



**HAL**  
open science

# Rehaussement de vaisseaux sanguins appliqué aux images médicales 3D

Jonas Lamy

► **To cite this version:**

Jonas Lamy. Rehaussement de vaisseaux sanguins appliqué aux images médicales 3D. Imagerie médicale. Université Lyon 2 Lumière, 2023. Français. NNT : . tel-04059924v1

**HAL Id: tel-04059924**

**<https://hal.science/tel-04059924v1>**

Submitted on 2 May 2023 (v1), last revised 26 Jun 2023 (v2)

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License

# Rehaussement de vaisseaux sanguins appliqué aux images médicales 3D

---

Jonas Lamy

*20 Mars 2023*  
Version : V3



Université Lyon 2



**R·Vessel·X**  
ROBUST VASCULAR NETWORK EXTRACTION  
AND UNDERSTANDING WITHIN HEPATIC BIOMEDICAL IMAGES



École Doctorale Informatique et Mathématiques de Lyon (ED 512)

Informatique et traitement d'images

## **Rehaussement de vaisseaux sanguins appliqué aux images médicales 3D**

Jonas Lamy

*Composition du jury*

Erwan KERRIEN, *HDR, Chargé de Recherche INRIA Grand Est, Rapporteur*

Sylvie LE HÉGARAT, *Professeur des Universités, Université Paris-Saclay, Rapporteur*

Laurent NAJMAN, *Professeur des Universités, Université Gustave Eiffel, Examineur*

Antoine VACAVANT, *Professeur des Universités, Université Clermont Auvergne, Examineur*

Julien FINET, *Directeur-adjoint Kitware Inc., Membre invité*

Bertrand KERAUTRET, *Professeur des Universités, Université Lyon 2, Directeur de thèse*

Nicolas PASSAT, *Professeur des Universités, Université de Champagne-Ardenne, Directeur de thèse*

Odyssée MERVEILLE, *Maître de conférences, INSA Lyon, Co-encadrante de thèse*

20 Mars 2023

**Jonas Lamy**

*Rehaussement de vaisseaux sanguins appliqué aux images médicales 3D*

Informatique et traitement d'images, 28 avril 2023

Jury :

Erwan KERRIEN, *HDR, Chargé de Recherche INRIA Grand Est, Rapporteur*

Sylvie LE HÉGARAT, *Professeur des Universités, Université Paris-Saclay, Rapporteur*

Laurent NAJMAN, *Professeur des Universités, Université Gustave Eiffel, Examineur*

Antoine VACAVANT, *Professeur des Universités, Université Clermont Auvergne, Examineur*

Julien FINET, *Directeur-adjoint Kitware Inc., Membre invité*

Encadrants :

Bertrand KERAUTRET, *Professeur des Universités, Université Lyon 2, Directeur de thèse*

Nicolas PASSAT, *Professeur des Universités, Université de Champagne-Ardenne, Directeur de thèse*

Odyssée MERVEILLE, *Maître de conférences, INSA Lyon, Co-encadrante de thèse*

**Université Lyon 2**

LIRIS

LIRIS, Bât C, 5 avenue Pierre Mendès France, Bron

69000 Lyon

# Résumé

La segmentation des vaisseaux du foie dans les images médicales reste un problème ouvert encore aujourd'hui. Celle-ci est pourtant utile pour les médecins lors de la planification opératoire. Les difficultés de la segmentation des vaisseaux hépatiques sont multiples. Les vaisseaux constituent une faible part du volume total de l'organe. Ils présentent un faible contraste par rapport aux tissus environnants, une morphologie variable et une taille approchant la limite de résolution des images pour les vaisseaux les plus fins. Le contexte d'acquisition des images hépatiques rend la tâche d'autant plus difficile, car l'imagerie tomodensitométrique (TDM) et l'imagerie par résonance magnétique (IRM) ajoutent des difficultés supplémentaires par le biais d'artefacts (bruit, hétérogénéité de contraste, mouvements, etc.). Pour faciliter la segmentation, on peut utiliser des filtres de rehaussement de vaisseaux. Ces filtres permettent d'augmenter le contraste des vaisseaux en ne filtrant que les structures tubulaires. Un certain nombre de filtres ont été proposés dans la littérature, mais en pratique on observe un recours quasi systématique aux mêmes filtres et l'utilisation de paramètres par défaut. Nous avons donc voulu comprendre la validité de ces pratiques, comparer les performances de différents filtres et étudier leur pertinence dans le contexte de l'imagerie du foie. Dans ce contexte, nous proposons un banc de test reproductible et extensible qui permet d'évaluer des filtres de rehaussement dans un ensemble de zones d'intérêt définies par un utilisateur. Nous mettons ensuite ce banc de test en pratique en analysant sept filtres de rehaussement de vaisseaux à travers trois jeux de données (TDM, IRM et IRM synthétique). Une analyse exhaustive des performances de ces filtres est proposée à travers l'étude du rehaussement dans six zones d'intérêt couvrant : l'organe, le voisinage des vaisseaux par tailles et les bifurcations des vaisseaux. Nous discutons également de l'influence des paramètres des filtres et proposons une série de recommandations d'usage en fonction du contexte. L'ensemble du code nécessaire à nos travaux est disponible publiquement : les outils d'annotations, les bases de données, l'implémentation des filtres ainsi qu'une démonstration en ligne. Cette thèse regroupe donc un ensemble de connaissances et d'outils pour toute personne souhaitant travailler avec les filtres de rehaussement de vaisseaux.

# Abstract

Hepatic vessels segmentation in medical images is still an open problem. Yet, such segmentation is useful for practitioners in a couple of contexts including surgical planning. The difficulties of hepatic vessels segmentation are numerous. Compared to the volume of the liver, the vessels cover a sparser area. They exhibit a weaker contrast compared to neighbouring tissues, a variable morphology and for the smallest vessels, a size nearing the images resolution. The imaging context of computed tomography (CT) and magnetic resonance imaging (MRI) adds an extra layer of difficulties induced by specific artifacts (noise, contrast inhomogeneity, movement, etc.). To ease the segmentation process, one can use vesselness filters. These filters can improve the contrast of vessels by enhancing tubular structures. A number of these filters has been proposed in the literature, however the usage of the same filters with default parameters has been observed in the majority of cases. In this context, our objectives have been to understand this trend, to compare the performances of several filters and to study their effectiveness in the context of liver vessels imaging. We chose to build a reproducible and extensible benchmark able to evaluate the filters over areas of interest defined by the user. We then put this benchmark in practice by analysing seven vesselness filters over three datasets (CT scans, MRI, and synthetic MRI). An exhaustive analysis of the filters is performed over six areas of interest : the organ, the vessels neighbourhood by size and the bifurcations. We also discuss the effect of the parameters of the filters and give usage recommendations depending on the segmentation context. All the code needed for our experiments is publicly available : the annotations tools, datasets and ground truth as well as filters implementation and an online demonstrator. This PhD thus regroups a comprehensive set of knowledge and tools for anyone looking to use vesselness filters in their work.

# Remerciements

Je voudrais remercier en premier ma maman, Marie-Claire, ainsi que ma tante, Catherine, qui me soutiennent depuis toujours. Merci de croire en moi et de m'avoir toujours aidé à réaliser mes ambitions.

Merci à Juliette et Paul-Antoine pour m'avoir soutenu et aidé à me lancer dans cette aventure. Cette thèse a été pour moi une expérience très riche tout au long de ces quatre années et je n'aurais peut-être pas fait le pas sans vos encouragements.

Merci aux copains Lyonnais et anciens Lyonnais : Flo, Mathou, Plach, Vincent, Quentin, Romain, Sassou, Chloé ainsi que Laura et Sara pour toutes les soirées, sorties, raclettes, pique-niques, crémaillères, anniversaires, déménagements, etc. Merci surtout d'avoir fait de Lyon une seconde maison où je me suis toujours senti chez moi ! Merci aussi aux Slack et aux copains du JDR pour les nombreuses soirées jeux qui m'ont permis de décompresser, en particulier pendant le confinement.

Je voudrais aussi remercier l'ensemble des permanents et doctorants du laboratoire du LIRIS de Lyon 2. Merci pour les groupes de travail, les sorties d'équipe, les discussions informelles et tous les petits moments qui participent à créer cette ambiance chaleureuse et familiale du LIRIS à Lyon 2. Un merci spécial aux doctorants du bureau 114 et en particulier Rémi, Clément, Dev et Romain pour les brainstormings autour du tableau, les petits coups de pouce et les moments beaucoup moins sérieux.

Une petite pensée pour les "7 merveilles d'Odysée" de CREATIS pour les discussions sur la segmentation des vaisseaux, pour avoir supporté mes blagues et m'avoir écouté plus d'une fois râler. Dédicace spéciale à Sophie pour avoir vérifié mes résultats et pour tout le reste ;)

Merci aussi aux membres du projet ANR R-Vessel-X avec qui j'ai pu travailler et échanger tout au long de ces quatre dernières années. Nos discussions ont toujours été très enrichissantes sur le plan humain et scientifique.

Enfin, je voudrais dire un grand merci à mes encadrants de thèse Bertrand, Nicolas et Odysée. Merci d'avoir toujours été présents tout au long de ces quatre années et d'avoir chacun apporté un regard différent, mais toujours pertinent, sur mes travaux. Merci aussi pour avoir toujours été disponibles et à l'écoute. J'ai à chaque fois pu bénéficier d'un regard critique et bienveillant sur mes idées, même lorsque celles-ci étaient peu claires ou farfelues. J'espère que mon travail ainsi que ce manuscrit reflètent tout ce que j'ai pu assimiler et réaliser grâce à vous.

Merci aussi à la Direction du LIRIS pour m'avoir accordé un financement supplémentaire de fin de thèse.





# Table des matières

<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>1</b>
1.1	Contexte global . . . . .	1
1.2	Présentation du projet ANR . . . . .	2
1.3	Résumé de la thèse et apports . . . . .	3
<b>2</b>	<b>Contexte scientifique</b>	<b>7</b>
2.1	Contexte clinique . . . . .	7
2.2	Contexte d'imagerie . . . . .	9
2.2.1	Tomodensitométrie . . . . .	10
2.2.1.1	Encodage des intensités . . . . .	11
2.2.1.2	Artefacts des images tomodensitométriques . . . . .	11
2.2.2	Imagerie par résonance magnétique . . . . .	12
2.2.2.1	Artefacts des images IRM . . . . .	14
2.3	Données . . . . .	15
2.3.1	Ircad . . . . .	18
2.3.2	CHAOS . . . . .	19
2.3.3	Medical Decathlon . . . . .	21
2.3.4	Données synthétiques : VascuSynth . . . . .	22
2.3.5	Bullitt . . . . .	23
2.3.6	Bases de données relatives au projet R-Vessel-X . . . . .	24
2.4	Bilan . . . . .	25
<b>3</b>	<b>Place du rehaussement dans l'analyse d'images</b>	<b>27</b>
3.1	Problématiques de la visualisation . . . . .	27
3.1.1	Visualisation par projection . . . . .	28
3.1.2	Visualisation par isolement des organes . . . . .	30
3.2	Extraction de structures d'intérêt . . . . .	30
3.2.1	Amélioration du signal . . . . .	31
3.2.2	Segmentation . . . . .	31
3.2.2.1	Contours actifs . . . . .	31
3.2.2.2	Graph cut . . . . .	33
3.2.2.3	Ensemble flou . . . . .	33
3.2.2.4	Apprentissage profond . . . . .	34
3.2.3	Problématiques de la segmentation . . . . .	36
3.3	Modélisation des filtres de rehaussement . . . . .	38
3.3.1	Filtres basés descripteurs matriciels . . . . .	40
3.3.1.1	Espace d'échelles gaussien . . . . .	41



5.5	Discussion . . . . .	125
5.5.1	Recommandations sur l'usage des filtres . . . . .	125
5.5.1.1	Sato et Frangi . . . . .	127
5.5.2	Influence des paramètres . . . . .	129
5.5.2.1	Influence des paramètres d'échelles . . . . .	129
5.5.2.2	Influence des paramètres intrinsèques . . . . .	130
5.5.2.3	Jerman et Zhang . . . . .	132
5.5.2.4	Sato . . . . .	133
5.5.3	Temps de calcul des filtres . . . . .	135
5.6	Bilan . . . . .	135
<b>6</b>	<b>Diffusion et reproduction des travaux</b>	<b>137</b>
6.1	Reproduction . . . . .	137
6.1.1	Définitions . . . . .	137
6.1.2	Reproductibilité du banc de test . . . . .	138
6.1.3	Stabilité des calculs . . . . .	139
6.1.4	Temps . . . . .	140
6.2	Diffusion . . . . .	141
6.2.1	Communication scientifique . . . . .	141
6.2.2	Démonstration en ligne . . . . .	141
6.2.3	Intégration aux outils Kitware . . . . .	142
6.2.4	Plug-in d'annotation . . . . .	143
<b>7</b>	<b>Perspectives et bilan</b>	<b>145</b>
7.1	Amélioration des filtres . . . . .	145
7.2	Couplage avec la segmentation à base de deep learning . . . . .	146
7.3	Application connexe . . . . .	147
7.3.1	Segmentation avec annotations réduites . . . . .	148
7.3.1.1	Pistes de détection des bifurcations . . . . .	149
7.4	Bilan des travaux . . . . .	156
<b>8</b>	<b>Annexes</b>	<b>159</b>
8.1	Preuve de l'élongation maximale du noyau du filtre de Meijering dans le cas 3D	159
	<b>Bibliographie</b>	<b>161</b>



# Introduction

Cette thèse s'inscrit dans le cadre du traitement d'images médicales 3D. Elle traite d'analyse d'images dans lesquelles les propriétés des structures d'intérêt découlent directement ou indirectement de considérations anatomiques. Dans cette thèse, les structures d'intérêt proviennent d'acquisition de vaisseaux sanguins.

Lors de la segmentation des vaisseaux, il est courant d'utiliser comme étape préliminaire des filtres de rehaussement angiographique. Ils permettent de faciliter la segmentation en faisant ressortir les vaisseaux présents dans les images. Toutefois, le gain de performance obtenu par ces filtres par rapport à la segmentation globale est rarement évalué. Dans cette thèse, nous proposons donc d'analyser le comportement de tels filtres à travers l'intégration d'outils de mesures puis d'évaluer les performances de ces filtres dans un cadre reproductible.

Dans cette introduction, nous décrivons le contexte global de la thèse ainsi que ses principaux apports.

## 1.1 Contexte global

Le foie participe à de nombreuses fonctions vitales telles que la digestion, l'élimination des déchets ou la gestion de la glycémie. Les maladies liées au foie sont responsables de deux millions de morts par an [Asr+19]. On estime à un million le nombre de morts par complications dues à la cirrhose, une maladie liée à l'apparition de tissus fibreux dans le foie. Un second million de décès est lié à une inflammation aiguë ou chronique du foie, l'hépatite, ainsi qu'au cancer du foie (carcinome). La consommation régulière d'alcool est une des causes principales de la cirrhose et de l'hépatite chronique. La cirrhose et le cancer du foie sont les 11<sup>ème</sup> et 16<sup>ème</sup> causes de mortalité à travers le monde.

Dans ce contexte, le diagnostic et le suivi des maladies du foie sont des objectifs cruciaux pour les médecins. Les techniques d'imagerie non invasives ont considérablement révolutionné ces deux tâches en permettant d'observer l'anatomie interne des patients sans avoir recours à la chirurgie. Pour le foie, deux types d'imagerie sont particulièrement utilisés, la tomodensitométrie (TDM) et l'imagerie par résonance magnétique (IRM).

La tomodensitométrie, inventée par Hounsfield en 1972 permet de mesurer l'absorption de rayons X par les tissus du patient. Cette acquisition se fait par coupes successives et permet de reconstruire de manière numérique une représentation 3D des organes. L'IRM repose sur un autre principe physique qui utilise le champ magnétique. La première machine IRM permettant l'acquisition d'un corps humain a été développée en 1977 par Damadian. Lors

d'une IRM, on mesure le temps de précession des tissus, c'est-à-dire le temps de changement de leur orientation magnétique après une exposition brève et intense à un champ magnétique. Cette acquisition, elle aussi réalisée par coupes successives, permet d'obtenir un volume 3D des organes. Le fonctionnement détaillé de la TDM et de l'IRM est explicité dans ce manuscrit en section 2.2.

