cross et Jain, 1983).

Distributions de Gibbs

Soit :

$$\Omega \subset \mathbb{R}^2 = \{(i,j) | i \in \llbracket 1, n_1 \rrbracket, j \in \llbracket 1, n_2 \rrbracket\}$$

une grille rectangulaire régulière. L'ensemble

$$\eta = \{\eta_{ij} | (i,j) \in \Omega, \eta_{ij} \subset \Omega\}$$

est un système de voisinage de Ω si et seulement si

$$\begin{cases} (i,j) \notin \eta_{ij} \\ (k,l) \in \eta_{ij} \Rightarrow (i,j) \in \eta_{kl}. \end{cases}$$

Des exemples de voisinages sont $\eta^{(1)}$ (4-voisins), $\eta^{(2)}$ (8-voisins), $\eta^{(3)}$ (12-voisins) tels qu'illustrés sur la figure 6.20. Dans la suite on utilisera le système de voisinage $\eta^{(2)}$.

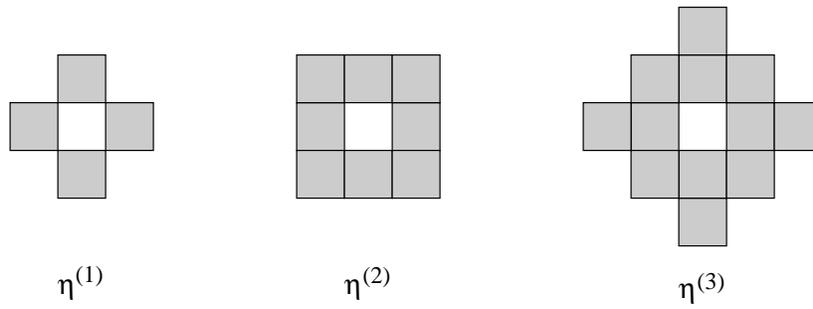


FIG. 6.20 – Les systèmes de voisinage $\eta^{(1)}$, $\eta^{(2)}$ et $\eta^{(3)}$.

On appelle clique d'un couple (Ω, η) un sous ensemble c de Ω réduit à un singleton $\{(i, j)\}$ ou vérifiant la propriété :

$$\forall (i, j) \neq (k, l), (i, j) \in c \text{ et } (k, l) \in c \Rightarrow (i, j) \in \eta_{kl}.$$

L'ensemble $C_{\eta^{(2)}}$ des cliques de $\eta^{(2)}$ est présenté de manière exhaustive sur la figure 6.21.

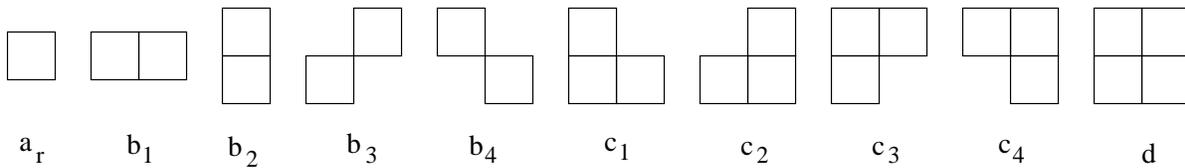


FIG. 6.21 – Ensemble des cliques de $\eta^{(2)}$ et poids associés.

Soit $\mathcal{X} = \{\mathcal{X}_{ij}\}_{(i,j) \in \Omega}$ un champ aléatoire défini sur Ω à valeur dans un ensemble fini $\llbracket 1, n \rrbracket$. On note X une réalisation de \mathcal{X} et X_{ij} un pixel de X . G représente les classes admissibles pour chaque pixel de \mathcal{X} . On dit que \mathcal{X} possède une distribution de Gibbs si

$$P(\mathcal{X} = X) = \frac{1}{Z} e^{-E(X)}$$

où $E(X) = \sum_{c \in C_\eta} V_c(X)$ est un énergie et $Z = \sum_X e^{-E(X)}$ est une constante de normalisation. La fonction V_c est un potentiel déterminant la contribution de chaque clique (interaction entre pixels voisins) à l'énergie totale. Elle ne dépend que de la valeur des pixels dans la clique c . Pour les cliques réduites à un singleton, $V_c(X) = a_r$ si $X_{ij} = r \in \llbracket 1, n \rrbracket$. Le paramètre a_r contrôle le pourcentage de pixels dans chaque classe. Pour les autres cliques V_c est définie comme :

$$V_c(X) = \begin{cases} -P(c) & \text{si tous les pixels } X_{ij} \text{ de } c \text{ sont égaux} \\ P(c) & \text{sinon,} \end{cases}$$

où $P(c)$ est un poids associé à la clique c . Ces paramètres contrôlent la taille et la direction des regroupements de pixels. Dans le voisinage $\eta^{(2)}$, on note a , b , c et d les paramètres de poids des cliques conformément à la figure 6.21.

Champs aléatoires de Markov

Un champ aléatoire de Markov $\mathcal{X} = \{\mathcal{X}_{ij}\}_{(i,j) \in \Omega}$ à valeurs dans $\llbracket 1, n \rrbracket$ est défini par une probabilité vérifiant :

$$P(\mathcal{X}_{ij} = r | X) = P(\mathcal{X}_{ij} = r | \forall (k,l) \in \eta_{ij}, \mathcal{X}_{kl} = X_{kl}).$$

C'est à dire que la probabilité d'un pixel du champ d'appartenir à une classe donnée ne dépend que d'un voisinage restreint du pixel. Les champs aléatoires de Markov sont adaptés à la modélisation d'images puisqu'il existe une très forte cohérence spatiale de l'intensité de pixels voisins dans une image si elle ne se réduit pas à un bruit blanc aléatoire.

On montre que \mathcal{X} est un champ aléatoire de Markov si et seulement si $P(\mathcal{X} = X)$ est une distribution de Gibbs. Il est ainsi possible de construire une réalisation X de \mathcal{X} par une chaîne Markovienne $\{X^n\}_n$ où chaque X^{n+1} est obtenu à partir de X^n en mettant aléatoirement à jour un pixel (i,j) de X^n avec la probabilité

$$P(\mathcal{X}_{ij} = r | \mathcal{X}^n) = \frac{1}{Z_{ij}} e^{-E(X_r)},$$

où la réalisation X_r est identique à la réalisation X sauf au pixel (i,j) qui prend la valeur r .

La figure 6.23, colonne (a), montre deux images obtenues par une chaîne de Markov. Dans les deux cas l'image prend ses valeurs dans $\llbracket 1, 2 \rrbracket$ et la probabilité d'un pixel d'appartenir à l'une des deux classes est identique ($a_1 = a_2$). Seules les cliques à moins de trois éléments sont prises en considération ($c_1 = c_2 = c_3 = c_4 = d = 0$). Dans l'image du haut, les cliques «verticale» et «horizontale» sont privilégiées ($b_1 = b_2 = +1, b_3 = b_4 = -1$). Dans l'image du bas au contraire les cliques «obliques» sont privilégiées ($b_1 = b_2 = b_3 = -1, b_4 = +2$). L'image de la colonne (b) est également obtenue par un champ Markovien avec les paramètres $a_1 = a_2, b_1 = b_2 = b_3 = b_4 = +1$ et $c_1 = c_2 = c_3 = c_4 = d = 0$.

Algorithme de segmentation

La modélisation d'une image par un champ de Markov s'applique à la segmentation d'images bruitées ou d'images texturées. Une image I est considérée comme la réalisation d'un champ aléatoire $\mathcal{I} = \{\mathcal{I}_{ij}\}_{ij}$. On cherche à déterminer \mathcal{I} dont les classes sont caractéristiques des structures de I . Le champ \mathcal{I} est déterminé à partir d'un champ aléatoire \mathcal{X} sous-jacent. Le champ \mathcal{X} à valeurs dans $\llbracket 1, n \rrbracket$ est simplement une fonction de partition. Soit X une réalisation de \mathcal{X} , un pixel (i,j) appartient à la classe k si $X_{ij} = k$.

Segmentation de régions uniformes dans une image bruitée

La modélisation d'une image constituée de régions uniformes perturbées par un bruit additif Gaussien s'exprime :

$$\mathcal{I}_{ij} = F(\mathcal{X}_{ij}) + \mathcal{N}_{ij} \tag{6.1}$$

où F est une fonction de mise en correspondance des classes et des intensités ($F(\mathcal{X}_{ij}) = g_r \in G$ si $\mathcal{X}_{ij} = r$) et \mathcal{N}_{ij} est un bruit Gaussien de moyenne 0 et de variance σ^2 .

La segmentation de l'image nécessite d'estimer la meilleure réalisation \bar{X} de \mathcal{X} connaissant la réalisation I . On formule le problème comme une maximisation *a posteriori*:

$$\bar{X} = \arg \max_X P(\mathcal{X} = X | \mathcal{I} = I) = \arg \max_X \frac{P(\mathcal{I} = I | \mathcal{X} = X) P(\mathcal{X} = X)}{P(\mathcal{I} = I)}.$$

On cherche donc à maximiser

$$\ln P(\mathcal{X} = X) + \ln P(\mathcal{I} = I | \mathcal{X} = X).$$

La probabilité $P(\mathcal{X} = X)$ est une distribution de Gibbs donc :

$$\ln P(\mathcal{X} = X) = -\ln Z - E(X) \quad (6.2)$$

Puisque le bruit est Gaussien,

$$P(\mathcal{I} = I | \mathcal{X} = X) = \prod_{r=0}^h \prod_{(i,j) \in S_r} P(\mathcal{I}_{ij} = I_{ij} | \mathcal{X} = X) = \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} \right)^{n_1 n_2} \prod_{r=0}^h \prod_{(i,j) \in S_r} e^{-\frac{(I_{ij} - g_r)^2}{2\sigma^2}}$$

où $S_r = \{(i,j) \in \Omega | \mathcal{X}_{ij} = r\}$, soit :

$$\ln P(\mathcal{I} = I | \mathcal{X} = X) = -\frac{n_1 n_2}{2} \ln(2\pi\sigma^2) - \frac{1}{2\sigma^2} \sum_{r=0}^h \sum_{(i,j) \in S_r} (I_{ij} - g_r)^2. \quad (6.3)$$

(Derin et Elliott, 1987) proposent une représentation récursive de la somme des équations 6.2 et 6.3 permettant une résolution par programmation dynamique. Cette formulation dynamique est indispensable à la résolution du problème en un temps raisonnable. La maximisation directe nécessiterait d'estimer la probabilité sur $(h+1)^{n_1 n_2}$ configurations possibles. La figure 6.22 montre un exemple de segmentation d'image par cet algorithme. L'image originale (à gauche) est bruitée par un bruit Gaussien (au centre, $\sigma = 15$) puis segmentée (à droite). Dans ce cas, l'image est synthétisée et les régions uniformes correspondent donc à une distribution de Gibbs dont les paramètres sont connus de manière exacte.

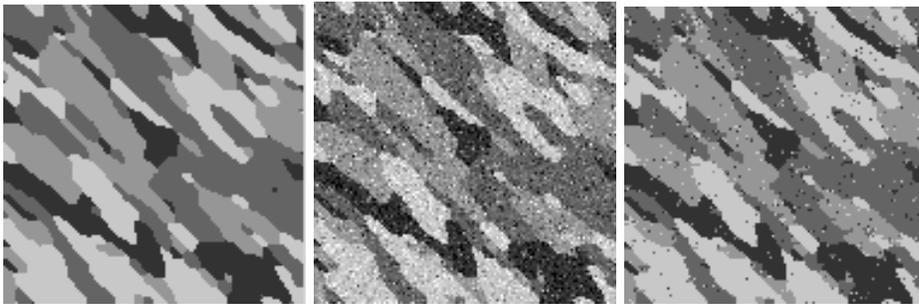


FIG. 6.22 – Segmentation d'une image Markovienne constituée de quatre classes. À gauche : image originale synthétique d'une distribution de Gibbs. Au centre : image originale bruitée par un bruit Gaussien. À droite : image segmentée.

Segmentation de régions texturées dans une image

Dans le cas de régions texturées, on considère que l'image est composée de m textures T^1, \dots, T^m , chacune étant définie comme une distribution de Gibbs prenant ses valeurs dans G . L'image est alors modélisée par :

$$\mathcal{I}_{ij} = F(\mathcal{X}_{ij}), \quad F(\mathcal{X}_{ij}) = T_{ij}^r \text{ si } \mathcal{X}_{ij} = r. \quad (6.4)$$

L'arrangement des textures en régions est également gouverné par une distribution de Gibbs. Ce modèle haut niveau représente la distribution spatiale des différentes régions dans l'image.

On exprime la probabilité *a posteriori* comme dans le cas précédent. Le premier terme ($\ln P(\mathcal{X} = X)$) est identique et peut se résoudre de la même manière. Le second terme est en revanche plus difficile à résoudre car \mathcal{I}_{ij} n'est plus simplement dépendant de \mathcal{X}_{ij} mais aussi d'autres \mathcal{X}_{kl} en des pixels voisins. (Derin et Elliott, 1987) proposent une approximation du maximum *a posteriori* permettant de se ramener à une résolution par programmation dynamique. En faisant les hypothèses :

$$\begin{aligned} (i) \quad P(\mathcal{X} = X) &= \prod_{(i,j) \in \Omega} P(\mathcal{X}_{ij} = X_{ij}) \\ (ii) \quad P(\mathcal{X} = X | \mathcal{I} = I) &= \prod_{(i,j) \in \Omega} P(\mathcal{X}_{ij} = X_{ij} | \mathcal{I} = I) \\ (iii) \quad P(\mathcal{X}_{ij} = X_{ij} | \mathcal{I} = I) &= \prod_{(i,j) \in \Omega} P(\mathcal{X}_{ij} = X_{ij} | \mathcal{I}_{\nu_{ij}} = I_{\nu_{ij}}), \end{aligned}$$

où ν_{ij} est un voisinage de (i,j) , le second terme de la probabilité *a posteriori* s'exprime :

$$\ln P(\mathcal{I} = I | \mathcal{X} = X) = \ln k_0 + \sum_{r=0}^h \sum_{(i,j) \in S_r} \ln P(\mathcal{X}_{ij} = X_{ij} | \mathcal{X}_{ij} = r).$$

Les approximations (i) et (ii) d'indépendance et d'indépendance conditionnelle des \mathcal{X}_{ij} sont fausses mais justifiables par le fait que la dépendance est déjà prise en compte dans le premier terme de la probabilité. L'approximation (iii) de dépendance sur un faible voisinage seulement est raisonnable dans le cas du traitement d'images.

Un exemple de segmentation en utilisant cet algorithme a été mis en œuvre sur la figure 6.23. Deux textures sont générées dans la colonne (a). Une troisième distribution de Gibbs définit des régions pour chaque texture (b). L'image de travail est obtenue par combinaison des deux textures et de l'image de régions (c) et (d). L'algorithme permet de classer chaque pixel de l'image (d) comme illustré en (e) malgré le manque de lisibilité de l'image. En dépit de l'utilisation de la programmation dynamique, le temps de calcul est assez élevé, même pour des images de taille relativement modeste.

Estimation des paramètres d'une texture

Dans le cas de la segmentation d'images réelles, les algorithmes proposés ci-dessus nécessitent de connaître les paramètres des distributions de Gibbs considérées. Plusieurs algorithmes («échantillonneurs de Gibbs») sont proposés dans la littérature pour extraire les paramètres $(a_1, \dots, a_n, b_1, b_2, b_3, b_4, c_1, c_2, c_3, c_4, d)$ à partir d'un échantillon de la texture considérée. Cependant, il s'est avéré difficile d'estimer des paramètres réalistes du parenchyme hépatique montré dans la

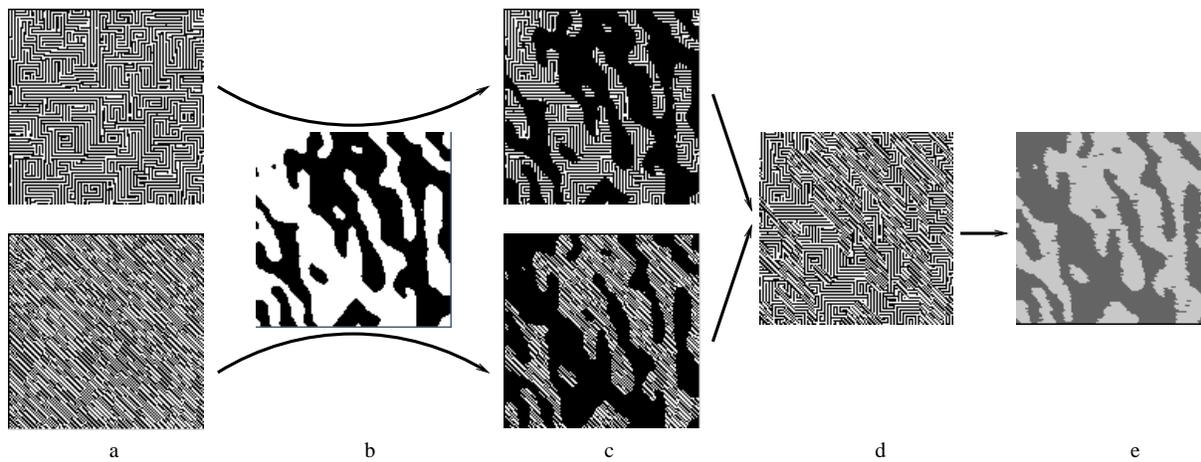


FIG. 6.23 – Deux champs Markoviens binaires (a) sont combinés selon des régions définies par une troisième champ (b) pour former l'image (d). La segmentation du troisième champ produit l'image (e).

figure 6.19. La raison principale est que la colonne vertébrale présente dans les images provoque un effet de masse plus ou moins sensible en fonction des coupes. Les rayons-X réfléchis sur la masse compacte de la colonne rayonnent autour et provoquent une texturation artificielle de l'image. Les tissus du foie sont striés dans une direction qui évolue tout autour de la colonne. Comme les distributions de Gibbs s'appuient sur des directions privilégiées de regroupement, par l'intermédiaire des cliques, il est difficile de trouver des paramètres valables pour l'ensemble du volume hépatique.

Segmentation d'une image scanner

Devant les difficultés exposées au paragraphe précédent, nous avons réalisé la segmentation du foie dans une coupe tomographique en considérant les tissus comme des zones homogènes bruitées. Cette hypothèse n'est pas complètement valide puisque le bruit présent dans l'image n'est pas Gaussien et que les tissus ne sont pas complètement homogènes. Dans le volume hépatique en particulier, les vaisseaux apparaissent de manière plus lumineuse en raison de l'utilisation d'un produit de contraste.

Afin de segmenter la coupe en un temps raisonnable, nous avons réduit l'image en quatre couleurs (figure 6.24 à gauche) et nous avons segmenté l'image (à droite) en ne considérant que trois classes de tissus : le fond (en noir) le parenchyme hépatique (en gris foncé) et les os (en gris clair).

Conclusion

Cette approche s'est révélée très coûteuse en temps, même sur des images 2D. Si l'extension au traitement des textures tridimensionnelles est directe, elle semble difficilement exploitable en raison de la complexité algorithmique engendrée. En outre, la formulation Bayésienne ne permet pas de prendre en compte l'information *a priori* de forme qu'apporte une surface déformable.

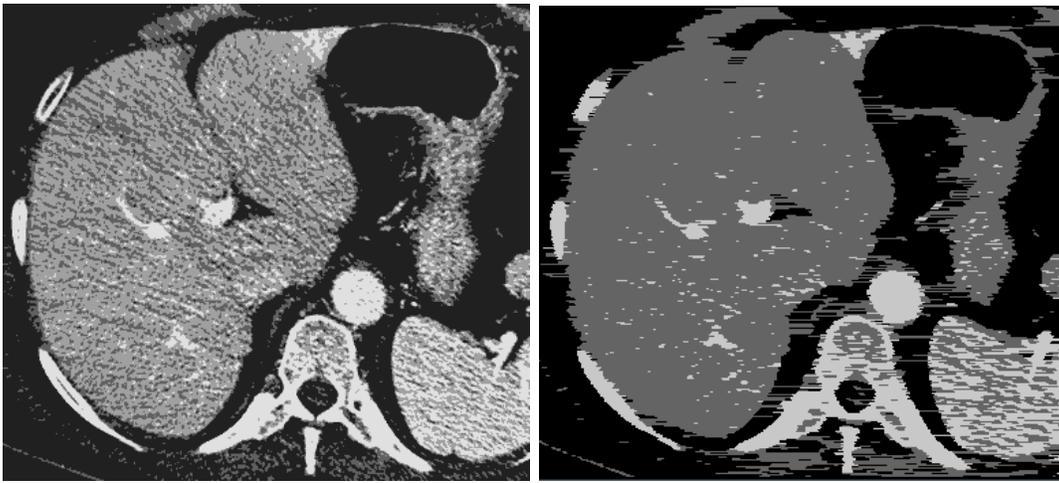


FIG. 6.24 – Réduction de l'image du foie en quatre couleurs (à gauche) et segmentation par champs Markoviens en utilisant trois classes de tissus (à droite) : le parenchyme, les os et le fond.

6.6.3 Segmentation par modèle déformable

Devant les difficultés rencontrées par l'approche précédentes, nous avons défini un protocole pour la segmentation des angioscanners du foie par modèle déformable à partir des techniques décrites dans ce manuscrit.

Nous avons construit un modèle de référence de manière semi-automatique à partir des images criogéniques du *Visible Human Project*⁷ de la *National Library of Medicine*⁸ américaine.

Le modèle est initialisé grossièrement dans l'image. Il est ensuite recalé par des transformations rigides, des similitudes puis des transformations affines. Il est alors déformé sous contrainte globale affine en introduisant une composante locale croissante par augmentation progressive du coefficient de localité λ . L'évolution de λ est réalisée de manière automatique. Une contrainte de forme est appliquée au modèle sur un voisinage dont la taille diminue avec la convergence du processus de déformation :

λ (localité)	contrainte	β (externe)	r (rigidité)	l (portée)
0	rigide	1		25
0	similitude	1		20
0	affine	1		15
0,1	affine	0,5	10	12
0,2	affine	0,3	6	12
0,35	affine	0,25	4	8

Le coefficient $\alpha = 1$ reste constant.

La figure 6.25 montre les déformations subies par le modèle de référence jusqu'à sa convergence vers le foie d'un patient particulier.

7. <http://www.nlm.nih.gov/research/visible/>

8. <http://www.nlm.nih.gov/>

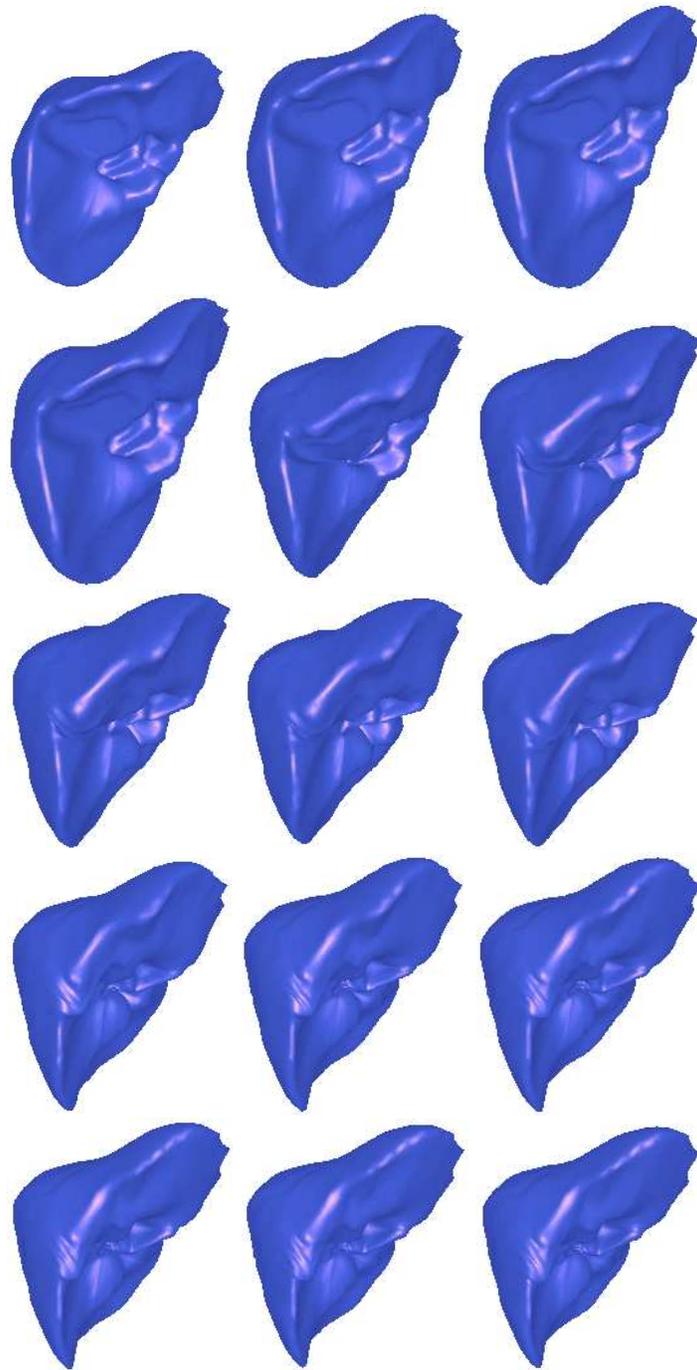


FIG. 6.25 – *Un exemple de déformation de la surface du foie.*

La figure 6.26 montre l'intersection d'un modèle du foie déformé avec un plan coronal sur trois de l'image scanner. Les coupes sont ordonnées du haut en bas, de gauche à droite depuis le bas vers le haut de l'abdomen. En raison de la résolution relativement grossière du modèle, l'interstice entre lobe gauche et lobe droit du foie (visible dans la première colonne, quatrième ligne) n'est pas segmentée. De petites erreurs de segmentation apparaissent en particulier dans la zone supérieure où le foie est tangent aux plans de coupe et vient en contact du cœur. Le diaphragme délimitant les deux organes n'est que très peu visible dans l'image et seules les contraintes de forme assurent la régularisation de la surface. Les figures 6.27 et 6.28 montrent l'intersection du même modèle avec des plans régulièrement espacés dans les directions sagittale et frontale.

La figure 6.29 montre quelques exemples de reconstructions surfaciques du foie, illustrant la variabilité anatomique de cet organe.

Validation par un expert

L'estimation de la qualité des résultats de segmentation obtenus est une tâche particulièrement délicate en l'absence de données quantitatives comparables au modèle déformé (Bello et Colchester, 1998). La comparaison de la segmentation automatique à celle d'un expert humain est souvent mise en avant (Bellon et al., 1997). Cependant, la segmentation manuelle d'une image 3D est délicate et un opérateur humain utilise en général les coupes indépendamment les unes des autres, en tenant peu compte de la continuité dans la troisième dimension. Ceci entraîne des erreurs de segmentation visibles lorsqu'on considère l'empilement des coupes. De plus, les images médicales 3D sont sujettes à des effets de volume partiel qui délocalisent de manière sensible les frontières «visibles» des objets par rapport à leur position réelle (voir figure 6.30). Cet effet est d'autant plus important que l'anisotropie de l'image est grande. De par sa nature surfacique, un modèle est capable de compenser en partie les effets de volume partiel. À ce titre, il est à noter que images 2D présentées dans ce manuscrit avec la superposition de l'intersection du modèle peuvent se révéler assez trompeuses.

Même en supposant que l'on dispose d'une segmentation parfaite de l'image, une autre difficulté de la validation est l'estimation de paramètres quantitatifs significatifs permettant de comparer de manière objective deux segmentations. (Soler, 1998), au paragraphe 6.3, présente des résultats de validation de notre méthode de segmentation. L'ensemble des coupes de trois images scanner ont été segmentées manuellement par un radiologue, ce qui représente environ trente heures de travail. On note :

- Exp_z : l'ensemble des voxels de la coupe z correspondants au foie dans l'image segmentée par l'expert;
- Exp : l'ensemble des voxels correspondants au foie dans l'image segmentée par l'expert ($\text{Exp} = \bigcup_z \text{Exp}_z$);
- Auto_z : l'ensemble de voxels de la coupe z internes au contour du modèle dans l'image segmentée de manière automatique;
- Auto : l'ensemble de voxels internes au contour du modèle dans l'image segmentée de manière automatique ($\text{Auto} = \bigcup_z \text{Auto}_z$);
- et $|E|$ le cardinal de l'ensemble E .

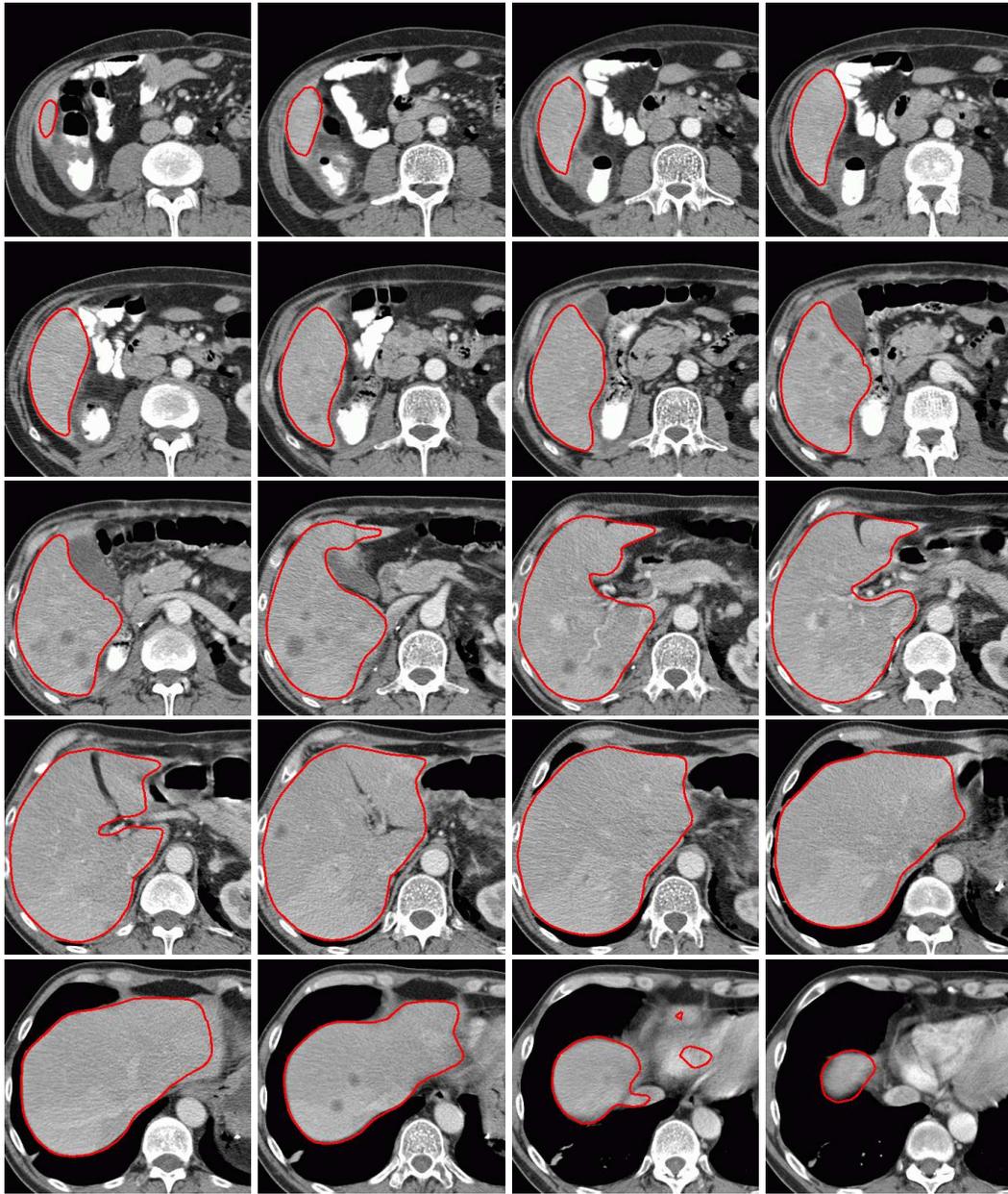


FIG. 6.26 – Intersection d'un modèle de foie déformé et de l'image originale dans la direction coronale. De haut en bas, de gauche à droite : coupes du bas vers le haut de l'abdomen.



FIG. 6.27 – Intersection d'un modèle de foie déformé et de l'image originale dans la direction sagittale. De haut en bas, de gauche à droite : coupes de droite à gauche de l'abdomen.

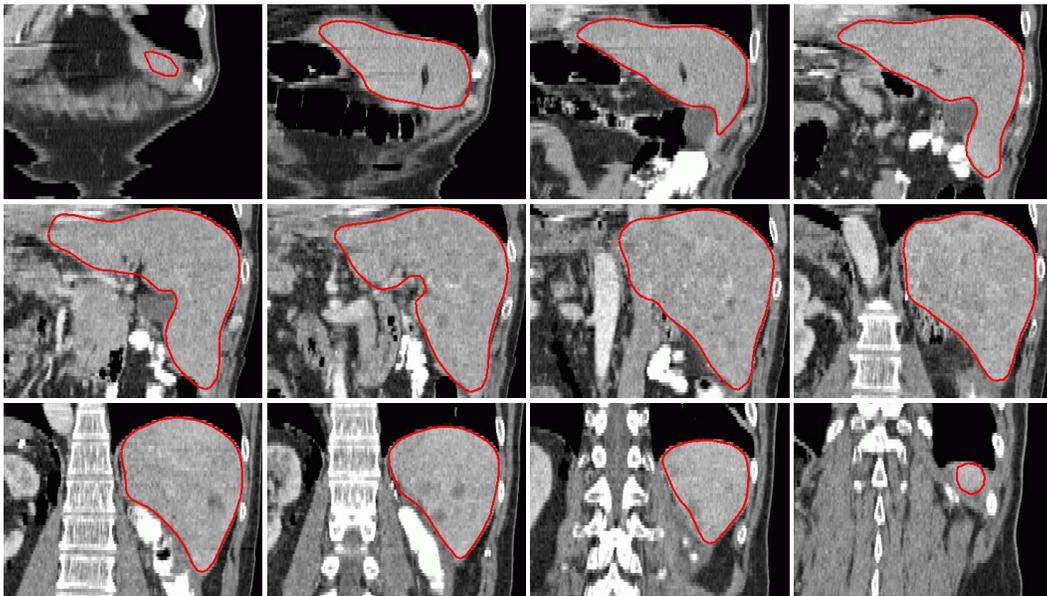


FIG. 6.28 – Intersection d'un modèle de foie déformé et de l'image originale dans la direction frontale. De haut en bas, de gauche à droite : coupes d'avant en arrière de l'abdomen.

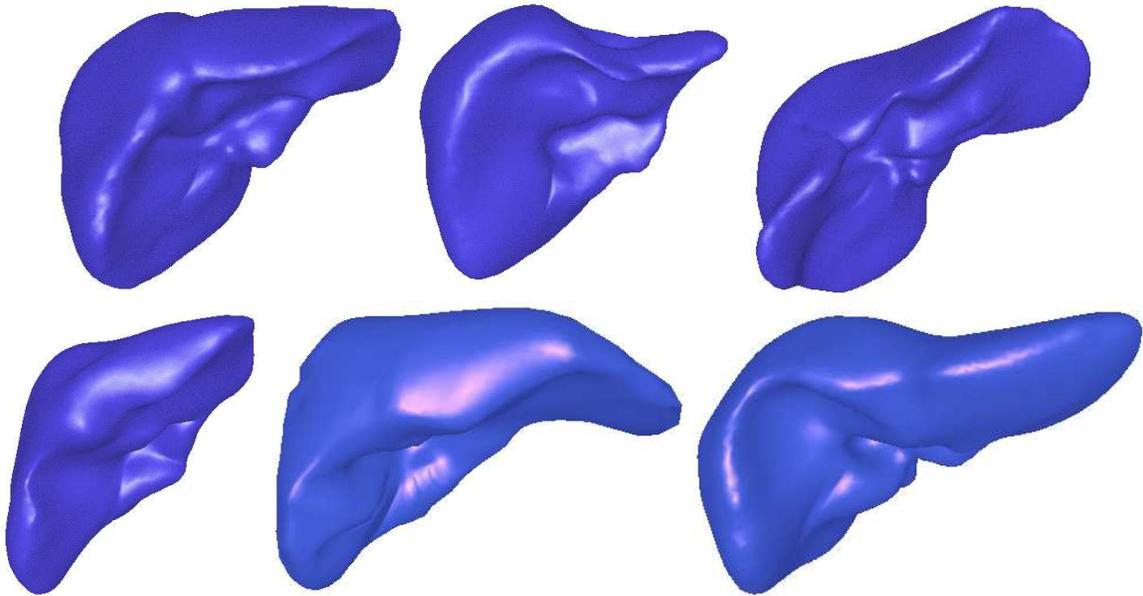


FIG. 6.29 – Quelques reconstructions surfaciques du foie de différents patients.

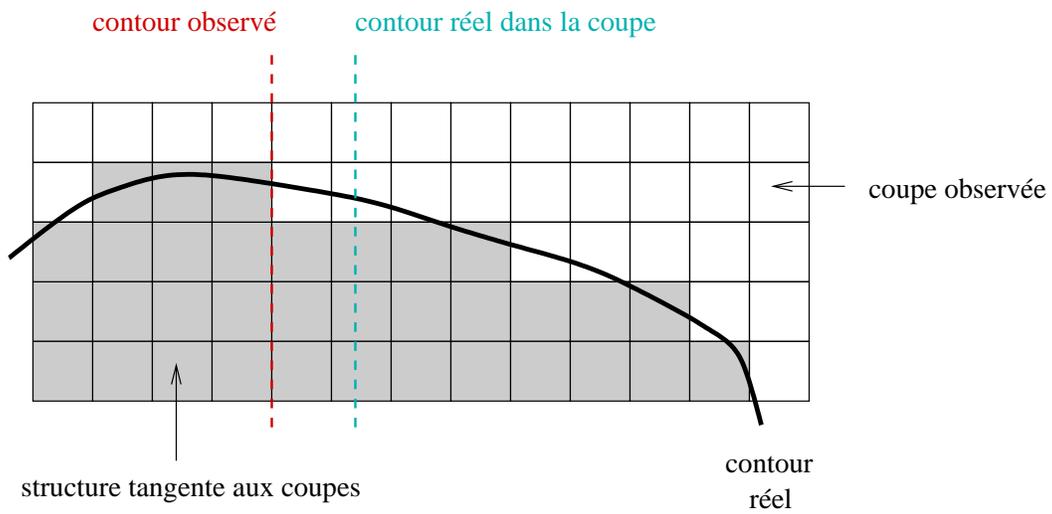


FIG. 6.30 – Effet de délocalisation des contours dû au volume partiel résultant de la discrétisation d'une image 3D.

Les cinq critères suivants ont été évalués pour chacune des images de test :

- *Sensibilité.*

$$\frac{|\text{Exp} \cap \text{Auto}|}{|\text{Exp}|}$$

Le taux des voxels du résultat manuel retrouvés dans le résultat automatique, c'est à dire le taux des voxels retrouvés par la segmentation par modèle.

- *Spécificité.*

$$\frac{|\text{Exp} \cap \text{Auto}|}{|\text{Auto}|}$$

Le taux des voxels du résultat automatique retrouvés dans le résultat manuel, c'est à dire le taux de voxels corrects dans la segmentation par modèle.

- *Similarité.*

$$2 \frac{|\text{Exp} \cap \text{Auto}|}{|\text{Exp}| + |\text{Auto}|}$$

Une mesure de la fiabilité.

- *Recouvrement.*

$$\frac{|\text{Exp} \cap \text{Auto}|}{|\text{Exp} \cup \text{Auto}|}$$

Le taux de recouvrement des deux approches.

- Le *taux de corrélation* défini dans (Bae et al., 1993) par:

$$\text{Cor} = \frac{\sum_{z=1}^Z (|\text{Exp}_z| - \mu_{\text{Exp}}) (|\text{Auto}_z| - \mu_{\text{Auto}})}{\sqrt{\sum_{z=1}^Z (|\text{Exp}_z| - \mu_{\text{Exp}})^2 (|\text{Auto}_z| - \mu_{\text{Auto}})^2}}$$

où $\mu_{\text{Exp}} = \sum_{i=1}^Z |\text{Exp}_z|/Z$ est la surface moyenne délimitée manuellement par l'expert et $\mu_{\text{Auto}} = \sum_{i=1}^Z |\text{Auto}_z|/Z$ est la surface moyenne délimitée automatiquement par le modèle.

L'étude donne les résultats suivants sur trois cas de segmentation étudiés :

Image	Sensibilité	Spécificité	Similarité	Recouvrement	Corrélation
1	76%	95,1%	84,5%	73,1%	0,982
2	90,7%	95,3%	92,9%	86,8%	0,988
3	93,4%	96,8%	95,1%	90,7%	0,994

Le résultat du premier cas est sensiblement moins bon que les deux autres. Ceci s'explique par l'absence de vascularisation des segments II et III du foie du patient en cours de régénération après une intervention chirurgicale. L'algorithme automatique est perturbé par les tissus plus sombres en cours de régénération et sous-estime le contour du foie dans la région de ces segments.