L'observation des vaisseaux sanguins pour ces deux modalités présente des difficultés supplémentaires, car l'intensité des vaisseaux peut se fondre dans les tissus environnants, rendant impossible tout diagnostic. Pour résoudre ce problème, on utilise des agents de contraste. Pour la tomodensitométrie, on utilise des agents à base d'iode qui absorbent en quantité importante les rayons X. Des agents à base de gadolinium sensibles au magnétisme sont utilisés pour l'IRM. L'agent de contraste est injecté par voie intraveineuse lors de l'acquisition des images. Dans le foie, un nombre important d'échanges sanguins ont lieu. Le radiologue doit donc estimer correctement le temps de propagation du produit de contraste. Si l'image est acquise trop tôt, l'agent de contraste n'a pas le temps de se répandre dans le réseau vasculaire. Si l'image est acquise trop tard, l'agent de contraste se répand dans la totalité de l'organe le rendant opaque ; toute visualisation des vaisseaux devient alors impossible. On réalise en général plusieurs acquisitions (avant, pendant et après injection) de manière à fournir un maximum d'informations au radiologue.

Les deux techniques d'imagerie sont complémentaires. La tomodensitométrie offre une grande résolution spatiale et permet de visualiser plus finement les détails, mais elle souffre d'un contraste entre les tissus plus faible. Au contraire, l'IRM possède une plus grande résolution de contraste, mais avec une résolution spatiale plus limitée que la TDM. C'est le médecin radiologue qui a la charge de choisir la méthode la plus appropriée. Pour les vaisseaux du foie, les deux systèmes sont utilisés. On peut toutefois noter qu'en pratique, les médecins essaient d'exposer le moins possible un patient à un examen à risque tel que le rayonnement ionisant émis par la tomodensitométrie. Il y a donc une utilisation croissante de la tomodensitométrie à faible dose de rayons X et de l'IRM, moins agressive par rapport à la tomodensitométrie. Ces images sont cependant plus difficiles à exploiter et l'extraction automatique des vaisseaux pour visualiser les réseaux vasculaires nécessite des algorithmes de plus en plus performants.

## 1.2 Présentation du projet ANR

Cette thèse fait partie du projet R-Vessel-X<sup>1</sup> lancé en janvier 2019 et porté par Antoine Vacavant. R-Vessel-X a pour objectif l'extraction de vaisseaux sanguins du foie dans les images biomédicales dans le but d'assister les médecins pour la planification opératoire. Un point clé du projet est de proposer des algorithmes robustes dont la conception s'appuie sur les points suivants :

---

1. <http://tgi.ip.uca.fr/r-vessel-x/> le 16/03/2023

- la capacité des modèles utilisés à prendre en compte les changements de tailles, de formes et d'intensités pour représenter et extraire les vaisseaux ;
- la fidélité des segmentations par rapport aux données originales et la possibilité de corriger celles-ci par les médecins ;
- la validation des solutions développées grâce à des mesures effectuées sur des données synthétiques, cliniques et un retour de médecins ;
- la dissémination des algorithmes et des données du projet afin d'assurer une pérennité de ces travaux et une réutilisation par la communauté.

Le projet R-Vessel-X rassemble des acteurs de la recherche publique ainsi qu'un partenaire industriel. Quatre laboratoires de traitement d'images ont apporté des compétences qui leur sont propres. Le LIRIS de l'Université de Lyon et le LORIA de l'Université de Lorraine apportent leur expertise sur l'analyse d'images par géométrie discrète et contribuent à développer la recherche reproductible. Le CReSTIC de l'Université de Reims Champagne-Ardennes est spécialisé dans l'analyse d'images médicales, la simulation et la visualisation 3D. Enfin, l'Institut Pascal de Clermont-Auvergne apporte son expertise sur l'analyse et la segmentation des vaisseaux sanguins du foie.

Tout au long de cette thèse, nous avons pu collaborer avec ces différentes structures en partageant des données et des vérités terrains. Nous avons aussi partagé des jeux de données dont les vaisseaux ont été rehaussés afin qu'ils soient incorporés dans des algorithmes de segmentation.

Afin de juger de la qualité des algorithmes de segmentation, et en particulier leur adéquation avec une utilité clinique, deux radiologues du CHU de Clermont-Ferrand ont rejoint le projet. Ils ont aussi eu la charge de collecter des données nécessaires au projet.

Enfin l'entreprise Kitware Inc. spécialisée dans le développement d'outils pour l'imagerie médicale a fourni un appui technique au projet. Nous nous sommes en effet reposés sur leurs outils de compilation (CMAKE) et leur librairie de traitement d'images médicales (ITK) pour concevoir nos algorithmes. De plus, Kitware a proposé l'aide de deux de ses ingénieurs afin d'intégrer les algorithmes du projet à ses logiciels existants.

Nous avons ainsi pu participer, en collaboration avec les radiologues, à l'élaboration d'un plug-in d'annotation et d'extraction des vaisseaux au logiciel de visualisation 3DSlicer qui intègre nos travaux sur le rehaussement de vaisseaux. Cet outil open source permet d'assurer une visibilité et surtout une utilisation internationale des algorithmes du projet.

## 1.3 Résumé de la thèse et apports

Cette thèse est dirigée par Bertrand Kerautret, professeur au LIRIS, et Nicolas Passat, professeur au CReSTIC. Elle est co-encadrée par Odyssee Merveille, maître de conférences au laboratoire CREATIS.



L'objectif initial de cette thèse était la segmentation des vaisseaux du foie dans des images 3D. La segmentation des vaisseaux sanguins dans cet organe reste un problème ouvert. En effet, les vaisseaux hépatiques sont des structures dont le nombre de voxels est faible par rapport à l'ensemble de l'image. De plus, ils sont difficilement détectables par leur structure fine, dont la taille peut approcher les limites de la résolution des images, et par leur apparence bruitée et faiblement contrastées.

Au demeurant, la littérature qui concerne la segmentation des vaisseaux hépatiques est plus réduite que pour d'autres organes (cerveau, cœur, fond d'œil 2D, etc.), en particulier pour la segmentation 3D et la segmentation IRM. La même observation est valable pour les jeux de données proposant une vérité terrain des vaisseaux hépatiques.

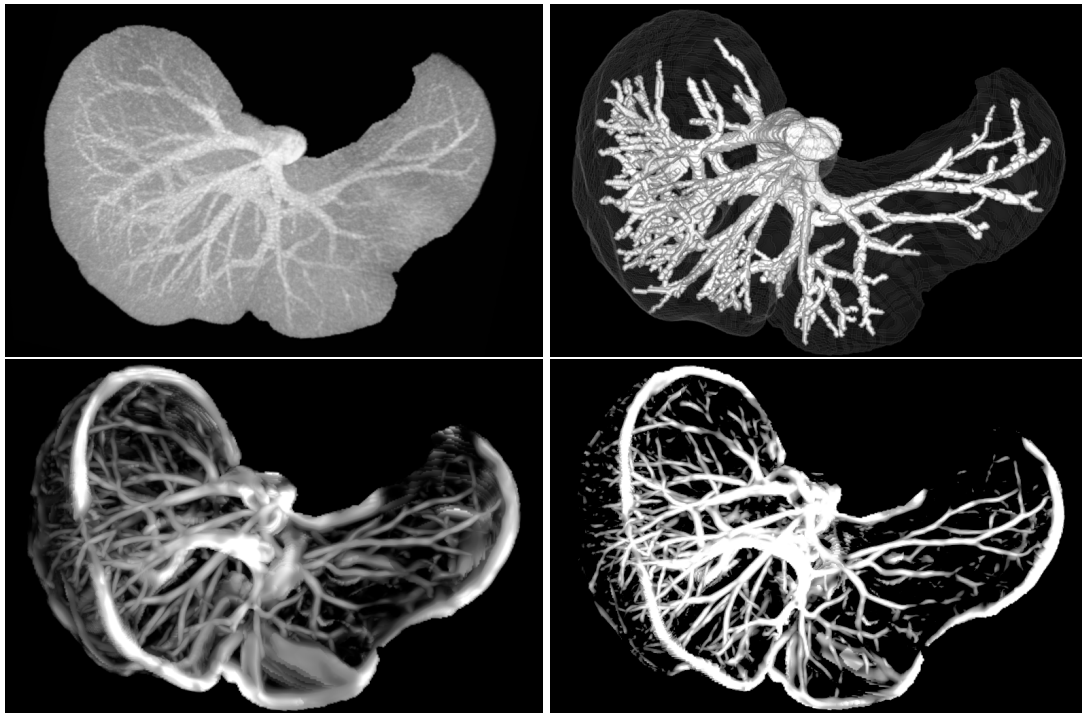
Un premier objectif a donc été d'identifier des briques algorithmiques de méthodes de segmentation capables d'exploiter la géométrie 3D des vaisseaux. Les briques choisies devaient être robustes aux artefacts caractéristiques de l'imagerie du foie et ne pas demander un besoin excessif en annotations (i.e. méthodes d'apprentissage). La famille des filtres de rehaussement de vaisseaux semblait remplir ces conditions.

Ces filtres ne sont pas des méthodes de segmentation, mais bien des méthodes de filtrage qui interviennent en amont de celle-ci. Ils permettent notamment de faire ressortir les structures tubulaires, et donc les vaisseaux, dans des contextes diversifiés (Fig. 1.1). La littérature concernant ces filtres est variée avec une dizaine de filtres apportant des solutions à différentes problématiques du filtrage des vaisseaux sanguins. Pourtant, une analyse plus fine de la littérature montre qu'en pratique, la plupart des chaînes de segmentation utilisent l'un des premiers filtres proposés : le filtre de Frangi [Fra+98]. De plus, dans la plupart des articles, ce filtre est utilisé avec les paramètres par défaut suggérés par Frangi en 1998, sans étudier si cette paramétrisation est adéquate pour la tâche concernée.

On peut donc légitimement se poser plusieurs questions. Le filtre de Frangi est-il le filtre le mieux adapté pour toutes les tâches de rehaussement de vaisseaux ? Est-ce qu'un filtre est plus adapté à une modalité particulière ? Les filtres plus récents proposent-ils un rehaussement de meilleure qualité ? Quel est l'impact réel de la paramétrisation des filtres sur le rehaussement final ? Comment se comportent ces filtres pour l'imagerie du foie ?

Malheureusement, les bancs de test qui étudient seulement la qualité du rehaussement de vaisseaux, sans étapes additionnelles de segmentation, sont peu nombreux et non extensibles. Leurs travaux ne peuvent donc pas être repris, soit parce que le code original n'est pas disponible, soit parce que les données ne sont pas publiques ou les deux en même temps. En adéquation avec la philosophie du projet R-Vessel-X nous avons proposé les contributions suivantes :

- la collecte, l'implémentation et la mise à jour en C++ d'une sélection de filtres de rehaussement parmi les méthodes développées ces vingt dernières années. Chacun de ces filtres illustre une réponse à une problématique distincte du rehaussement de vaisseau ;



**Figure 1.1:** Image du foie en TDM et deux exemples de rehaussement. De gauche à droite et de haut en bas : image originale, vérité terrain, filtre de Frangi et filtre de Jerman.

- un outil de comparaison de méthodes de rehaussement modulable permettant de comparer le rehaussement dans des zones spécifiques définies par l'utilisateur ;
- une analyse quantitative poussée de ces filtres en fonction de la hiérarchie des vaisseaux définie par leurs tailles ainsi que de zones spécifiques comme les bifurcations ;
- une analyse qualitative liant le choix des paramètres des méthodes à la réponse théorique des filtres et leur impact sur le rehaussement ;
- une démonstration en ligne permettant de tester les filtres et leurs paramètres sans installation préalable et sur ses propres données ;
- un outil d'annotation spécialisé pour la segmentation des vaisseaux du foie, ainsi qu'une série de bases de données publiques retravaillées pour répondre au manque de données annotées.

Ce travail a été réalisé dans un esprit de partage pour la communauté. C'est pourquoi une attention particulière a été apportée pour que ces travaux puissent être réutilisés et étendus par d'autres chercheurs, afin que ceux-ci n'aient pas à commencer leurs expériences à partir de zéro.

Ce manuscrit est organisé en sept chapitres :

- Le chapitre [2](#) présente le contexte clinique et scientifique de cette thèse. Celui-ci détaille l'anatomie du foie et présente les deux méthodes principales pour acquérir des images de manière non invasive ainsi que les différents artefacts liés à cette acquisition. Enfin, il introduit les bases de données publiques et leur intérêt dans le contexte de cette thèse.

- Le chapitre [3](#) introduit le rehaussement de vaisseaux. Il commence par résumer les contraintes pratiques liées à la visualisation des données médicales, et notamment le rôle de la segmentation dans la visualisation 3D. Il présente ensuite les méthodes principales de segmentation afin de comprendre de l'utilité du rehaussement. Il explique enfin les concepts sur lesquels repose le rehaussement de vaisseaux : les espaces multi-échelles et les caractéristiques de tubularité. Les espaces multi-échelles permettent de capturer les structures de l'image de différentes tailles tandis que la caractérisation de la tubularité permet de ne sélectionner que les vaisseaux.
- Dans le chapitre [4](#), nous introduisons les bases de la construction d'un banc de test afin d'évaluer les filtres de rehaussement. Ce chapitre décrit également les traitements des jeux de données nécessaires à l'évaluation des filtres et les choix qui ont guidé les principes de fonctionnement de cet outil.
- Le chapitre [5](#) propose une mise en application de ce banc de test en analysant les performances de sept filtres de rehaussements à travers cinq jeux de données différents (TDM, IRM et trois jeux d'IRM synthétique). Cette analyse étudie à la fois les performances des filtres les uns par rapport aux autres et l'influence de leur paramétrisation sur le résultat final de manière quantitative et qualitative. L'évaluation est menée sur le rehaussement au niveau de l'organe, du voisinage des vaisseaux de différentes tailles et de leurs bifurcations.
- Nous discutons ensuite dans le chapitre [6](#) de la reproductibilité de nos travaux ainsi que du travail mené pour promouvoir leur diffusion. Cette diffusion passe par la valorisation de nos travaux par des publications en journaux et en conférences, mais aussi par le développement de démonstrateurs et de plug-ins pour un logiciel de visualisation 3D.
- Enfin, le chapitre [7](#) propose des perspectives liées au rehaussement ainsi qu'un bilan de nos travaux. Nous montrons en particulier l'intérêt du rehaussement pour les méthodes de segmentation populaires de nos jours, ainsi qu'une ouverture sur la segmentation des vaisseaux à partir de la seule annotation des bifurcations.

## Contexte scientifique

Le fil conducteur de cette thèse est délimité par deux contextes : tout d'abord un contexte clinique correspondant aux besoins des médecins en termes de segmentation des vaisseaux du foie ; ensuite un contexte technique dont les problématiques sont dictées par les méthodes d'acquisition d'images et la quantité de données exploitables. Dans ce chapitre, nous décrivons le foie et ses particularités anatomiques. Nous présentons ensuite les modalités d'imagerie courantes pour cet organe : l'imagerie par résonance magnétique et la tomographie par rayons X. Nous présentons ensuite les avantages et les contraintes liés à ces modalités avant de présenter un tour d'horizon des principales bases de données publiques disponibles.

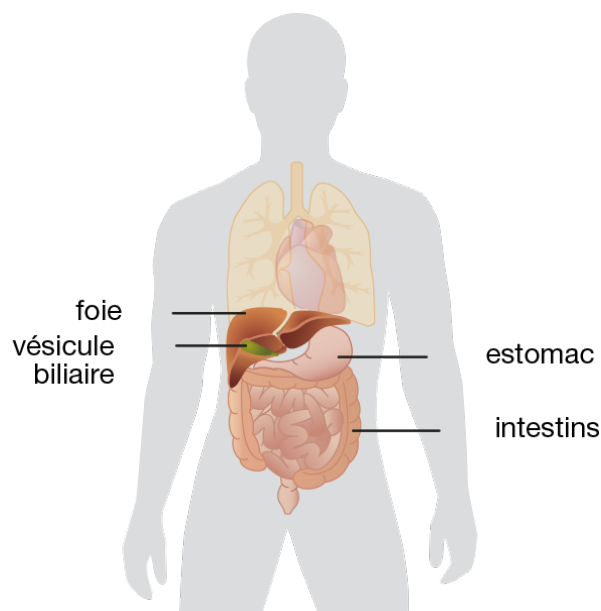
### 2.1 Contexte clinique

Le foie est un organe vital pour le fonctionnement du corps humain. Il est impliqué dans de nombreux systèmes vitaux : contrôle de la glycémie, élimination des toxines du sang, participation à la digestion et au système immunitaire. Le suivi des dysfonctionnements de cet organe est donc crucial pour les médecins. Le foie est situé au niveau de l'abdomen, au-dessous des poumons. Il est adjacent à l'estomac et au cœur (Fig. 2.1).

Dans un système vasculaire classique, le sang oxygéné est distribué dans l'organe par les artères. Il passe ensuite à travers un réseau de capillaires, de très fins vaisseaux, au niveau desquels s'effectuent les échanges entre les cellules de l'organe et le sang. Le sang appauvri en oxygène est ensuite renvoyé vers le cœur par le système veineux. Au niveau du foie, ce circuit d'oxygénation est formé par les vaisseaux issus de l'artère hépatique et les veines hépatiques, elles-mêmes connectées à la veine cave inférieure. La particularité du foie est qu'il est alimenté par un second système veineux qui connecte le foie à trois organes : l'estomac, le pancréas et la rate. C'est par la veine porte que ce système veineux alimente le foie en nutriments.

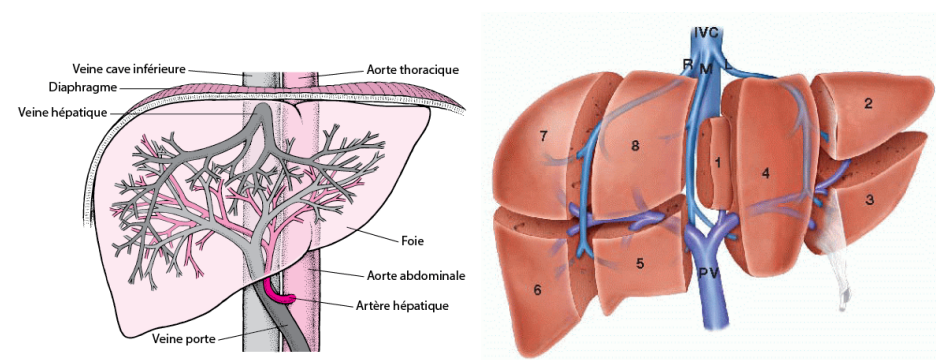
La veine cave est connectée au foie par sa partie supérieure alors que la veine porte entre dans le foie par son centre via le tronc porte (Fig. 2.2). Le tronc porte se divise une première fois à l'entrée du foie pour former les veines porte droite et gauche. Ces deux branches se subdivisent ensuite à plusieurs reprises afin d'alimenter l'ensemble des tissus du foie.

Un intérêt particulier est porté à la veine porte puisque ses ramifications forment six régions du foie indépendamment approvisionnées les unes des autres. Cette cartographie, illustrée en figure 2.2 est largement adoptée par les médecins sous le nom de segmentation de Couinaud.



**Figure 2.1:** Positionnement du foie chez l'homme. Il se situe sous les poumons. Il est proche du cœur et adjacent à l'estomac. <sup>1</sup>

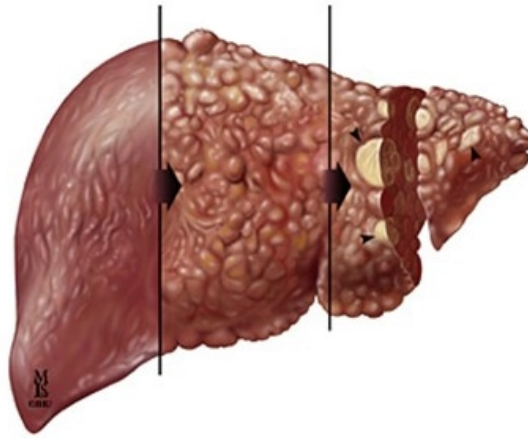
Cette segmentation est notamment utilisée lors de la planification d'opérations d'extraction de tumeurs pour définir les limites des zones à extraire.



**Figure 2.2:** À gauche, le système vasculaire du foie et ses principaux réseaux vasculaires : veine hépatique, veine porte, artère hépatique. À droite, la segmentation de Couinaud dont chaque segment est alimenté par une branche de la veine porte. <sup>2</sup>

La hiérarchie des embranchements des systèmes veineux et artériel est relativement stable dans la population, mais des variations entre les individus peuvent survenir. Une étude, réalisée par Fang et al. [Fan+12] effectuée sur 200 patients, montre que le schéma "classique" ne représente que 61 % des cas. Les 39 % restants se divisent en divers cas particuliers. Le réseau lymphatique est aussi présent au niveau du foie, mais son faible diamètre par rapport à la résolution TDM et IRM rend ce système invisible sur la plupart des imageries hépatiques.

1. Source : <https://www.chuv.ch/fr/transplantation/cto-home/patients-et-familles/foie>  
 2. Système veineux : <https://www.merckmanuals.com/fr-ca/accueil/troubles-du-foie-et-de-la-v%C3%A9sicule-biliaire/maladies-vasculaires-du-foie/pr%C3%A9sentation-des-maladies-vasculaires-du-foie>  
 2. Schéma de Couinaud : <https://basicmedicalkey.com/surgical-anatomy-of-the-liver/>



**Figure 2.3:** Différents stades de maladie du foie. L'hépatite chronique (gauche) peut évoluer en cirrhose (centre) et se transformer en cancer du foie (droite)<sup>3</sup>.

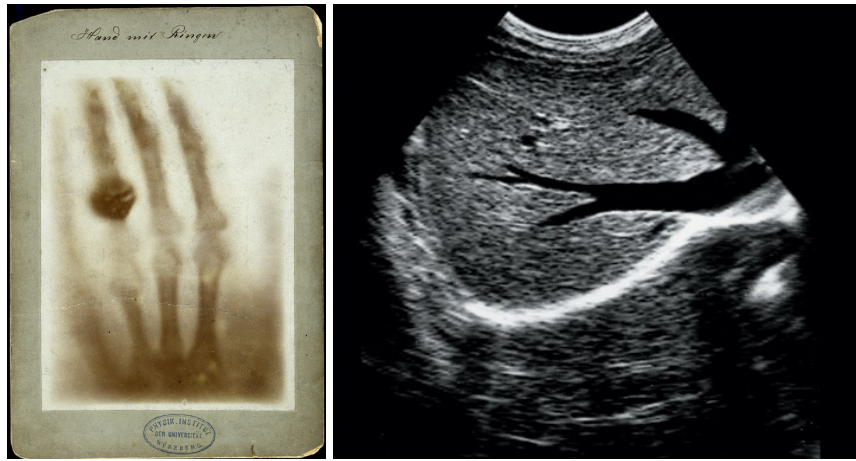
Outre les systèmes vasculaires et lymphatiques, le foie est entièrement composé de petits groupes de cellules nommées hépatocytes qui lui donnent un aspect homogène lorsqu'il est sain. Lorsqu'il est atteint de cirrhose, l'aspect du foie change et devient fibreux. Si la cirrhose évolue en cancer du foie (hépatocarcinome), des tumeurs visibles sous la forme de zones de densités différentes sont observables à l'imagerie. Selon la sévérité de la maladie, le foie peut changer drastiquement d'aspect (Fig. 2.3) et se contracter, écrasant ainsi les systèmes vasculaires. Une partie des vaisseaux peut donc changer d'aspect ou disparaître des images acquises.

La plupart des images de foie sont des images de foies malades dans la mesure où les actes médicaux ne sont pas réalisés sans suspicion de maladie.

## 2.2 Contexte d'imagerie

Les avancées technologiques dans l'imagerie médicale sont motivées par le besoin de connaître le corps du patient tout en limitant les opérations intrusives. Des techniques permettant d'obtenir une image d'une partie interne du corps ou d'un organe ont donc vu le jour. On peut par exemple citer l'imagerie par ultrasons qui permet d'obtenir une image en envoyant des ondes sonores à travers un médium. Le calcul du temps de propagation permet ensuite de générer une image en fonction de la densité des tissus traversés. On peut aussi citer la plaque radiographique, qui permet de créer une image en deux dimensions en exposant une plaque sensible aux rayonnements à une source de photons. En plaçant le corps entre la plaque et la source, les tissus absorbent une partie du rayonnement avant d'atteindre la plaque, permettant de voir à travers les tissus de faible densité. Des exemples de ces deux techniques sont illustrés en figure 2.4.

3. Source : <https://www.addictaide.fr/alcool-la-cirrhose-du-foie-est-elle-une-maladie-microbienne/>



**Figure 2.4:** Exemples d'acquisitions 2D. À gauche, la première image obtenue par rayons X (Roentgen, 1895). À droite, image par ultrason du foie<sup>4</sup>. La veine porte est visible en noir.

Ces méthodes, à l'origine limitées à la 2D, ne permettaient pas d'avoir un rendu des organes en trois dimensions. Deux techniques, communément employées aujourd'hui ont donc été développées pour acquérir des images volumiques 3D sous la forme de coupes successives 2D. Le choix du modèle de la machine d'acquisition définit le nombre de coupes acquises en simultanées et dépend du budget et du flux de patient de l'hôpital. Ce traitement en coupe se retrouve aussi dans certains formats de stockage des images 3D tel que le DICOM, qui stocke les volumes sous la forme d'une série d'images 2D.

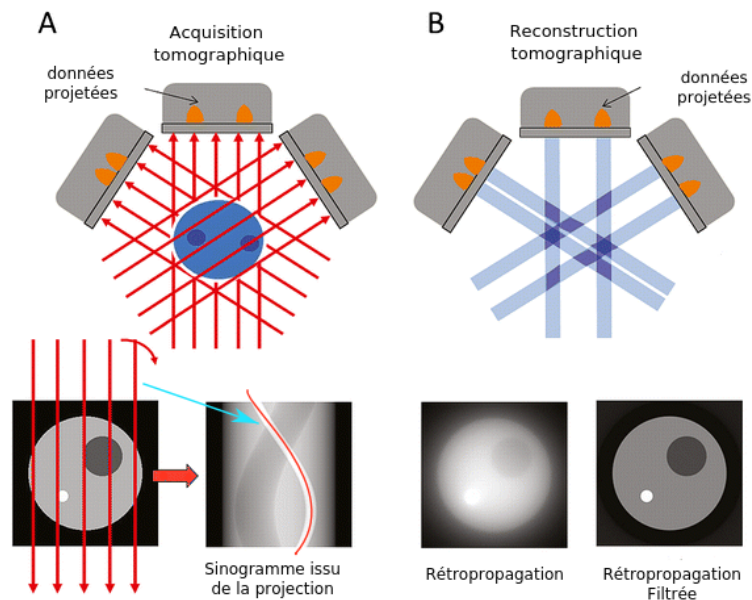
### 2.2.1 Tomodensitométrie

La tomodensitométrie (TDM) est un système reposant sur l'émission de rayons X développée en 1979 par Hounsfield et al. [Hou95].

Le patient est allongé sur une table autour de laquelle est positionné un anneau. La table sur laquelle repose le patient est déplacée dans l'axe des pieds à la tête (axe longitudinal). L'anneau de la machine tomodensitométrique contient un tube émetteur de rayons X ainsi que plusieurs rangées de détecteurs sur la partie opposée de l'anneau. L'anneau tourne autour du patient afin d'acquérir le plan XY, ou plan axial. Pour les acquisitions avec une table immobile, on parle de mode axial ou séquentiel. Lorsque la table est en mouvement pendant l'acquisition, on parle de mode spiralé ou hélicoïdal. Cette technologie est irradiante, car une image est obtenue grâce à l'absorption du rayonnement par les organes qui atténuent de fait le signal reçu par les capteurs. Une exposition à un rayonnement important peut être à l'origine de cancer, c'est pourquoi les doses auxquelles sont exposés les patients sont très contrôlées par les radiologues.

Les images produites par un système de TDM sont des sinogrammes, un type d'images qui contient la projection du profil détecté pour un certain angle du capteur. Chaque ligne du

4. Source : <https://www.rcemlearning.co.uk/reference/ultrasound-in-emergency-medicine-level-1-instruction/#1571742949461-1d2bb2b5-ad61>



**Figure 2.5:** Acquisition par projection et reconstruction du signal. En théorie l'image initiale est reconstruite grâce à un nombre infini de projections. En pratique, la reconstruction est finie, et donc incomplète, ce qui peut provoquer des artefacts de flou.

sinogramme représente ainsi la projection pour un angle donné. On peut ensuite reconstituer une image 2D grâce à la transformée de Radon (plus précisément son inverse), qui permet de reconstituer un point dans l'espace à partir de la totalité de ses projections. L'ensemble du processus est illustré en Fig. 2.5.

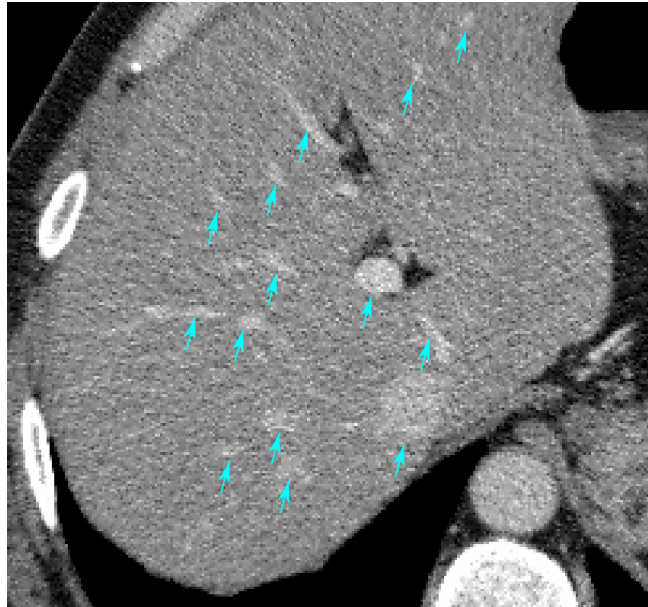
### 2.2.1.1 Encodage des intensités

Les intensités des images tomographiques sont encodées dans une unité particulière, l'unité Hounsfield (HU). Cette unité mesure le coefficient d'atténuation du rayonnement. Elle fixe à 0 l'atténuation de l'eau distillée et à -1000 l'atténuation de l'air. La limite haute dépend du nombre de bits utilisés pour l'encodage des pixels de l'image (~ 3070 HU pour l'acier en 12 bits vs. ~ 13590 HU en 16 bits) [Gli+13]. La gamme élevée de niveaux de gris des images TDM n'est pas détectable dans son ensemble par l'oeil humain et nécessite l'utilisation de fenêtres d'intensités ajustables dynamiquement.

### 2.2.1.2 Artefacts des images tomographiques

Les artefacts liés à la tomographie sont multiples. Premièrement, la qualité de l'image dépend du nombre de projections disponibles. Les structures peuvent être floues du fait de la reconstruction. En effet, en théorie, une image nette est obtenue par la reconstruction d'un nombre infini de projections. En pratique le nombre de projections est défini et choisi comme un compromis entre rapidité d'acquisition et qualité de l'image. Le flou peut avoir d'autres causes telles que les mouvements du patient, la distance à la source, ou être causé par l'absorption des tissus.





**Figure 2.6:** Coupe d'une tomographie du foie. Les structures claires aux bords flous correspondent aux vaisseaux hépatiques (flèches).