Le taux de corrélation moyen de 0,988 est à comparer au taux moyen de 0,985 obtenu par (Bae et al., 1993). On remarque également que le résultat de la segmentation automatique est globalement inclus dans le résultat de la segmentation manuelle puisque le coefficient de sensibilité est toujours inférieur au coefficient de spécificité. Ce dernier révèle un taux d'erreur moyen de l'algorithme de segmentation égal à 4,3% à comparer aux 6,5% obtenus par (Bae et al., 1993).

La distance entre les enveloppes apporte une information significative sur la précision de la méthode. Dans les trois cas de segmentation proposés ci-dessus, les distances entre l'enveloppe de l'image segmentée automatiquement et l'enveloppe de l'image segmentée manuellement sont :

Image	espace intercoupe	distance moyenne ± écart type	distance maximale	distance médiane
1	4 mm	2,5 mm ± 3,1	26,3 mm	2,6 mm
2	1,66 mm	1,3 mm ± 1,8	13,7 mm	1,66 mm
3	2 mm	1,1 mm ± 1,6	18,3 mm	1,3 mm

Dans tous les cas, les distances moyenne et médiane sont inférieures à l'espace intercoupes. On remarque cependant que la distance maximale est relativement importante. Ceci est dû, dans la première image, à la sous-segmentation des segments II et III et dans les deux autres images aux différences de représentation de l'enveloppe du foie entre l'opérateur humain et l'algorithme. Alors que le modèle déformable représente l'enveloppe externe du foie en incluant l'entrée de la veine porte et du tronc cave, l'opérateur humain a exclu du foie ces vaisseaux jusqu'à leur première ramification dans le parenchyme. Ceci provoque des différences sensibles de la forme des enveloppes dans des régions localisées.

Si ces résultats n'ont pas de validité statistique du fait de la trop petite taille de l'ensemble de comparaison, ils donnent un aperçu de la précision de la méthode.

Une caractéristique importante des modèles déformables discrets est d'autoriser une interaction avec l'utilisateur pendant le processus de segmentation. Il est ainsi possible d'apporter une expertise humaine indispensable puisqu'aucun algorithme suffisamment fiable n'existe aujourd'hui pour la mise en œuvre de la segmentation du foie dans la pratique clinique. Nous avons segmenté une quarantaine de foies avec notre méthode. Notre algorithme de segmentation est aujourd'hui utilisé de manière régulière à l'IRCAD (avec une fréquence hebdomadaire).

Les erreurs de segmentation notables sont en général dues à des forme du modèle et du foie du patient trop dissemblables. Une piste intéressante semble l'utilisation de plusieurs modèles de référence pour plusieurs catégories de foie. Un problème délicat à résoudre reste cependant la détermination des modèles de référence. Dans son étude, (Couinaud, 1957) énumère une quarantaine de types de foies différents en fonction de leur forme. Ce nombre est trop élevé pour un traitement automatique efficace. Cependant, la grande capacité d'adaptation des modèles laisse espérer qu'un nombre beaucoup plus réduit de formes de référence suffise.

Convergence du processus de déformation

Pour contrôler l'évolution du nombre de degrés de liberté dans le processus de déformation, nous estimons la distance du modèle à chaque itération comme proposé au paragraphe 4.3.4. La figure 6.31 montre, de manière similaire à la figure 4.9, l'évolution de la distance parcourue par l'ensemble des sommets à chaque itération. Les six courbes de chaque graphique correspondent à six expériences de segmentation avec six patients sélectionnés au hasard dans notre base de données. La courbe de gauche correspond à la convergence de l'algorithme pendant la phase initiale de recalage rigide tandis que la courbe de droite correspond à la convergence dans la phase finale (déformations locales

à contrainte globale affine avec $\lambda = 30\%$). Dans tous les cas, la convergence est rapide (l'échelle de l'axe des ordonnées est logarithmique).

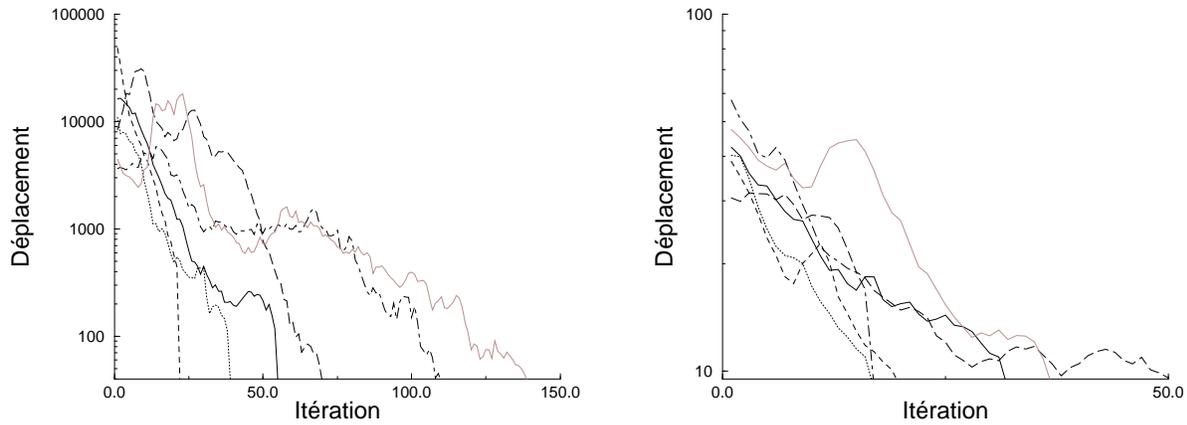


FIG. 6.31 – Convergence rapide des déformations de six modèles à deux étapes au début et à la fin du processus de déformation.

Enfin, la courbe de la figure 6.32 montre le nombre d'itérations moyen à chaque étape de l'algorithme. Les intervalles centrés sur la courbe représentent les nombres minimaux et maximaux d'itérations dans les six cas étudiés précédemment. Les valeurs de l'histogramme superposé à la courbe représentent le nombre d'itérations qui avaient été fixées manuellement à chaque étape de l'algorithme sans utiliser la procédure automatique d'évolution du paramètre de localité. Pour assurer la convergence correcte adaptée aux quarante images de notre base de données, il avait été nécessaire de considérer le pire cas et de surestimer systématiquement le nombre d'itérations nécessaires. La convergence du processus de déformation pour notre modèle de référence, composé d'environ 4000 sommets, nécessite environ trois minutes sur une station de travail de capacité moyenne⁹.

Segmentation anatomique de Couinaud

Une information importante pour la planification de chirurgie du foie est sa découpe en segments anatomiques de Couinaud (voir annexe B). Si la détermination précise de la frontière entre segments nécessite la segmentation du réseau *porte*, l'étiquetage de chaque segment est obtenu à partir de l'information contenue dans le modèle. Nous avons étiqueté huit zones (ensembles de faces) sur notre modèle de référence correspondant aux huit segments anatomiques de ce foie. Les zones se déforment avec le modèle et la localisation de chaque zone après déformation permet de déterminer le numéro de segment extrait à partir de la segmentation vasculaire ((Soler, 1998), chapitre 7). La figure 6.33 montre les segments tels qu'ils sont définis dans un atlas anatomique (Champetier, 1985) à partir de repères externes (en haut), notre modèle de référence étiqueté (en bas à gauche) et le modèle étiqueté après déformation vers le foie d'un patient (en bas à droite).

9. AlphaStation PWS 500

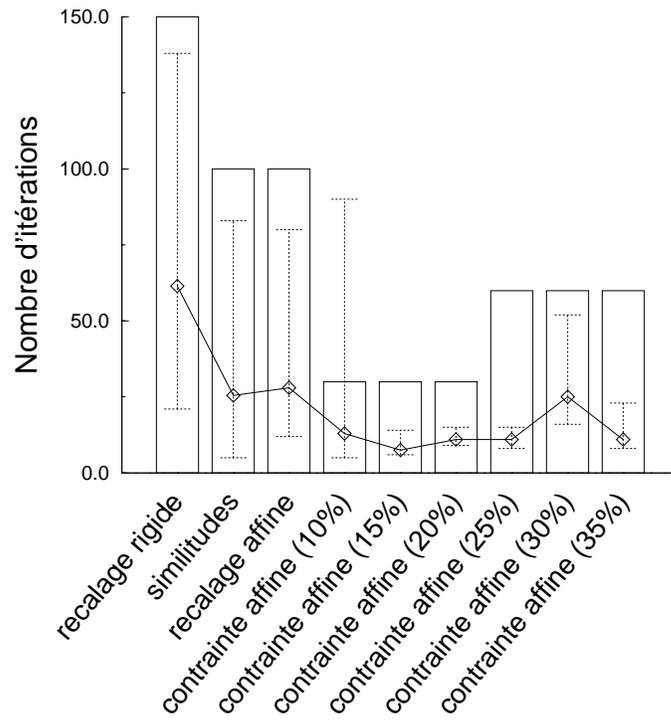


FIG. 6.32 – Nombres moyen (courbe) et maximal (histogramme) d'itérations nécessaires à la convergence du modèle à chaque étape.

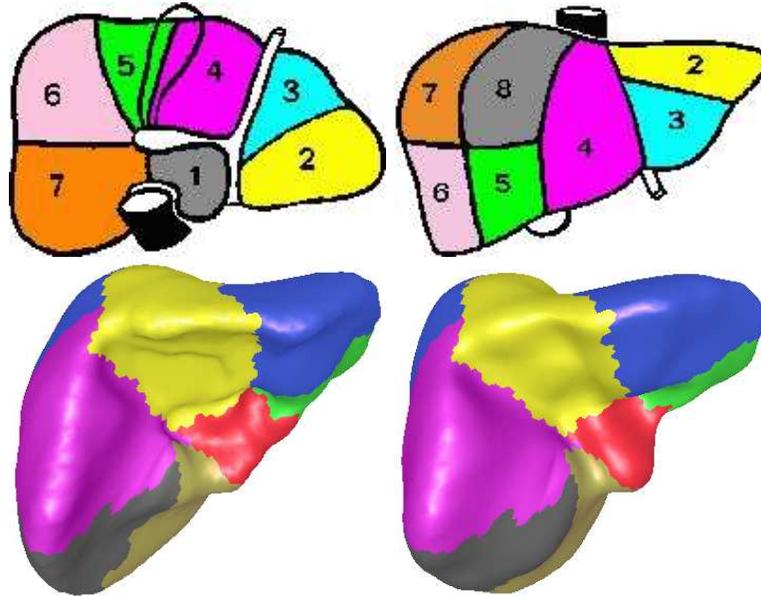


FIG. 6.33 – Segments anatomiques de Couinaud. Ligne du haut: segments définis dans un atlas à partir de repères externes. Ligne du bas: segments du modèle de référence (à gauche) et après déformations (à droite).

La propagation, même approximative, de la localisation des segments au cours du processus de déformation nécessite de préserver au mieux la géométrie du modèle. Nous avons vu au paragraphe 4.4.5 que le processus local de déformations à contraintes globales renforçait ce critère.

Troisième partie

APPLICATION AUX SÉQUENCES TEMPORELLES D'IMAGES

Chapitre 7

Séquences temporelles d'images

Dans ce chapitre, nous étudions les séquences temporelles d'images. Nous nous intéressons aux méthodes d'acquisitions rapides utilisées pour l'acquisition de séquences d'images du cycle cardiaque en imagerie médicale. Nous utilisons un al-

gorithme de diffusion anisotrope en quatre dimensions (Sermesant, 1999) pour filtrer les images temporellement. Puis, nous nous intéressons aux algorithmes permettant de prendre en compte la dimension temporelle dans le processus de segmentation par modèles déformables.

7.1 Séquences d'images

Une séquence d'images 2D ou 3D peut être considérée comme une seule image avec une dimension supplémentaire. On parlera alors d'images 3D et 4D bien qu'il serait plus précis d'utiliser les termes images 2D+T et 3D+T mettant en évidence la nature temporelle de la dernière dimension. Les séquences temporelles d'images sont par certains côtés similaires aux pyramides d'images construites dans le domaine du traitement d'images multi-échelle. Les algorithmes multi-échelle construisent une séquence d'images en transformant l'image originale par des paramètres d'échelle de valeurs différentes. La dernière dimension est en général de nature différente des dimensions spatiales.

Dans ce paragraphe, nous nous intéressons aux séquences temporelles d'images médicales. Elles sont utilisées pour l'étude de la dynamique cardiaque et de l'évolution de certaines pathologies. Elle permettent, par exemple, d'évaluer l'évolution de lésions et l'impact d'une thérapie (Thirion et Calmon, 1999; Rey et al., 1999). Nous étudierons en particulier les images cardiaques pour lesquelles les modèles déformables constituent un outil de segmentation adapté.

7.1.1 Imagerie cardiaque

Motivations

L'étude du muscle cardiaque est très importante puisque les maladies cardio-vasculaires représentent aujourd'hui la première cause de mortalité dans les pays occidentaux. Les critères déterminants pour la détection et le traitement des pathologies du cœur sont les paramètres dynamiques du mouvement cardiaque. Le ventricule gauche, qui constitue l'élément principal de la pompe cardiaque, en est la composante la plus critique. Les cardiologues utilisent couramment l'information de variation de volume du ventricule gauche pour établir un diagnostic.

Le cycle cardiaque est divisé en deux phases : la contraction, ou systole, et la dilatation, ou diastole (voir annexe B). Un paramètre couramment utilisé est la *fraction d'éjection* du ventricule gauche définie comme la proportion du volume sanguin expulsé à chaque battement cardiaque :

$$f = \frac{v_{\text{dia}} - v_{\text{sys}}}{v_{\text{dia}}},$$

où v_{dia} est le volume du ventricule gauche en fin de diastole et v_{sys} son volume en fin de systole. La fraction d'éjection nécessite la connaissance du volume à deux instants du cycle cardiaque. Ces volumes sont souvent estimés approximativement de manière manuelle à partir d'angiographies cinématiques. Une séquence d'images angiographiques du cycle cardiaque par rayons-X est acquise. Les images de fin de diastole et fin de systole en sont extraites. Le cardiologue trace le contour du ventricule sur ces deux projections et le volume est estimé à partir de l'aire de chacune d'entre elles.

(Davis et al., 1993) s'intéressent à l'automatisation du calcul de la fraction d'éjection à partir d'une méthode de segmentation coupe par coupe sur un échantillon de vingt-trois patients. Les auteurs obtiennent une fraction d'éjection moyenne valant 60% pour un écart type de 14%. L'étude porte sur des patients montrant des symptômes de maladies cardiaques et la variabilité de la fraction d'éjection est importante (de 35% à 80%).

À l'aide de modèles surfaciques, on peut espérer estimer le volume du ventricule gauche de manière plus fiable et plus précise que par la méthode manuelle ou la segmentation coupe par coupe. L'automatisation et la prise en compte de la séquence temporelle complète permettent l'étude de la variation volumétrique du cœur au cours du temps, sans se limiter à la simple fraction d'éjection. La figure 7.1 montre un exemple typique de l'évolution du volume du ventricule gauche pendant le cycle cardiaque.

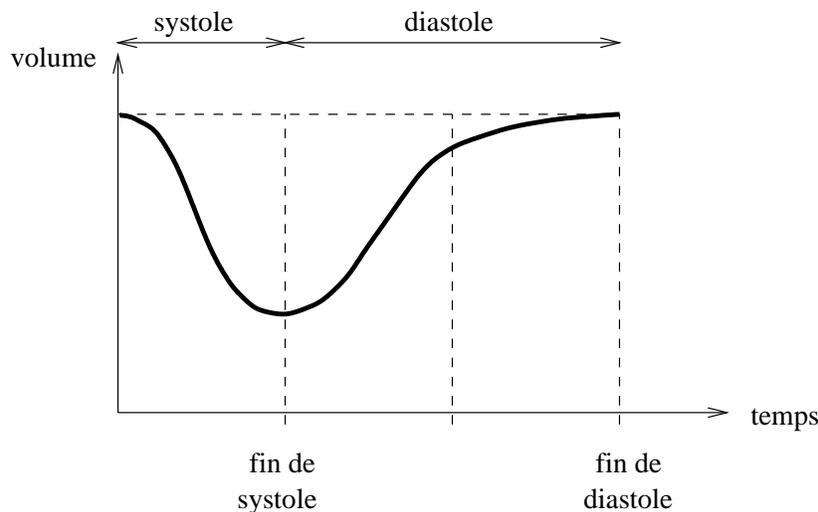


FIG. 7.1 – *Courbe d'évolution volumétrique du ventricule gauche.*

D'autres paramètres quantitatifs de la dynamique cardiaque peuvent être extraits. Le déplacement des points du myocarde est caractéristique de la tonicité du muscle.

Procédés d'acquisition

En raison de la vitesse des battements cardiaques, l'acquisition de séquences d'images cardiaques nécessite l'utilisation de méthodes d'acquisition ultra-rapides. La plupart des procédés d'acquisition d'images 3D ne permettent pas aujourd'hui de numériser directement un volume dans une période de temps suffisamment courte pour négliger le mouvement cardiaque. L'acquisition d'un volume est donc souvent réalisée plan par plan sur plusieurs cycles cardiaques en synchronisant l'acquisition sur l'électrocardiogramme (ECG). De surcroît, la position du cœur dans le corps humain le rend sujet aux mouvements respiratoires. L'absence de synchronisation respiratoire introduit un flou dans l'image. L'acquisition doit alors être réalisée dans un temps très bref pendant que le patient maintient une apnée, sachant que le rythme cardiaque diminue au cours d'une apnée.

Un échographe, par exemple, permet l'acquisition d'une coupe en 20 ms environ, ce qui est suffisamment court pour négliger le mouvement du cœur. En revanche, l'acquisition d'un volume cardiaque nécessite l'acquisition de plusieurs dizaines de coupes. Le temps total est beaucoup trop important pour réaliser l'acquisition sur un seul cycle cardiaque. La figure 7.2 illustre l'acquisition de coupes synchronisée sur l'électrocardiogramme. Afin que l'examen ne prenne pas trop de temps, l'acquisition des différents volumes est entrelacée dans le temps.

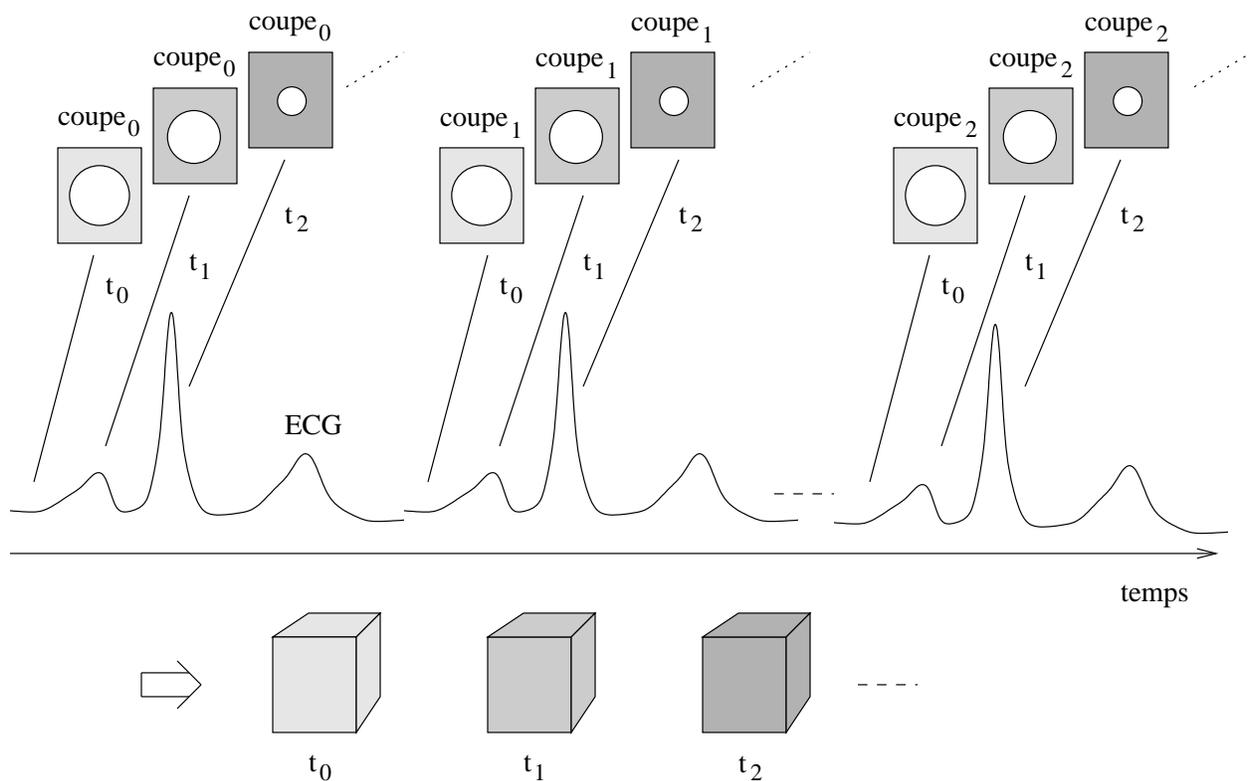


FIG. 7.2 – Acquisition d’une séquence temporelle d’images 3D du cœur.

Toutes les modalités principales d’images médicales permettent aujourd’hui d’obtenir des séquences temporelles du cycle cardiaque. L’imagerie nucléaire est utilisée pour l’étude de la perfusion myocardique au long du cycle cardiaque. Elle permet la comparaison de séquences cardiaques au repos et à l’effort. Le DSR (*Dynamic Spatial Reconstructor*) est un scanner expérimental ultra-rapide basé sur une technique tomodynamométrique permettant d’obtenir un volume en un temps très court. L’imagerie par résonance magnétique peut fournir des images synchronisées représentant des coupes de l’ensemble du cœur dans une orientation quelconque. Les dernières avancées de l’IRM permettent même d’étudier les coronaires irriguant le myocarde. Enfin, les progrès récents de l’échographie 3D en font une modalité intéressante pour la réalisation d’examen dynamiques du cœur à moindre coût.

7.1.2 Images ultrasonores du cœur

Dans ce manuscrit nous utilisons des séquences d’images ultrasonores 3D provenant de deux sources différentes.

Échocard3D. Le projet Échocard3D¹ a pour but le développement d’un système d’acquisition et de reconstruction du cœur humain en environnement clinique à partir d’un échocardiographe. Le système comprend un robot à tête rotative pilotant une sonde ultrasonore. Le système réalise

1. <http://www.loria.fr/~berger/echocard.html>

l'acquisition continue d'images 2D du ventricule gauche et de l'électrocardiogramme pendant une période de 9 à 20 secondes. À la fin de chaque cycle cardiaque, le moteur tourne d'un angle qui peut varier de 1 à 45 degrés. L'ensemble des coupes acquises est traité *a posteriori*. Les points des différents cycles de l'électrocardiogramme sont mis en correspondance afin de synchroniser les images acquises. Les images 3D de la séquences peuvent alors être reconstruites en géométrie cylindrique. **ATL**. La compagnie ATL² développe une sonde ultrasonore 3D basée sur la même idée d'acquisition de plans à partir d'une sonde 2D montée sur un support rotatif. La sonde est dédiée aux acquisition intra-œsophagiennes. À l'heure où sont réalisés ces travaux nous ne disposons que d'acquisitions trans-thoraciques, dans l'attente de l'autorisation d'utilisation de la FDA³. Des acquisitions de haute résolution angulaire ont été réalisée en apnée sur des sportifs de haut niveau.

7.1.3 Travaux antérieurs

L'émergence d'appareils capables de réaliser l'acquisition ultra-rapide d'images 3D et la disponibilité de calculateurs suffisamment puissants pour traiter la quantité de données engendrée ont permis depuis peu un essor de l'étude de la dynamique cardiaque à partir d'images médicales.

Segmentation et suivi de contours

Le suivi des contours du ventricule gauche, en deux ou trois dimensions, et la segmentation dans des images du cœur de différentes modalités d'images médicales ont suscité beaucoup d'attention ces dernières années. (Matheny et Goldgof, 1995; Schudy et Ballard, 1979) utilisent des harmoniques de surfaces pour modéliser la forme et le mouvement du ventricule gauche.

(Jacob et al., 1999; Giachetti, 1998; Winterfeldt et al., 1997) réalisent le suivi des contours du ventricule gauche dans des séquences d'images échographiques 2D. (Jacob et al., 1999) utilisent un algorithme de prédiction des déplacements du modèle entre une image et la suivante. (Giachetti, 1998) s'appuie sur un contour déformable contraint. (Gorce et al., 1996) estiment le mouvement du myocarde par un calcul du flot optique dans la séquence d'images. (Winterfeldt et al., 1997) utilisent un modèle statistique des déformations du contour du ventricule. (Berger et al., 1999) réalisent le suivi du ventricule par l'intermédiaire d'un modèle surfacique qui se déforme en fonction du mouvement estimé dans la séquence d'images. (Boukerroui et al., 1999) utilisent une modélisation Markovienne de l'image pour segmenter des séries temporelles de coupes.

(McEachen et Duncan, 1997) segmentent le contour de l'endocarde dans des séquences d'image 2D de différentes modalités. Ils étudient le mouvement du cœur en mettant en correspondance les contours extraits à différents instants deux à deux. (Amini et Duncan, 1992) réalisent le suivi du ventricule gauche dans des séquences d'images 2D et 3D. Ils déterminent des vecteurs déplacement entre deux instants successifs et filtrent les champs de déformation ainsi obtenus. (McInerney et Terzopoulos, 1995a) proposent un modèle surfacique paramétré discrétisé par la méthode des éléments finis pour la segmentation d'images 3D du cœur. Une séquence d'images est reconstruite itérativement en déformant le modèle dans chaque nouvelle image du cycle cardiaque.

2. <http://www.atl.com/>

3. Food and Drugs Administration

(Reynard et al., 1995) réalisent le suivi des lignes de marquage dans une séquence IRM. (Park et al., 1994) proposent un modèle paramétrique pour représenter le ventricule gauche. Les paramètres du modèle sont des fonctions de la distance à l'apex, ce qui autorise des variations importantes de la forme du modèle. Le modèle est déformé vers des points de données extraits d'IRM marquées. (Young et al., 1995) segmentent des IRM marquées. Ils suivent les déformations de traces de plans de marquage de manière semi-automatique dans chaque coupe. Les points extraits permettent de déformer un modèle d'éléments finis. Les auteurs valident leur méthode en segmentant un fantôme dont le mouvement est parfaitement connu. (Guttman et al., 1994) détectent les contours interne et externe du myocarde dans des séquences IRM marquées en comblant les plans de marquage grâce à des opérateurs morphomathématiques. Ils extraient les plans de marquage à partir d'une connaissance *a priori* sur leur localisation et leur orientation. La méthode est semi-automatique et nécessite des corrections manuelles. Des techniques de visualisation pour une aide à la détermination du mouvement du cœur dans des IRM marquées sont présentées dans (Guttman et al., 1997).

Dynamique cardiaque

(Nastar et Ayache, 1996; Nastar, 1994) réalisent la segmentation du ventricule gauche dans des séquences d'images échographiques 2D et de tomographies par émission monophotonique 3D en utilisant des modèles déformables masse-ressorts. Ils effectuent une décomposition modale des équations d'évolution du modèle (Pentland et Sclaroff, 1991). Ils analysent les spectres spatiaux puis temporels des déformations obtenues. Cependant, ils ne donnent pas d'interprétation des paramètres spectraux pour l'analyse des pathologies.

(Park et al., 1996) analysent le mouvement du ventricule gauche à partir d'IRM marquées. Ils utilisent un modèle paramétré par des fonctions. Le modèle est guidé à la fois par des forces calculées depuis les contours de l'image et par les points de marquage préalablement extraits. Le modèle se déforme ainsi vers les contours de l'organe mais aussi en fonction du mouvement physique des points du myocarde. Les fonctions paramètres représentent la translation du centre d'inertie, la contraction du myocarde dans différentes directions et sa torsion. Chaque fonction est dépendante du paramètre de distance relative à la base et l'apex du cœur. Il en résulte une quantité d'information assez dense : les différentes fonctions sont tracées à chaque instant du cycle cardiaque. Les auteurs comparent les paramètres obtenus après la reconstruction d'un cœur sain et d'un cœur pathologique. Ils montrent une différence sensible, en particulier du paramètre de contraction de l'endocarde.

Dans ses travaux, (Robert, 1996) utilise un modèle déformable paramétré pour segmenter le ventricule gauche dans des séquences d'images par résonance magnétique ou scanner. L'auteur considère des superquadriques ou des hyperquadriques sur lesquelles elle applique une transformation composée d'un nombre réduit de paramètres. Cette transformation intègre une composante rigide pour positionner le modèle, une composante de pincement pour représenter l'apex, une composante de flexion pour la courbure du ventricule et une composante de torsion autour de l'axe principal correspondant à un mouvement identifié du muscle cardiaque lors de la contraction. La reconstruction d'un modèle tridimensionnel est réalisée en minimisant la fonctionnelle d'énergie sur l'ensemble des paramètres du modèle et de sa transformation par un méthode de Levenberg-Marquardt. Une ex-

tension au cas 4D est proposée en considérant chaque paramètre du modèle q_i comme une variable dépendante du temps et en l’approchant par son développement en série de Fourier :

$$q_i(t) = q_i^1 + q_i^2 \cos\left(\frac{2\pi t}{T}\right) + q_i^3 \sin\left(\frac{2\pi t}{T}\right) + q_i^4 \cos\left(\frac{4\pi t}{T}\right) + q_i^5 \sin\left(\frac{4\pi t}{T}\right) + \dots$$

Les paramètres du modèle 4D, $\{q_i^j\}_{i,j}$, sont estimés par minimisation de la nouvelle fonctionnelle d’énergie. L’évolution temporelle des paramètres de déformation et de la superquadrique est donnée, mais pas l’interprétation de ces paramètres en terme de dynamique cardiaque. L’utilisation de modèles paramétrés avec très peu de degrés de liberté limite sensiblement les capacités de déformation de la surface. Le calcul du volume du ventricule est relativement complexe.

(Bardinet et al., 1996; Bardinet, 1995) utilisent également des superellipsoïdes pour représenter le ventricule gauche. Ils estiment la forme du modèle en faisant varier ses paramètres et en appliquant une transformation de forme libre (*free-form deformation*). Cette approche autorise beaucoup plus de variations de la surface que dans le cas précédent. Il devient même nécessaire de régulariser les déformations en utilisant une décomposition spectrale des déformations et en limitant le nombre de modes pris en considération. L’extension à la quatrième dimension est obtenue en déformant un modèle de référence dans chaque image indépendamment ou en utilisant le modèle déformé à l’instant précédent comme initialisation de l’instant traité. Des exemples de reconstruction d’images scanner et d’images par tomographie monophotonique sont donnés. Les auteurs estiment le mouvement d’un point quelconque du myocarde en segmentant simultanément l’épicarde et l’endocarde à l’aide de deux superellipsoïdes déformés par une déformation de forme libre unique. Cette approche introduit nécessairement une erreur de reconstruction plus importante que l’utilisation de deux déformations indépendantes pour les deux modèles mais a l’avantage de définir une seule déformation en tout point de l’espace. Bardinet *et al* estiment les trajectoires des points physiques en fonction des trajectoires des points du modèle. Ils montrent sur un objet synthétique dont le mouvement est parfaitement connu que les mouvements du modèle donnent une estimation raisonnable du mouvement de l’objet. Ils mettent en évidence la capacité du modèle à retrouver le mouvement de torsion de l’objet synthétique. Cependant, la raison pour laquelle les points du modèles subissent cette torsion lors de l’estimation des déformations de forme libre ne semble pas évidente et n’est pas explicitée.

(Clarysse et al., 1997) analysent le mouvement de la surface du ventricule gauche dans une séquence d’images 3D par rayons-X. Ils travaillent sur des données pré-segmentées. Les points des surfaces extraites à différents instants sont mis en correspondance en fonction de descripteurs géométriques basés sur la courbure (Koenderinck et Van Doorn, 1992). L’index de courbure s et la quantité de courbure c sont définis en fonction des courbures principales k_1 et k_2 par :

$$s = \frac{2}{\pi} \arctan\left(\frac{k_2 + k_1}{k_2 - k_1}\right) \quad c = \sqrt{\frac{k_1^2 + k_2^2}{2}}$$

L’évolution temporelle de la surface est caractérisée au niveau global par un index de forme global et au niveau local par un algorithme de mise en correspondance de morceaux de la surface basé sur l’information de courbure et la proximité spatiale. Les auteurs valident leur approche sur des

données réelles et des données synthétiques construites par modélisation des données réelles à l'aide de surfaces d'harmoniques sphériques. Des comportements pathologiques sont également simulés. Les auteurs montrent que les critères globaux et locaux retenus varient de manière significative entre les données d'un cœur sain et les pathologies modélisées.

(Declerck et al., 1998; Declerck, 1997) proposent la segmentation de l'endocarde et de l'épicarde dans des images de médecine nucléaire. Ils recherchent la transformation volumique B-spline entre un ensemble de primitives géométriques définies dans une image de référence et des points de contour extraits de l'image étudiée. Comme les déformations de forme libre, les transformations B-splines autorisent des déformations très importantes et sont régularisées par un terme limitant le nombre de degrés de liberté (voir chapitre 4.3.2). Declerck *et al* définissent une transformation planisphérique 4D pour prendre en compte la continuité temporelle et l'éventuelle périodicité de la quatrième dimension. Ils proposent une méthode d'estimation de la transformation fondée sur des informations purement géométriques (points de contour et direction des normales) dans des tomographies monophotoniques ou sur le marquage d'images par résonance magnétique. À partir des paramètres de la transformation planisphérique, ils estiment trois mouvements canoniques correspondant à des mouvements identifiés du muscle cardiaque :

- le *mouvement radial* correspond à un coefficient de contraction du ventricule;
- l'*élévation* traduit l'écrasement du ventricule sur l'axe vertical;
- et la *rotation apico-basale* mesure la torsion du ventricule autour de son axe.

Ils montrent que la valeur observée de ces paramètres permet de différencier le mouvement d'un cœur sain et d'un cœur pathologique dans les deux cas d'estimation à partir d'informations géométriques ou des plans de marquage.

Conclusion

Parmi les méthodes proposées, seule l'imagerie par résonance magnétique marquée permet de suivre physiquement le mouvement des points du myocarde au cours de leur mouvement. Ce mouvement en lui-même n'est pas révélateur et il est nécessaire de le modéliser par un nombre de paramètres réduit. Les paramètres significatifs de certaines pathologies cardiaques ne sont pas encore bien définis.

Nous nous intéressons essentiellement à l'analyse de séquences d'images ultrasonores dans lesquelles les contours du ventricule gauche sont difficiles à retrouver. Nous nous limiterons donc à l'analyse de la volumétrie du ventricule. Nous nous attacherons à segmenter des séquences d'images en prenant en compte toute l'information disponible pour renforcer le processus de segmentation. Nous utiliserons donc la continuité temporelle entre les différentes images.

Des travaux récents (Papdemitris et al., 1999) étudient le mouvement cardiaque dans des séquences ultrasonores. Des images de cœur de chien sont acquises à thorax ouvert. Une segmentation manuelle permet une reconstruction précise des contours. Un modèle élastique linéaire est utilisé pour analyser les déformations du myocarde en s'appuyant sur les contours de la segmentation.

7.2 Prétraitement des images ultrasonores 4D

La diffusion anisotrope, présentée au paragraphe 5.3.2, est un traitement adapté aux images ultrasonores. Elle permet de réduire considérablement le *speckle* dans l'image tout en homogénéisant l'intensité des régions de l'image. C'est donc un prétraitement susceptible d'améliorer considérablement la qualité de la reconstruction par modèle.

Dans la mesure où le *speckle* des images échographiques n'est pas nécessairement corrélé dans le temps, il apparaît comme un bruit de haute fréquence dans la dimension temporelle. Il semble donc intéressant de diffuser l'image en quatre dimensions (Sermesant, 1999; Elayadi, 1997). (Brandt et al., 1999) utilisent de manière similaire l'information spatio-temporelle pour une meilleure détection des contours dans les images ultrasonores.

La diffusion en 4D utilise la même équation que la diffusion en 3D (5.3) avec une fonction image $I : \mathbb{R}^3 \times [0, +\infty[\rightarrow \mathbb{G}$. Nous avons expérimenté la fonction de diffusion proposée par (Weickert et al., 1998) :

$$g(x) = 1 - e^{\frac{-3.315}{(x/a)^4}}$$

qui présente l'avantage de rehausser les contours. Le tenseur de diffusion anisotrope s'exprime donc :

$$\text{diag} \left(1 - e^{\frac{-3.315}{\left(\frac{\partial I}{\partial x}/a_x\right)^4}}, 1 - e^{\frac{-3.315}{\left(\frac{\partial I}{\partial y}/a_y\right)^4}}, 1 - e^{\frac{-3.315}{\left(\frac{\partial I}{\partial z}/a_z\right)^4}}, 1 - e^{\frac{-3.315}{\left(\frac{\partial I}{\partial t}/a_t\right)^4}} \right).$$

Dans ses travaux, (Sermesant, 1999) envisage différentes méthodes de calcul du gradient de l'image pour réaliser la diffusion en considérant les difficultés dues à la nature discrète de l'image. Nous retenons l'utilisation des filtres récurrents pour réaliser le calcul du gradient de manière efficace dans la géométrie conique de l'image originale. Les composantes du gradient conique sont ensuite transformées par la matrice Jacobienne en composantes Cartésiennes. Une diffusion anisotrope 4D est appliquée sur l'ensemble des images de la séquence temporelle pendant trois unités de temps. Nous utilisons un schéma numérique basé sur les opérateurs additifs séparables. Ce schéma implique de traiter les quatre coordonnées de l'image indépendamment les unes des autres. Pour chaque composante, l'image est parcourue dans la direction diffusée. Les composantes sont différenciées puis additionnées. La stabilité de ce schéma autorise un pas de temps élevé (une unité de temps). Les seuils a_x , a_y , a_z et a_t sont définis de manière automatique comme une fraction (80%) de l'histogramme cumulé de la composante considérée.

La figure 7.3 montre une coupe d'une image 4D en géométrie conique avant (première ligne) et après (seconde ligne) diffusion anisotrope dans les quatre dimensions d'espace et de temps. L'échelle de fausses couleurs permet de mieux visualiser le résultat en rehaussant le contraste.

Pour étudier l'apport de la diffusion anisotrope 4D, nous avons déformé un modèle dans une même image sans et avec diffusion. La même position initiale, les mêmes paramètres de déformation (force externe de région) et le même nombre d'itérations sont appliqués dans les deux cas. La ligne du bas de la figure 7.3 montre la trace du modèle après déformation dans une coupe de l'image originale (à gauche) et une coupe de l'image diffusée (à droite). Dans l'image diffusée, le modèle

respecte mieux les contours du ventricule. La différence est particulièrement visible dans la zone de l'apex (en haut de l'image) où le fort *speckle* avait empêché la détection de la frontière du ventricule dans l'image originale.