Deuxièmement, les images tomодensitométriques présentent toutes un profil bruité (Fig. 2.7). Ce bruit provient de la source de photons qui les émet de manière aléatoire. En théorie ce phénomène suit une loi de probabilité de Poisson. Cependant, le bruit affectant les images à la fin du processus est un bruit additif blanc gaussien [LS92]. Ce bruit est défini par la densité de probabilité suivante :

$$G(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{(x - \mu)^2}{2\sigma^2}\right) \quad (2.1)$$

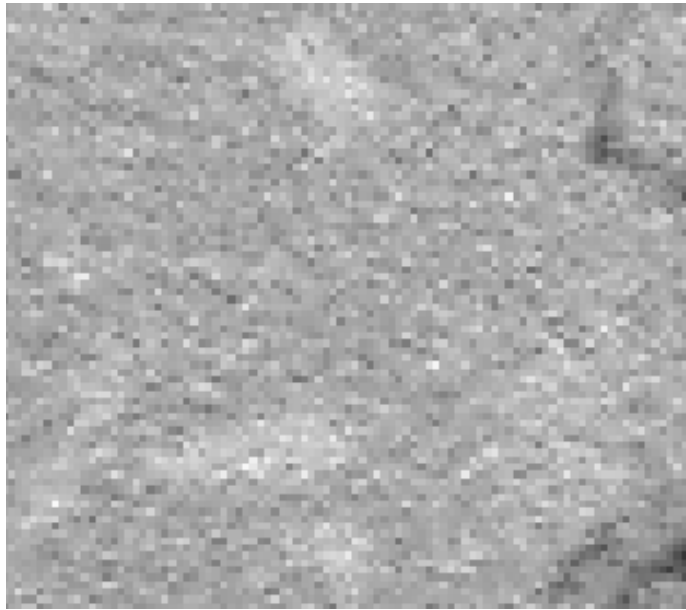
Cette densité est paramétrée par la moyenne du bruit  $\mu$  et son écart-type  $\sigma$  qui correspond à la dispersion des valeurs d'intensité du bruit autour de sa moyenne.

Enfin, ce type d'imagerie est sensible à une troisième catégorie d'artefacts liés aux objets métalliques tels que les broches. Ces objets provoquent des phénomènes de saturation sous formes de rayons concentriques observables en Fig. 2.8.

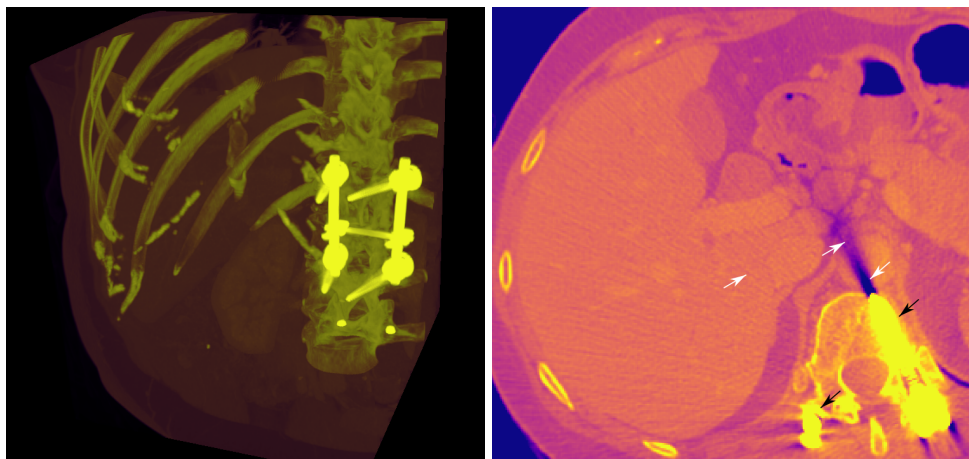
## 2.2.2 Imagerie par résonance magnétique

Les premières images du corps humain obtenues par résonance magnétique (IRM) ont été réalisées par Damadian et al. en 1977 [DGM77]. Les machines utilisées pour l'imagerie par résonance magnétique sont similaires en apparence à la tomодensitométrie. Le patient est aussi allongé sur une table et est positionné à l'intérieur d'un anneau. Ici, l'anneau contient des aimants qui produisent des champs magnétiques.

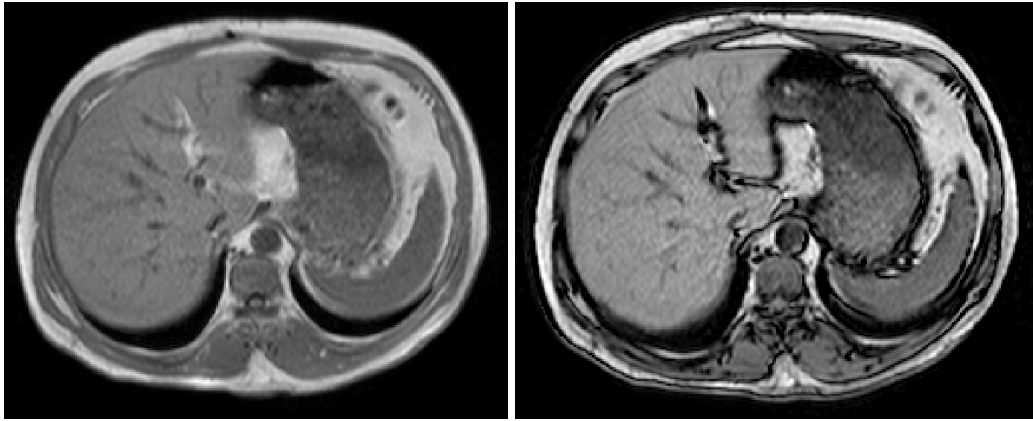
L'IRM repose sur la mesure du retour à l'équilibre du moment magnétique de particules chargées. Lorsque certains atomes sont soumis à un champ magnétique, ceux-ci s'orientent dans la direction du champ magnétique. Dans un système IRM, un champ magnétique constant



**Figure 2.7:** Visualisation du bruit gaussien sur une image du foie. Celui-ci produit une texture sablonneuse.



**Figure 2.8:** Les broches métalliques, visibles dans la vue 3D (à gauche), provoquent des artefacts de saturation (flèches noires) et de rayonnement (flèches blanches) visibles sur les vues en coupe (à droite).



**Figure 2.9:** Volumes de la base CHAOS en phase T1-in (gauche) et T1-out (droite). La différence du temps d'écho entre l'émission et la réception du signal produit des contrastes différents.

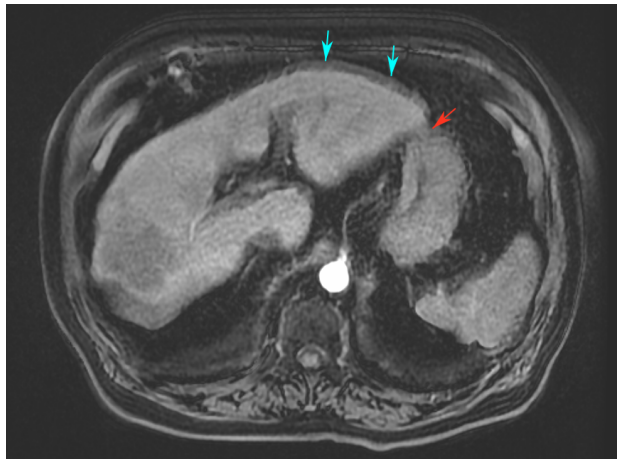
permet d'aligner les atomes d'hydrogène constitutifs des tissus dans une certaine direction appelée axe longitudinal. Ces particules sont en précession, c'est-à-dire qu'elles tournent sur elles-mêmes autour de l'axe longitudinal comme une toupie qui se stabilise le long de son axe de rotation. Lors de l'acquisition, un deuxième champ magnétique orthogonal au premier champ magnétique provoque une résonance avec les atomes d'hydrogène qui sont contraints d'augmenter leur angle de précession. Ce champ magnétique est ensuite arrêté, ce qui provoque un retour à la normale de la précession des atomes d'hydrogène. C'est le temps que prend la précession pour se réaligner avec l'axe longitudinal, appelé temps de relaxation, qui est à la base de différentes mesures physiques permettant de produire différentes séquences d'images en IRM (Fig. 2.9).

Le temps de relaxation est dépendant de l'agitation moléculaire. Si l'agitation est très faible comme dans les tissus durs (os), ou très forte comme dans les liquides, la relaxation est lente. Au contraire, une agitation modérée caractéristique des tissus mous produit une relaxation rapide.

### 2.2.2.1 Artefacts des images IRM

Les images IRM sont affectées par de nombreux artefacts. Nous présentons ici les trois principaux.

Le protocole d'acquisition pour les patients peut être source d'artefacts. Un examen IRM dure environ 20 à 30 minutes. Il est demandé au patient de rester immobile durant l'acquisition et des acquisitions incluant des périodes d'apnée peuvent être nécessaires pour l'imagerie abdominale, dont l'imagerie du foie. Pour certains patients, cet exercice peut être difficile voire douloureux à réaliser. Il est donc courant d'observer des artefacts liés au mouvement de la respiration dans les images IRM (Fig. 2.10). Ceux-ci sont visibles de deux manières : la présence d'un organe fantôme légèrement décalé par rapport à l'organe lui-même, ou la fusion des tissus d'organes adjacents. Deux organes peuvent aussi se superposer et une fusion des tissus peut être visible sur les images.



**Figure 2.10:** Artefacts de mouvement visibles sur les bords du foie (flèches bleues). Ceux-ci forment une seconde bordure d'intensité moindre autour du foie. Les mouvements peuvent aussi faire fusionner des organes adjacents (flèches rouges).

Du bruit est aussi présent dans les images IRM. Ce bruit est particulier puisqu'il s'agit d'un bruit ricien [GP95]. Ce bruit n'est pas additif comme le bruit gaussien, mais est dépendant du signal. Il s'exprime par la densité de probabilité suivante :

$$f(x|v, \sigma) = \frac{x}{\sigma^2} \exp\left(-\frac{(x^2 + v^2)}{2\sigma^2}\right) I_0\left(\frac{xv}{\sigma^2}\right) \quad (2.2)$$

avec  $I_0(z)$  la fonction de Bessel de première espèce et d'ordre 0, avec  $v$  la distance à l'origine de la distribution et  $\sigma$  son écart-type.

la fonction de Bessel de première espèce d'ordre  $n$  est une fonction à oscillation décroissante définie par :

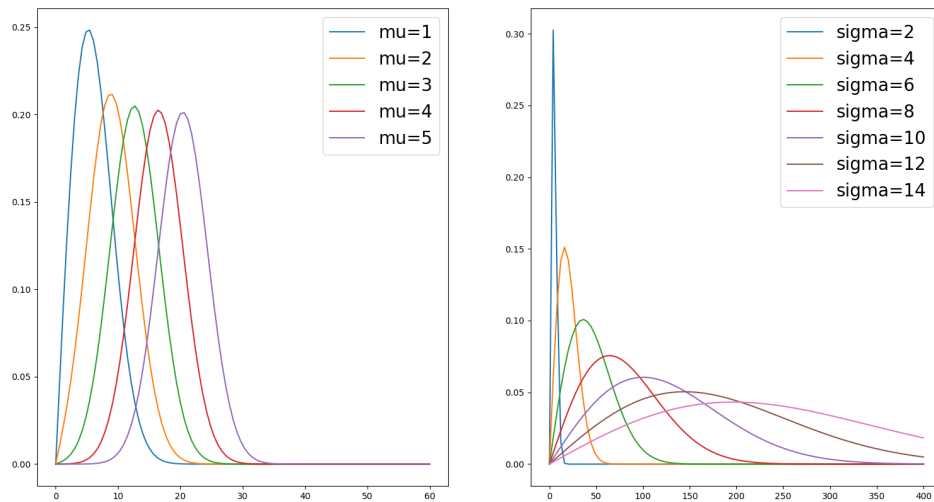
$$I_n(x) = \frac{1}{\pi} \int_0^\pi \cos(nt - x \sin t) dt \quad (2.3)$$

Lorsque le rapport signal sur bruit (SNR) est fort, la densité de probabilité de ce type de bruit approxime une distribution gaussienne [GP95]. Cependant, lorsque le SNR est faible, la distribution du bruit ne suit plus une distribution normale. Comme pour un bruit gaussien, le paramètre  $\sigma$  contrôle l'étalement de la distribution du bruit (Fig. 2.11).

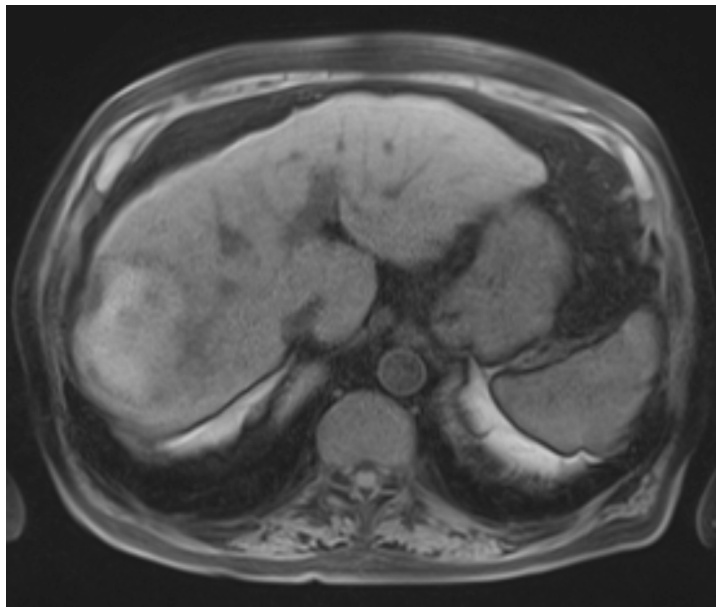
Le positionnement de l'antenne par rapport au corps du patient peut aussi entraîner des variations dans le champ magnétique qui provoquent des variations d'intensité locales dans des zones homogènes. Ainsi, des tissus de même nature peuvent présenter des profils d'intensité variés (Fig. 2.12). Cet artefact complexifie certaines hypothèses lors du traitement des images IRM.

## 2.3 Données

L'accès aux données TDM et IRM pour le contexte de la recherche peut-être difficile. La législation sur la protection des données personnelles complexifie l'accès aux données des



**Figure 2.11:** Distributions de Rice. Au fur et à mesure que la distance à l'origine  $v$  augmente la distribution de Rice approxime une distribution gaussienne (à gauche).  $\sigma$  contrôle l'étalement de la courbe (à droite).



**Figure 2.12:** IRM du foie, T1-in. On observe une variation d'intensité pour des tissus de même nature. Le centre du foie est relativement plus sombre que les tissus sur ses bords alors qu'ils sont de même nature.

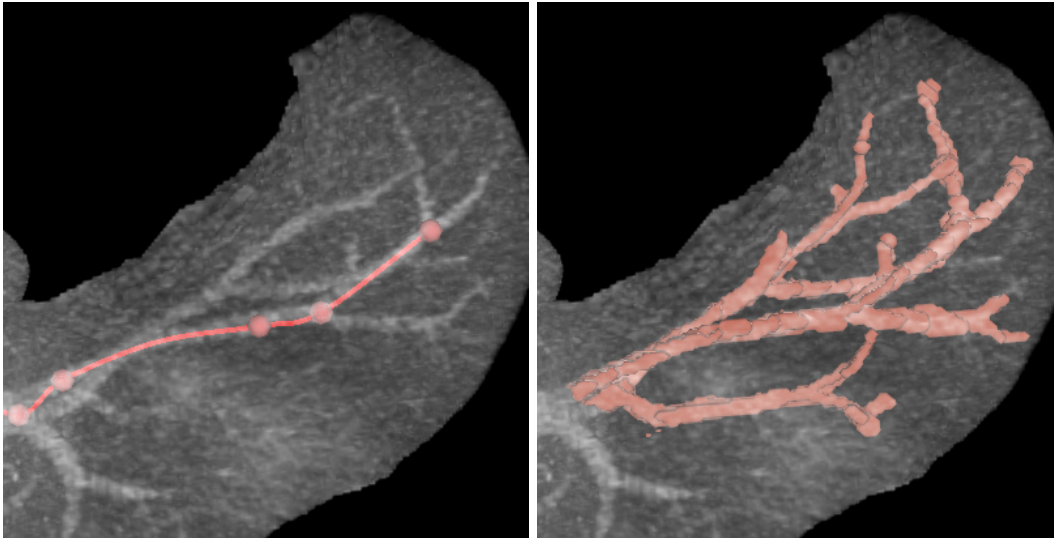
patients. En effet, la campagne de collecte de données dans un hôpital est soumise à un accord préalable d'un comité éthique puis l'accord des patients. Les données qui sont transmises aux chercheurs doivent être anonymisées, c'est-à-dire que les informations contenues dans les images telles que le nom du patient, le nom de la série ainsi que la date de l'acquisition doivent être effacés. Depuis la directive européenne RGPD (Règlement Général sur la Protection des Données) le patient a la possibilité de rétracter son avis à tout moment, ce qui nécessite une politique d'anonymisation qui permette la traçabilité et la suppression des données. Par exemple, l'une d'entre elles est la *tokenization*, qui permet d'attribuer une signature chiffrée à un volume.