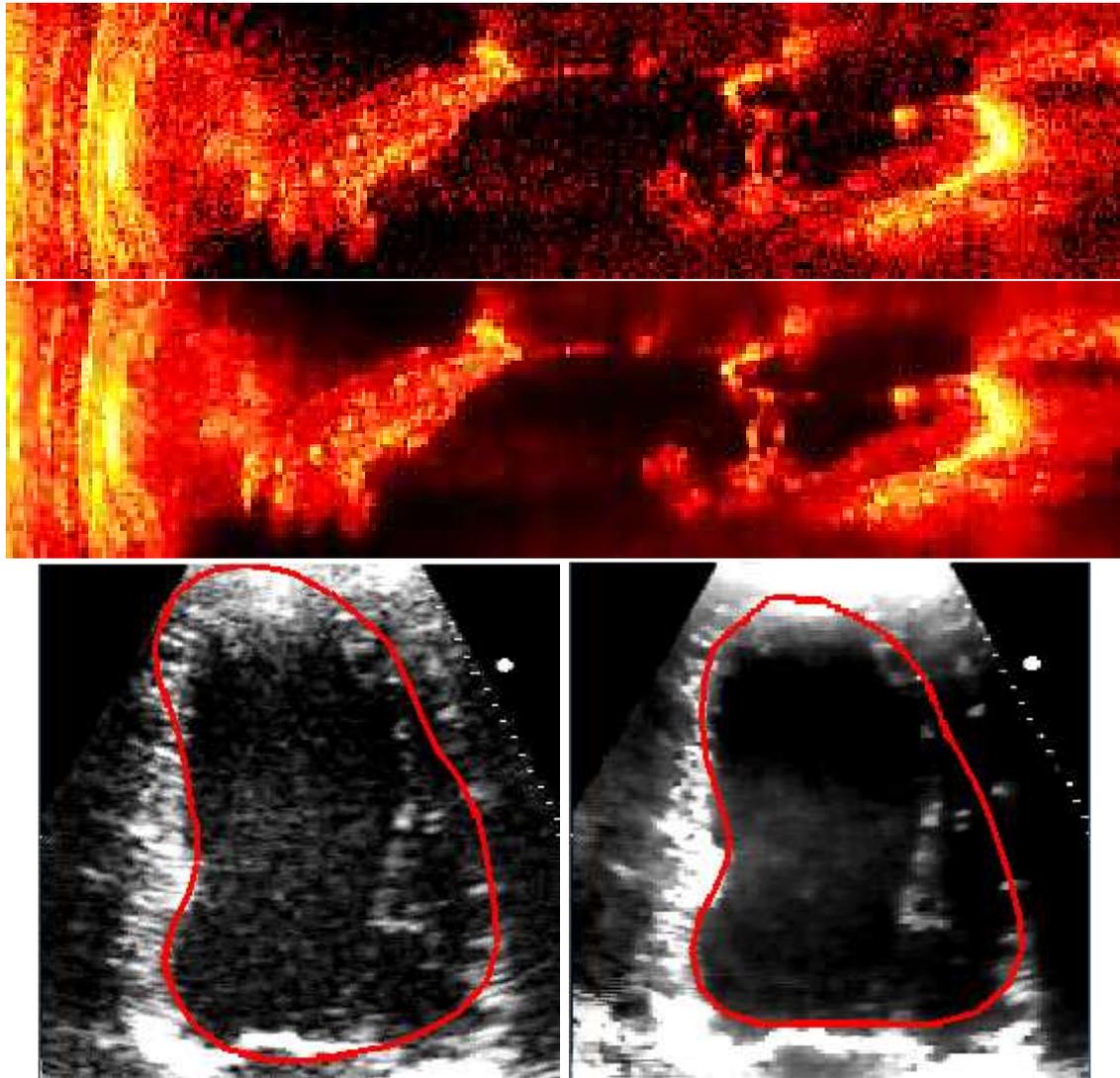


FIG. 7.3 – Diffusion anisotrope 4D dans des images ultrasonores du cycle cardiaque. En haut: une coupe de l'image originale et la même coupe de l'image diffusée. En bas: intersection d'un modèle déformé dans l'image originale (à gauche) et dans l'image diffusée (à droite).

La diffusion est un prétraitement efficace mais relativement coûteux. La diffusion d'une série de cinq images de résolution $256 \times 256 \times 17$ a nécessité une heure et dix minutes de calcul tandis que la déformation du modèle 4D prend moins de cinq minutes sur la même machine. Par la suite, nous travaillerons sur des images sans prétraitements ce qui nous permettra de déterminer la fiabilité de la segmentation par modèle déformable, sachant que si la rapidité de traitement n'est pas déterminante, la diffusion permet d'améliorer le résultat.

7.3 Difficultés de la segmentation des séquences temporelles

7.3.1 Séquences temporelles d'images 2D

Dans ce paragraphe, nous étudions des séquences temporelles d'angiographies du cœur. Ces images radiographiques ont été obtenues avec injection d'un produit de contraste par un cathéter introduit directement dans le ventricule gauche. Les acquisitions proviennent du Centre Cardiothoracique de Monaco⁴. La figure 7.4 montre un exemple de quelques images extraites d'un cycle cardiaque dans une séquence temporelle.

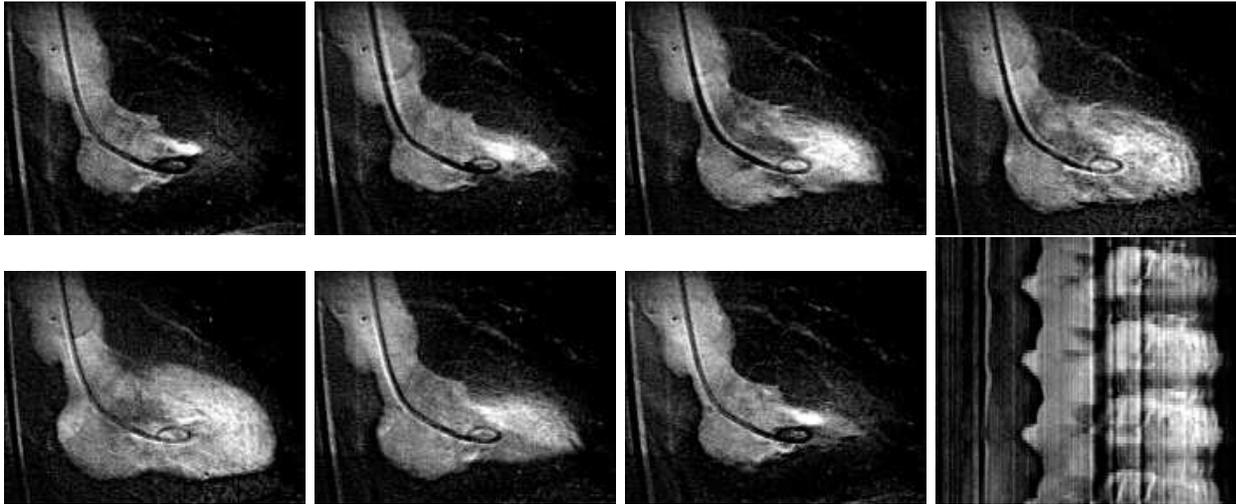


FIG. 7.4 – Quelques images extraites d'un cycle cardiaque dans une séquence temporelle d'angiographies du ventricule gauche. L'image du bas, à droite, est une vue transverse de l'empilement des coupes faisant apparaître les quatre cycles cardiaques de la séquence complète.

Pour estimer les variations de volume du ventricule, on peut segmenter son contour dans chaque image 2D. Ces images présentent principalement deux difficultés de traitement. La valvule mitrale correspondant à la frontière entre le ventricule et l'artère aorte est invisible dans l'image. Le produit de contraste n'a pas le temps de diffuser jusqu'aux extrémités du ventricule et le contour visible sous-estime le contour réel du ventricule.

L'utilisation d'un modèle déformable doit permettre de fermer le ventricule au niveau de la valvule mitrale même si le contour du sang contrasté dans l'image est ouvert. Nous n'avons expérimenté la segmentation que sur deux images sans rencontrer de difficultés particulières à cet égard, mais sur une expérience à plus grande échelle, il pourrait être nécessaire d'introduire une contrainte supplémentaire pour garantir que le modèle referme bien le ventricule au niveau de la valvule mitrale et non pas à un autre niveau sur l'aorte. Ce point ne devrait pas poser de problème puisque la position de la valvule mitrale est assez marquée par un pincement local du contour.

En revanche, la sous-estimation du contour, est plus difficile à compenser de manière fiable.

4. <http://www.ccm.mc/>

L'information de continuité temporelle dans les images est alors déterminante puisque le produit de contraste qui n'a pas eu le temps de diffuser complètement à un instant donné peut remplir d'avantage la cavité à l'instant suivant. Nous proposons donc de segmenter l'ensemble des coupes comme une image 3D en les empilant les unes sur les autres. On initialise un modèle surfacique dans l'image qui va segmenter simultanément l'ensemble des coupes. Un contour dans une coupe donnée est défini comme l'intersection du modèle avec la coupe. Grâce à sa contrainte de continuité, le modèle impose une certaine régularité entre les coupes successives. Pour cette application nous utilisons un modèle cylindrique d'axe parallèle à la troisième dimension de l'image, centré sur le ventricule. Des forces internes de continuité de courbure imposent la régularité spatiale et temporelle. Une information de gradient 3D est utilisée pour guider le modèle. Le cylindre est d'abord recalé de manière affine avant d'être déformé sous contrainte globale affine. Le tableau suivant résume l'évolution des paramètres de localité (λ), du poids des forces externes (β), de la rigidité (r) et de la portée (l) utilisés pour cette déformation :

λ	β	r	l	nombre d'itérations
0	1		7	400
0,1	1	5	7	200
0,2	0,5	5	7	150

Le poids des forces internes ($\alpha = 1$) est constant. La figure 7.5 montre le modèle initialisé dans l'image (à gauche), au cours de la déformation (au centre) et le résultat final (à droite).

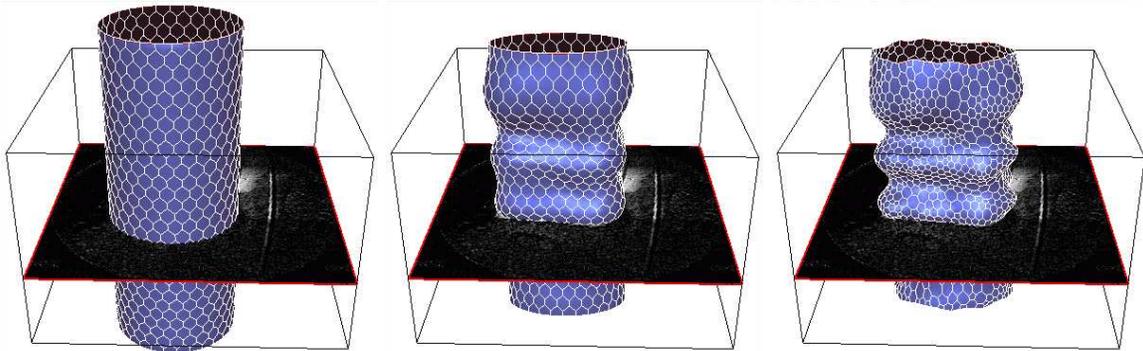


FIG. 7.5 – *Segmentation d'une séquence de coupes par un modèle surfacique. À gauche : modèle cylindrique initial. Au centre : modèle en cours de déformation. À droite : modèle final.*

L'approche précédente implique de considérer la continuité spatiale et temporelle des images comme des données homogènes. Ce n'est en pratique pas le cas, ne serait-ce qu'à cause de la périodicité de la dimension temporelle qui n'est ici pas prise en compte. L'amplitude du lissage temporel varie avec le paramètre de rigidité de la surface mais cela entraîne également des variations du lissage spatial. Le lissage temporel peut être contrôlé de manière indépendante en faisant varier la dimension des voxels de l'image dans la direction temporelle ou, ce qui revient au même, en utilisant un cylindre de référence avec une fréquence d'échantillonnage différente le long de son axe. Cependant, la signification de ces paramètres n'est pas facile à interpréter. Dans nos expériences,

nous avons utilisé un cylindre échantillonné de manière uniforme dans toutes les directions et nous avons estimé de manière empirique la dimension des voxels (de taille dix fois plus importante dans la direction temporelle que dans le plan spatial). À partir de ces données, la figure 7.6 compare les résultats obtenus pour protocole de segmentation décrit ci-dessus mais en utilisant trois valeurs différentes du paramètre de rigidité pour la dernière étape de déformation :

colonne	λ	β	r	l	nombre d'itérations
gauche	0,2	0,5	5	7	150
centre	0,2	0,5	7	7	150
droite	0,2	0,5	11	7	150

Dans la ligne du haut apparaissent les modèles cylindriques après déformation. Les lignes suivantes présentent dans chaque cas l'intersection du modèle avec quelques coupes de l'image originale réparties sur un cycle cardiaque.

Dans tous les cas, le contour referme le ventricule au niveau de la valvule mitrale. Dans la colonne de gauche, la rigidité est minimale (voisinage de taille égale à 5) et le contour sous-estime de manière visible le volume du ventricule. Dans les colonnes suivantes, des voisinages de taille 7 et 10 respectivement sont considérés. On peut voir que plus la rigidité augmente, plus le modèle s'affranchit du contour de chaque coupe prise individuellement. Cela permet de surestimer le volume en fin de systole comme attendu, mais provoque également une sous-estimation du volume en fin de diastole. Il serait possible de construire un modèle de référence sur lequel la rigidité serait localement plus faible dans les plans correspondant à la diastole pour éviter ce phénomène.

Les résultats obtenus sont certainement plus proches de la réalité dans la colonne centrale qui correspond à un bon compromis entre variabilité du modèle et déformations physiques du ventricule. Cependant l'estimation de la valeur optimale du paramètre de rigidité nécessiterait la donnée de grandeurs quantitatives. En outre, l'utilisation de valeurs intermédiaires de la rigidité correspondrait à un redimensionnement de la taille des voxels qui n'est pas évident à évaluer. Il demeure que cette approche permet de réaliser une segmentation du ventricule malgré l'information manquante dans chacune des coupes prises individuellement. Elle nécessite très peu de temps de traitement (quelques dizaines de secondes pour la segmentation de l'ensemble des coupes).

7.3.2 Séquences temporelles d'images 3D

Plusieurs possibilités sont envisageables pour traiter des images 3D. Nous avons dans un premier temps exploré les possibilités de segmentation à partir des modèles surfaciques existants.

Segmentation itérative

La solution la plus simple consiste à considérer indépendamment chaque instant et de segmenter itérativement l'image 3D correspondant à chaque instant du cycle cardiaque. Si la fréquence d'échantillonnage de la séquence d'images est suffisamment élevée pour que les déformations du cœur entre deux instants apparaissent comme relativement faibles, le modèle déformé à l'instant précédent fournit une bonne initialisation de l'instant suivant. Cette forme de segmentation ne prend en compte la continuité temporelle qu'au moment de l'initialisation.

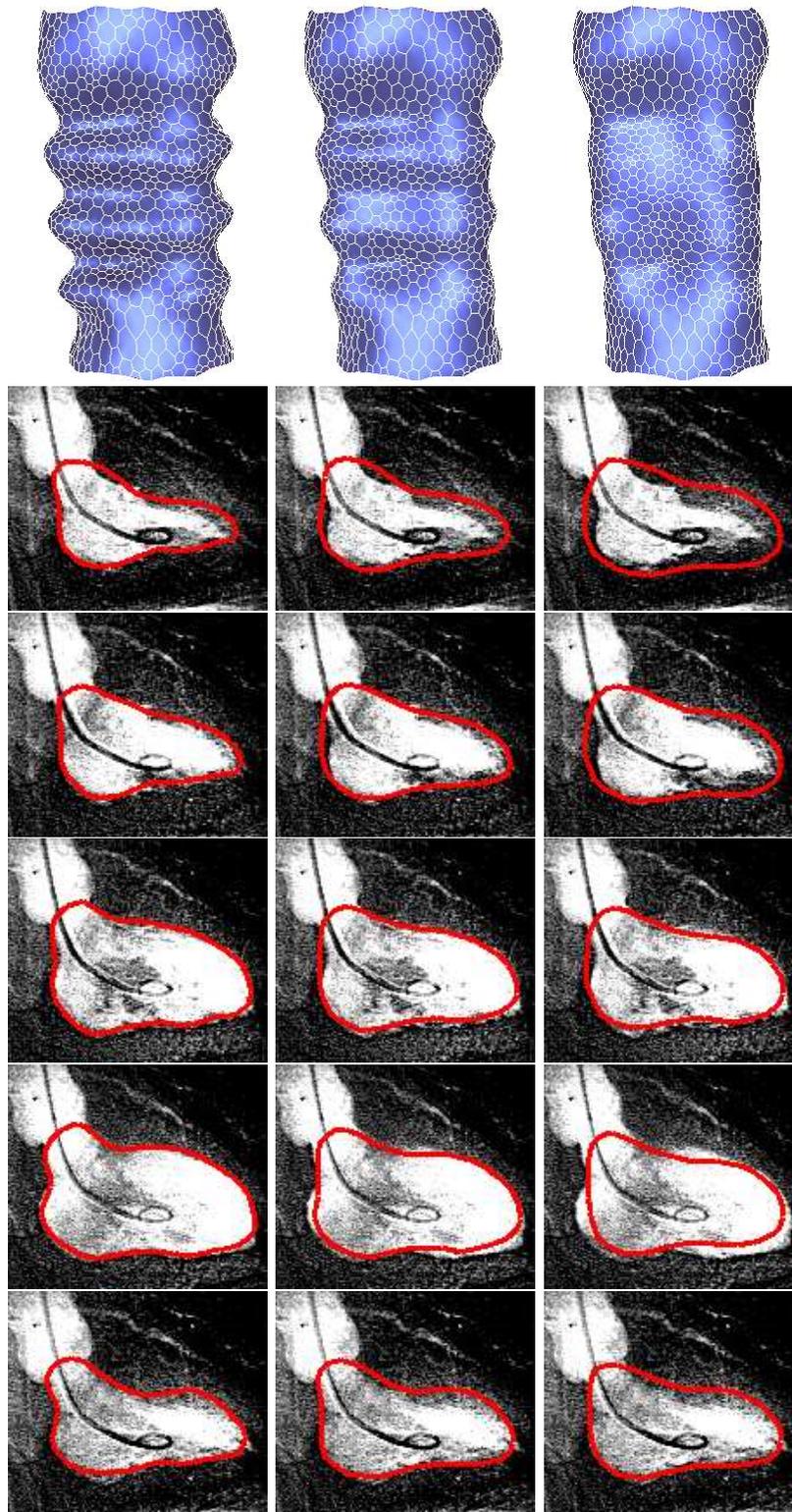


FIG. 7.6 – Trois segmentations d'une même image avec un modèle cylindrique dont le paramètre de rigidité varie. Colonnes de gauche à droite : la valeur de la rigidité est 5, 7 et 11 respectivement.

Nous disposons d'une séquence temporelle d'images ultrasonores acquise au CHU Barbois dans le cadre du projet Échocard3D⁵. La figure 7.7 montre la segmentation d'une série de huit images ultrasonores du cœur acquises entre la fin de diastole et la fin de systole dans une géométrie cylindrique par une sonde rotative. Un modèle de référence construit lors des expériences présentées au paragraphe 6.5.3 est initialisé de manière approximative dans la première image du cycle cardiaque. Des forces de gradient sont utilisées pour recalibrer rigide puis par similitudes et transformations affines le modèle ($\lambda = 0$ et $\beta = 1$). Pour passer d'un instant au suivant, un recalage par similitude suffit à compenser la contraction globale du muscle cardiaque. Des déformations locales à contrainte globale affine calculées en utilisant l'information de région permettent ensuite de compenser les déformations non rigides de la surface :

λ	force	contrainte	β	r	l	nombre d'itérations
0	gradient	similitude	1		10	5
0	gradient	affine	1		10	5
0,1	région	affine	0,5	7	10	10
0,2	région	affine	0,3	5	10	10
0,4	région	affine	0,15	5	10	5

Les deux lignes du haut de la figure 7.7 montrent les huit modèles surfaciques obtenus dans chaque image. Les trois lignes suivantes montrent l'intersection de chaque modèle avec trois des coupes de l'image 3D. L'axe horizontal correspond au temps du cycle cardiaque et l'axe vertical à l'angle de rotation dans l'image cylindrique (de haut en bas : 20, 80 et 140 degrés).

La résolution angulaire de l'image s'élève à 20° , ce qui correspond au pire cas envisagé dans l'expérience du paragraphe 6.2.1. Malgré cette faible résolution, les occultations qui font disparaître certains contours de l'image et la présence d'artefacts de numérisation du signal vidéo, les contraintes appliquées au modèle lors de la déformation permettent une reconstruction correcte de la surface. La figure 7.8 montre la courbe de variation du volume du ventricule gauche. Dans cette expérience, nous avons trouvé une fraction d'éjection de 38%, ce qui semble être une valeur faible.

Extension du nombre de dimensions

Une approche plus satisfaisante consisterait à prendre en compte la dimension temporelle tout au long du processus de déformation. Nous pouvons décomposer les images 3D pour les transformer en séquences d'images 2D puis segmenter chaque séquence comme proposé au paragraphe 7.3.1. On dispose alors pour chaque image 3D d'un empilement de contours par recombinaison des coupes. La nouvelle déformation d'un modèle déformable permet la reconstruction de chaque image 3D (voir figure 7.9). Cette approche ne nécessite des déformations que dans un espace tridimensionnel. Elle prend en compte la continuité temporelle dans la première étape et la continuité spatiale dans la seconde. Cependant, elle nécessite deux étapes indépendantes et se heurte aux restrictions que nous avons déjà décrites.

Nous pouvons étendre l'approche proposée dans le cas bidimensionnel en définissant un modèle géométrique 4D dont chaque sommet aurait ses composantes dans \mathbb{R}^4 . Cela revient à considérer

5. <http://www.loria.fr/~berger/echocard.html>

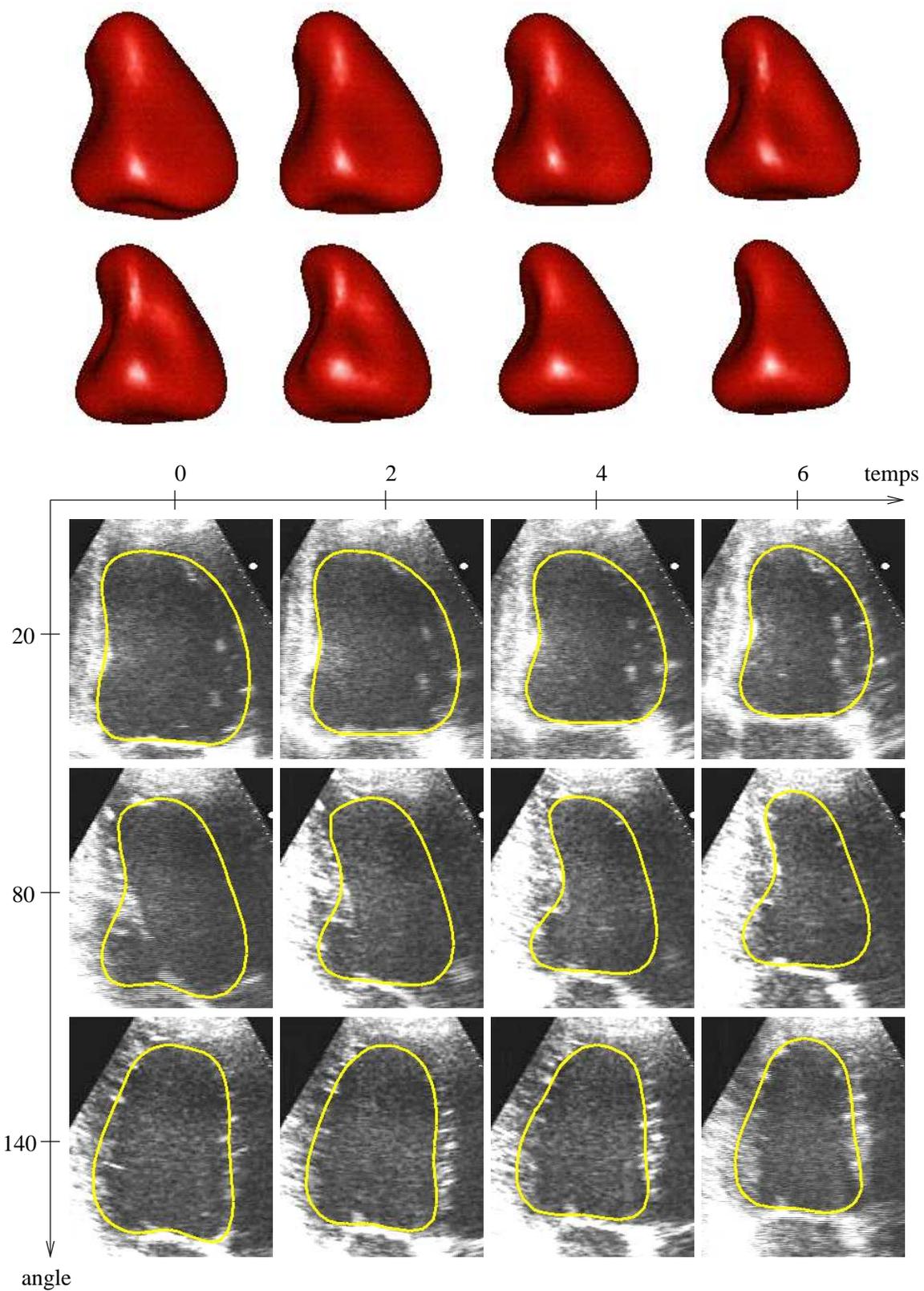


FIG. 7.7 – Deux lignes du haut: huit modèles du ventricule gauche reconstruits à huit instants du cycle cardiaque. Lignes 3 à 5: intersection de quatre des huit modèles reconstruits avec trois plans de l'image originale.

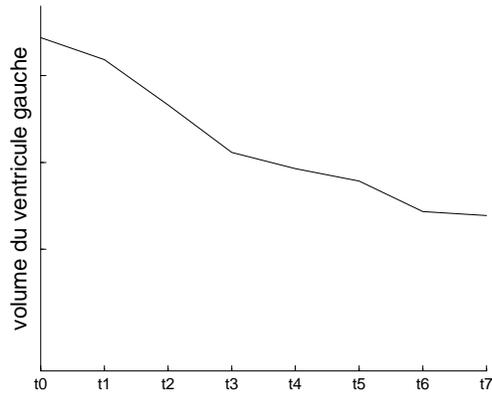


FIG. 7.8 – *Variation de volume du ventricule gauche mesurée d’après le volume des modèles déformables. La fraction d’éjection s’élève à 38%.*

les quatre dimensions comme homogènes. Cette approche ne nous apparaît pas satisfaisante car la dimension temporelle est en général échantillonnée avec une fréquence beaucoup plus grossière que les dimensions spatiales. De plus, la dimension temporelle est périodique pour les séquences complètes du cycle cardiaque. Il est difficile de la considérer comme une donnée homogène aux dimensions spatiales et soumise aux mêmes contraintes de continuité. Notons néanmoins que le développement de technologies permettant un échantillonnage temporel beaucoup plus fin rendra plus facile l’utilisation de la dimension temporelle comme une grandeur homogène aux dimensions d’espace.

L’approche que nous proposons de développer au chapitre suivant prend en compte la dimension temporelle en définissant des contraintes de régularité indépendantes de celles des dimensions spatiales.

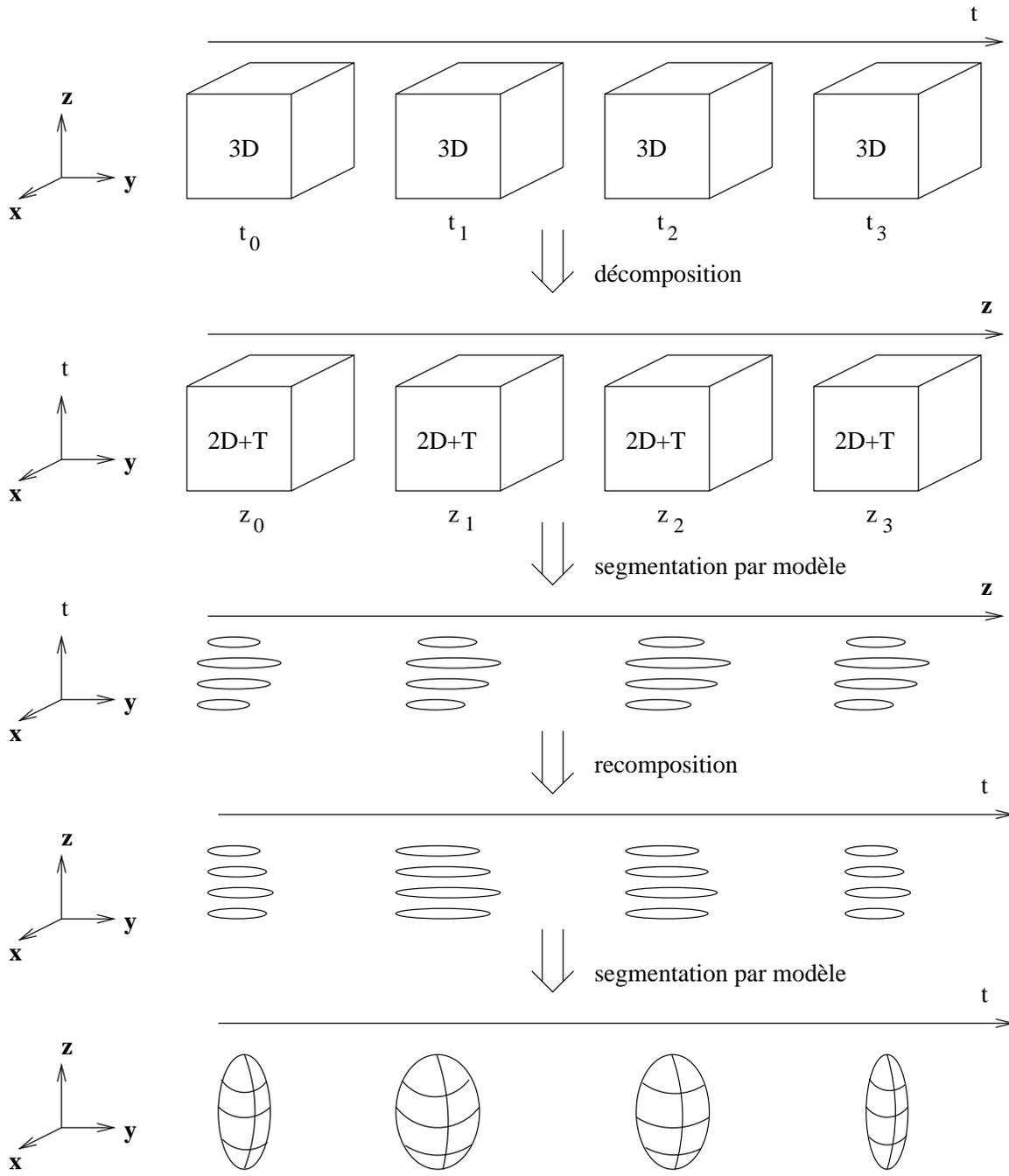


FIG. 7.9 – Segmentation d'une image 4D par décomposition en images 2D+T puis recombinaison.

Chapitre 8

Modèles simplexes pour la segmentation d'images tétradimensionnelles

Nous présentons dans ce chapitre une extension des maillages simplexes surfaciques à la quatrième dimension pour le traitement de séquences d'images temporelles. Nous introduisons des contraintes régularisantes temporelles. Nous montrons comment utiliser un formalisme proche

de celui des maillages simplexes pour définir une notion de mémoire de trajectoire analogue à la mémoire de forme. Nous utilisons ces modèles déformables 4D pour la segmentation de séquences d'images cardiaques acquises par IRM, médecine nucléaire et échographique.

8.1 Maillages simplexes 4D

La dimension temporelle présente plusieurs particularités :

- une fréquence d'échantillonnage grossière par rapport aux dimensions spatiales;
- une quasi périodicité dans le cas de l'étude du cycle cardiaque complet;

À partir de cette constatation, nous avons décidé de prendre en compte la continuité temporelle de manière indépendante de la continuité spatiale.

Dans ce paragraphe, nous définissons des maillages simplexes adaptés à la segmentation de séquences d'images 3D. Nous parlerons de maillages en quatre dimensions, ou *maillages simplexes 4D*, pour désigner ces hyper-surfaces.

8.1.1 Topologie et géométrie

Soit I une image 4D composée de n instants :

$$\begin{aligned} I &: \Gamma \times \llbracket 0, n-1 \rrbracket &\rightarrow G \\ (\mathbf{v}, k) &&\mapsto I(\mathbf{v}, k) \end{aligned}$$

Un maillage simplexe 4D est composé, comme un 2-maillage simplexe, d'un ensemble de sommets munis chacun de trois relations de voisinage définissant trois arêtes. Chaque sommet peut prendre plusieurs positions au cours du temps. On note $\mathbf{p}_{i,k}$ la position du sommet numéro i à l'instant k . L'ensemble $\{\mathbf{p}_{i,k}\}_{k \in \llbracket 1, n \rrbracket}$ représente la *trajectoire* du sommet numéro i au cours du temps (voir figure 8.1). On fait ainsi l'hypothèse raisonnable que le mouvement au cours du temps est régulier et qu'un point garde une position relative à ses voisins proches à tout instant. Un maillage simplexe 4D est donc composé d'une topologie, constante dans le temps, et de plusieurs géométries (voir figure 8.2).

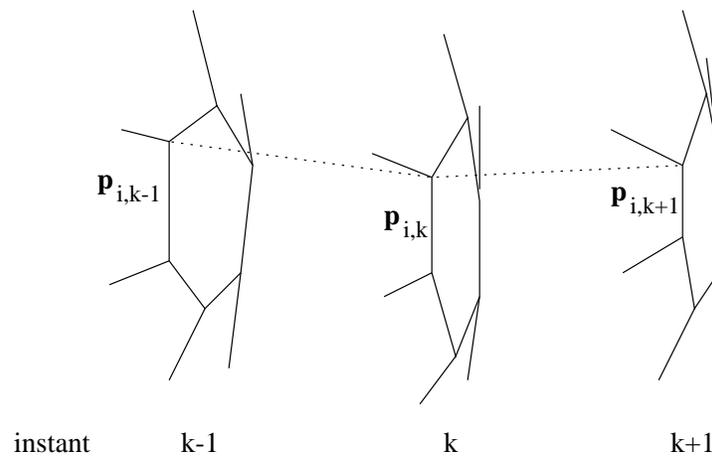


FIG. 8.1 – Trajectoire d'un sommet d'un maillage simplexe 4D entre trois instants.

Notons que la trajectoire $\{\mathbf{p}_{i,k}\}_k$ d'un sommet n'a absolument aucune raison de correspondre à la trajectoire physique des organes reconstruits. En particulier dans l'étude du mouvement cardiaque,

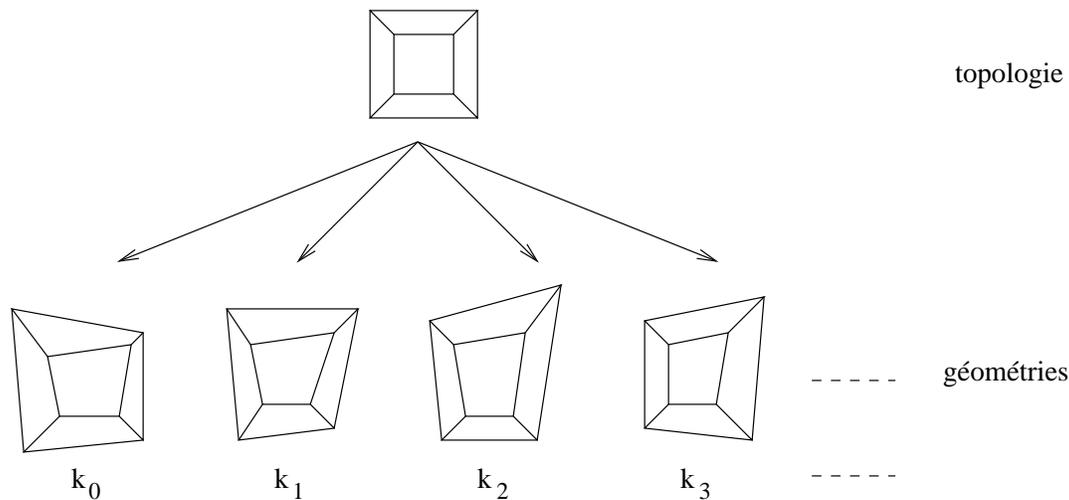


FIG. 8.2 – Un maillage simplexe $4D$ possède une topologie invariante au cours du temps et plusieurs géométries.

les points du myocarde sont animés d'un mouvement de torsion autour du grand axe du cœur. Ce mouvement tangent à la direction des contours est imperceptible dans les séquences classiques d'images (à l'exception des IRM marquées) et le modèle qui évolue suivant sa normale n'a aucune raison de le suivre. La reconstruction $4D$ d'un organe permet néanmoins son étude volumétrique de manière précise.

Cette représentation des hyper-surfaces présente plusieurs avantages. Elle permet de bénéficier du formalisme des maillages simplexes pour la régularisation spatiale des déformations. Elle sépare les dimensions spatiales et temporelle. Enfin, elle autorise l'utilisation des algorithmes de changement de topologie décrits dans les paragraphes 2.4 et 2.5.

8.1.2 Équation d'évolution

Les déformations du modèle sont calculées simultanément pour tous les sommets et à tout instant. C'est à dire que l'ensemble des positions $\{\mathbf{p}_{i,k}\}_{(i,k)}$ est mis à jour simultanément.

Forces régularisantes

La surface est régularisée dans les dimensions spatiales par les forces internes. Afin d'assurer une continuité temporelle du maillage, on applique une force de rappel f_{temps} en chaque sommet qui impose une certaine régularité temporelle. Comme pour la définition des forces internes des maillages simplexes, si $\tilde{\mathbf{p}}_{i,k}$ désigne une position correspondant à des critères de régularité temporelle pour le point $\mathbf{p}_{i,k}$, alors on exprime la force temporelle comme :

$$f_{\text{temps}}(\mathbf{p}_{i,k}) = \tilde{\mathbf{p}}_{i,k} - \mathbf{p}_{i,k}.$$

Évolution du modèle

Un sommet i du modèle en quatre dimensions à un instant k est donc soumis à la composition

de trois forces : la force interne (régularisation spatiale), la force externe (terme d'attache aux données) et la force temporelle (régularisation temporelle). L'équation Newtonienne du mouvement du sommet $\mathbf{p}_{i,k}$ s'écrit :

$$\mathbf{p}_{i,k}^{t+\Delta t} = \mathbf{p}_{i,k}^t + \gamma(\mathbf{p}_{i,k}^t - \mathbf{p}_{i,k}^{t-\Delta t}) + \alpha(i)f_{\text{int}}(\mathbf{p}_{i,k}^t) + \beta(i)f_{\text{int}}(\mathbf{p}_{i,k}^t) + \delta(i)f_{\text{temps}}(\mathbf{p}_{i,k}^t),$$

où $\delta(i) \in [0,1]$ est un poids définissant l'influence de la régularisation temporelle relativement à la régularisation spatiale (de poids $\alpha(i)$) et au terme d'attache aux données (de poids $\beta(i)$).

8.1.3 Régularisation temporelle

Parallèlement aux termes de régularité spatiale, nous avons envisagé deux termes de régularité temporelle : un terme de lissage dans la dimension temporelle et un terme de mémoire de forme étendu au cas 4D.

Lissage temporel

La position d'un sommet à l'instant k est régularisée en fonction de ses positions aux instants les plus proches. De manière similaire à la force de régularisation proposée pour les contours déformables (équation 3.5), on ramène la position des sommets vers le centre des positions aux instants précédents et suivants :

$$\tilde{\mathbf{p}}_{i,k} = \frac{\mathbf{p}_{i,k-1} + \mathbf{p}_{i,k+1}}{2}.$$

Soumis à cette contrainte, le maillage se lisse temporellement et sa forme à tout instant évolue vers une forme unique (après convergence, $\forall i \in \llbracket 0, d-1 \rrbracket, \forall k, l \in \llbracket 0, n-1 \rrbracket^2, \mathbf{p}_{i,k} = \mathbf{p}_{i,l}$). Si le maillage est régularisé en espace par la contrainte de continuité de courbure, il évolue vers une sphère de rayon constant au cours du temps.

Si le modèle est périodique, les trajectoires sont closes et l'expression de la régularisation temporelle ne pose pas de difficultés en prenant $\mathbf{p}_{i,n} = \mathbf{p}_{i,0}$ et $\mathbf{p}_{i,-1} = \mathbf{p}_{i,n-1}$. S'il est apériodique, les trajectoires sont ouvertes et les points extrema en temps ($\{\mathbf{p}_{i,0}\}_i$ et $\{\mathbf{p}_{i,n-1}\}_i$) ne sont pas régularisés temporellement.

Contrainte de forme temporelle

Afin de conserver l'information *a priori* de forme 4D tout au long du processus de déformation, il est possible d'imposer au maillage une contrainte temporelle de forme. On considère la trajectoire $\{\mathbf{p}_{i,k}\}_k$ de chaque sommet au cours du temps. D'un point de vue géométrique, cette trajectoire définit un 1-maillage simplexe de \mathbb{R}^3 dont chaque sommet $\mathbf{p}_{i,k}$ possède pour voisins les points définis par ses positions aux instants suivant ($\mathbf{p}_{i,k+1}$) et précédent ($\mathbf{p}_{i,k-1}$). On considère dans ce cas que les trajectoires sont fermées et tout sommet possède deux voisins.

On utilise une idée très similaire à celle exposée dans le paragraphe 2.2.2 pour définir la position d'un sommet à un instant donné en fonction de ses «voisins temporels» et de trois paramètres :

- un paramètre métrique $\varepsilon_{i,k}^1$ indiquant la position relative de la projection de $\mathbf{p}_{i,k}$ sur le segment $[\mathbf{p}_{i,k-1}, \mathbf{p}_{i,k+1}]$;

- un angle simplexe $\varphi_{i,k}$ définissant l'élévation de $\mathbf{p}_{i,k}$ par rapport au segment $[\mathbf{p}_{i,k-1}, \mathbf{p}_{i,k+1}]$ dans le plan $(\mathbf{p}_{i,k-1}, \mathbf{p}_{i,k}, \mathbf{p}_{i,k+1})$.
- un angle $\psi_{i,k}$ définissant la torsion discrète de la trajectoire.

Contrairement aux 1-maillages simplexes on considère une trajectoire échantillonnée de manière relativement grossière et pas une courbe lisse régulièrement échantillonnée. En conséquence, un point n'est pas forcément restreint à une portion du plan définie par ses deux plus proches voisins mais peut prendre n'importe quelle position : son paramètre métrique est défini dans \mathbb{R} et pas dans $[0,1]$. Cette situation nous amène à considérer trois cas différents illustrés dans la figure 8.3 qui représente une projection de la trajectoire dans le plan $(\mathbf{p}_{i,k-1}, \mathbf{p}_{i,k}, \mathbf{p}_{i,k+1})$. Pour chaque cas, l'angle simplexe est défini de manière différente.