Une fois les procédures éthiques et administratives validées, il est nécessaire d'annoter les données médicales. Cela nécessite la supervision d'un médecin expert, car les organes à annoter sont complexes à identifier. Pour les vaisseaux sanguins, plusieurs types d'annotations sont possibles. On peut choisir d'annoter un vaisseau à partir d'une série de coordonnées/points le long de son centre. La courbe passant par ces points est alors appelée ligne centrale. Cette méthode est économe en temps d'annotations, mais ne fournit généralement pas d'informations précises sur l'aspect des vaisseaux et leur diamètre. Une autre méthode consiste à créer un masque de segmentation en annotant tous les voxels appartenant aux vaisseaux. Cette méthode est la plus complète, mais nécessite bien plus de temps à l'annotateur. De plus, la notion de frontière entre les structures peut varier d'un avis d'expert à l'autre. Bien que ce problème existe aussi pour la ligne centrale, il est plus marqué pour la segmentation voxélique dont les applications nécessitent une plus grande précision (i.e. détection d'anévrisme, connectivité des vaisseaux adjacents, etc.). Une solution possible consiste à moyenniser le résultat parmi plusieurs annotateurs. Cette méthode demande cependant une mobilisation d'un nombre important de médecins. Il faut en effet garder à l'esprit que dans un hôpital, un médecin peut rarement consacrer du temps pour annoter des données, ce qui rend ce type d'initiatives rare. Les deux types d'annotations sont illustrés en figure 2.13.

Face à ces difficultés administratives et techniques, une grande partie des bases des données utilisées dans les résultats de publications sont privées. Les auteurs citent en général les conditions d'acquisition et le nombre de volumes disponibles, mais ne donnent pas d'accès aux données. Certains jeux de données sont tout de même disponibles publiquement.

Dans le cadre du projet ANR, une collecte de données a été réalisée. Cependant, le processus administratif a débuté en même temps que cette thèse. Il a donc fallu se tourner vers des données publiques ne nécessitant pas de procédures d'accès. Un aspect positif de cette contrainte est que l'utilisation de données publiques a renforcé la reproductibilité et la réutilisation de nos travaux.

Afin d'étudier les filtres de rehaussement de vaisseaux dans le contexte de l'imagerie du foie, nous avons recensé les différentes bases de données hépatiques disponibles en ligne. Afin de réaliser une analyse complète du rehaussement pour le foie, nous avons cherché des bases de données de modalité TDM et IRM. Nous passons ici en revue les jeux de données publics pour



**Figure 2.13:** Annotations d'un vaisseau : ligne centrale (à gauche) vs. masque de segmentation (à droite). L'annotation de la ligne centrale est bien moins coûteuse en temps d'annotations car elle nécessite seulement de poser un nombre limité de points de contrôle. Le masque de segmentation capture quant à lui l'entièreté du vaisseau.

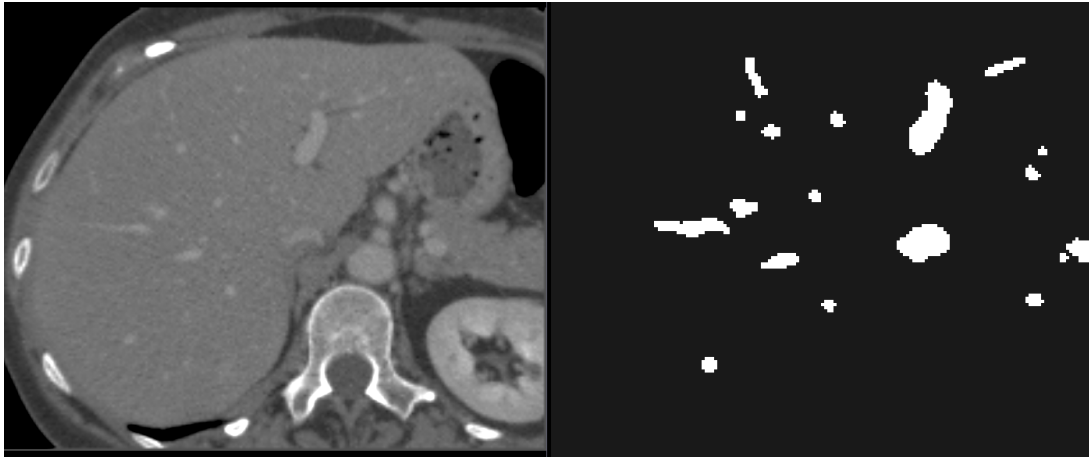
l'organe du foie et discutons des avantages et limites de chacun. Nous présentons ensuite deux jeux de données alternatifs qui nous ont permis de compléter notre analyse.

### 2.3.1 Ircad

La base de donnée 3DIrcadb1 [Sol+10] est proposée par l'Institut de recherche contre les cancers de l'appareil digestif (Ircad) de Strasbourg. Cette base contient des images de tomodensitométrie de l'abdomen (Fig. 2.14). Elle contient les images de 20 patients répartis en 50 % homme/femme et 75 % de foies lésés. Pour chaque patient une image tomographique inclut le foie et mesure entre  $512 \times 512 \times 74$  et  $512 \times 512 \times 260$  voxels pour une résolution des coupes axiales variant entre 0.56 mm et 0.87 mm et une épaisseur des coupes variant entre 1.00 mm et 4.00 mm. Elle fournit aussi un masque voxélique des organes de l'abdomen. Pour le foie, les masques des deux systèmes veineux porte et hépatique (incluant la veine cave) sont fournis dans des volumes différents. Un masque des tumeurs du foie est également disponible.

Cette base datant de 2010 est la base la plus complète pour la segmentation des vaisseaux du foie. Cependant, elle n'est pas exempte d'anomalies.

Premièrement, le nom des vérités terrain n'est pas consistant et indique sans doute que deux médecins différents ont participé à l'annotation des données. Deuxièmement, le volume du masque du foie contient des voxels parasites qui produisent de petites composantes connexes déconnectées du masque. Elles interfèrent avec les traitements sur les masques comme la sélection de la boîte englobante du foie. Enfin, certains vaisseaux à l'intérieur du foie ne sont pas annotés, ce qui représente un problème crucial. Cela concerne des petites structures



**Figure 2.14:** À gauche, coupe du foie issue d'un volume de l'Ircad. À droite, vérité terrain des vaisseaux. La vérité terrain est conçue comme un masque binaire.

tubulaires mesurant quelques voxels de large, mais aussi de gros vaisseaux (Fig. 2.15). Ces oublis perturbent forcément l'évaluation des méthodes de segmentation puisque des vaisseaux non annotés pourraient tout de même être détectés et comptés comme des segmentations erronées.

Ce biais est difficile à quantifier dans la mesure où il faudrait compléter manuellement la segmentation pour se rendre compte de son impact réel. Celui-ci est toutefois à garder à l'esprit pour la comparaison de filtres dont les performances sont très différentes dans une zone d'intérêt spécifique.

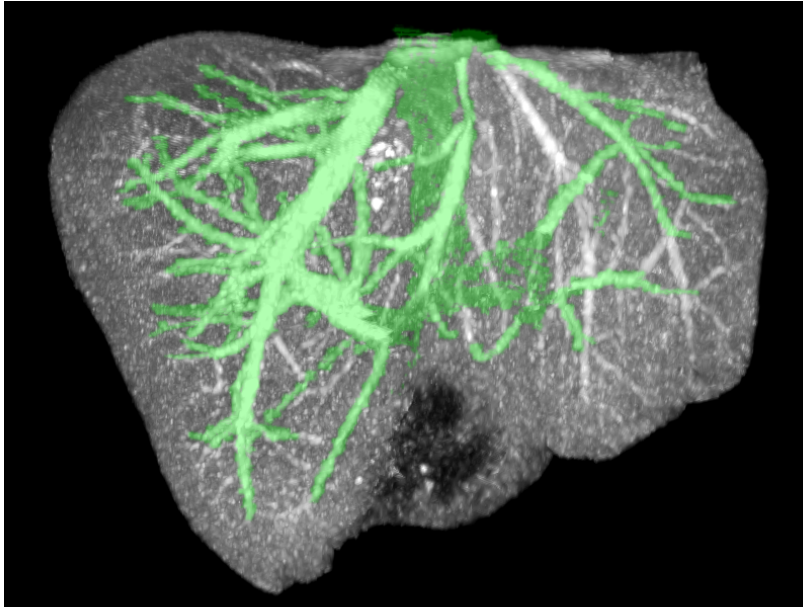
### 2.3.2 CHAOS

Le jeu de donnée CHAOS est issu du challenge [Kav+21] du même nom (CHAOS challenge - Combined (CT-MR) Healthy Abdominal Organ Segmentation). Celui-ci propose deux jeux de données avec deux modalités différentes. Un premier jeu contient 40 images TDM obtenues après injection d'agent de contraste dans la veine porte. L'acquisition est prise 70 à 80 secondes après l'injection et elle permet de mettre en valeur le système veineux porte et une partie de la veine hépatique. Ce jeu de données possède des coupes d'images de résolution  $512 \times 512$  voxels avec une résolution entre 0.7 mm et 0.8 mm dans le plan XY et 3 mm à 3.2 mm dans l'axe Z.

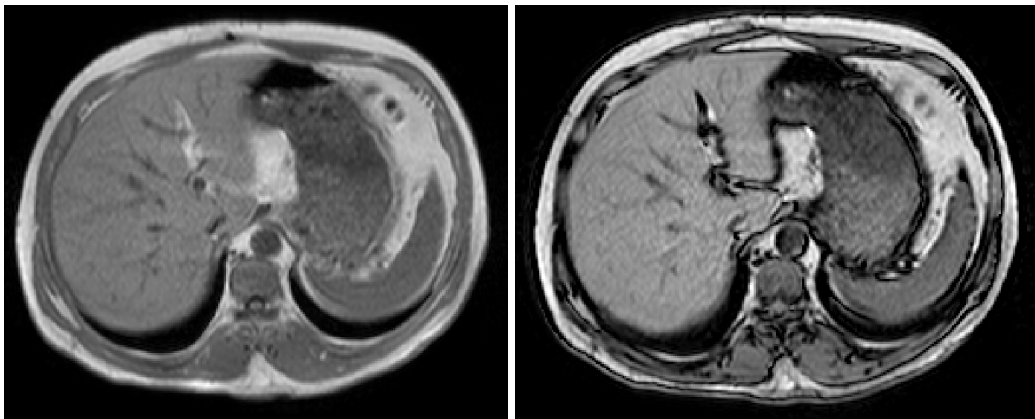
Un second jeu IRM inclut 120 volumes acquis selon des méthodes différentes : 40 volumes acquis en phase T1-in (Fig. 2.16), 40 volumes en phase T1-out (Fig. 2.16) et 40 séquences en phase T2 spiralée (Fig. 2.17). La pondération de contraste T2 rend les vaisseaux du foie hyper-intense et l'acquisition spiralée permet de mieux séparer les tissus tout en limitant les artefacts de mouvement.

Ce jeu de données est intéressant dans le sens où il propose plusieurs types de modalités IRM. Contrairement à l'Ircad, la résolution dans l'axe Z est plus élevée (Fig. 2.18), ce qui





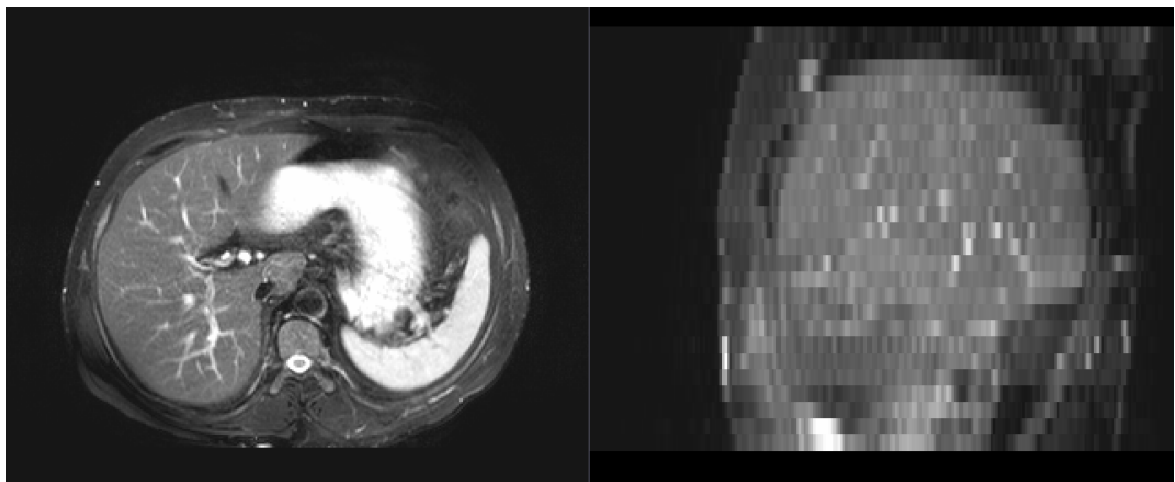
**Figure 2.15:** Vue 3D du foie. En vert, vérité terrain des vaisseaux. Des vaisseaux très visibles en 3D ne sont pas inclus dans la vérité terrain.



**Figure 2.16:** Volumes de la base CHAOS en phase T1-in (gauche) et T1-out (droite). On peut observer une différence de contraste provoquée par un temps d'écho différent, i.e. le temps entre l'émission et la réception du signal.



**Figure 2.17:** Volume de la base CHAOS acquis en phase T2 spiralée. Le contraste des vaisseaux est plus important en pondération T2.

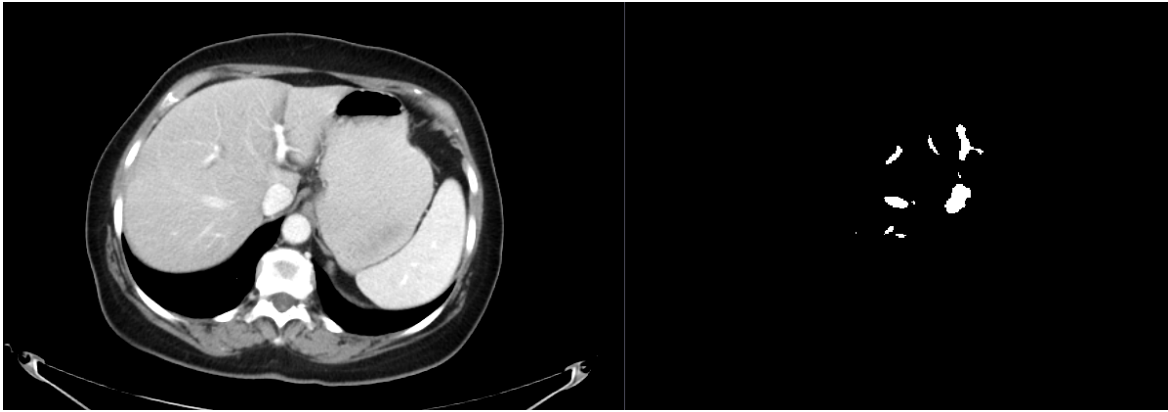


**Figure 2.18:** Volume de la base CHAOS en phase T2 spiralée. Comparaison de la résolution axiale (gauche) et sagittale (droite). Dans la vue sagittale la géométrie des structures, en particulier les vaisseaux, est largement altérée.

tend à indiquer que la base a été acquise en vue de traitements coupe par coupe plutôt que volumique. En effet, la représentation 3D des vaisseaux est grandement dégradée par ce type d'acquisition. De plus, l'objectif de cette base étant la segmentation des organes abdominaux, elle ne propose que le masque du foie comme annotation.

### 2.3.3 Medical Decathlon

Le challenge Medical Decathlon [Ant+22] propose de mesurer les performances d'algorithmes de segmentation sur 10 tâches qui regroupent différents organes (cerveau, cœur, hippocampe, foie, pancréas, prostate, colon, rate). Le challenge regroupe un nombre significatif de volumes par tâche, de 30 volumes pour le cœur jusqu'à 750 volumes pour le cerveau. Une modalité par organe est proposée : IRM pour le cerveau, le cœur, l'hippocampe, la prostate et la tomodensitométrie pour les autres organes. Deux tâches concernent le foie, toutes deux



**Figure 2.19:** Challenge Medical Decathlon. Volume hépatique en TDM (gauche) et la vérité terrain associée (droite).

acquises en phase veineuse porte. La première tâche concernant la segmentation du foie et des tumeurs hépatiques contient 210 volumes. La seconde tâche concernant la segmentation des vaisseaux et des tumeurs hépatiques regroupe 443 volumes.