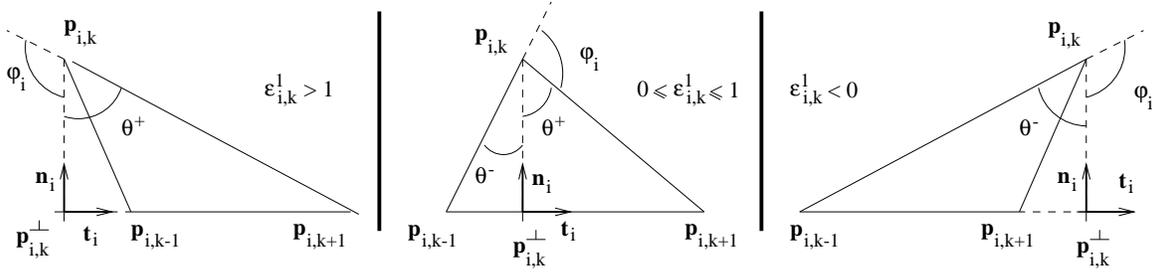


FIG. 8.3 – Trois définitions des paramètres de position d'un point relativement à ses voisins.

La position $\mathbf{p}_{i,k}^\perp$ du projeté de $\mathbf{p}_{i,k}$ sur le segment $[\mathbf{p}_{i,k-1}, \mathbf{p}_{i,k+1}]$ est définie par les paramètres métriques $\varepsilon_{i,k}^1$ et $\varepsilon_{i,k}^2 = 1 - \varepsilon_{i,k}^1$:

$$\mathbf{p}_{i,k}^\perp = \varepsilon_{i,k}^1 \mathbf{p}_{i,k-1} + \varepsilon_{i,k}^2 \mathbf{p}_{i,k+1}.$$

On en déduit la norme des vecteurs :

$$\|\mathbf{p}_{i,k}^\perp - \mathbf{p}_{i,k-1}\| = |\varepsilon_{i,k}^2| \|\mathbf{p}_{i,k+1} - \mathbf{p}_{i,k-1}\|$$

$$\|\mathbf{p}_{i,k}^\perp - \mathbf{p}_{i,k+1}\| = |\varepsilon_{i,k}^1| \|\mathbf{p}_{i,k+1} - \mathbf{p}_{i,k-1}\|$$

On définit les angles $\theta^+ = \angle \mathbf{p}_{i,k}^\perp \mathbf{p}_{i,k} \mathbf{p}_{i,k+1}$ et $\theta^- = \angle \mathbf{p}_{i,k-1} \mathbf{p}_{i,k} \mathbf{p}_{i,k}^\perp$. On recherche l'expression de la hauteur $h = \|\mathbf{p}_{i,k} - \mathbf{p}_{i,k}^\perp\|$ en fonction de l'angle simplexe dans les différentes configurations.

- **Premier cas :** $\varepsilon_{i,k}^1 > 1$

L'angle simplexe vérifie $\varphi_{i,k} = \pi - \theta^+$ d'où

$$\tan(\varphi_{i,k}) = -\tan(\theta^+) = -\frac{\|\mathbf{p}_{i,k}^\perp - \mathbf{p}_{i,k+1}\|}{h}$$

donc :

$$h(\varepsilon_{i,k}^1, \varphi_{i,k}, \mathbf{p}_{i,k+1}, \mathbf{p}_{i,k-1}) = \frac{-\varepsilon_{i,k}^1 \|\mathbf{p}_{i,k+1} - \mathbf{p}_{i,k-1}\|}{\tan(\varphi_{i,k})}.$$

- **Second cas :** $0 \leq \varepsilon_{i,k}^1 \leq 1$

Dans ce cas, la relation $\varphi_{i,k} = \pi - \theta^+ - \theta^-$ conduit à :

$$-\tan(\varphi_{i,k}) = \tan(\theta^+ + \theta^-) = \frac{\tan(\theta^+) + \tan(\theta^-)}{1 - \tan(\theta^+) \tan(\theta^-)} = \frac{\|\mathbf{p}_{i,k+1} - \mathbf{p}_{i,k-1}\| h}{h^2 + \|\mathbf{p}_{i,k}^\perp - \mathbf{p}_{i,k-1}\| \|\mathbf{p}_{i,k}^\perp - \mathbf{p}_{i,k+1}\|}. \quad (8.1)$$

Deux valeurs de h satisfont l'équation 8.1 :

$$h = \frac{\|\mathbf{p}_{i,k+1} - \mathbf{p}_{i,k-1}\|}{2 \tan(\varphi_{i,k})} \left(-1 \pm \sqrt{1 + 4\varepsilon_{i,k}^1 \varepsilon_{i,k}^2 \tan^2(\varphi_{i,k})} \right).$$

Une des deux racines est toujours négative et l'autre toujours positive. Si $\varphi_{i,k} < \frac{\pi}{2}$, le premier terme est positif et le second doit également l'être (signe positif). Dans le cas contraire, le second terme doit être négatif :

$$h(\varepsilon_{i,k}^1, \varphi_{i,k}, \mathbf{p}_{i,k+1}, \mathbf{p}_{i,k-1}) = \frac{\|\mathbf{p}_{i,k+1} - \mathbf{p}_{i,k-1}\|}{2 \tan(\varphi_{i,k})} \left(-1 + \varepsilon \sqrt{1 + 4\varepsilon_{i,k}^1 \varepsilon_{i,k}^2 \tan^2(\varphi_{i,k})} \right)$$

$$\varepsilon = \begin{cases} +1 & \text{si } \varphi_{i,k} < \frac{\pi}{2} \\ -1 & \text{sinon} \end{cases}$$

- **Troisième cas :** $\varepsilon_{i,k}^1 < 0$

L'angle simplexe vérifie $\varphi_{i,k} = \pi - \theta^-$ d'où

$$\tan(\varphi_{i,k}) = -\tan(\theta^-) = -\frac{\|\mathbf{p}_{i,k}^\perp - \mathbf{p}_{i,k+1}\|}{h}$$

donc :

$$h(\varepsilon_{i,k}^1, \varphi_{i,k}, \mathbf{p}_{i,k+1}, \mathbf{p}_{i,k-1}) = \frac{(\varepsilon_{i,k}^1 - 1) \|\mathbf{p}_{i,k+1} - \mathbf{p}_{i,k-1}\|}{\tan(\varphi_{i,k})}.$$

Soit $\{\varepsilon_{i,k}^1, \tilde{\varphi}_{i,k}, \tilde{\psi}_{i,k}\}_{(i,k)}$ l'ensemble des paramètres de référence décrivant la forme de toutes les trajectoires du modèle simplexe 4D. La force régularisante de forme est définie par le point attracteur :

$$\tilde{\mathbf{p}}_{i,k} = \varepsilon_{i,k}^1 \mathbf{p}_{i,k-1} + \varepsilon_{i,k}^2 \mathbf{p}_{i,k+1} + h(\varepsilon_{i,k}^1, \varphi_{i,k}, \mathbf{p}_{i,k+1}, \mathbf{p}_{i,k-1}) \mathbf{n}_i,$$

où le vecteur normal est défini par :

$$\mathbf{r}_i = \frac{\mathbf{t}_i \wedge (\mathbf{p}_{i,k-2} \mathbf{p}_{i,k-1} \wedge \mathbf{p}_{i,k+1} \mathbf{p}_{i,k+2})}{\|\mathbf{t}_i \wedge (\mathbf{p}_{i,k-2} \mathbf{p}_{i,k-1} \wedge \mathbf{p}_{i,k+1} \mathbf{p}_{i,k+2})\|} \text{ et } \mathbf{n}_i = \cos(\psi_i) \mathbf{r}_i + \sin(\psi_i) \mathbf{t}_i \wedge \mathbf{r}_i.$$

8.1.4 Initialisation d'un modèle 4D

Pour créer un maillage simplexe 4D on part d'une succession de 2-maillages simplexes de même topologie. Les deux maillages simplexes peuvent avoir la même géométrie mais on n'introduit alors aucune connaissance *a priori* sur les déformations temporelles de la structure considérée. On préférera donc utiliser une succession de maillages déformés itérativement dans une séquence d'images de référence comme explicité dans le paragraphe 7.3.2. Il est alors important que tous les maillages

d'initialisation aient conservé de bonnes propriétés géométriques au cours des déformations de manière à garantir une correspondance raisonnable entre la position des sommets à différents instants.

Si le modèle de référence n'est pas échantillonné avec la même fréquence temporelle que l'image, on rééchantillonne le maillage simplexe 4D en temps. Le calcul des positions des sommets aux instants de l'image est réalisé par simple interpolation linéaire des positions connues. La figure 8.4 illustre le rééchantillonnage temporel d'un maillage simplexe. Notons que des techniques plus évoluées de rééchantillonnage pourraient être utilisées pour éviter la perte d'amplitude provoquée par l'interpolation linéaire.

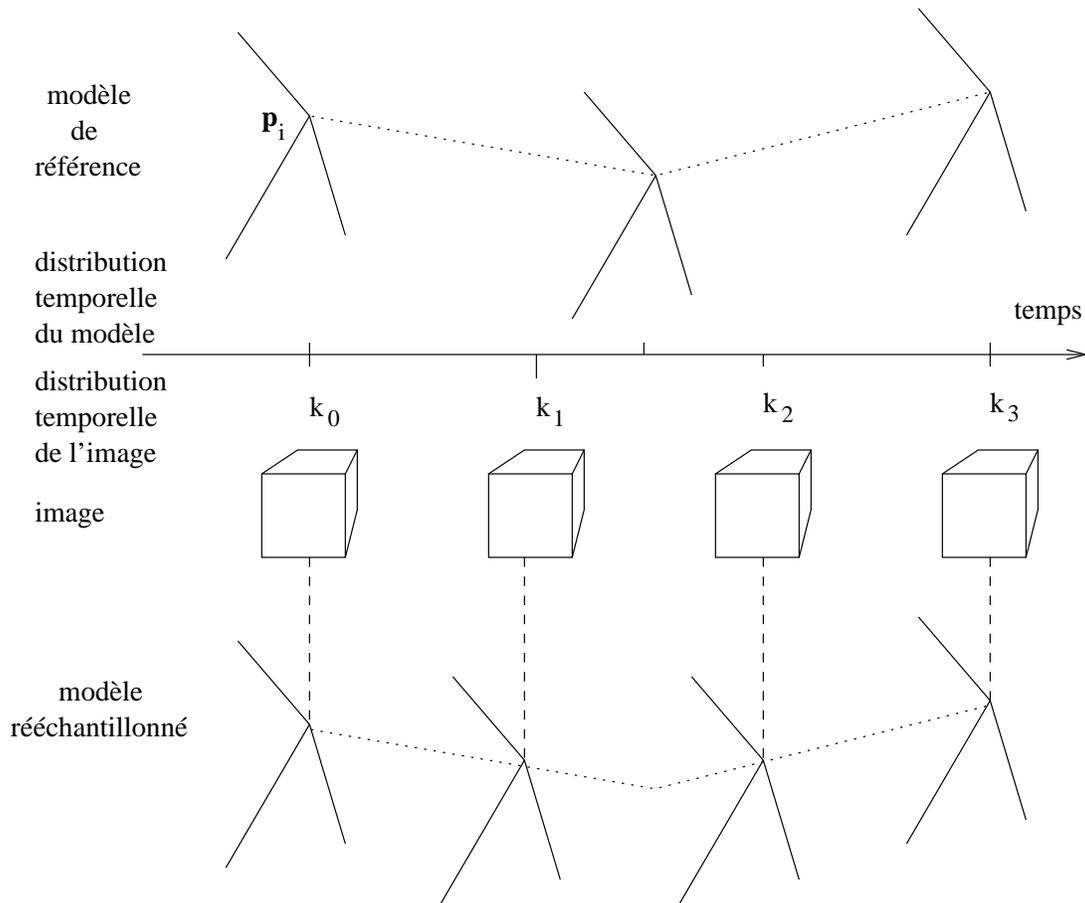


FIG. 8.4 – Rééchantillonnage temporel d'un maillage simplexe à la fréquence de l'image.

8.2 Déformations locales contraintes

8.2.1 Recalage

Comme dans le cas des maillages surfaciques, il est possible d'estimer une transformation globale à partir du champ de déformations afin de limiter le nombre de degrés de liberté du modèle. Il est naturel d'estimer la transformation globale à partir de tous les instants simultanément de manière

à prendre en considération le plus d'informations possible. Cependant, nous estimons une transformation de nature purement géométrique de \mathbb{R}^3 dans la mesure où nous ne voulons pas autoriser des déformations «dans le temps» du modèle. Le modèle est échantillonné avec une fréquence et sur une période correspondant à l'image 4D traitée et nous nous interdisons toute dilatation ou contraction du modèle dans la dimension temporelle. Cette hypothèse n'est pas restrictive puisque nous n'avons été amenés qu'à travailler sur des séquences temporelles couvrant un simple cycle cardiaque. Notons néanmoins que le traitement de séquences couvrant plusieurs cycles peut poser de nouveaux problèmes surtout en cas de pathologie provoquant des irrégularités du cycle cardiaque comme une tachycardie.

Une transformation globale est donc estimée à partir de l'ensemble des positions de sommets à tous les instants mais chaque sommet est transformé dans l'espace à un instant précis. On minimise le critère :

$$T = \arg \min_{T \in \mathbf{T}_{\text{reg}}} \left\{ \sum_{k=0}^{n-1} \sum_{i=0}^{d-1} \|T(\mathbf{p}_{i,k}) - (\mathbf{p}_{i,k} + f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_{i,k}))\|^2 \right\} \quad (8.2)$$

Les méthodes d'estimation de T pour différents groupes de transformations \mathbf{T}_{reg} à partir de l'équation 8.2 sont présentées dans le chapitre 4. La transformation estimée est appliquée à l'ensemble des sommets à tous les instants simultanément. Elle traduit donc une déformation du modèle à tous les instants, comme par exemple un changement global du volume de la structure modélisée.

8.2.2 Déformations à contrainte globale

Le schéma de déformation à contrainte globale proposé au chapitre 4.4 s'étend naturellement au cas 4D. Une fois estimé le champ des déformations locales $\{f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_{i,k})\}_{(i,k)}$ et une transformation globale T conduisant au champ de déformations $\{f_{\text{global}}(\mathbf{p}_{i,k})\}_{(i,k)}$, les déformations locales contraintes d'un sommet s'expriment simplement :

$$\mathbf{p}_{i,k}^{t+\Delta t} = \mathbf{p}_{i,k}^t + (1 - \gamma)(\mathbf{p}_{i,k}^t - \mathbf{p}_{i,k}^{t-\Delta t}) + \lambda(\alpha(i)f_{\text{int}}(\mathbf{p}_{i,k}^t) + \delta(i)f_{\text{temps}}(\mathbf{p}_{i,k}^t) + \beta(i)f_{\text{ext}}(\mathbf{p}_{i,k}^t)) + (1 - \lambda)f_{\text{global}}(\mathbf{p}_{i,k}^t).$$

Comme les forces régularisantes en espace, les forces régularisantes en temps sont pondérées par le coefficient de localité λ . Dans la mesure où les transformations globales sont estimées en considérant la position des sommets à tous les instants, les déformations globales assurent une régularisation spatiale et temporelle et un terme additionnel de régularisation est inutile dans le cas où $\lambda = 0$.

8.2.3 Contrainte globale de forme

Il est toujours possible d'appliquer la contrainte globale de forme introduite dans le chapitre 4.5. Les transformations globales sont calculées sur l'ensemble des positions des sommets du maillage à tous les instants comme détaillé ci-dessus. Une position de référence est mémorisée pour chaque sommet à chaque instant. La force globale tend à ramener chaque sommet à chaque instant vers sa position de référence dans cet instant.

8.3 Segmentation de séquences d'images du cœur

Nous utilisons les modèles simplexes 4D pour la segmentation du ventricule gauche en mouvement dans des séquences d'images 3D. Nous utilisons des images par résonance magnétique et des images de tomographie monophotonique de la perfusion du myocarde acquises en géométrie Cartésienne, ainsi que des images échographiques en géométrie cylindrique.

8.3.1 Images par résonance magnétique

Les IRM cardiaques présentent une très bonne résolution dans le plan de coupe (256×256 voxels). En revanche, la résolution dans la troisième dimension est très inférieure comme l'illustre la figure 8.5 qui montre deux coupes orthogonales aux plans de l'image originale (facteur d'anisotropie de l'ordre de 8). Nous disposons d'une séquence de 13 images, formées de 9 plans chacune, qui représentent les ventricules du cœur d'un patient sain au cours du cycle cardiaque. Ces images ont été acquises par General Electric Medical Systems¹. Les différentes images présentent un contraste assez variable et des contours peu prononcés.

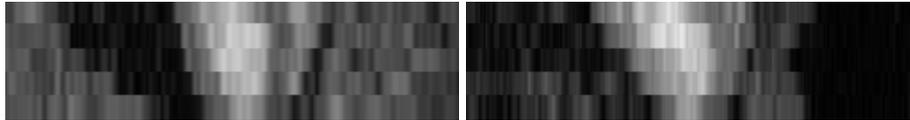


FIG. 8.5 – Deux coupes orthogonales aux plans d'une IRM révélant l'anisotropie importante.

Nous construisons un modèle 4D en immergeant un ellipsoïde grossièrement centré sur le ventricule gauche dans la première image de la séquence. Ce modèle est dupliqué aux treize instants de l'image. Le modèle est déformé vers les points de fort gradient de l'image en utilisant la contrainte de direction. Des contraintes de lissage spatial et temporel sont utilisées puisqu'aucune information *a priori* sur la forme n'est disponible. Les déformations sont contraintes par une transformation affine et un coefficient de localité relativement faible impose une certaine régularité de la surface dans les régions où l'information de gradient est lacunaire. La déformation se déroule en deux étapes pour lesquelles le tableau suivant montre l'évolution des paramètres λ (localité), r (rigidité), l (portée) et des poids α (force interne), β (force externe), δ (force temporelle) :

λ	α	β	δ	r	l
0,1	1	0,5	0,1	6	10
0,4	1	0,1	0,1	3	8

La figure 8.6 montre le modèle 4D résultant de la déformation de l'ellipsoïde dans la séquence. La courbe d'évolution du volume du modèle est tracée dans la figure 8.7. Elle correspond à une variation de volume normale (voir figure 7.1).

La figure 8.8 montre la superposition de la trace du modèle dans les plans de l'image originale. Un instant sur deux est représenté dans les colonnes de la figure. Chaque ligne correspond à l'une

1. <http://www.ge.com/medical/>

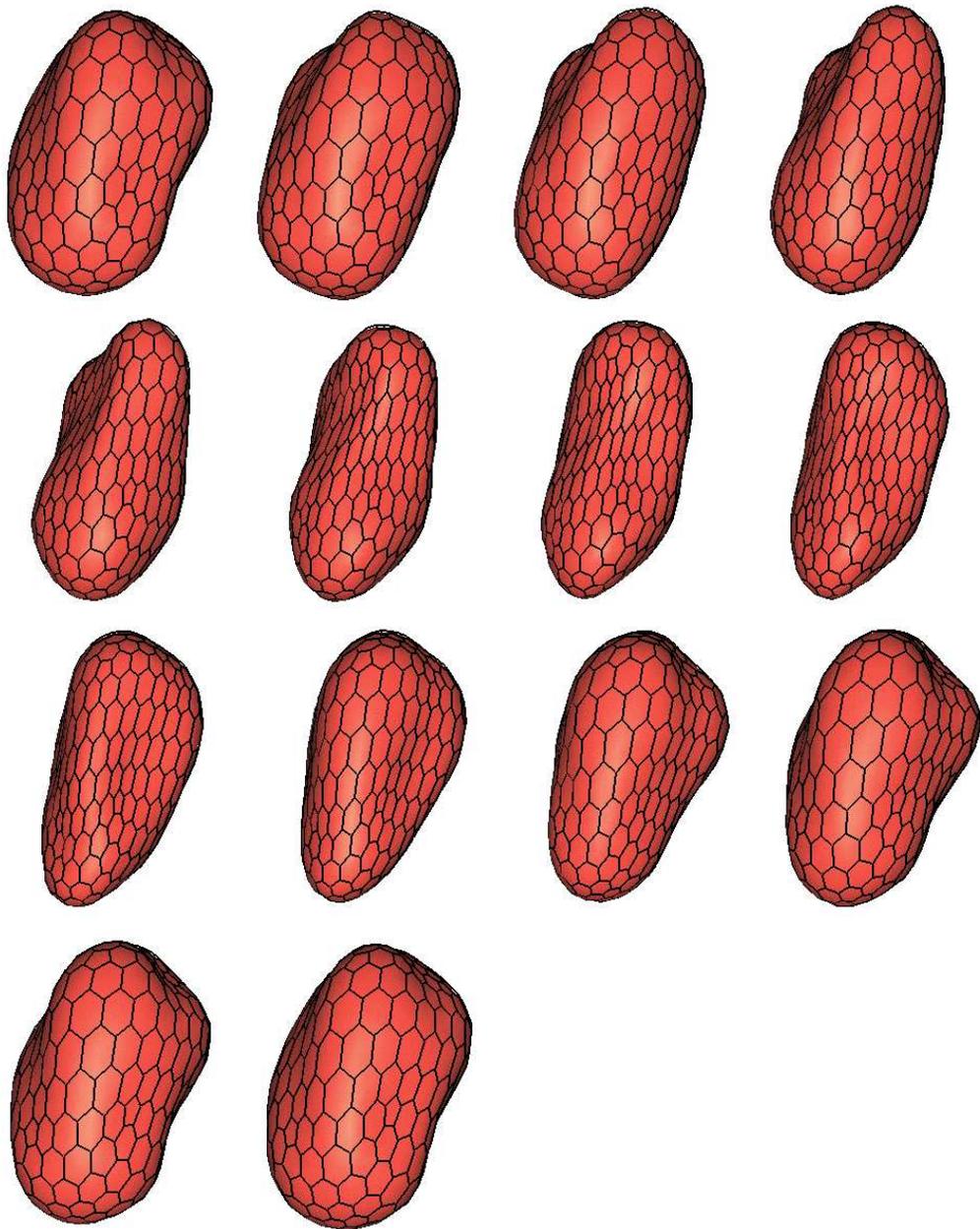


FIG. 8.6 – *Modèle 4D du ventricule gauche extrait d'une séquences d'IRM multicoupe.*

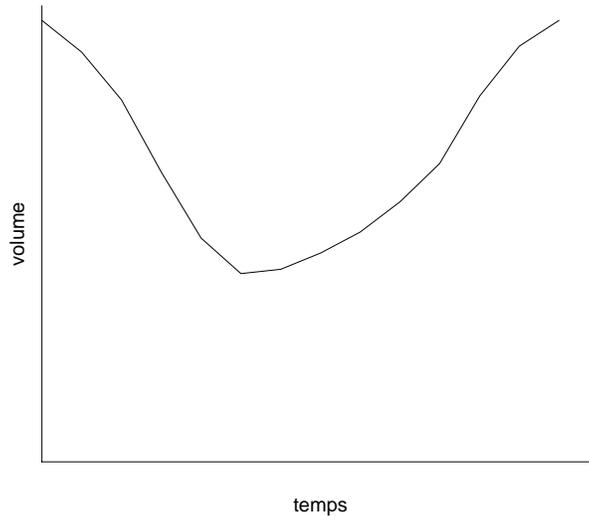


FIG. 8.7 – *Variation du volume reconstruit au cours du cycle cardiaque.*

des neuf coupes de l'image. L'effet des contraintes de continuité imposées au modèle apparaît dans plusieurs plans de l'image où l'on rencontre des variations brusques du volume sanguin perceptibles en raison d'une réponse insuffisante du signal. Sur le plan du haut (dernière ligne de la figure), les oreillettes apparaissent donnant l'impression que le ventricule se divise en plusieurs composantes.

8.3.2 Images isotopiques

Les images de médecine nucléaires présentées dans ce paragraphe ont été acquises par le Professeur Goris de l'École de Médecine de l'Université de Standford (Californie). Chaque séquence est composée de huit images 3D couvrant un cycle cardiaque complet. La systole s'étend sur les trois premiers instants et la diastole sur les cinq suivants. Chaque image 3D est constituée de 64^3 voxels acquis en géométrie Cartésienne. Nous disposons d'acquisition de patients sains, correctement perfusés, et de cas pathologiques pour lesquels la perfusion est bien moins importante.

Construction d'un modèle

Un modèle de référence est construit à partir d'une image d'un patient sain. La figure 8.9 montre quelques unes des coupes grand axe (en haut) et petit axe (en bas) de l'image de référence. Le modèle de référence est construit de manière similaire à ce qui est fait dans l'expérience du paragraphe 7.3.2. Un modèle surfacique est initialisé dans l'image de l'instant 0. Nous avons utilisé une sphère guidée manuellement pour venir décrire la forme en «coupe» du myocarde tel qu'il est visible dans ces images. Le modèle est localement raffiné en fonction de sa courbure de manière à présenter une surface régulière dans sa région supérieure. Il est ensuite utilisé comme initialisation de l'image de l'instant suivant, et ainsi de suite. À chaque étape, l'estimation de similitudes permet de recalculer le modèle en compensant la variation de volume. Puis des déformations locales à contrainte affine

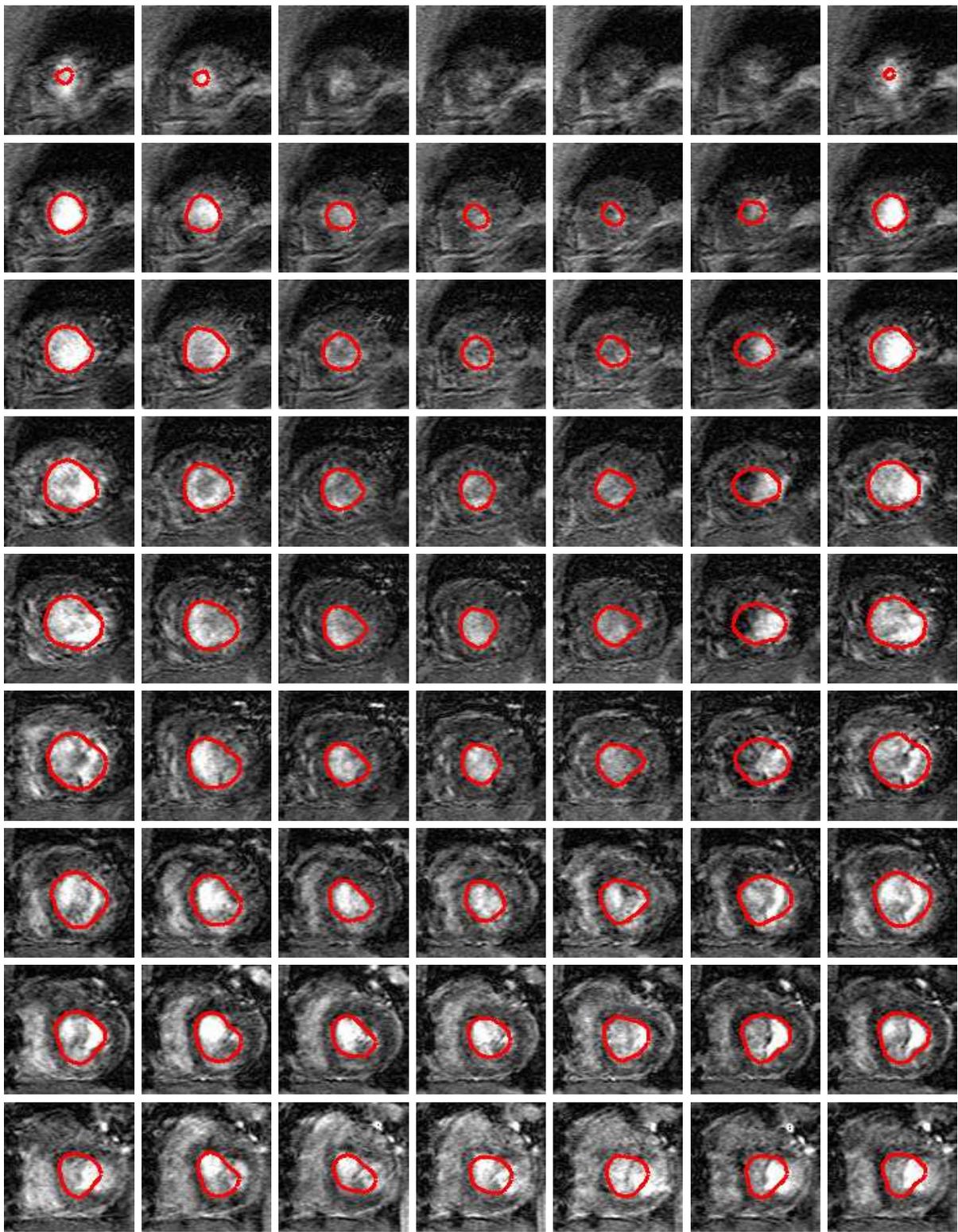


FIG. 8.8 – *Superposition du maillage simplexe 4D déformé sur l'IRM originale. Chaque ligne représente une coupe de l'image au cours du temps et chaque colonne un empilement de coupes à un instant donné.*

permettent de compenser les déformations non rigides.

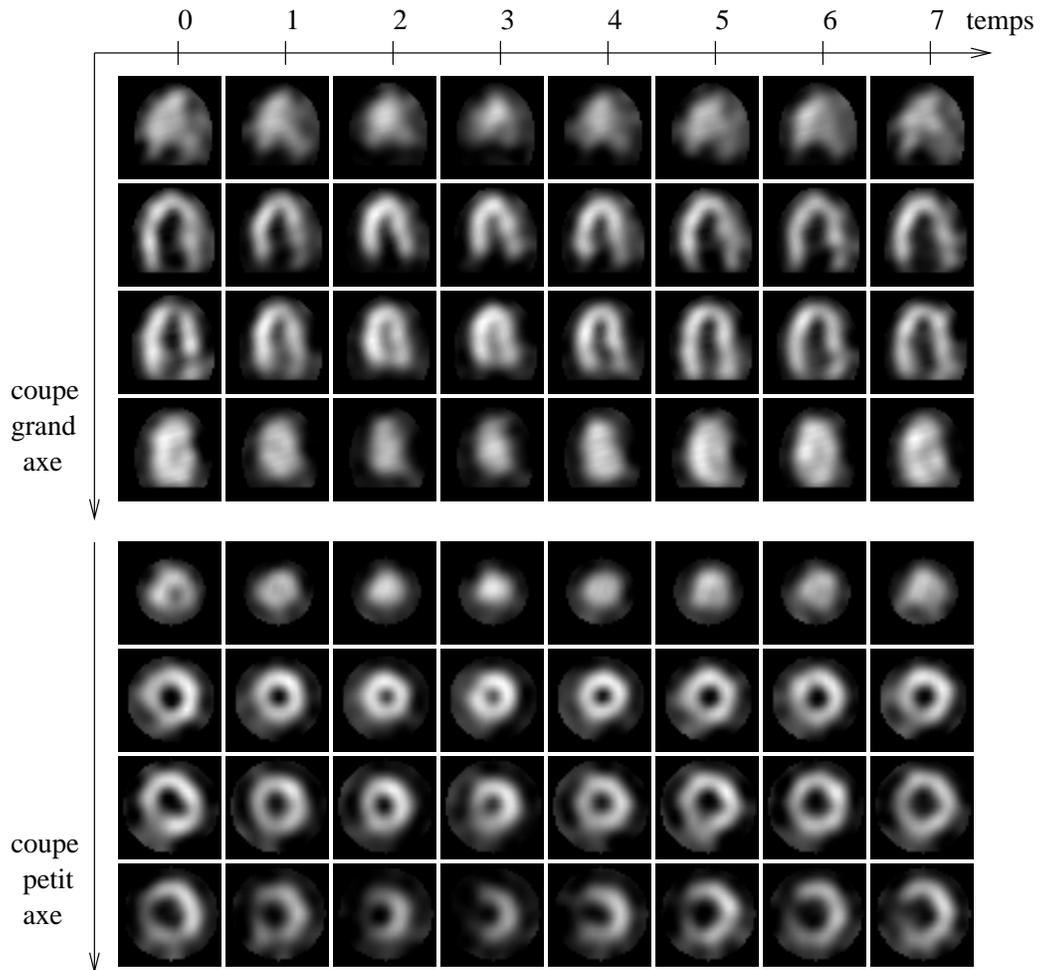


FIG. 8.9 – Image de médecine nucléaire utilisée pour la construction du modèle de référence. En haut : quatre coupes grand axe visualisées aux huit instants du cycle cardiaque. En bas : quatre coupes petit axe visualisées aux huit instants.

La figure 8.10 montre les modèles surfaciques obtenus aux huit instants du cycle cardiaque représentés dans l'image originale.

Segmentation d'un patient sain

Le modèle 4D construit, nous avons réalisé la segmentation du ventricule gauche dans cinq images 4D de médecine nucléaire. La figure 8.11 montre sur quelques coupes d'une image provenant d'un patient sain l'intersection du modèle après déformation. En haut apparaissent quatre coupes grand axe à quatre instants du cycle cardiaque. En bas, sont visualisées quatre coupes petit axe.

Nous utilisons l'intensité de la norme du gradient pour guider le modèle. En raison de la similitude entre les images, le modèle 4D de référence est initialisé dans la même position que dans l'image de référence. Il est recalé rigidement puis par similitude afin de compenser la différence de position et de taille du ventricule traité. Il est ensuite déformé localement sous contrainte affine en augmentant

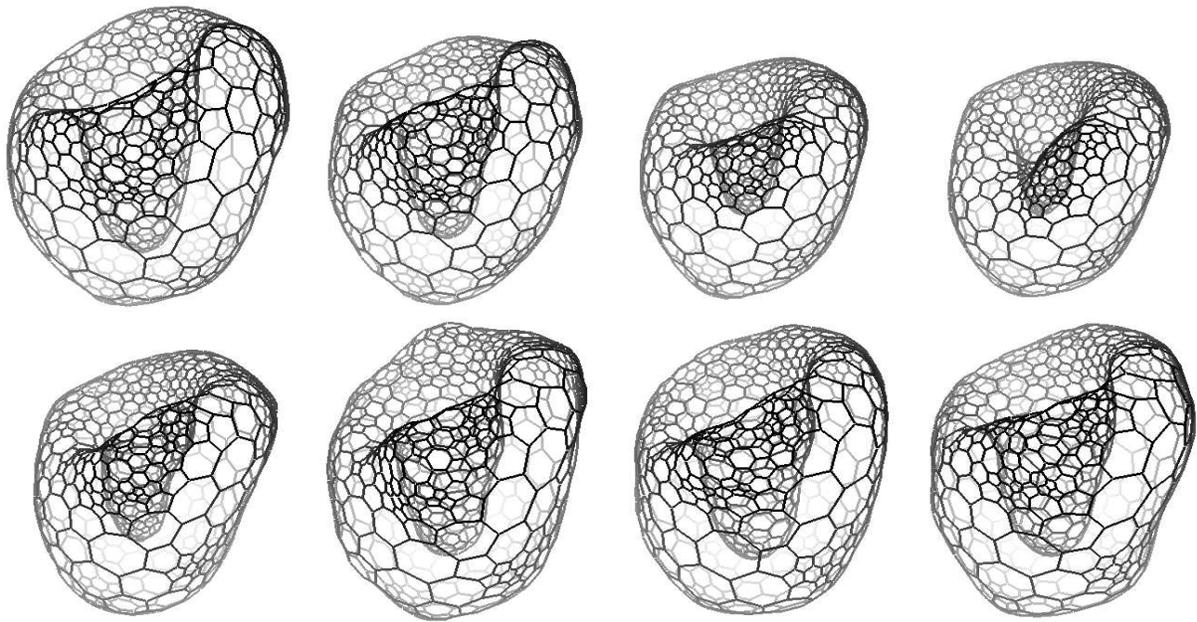


FIG. 8.10 – Huit modèles surfaciques obtenus par déformations successives. Le premier modèle est créé à partir d'une sphère de manière semi-automatique. Chacun des sept modèles suivants est obtenu par déformation du modèle de l'instant précédent.

progressivement le facteur de localité et en diminuant la portée des forces externes pour autoriser des déformations locales dans un voisinage de taille restreinte. La contrainte de direction du gradient est utilisée pour garantir que la partie intérieure du modèle soit attirée par les points de contour de l'endocarde et la partie extérieure par les points de l'épicarde. Le tableau suivant montre l'évolution des paramètres au cours de la déformation :

λ	contrainte	α	β	δ	r	l	nombre d'itérations
0	rigide		1			5	35
0	similitude		1			5	15
0,2	affine	1	0,1	0,2	5	2	20
0,5	affine	1	0,1	0,2	3	2	20
0,7	affine	1	0,1	0,1	2	2	20

La segmentation de cinq images 4D donnant des résultats similaires à celle présentée montre une certaine robustesse du processus de déformation.

Segmentation d'un patient pathologique

La segmentation d'un cas pathologique est réalisée de la même manière qu'un cas sain. En raison de la mauvaise perfusion du myocarde pour certaines pathologies, l'image est beaucoup moins contrastée et les contours plus lacunaires que dans le cas d'un cœur sain. Les contraintes de rigidité du modèle sont alors essentielles à la reconstruction correcte des contours. L'image 8.12 montre l'intersection du modèle avec quatre coupes petit axe et quatre coupes grand axe de l'image

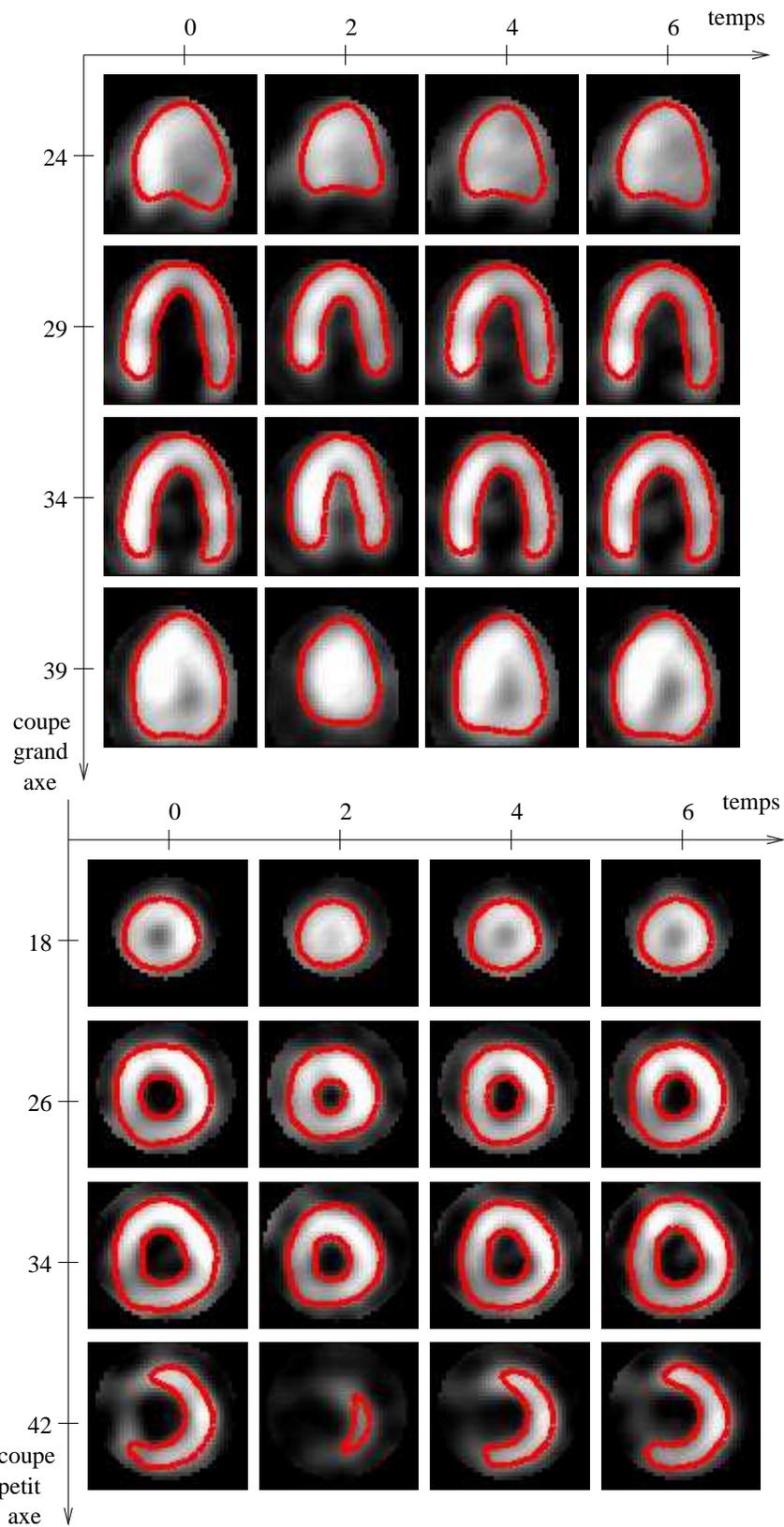


FIG. 8.11 – Exemple de segmentation d'un patient sain. Un instant sur deux de l'image originale est représenté. En haut, des coupes grand axe du cœur sur lesquelles se superpose l'intersection du modèle sont visualisées. En bas, les coupes petit axe du même patient avec la superposition du même modèle.

pathologique. La figure 8.13 montre l'intersection du modèle avec les mêmes coupes de l'image de la norme du gradient. Le modèle permet de reconstruire les régions dépourvues de contour comme l'apex. Une erreur locale apparaît dans la 41^{ème} coupe grand axe vers l'apex. Le modèle est attiré vers un faux positif résultant d'une perfusion anormalement élevée du ventricule droit apparaissant dans l'image. Il est possible de renforcer la rigidité du modèle de manière à le rendre moins sensible à cette perturbation locale, au prix d'une segmentation un peu plus approximative de l'ensemble du contour. L'erreur apparente sur la 20^{ème} coupe grand axe, particulièrement visible sur l'image de gradient, est en partie due à un effet de volume partiel dans ce plan tangent au myocarde.