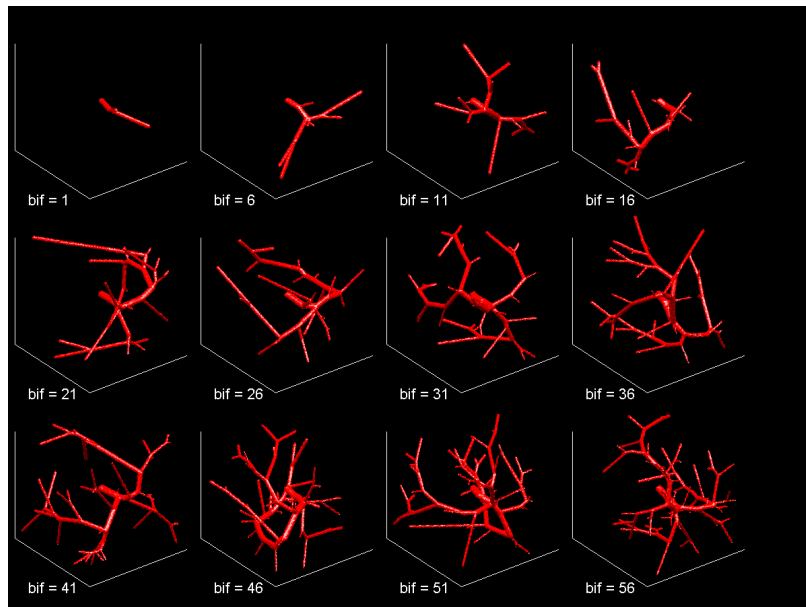
Les données hépatiques pour la première tâche ont été sélectionnées pour leur variabilité en termes de taille de labels avec de fortes variations de taille de foie, de nombre de tumeurs, etc. Ces données ont été acquises au centre de l'Ircad de Strasbourg. La résolution des images pour cette tâche est de 0.5 mm à 1.0 mm dans l'axe XY et 0.45 mm à 6.0 mm dans l'axe Z. Les annotations sont réalisées par un expert radiologue.

Les données hépatiques pour la seconde tâche (Fig. 2.19) sont issues de patients présentant des tumeurs hépatiques parfois métastasées. Les vaisseaux sanguins présentent parfois des connexions au niveau des tumeurs. Ces données ont été acquises par le centre contre le cancer Memorial Sloan à New York. Pour cette tâche, la résolution des images dans l'axe Z varie de 2.5 mm à 5.0 mm. Les masques de segmentation ont été annotés de manière semi-automatique au moyen d'une approche par croissance de région. Les contours ont ensuite été ajustés par des radiologues.

Cette base de données a l'avantage de proposer un grand nombre de volumes dans plusieurs modalités. Cependant, l'annotation semi-automatique produit une vérité terrain moins précise, en particulier pour les petits vaisseaux. On peut aussi noter un nombre conséquent de vaisseaux déconnectés du réseau vasculaire dans les annotations. De plus, pour le foie, une résolution supérieure à 3 mm, comme illustré dans CHAOS (Fig. 2.18), dégrade fortement la géométrie des vaisseaux sur laquelle se basent les filtres de rehaussement 3D.

### 2.3.4 Données synthétiques : VascuSynth

Lorsque des données cliniques munies d'annotations sont difficiles à obtenir, une autre solution est de générer un volume contenant un réseau vasculaire synthétique. VascuSynth [HJ10] est un programme permettant de créer un réseau vasculaire en fonction d'une carte d'oxygénation



**Figure 2.20:** Exemples de volumes issus de la base VasculSynth\_2013.

et des paramètres de pression sanguine à l'entrée de celui-ci. Le réseau vasculaire est construit de manière itérative de sa racine jusqu'aux extrémités. L'utilisateur peut de plus paramétrer la complexité du réseau en spécifiant le nombre de bifurcations attendu. Il est aussi possible d'ajouter du bruit additif gaussien au volume.

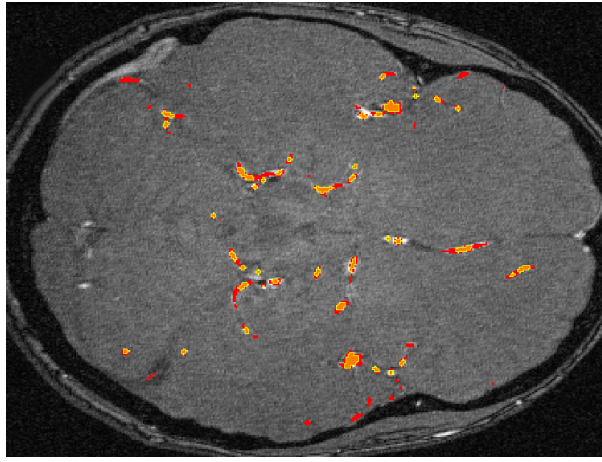
La résolution est isométrique pour l'ensemble des axes. Les vaisseaux de VasculSynth présentent des profils d'intensité quasi homogènes, avec une intensité des voxels moindre près des parois. Les volumes ont un fond nul. La vérité terrain des vaisseaux, précise au voxel près, peut donc être obtenue par simple seuillage.

Une base de données pré-générée est disponible sur le site de VasculSynth. Celle-ci propose 120 volumes répartis en 10 groupes de 12 volumes. Chaque groupe contient des volumes de réseaux vasculaires dont le nombre de bifurcations varie entre 1 et 56 avec un pas de 5 (1, 6, 11, ..., 56) comme illustré en Fig. 2.20. Le jeu de données est aussi fourni avec un fichier Matlab contenant les coordonnées des bifurcations.

Les bases de données synthétiques possèdent les vérités terrain les plus complètes. Cependant, le contexte de ces jeux de données est beaucoup plus simple que les images réelles. Il est en effet difficile de simuler de manière réaliste des organes vascularisés dont les conditions de développement sont multifactorielles et qui dépendent à la fois de mécanismes génétiques et aléatoires qui sont compris seulement en partie. Les vaisseaux générés sont ainsi plus simples, dans le cas de VasculSynth : les vaisseaux sont des tubes pleins droits et discrétisés.

### 2.3.5 Bullitt

Les bases de données IRM du foie sont limitées en termes de vérité terrain des vaisseaux. Lorsque des annotations des vaisseaux sont disponibles, la faible résolution des volumes ne



**Figure 2.21:** Différence d’annotations entre reconstruction de la ligne centrale par tubeTK (jaune) et corrections d’annotations par Sanchez et al. (rouge).

permet pas une bonne analyse géométrique sur laquelle repose les filtres de rehaussement. Nous avons tout de même souhaité nous servir d’un jeu de données d’IRM réelles sans annoter nous-même une quantité importante de vaisseaux. Nous avons donc décidé d’élargir notre recherche de jeux de données à d’autres organes.

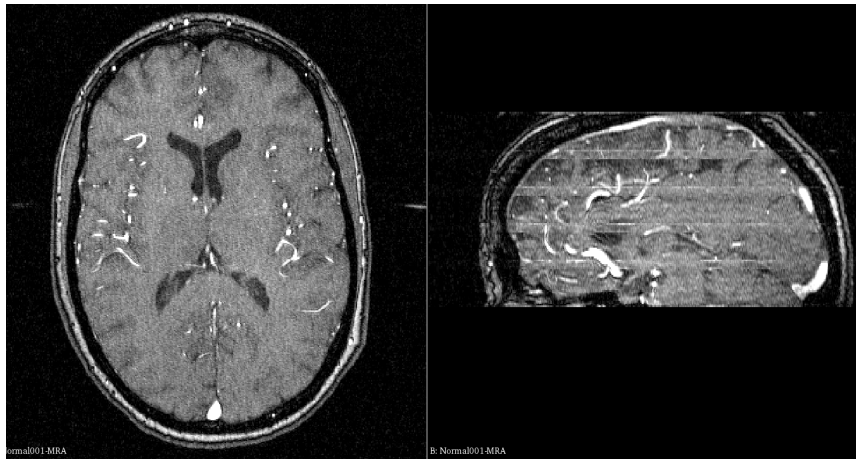
Nous avons ainsi sélectionné le jeu d’images de cerveaux sains, Bullitt [Bul+05], comme jeu d’IRM réelles. Un soin particulier a été apporté à l’acquisition des images pour Bullitt qui présente un contraste remarquable entre les vaisseaux et le reste de l’image. Sur une partie de ces données (une trentaine de volumes), la ligne centrale et le rayon des vaisseaux sont fournis. Une segmentation des vaisseaux peut être reconstruite nativement grâce à l’outil tubeTK; cependant la reconstruction est faite à partir d’un tube circulaire et a tendance à sous-estimer / omettre des voxels appartenant aux vaisseaux.

Les travaux de Sanchesa et al. [San+19] améliorent ces vérités terrains de manière significative en augmentant de 70 % le nombre de voxels appartenant à la segmentation initiale, ce qui permet l’utilisation d’annotations plus précises (Fig. 2.21).

Cette base de données est particulièrement bien acquise et présente très peu d’artefacts comparativement à des images IRM classiques. Les seuls artefacts notables sont un faible bruit constant sur l’ensemble de l’image et quelques coupes de contraste discontinues par rapport au reste de l’image. (Fig. 2.22).

### 2.3.6 Bases de données relatives au projet R-Vessel-X

Il était prévu pour le projet ANR une campagne de collecte de données TDM et IRM durant la durée du projet et commençant en même temps que la thèse. Cette collecte devait être réalisée sur des patients en cours de traitement. Cependant, la nécessité d’obtenir l’accord d’une commission éthique puis le besoin d’obtenir un espace de stockage dédié avec une société accréditée a retardé la collecte des données d’au moins un an. Celle-ci a finalement



**Figure 2.22:** Vue axiale et sagittale d'un volume issu de Bullitt. Les vaisseaux (structures blanches) sont particulièrement contrastés par rapport aux autres tissus adjacents.

débouché sur une collecte de données rétrospective (patients ayant quitté l'hôpital) en même temps que le développement d'un logiciel d'annotation de données (Chap. 6). Ces données n'ont pas été exploitées dans nos travaux, puisqu'elles n'étaient pas prêtes au moment de notre étude.

## 2.4 Bilan

Dans un premier temps, nous avons choisi d'utiliser deux jeux de données : la base de l'Ircad et le jeu de données de VasculSynth\_2013. La base de l'Ircad contient des artefacts variés de TDM (bruit, artefacts métalliques, etc.) et des masques de segmentation pour tous les volumes. Cela nous permet d'évaluer plus aisément les performances des algorithmes employés dans nos travaux. De plus, la résolution spatiale des volumes est l'une des meilleures parmi les bases disponibles. On peut ainsi utiliser des traitements 3D plutôt que de considérer un volume comme une séquence de coupes 2D. VasculSynth\_2013 offre une précision des vérités terrains qui n'est pas possible sur les bases réelles. C'est donc une base que nous avons jugée nécessaire pour notre travail. Celle-ci nécessite toutefois un traitement complémentaire afin de rendre les volumes proches d'une acquisition réelle. Ce traitement est décrit dans le chapitre 3 où nous avons choisi d'ajouter des artefacts IRM aux données.

Afin de compléter nos jeux de données et de diversifier nos expériences, nous avons choisi la base de données IRM, Bullitt, qui présente des vaisseaux fins dont la géométrie est naturelle comparée au jeu d'IRM synthétique. La qualité d'image de Bullitt, qui rend trivial le filtrage des vaisseaux, n'est cependant pas représentative des images IRM acquises habituellement. Nous avons donc dégradé ces images par un processus expliqué dans le chapitre 4.

Les spécificités des trois bases de données sont récapitulées dans la table 2.1. Comme nous le verrons dans le chapitre 3, ces bases de données requièrent des traitements complémentaires, avec notamment l'ajout de vérités terrain supplémentaires. Ces modifications sont nécessaires

afin de proposer une analyse détaillée du rehaussement de vaisseaux que nous allons présenter dans le chapitre suivant.

**Table 2.1:** Jeux de données retenus pour la suite de nos travaux. Ces jeux de données sont complémentaires, au niveau des modalités utilisées, de la variété des organes étudiés ou de la précision des vérités terrains.

Jeux de données	Modalité	Organe	Dimensions	Résolution	Diamètre maximale des vaisseaux
Ircad	TDM	Foie	entre $512 \times 512 \times 74$ et $512 \times 512 \times 260$ voxels	$XY \in [0.56, 0.87]$ mm $Z \in [1.00, 4.00]$ mm	24 mm
VascuSynth	Synthétique / IRM simulée	Aucun	$128 \times 128 \times 128$ voxels	$1 \times 1 \times 1$ mm	6 mm
Bullitt	IRM + artefacts ajoutés	Cerveau	$128 \times 448 \times 448$ voxels	$0.5 \times 0.5 \times 0.8$ mm	25 mm

## Place du rehaussement dans l'analyse d'images

Dans ce chapitre, nous présentons les différents filtres de rehaussement de vaisseaux proposés dans la littérature. Afin de remettre dans le bon contexte les problématiques abordées par ces filtres, il est nécessaire de décrire les chaînes de traitement pour l'extraction de vaisseaux sanguins. Pour ce faire, nous introduisons les objectifs de cette extraction sous l'angle de la visualisation des vaisseaux. Nous décrivons ensuite les grandes familles de méthodes de segmentation entrant dans la composition de ces chaînes de traitement.

Dans un second temps, nous montrons l'intérêt des filtres de rehaussement de vaisseaux avant de décrire la manière de les modéliser. Nous démarrons cette présentation en posant les hypothèses sur l'apparence des vaisseaux dans les images. Nous présentons ensuite deux familles distinctes de filtres : les filtres à base de descripteurs matriciels de géométrie et les filtres à descripteurs morphologiques. Dans chacun des cas, nous présentons les espaces d'échelles permettant de capturer les vaisseaux d'une taille donnée, les descripteurs de géométrie associés à l'espace d'échelles et enfin les mesures de tubularité applicables.

### 3.1 Problématiques de la visualisation

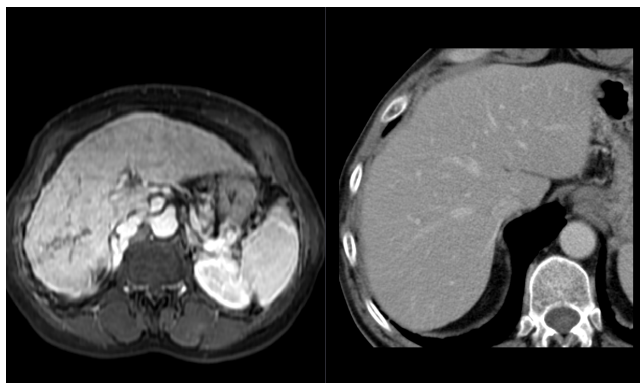
Nous avons abordé dans le chapitre précédent les deux méthodes d'acquisition utilisées par l'imagerie du foie en exposant leurs avantages et leurs limites. Nous avons aussi présenté les différentes bases de données publiques disponibles et discuté de leur potentiel en tant que bases d'évaluation d'algorithmes.

Bien que nous ayons montré de nombreuses illustrations dans le chapitre précédent, nous n'avons pas abordé la manière de visualiser ces données. Le problème initial des médecins est en effet de détecter visuellement des anomalies liées à des pathologies dans ces images. Après les étapes d'acquisition et de reconstruction, les images sont présentées selon deux formes similaires : un ensemble d'images 2D correspondant aux coupes axiales ou un volume 3D, d'un seul bloc, contenant la superposition des coupes.