Modèles 4D

La figure 8.14 montre une vue coronale (sur les trois lignes du haut) et une vue frontale (sur les trois lignes du bas) des modèles 4D. Dans chaque vue apparaît le modèle de référence (en haut), le cœur sain (au centre) et le cœur pathologique (en bas).

Les modèles déformés en quatre dimensions présentent un aspect plus régulier que le modèle de référence obtenu par déformations successives d'un modèle surfacique. En particulier, la prise en compte de la périodicité temporelle est visible entre le premier et le dernier instant. La segmentation en quatre dimensions permet donc d'améliorer le modèle de référence.

La différence d'amplitude du mouvement cardiaque entre les deux premiers modèles (correspondant tous deux à des cas sains) et le modèle du cœur pathologique est très visible.

8.3.3 Images ultrasonores

Les échographies présentent des difficultés de traitement en raison du *speckle* et de l'absence de réponse du signal aux interfaces tangentes aux rayons ultrasonores. Les images ultrasonores 3D sont composées d'un nombre limité de coupes qui ne donnent qu'une information partielle sur le volume exploré. En outre, les contraintes de temps d'acquisition dans le cas de séquences d'images conduisent à diminuer encore la résolution spatiale. Nous montrons dans ce paragraphe comment les techniques développées dans ce manuscrit permettent d'envisager la segmentation même dans ces cas difficiles à traiter.

Séquence Échocard3D

Nous utilisons les modèles 4D pour réaliser une nouvelle segmentation du ventricule gauche dans la séquence Échocard3D présentée dans le paragraphe 7.3.2. Nous pouvons ainsi comparer les apports de la nouvelle méthode par rapport à la segmentation itérative. Le modèle est initialisé de manière approximative dans l'image comme en témoigne la figure 8.15. Le modèle est d'abord soumis à un recalage par similitude pour se positionner dans l'image et prendre un facteur d'échelle correspondant aux données. L'information de gradient est suffisante alors que les déformations sont très contraintes et permettent une convergence rapide du modèle. Une portée importante est utilisée pour assurer que le modèle trouve les points de contour de l'image. Le modèle est ensuite soumis à des déformations locales à contrainte affine forte pendant quelques itérations, de manière à s'approcher des contours. On utilise enfin des déformations locales guidées par des forces de région avec une

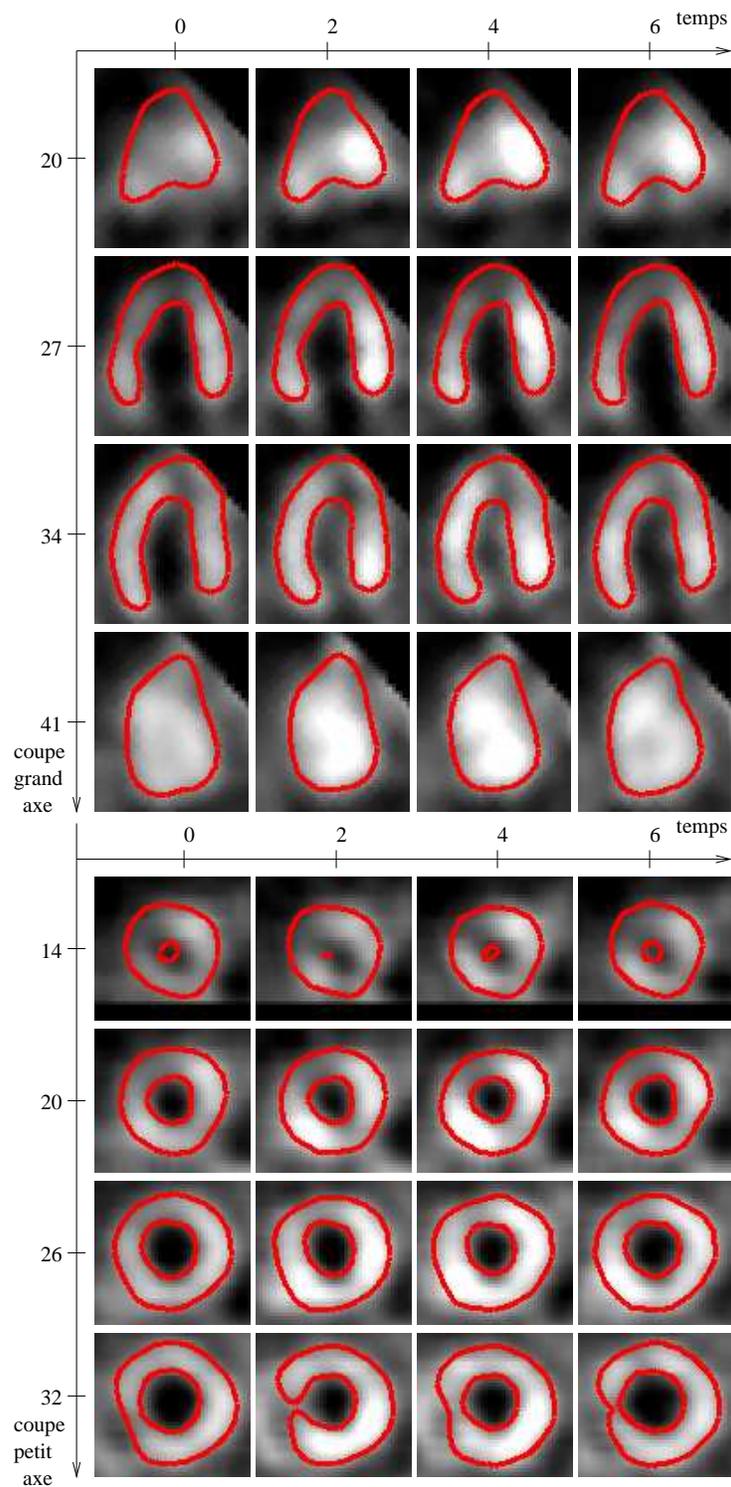


FIG. 8.12 – *Segmentation d'un cas pathologique. Un instant sur deux de l'image originale est représenté. En haut, des coupes grand axe du cœur sur lesquelles se superpose l'intersection du modèle sont visualisées. En bas, les coupes petit axe du même patient avec la superposition du même modèle.*

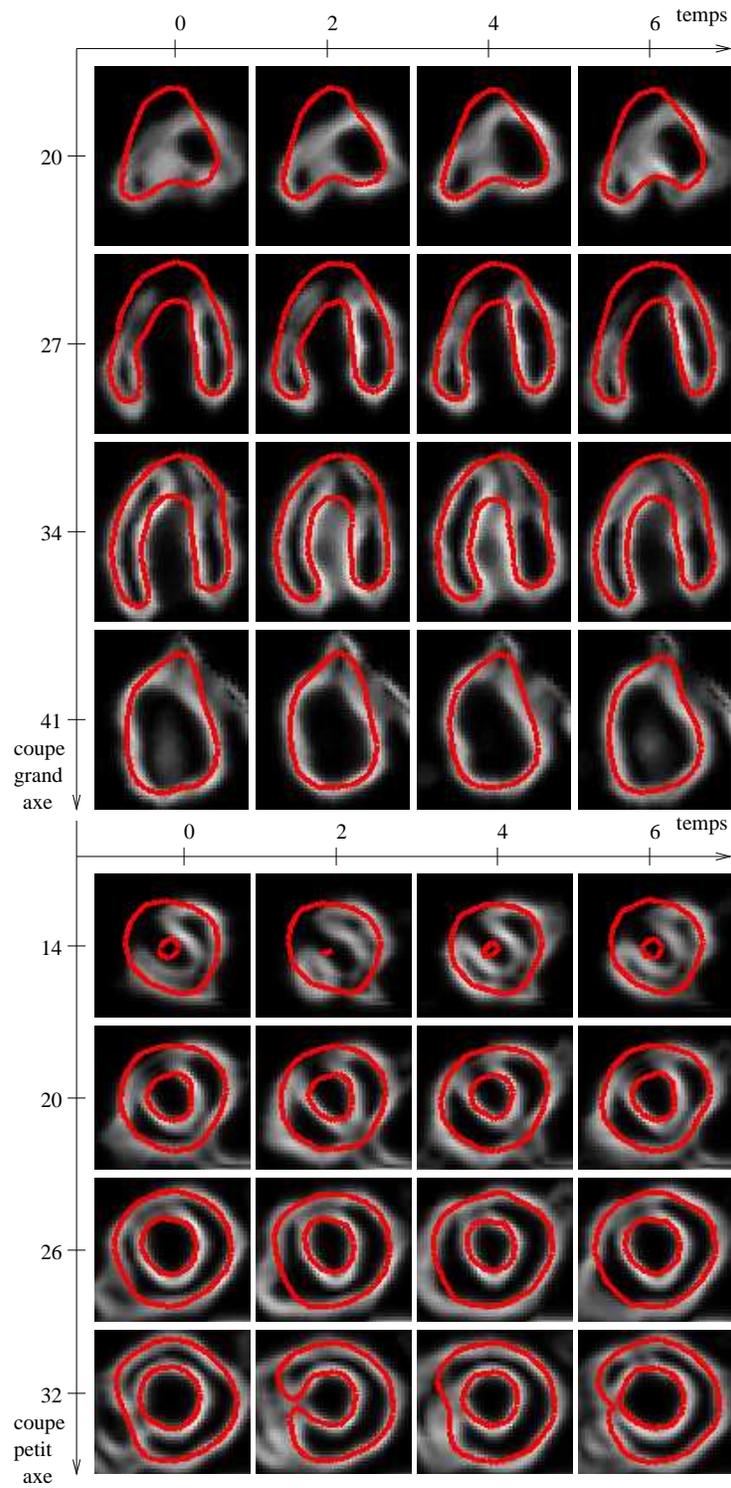


FIG. 8.13 – Visualisation de l'intersection du modèle avec l'image de la norme du gradient dans les mêmes plans que la figure 8.12.

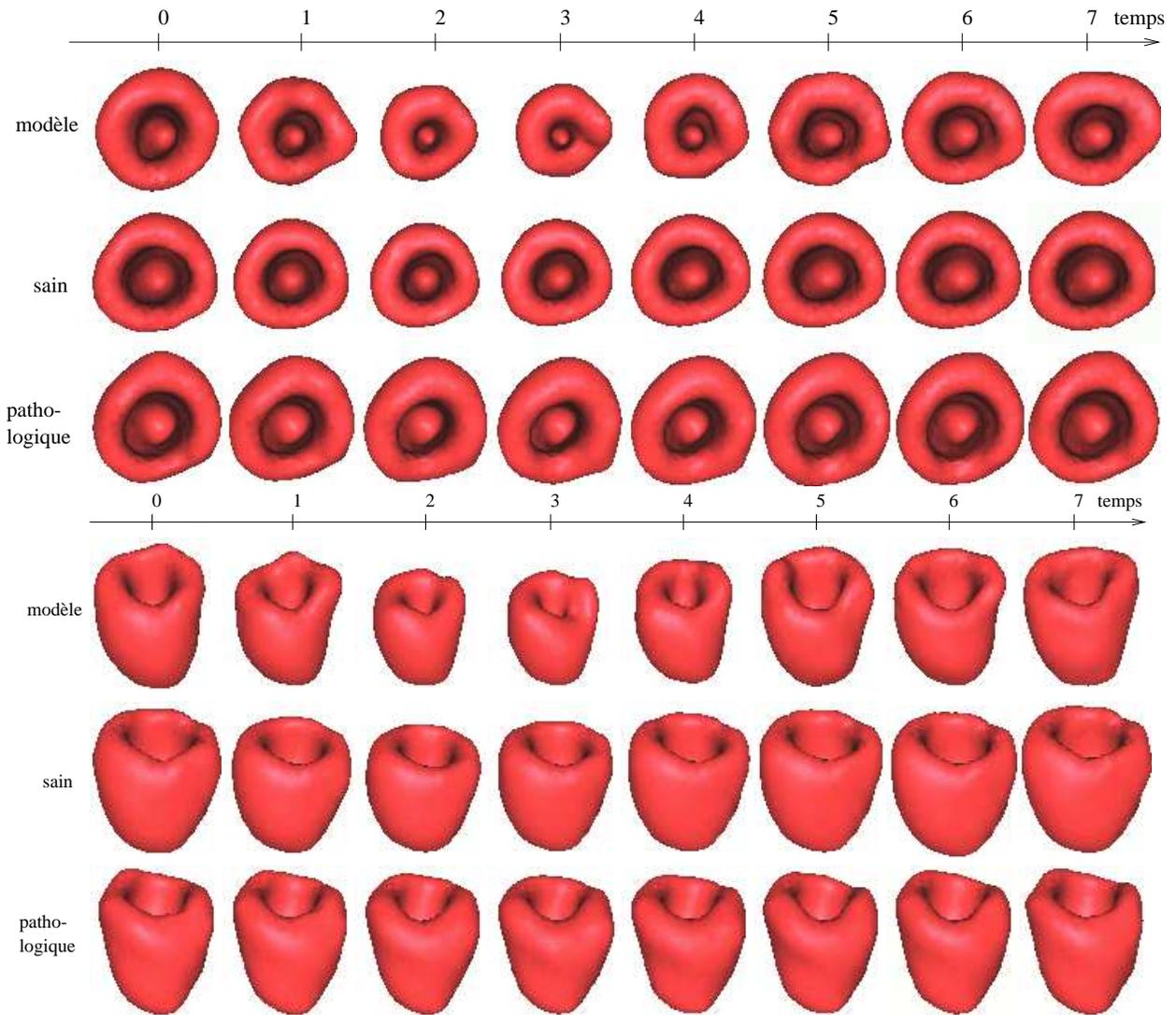


FIG. 8.14 – Modèles 4D du myocarde. Alternativement, d'une ligne à l'autre: modèle de référence, cas sain et cas pathologique. Lignes du haut: vue coronale. Lignes du bas: vue frontale.

portée limitée et un faible paramètre de rigidité de manière à ce que la surface puisse représenter fidèlement les données:

λ	contrainte	force	α	β	δ	r	l	nombre d'itérations
0	similitude	gradient		1		5	20	5
0,1	affine	gradient	1	0,5	0,1	5	20	5
1,0	affine	région	1	0,6	0,1	5	20	10

Du fait de la forme très approximative du modèle, un simple lissage temporel qui fait intervenir les deux plus proches voisins temporels de chaque sommet est utilisé.

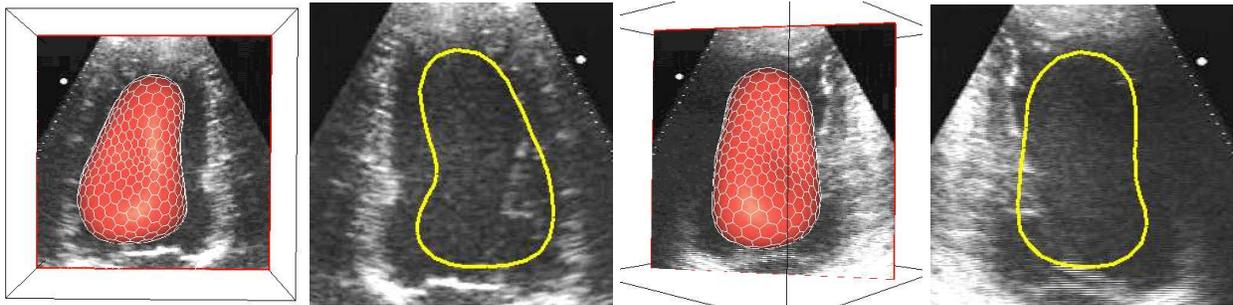


FIG. 8.15 – *Initialisation du modèle dans la séquence Échocard3D. À gauche, superposition du modèle sur le premier plan de l'image et trace de son intersection dans l'image. À droite : superposition du modèle dans un plan orthogonal et trace de son intersection.*

Les figures 8.16 et 8.17 montrent le modèle surfacique obtenu après déformations. La figure 8.16 représente le modèle sous un même angle de vue à tous les instants. La définition des images étant pauvre, un maillage relativement grossier est suffisant. La forme arrondie de l'apex est due au manque d'information dans le haut de l'image (voir figure 8.19). La figure 8.17 montre le modèle en transparence superposé à l'une des coupes de la séquence au cours de toute la systole.

La figure 8.18 montre l'évolution temporelle du volume du ventricule gauche (en traits forts) et la compare au résultat trouvé par segmentation itérative (en traits discontinus). La courbe est beaucoup plus régulière dans le cas 4D grâce aux contraintes régularisantes dans le temps. En outre, si le volume à l'instant initial est très proche dans les deux cas (3% d'écart), la différence augmente de manière régulière dans le temps. Ceci est peu surprenant puisque la segmentation itérative tend à cumuler les erreurs lors des différentes étapes de déformation. En outre, la courbe volumétrique du cas 4D présente un profil plus proche de celui attendu (voir figure 7.1). Avec cette nouvelle estimation du volume en fin de systole, nous obtenons une fraction d'éjection de 49%. Ce chiffre est à comparer à la segmentation manuelle de cette séquence par un cardiologue qui a conduit à une fraction d'éjection de 45%.

La figure 8.19 montre la totalité des coupes de la séquence sur lesquelles est superposée l'intersection du modèle avec chaque plan. Les huit colonnes de l'image correspondent aux huit instants de la séquence. Les neuf lignes correspondent à chacun des plans de l'image cylindrique (de haut en bas : plan 0° , 20° , 40° , 60° , 80° , 100° , 120° , 140° et 160°). L'effet des contraintes régularisantes apparaît

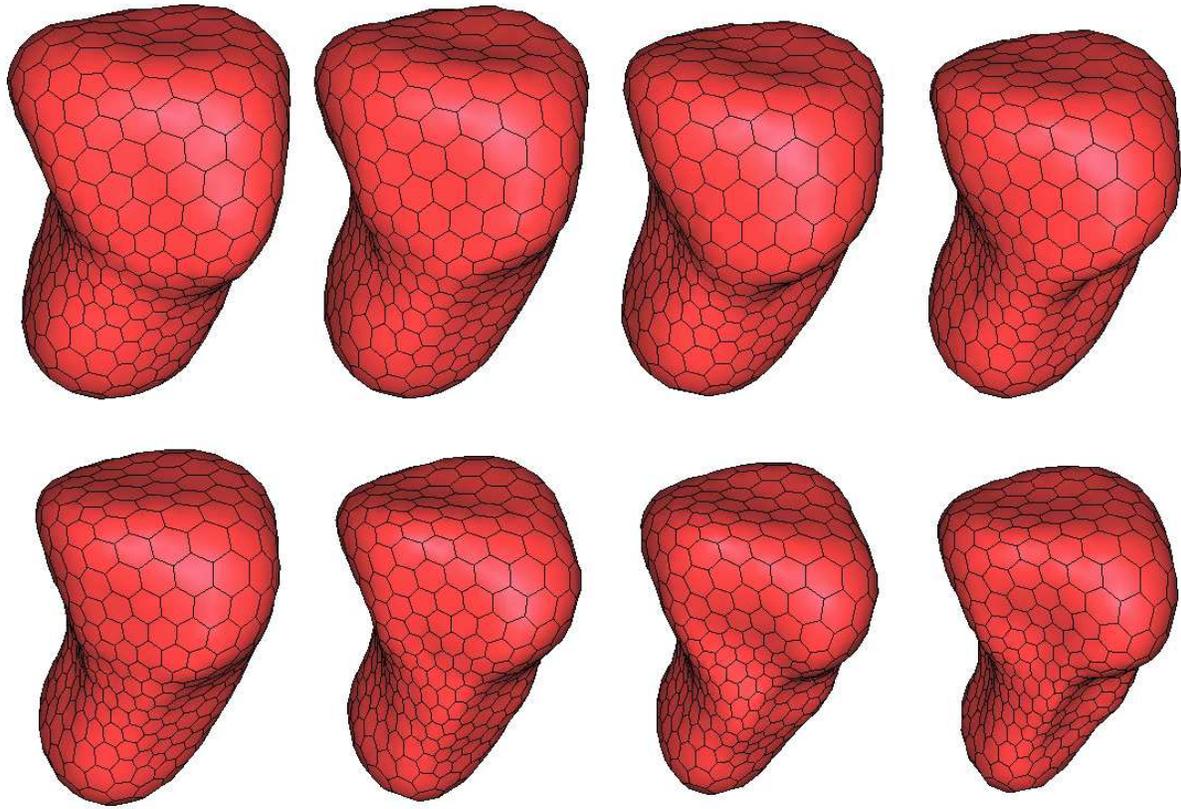


FIG. 8.16 – *Modèle déformé dans la séquence d'images Échocard3D.*

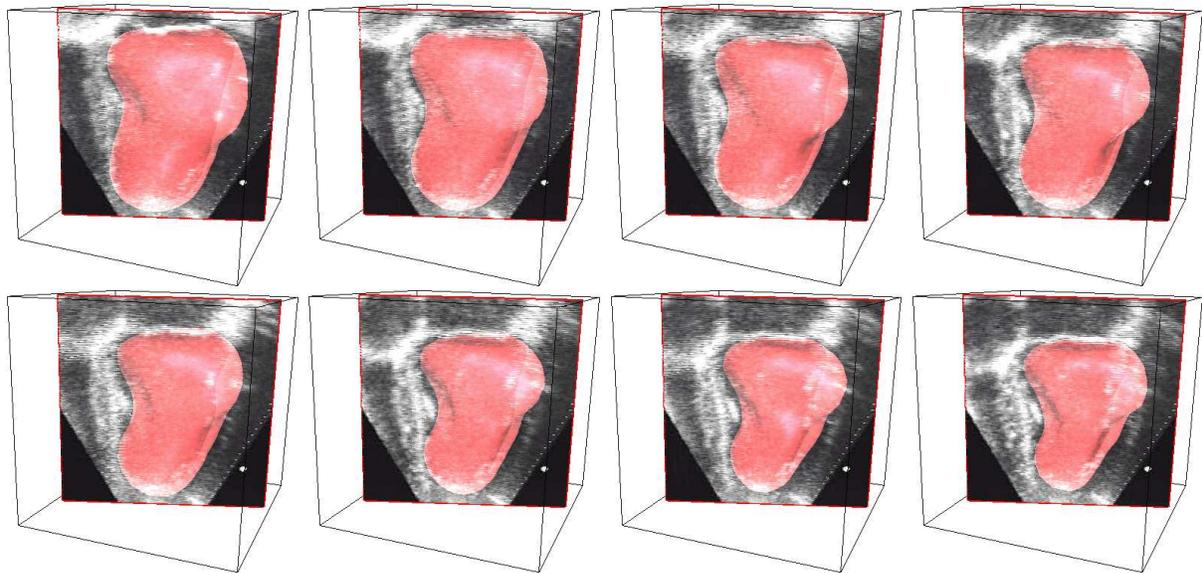


FIG. 8.17 – *Modèle en transparence sur un plan de la séquence d'images Échocard3D.*

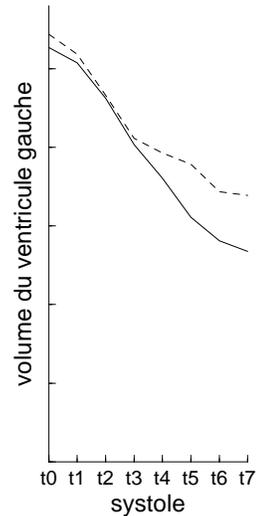


FIG. 8.18 – Évolution du volume du ventricule gauche au cours des huit instants de la séquence Échocard3D. En trait discontinus : volume des modèles 3D de la figure 7.8. En traits forts : volume du modèle 4D.

à plusieurs endroits de l'image où le contour semble «aberrant» pris de manière isolée mais correspond aux déformations locales de la surface visibles dans les coupes voisines. Ainsi, les contours des colonnes 3, 4 et 5 de la première ligne s'expliquent par les images des mêmes colonnes dans la seconde ligne (continuité spatiale) mais aussi par les images des colonnes 2 et 6 de la première ligne (continuité temporelle). Le contour du ventricule gauche se trouvant dans la zone périphérique de l'image, la géométrie cylindrique et la résolution angulaire élevée provoquent des effets de volume partiel très importants.

Séquences ATL

Enfin, nous présentons la segmentation d'une séquence d'images ultrasonores de la systole acquise par la compagnie ATL. Cette image 4D a été obtenue par une sonde rotative trans-thoracique. L'image résultante souffre d'une occultation importante due aux côtes qui masquent complètement l'apex. En outre, l'acquisition de l'image selon un axe qui ne correspond pas au grand axe du cœur rend l'image particulièrement délicate à segmenter. L'image est peu intelligible et son interprétation complexe. Peu de points de contour du ventricule gauche apparaissent dans l'image.

En raison de ces difficultés, seules des forces de région permettent une segmentation correcte de l'image. Des lignes épaisses assez nettes apparaissent, notamment au niveau du mur latéral du ventricule gauche. Le modèle se déforme vers des régions extérieures claires et de faible largeur. Une contrainte de forme est utilisée pour la reconstruction de l'apex pour lequel nous ne disposons d'aucune information dans l'image. Des déformations locales à contrainte affine limitent les variations

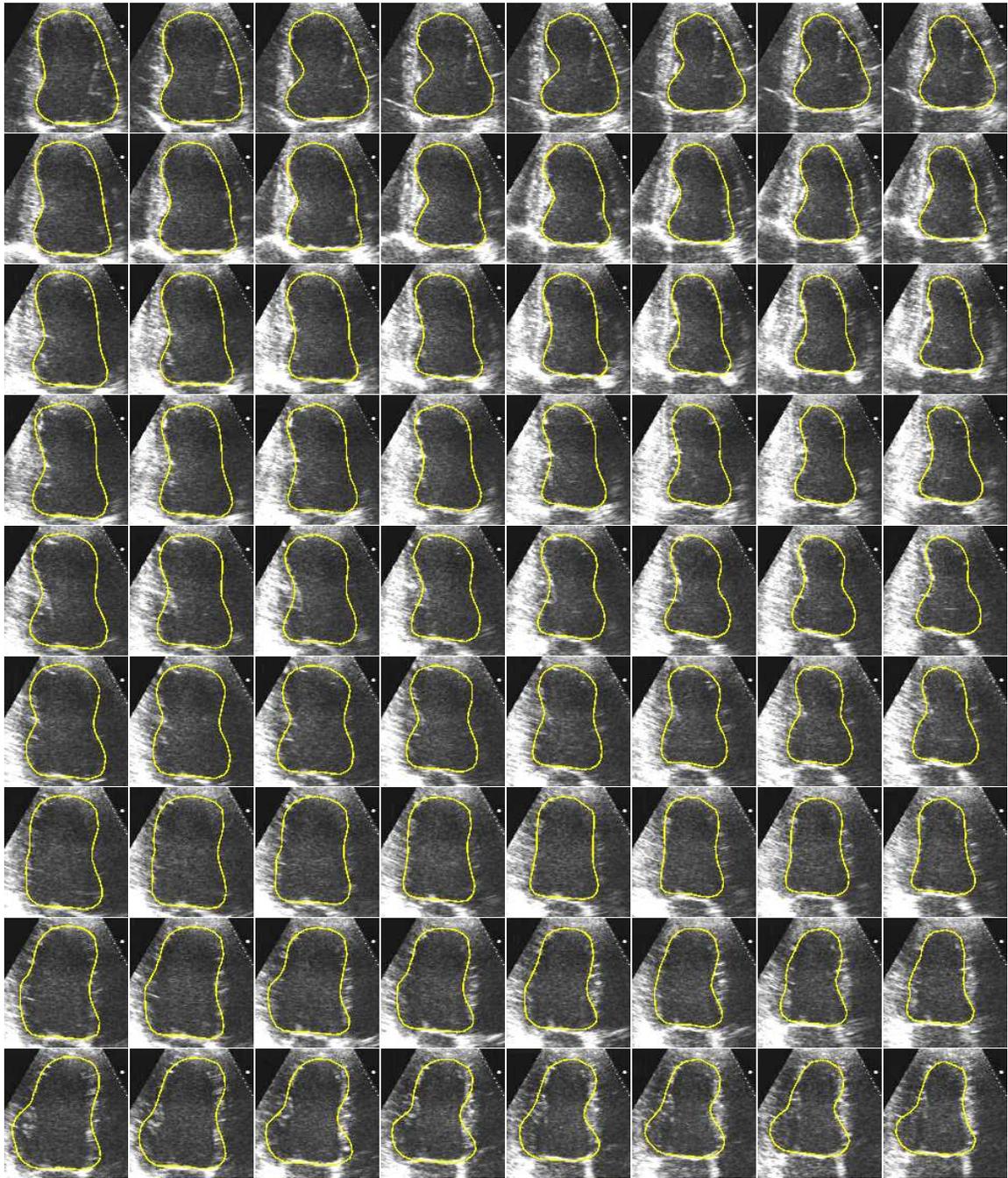


FIG. 8.19 – Ensemble des coupes de la séquence *Échocard3D* avec la superposition de l'intersection du modèle déformé dans chaque plan. De gauche à droite : instants de la séquence cardiaque du début à la fin de la systole. De haut en bas : coupes d'angle 0° , 20° , 40° , 60° , 80° , 100° , 120° , 140° et 160° .

locales:

λ	contrainte	α	β	δ	r	l	nombre d'itérations
0,1	similitude	1	1	0,1	5	20	8
0,1	affine	1	1	0,1	5	20	10
0,2	affine	1	1	0,1	5	20	10
0,4	affine	1	0,6	0,1	4	15	10
0,6	affine	1	0,6	0,1	4	15	10

La figure 8.20 montre le modèle surfacique reconstruit aux huit instants de la systole.

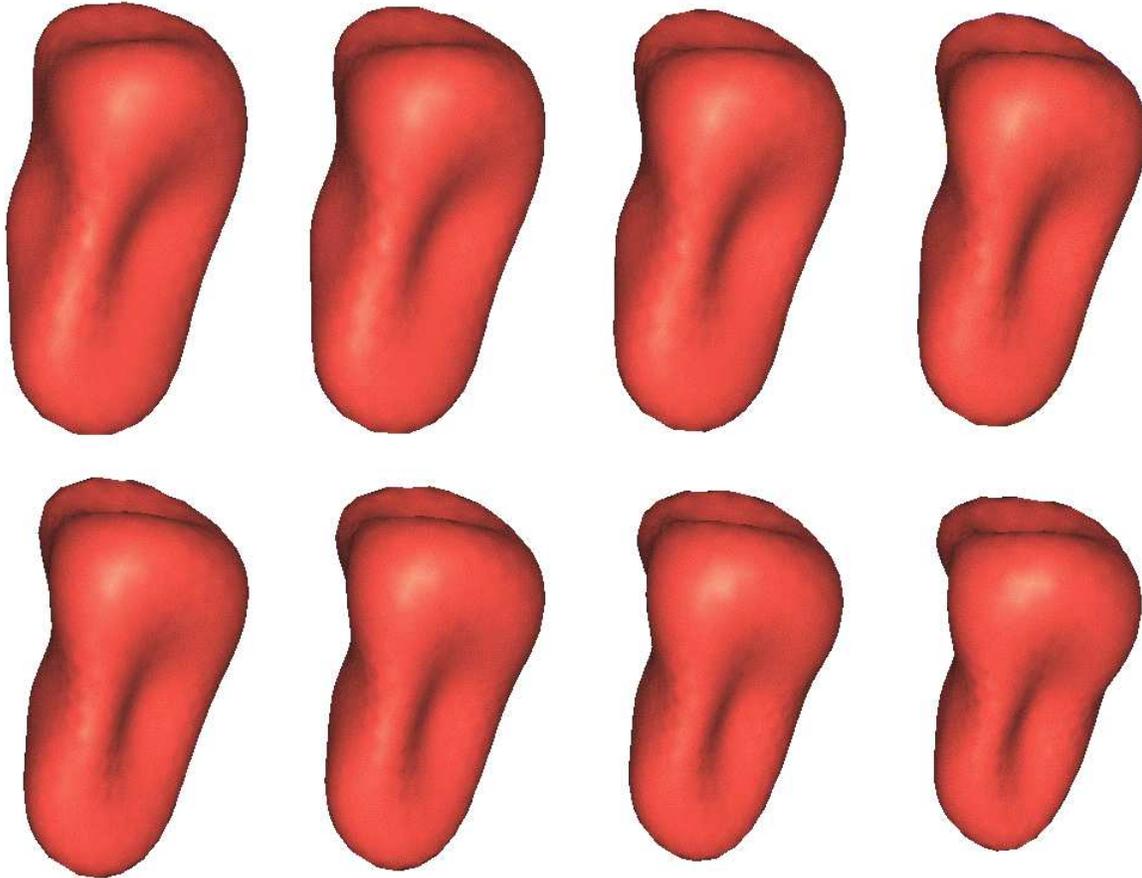


FIG. 8.20 – *Modèles déformés aux huit instants de la séquence ATL.*

La figure 8.21 montre la superposition du modèle déformé avec un plan sur trois de l'image originale. L'axe de rotation est décalé par rapport au grand axe. La visualisation tridimensionnelle du modèle superposé aux plans de coupe améliore considérablement la lisibilité de l'image.

La figure 8.22 montre l'intersection du modèle avec quelques uns des plans de l'image originale. En abscisse apparaissent un instant sur deux de la séquence. En ordonnée sont empilés les six plans de la figure 8.21.

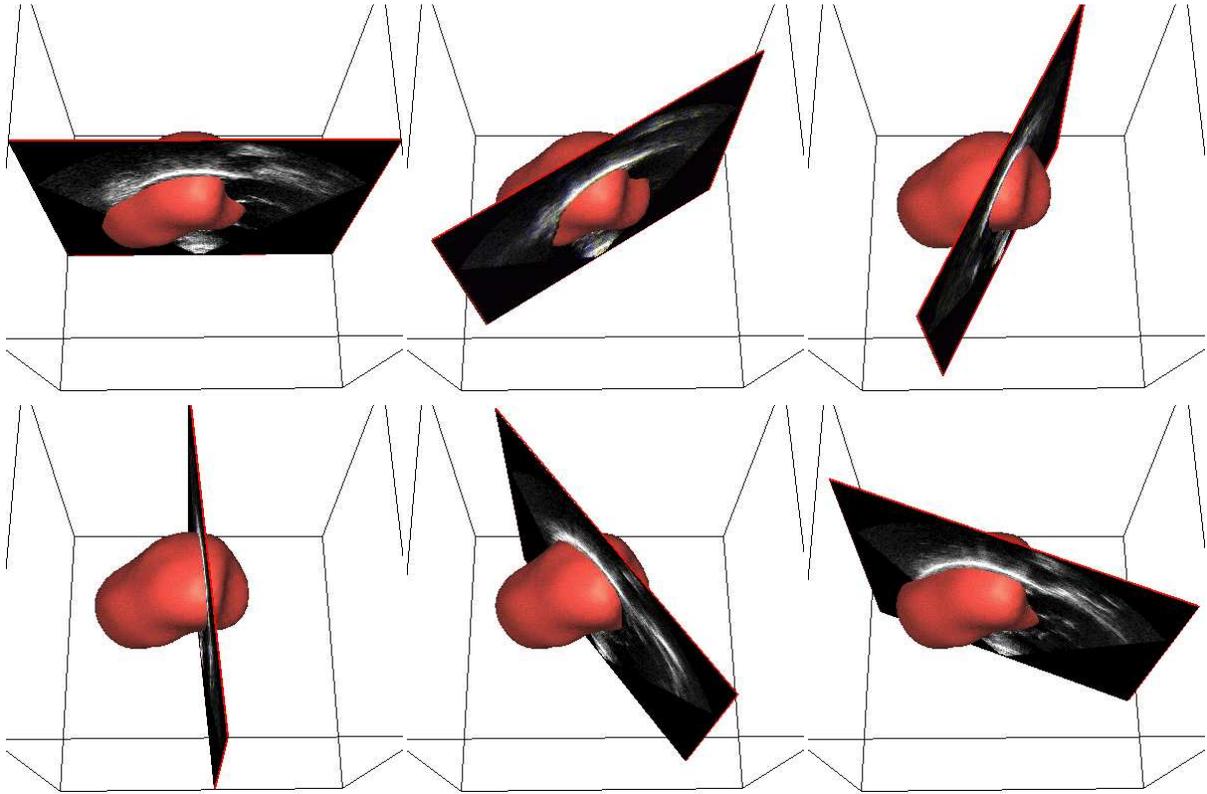


FIG. 8.21 – *Superposition du modèle déformé dans quelques plans de l'image. La visualisation de la position relative du modèle par rapport à l'image améliore considérablement sa lisibilité.*

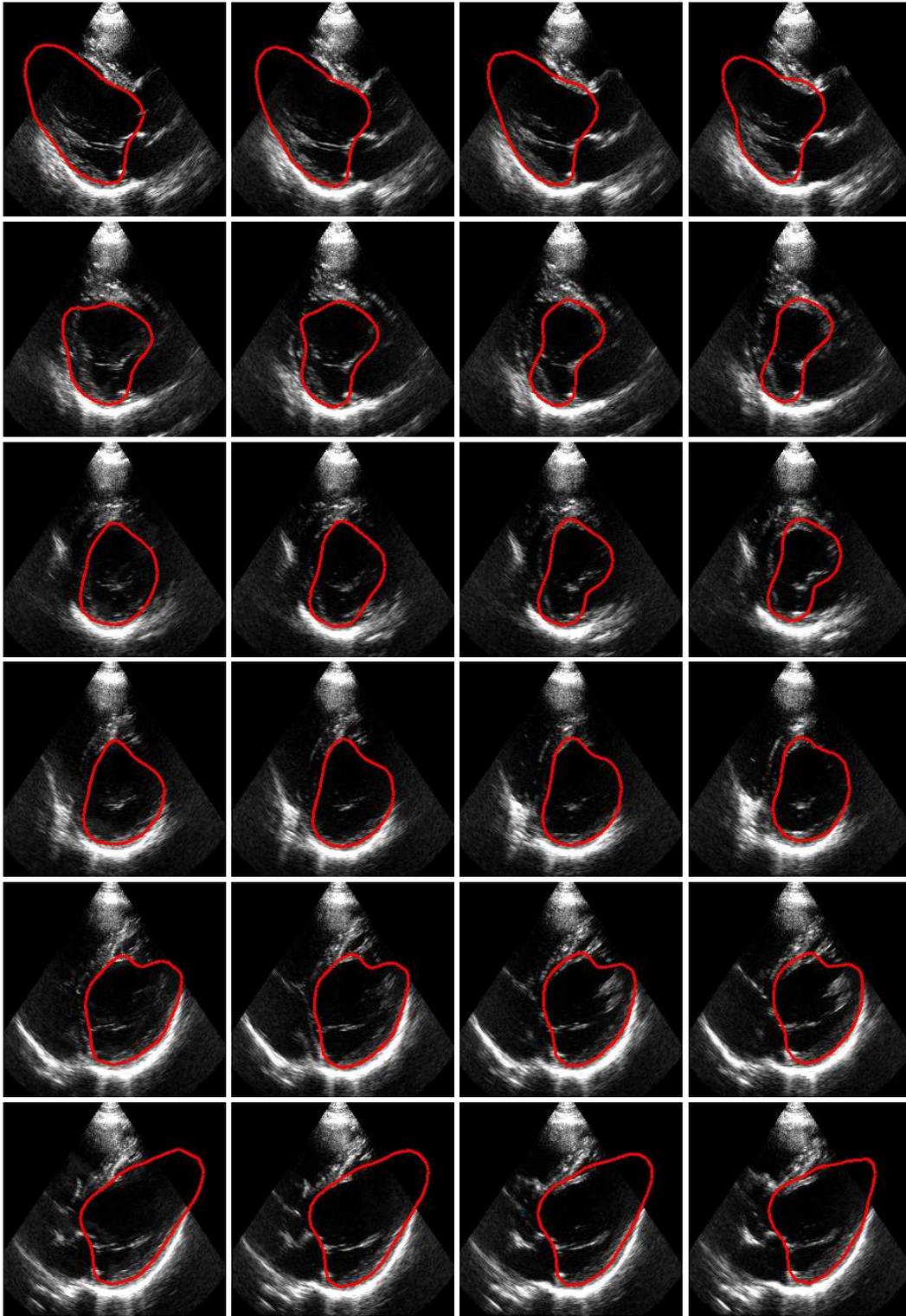


FIG. 8.22 – Trace du modèle déformé dans l'image échographique originale. Le temps évolue en abscisse et le plan de coupe en ordonnée.

Conclusion

1 Résumé et contributions

Dans ce manuscrit, nous nous sommes intéressés à l'étude des modèles déformables discrets. Nous avons appliqué cette étude à la segmentation d'images 3D et 4D.

Modèles déformables

Nous avons étudié les nombreuses représentations des modèles déformables parmi lesquelles nous avons sélectionné les modèles discrets. Par nature, ces modèles sont adaptés au calcul numérique des équations d'évolution et conduisent naturellement à des méthodes de résolution simples à mettre en œuvre et efficaces. Nous avons utilisé plus particulièrement le formalisme des maillages simples. Le formalisme des maillages simples les rend particulièrement adaptés pour l'expression des contraintes intrinsèques régularisantes.

Nous avons décrit les opérateurs élémentaires de changement de topologie des maillages simples qui permettent de préserver leur structure. En nous appuyant sur ces opérateurs, nous avons introduit plusieurs méthodes pour l'optimisation géométrique et topologique des surfaces. Nous avons étudié un algorithme de changement de topologie des contours déformables et nous avons montré comment il concurrence le formalisme des ensembles de niveaux souvent mis en avant pour sa facilité à gérer les changements de topologie. En outre, nous avons démontré l'avantage des maillages discrets sur les ensembles de niveaux en terme de temps de calcul.

Nous nous sommes ensuite intéressés aux moyens de régulariser les modèles et de contraindre leurs déformations. Nous avons étudié plusieurs expressions classiques de forces internes des contours déformables pour lesquelles nous avons prouvé quelques résultats de convergence. Nous avons aussi proposé de nouvelles forces régularisantes. En particulier, nous nous sommes intéressés à l'expression de contraintes de forme utiles à la segmentation d'images et avons vu comment régler l'influence des forces de forme par un paramètre de rigidité de la surface.

Pour rendre le problème de convergence du modèle plus convexe, nous avons établi un lien entre déformations locales et recalage d'un modèle. Nous avons proposé un formalisme simple et efficace limitant le nombre de degrés de liberté de la surface et ses capacités de déformation. Nous avons introduit un algorithme de déformation basé sur une idée proche de la non-convexité graduée. Il permet de contraindre considérablement le modèle pour rendre la fonctionnelle d'énergie très convexe, puis de relâcher peu à peu les contraintes en jouant sur un simple paramètre de localité. Le modèle évolue en passant par étapes d'une fonctionnelle d'énergie à une autre jusqu'à se déformer avec la fonctionnelle originelle.

Application à la segmentation d'images

Les images 3D présentent des caractéristiques très différentes en fonction du procédé d'acquisition utilisé. Nous avons cité les principaux procédés d'acquisition utilisés en imagerie médicale et la géométrie des images produites par différentes sondes ultrasonores. Nous avons proposé un algorithme de filtrage des images dans une géométrie quelconque et nous avons étudié quelques prétraitements utiles à la segmentation, en particulier la diffusion anisotrope. Nous avons exposé et mis en œuvre un algorithme de segmentation d'images par modélisation Bayésienne de la texture

des images.

La déformation de modèles dans des images 3D nécessite la définition d'un terme d'attache aux données construit de manière à guider le modèle vers les frontières des structures d'intérêt. Nous avons présenté les méthodes classiques de calcul des forces externes des modèles. Nous avons défini plusieurs expressions de forces externes s'adaptant à différentes situations et indépendantes de la géométrie de l'image traitée. Les forces basées sur l'intensité du gradient permettent la segmentation d'images contrastées. Différentes améliorations permettent d'éliminer les faux-positifs. Pour le traitement d'images peu contrastées ou ne présentant pas de contours francs aux interfaces comme les échographies, nous avons développé deux types de forces basées sur les régions homogènes de l'image. Enfin, nous avons étendu cette idée en proposant l'utilisation de profils d'intensité quelconques qui sont recalés dans l'image à partir de l'estimation de critères de corrélation. Nous avons appliqué les idées développées à la segmentation d'images 3D d'origines diverses. Nous avons démontré que les modèles déformables s'adaptent à un large champ d'applications et nous avons donné quelques indices de validité des résultats obtenus.

Application à la segmentation de séquences d'images

Enfin, nous nous sommes intéressés aux séquences d'images utilisées dans le domaine médical pour l'étude de la dynamique cardiaque ou l'évolution des pathologies. Nous avons réalisé la segmentation de séquences d'images 2D à l'aide de modèles surfaciques en considérant la dimension temporelle comme homogène aux dimensions spatiales. Nous avons étudié les limites de cette approche.

Nous avons étendu le formalisme des 2-maillages simplexes pour le traitement de séquences d'images 3D. L'utilisation de contraintes de régularisation temporelles indépendantes des contraintes spatiales permet de traiter différemment les dimensions d'espace et de temps et de prendre en compte le caractère périodique de certaines séquences temporelles. Nous avons réalisé la segmentation du ventricule gauche dans des séquences d'images provenant de procédés d'acquisition différents. Nous avons éprouvé la méthode en réalisant la segmentation de séquences d'images difficiles à interpréter. Nous avons comparé les apports de la méthode à la segmentation itérative des images de la séquence.

Applications envisageables et limitations

Les techniques exposées sont adaptées à la segmentation de très nombreuses structures anatomiques et nous pourrions envisager bien d'autres applications que celles que nous avons présentées ici. La variabilité des modèles déformables permettrait de modéliser sans difficultés la rate ou la vésicule biliaire au niveau abdominal, le ventricule droit du cœur, etc. Cependant, les modèles déformables peuvent se trouver en défaut pour la segmentation de certaines structures. Les lésions, par exemple, ont souvent des formes irrégulières aux contours diffus et il est difficile d'en construire une représentation géométrique satisfaisante. Les arborescences vasculaires complètes présentant des topologies complexes et des structures très fines peu contrastées peuvent également poser des problèmes (Lorigo et al., 1999). Enfin, la segmentation de structures repliées comme les circonvolutions du cerveau nécessiterait la définition de forces très spécifiques pour assurer la convergence du modèle dans les sillons de la surface corticale malgré ses forces régularisantes (Vaillant et Davatzikos,

1997).

Notons que si nous nous sommes essentiellement concentrés sur des images d'origine clinique, les techniques de segmentation présentées permettent d'envisager un champ d'application bien plus large comme en témoignent les exemples variés présentés dans la figure 8.23.

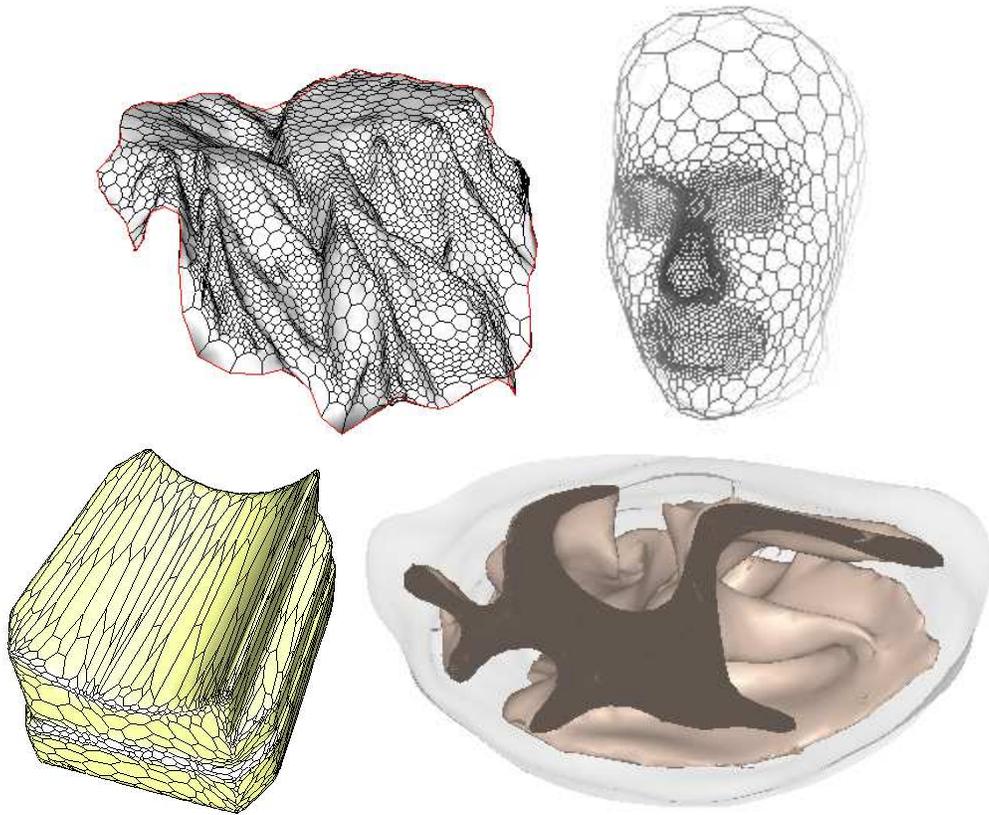


FIG. 8.23 – Exemples de segmentation de données d'origines différentes. De haut en bas, de gauche à droite : reconstruction d'un fond marin à partir d'une carte de profondeur; reconstruction d'un visage à partir d'un nuage de points avec raffinement local de la surface; reconstruction d'une pièce manufacturée et reconstruction d'une partie d'un cerveau de singe à partir de coupes histologiques.

2 Problèmes rencontrés

Difficultés de mise en œuvre

Les méthodes de segmentation que nous avons développées nécessitent de déterminer plusieurs critères qui sont dépendants des données traitées : type de régularisation, type de terme d'attache aux données, etc. En fonction des choix réalisés, le réglage de plusieurs paramètres contrôle les déformations du modèle. Dans la totalité des cas, on peut définir les grandes lignes du procédé de segmentation de la façon suivante :

- Recaler rigidement puis par similitude le modèle en utilisant des paramètres de portée et de

poids des forces externes élevés.

- Déformer le modèle localement sous contrainte globale affine. La localité étant faible, une grande portée et une grande rigidité de la surface sont utilisées. Lorsque la localité s'accroît, les paramètres de portée et de rigidité diminuent pour donner plus de liberté au modèle.
- Déformer localement le modèle en utilisant une très faible portée des forces externes et un paramètre de rigidité minimal (voisinage réduit aux voisins 1-connectés).

Cependant, l'adaptation précise de ce schéma de déformation à tous les cas est délicate malgré l'utilisation de guides comme l'algorithme d'évolution automatique du paramètre de localité. La méthode nécessite donc une expertise humaine. En particulier, le seuil minimal admissible du paramètre de localité est fortement dépendant de la qualité des images et est déterminé, pour un protocole d'acquisition donné, par observation du comportement du modèle.

Pour répondre à ces difficultés, nous avons mis en place une architecture logicielle souple permettant de paramétrer le système pour une application précise et de fournir à l'utilisateur un logiciel ne nécessitant pas l'intervention d'un expert. Nous conservons ainsi un outil adaptable à de très nombreux problèmes de segmentation mais qu'il est possible de diffuser auprès d'un large public (voir annexe A).

Échecs de segmentation

Les échecs de segmentation que nous avons rencontrés sont essentiellement issus de deux origines :

- *Information sur les données insuffisante* : l'information sur les frontières de la structure d'intérêt dans l'image est trop lacunaire.
- *Information du modèle insuffisante* : l'adéquation entre la forme du modèle de référence et les données est trop mauvaise.

Une information minimale et pertinente est nécessaire pour permettre au modèle de se déformer convenablement. Les échecs de segmentation dus à des déformations anormales du modèle ont soit pour origine un mauvais choix du terme d'attache aux données, soit la présence dans l'image de trop nombreux faux-positifs. Il devient alors nécessaire de discriminer proprement les points attracteurs et de limiter les déformations du modèle en fonction de la qualité des données. La discrimination peut nécessiter l'introduction d'une connaissance très spécifique des données traitées. La restriction des variations du modèle peut être pénalisante mais s'avère indispensable si les données sont trop lacunaires : la variabilité du modèle doit être adaptée à la qualité des données.

La forme du modèle de référence a également beaucoup d'incidence sur le résultat du processus de segmentation. La forme est une information clé utilisée tout au long des déformations et sa mauvaise utilisation est pénalisante. À ce titre, la construction d'un modèle de référence est une étape déterminante. Cette construction peut nécessiter beaucoup de temps et d'attention et il est nécessaire de mettre à disposition des utilisateurs des outils de visualisation d'édition et d'interaction avec les modèles performants.

Validation

Un problème central de cette étude reste la validation des résultats de segmentation obtenus.

Comme nous l'avons montré, la segmentation des images par un opérateur humain est elle aussi sujette à des difficultés comme la non reproductibilité ou la non prise en considération des trois dimensions simultanément. En outre, la comparaison d'un résultat de segmentation automatique avec un résultat de segmentation manuel est délicat (Bae et al., 1993; Bello et Colchester, 1998).

De plus, rien ne garantit qu'avec le procédé d'acquisition d'images considéré, les contours perceptibles dans l'image correspondent effectivement aux contours physiques des structures étudiées. Par exemple, les parois internes du myocarde sont alvéolées. En se contractant, les alvéoles se vident de leur contenu sanguin. Du fait de leur petite taille, les alvéoles sont invisibles dans les images cardiaques mais contribuent de manière non négligeable aux variations du volume du cœur. Il est donc illusoire de vouloir estimer le volume réel des ventricules cardiaques à partir d'une image ultrasonore bruitée.

La seule méthode de validation précise consiste à réaliser l'acquisition de fantômes dont le volume et la géométrie sont parfaitement connus. Cependant, la mise au point de fantômes dont les qualités sont proches de celle des tissus humains pour un procédé d'acquisition donné est difficile. À plus forte raison, la construction d'un fantôme pour l'étude de la dynamique cardiaque est une opération très délicate.

3 Perspectives

Dans cette étude, nous nous sommes attachés à produire un outil de segmentation souple et général mais il serait possible d'améliorer ses performances dans de nombreuses applications en considérant la nature précise des problèmes considérés.

Topologie

Nous avons étudié un algorithme de changement de topologie des contours déformables qu'il serait utile d'adapter aux surfaces. Si l'algorithme s'étend de manière assez directe au cas 3D en décomposant l'espace en cellules cubiques et en calculant les intersections des modèles avec les faces des cellules, sa mise en œuvre est plus délicate que dans le cas 2D. Les calculs d'intersection de surfaces sont plus complexes et il est nécessaire de prendre en considération un plus grand nombre de cas particuliers pour fusionner correctement deux surfaces.

Information statistique

Nous avons peu étudié l'enrichissement du modèle par l'apport d'une connaissance statistique, par l'analyse en composantes principales par exemple. Cette connaissance peut s'envisager à deux niveaux. Une information statistique sur la variabilité de la forme du modèle ou une information statistique sur la variabilité des données à reconstruire. L'extraction d'une information statistique de forme nécessite la construction d'un ensemble d'apprentissage de taille suffisante. Ce travail a été réalisé manuellement en deux dimensions (Cootes et al., 1995) mais peut devenir excessivement fastidieux voir impossible dans les cas 3D et *a fortiori* 4D. Il est donc nécessaire de disposer d'un outil de segmentation suffisamment fiable pour la construction de l'ensemble d'apprentissage. Une fois l'ensemble de formes établi, il reste à mettre en correspondance les sommets de chaque modèle

en préservant la signification physique des déformations. Cette mise en correspondance peut s'avérer délicate dans le cas de la mise en correspondance de surfaces. Dans ce domaine, la conservation de la géométrie des modèles déformés est importante. La seconde alternative consiste à réaliser l'analyse statistique des données plutôt que de la forme du modèle. On peut ainsi envisager d'analyser la variation statistique de profils d'intensités extraits dans l'image aux sommets du modèle (Kelemen et al., 1998; Behiels et al., 1999). Cette approche nécessite également de savoir construire une base d'apprentissage par segmentation.

Une étude statistique de la dynamique cardiaque serait certainement très riche en enseignements pour discriminer de manière robuste les cas sains des cas pathologiques. Elle nécessiterait la construction d'un ensemble d'apprentissage à partir d'IRM marquées qui permettent d'étudier les déformations physiques du myocarde. Cependant, la segmentation d'IRM marquées est rendue difficile par la présence des bandes de marquage qui introduisent de forts contours artificiels dans l'image.

Information propre au problème

Chaque application peut bénéficier d'une information particulière permettant de renforcer le processus de segmentation. Dans le cas de l'étude du cœur, par exemple, on pourrait envisager la construction d'un modèle de révolution muni d'un axe. La contrainte axiale, définie de manière similaire à celle du paragraphe 4.4.6, devrait prendre en compte la condition au bord introduite par l'apex. On se rapprocherait alors de l'idée développée par (Declerck, 1997) qui considère la géométrie particulière du ventricule gauche à travers une transformation planisphérique proche d'une transformation cylindrique autour du grand axe du cœur près de la base mais proche d'une transformation sphérique autour de l'apex.

De nombreuses applications, et en particulier la segmentation cardiaque, tireraient bénéfice d'une segmentation simultanée des contours internes et externes de la structure étudiée. En effet, la mesure de l'épaisseur du myocarde est une information significative pour le diagnostic. On pourrait envisager deux modèles surfaciques se déformant simultanément avec des contraintes de ressort empêchant les surfaces de se couper même dans les régions de l'image où les contours intérieur et extérieur sont très proches ou peu visibles.

Contraintes fortes et interaction

Enfin, la possibilité d'appliquer des contraintes fortes sur les modèles peut dans certains cas améliorer sensiblement la segmentation. Contraindre le modèle à passer par certains points précis permettrait par exemple une meilleure interaction avec un utilisateur et une manière simple de corriger les erreurs de segmentation automatique. De même, des contraintes sur la courbure minimale ou maximale de certaines régions du modèle éviteraient des perturbations locales aberrantes. Si les forces internes tendent à imposer une régularisation, elles n'assurent en rien des contraintes fortes. La difficulté consiste à exprimer les contraintes fortes de portée locale en conservant une surface régulière et cohérente.

ANNEXES

Annexe A

Développements logiciel

Le travail présenté dans ce manuscrit a conduit à d'importants travaux de programmation et d'intégration sur différentes architectures matérielles. Les bibliothèques logicielles développées pour le traitement d'images, la déformation de modèles

et la visualisation sont aujourd'hui utilisées par plusieurs partenaires de recherche et industriels. Nous présentons dans cette annexe les choix logiciels retenus et nous brossons un aperçu rapide de la structure utilisée.

A.1 Choix logiciels

Les travaux présentés dans ce manuscrit ont été l'occasion d'importants développements logiciels. Nous avons écrit les outils de traitement d'image, de déformation des maillages simples et de visualisation aboutissant aux résultats présentés dans les chapitres précédents (l'intégralité des résultats présentés dans ce manuscrit utilise nos outils de visualisation). Ce travail est l'œuvre conjointe de plusieurs personnes et je voudrais remercier en particulier Hervé Delingette, Alexandre Guimond, Nicolas Scapel et Jean-Christophe Lombardo pour l'aide qu'ils m'ont apportée.

Nous nous sommes particulièrement attachés à la portabilité des programmes et les outils développés sont aujourd'hui disponibles sur plusieurs architectures matérielles à base du système d'exploitation UNIX. Nous avons cherché à construire une plate-forme de développement souple permettant néanmoins une utilisation intuitive à des partenaires académiques ou industriels.

Face à la diversité des outils développés, le programme a été décomposé en modules indépendants sous forme de bibliothèques dynamiques UNIX. Chaque module définit certaines fonctionnalités et peut être au besoin chargé ou déchargé de la mémoire centrale par un programme de contrôle minimal.

Le corps du programme est écrit en C++ pour des raisons de structuration et d'efficacité. Nous utilisons également le langage interprété TCL¹ qui autorise les échanges de données avec le C++. Les fonctionnalités définies dans les bibliothèques sont ainsi accessibles depuis le langage interprété. L'utilisation de TCL présente deux avantages :

- La création de scripts dans un langage de haut niveau faisant appel aux bibliothèques logicielles permet à moindre coût de mettre à disposition de l'utilisateur final un programme adapté à ses besoins. Les scripts ont pour fonction l'enchaînement de commandes permettant d'automatiser certaines tâches et de cacher à l'utilisateur la complexité des outils en offrant un paramétrage adapté à ses besoins.
- L'ensemble des commandes TK ajoutées au langage TCL permettent la création d'interfaces graphiques à moindre coût.

Le programme est rendu indépendant du langage TCL en utilisant deux modes de compilation des bibliothèques. Dans le premier, les objets C++ ne disposent pas de commandes TCL pour les piloter. Dans le second, à chaque objet C++ correspond un objet d'interface avec TCL.

Une architecture logicielle très similaire a été adoptée pour des applications proches par différentes institutions. Le *Signal Processing Lab*² propose un logiciel de visualisation d'images 3D et de recalage appliqué à la planification de chirurgie nommé *3D Slicer*³. Ce logiciel est disponible gratuitement pour les instituts de recherche (Gering et al., 1999). Le *Biomedical Imaging Resource* de la *Mayo Clinic*⁴ vend le logiciel *Analyze*⁵. Il s'agit de l'outil de traitement semi-automatique et

1. Tool Command Language, <http://www.scriptics.com/>

2. <http://splweb.bwh.harvard.edu:8000/>

3. <http://splweb.bwh.harvard.edu:8000/pages/papers/slicer/index.html>

4. <http://www.mayo.edu/>

5. http://www.mayo.edu/bir/analyze/analyze_ov.html

de visualisation d'images 3D le plus complet aujourd'hui disponible.

A.2 Objets C++ et objets TCL

Les bibliothèques actuelles comprennent un module pour chacune des tâches suivantes :

- la visualisation d'objets 2D;
- le traitement et la visualisation d'images 3D;
- la visualisation d'objets 3D;
- la gestion des données et le calcul des forces;
- les contours déformables;
- les 2-maillages simples;
- la visualisation d'objets 4D;
- les maillages simples 4D;
- l'extraction d'isocontours et d'isosurfaces;
- les ensembles de niveaux.

Les bibliothèques sont construites de manière classique à partir d'un ensemble de classes C++ permettant de manipuler les concepts mis en œuvre (images, modèles déformables, etc). Chaque classe C++ inclus les méthodes agissant sur les objets du type qu'elle définit. De manière équivalente, à chaque classe C++ correspond un *genre* TCL. Chaque genre définit les commandes TCL agissant sur les objets du type donné en faisant appel à leurs méthodes C++.

Un opérateur de création défini en TCL permet la construction d'objets de chaque genre en faisant appel aux constructeurs du C++. Pour chaque objet créé, un identificateur TCL est défini qui permet de manipuler l'objet dans le langage interprété. Pour chaque objet C++ (*client*) construit, une objet d'*interface* est associé (voir figure A.1). Lorsque l'évaluation d'une commande du langage interprété agissant sur une identificateur a lieu, le genre de l'objet puis sa structure de données C++ sont identifiés. Une méthode de l'objet d'interface vérifie la syntaxe de la commande puis appelle la méthode de l'objet C++ correspondante.

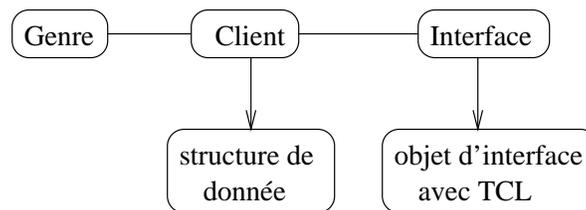


FIG. A.1 – Une structure de donnée des bibliothèques C++ et sa relation avec un objet d'interface.

Concrètement, voici un exemple d'utilisation de la bibliothèque de traitement d'image par l'intermédiaire de l'interface TCL. La classe `Image` représente les images 3D. Elle possède une méthode `Image::bruit(double s)` qui ajoute un bruit Gaussien d'écart type `s` à l'image. L'objet

d'interface `TclImage` permet d'agir sur son client depuis l'interpréteur TCL :

```
> new img x 10 y 10 z 10      Création d'un objet de genre img, c'est à dire un objet de type
                               Image, de taille 10 × 10 × 10 voxels et de l'objet d'interface
                               de type TclImage associé.

    img1                      Identificateur TCL retourné par le système.
> img1 -bruit sigma 3        Appel de la méthode bruit sur l'objet identifié par img1 avec
                               les options sigma 3. Le genre et la structure de données de
                               l'objet C++ correspondant à l'identificateur img1 sont déter-
                               minés. L'objet d'interface vérifie que sigma correspond bien à
                               une option valide puis appelle la méthode Image::bruit(3).
```

A.3 Visualisation et interaction avec l'utilisateur

La visualisation d'images ou d'objets 2D repose sur les outils disponibles dans TCL/TK. L'affichage 3D fait appel au standard OpenGL⁶ pour tirer parti des cartes graphiques accélératrices.

Nous avons défini une architecture logicielle commune pour la visualisation de données 2D, 3D ou 4D qui repose sur trois composants :

- Les objets graphiques (dérivés de la classe `Graphique`) représentent tous les objets qu'il est possible de visualiser.
- Les objets dérivant de la classe `Scène` définissent un espace de coordonnées dans lequel sont rangés les objets graphiques. Plusieurs scènes peuvent coexister qui représentent plusieurs espaces différents.
- Les caméras (dérivées de `Caméra`) sont attachées à des fenêtres de l'interface graphique et permettent de visualiser une scène sous un angle de vue donné.

La figure A.2 illustre de manière simplifiée le diagramme des classes utilisées pour la visualisation.

Les objets graphiques dérivent d'une classe de base et surchargent des méthodes de réaffichage, de rotation et de translation.

Les caméras définissent des méthodes de sélection et de déplacement rigide d'objets dans l'espace de coordonnées de la scène en fonction des mouvements du curseur de la souris. Des caméras permettent de visualiser des espaces 2D, 3D ou 4D. Les images 3D sont des objets particuliers que l'on visualise souvent par l'intermédiaire d'un plan de coupe précis. C'est la fonction de la classe `Caméra 2D+Z`. Une image peut également apparaître dans une caméra 3D, soit sous la forme de quelques plans de coupe, soit en rendu volumique. Dans l'hypothèse des plans de coupe, la caméra 3D est synchronisée avec l'ensemble des caméras `2D+Z` visualisant la même image de manière à sélectionner les plans de coupe à afficher.

Les scènes 4D sont composées de séquences de scènes 3D. En conséquence, les caméra 4D sont des caméras 3D permettant de visualiser une scène 4D à un instant donné. De manière similaire au cas 3D, la classe `Caméra 2D+Z+T` définit une caméra pour visualiser un plan de coupe 2D dans

6. <http://www.opengl.org/>

l'espace 4D défini par une séquence d'images 3D.

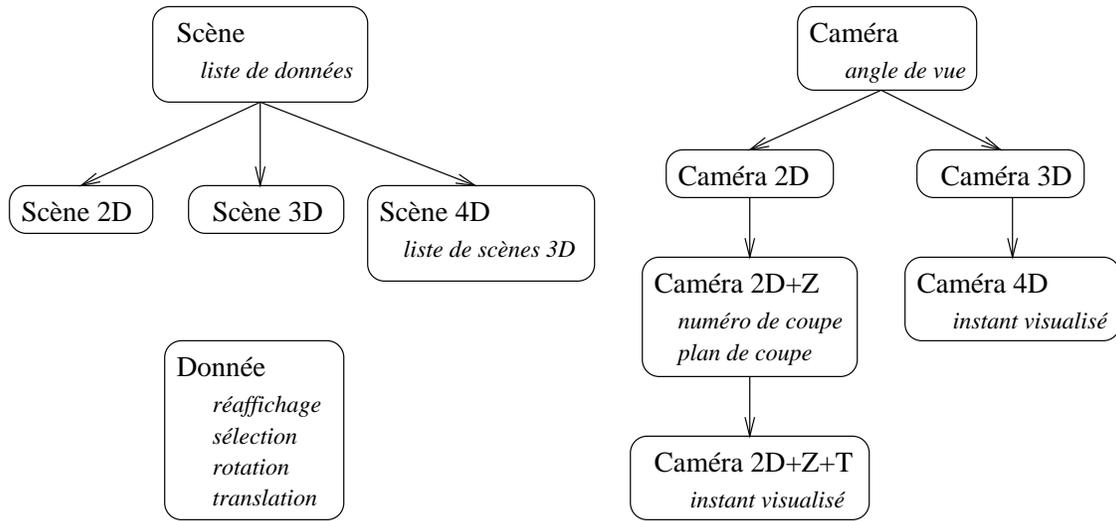


FIG. A.2 – Diagramme des classes composant les scènes, les caméras et les objets graphiques.

La figure A.3 montre un exemple de caméra 2D visualisant un contour déformable, une caméra 2D+Z affichant une coupe d'une image 3D et une caméra 3D synchronisée sur la même image, et une caméra 2D+Z+T affichant une coupe d'une image 4D et une caméra 4D synchronisée.

Pour la gestion des déformations, les scènes peuvent également contenir des *données* et des *modèles déformables*. Les données permettent de calculer des forces s'exerçant aux différents points de l'espace. Les modèles déformables sont sujets aux forces appliquées en leurs sommets. Une étape de déformation consiste donc à calculer la somme des forces exercées par chaque donnée en tous les sommets de tout les modèles déformables et d'appliquer les équations d'évolutions. Un mécanisme d'activation et d'inactivation des déformations permet le calcul des déformations de manière asynchrone à la gestion de l'interface graphique pour le réaffichage régulier des modèles déformés.

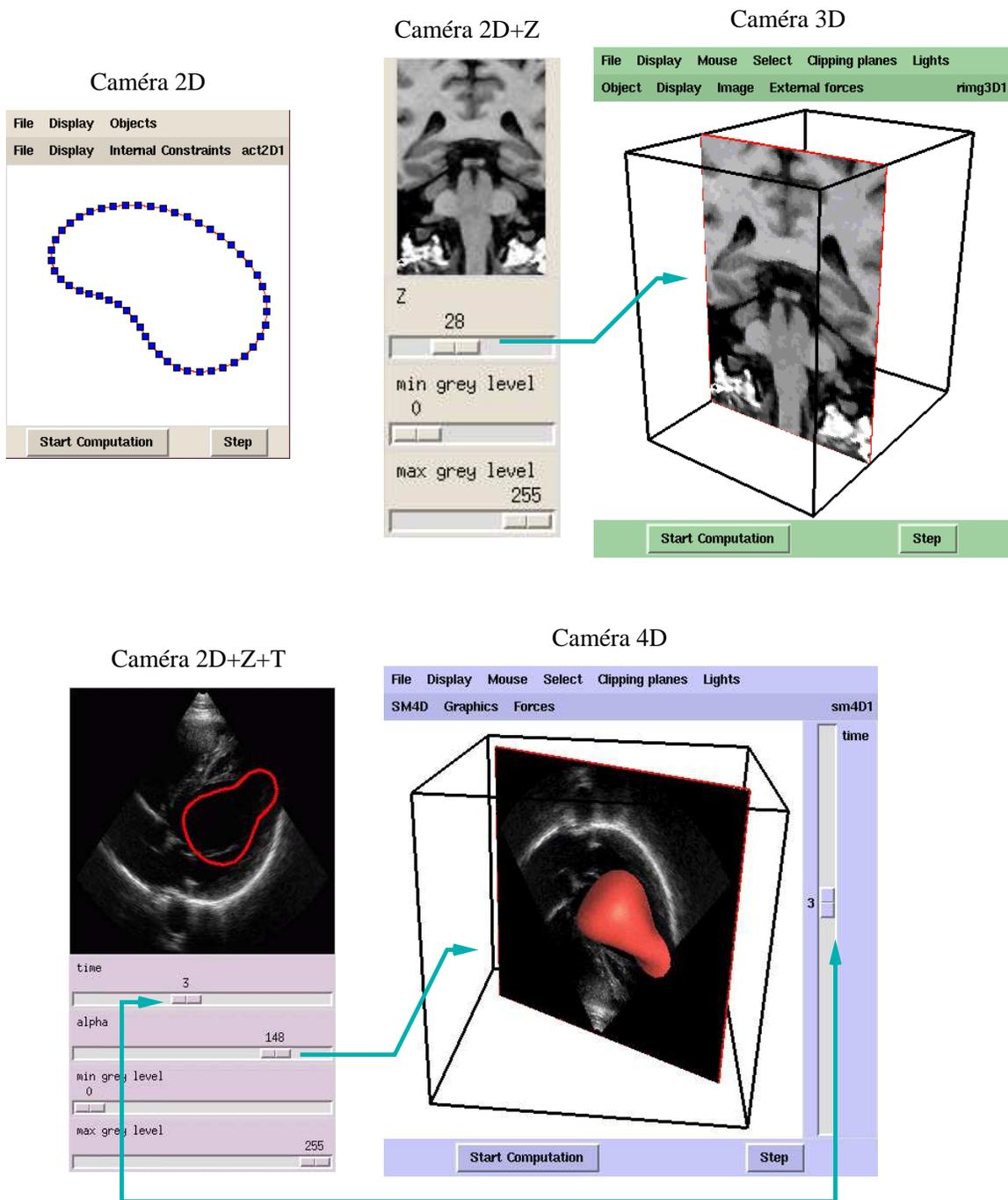


FIG. A.3 – Exemples de caméra pour la visualisation de scènes.

Annexe B

Éléments d'anatomie

Nous présentons dans cette annexe quelques compléments d'anatomie et d'imagerie. Nous nous concentrons sur le cœur et le foie qui ont été étudiés plus en détail dans ce manuscrit.

B.1 Le foie

B.1.1 Anatomie

Le foie reçoit environ 1500 ml de sang par minute. Il remplit de nombreuses fonctions dans le corps humain, en particulier :

- l'assainissement du sang (destruction de substances toxiques et des globules rouges trop âgés);
- la production de la bile qui aide à la digestion;
- la régulation de l'apport énergétique en stockant et en libérant du glucose;
- la production de protéines;
- la régulation de certaines hormones (sexuelles, thyroïdiennes, cortisone, etc);
- la régulation du cholestérol;
- la régulation de l'apport en vitamines et en minéraux essentiels.

Parenchyme hépatique

Le foie est l'un des organes les plus volumineux du corps humain. Il pèse 1200 à 1500 grammes chez l'adulte. C'est un organe souple, facilement déformable. Sa forme est dépendante des organes environnants et des ligaments qui le maintiennent. Elle varie beaucoup entre différents individus. Les cellules hépatiques ont une durée de vie limitée mais le foie est doté d'un pouvoir de régénération très élevé. Cette particularité offre la possibilité d'exérèse massive dans le cas de maladies graves.

Le foie est un organe thoraco-abdominal localisé dans le quadrant supérieur droit de l'abdomen, directement sous la coupole diaphragmatique, à droite de l'estomac et au dessus des viscères abdominaux (figure B.1 à gauche). Il est divisé en un lobe gauche et un lobe droit (figure B.1 à droite). Le parenchyme hépatique est composé de lobules hépatiques (50000 à 100000) dont le diamètre moyen est de l'ordre d'un à deux millimètres et dont la section transversale est hexagonale.

Arborescences vasculaires

Le foie est l'un des organes les plus vascularisés de l'organisme et contient en permanence 450 ml de sang. L'artère hépatique apporte le sang oxygéné aux cellules hépatiques. La veine porte draine le sang veineux venant du tube digestif. Le sang veineux et le sang artériel passent dans les cellules où ils sont filtrés et se rejoignent dans les veines centro-bulaires (voir figure B.1, à droite). Les veines sus-hépatiques collectent le sang qui sort de l'organe par la veine cave inférieure. Les canaux biliaires suivent le chemin de l'artère hépatique et de la veine porte. La figure B.2 illustre les quatre systèmes vasculaires du foie.

Segments anatomiques

La structure anatomique du parenchyme hépatique repose sur les vascularisations porte et artérielle. Il existe plusieurs définitions des segments anatomiques, dont celle de (Couinaud, 1957) qui est en passe d'être utilisée comme référence au niveau mondial. Selon Couinaud, le foie est décomposé en huit segments indépendants. La veine sus-hépatique gauche sépare le secteur latéral gauche (LG) du secteur paramédian gauche (PG). La veine sus-hépatique médiane sépare le secteur paramédian gauche du secteur paramédian droit (PD). Enfin, la veine sus-hépatique droite sépare

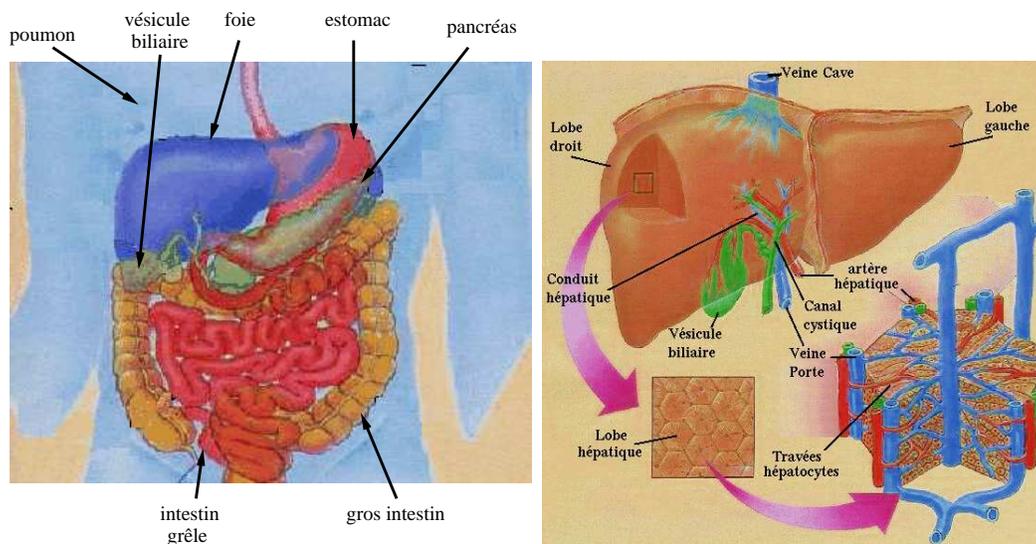


FIG. B.1 – À gauche : position du foie dans l'organisme. À droite : lobes du foie, systèmes vasculaires et lobules hépatiques. Source : (Lefevre, 1994)

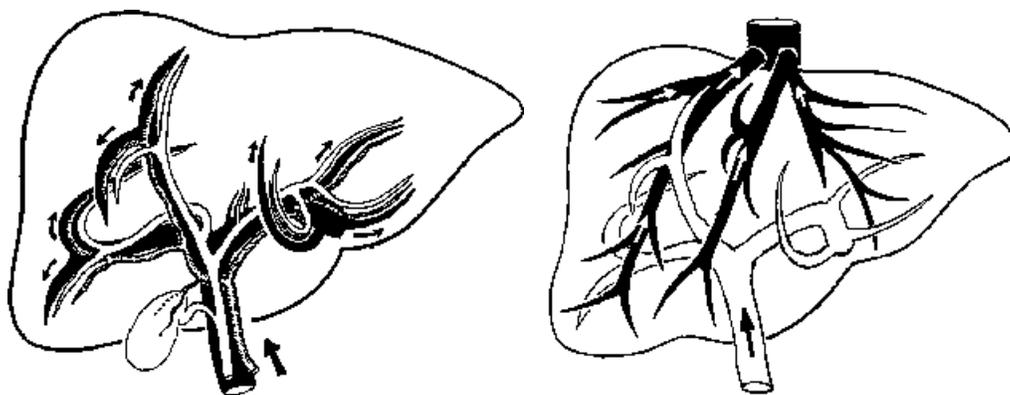


FIG. B.2 – À gauche : veine porte (en noir), artère hépatique (en gris) et canaux biliaires (en blanc). À droite : passage de la veine porte (en blanc) à la veine sus-hépatique (en noir). Source : (Champetier, 1985)

le secteur paramédian droit du secteur latéral droit (LD). Voir figure B.3, à gauche. À l'intérieur de chaque secteur, les divisions de la veine porte délimitent les segments. Le secteur latéral gauche forme le segment II. Le secteur paramédian gauche est composé des segments III et IV. Les segments V et VIII forment le secteur paramédian droit. Le secteur latéral droit se décompose en segments VI et VII. Enfin, le segment I est limité par la première bifurcation portale, la veine cave et le sillon d'Arantius. Voir figure B.3, à droite.