La méthode classique d'analyse utilisée par les médecins est la visualisation des coupes 2D des organes (Fig. 3.1). De la même manière que la TDM ou l'IRM, le médecin visualise l'image coupe par coupe. Cette visualisation nécessite cependant de l'entraînement et une réelle connaissance des organes étudiés, car le médecin doit reconstituer mentalement le volume des structures observées à partir des images 2D. Cette méthode a toutefois l'avantage de

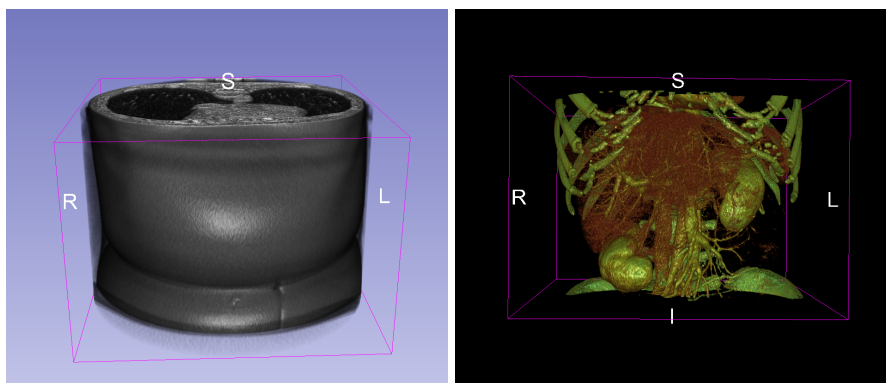


ne nécessiter presque aucun traitement (à part un ajustement dynamique des contrastes) et permet de visualiser l'ensemble de l'image sans problèmes de recouvrement ou d'obstruction entre les structures. La visualisation 3D, où l'on travaille avec le volume 3D, facilite cet



**Figure 3.1:** La visualisation en coupes est la méthode la plus utilisée par les médecins. Celle-ci nécessite toutefois de se représenter mentalement la structure 3D de l'organe. À gauche IRM, à droite tomodynamométrie.

exercice. Elle permet en effet de visualiser directement les structures dans leur entièreté. Cependant, elle nécessite d'une manière ou d'une autre de hiérarchiser l'information brute de l'image. Dans le cas contraire, l'information nécessaire au diagnostic reste cachée (Fig. 3.2). On peut distinguer deux méthodes pour résoudre ce problème : la première consiste à hiérarchiser les données par projection alors que la seconde identifie et extrait les structures d'intérêt.

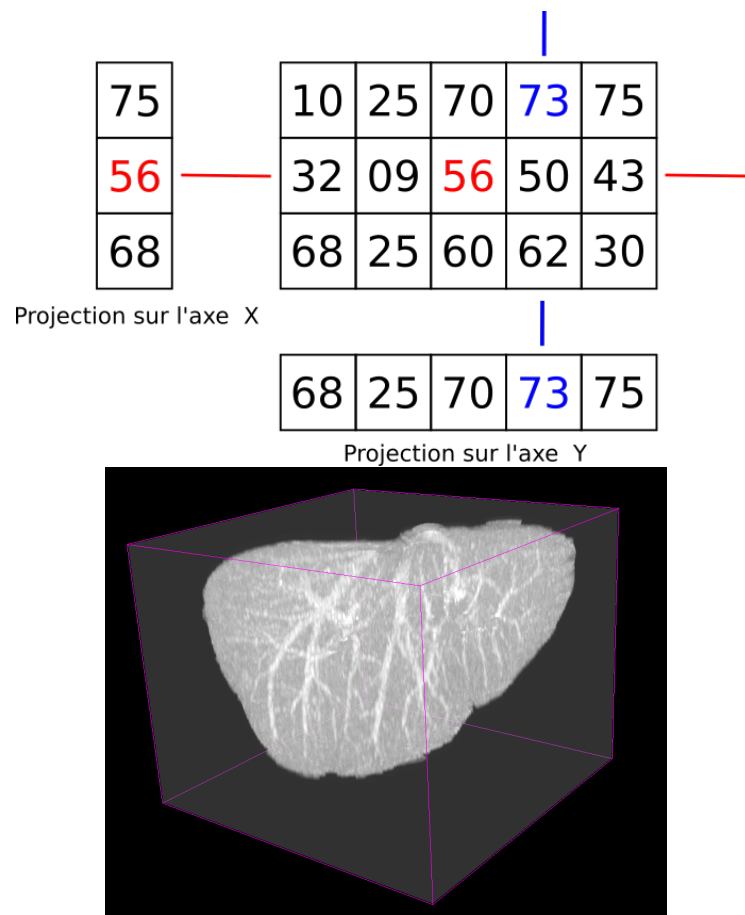


**Figure 3.2:** Rendu surfacique d'un volume 3D. Sans hiérarchisation de l'information, les structures d'intérêt restent cachées. En hiérarchisant l'information (ici un seuil d'opacité et de couleurs en fonction de l'intensité des voxels), on peut observer les structures anatomiques d'intérêt. Un traitement naïf ne suffit toutefois pas à différencier toutes les structures.

### 3.1.1 Visualisation par projection

La MIP (*Maximum Intensity Projection*) est une technique de projection permettant de visualiser les éléments les plus saillants d'une image. En pratique, elle consiste à créer un plan image 2D  $P$  puis pour chaque pixel  $p_i$  de ce plan à lancer un rayon qui traverse le volume 3D. Pour

l'ensemble des voxels qui intersectent le rayon, on récupère la valeur maximale parmi leur intensité que l'on affecte à  $p_i$  (Fig. 3.3). Cette méthode permet de faire ressortir les éléments



**Figure 3.3:** Maximally intensity projection. L'intensité maximale est projetée le long d'un rayon sur le plan d'origine. La MIP peut s'effectuer en utilisant les axes de l'image ou le plan de la caméra dans une scène 3D.

les plus intenses de l'image et convient particulièrement à des structures mises en valeur par agent de contraste. Elle est simple à implémenter et peu coûteuse en calcul. Elle fait cependant perdre toute perception de profondeur par la projection des maxima sur le plan image. On obtient par exemple la même MIP si l'on place le plan de projection avant l'image ou après celle-ci le long de l'axe de projection (à effet miroir près).

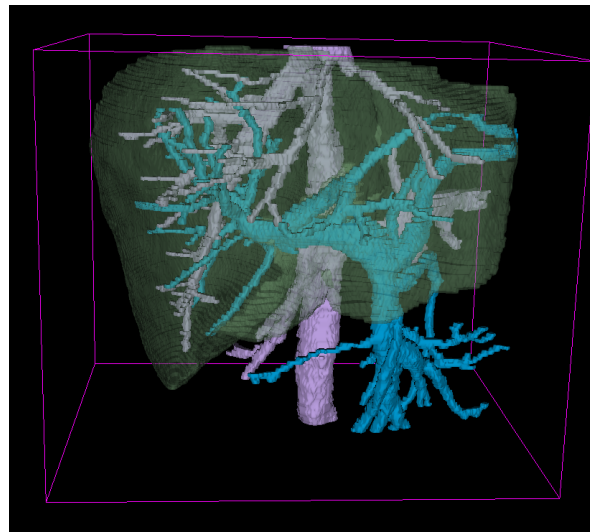
La perte de profondeur se compense lorsque dans une scène 3D, le plan de projection devient le plan de la caméra. Le mouvement de la caméra permet alors de résoudre les ambiguïtés provoquées par un seul plan de projection en simulant, dans une certaine mesure, la stéréoscopie de la vision humaine. La MIP a aussi le désavantage d'être parasitée par toute structure plus intense que l'organe observé. L'observation du foie et de ses vaisseaux en MIP est notamment perturbée par les os de la cage thoracique. Ce problème peut cependant être contourné en appliquant un masque pour ne conserver que le foie, ce qui demande un coût supplémentaire d'annotation.

### 3.1.2 Visualisation par isolement des organes

D'autres moyens de visualisation sont possibles, par exemple en représentant un modèle 3D des structures observées. On peut ainsi visualiser des organes seuls, sans éléments adjacents perturbateurs (Fig. 3.4). La création de ce modèle nécessite un traitement plus complexe des données afin d'identifier, de classer, de filtrer puis d'extraire les structures d'intérêt. C'est cette dernière opération d'extraction que l'on nomme segmentation. La segmentation automatique reste un domaine de recherche ouvert, car les nombreux artefacts de la TDM et de l'IRM complexifient fortement la problématique.

Là où l'utilisation de la MIP est limitée dans ses usages, la segmentation est utilisée non seulement pour la visualisation, mais aussi pour des applications plus larges. Par exemple, elle est nécessaire pour la simulation ou pour le calcul du volume d'un réseau vasculaire, qui sont des tâches pour lesquelles une plus grande précision est demandée.

Dans la suite de ce chapitre, nous présentons les grandes familles d'algorithmes de segmentation avant d'introduire les filtres de rehaussement de vaisseaux qui sont au cœur de nos travaux.



**Figure 3.4:** Segmentation du foie (vert) et des deux réseaux veineux (réseau porte en bleu et réseau hépatique en rose).

## 3.2 Extraction de structures d'intérêt

Parmi la littérature sur l'extraction de structures d'intérêt, deux sujets sont fortement liés : l'amélioration de la qualité des images et les algorithmes de segmentation.

### 3.2.1 Amélioration du signal

Historiquement, le besoin d'améliorer la qualité des images provient des limitations des premières machines d'imagerie. Il était alors nécessaire de développer des méthodes efficaces pour limiter les artefacts tels que le bruit et ainsi faire ressortir les organes d'intérêt.

De nombreuses méthodes ont cherché à caractériser, estimer puis corriger le bruit. Par exemple, Gudbjartsson et al. [GP95] ont explicité le caractère ricien du bruit en IRM. Dietrich et al. [Die+07] ont proposé une validation des approches pour calculer le rapport signal sur bruit (SNR) en fonction des différentes méthodes d'acquisition et de la reconstruction des images IRM. Gravel et al. [GBD04] proposent une méthode capable d'estimer la nature du bruit en fonction de sa variance et de l'intensité de l'image. Enfin, Krissian et al. [KA09] et Mendrik et al. [Men+09] cherchent à lisser le bruit par un mécanisme de diffusion. Les premiers proposent d'estimer automatiquement le bruit grâce à sa variance pour paramétrer le lissage. Les seconds proposent un lissage adaptatif continu permettant de prendre en compte la géométrie locale.

De nos jours, les progrès techniques et l'amélioration de la précision des machines ont résolu beaucoup de ces problèmes. La recherche de gains de performances se tourne de plus en plus vers de l'apprentissage qui permet d'améliorer à la fois la qualité des images et d'accélérer les traitements existants. C'est par exemple le cas de méthodes à base d'apprentissage profond [Hig+19] qui permettent d'améliorer la résolution et de corriger le bruit.

L'amélioration globale du signal a un effet positif sur les structures anatomiques qui présentent une intensité localement plus homogène ainsi que des contours mieux définis. Leur extraction par des algorithmes de segmentation en est donc facilitée.

### 3.2.2 Segmentation

Les algorithmes d'extraction en imagerie médicale sont les mêmes que l'on retrouve pour des images issues de la photographie classique. La plupart de ces algorithmes vise à trouver un critère de différenciation entre la structure à extraire et le reste de l'image. Ce critère est souvent défini sous la forme d'une énergie à minimiser.

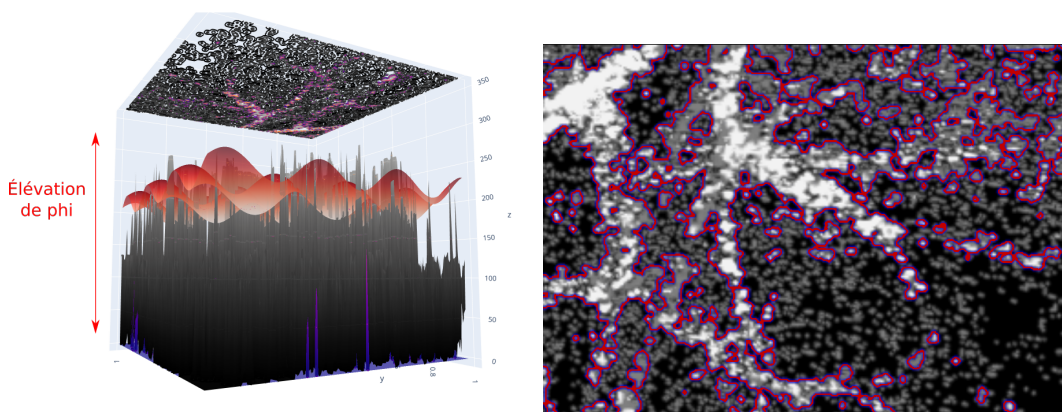
#### 3.2.2.1 Contours actifs

Les contours actifs, aussi appelés modèles déformables, cherchent à segmenter un objet en déformant un contour initial fermé afin qu'il s'adapte à la forme de l'objet à segmenter.

**Contours explicites** La méthode développée par Kass et al. [KWT88] (aussi appelés *snakes*) est l'une des méthodes de contours actifs les plus populaires. Cette méthode formule l'énergie contrôlant la propagation du contour comme la somme pondérée d'une énergie interne et d'une énergie externe que l'algorithme cherche à minimiser. L'énergie interne est liée à la modélisation de l'objet que l'on cherche à segmenter et contraint l'expansion du contour (par exemple une énergie liée à un modèle géométrique). À l'inverse, l'énergie externe (basée par exemple sur les gradients de l'image) favorise la propagation du contour. La méthode de Kass et al. a ensuite connu de nombreuses variations comme avec Wang et al. [WMS12] qui proposent un modèle minimisant trois énergies : une énergie basée sur la courbure du contour, une énergie basée sur les gradients d'intensité de l'image et une énergie basée sur la correspondance du contour à un modèle cylindrique. Zeng et al. [Zen+18] utilisent les contours actifs pour segmenter de gros vaisseaux, sans débordement hors des structures. La paramétrisation du contour actif est basée sur l'estimation de l'intensité des vaisseaux fins détectés par un filtre bi-gaussien.

L'utilisation des contours actifs est particulièrement efficace sur des objets convexes. Lorsque la géométrie des structures est plus complexe ou très allongée comme pour les vaisseaux, la propagation du contour est plus difficile. La méthode est aussi moins performante lorsque l'aspect des vaisseaux est bruité et fragmenté. De plus, l'implémentation du suivi des contours est complexe lorsque des changements de topologie ont lieu. C'est le cas, par exemple, de la séparation du contour en deux contours distincts.

**Contours implicites** Le problème de suivi de la propagation du contour de la méthode précédente peut être contourné par une formulation implicite des contours. On définit alors un contour comme l'intersection de deux surfaces. La première surface correspond à l'image vue comme une carte de hauteurs et la seconde surface  $\phi$  correspond aux critères de partition (Fig. 3.5). La dynamique d'évolution du contour implicite est gérée par l'élévation de la surface  $\phi$  en fonction du temps. Li et al. [Li+11] utilisent les courbes de niveaux pour segmenter des



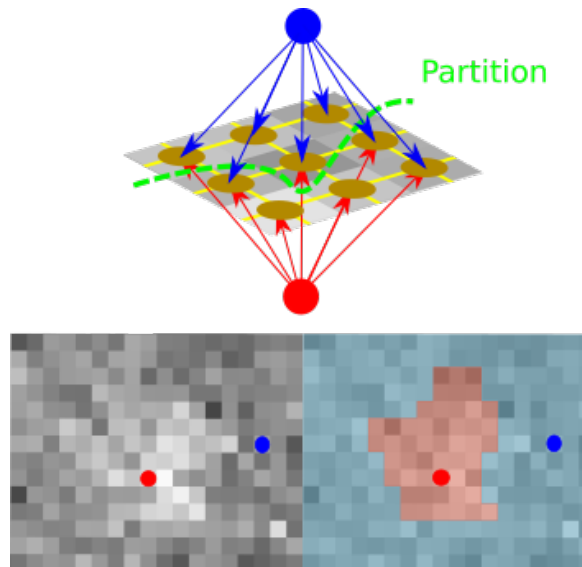
**Figure 3.5:** Illustration des courbes de niveaux. À gauche, les contours sont modélisés comme étant l'intersection de la surface représentant l'image (gris) et d'un critère de partition  $\phi$  (surface en rouge). L'évolution du contour est contrôlée par l'élévation de  $\phi$ . Cette modélisation permet de segmenter le contour de structures déconnectées, visibles sur l'image de droite.

objets malgré une intensité globale non homogène. Pour cela, ils définissent un critère de classification local au voisinage des pixels afin d'estimer un champ de biais d'intensité qui est ensuite incorporé dans l'énergie de propagation.