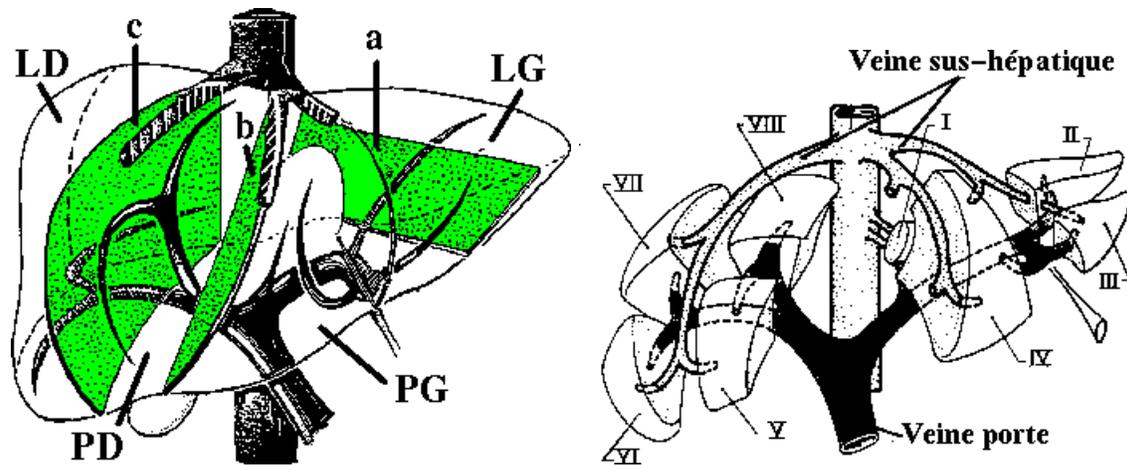


FIG. B.3 – Définition des huit segments anatomiques du foie selon Couinaud. Source : (Vilgrain, 1995).

B.1.2 Principales pathologies

On compte plus de cent maladies du foie répertoriées. Les principales sont :

- Les calculs biliaires. Ils se forment lorsque du cholestérol ou des pigments biliaires cristallisent et bloquent parfois les canaux biliaires. Le mode de guérison préconisé est l'ablation de la vésicule biliaire qui est aujourd'hui réalisée par laparoscopie.
- L'hépatite virale. Les virus de l'hépatite peuvent provoquer une inflammation du foie. Certaines personnes développent une hépatite chronique du foie qui peut entraîner la cirrhose et le cancer du foie. Aujourd'hui, aucun traitement complètement efficace n'existe pour l'hépatite virale chronique.
- La cirrhose. La cirrhose (formation de fibroses et de nodules) se développe majoritairement à cause de l'alcoolisme mais certains virus, certains produits chimiques et certains métaux peuvent également en être la cause.
- Le cancer du foie. L'hépatite B, la cirrhose ou certains parasites et toxines peuvent causer un cancer du foie. Le système veineux porte est l'une des principales voies de dissémination métastatique. Le mode de prolifération des cellules cancéreuses dans le sang suit le sens du courant sanguin. Pour éviter les risques de récurrence tumorale, les chirurgiens préfèrent retirer l'ensemble d'un segment atteint.

B.1.3 Imagerie du foie

L'imagerie par rayons X, l'échographie et l'IRM sont utilisées pour visualiser le foie et la vésicule biliaire. Le scanner permet sur une acquisition la visualisation simultanée du tissu parenchymateux, des arborescences vasculaires et des lésions du foie. Il est en outre moins coûteux que l'IRM. La visualisation des vaisseaux sanguins et des lésions dans les images scanner nécessite l'injection d'un produit de contraste. Le foie étant, de part sa position dans le corps humain, sujet au mouvement respiratoire, il est nécessaire d'utiliser un scanner rapide pour réaliser l'acquisition alors que le patient maintient une apnée. Les scanner hélicoïdaux permettent d'acquérir le volume complet du foie en une trentaine de secondes. L'image résultante comprend environ $512 \times 512 \times 70$ voxels mesurant $0,5 \times 0,5 \times 3$ millimètres de côté. Les scanners réalisent l'acquisition de coupes axiales, dans la direction perpendiculaire au tronc du patient.

B.2 Le cœur

B.2.1 Anatomie

Le cœur est une pompe essentiellement constituée d'un muscle : le myocarde. Le myocarde est entouré du péricarde et tapissé à l'intérieur d'une fine membrane : l'endocarde. Le cœur est composé de quatre cavités. Le septum partage le cœur en deux parties (droite et gauche). Chaque partie comprend un ventricule et une oreillette (voir figure B.4).

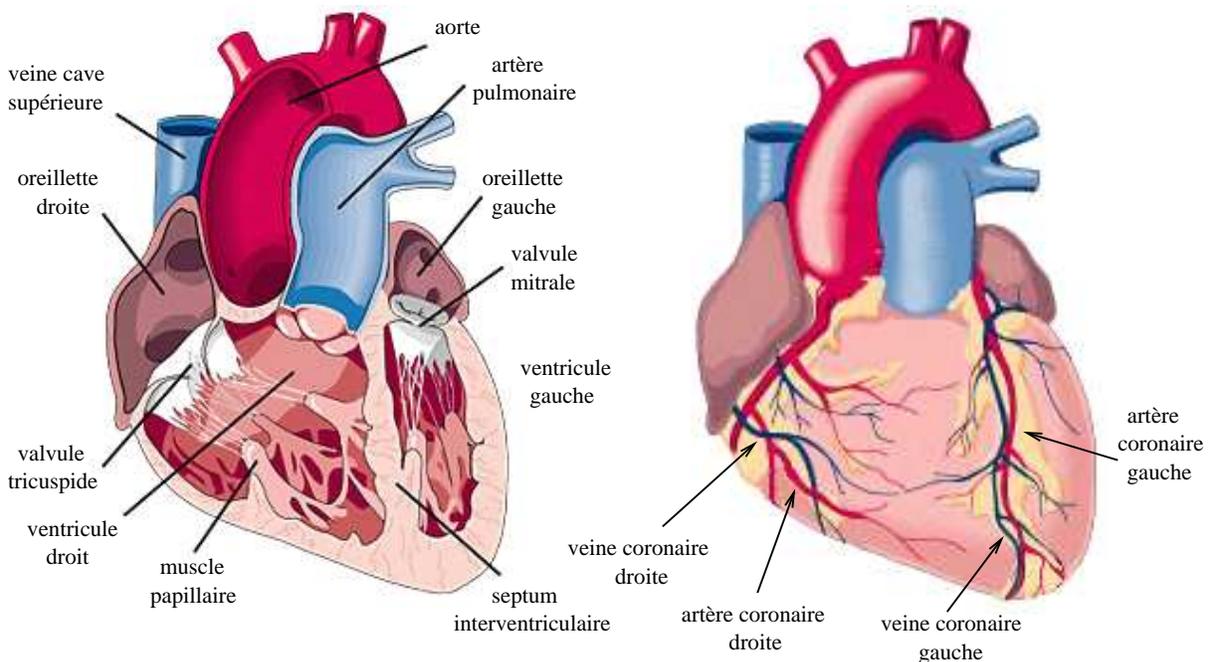


FIG. B.4 – Anatomie du cœur.

Circulation sanguine et cycle cardiaque

La partie droite du cœur assure la circulation du sang carbonisé tandis que la partie gauche distribue le sang oxygéné à l'organisme. Le sang carbonisé est drainé par les veines caves inférieure et supérieure et aboutit dans l'oreillette droite. Il franchit la valvule tricuspidale, qui se comporte comme un clapet anti-retour, et remplit le ventricule droit. Il est expulsé dans les artères pulmonaires vers les poumons où il se trouve réoxygéné. Le sang revient des poumons par les veines pulmonaires. Il aboutit dans l'oreillette gauche puis le ventricule gauche en franchissant la valvule mitrale (valvule bicuspidale). Lors de la contraction cardiaque le sang est alors expulsé dans le corps par l'aorte.

Le cycle cardiaque est décomposé en deux phases. Pendant la systole, le myocarde se comprime, expulsant le sang contenu dans les deux ventricules dans le corps. Pendant la diastole, le muscle se décontracte, laissant le sang s'accumuler dans les oreillettes et dans les ventricules. La contraction du myocarde est régulée par un système nerveux autonome dont le rythme est imposé par deux systèmes nerveux externes. La systole prend un tiers du temps du cycle cardiaque et la diastole les deux autres tiers (voir figure 7.1).

Ventricule gauche

Le ventricule gauche est délimité selon son grand axe par l'apex (la pointe) en bas et par la base (sous les valvules) en haut. Entre la base et l'apex, le mur du ventricule gauche est décomposé en quatre parties. En tournant autour du grand axe on trouve : le septum qui sépare les deux ventricules, le mur antérieur situé vers l'avant au voisinage des côtes, le mur latéral et le mur inférieur sur lequel repose le cœur dans le corps.

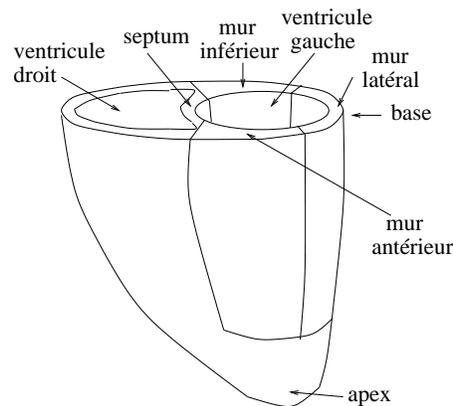


FIG. B.5 – Anatomie du ventricule gauche.

B.2.2 Imagerie du cœur

Une géométrie propre au cœur est souvent utilisée pour la visualisation du ventricule gauche (voir figure B.6). La première direction est définie par le grand axe du cœur. La seconde direction, le petit axe, coupe le cœur selon une section circulaire. La troisième direction orthogonale aux deux précédentes coupe le cœur à travers les deux ventricules et les deux oreillettes dans le plan « quatre

cavités». Une IRM peut utiliser cette géométrie. Une sonde ultrasonore rotative trans-thoracique permet l'acquisition d'images en géométrie cylindrique d'axe le grand axe du cœur. On retrouve alors les plans grand axe et quatre cavités de la figure B.6 et tous les plans intermédiaires en tournant autour de l'axe mais pas le plan petit axe.

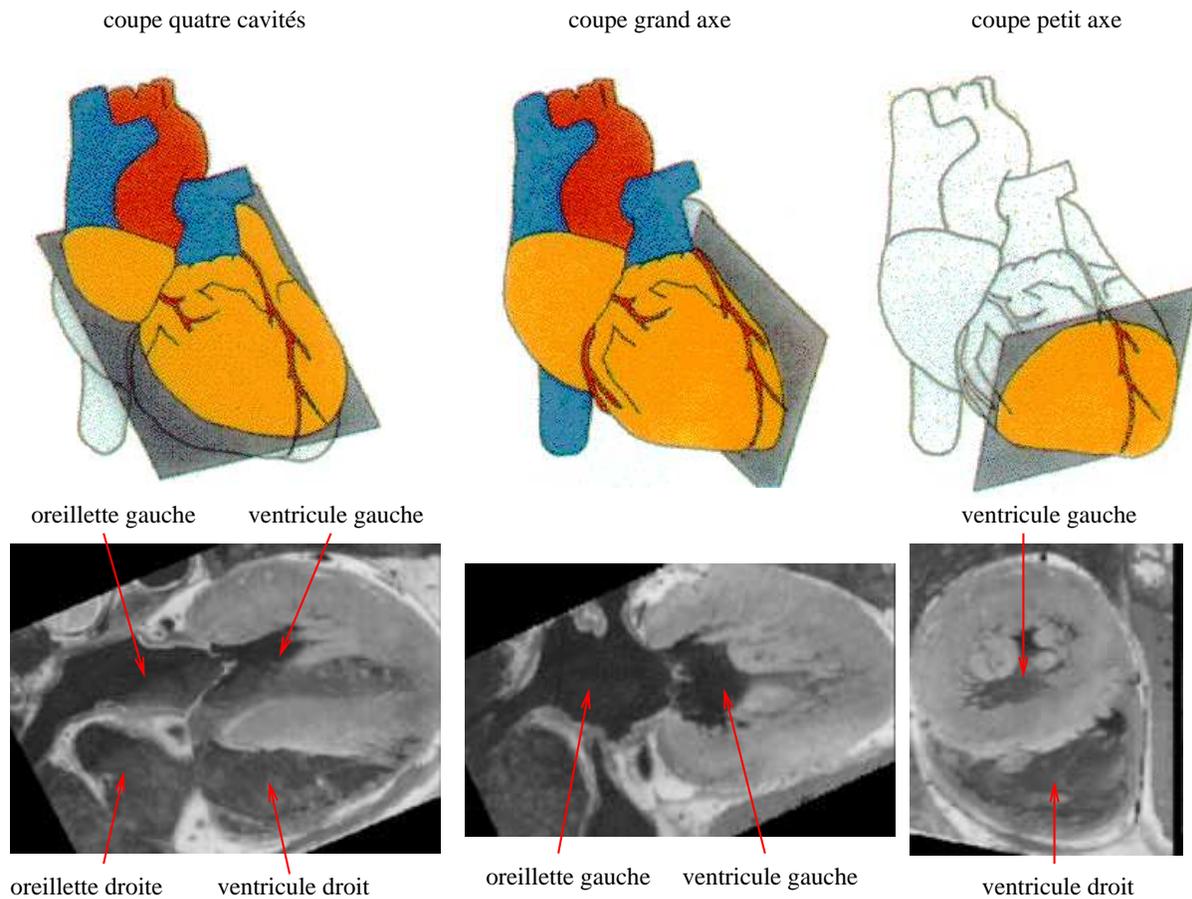


FIG. B.6 – Géométrie cardiaque. En haut: direction des trois plans de coupe (source : (Lapalus, 1987)). En bas: un exemple d'image dans chaque coupe à partir des données anatomiques de la NLM.

Lorsque la sonde utilisée pour l'acquisition d'images ne permet pas de sélectionner des plans quelconques (c'est le cas des scanner ou des appareils de médecine nucléaire), la géométrie usuelle est utilisée (voir figure B.7). Les plans de coupe sont définis par la direction du tronc (coupe transverse) et deux coupes orthogonales (coupes sagittale et frontale).

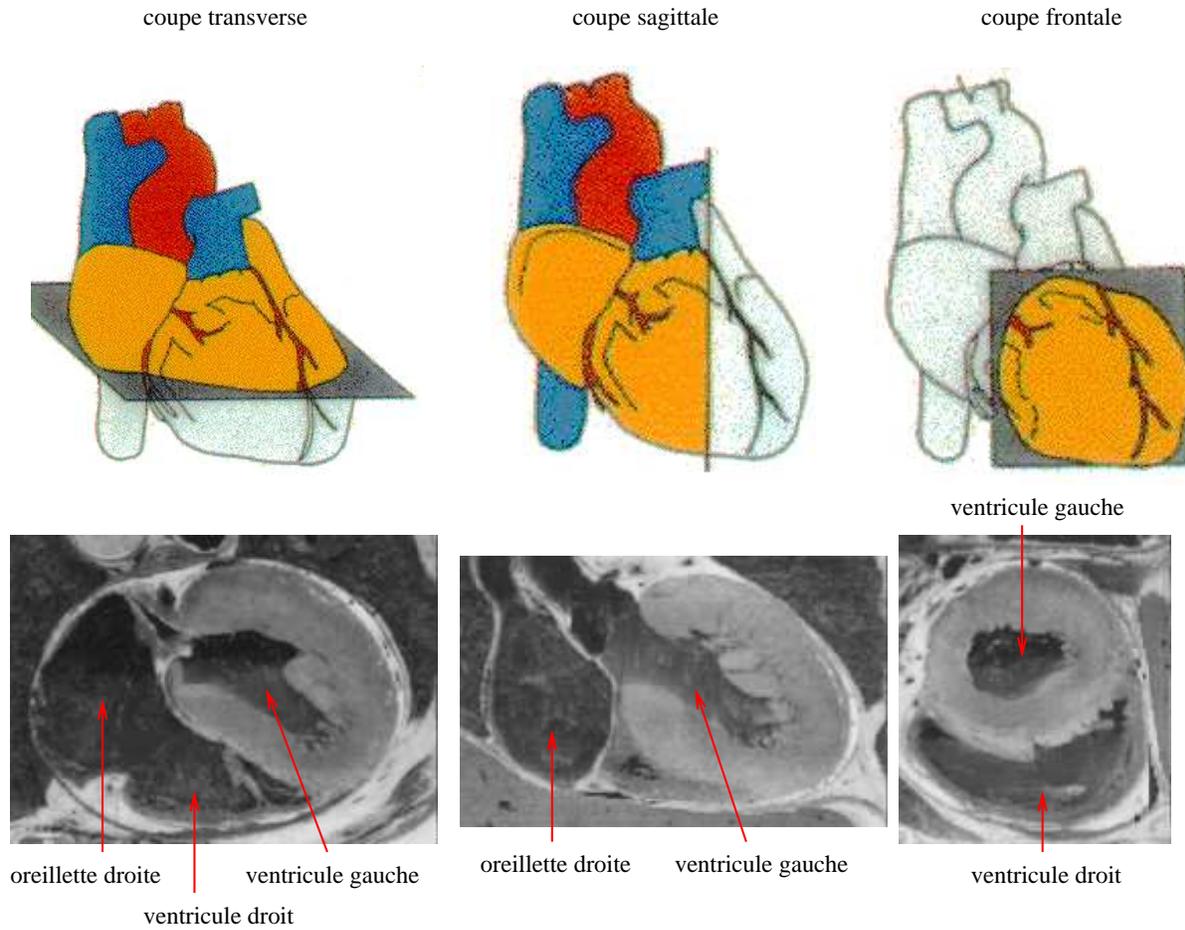


FIG. B.7 – Géométrie thoracique. En haut: direction des trois plans de coupe (source : (Lapalus, 1987)). En bas: un exemple d'image dans chaque coupe à partir des données anatomiques de la NLM.

Bibliographie

- Acharya, R., Wasserman, R., Sevens, J., et Hinojosa, C. (1995). « Biomedical Imaging Modalities: a Tutorial ». *Computerized Medical Imaging and Graphics*, volume 19 numéro 1 pages 3–25.
- Aguado, A., Nixon, M., et Montiel, M. (1998). « Parameterizing Arbitrary Shapes via Fourier Descriptors for Evidence-Gathering Extraction ». *Computer Vision and Image Understanding*, volume 69 numéro 2 pages 202–221.
- Alvarez, L., Lions, P.-L., et Morel, J.-M. (1992). « Image selective smoothing and edge detection by nonlinear diffusion ». *S.I.A.M. Numerical Analysis*, volume 29 numéro 3 pages 845–866.
- Amini, A. et Duncan, J. (1992). « Bending and stretching models for LV wall motion analysis from curves and surfaces ». *Image and Vision Computing*, volume 10 numéro 6 pages 418–430.
- Amini, A., Weymouth, T., et Jain, R. (1990). « Using dynamic programming for solving variational problems in vision ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 12 numéro 9 pages 855–867.
- Ayache, N. (1998). « L'analyse automatique des images médicales. État de l'art et perspectives ». Rapport de recherche 3364, INRIA. Également dans les annales de l'Institut Pasteur, numéro spécial, <http://www.inria.fr/RRRT/RR-3364.html>.
- Bae, K., Giger, M., Chen, C.-T., et Khan, C. (1993). « Automatic segmentation of liver structure in CT images ». *Medical Physics*, volume 20 numéro 1 pages 71–78.
- Bainville, E. (1992). « Reconstruction d'objets tridimensionnels à partir de silhouettes ». Rapport de DEA, École Normale Supérieure de Lyon.
- Bainville, E. (1996). « *Modélisation géométrique et dynamique d'un geste chirurgical* ». Thèse de doctorat, Université Joseph Fourier, Grenoble, France.
- Baldwin, B., Geiger, D., et Hummel, R. (1998). « Resolution-Appropriate Shape Representation ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'98)*, pages 460–465, Bombay, India.
- Bardinet, E. (1995). « *Modèles déformables contraints : applications à l'imagerie cardiaque* ». Thèse de doctorat, Université Paris-IX Dauphine, France. <http://www.inria.fr/RRRT/TU-0444.html>.
- Bardinet, E., Cohen, D., et Ayache, N. (1995). « A Parametric Deformable Model to Fit Unstructured 3D Data ». Rapport de recherche 2617, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-2617.html>.

- Bardinet, E., Cohen, L., et Ayache, N. (1996). « Tracking and motion analysis of the left ventricle with deformable superquadrics ». *Medical Image Analysis*, volume 1 numéro 2 pages 129–149. http://www.oup.co.uk/mediaj/hdb/Volume_01/Issue_02/.
- Bascle, B. et Deriche, R. (1994). « Region tracking through image sequences ». Rapport de recherche 2439, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-2439.html>.
- Behiels, G., Vandermeulen, D., Maes, F., Suetens, P., et Dewaele, P. (1999). « Active Shape-Model Based Segmentation of Digital X-ray images ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'99)*, volume 1679 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 128–137, Cambridge, UK. Springer.
- Bello, F. et Colchester, A. (1998). « Measuring Global and Local Spatial Correspondence Using Information Theory ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'98)*, volume 1496 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 964–973, Cambridge, USA. Springer.
- Bellon, E., Feron, M., Maes, M., Van Hoe, L., Delaere, D., Haven, F., Sunaert, S., Baert, A., Marchal, G., et Suetens, P. (1997). « Evaluation of manual vs semi-automated delineation of liver lesions on CT images ». *European Radiology*, volume 7 pages 432–438.
- Berger, M.-O., Winterfeldt, G., et Lethor, J.-P. (1999). « Contour Tracking in Echocardiographic Sequences without Learning Stage: Application to the 3D Reconstruction of the 3D Beating Left Ventricle ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'99)*, volume 1679 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 508–515, Cambridge, UK. Springer.
- Besl, P. et McKay, N. (1992). « A method for registration of 3D shapes ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 14 numéro 2 pages 239–256.
- Blake, A., Curwen, R., et Zisserman, A. (1993). « Affine-invariant contour tracking with automatic control of spatiotemporal scale ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'93)*, pages 66–75, Berlin, Germany.
- Blake, A. et Michael, I. (1994). « 3D position, attitude and shape input using video tracking of hands and lips ». dans *ACM Computer Graphics (SIGGRAPH'94)*, pages 185–192, Orlando, USA.
- Blake, A. et Zisserman, A. (1987). *Visual Reconstruction*. MIT Press.
- Boes, J., Meyer, C., et Weymouth, T. (1995). « Liver definition in CT-using a population based shape model ». dans *International Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine (CVRMed'95)*, volume 905 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 281–286. Springer-Verlag.
- Bouchard, V., Cinquin, P., Desbat, L., Joubert, A., Lavallée, S., et Péria, O. (1997). « A Priori Registration of SPECT Projections and MR/CT Images for SPECT Reconstruction Improvement ». dans *Joint Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine (CVRMed-MRCAS'97)*, volume 1205 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 491–500. Springer-Verlag. <http://www-sop.inria.fr/epidaure/personnel/Johan.Montagnat/publi.html>.

- Boukerroui, D., Basset, O., Baskurt, A., et Noble, A. (1999). « Segmentation of Echocardiographic Data. Multiresolution 2D and 3D Algorithm Based on Grey Level Statistics ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'99)*, volume 1679 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 516–523, Cambridge, UK. Springer.
- Brandt, E., Wigström, L., et Wranne, B. (1999). « Segmentation of Echocardiographic Image Sequences Using Spatio-temporal Information ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'99)*, volume 1679 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 410–419, Cambridge, UK. Springer.
- Brechbühler, C., Gerig, G., et Szélikysy, G. (1996). « Compensation of Spatial Inhomogeneity in MRI Based on a Parametric Bias Estimate ». dans *Visualization in Biomedical Computing (VBC'96)*, volume 1131 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 141–146. Springer.
- Brown, L. (1992). « A Survey of Image Registration Techniques ». *ACM Computing Surveys*, volume 24 numéro 4 pages 325–376. <http://www.acm.org/pubs/citations/journals/surveys/1992-24-4/p325-brown/>.
- Bulpitt, A. et Efford, N. (1995). « An Efficient 3D Deformable Model with a Self Optimizing Topology ». dans *British Machine Vision Conference*, volume 1, pages 37–46.
- Buzug, T. et Weese, J. (1998). « Voxel-Based Similarity measures for Medical Image Registration in Radiological Diagnosis and Image Guided Surgery ». *Journal of Computing and Information Technology*, volume 6 numéro 2 pages 165–179.
- Counce, A. et Taylor, C. (1998). « 3D Point Distribution Models of the Cortical Sulci ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'98)*, pages 402–407, Bombay, India.
- Chalmond, B. et Girard, S. (1998). « Nonlinear Data Representation for Visual Learning ». Rapport de recherche 3550, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-3550.html>.
- Champetier, J. (1985). « La segmentation hépatique ». Rapport de recherche, CHU de Grenoble, France.
- Champleboux, G. (1991). « Utilisation des fonctions splines pour la mise au point d'un capteur 3D sans contact : quelques applications médicales ». Thèse de doctorat, Université Joseph Fourier, Tim3-IMAG, Grenoble, France.
- Christensen, G., Rabbitt, R., et Miller, M. (1996). « Deformable templates using large deformation kinematics ». *IEEE Transactions on Image Processing*, volume 5 numéro 10 pages 1435–1447.
- Clarysse, P., Friboulet, D., et Magnin, I. (1997). « Tracking Geometrical Descriptors on 3-D Deformable Surfaces: Application to the Left-Ventricular Surface of the Heart ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 16 numéro 4 pages 392–404.
- Cloppet-Oliva, F. et Stamon, G. (1996). « Segmentation coopérative Région/Contour pour une Analyse Automatique d'Images de Cellules en Culture ». dans *RFIA '96*, pages 1063–1072, Rennes, France.
- Cocquerez, J.-P. et Sylvie, P. (1995). *Analyse d'images : filtrage et segmentation*. Masson.
- Cohen, I. (1992). « Modèles déformables 2D et 3D, application à la segmentation d'images médicales ». Thèse de doctorat, Université Paris-IX Dauphine, France. <http://www.inria.fr/RRRT/TU-0182.html>.
- Cohen, I. et Cohen, L. (1994). « Hyperquadric model for 2D and 3D data fitting ». dans *12th International Conference on Pattern Recognition (ICPR'94)*, pages 403–405, Jerusalem, Israel.
- Cohen, I. et Cohen, L. (1996). « A Hybrid Hyperquadric Model For 2-D And 3-D Data Fitting ». *Computer Vision and Image Understanding*, volume 63 numéro 3 pages 527–541.

- Cohen, I., Cohen, L., et Ayache, N. (1992). « Using Deformable Surfaces to Segment 3-D Images and Infer Differential Structures ». *Computer Vision, Graphics, and Image Processing: Image Understanding*, volume 56 numéro 2 pages 242–263.
- Cohen, L. (1991). « On Active Contour Models and Balloons ». *Computer Vision, Graphics, and Image Processing: Image Understanding*, volume 53 numéro 2 pages 211–218. <http://www.ceremade.dauphine.fr/~cohen/habilpub.html>.
- Cohen, L. (1995). « Auxiliary Variables For Deformable Models ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'95)*, pages 975–980, Cambridge, USA. <http://www.ceremade.dauphine.fr/~cohen/habilpub.html>.
- Cohen, L., Bardinet, E., et Ayache, N. (1993). « Surface reconstruction using active contour models ». Rapport de recherche 1824, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-1824.html>.
- Cohen, L. et Cohen, I. (1993). « Finite element methods for active contour models and balloons for 2-D and 3-D images ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 15 numéro 11 pages 1131–1147. <http://www.ceremade.dauphine.fr/~cohen/habilpub.html>.
- Cohen, L. et Gorre, A. (1995). « On the convexity of the active contour energy ». dans *proceedings of the GRETSI*, Juan-les-Pins, France. <http://www.ceremade.dauphine.fr/~cohen/recentpub.html>.
- Cohen, L. et Kimmel, R. (1996a). « Fast Marching The Global Minimum of Active Contours ». dans *International Conference on Image Processing (ICIP'96)*, volume A, pages 473–476, Lausanne, Switzerland.
- Cohen, L. et Kimmel, R. (1996b). « Global Minimum For Active Contour Models: A Minimum Path Approach ». dans *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR'96)*, pages 666–673, San Fransisco, USA. <http://www.ceremade.dauphine.fr/~cohen/recentpub.html>.
- Conroy, G., Weber, G., Seidler, H., Tobias, P., Kane, A., et Brunsten, B. (1998). « Endocranial Capacity in an Early hominid Cranium from Sterkfontein, South Africa ». *Science*, volume 280 pages 1730–1731.
- Cootes, T., Hill, A., Taylor, C., et Halsan, J. (1993). « The Use of Active Shape Models for Locating Structures in Medical Images ». dans *International Conference on Information Processing in Medical Images (IPMI'93)*, volume 687 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 33–47, Flagstaff, USA. Springer-Verlag.
- Cootes, T., Taylor, C., Cooper, D., et Graham, J. (1995). « Active shape models, their training and application ». *Computer Vision and Image Understanding*, volume 61 numéro 1 pages 38–59.
- Coquillart, S. (1990). « Extended free-form deformation: A sculpturing tool for 3D geometric modeling ». *ACM Computer Graphics (SIGGRAPH'90)*, volume 24 numéro 4 pages 187–196.
- Cotin, S. (1997). « Modèles anatomiques déformables en temps-réel ». Thèse de doctorat, Université de Nice Sophia-Antipolis, France, INRIA.
- Couinaud (1957). *Le foie, études anatomiques et chirurgicales*. Masson.
- Cross, G. et Jain, A. (1983). « Markov Random Filed Texture Models ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 5 numéro 1 pages 25–39.
- Czerwinski, R. N. (1998). « Line and Boundary Detection in Speckle Images ». *IEEE Transactions on Image Processing*, volume 7 numéro 12 pages 1700–1714.
- Davatzikos, C. et Prince, J. (1993). « Adaptative active contour algorithms for extracting and mapping thick curves ». dans *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR'93)*, pages 524–529, New York, USA.
- Davis, M., Rezaie, B., et Weiland, F. (1993). « Assessment of left ventricular ejection fraction from

- technetium-99m-methoxy isobutyl isonitrile multiple gated radionuclide angiocardiology ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 12 numéro 2 pages 189–199.
- Declercq, J. (1997). « *Étude de la dynamique cardiaque par analyse d'images tridimensionnelles* ». Thèse de doctorat, Université de Nice Sophia-Antipolis, France, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/TU-0495.html>.
- Declercq, J., Feldmar, J., et Ayache, N. (1998). « Definition of a 4D continuous planispheric transformation for the tracking and the analysis of LV motion ». *Medical Image Analysis*, volume 2 numéro 2 pages 197–213. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_02/Issue_02/.
- Declercq, J., Feldmar, J., Goris, M., et Betting, F. (1997). « Automatic registration and alignment on a template of cardiac stress and rest reoriented SPECT images ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 16 numéro 7 pages 727–737.
- Delingette, H. (1994a). « *Modélisation, déformation et reconnaissance d'objets tridimensionnels à l'aide de maillages simplexes* ». Thèse de doctorat, École Centrale de Paris, France. <http://www.inria.fr/RRRT/TU-0309.html>.
- Delingette, H. (1994b). « Simplex Meshes: a General Representation for 3D Shape Reconstruction ». Rapport de recherche 2214, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-2214.html>.
- Delingette, H. (1997). « General Object Reconstruction based on Simplex Meshes ». Rapport de recherche 3111, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-3111.html>.
- Delingette, H. (1998). « Initialization of deformable models from 3D data ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'98)*, pages 311–316, Bombay, India. <ftp://ftp-sop.inria.fr/epidaure/Publications/Delingette/iccv98.ps.gz>.
- Delingette, H. (1999). « General Object Reconstruction based on Simplex Meshes ». *International Journal of Computer Vision*, volume 32 numéro 2 pages 111–146.
- Delingette, H., Hébert, M., et Ikeuchi, K. (1991). « Energy functions for regularization algorithm ». dans *Geometric Methods in Computer Vision, SPIE*, volume 1570, pages 104–115. <ftp://www.inria.fr/epidaure/Publications/Delingette/spie91.energy.ps.gz>.
- Delingette, H. et Montagnat, J. (2000a). « New algorithms for controlling active contours shape and topology ». dans *soumis à European Conference on Computer Vision (ECCV'00)*, Dublin, Ireland.
- Delingette, H. et Montagnat, J. (2000b). « Shape and topology constraints on parametric active contours ». *soumis à Computer Vision and Image Understanding*.
- Delingette, H., Subsol, G., Cotin, S., et J., P. (1992). « A craniofacial surgery testbed ». Rapport de recherche 2199, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-2199.html>.
- Deriche, R. (1987). « Using Canny's criteria to derive a recursively implemented optimal edge detector ». *International Journal of Computer Vision*, volume 1 numéro 2 pages 167–187.
- Derin, H. et Elliott, H. (1987). « Modeling and Segmentation of Noisy and Textured Images Using Gibbs Random Fields ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 9 numéro 1 pages 39–55.
- Derin, H., Elliott, H., Cristi, R., et Geman, D. (1984). « Bayes Smoothing Algorithms for Segmentation of Binary Images Modeled by Markov Random Fields ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 6 numéro 6 pages 707–720.
- Desbrun, M. et Gascuel, M.-P. (1996). « Smoothed-Particles: A new paradigm for animating highly deformable bodies ». dans *Eurographics Workshop on Animation and Simulation*, Poitiers, France. <http://www.multires.caltech.edu/~mathieu/smoothed.html>.

- Dokladal, P., Lohou, C., Perroton, L., et Bertrand, G. (1999). « Liver Blood Vessels Extraction by a 3-D Topological Approach ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'99)*, volume 1679 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 98–105, Cambridge, UK. Springer.
- Dorai, C. et Jain, A. (1997). « COSMOS - A Representation Scheme for 3D Free-Form Objects ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 19 numero 10 pages 1115–1130. <http://computer.org/tpami/tp1997/ixtoc.htm>.
- Elayadi, M. (1997). « Equations aux derivees partielles et reseaux de neurones pour le traitement d'images ». These de doctorat, Universite Joseph Fourier, Grenoble, France.
- Feldmar, J. et Ayache, N. (1994). « Rigid, affine and locally affine registration of free-form surfaces ». Rapport de recherche 2220, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-2220.html>.
- Feldmar, J. et Ayache, N. (1996). « Rigid, Affine and Locally Affine Registration of Free-Form Surfaces ». *International Journal of Computer Vision*, volume 18 numero 2 pages 99–119.
- Fishman, E., Kuszyk, B., Heath, D., et Gao, L. (1996). « Surgical Planning for Liver Resection ». *IEEE Computer*, volume 29 numero 1 pages 64–72.
- Geiger, D., Gupta, A., Luiz, A., et Vlontzos, J. (1995). « Dynamic Programming for Detecting, Tracking, and Matching Deformable Contours ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 17 numero 3 pages 294–302. <http://computer.org/tpami/tp1995/i3toc.htm>.
- Geman, S. et Geman, D. (1984). « Stochastic Relaxation, Gibbs Distributions and the Bayesian Restoration of Images ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 6 numero 6 pages 721–741.
- Gerig, G., Kubler, O., Kikinis, R., et Jolesz, F. (1992). « Nonlinear Anisotropic Filtering of MRI Data ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 11 numero 2 pages 221–232. http://www.vision.ee.ethz.ch/cgi-bin/create_abshtml.pl?109.
- Gering, D., Nabavi, A., Kikinis, R., Grimson, W., Hata, N., Everett, P., Jolesz, F., et Wells, M. (1999). « An Integrated Visualization System for Surgical Planning and Guidance Using Image Fusion and Interventional Imaging ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'99)*, volume 1679 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 809–819, Cambridge, UK. Springer.
- Ghanei, A., Soltanian-Zahed, H., et Windham, J. (1998). « A 3D deformable surface model for segmentation of objects from volumetric data in medical images ». *Computers in Biology and Medicine*, volume 28 numero 3 pages 239–253. <http://www.elsevier.nl/inca/publications/store/3/5/1/>.
- Giachetti, A. (1998). « On-line analysis of echocardiographic image sequences ». *Medical Image Analysis*, volume 2 numero 3 pages 261–284. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_02/Issue_03/.
- Gilles, S., Brady, M., Declerck, J., Thirion, J.-P., et Ayache, N. (1996). « Bias field correction of breast MR images ». dans *Visualization in Biomedical Computing (VBC'96)*, volume 1131 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 153–158. Springer.
- Gonzalez Ballester, M., Zisserman, A., et Brady, M. (1998). « Measurement of Brain Structures based on Statistical and Geometrical 3D Segmentation ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'98)*, volume 1496 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 499–508, Cambridge, USA. Springer.
- Gorce, J.-M., Friboulet, D., et Magnin, I. (1996). « Estimation of three-dimensional cardiac velocity fields: assessment of a differential method and application to three-dimensional CT data ». *Medical Image*

- Analysis*, volume 1 numéro 3 pages 245–261. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_01/Issue_03/.
- Grevera, G. et Udupa, J. (1996). « Shape-based interpolation of multidimensional grey-level images ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 15 pages 881–892.
- Guillemaud, R. et Brady, M. (1996). « Enhancement of MR Images ». dans *Visualization in Biomedical Computing (VBC'96)*, volume 1131 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 107–116. Springer.
- Guillemaud, R. et Brady, M. (1997). « Estimating the Bias Field of MR Images ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 16 numéro 3 pages 238–251.
- Guttman, M., Prince, J., et McVeigh, E. (1994). « Tag and contour detection in tagged MR images of the left ventricle ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 13 numéro 1 pages 74–88.
- Guttman, M., Zerhouni, E., et E., M. (1997). « Analysis of cardiac function from MR images ». *IEEE Computer Graphics and Applications*, volume 17 numéro 1 pages 30–38.
- Guéziec, A. et Ayache, N. (1992). « Smoothing and Matching of 3-D Space Curves ». dans *second European Conference on Computer Vision (ECCV'92)*, pages 620–629.
- Han, K. et Goldgof, D. (1993). « Using hyperquadrics for shape recovery from range data ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'93)*, pages 492–496, Berlin, Germany.
- Heap, T. et Hogg, D. (1998). « Wormholes in Shape Space: Tracking through Discontinuous Changes in Shape ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'98)*, pages 344–349, Bombay, India.
- Herlin, I. et Ayache, N. (1992). « Feature Extraction and analysis methods for sequences of ultrasound images ». dans *second European Conference on Computer Vision (ECCV'92)*, pages 43–57.
- Hill, A., Thornham, A., et Taylor, C. (1993). « Model-Based Interpretation of 3D Medical Images ». dans *British Machine Vision Conference (BMVC'93)*, pages 339–348, Guildford, UK.
- Jacob, G., Noble, A., Mulet-Parada, M., et Blake, A. (1999). « Evaluating a robust contour tracker on echocardiographic sequences ». *Medical Image Analysis*, volume 3 numéro 1 pages 63–75. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_03/Issue_01/.
- Juhan, V., Nazarian, B., Malkani, K., Bulot, R., Bartoli, J., et Sequeira, J. (1997). « Geometric Modelling of Abdominal Aortic Aneurysms ». dans *Joint Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine (CVRMed-MRCAS'97)*, volume 1205 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 243–252. Springer-Verlag.
- Kass, M., Witkin, A., et Terzopoulos, D. (1987). « Snakes: Active Contour Models ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'87)*, pages 259–268. IEEE.
- Kass, M., Witkin, A., et Terzopoulos, D. (1988). « Snakes: Active Contour Models ». *International Journal of Computer Vision*, volume 1 pages 321–331.
- Kelemen, A., Székely, G., et Gerig, G. (1998). « Three-dimensional Model-Based Segmentation of Brain MRI ». dans *Workshop on Biomedical Image Analysis (WBIA '98)*, pages 4–13, Santa-Barbara, USA.
- Kervrann, C. et Heitz, F. (1996). « Apprentissage non supervisé et suivi de modèles déformables dans une séquence d'images ». dans *RFIA '96*, pages 559–568, Rennes, France.
- Kimia, B., Tannenbaum, A., et Zucker, S. (1992). « On the evolution of curves via a Function of Curvature I. The Classical Case ». *Journal of Mathematical Analysis and Applications*, volume 163 pages 438–458.
- Kobashi, M. et Shapiro, L. (1995). « Knowledge based organ identification from CT images ». *Pattern Recognition*, volume 28 numéro 4 pages 475–491.
- Koenderinck, J. et Van Doorn, A. (1992). « Surface shape and curvature scales ». *Image and Vision Computing*, volume 10 numéro 8 pages 557–565.

- Lachaud, J.-O. (1998). « *Extraction de surfaces à partir d'images tri-dimensionnelles : approche discrète et approche par modèle déformable* ». Thèse de doctorat, Université Joseph Fourier, Grenoble 1, France. <http://www-isis.enst.fr/Kiosque/theses/Jacques-Olivier-Lachaud-19980709.html>.
- Lachaud, J.-O. et Montanvert, A. (1999). « Deformable meshes with automated topology changes for coarse-to-fine three-dimensional surface extraction ». *Medical Image Analysis*, volume 3 numéro 2 pages 187–207. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_03/Issue_02/.
- Lapalus, F., éditeur (1987). *Les explorations cardiaques en Médecine Nucléaire*. Les Atlas de l'Acomen.
- Lefevre, A. (1994). « Foie et pancréas : la chimie fine ». *Science et vie*, volume 187 pages 96–105.
- Leitner, F. et Cinquin, P. (1991). « Complex Topology 3D objects Segmentation ». dans *SPIE Conf. on Advances in Intelligent Robotics Systems*, volume 1609, Boston.
- Leitner, F. et Cinquin, P. (1993). « From snake and splines to snake-splines ». dans Springer-Verlag, éditeur, *Workshop on Geometric Reasoning for Perception and Action*, volume 708 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 264–281, Grenoble, France.
- Leitner, S., I., M., Lavallée, S., et Cinquin, P. (1991). Dynamic segmentation: finding the edge with spline snakes. dans Laurent, P.-J., Le Méhauté, A., et Schumaker, L., éditeurs, *Curves and Surfaces*, pages 279–284. Academic Press.
- Liu, W., Magnin, I., et Gimenez, G. (1995). « Un nouvel opérateur pour la détection de ruptures dans des signaux bruités ». *Traitement du Signal*, volume 12 numéro 3 pages 225–237.
- Lombardo, J.-C. (1996). « *Modélisation d'objets déformables avec un système de particules orientées* ». Thèse de doctorat, Université Joseph-Fourier, iMAGIS/IMAG, Grenoble, France.
- Lombardo, J.-C., Cani, M., et Neyret, F. (1999). « Real-time Collision Detection for Virtual Surgery ». dans *Computer Animation*, pages 82–90, Geneva, Switzerland. <http://www-sop.inria.fr/epidaure/AISIM/CompteRendu/aisim3/lombardo.pdf>.
- Lorensen, W. et Cline, H. (1987). « Marching cubes: a high resolution 3D surface construction algorithm ». *ACM Computer Graphics (SIGGRAPH'87)*, volume 21 pages 163–169.
- Lorigo, L., Faugeras, O., Grimson, W., Keriven, R., Kikinis, R., et Westin, C.-F. (1999). « Co-dimension 2 Geodesic Active Contours for MRA Segmentation ». dans *International Conference on Information Processing in Medical Images (IPMI'99)*, volume 1613 de *Lectures Notes in Computer Science*, Visegrád, Hungary. Springer. <http://www.ai.mit.edu/people/liana/>.
- Lötjönen, J., Magnin, I., Reinhardt, L., Nenonen, J., et Katila, T. (1999a). « Automatic Reconstruction of 3D Geometry Using Projections and a Geometric Prior Model ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'99)*, volume 1679 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 192–201, Cambridge, UK. Springer.
- Lötjönen, J., Reissman, P.-J., Magnin, I., et Katila, T. (1999b). « Model extraction from magnetic resonance volume data using the deformable pyramid ». *Medical Image Analysis*, volume 3 numéro 4 pages 387–406. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_03/Issue_04/.
- Lötjönen, J., Reissman, P.-J., Magnin, I., Nenonen, J., et Katila, T. (1998). « A Triangulation Method of an Arbitrary Point Set for Biomagnetic Problems ». *IEEE transactions on magnetics*, volume 34 numéro 4 pages 2228–2233.
- loupas, A. (1998). « *Digital image processing for noise reduction in medical ultrasonics* ». Thèse de doctorat, University of Edinburgh, UK.
- Maes, F., Collignon, A., Vendermeulen, D., Marchal, G., et Suetens, P. (1997). « Multimodality Image

- Registration by Maximization of Mutual Information ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 16 numéro 2 pages 187–198.
- Maintz, A. et Viergever, M. (1998). « A survey of medical image registration ». *Medical Image Analysis*, volume 2 numéro 1 pages 1–36. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_02/Issue_01/.
- Malladi, R. et Sethian, J. (1998). « A Real-Time Algorithm for Medical Shape Recovery ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'98)*, pages 304–310, Bombay, India.
- Malladi, R., Sethian, J., et Vemuri, B. (1995). « Shape Modeling with Front Propagation: A Level Set Approach ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 17 numéro 2 pages 158–174. <http://computer.org/tpami/tp1995/i2toc.htm>.
- Mallet, J. (1992). « Discrete smooth interpolating in geometric modelling ». *Computer Aided Design (CAD)*, volume 24 numéro 4 pages 178–192.
- Matheny, A. et Goldgof, D. (1995). « The use of three- and four-dimensional surface harmonics for rigid and non-rigid shape recovery and representation ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 17 numéro 10 pages 967–978. <http://computer.org/tpami/tp1995/ixtoc.htm>.
- McEachen, J. et Duncan, J. (1997). « Shaped-base tracking of left ventricular wall motion ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 16 numéro 3 pages 270–283.
- McInerney, T. et Terzopoulos, D. (1993). « A Finite Element Model for 3D Shape Reconstruction and Nonrigid Motion Tracking ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'93)*, pages 518–523, Berlin, Germany.
- McInerney, T. et Terzopoulos, D. (1995a). « A Dynamic Finite Element Surface Model for Segmentation and Tracking in Multidimensional Medical Images with Application to Cardiac 4D Image Analysis ». *Computerized Medical Imaging and Graphics*, volume 19 numéro 1 pages 69–83.
- McInerney, T. et Terzopoulos, D. (1995b). « A Finite Element Model for 3D Shape Reconstruction and Nonrigid Motion Tracking ». dans *International Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine (CVRMed'95)*, volume 905 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 518–523. Springer-Verlag.
- McInerney, T. et Terzopoulos, D. (1995c). « Medical Image Segmentation using Topologically Adaptable Snakes ». dans *International Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine (CVRMed'95)*, volume 905 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 92–100. Springer-Verlag.
- McInerney, T. et Terzopoulos, D. (1995d). « Topologically adaptable snakes ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'95)*, pages 840–845, Cambridge, USA.
- McInerney, T. et Terzopoulos, D. (1996). « Deformable models in medical image analysis: a survey ». *Medical Image Analysis*, volume 1 numéro 2 pages 91–108. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_01/Issue_01/.
- McInerney, T. et Terzopoulos, D. (1997). « Medical Image Segmentation using Topologically Adaptable Snakes ». dans *Joint Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine (CVRMed-MRCAS'97)*, volume 1205 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 92–100. Springer-Verlag.
- Menet, S., Saint-Marc, P., et Medioni, G. (1991). B-Snakes: implementation and application to stereo. dans *Artificial Intelligence and Computer Vision*, pages 223–236. Elsevier Science.
- Metaxas, D. et Terzopoulos, D. (1991). « Constrained Deformable Superquadrics and nonrigid Motion Tracking ». dans *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR'91)*, pages 337–343, Maui, Hawaii.

- Miller, M., Christensen, G., Amit, Y., et Grenander, U. (1993). « Mathematical textbook of deformable neuroanatomies ». *Proceedings of the National Academy of Science*, volume 90 numéro 24 pages 11944–11948.
- Monserrat Aranda, C., Juan Lizandra, M., Raya, M., Grau Colomer, V., et Knoll, C. (1999). « Deformation Simulation Algorithms of Elastic Tissues in "Real-Time" Based in Elasticity Theory ». dans et al., J. W., éditeur, *Medicine Meets Virtual Reality (MMVR '99)*, pages 21–22. IOS Press.
- Montagnat, J. (1996). « Segmentation d'images médicales volumiques à l'aide de maillages déformables contraints ». Rapport de DEA, Université d'Orsay et École Normale Supérieure de Cachan. <http://www-sop.inria.fr/epidaure/personnel/Johan.Montagnat/publi.html>.
- Montagnat, J. et Delingette, H. (1997a). « A Hybrid Framework for Surface Registration and Deformable Models ». dans *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR '97)*, pages 1041–1046, San Juan, Puerto Rico. <http://www-sop.inria.fr/epidaure/personnel/Johan.Montagnat/publi.html>.
- Montagnat, J. et Delingette, H. (1997b). « Reconstruction surfacique et segmentation à base de maillages déformables ». dans *sixièmes journées ORASIS (ORASIS'97)*, pages 59–68, la Colle sur Loup, France. <http://www-sop.inria.fr/epidaure/personnel/Johan.Montagnat/publi.html>.
- Montagnat, J. et Delingette, H. (1997c). « Volumetric Medical Images Segmentation using Shape Constrained Deformable Models ». dans *Joint Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine (CVRMed-MRCAS'97)*, volume 1205 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 13–22. Springer-Verlag. <http://www-sop.inria.fr/epidaure/personnel/Johan.Montagnat/publi.html>.
- Montagnat, J. et Delingette, H. (1998). « Globally constrained deformable models for 3D object reconstruction ». *Signal Processing*, volume 71 numéro 2 pages 173–186. <http://www-sop.inria.fr/epidaure/personnel/Johan.Montagnat/publi.html>.
- Montagnat, J., Delingette, H., Ayache, N., Clément, J., Roy, C., Russier, Y., Tasseti, V., et Marescaux, J. (1997). « Liver Segmentation in Contrast Enhanced Helical CT-Scans ». dans *World Congress on Medical Physics and Biomedical Engineering*, page 789, Nice, France. <http://www-sop.inria.fr/epidaure/personnel/Johan.Montagnat/publi.html>.
- Montagnat, J., Delingette, H., et Malandain, G. (1999). « Cylindrical Echocardiographic Images Segmentation based on 3D Deformable Models ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'99)*, volume 1679 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 168–175, Cambridge, UK. Springer. <http://www-sop.inria.fr/epidaure/personnel/Johan.Montagnat/publi.html>.
- Montagnat, J., Delingette, H., Scapel, N., et Ayache, N. (2000). « Surface Simplex Meshes for 3D Medical Image Segmentation ». dans *International Conference on Robotics and Automation (ICRA'00)*, Standford, USA.
- Moreau-Gaudry, A., Cinquin, P., et Baguet, J.-P. (1999). « Active Model Based Carotid Ultrasonic Data Segmentation ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'99)*, volume 1679 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 176–183, Cambridge, UK. Springer.
- Moreau-Gaudry, A., Cinquin, P., et Baguet, P. (1998). « A New Branching Model: Application to Carotid Ultrasonic Data ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'98)*, volume 1496 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 1049–1056, Cambridge, USA. Springer.
- Morrison, K. (1995). « Spectral Approximation of Multiplication Operators ». *New York Journal of Mathematics*, volume 1 pages 75–96.
- Mozelle, G. et Prêteux, F. (1996). « La méthode des ondelettes mobiles. Applications aux modèles déformables et à la reconstruction de surfaces. ». dans *RFIA'96*, pages 569–578, Rennes, France.

- Nastar, C. (1994). « *Modèles physiques déformables et modes vibratoires pour l'analyse du mouvement non-rigide dans les images multidimensionnelles* ». Thèse de doctorat, École Nationale des Ponts et Chaussées, France. <http://www.inria.fr/RRRT/TU-0283.html>.
- Nastar, C. et Ayache, A. (1994). « Classification of Nonrigid Motion in 3D Images using Physics-Based Vibration Analysis ». dans *IEEE Workshop on Biomedical Image Analysis*, pages 61–69, Seattle, USA.
- Nastar, C. et Ayache, N. (1996). « Frequency-Based Nonrigid Motion Analysis: Application to Four Dimensional Medical Images ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 18 numéro 11 pages 1067–1079. <http://computer.org/tpami/tp1996/iytoc.htm>.
- Nastar, C., Moghaddam, B., et Pentland, A. (1996). « Generalized Image Matching: Statistical Learning of Physically-Based Deformations ». dans *fourth European Conference on Computer Vision (ECCV'94)*, pages 589–598.
- Neyret, F. et Cani, M. (1999). « Pattern-Based Texturing Revisited ». dans *ACM Computer Graphics (SIGGRAPH'99)*, Los Angeles, USA. <http://www-imagis.imag.fr/Publications/>.
- O'Donnell, T., Gupta, A., et Boulton, T. (1997). « A New Model for the Recovery of Cylindrical Structures from Medical Image Data ». dans *Joint Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine (CVRMed-MRCAS'97)*, volume 1205 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 223–232. Springer-Verlag.
- O'Donnell, T. et Xi-Sheng, F. (1994). « The Extruded Generalized Cylinder: A Deformable Model for Object Recovery ». dans *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR'94)*, pages 174–181, Seattle, USA.
- Osher, S. et Sethian, J. (1988). « Fronts propagating with curvature dependent speed: Algorithms based on Hamilton-Jacobi formulation ». *Journal of Computational Physics*, volume 79 pages 12–49.
- Ourselin, S., Roche, A., Subsol, G., Pennec, X., et Sottonnet, C. (1998). « Automatic Alignment of Histological Sections for 3D Reconstruction and Analysis ». Rapport de recherche 3595, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-3595.html>.
- Papdemitris, X., Sinusas, A., Dione, D., et Duncan, J. (1999). « 3D Cardiac Deformation from Ultrasound Images ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'99)*, volume 1679 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 420–429, Cambridge, UK. Springer.
- Park, J., Metaxas, D., et Axel, L. (1996). « Analysis of left ventricular motion based on volumetric deformable models and MRI-SPAMM ». *Medical Image Analysis*, volume 1 numéro 1 pages 53–71. http://www.oup.co.uk/mediaj/hdb/Volume_01/Issue_01/.
- Park, J., Metaxas, D., et Young, A. (1994). « Deformable models with parameter functions: application to heart-wall modeling ». dans *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR'94)*, pages 437–442, Seattle, USA.
- Pennec, X. (1996). « *L'incertitude dans les Problèmes de Reconnaissance et de Recalage. Application en Imagerie Médicale et Biologie Moléculaire* ». Thèse de doctorat, École Polytechnique, France. <http://www.inria.fr/RRRT/TU-0456.html>.
- Penney, G., Weese, J., Little, J., Desmedt, P., Hill, D., et Hawkes, D. (1998). « A Comparison of Similarity Measures for Use in 2D-3D Medical Image Registration ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'98)*, volume 1496 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 1153–1161, Cambridge, USA. Springer.
- Pentland, A. et Sclaroff, S. (1991). « Closed-Form Solutions for Physically Based Shape Modeling and

- Recognition ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 13 numéro 7 pages 715–729.
- Perona, P. et Malik, J. (1990). « Scale-Space And Edge Detection Using Anisotropic Diffusion ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 12 pages 629–639.
- Picinbono, G. et Lombardo, J.-C. (1999). « Extrapolation, a solution for haptic feedback? ». dans *International Scientific Workshop on Virtual Reality and Prototyping*, pages 117–125, Laval, France. <http://www-sop.inria.fr/epidaure/AISIM/CompteRendu/aisim3/picinbono.pdf>.
- Poupon, F. (1999). « "Parcellisation" systématique du cerveau en volumes d'intérêt. Le cas des structures profondes ». Thèse de doctorat, INSA, Lyon.
- Poupon, F., Mangin, J.-F., Hasboun, D., Magnin, I., et Frouin, V. (1998). « Multi-Objects Deformable Templates Dedicated to the Segmentation of Brain Deep Structures ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'98)*, volume 1496 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 1134–1143, Cambridge, USA. Springer.
- Press, W., Teukolsky, S., Vetterling, W., et Flannery, B. (1992). *Numerical Recipes in C (2nd ed.)*. Cambridge University Press. http://www.nr.com/webRoot/Books/Numerical_Recipes/bookcpdf.html.
- Promayon, E. (1997). « Modélisation et simulation de la respiration ». Thèse de doctorat, Université Joseph-Fourier, TIMC-IMAG, Grenoble, France.
- Reissman, P.-J. (1997). « Modélisation et mise en correspondance par pyramide active : application à l'imagerie cardiaque par résonance magnétique ». Thèse de doctorat, INSA, Lyon.
- Reissman, P.-J. et Magnin, I. (1997). « Modeling 3D deformable object with the active pyramid ». *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, volume 11 numéro 7 pages 1129–1139.
- Rey, D., Subsol, G., Delingette, H., et Ayache, N. (1999). « Automatic Detection and Segmentation of Evolving Processes in 3D Medical Images: Application to Multiple Sclerosis ». dans *International Conference on Information Processing in Medical Images (IPMI'99)*, volume 1613 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 154–167, Visegrád, Hungary. Springer. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-3559.html>.
- Reynard, D., Blake, A., Azzawi, A., Styles, P., et Radda, G. (1995). « Computer tracking of tagged ^1H MR images for motion analysis ». dans *International Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine (CVRMed'95)*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 272–276. Springer-Verlag.
- Robb, R., Ritman, E., Gilbert, B., Kinsey, J., Harris, L., et Wood, E. (1979). « The DSR: A High-Speed Three-Dimensional X-ray Computed Tomography System For Dynamic Spatial Reconstruction of the Heart and Circulation ». *IEEE Transactions on Nuclear Science*, volume 26 numéro 2 pages 2713–2717.
- Robert, A. (1996). « Étude de la forme et du mouvement du coeur à partir de données lacunaires ». Thèse de doctorat, École Nationale Supérieure des Télécommunications, France. http://www-isis.enst.fr/Kiosque/theses/MANUSCRITS/Anne_Robert.pdf.
- Roche, A., Malandain, G., et Ayache, A. (1999). « Unifying Maximum Likelihood Approaches in Medical Image Registration ». Rapport de recherche 3741, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-3741.html>.
- Roche, A., Malandain, G., Pennec, X., et Ayache, A. (1998a). « Multimodal Image Registration by Maximization of the Correlation Ratio ». Rapport de recherche 3378, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-3378.html>.
- Roche, A., Malandain, G., Pennec, X., et Ayache, N. (1998b). « The Correlation Ratio as a New Similarity Measure for Multimodal Image Registration ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted*

- Intervention (MICCAI'98)*, volume 1496 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 1115–1124, Cambridge, USA. Springer.
- Rohling, R., Gee, A., et Berman, L. (1997). « Three-dimensional spatial compounding of ultrasound images ». *Medical Image Analysis*, volume 1 numéro 3 pages 177–193. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_01/Issue_03/.
- Rohr, K. (1999). « Extraction of 3D anatomical point landmarks based on invariance principles ». *Pattern Recognition*, volume 32 numéro 1 pages 3–15.
- Ronfard, R. (1994). « Region-Based Strategies for Active Contour Models ». *International Journal of Computer Vision*, volume 13 numéro 2 pages 229–251.
- Rosenfeld, A. et Kak, A. (1976). *Digital picture processing*. Academic Press.
- Ruff, C., Bhalerao, A., Hughes, S., D'Arcy, T., et Hawkes, D. (1996). « The Estimation of Fetal Organ Volume using Statistical Shape Analysis ». dans *Computer Assisted Radiology*, pages 280–285.
- Scapel, N. (1999). « Optimisation topologique et géométrique d'un maillage surfacique dynamique : application à la segmentation des images médicales volumiques ». Rapport de DEA, École Normale Supérieure de Cachan. <http://www-sop.inria.fr/epidaure/personnel/Nicolas.Scapel/etudes.html>.
- Schudy, R. et Ballard, D. (1979). « A computer model for extracting moving heart surfaces from four-dimensional cardiac ultrasound images ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'79)*, pages 366–376.
- Sederberg, T. et Parry, S. (1986). « Free-form deformation of solid geometric models ». *ACM Computer Graphics (SIGGRAPH'86)*, volume 20 numéro 4 pages 151–160.
- Semendeferi, K., Damasio, H., Frank, R., et Hoesen, G. (1997). « The evolution of the frontal lobes: a volumetric analysis based on three-dimensional reconstructions of magnetic resonance scans of human and ape brains ». *Journal of Human Evolution*, volume 32 pages 375–388.
- Sermesant, M. (1999). « Diffusion anisotrope et segmentation par modèles déformables sur des images échographiques 4D du cœur ». Rapport de DEA, École Normale Supérieure de Cachan.
- Shen, J. et Castan, S. (1986). « An optimal linear operator for edge detection ». dans *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR'86)*, USA.
- Siddiqui, K., Tannenbaum, A., et Zucker, S. (1998). « Hyperbolic "smoothing" of Shapes ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'98)*, pages 215–221, Bombay, India.
- Soler, L. (1998). « Une nouvelle méthode de segmentation des structures anatomiques et pathologiques : application aux angioscanners 3D du foie pour la planification chirurgicale. ». Thèse de doctorat, Université de Nice Sophia-Antipolis, France. <http://www.inria.fr/RRRT/TU-0566.html>.
- Soler, L., Malandain, G., Delingette, H., Montagant, J., Ayache, N., Clément, J.-M., Roy, C., Russier, Y., Tasseti, V., et Marescaux, J. (1997). « Automatic Segmentation of Portal Vein in CT-Scans of the Liver ». dans *World Congress on Medical Physics and Biomedical Engineering*, page 788, Nice, France. http://www-sop.inria.fr/epidaure/personnel/Luc.Soler/publi_eng.html.
- Sozou, P., Cootes, T., Taylor, C., et Di-Mauro, E. (1994). « A Non-linear Generalisation of PDMs using Polynomial Regression ». dans *British Machine Vision Conference (BMVC'94)*, pages 397–405.
- Sozou, P., Cootes, T., Taylor, C., et Di-Mauro, E. (1995). « Non-linear Point Distribution Modelling using a Multi-layer Perception ». dans *British Machine Vision Conference (BMVC'95)*, pages 107–115, Birmingham, UK.
- Staib, L. et Duncan, J. (1992). « Deformable Fourier models for surface finding in 3D images ». dans *Visualization in Biomedical Computing (VBC'92)*, pages 90–104.

- Styner, M. et Gerig, G. (1997). « Evaluation of 2D/3D bias correction with 1+1ES-optimization ». Rapport de recherche 179, Image Science Lab, ETH Zürich. http://www.vision.ee.ethz.ch/cgi-bin/create_abshtml.pl?140.
- Subsol, G. (1995). « Construction automatique d'atlas anatomiques morphométriques à partir d'images médicales tridimensionnelles ». Thèse de doctorat, École Centrale de Paris, France. <http://www.inria.fr/RRRT/TU-0379.html>.
- Subsol, G., Thirion, J.-P., et Ayache, N. (1998). « A scheme for automatically building three-dimensional morphometric anatomical atlases: application to skull atlas ». *Medical Image Analysis*, volume 2 numéro 1 pages 37–60. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_02/Issue_01/.
- Szelisky, R. (1990). « Fast Surface Interpolation Using Hierarchical Basis Functions ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 12 numéro 6 pages 513–528.
- Szelisky, R. et Terzopoulos, D. (1989). « From Splines to Fractals ». *Computer Graphics*, volume 23 numéro 3 pages 51–60.
- Szelisky, R. et Tonnesen, D. (1992). « Surface Modeling with Oriented Particle Systems ». *Computer Graphics*, volume 26 numéro 2 pages 185–194.
- Székely, G., Kelemen, A., Brechbüler, C., et Gerig, G. (1995). « Segmentation of 2D and 3D objects from MRI volume data using constrained elastic deformations of flexible Fourier surface models ». dans Ayache, N., éditeur, *International Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine (CVRMed'95)*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 495–505, Nice (France). Springer Verlag.
- Székely, G., Kelemen, A., Brechbüler, C., et Gerig, G. (1996). « Segmentation of 2D and 3D objects from MRI volume data using constrained elastic deformations of flexible Fourier surface models ». *Medical Image Analysis*, volume 1 numéro 1 pages 19–34. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_01/Issue_01/.
- Taubin, G. (1994). « Distance approximation for Rasterizing implicit Curves ». *ACM Transactions on Graphics*, volume 13 numéro 1 pages 3–42. <http://www.acm.org/pubs/citations/journals/tog/1994-13-1/p3-taubin/>.
- Taubin, G., Fernando, C., Sullivan, S., Ponce, J., et Kriegman, D. (1994). « Parameterized Families of Polynomials for bounded Algebraic Curve and Surface Fitting ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 16 numéro 3 pages 287–303.
- Terzopoulos, D. (1986a). « On matching deformable models to images ». Rapport de recherche 60, Schlumberger Paolo Alto Research. Reprinted in *Topical Meeting on Machine Vision*, Technical Digest Series, Vol 12, Optical Society of America, Washington DC, 1987, 160-167.
- Terzopoulos, D. (1986b). « Regularization of inverse visual problems involving discontinuities ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 8 numéro 4 pages 413–424.
- Terzopoulos, D. et Fleisher, K. (1988). « Deformable models ». *Visual Computer*, volume 4 numéro 6 pages 306–331.
- Terzopoulos, D. et Metaxas, D. (1991). « Dynamic 3D Models with Local and Global Deformations: Deformable Superquadrics ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 13 numéro 7 pages 703–714.
- Terzopoulos, D., Platt, J., A., B., et Fleischer, K. (1987). « Elastically deformable models ». *ACM Computer Graphics (SIGGRAPH'87)*, volume 21 numéro 4 pages 205–214.

- Terzopoulos, D. et Szelisky, R. (1991). « Tracking with Kalman snakes ». dans Press, M., éditeur, *Workshop on Active Vision*, pages 3–20.
- Terzopoulos, D., Witkin, A., et Kass, M. (1988). « Constraints on Deformable Models: Recovering 3D Shape and Nonrigid Motion ». *Artificial Intelligence*, volume 36 numéro 1 pages 91–123.
- Thirion, J.-P. (1994). « Extremal points: definition and application to 3D image registration ». dans *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR'94)*, pages 587–592, Seattle, USA.
- Thirion, J.-P. (1998). « Image matching as a diffusion process: an analogy with Maxwell's demons ». *Medical Image Analysis*, volume 2 numéro 3 pages 243–260. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_02/Issue_03/.
- Thirion, J.-P. et Calmon, G. (1999). « Deformation Analysis to Detect and Quantify Active Lesions in Three-Dimensional Medical Image Sequences ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 18 numéro 5 pages 429–441. http://www.ieee.org/organizations/pubs/pub_preview/MI/18mi05_toc.html.
- Treese, G., Prager, R., Gee, A., et Berman, L. (1998). « Fast surface and volume estimation from non-parallel cross-sections, for freehand 3-D ultrasound ». Rapport de recherche 326, Cambridge University Engineering Department.
- Treese, G., Richard, W., Andrew, H., et Laurence, B. (1999). « Fast surface and volume estimation from non-parallel cross-sections for freehand three-dimensional ultrasound ». *Medical Image Analysis*, volume 3 numéro 2 pages 141–173. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_03/Issue_02/.
- Vaillant, M. et Davatzikos, C. (1997). « Finding parametric representations of the cortical sulci using an active contour model ». *Medical Image Analysis*, volume 1 numéro 4 pages 295–315. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_01/Issue_04/.
- Vemuri, B. et Guo, Y. (1998). « Snake Pedals: Geometric models with physic-based control ». dans *International Conference on Computer Vision (ICCV'98)*, pages 427–432, Bombay, India.
- Vemuri, B., Guo, Y., Leonard, C., et Lay, S.-H. (1997). « Fast numerical algorithms for fitting multiresolution hybrid shape models to brain MRI ». *Medical Image Analysis*, volume 1 numéro 4 pages 343–362. http://www.oup.co.uk/media/j/hdb/Volume_01/Issue_04/.
- Vemuri, B. et Radisavljevic, A. (1993). « From Global to Local, a Continuum of Shape Models with Fractal ». dans *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR'93)*, pages 307–313, New York, USA.
- Vemuri, B. et Radisavljevic, A. (1994). « Multiresolution Stochastic Hybrid Shape Models with Fractal Priors ». *ACM Transactions on Graphics*, volume 13 numéro 2 pages 177–207. <http://www.acm.org/pubs/citations/journals/tog/1994-13-2/p177-vemuri/>.
- Vilgrain, V. (1995). « Radioanatomie du foie et des voies biliaires ». Rapport de recherche, Hôpital Beaujon, Clichy, <http://www.med.univ-rennes1.fr/cerf/edicerf/RADIOANATOMIE/012.html>, edicerf-wed éditions.
- Wang, Y. et Staib, L. (1998). « Elastic Model Based Non-Rigid Registration Incorporating Statistical Shape Information ». dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'98)*, volume 1496 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 1162–1173, Cambridge, USA. Springer.
- Wehrmann, F., Bengtsson, E., et Thurfjell, L. (1999). « A 3D Deformable Surface Model to Segment the Brain in MR Images ». dans *Scandinavian Conference on Image Analysis (SCIA'99)*, pages 289–294, Kangerlussuaq, Greenland.

- Weickert, A. (1997). « A Review of Nonlinear Diffusion Filtering ». dans *Scale-Space Theory in Computer Vision*, volume 1252 de *Lectures Notes in Computer Science*, pages 3–28. Springer.
- Weickert, J. (1998). *Anisotropic diffusion in image processing*. Teubner Verlag.
- Weickert, J., ter Haar Romeny, B., et Vierveger, M. (1998). « Efficient and Reliable Schemes for Nonlinear Diffusion Filtering ». *IEEE Transactions on Image Processing*, volume 7 numéro 3 pages 398–410.
- West, J., Fitzpatrick, J., Wang, M., Dawant, B., Maurer, C., Kessler, R., Maciunas, R., Barillot, C., Lemoine, D., Collignon, A., Maes, F., Suetens, P., Vandermeulen, D., van den Elsen, P., Napel, S., Sumanaweera, T., Harkness, B., Hemler, P., Hill, D., Hawkes, D., Studholme, C., Maintz, J., Vierveger, M., Malandain, G., Pennec, X., Noz, M., Maguire, G., Pollack, M., Pelizzari, C., Robb, R., Hanson, D., et Woods, R. (1997). « Comparison and Evaluation of Retrospective Intermodality Brain Image Registration Techniques ». *Journal of Computer Assisted Tomography*, volume 21 pages 554–566. <http://www.vuse.vanderbilt.edu/~%7ejayw/>.
- Williams, D. et Shah, M. (1992). « A fast algorithm for active contours and curvature estimation ». *Computer Vision, Graphics, and Image Processing: Image Understanding*, volume 55 numéro 1 pages 14–26.
- Winterfeldt, G., Berger, M., Lethor, J., et Handschuhmacher, M. (1997). « Expert Model Based 3D Reconstruction of the left Ventricle Using Transthorasic Echographic Images ». dans *Computers in Cardiology*.
- Young, A., Kraitchman, D., Dougherty, L., et Axel, L. (1995). « Tracking and Finite Element Analysis of Stripe Deformation in Magnetic Resonance Tagging ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 14 numéro 3 pages 413–421.
- Yuille, A. et Hallinan, P. (1991). « Deformable templates ». dans Press, M., éditeur, *Workshop on Active Vision*, pages 21–38.
- Zhang, Z. (1993). « Le problème de la mise en correspondance: l'état de l'art ». Rapport de recherche 2146, INRIA. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-2146.html>.
- Zhang, Z. (1994). « Iterative point matching for registration of free-form curves and surfaces ». *International Journal of Computer Vision*, volume 13 numéro 2 pages 119–152. <http://www.inria.fr/RRRT/RR-1658.html>.
- Zhu, S. (1994). « Unifying snakes, region growing, and Bayes/MDL for Multi-band Image Segmentation ». Rapport de recherche 94-10, Harvard Robotics Laboratory.
- Zorin, D., Schröder, P., et Sweldens, W. (1997). « Interactive Multiresolution Mesh Editing ». Rapport de recherche CS-TR-97-06, Caltech, department of computer science. <http://www.mrl.nyu.edu/dzorin/multires/meshed/index.html>.

Index

– A –

ACP, voir analyse en composantes principales
algorithme
 Bresenham 162
 propagation 162
analyse en composantes principales 19
angiographie 141
angle simplexe 52, 227
anisotropie 151
aorte 270
AOS 158
apex 270
appariements 109
approche Bayésienne 31
artère
 aorte 270
 hépatique 266

– B –

B-snake 17
B-spline 17, 212
base 270
Bayes 31, 184
Boltzmann 31

– C –

canal biliaire 266
carte de distance 161
champ aléatoire de Markov 184
continuité temporelle 216
contour
 force interne 80
 topologie 67

contrainte 91, 93, 103, 121
 axiale 127
 direction du gradient 166
 forme 130, 230
 globale 121, 230
 intensité 166
convergence 199
convexité 100
corrélation 173
Couinaud 199, 266
courbure 91
 discrète 52
cycle cardiaque 270

– D –

décomposition
 de Fourier 19
 de Karhunen-Loeve 20
 en ondelettes 19
 modale 19, 36, 102, 210
déformation
 de forme libre 113
 globale 106
 hiérarchique 121
 locale 105
 locale contrainte 121, 229
descente de gradient 32
diastole 270
différences finies 28
diffusion 157
 anisotrope 167, 168, 212
DSR 208
dualité 49

dynamique	
Eulerienne	25
Lagrangienne	37
dynamique cardiaque	206, 210

– E –

ECG	207
échographie	144
électrocardiogramme	207
éléments finis	29
endocarde	269
énergie	25, 100
ensemble de niveaux	23, 37, 72
équation de diffusion	157
évolution	
Lagrangienne	34, 83
Newtonienne	34, 87

– F –

FFD	113
filtrage	157
foie	266
force	25, 32
axiale	129
ballon	72, 81, 161
courbure moyenne	80
énergie de flexion	81, 86
externe	56, 121, 160
forme	132
globale	107, 121
gradient	164
interne	55, 80, 89, 101, 121
courbure	91
forme	93
lissage Laplacien	80, 84, 87
locale	54, 105
radiale	129
région	166
temporelle	225
forme	226

lissage	226
forme	14, 53, 54, 93, 130, 226
Fourier, voir décomposition de Fourier	
fraction d'éjection	206
free-form deformation	113, 211

– G –

géométrie	
Cartésienne	149
conique	150
cylindrique	149, 164
Gibbs	31, 184
GNC	100
gradient conjugué	33
graduated non-convexity	100

– H –

Hounsfield	141
hyperquadrique	23, 210

– I –

iconique	171, 179
ICP	107
image	
cœur	206, 208, 270
3D	6
4D	206
angiographie	130
biais	156
DSR	208
foie	269
géométrie	146
IRM	141, 180
marquée	143, 210, 212
isotopique	145, 177, 180, 233
médicale	6, 138, 206
par résonance magnétique	141, 231
radiographique	138
rayons-X	138
scanner	61, 180
tomographie	139

tridimensionnelle 138
 ultrasonore 144, 207, 208, 219, 238
 intraveineuse 183
 IRM marquée, voir image IRM marquée
 IRM, voir image IRM

– L –

level set, voir ensemble de niveaux
 Levenberg-Marquardt 33, 210
 ligne de crête 109
 lobules hépatique 266
 localité 121

– M –

maillage simplexe 22, 48, 224
 4D 224
 bord 51
 contour 51
 décimation 57
 évolution 54, 225
 force interne 89
 force temporelle 225
 géométrie 52, 224
 raffinement 57
 topologie 48, 64, 224
 Markov 184
 médecine nucléaire, voir image isotopique
 mesure de similarité 171
 minimisation 107
 descente de gradient 32
 gradient conjugué 33
 Levenberg-Marquardt 33
 Newton 33
 modèle
 déformable 14
 discret 21, 36
 évolution 15, 25
 explicite 15, 80
 géométrie 15
 implicite 23, 37

initialisation 160, 228
 interaction 198, 253
 paramétré 17, 35
 particules 24
 moindres carrés 107
 MRF 184
 multi-échelle 206
 mur
 antérieur 270
 inférieur 270
 latéral 270
 myocarde 269

– N –

National Library of Medicine 191
 Newton 33
 NLM 191
 non convexité graduée 100
 normale discrète 52

– O –

oreillette 270

– P –

paramètre métrique 52, 226
 parenchyme hépatique 266
 particule 24
 PCA, voir analyse en composantes principales
 péricarde 269
 PET 145
 plus proche point itéré 107
 point extremum 109
 potentiel 160
 PPP 107
 produit de contraste 141, 144
 profil d'intensité 171
 programmation dynamique 22, 30, 188

– Q –

qualité
 géométrique 57, 124, 201

topologique 57

– R –

Radon 139
rayons-X, voir image radiographique
recalage 106, 229
 élastique 110
 hiérarchique 114
 multimodal 179
 multimodalités 179
 non-rigide 106
 rigide 106, 180
 visqueux 110
reconstruction géométrique 14
recuit simulé 100
rééchantillonnage 151
 temporel 229
régularisation 100
 contraintes de 103
 locale 101
 modale 102
 pyramidale 104
 temporelle 226
résolution 25
rigidité 91, 93
Roentgen 138

– S –

scanner, voir image tomographie
schéma numérique
 AOS 158
 explicite 35, 158
 implicite 35, 158
 semi-implicite 35
scintillement 144
segmentation 6, 14, 173, 209
 cœur 215, 231
 angiographie 215
 crâne 173, 177
 foie 183

gradient 173
itérative 217
profil d'intensité 177
région 176
rein 174
validation 192
ventricule gauche 176, 215, 219, 231, 235,
 238
 vertèbre 75
segmentation anatomique de Couinaud .. 199
segments anatomiques 266
septum 269, 270
séquence d'images 206
similarité
 corrélation 173
 différences 173
 linéaire 173
simulated annealing 100
simulation de chirurgie 183
Sirpinsky 74
snake 14, 15
Sobolev 27, 29
speckle 144, 212
SPECT 145
stabilité 83, 84, 91
superellipsoïde 18, 211
superquadrique 17, 23, 210
surface
 algébrique 23, 37
 explicite 15
 paramétrée 15
systole 270

– T –

T-snake 42, 67
T-surface 42
tangente discrète 52
Tautavel 173
TEMP 145
temps porte 183

TEP	145	sus-hépatique	266
texture	184	ventricule	270
Tikhonov	27, 113	gauche	270
torsion	53, 227	vésicule biliaire	268
trajectoire	224	volumétrie cardiaque	207
transformation			
affine	112		
B-spline	113		
estimation	110		
FFD	113		
planisphérique	212		
rigide	110		
similitude	112		
transformation topologique			
TO_1^k	57		
TO_2^k	57		
TO_3^k	64		
TO_4^k	64		
TO_5^k	64		
TO_6^k	64		
TO_i^k	57		
échange	58		
triangle-étoile	60		
transformée			
de Fourier	139		
de Radon	139		
triangulation	49		

– U –

unité Hounsfield	141
US, voir image ultrasonore	

– V –

valvule	
bicuspidé	270
mitrale	270
tricuspidé	270
veine	
cave	266, 270
porte	266

Dans cette thèse, nous nous intéressons à l'utilisation des modèles déformables surfaciques pour la segmentation d'images 3D et 4D. Dans un premier temps, nous nous sommes attachés à contraindre l'espace des déformations admissibles du modèle afin de rendre le processus de déformation plus fiable. Nous avons utilisé le formalisme des maillages simplexes pour exprimer des contraintes régularisantes de la surface. Nous avons développé un processus évolutif de déformation combinant une transformation globale ayant peu de degrés de liberté et un champ de déformations locales. Il permet de contrôler le nombre de degrés de liberté offerts au modèle surfacique de manière simple et efficace. Nous avons également cherché à enrichir la connaissance a priori des données apportée par le modèle. Nous utilisons des contraintes de forme pour faciliter la segmentation des structures à reconstruire, notamment dans les zones où les données de l'image sont bruitées ou lacunaires. Nous nous sommes également intéressés à la convergence formelle du processus de déformation. Nous avons développé un algorithme de changement de topologie des modèles discrets que nous avons comparé à l'approche par ensembles de niveaux.

Dans un deuxième temps, nous nous sommes intéressés à la définition du terme d'attache aux données pour différents types d'images 3D. Nous avons envisagé plusieurs géométries rencontrées dans les images médicales. Nous avons étudié l'apport d'une information sur les régions ou sur la distribution des niveaux de gris de l'image pour la déformation ou le recalage multimodal d'un modèle. Finalement, nous nous sommes intéressés à la segmentation de séquences temporelles d'images cardiaques 2D ou 3D. La prise en compte de l'information temporelle permet d'introduire de nouvelles contraintes de déformations.

Nous avons mis nos méthodes en pratique avec la segmentation d'images ou des séquences d'images cardiaques provenant de différentes modalités d'acquisition.

Mots clés : *Modèles déformables, segmentation, images médicales, modélisation, images 3D, séquences d'images, forme.*

DEFORMABLE MODELLING FOR 3D AND 4D MEDICAL IMAGE SEGMENTATION

In this thesis, we are interested in using deformable surface models for 3D and 4D image segmentation. Our contribution is twofold. First, we have constrained the class of model deformation to improve the segmentation robustness to noise and outliers. We have used the simplex mesh representation to define local regularizing constraints. We have developed an evolutive deformation process combining a global transformation with few degrees of freedom and a local deformation field. It allows to control the amount of admissible deformation of a deformable model in a simple and efficient manner. We have also introduced an a priori knowledge on the data by using shape constrained deformations. This makes the 3D reconstruction process more robust especially in area where image data are noisy or lacking. In addition to studying the theoretical convergence of the deformation scheme, we have developed algorithms allowing automatic topological changes comparable to the level-set method.

Second, we have investigated different strategies for computing the external force for various 3D image types. We have studied different medical image geometries on which a deformable model can be deformed. For instance, we have defined region based and intensity-profile based external forces for monomodal segmentation and multimodal image registration. Finally, we have extended the framework of deformable modelling to include time serie of images (4D images) for the segmentation of 2D and 3D cardiac image sequences. The introduction of time continuity allows to introduce new constraints in the deformation process.

We illustrate our method results by segmenting heart images or image sequences acquired using different imaging modalities.

Keywords: *Deformable models, segmentation, medical images, modelling, 3D images, image sequences, shape.*