Les contours implicites permettent de segmenter les contours d'objets fragmentés. Cependant, la formulation des courbes de niveaux est généralement plus difficile à définir que pour les contours actifs. Leur mise en œuvre en termes d'implémentation est de ce fait plus complexe.

### 3.2.2.2 Graph cut

Une image peut aussi être représentée sous la forme d'un graphe. Dans ce graphe, les nœuds sont les pixels et les arêtes encodent une relation de similarité entre ces derniers. Cette relation peut être spatiale ou plus complexe. Dans ce contexte, segmenter un objet ou une région revient à trouver la partition qui maximise la vraisemblance à l'intérieur de chaque ensemble et minimise la vraisemblance entre deux ensembles relativement à un critère (Fig. 3.6). Esneault et al. [ELD09] utilisent les graph cuts afin de minimiser une énergie composée



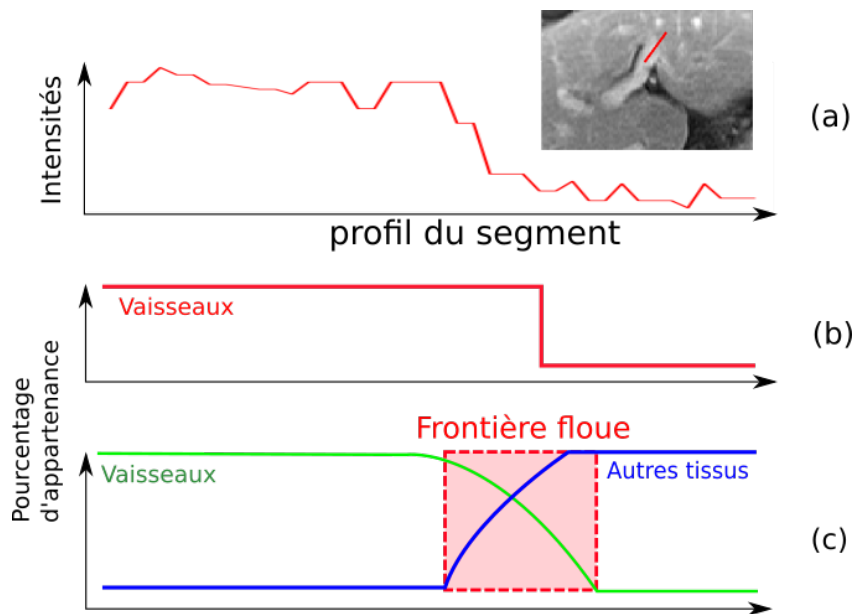
**Figure 3.6:** Principe du *graph cut*. Une partition est trouvée en supprimant les arêtes d'un graphe défini à partir des pixels de l'image. Cette partition minimise la vraisemblance entre les deux ensembles, ici des vaisseaux (rouge) et le fond (bleu).

de trois critères (région, bordure et vaisseaux). Le modèle de vaisseaux est basé sur un modèle cylindrique. Zeng et al. [Zen+17] proposent un raffinement d'une segmentation initiale par graph cuts, en utilisant un critère de région basé sur la vraisemblance logarithmique (negative log likelihood) et un critère de bordure basé sur le flux (Sec. 3.3.1.3).

### 3.2.2.3 Ensemble flou

Le choix d'une délimitation entre fond et segmentation n'est pas toujours aisé, en particulier dans les images médicales où les bords des objets à segmenter sont mal définis. La théorie

des ensembles flous permet de modéliser cette incertitude. Au lieu d'associer une classe binaire aux pixels, on associe à chaque pixel une probabilité d'appartenance à chaque classe définie pour le problème donné (Fig. 3.7). Un critère flou est ensuite construit afin de définir une segmentation binaire définitive. Sigurosson et al. [Sig+14] utilisent un ensemble flou



**Figure 3.7:** (a) Profil d'intensité des pixels le long du segment. (b) Segmentation binaire : la frontière de la segmentation est nette. (c) Segmentation floue : la frontière de décision est une composition de plusieurs classes qui modélise l'incertitude de la décision.

pour fusionner l'information provenant de deux ouvertures de chemins pour segmenter les vaisseaux de la rétine. Radojevic et al. [RSM15] détectent les neurones en proposant deux classes floues basées sur le concept de classes multiplicatives. Ils définissent ensuite le degré d'ambiguïté d'un ensemble flou afin d'attribuer une classe finale aux pixels. Zhang et al. [Zha+18] définissent un critère de connectivité flou composé d'un critère d'adjacence flou des voxels, et un critère de similarité à la géométrie d'un vaisseau basé sur les filtres de rehaussement de vaisseaux.

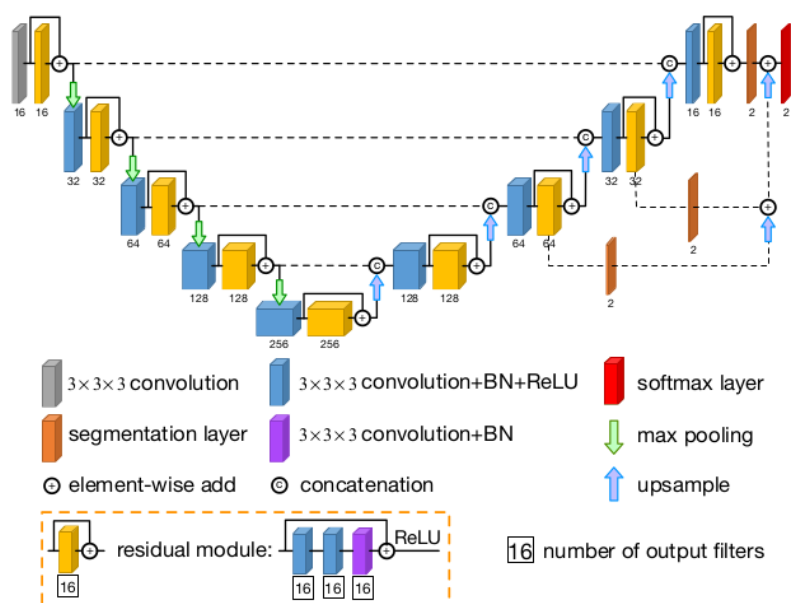
### 3.2.2.4 Apprentissage profond

Dans les années 2010, un changement de paradigme a lieu avec l'utilisation croissante des réseaux de neurones. En effet, l'apparition des modèles de réseaux profonds, l'augmentation de la puissance de calculs et un nombre croissant de données annotées ont drastiquement augmenté les performances de ces modèles. Puis, à partir de 2015 les réseaux convolutifs (CNN) prennent une place prépondérante dans la littérature de la segmentation.

En pratique, on fournit des exemples à un réseau qui produit en réponse une prédiction. L'erreur entre la prédiction et la vérité terrain est ensuite rétro-propagée dans le réseau afin qu'il puisse corriger les prédictions erronées. Ce processus, appliqué de manière itérative sur un grand nombre d'exemples, est appelé entraînement. Deux types d'entraînement sont

principalement utilisés, l'entraînement supervisé par paires {image d'entrée, vérité terrain} et l'entraînement non supervisé utilisant des images en entrée et une énergie à minimiser qui permet de contraindre la prédiction du réseau. Dans le domaine médical, ce sont les réseaux convolutifs complets (FCNN), en particulier l'architecture d'auto-encodeur U-Net [RFB15], qui se sont imposés en permettant de segmenter de manière précise des organes. Ce modèle propose une architecture composée d'un encodeur et d'un décodeur symétriques, donnant au réseau sa forme en U caractéristique. Des *skip connections*, permettent de propager les détails de l'encodeur vers le décodeur sans disparaître dans les opérations de rééchantillonnages (*pooling*) des couches successives du réseau.

Plusieurs variantes de ce réseau ont été proposées pour la segmentation des vaisseaux hépatiques, par exemple en combinant Unet et ResNet [Yu+19] (Fig. 3.8) ou DenseNet [Li+18]. Ces architectures utilisent plusieurs réseaux qui travaillent à des échelles de résolutions différentes ou proposent des branches spécialisées. Les résultats des réseaux de neurones sont très



**Figure 3.8:** Architecture *Residual UNet* proposée par Yu et al. [Yu+19] pour la segmentation des vaisseaux du foie. Le réseau permet de capturer les structures de plus grandes tailles au fur et à mesure que l'on traverse les couches de l'encodeur en contrepartie d'une perte des détails (partie gauche). Ceux-ci sont ré-incorporés dans le décodeur (partie droite) grâce à des connexions directes (en pointillé).

dépendants de la fonction de coût qui évalue l'erreur entre la prédiction et les données. Pour la segmentation, la *Dice loss* proposée par Sudre [Sud+17] s'est popularisée. Cette fonction de coût repose sur le score de Dice qui mesure le recouvrement entre la prédiction et la vérité terrain. Plusieurs métriques similaires ont été proposées et une revue des fonctions de coût pour la segmentation est présentée par Jadon et al. [Jad20]. Plus récemment des travaux ont exploré l'introduction de critères topologiques (notamment les composantes connexes) afin de limiter la fragmentation des segmentations; un problème qui touche les structures fines telles que les vaisseaux [Ven+17],[Hu+19],[Clo+19]. Ces méthodes restent toutefois

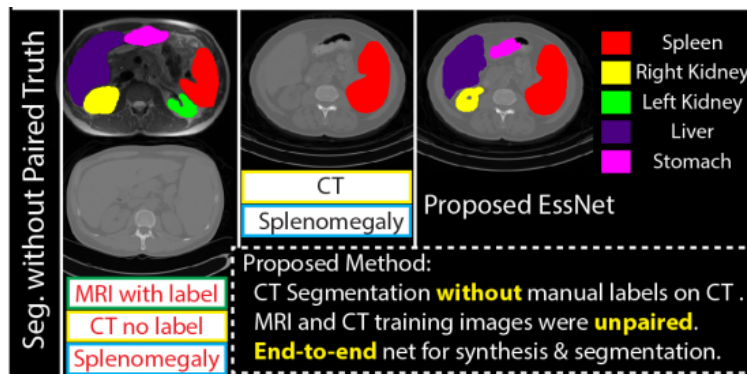


très coûteuses en temps de calcul, en particulier lorsqu'elles sont appliquées sur des données 3D.

Le nombre des données joue un rôle crucial dans la performance des réseaux de neurones. Cependant, nous avons vu dans le chapitre 2 les difficultés de trouver des bases de données publiques avec un nombre important de données bien annotées.

Plusieurs méthodes permettent de contourner partiellement ce problème. La plus utilisée est l'augmentation de données [LK16]. Celle-ci utilise des données existantes pour appliquer des modifications spatiales ou spectrales des échantillons afin de créer artificiellement des données supplémentaires. D'autres méthodes comptent sur l'utilisation de données partielles, ou d'annotations complètes sur seulement une partie des données [Taj+20]. Certains auteurs ont aussi exploré le transfert de style afin de générer des images d'une modalité grâce à des images d'une autre modalité. Chartsias et al. [Cha+17] proposent la génération adversaire d'images IRM grâce à des images TDM et un masque d'alignement des structures. Ils montrent qu'en entraînant un réseau à la fois sur des images réelles et générées synthétiquement, on augmente les performances d'un réseau de segmentation. Huo et al. [Huo+18] explorent la génération à la fois d'une nouvelle modalité et de sa segmentation.

Ces méthodes peuvent être intéressantes pour le foie dans la mesure où elles peuvent permettre à un réseau d'apprendre la segmentation des vaisseaux en IRM sans les vérités terrains associées (Fig. 3.9).



**Figure 3.9:** L'apprentissage couplé de la synthèse d'une modalité et de la segmentation associée permet à EssNet (*end-to-end synthesis and segmentation network*) de segmenter une modalité sans annotation manuelle. Travaux de Huo et al. [Huo+18].

### 3.2.3 Problématiques de la segmentation

Créer une chaîne de segmentation est une tâche complexe. Elle doit apporter des réponses efficaces à la fois à la gestion des artefacts d'acquisition des images, de l'apparence des organes à détecter et de l'extraction d'éléments sémantiques de haut niveau.

Pour les méthodes sans apprentissage profond, les solutions ont été apportées par l'élaboration de chaînes de traitements complexes. Ainsi, pour la segmentation des vaisseaux hépatiques,

Marcan et al. [Mar+14] proposent un pipeline de segmentation en 16 étapes mélangeant filtrage du bruit, sélection des éléments pertinents grâce à des masques et analyse des composantes connexes pour la segmentation des vaisseaux du foie. Goceri et al. [GSG17] proposent une méthode en 14 étapes alliant une partition en régions d'intérêt et un étirement du contraste (*contrast stretching*) afin de différencier vaisseaux hépatiques des tissus du foie.

Pour l'apprentissage profond, cette complexité se retrouve au niveau de la construction de l'architecture du réseau et de la construction de la base de donnée. Toutefois, si l'on veut effectuer nos traitements en 3D afin de tirer parti de l'ensemble de la géométrie des vaisseaux, les ressources physiques nécessaires deviennent rapidement un goulot d'étranglement.

Malgré une littérature dense pour la segmentation vasculaire, illustrée dans les revues de Lesage et al. [Les+09], Tankyevych et al. [Tan+11] et Moccia et al. [Moc+18] il n'est pas facile de juger de l'efficacité d'une méthode de segmentation par rapport à une autre. Cette difficulté s'illustre dans les tableaux comparatifs de l'état de l'art conduit par Moccia et al. (Fig. 3.10) qui montrent plusieurs problèmes. Premièrement, il existe une disparité dans les

**Table 6**  
Summary of supervised blood vessel segmentation algorithms (for performance indexes refer to Table 3). CT: Computed Tomography, CTA: Computer Tomography Angiography, MRA: Magnetic Resonance Angiography, US: Ultrasound.

Method	Testing dataset	Synthetic data	Segmentation performance measure
Hanaoka et al. [31]	300 MRA volumes	No	ROC curve
Annunziata et al. [44]	140 Microscopy images	No	Precision-recall curve
Annunziata et al. [53]	50 images (IVCM database [151]) 1 image (BF2D database [152]) 1 image (VC6 database [152])	No	Visual, Precision-recall curve
Annunziata et al. [54]	50 images (IVCM database [151]) 1 image (BF2D database [152]) 1 image (VC6 database [152])	No	AUPRC = 0.91 AUPRC = 0.81 AUPRC = 0.84
Sironi et al. [32]	13 Microscopy images	No	Precision-recall curve
Sankaran et al. [34]	4697 CTA sections	No	AUC = 0.90, Se = 0.90, Sp = 0.85
Schaap et al. [35]	24 CTA (ROTTERDAM database [144])	No	OV = 0.97, OF = 0.72 OT = 0.97
Merkow et al. [33]	93 MRI and CT volumes (OSMSC database)	No	Precision-recall curve, PPV = 0.42
Nekovei et al. [37]	1 CT volume	No	Acc = 0.92
Prentasvic et al. [51]	80 CT volumes	No	Acc = 0.83, ROC curve
Zheng et al. [36]	14 CT volumes	No	FPrate, Se
Chu et al. [39]	6 X-ray fluoroscopic images	No	Visual
Rodrigues et al. [61]	48 OCT volumes	No	Acc = 0.98, Se = 0.81, Sp = 0.99, Connectivity = 0.98, Area = 0.91, Length = 0.88, $\kappa$ = 0.85
Smistad et al. [38]	15 US Femoral images 2 US Carotid images	No	Acc = 0.94 Acc = 0.96
Fraz et al. [57]	28 images (CHASE [138])	No	Se = 0.74, Sp = 0.98, Acc = 0.96
Wu et al. [52]	20 images (DRIVE database [68])	No	AUROC = 0.97
Ganin et al. [58]	20 images (DRIVE database [68])	No	AUROC = 0.89
Orlando et al. [59]	20 images (DRIVE database [68])	No	Se = 0.78, Sp = 0.97
Becker et al. [60]	20 images (DRIVE database [68])	No	Precision-recall curve
Lahiri et al. [43]	20 images (DRIVE database [68])	No	AUROC = 0.96
Luo et al. [46]	20 images (DRIVE database [68])	No	Acc = 0.95, Se = 0.75
Dasgupta et al. [41]	20 images (DRIVE database [68])	No	Acc = 0.95, Se = 0.75
Lupascu et al. [65]	20 images (DRIVE database [68])	No	Se = 0.67, Sp = 0.99, Acc = 0.96, AUROC = 0.96

**Figure 3.10:** Table partielle tirée de Moccia et al. [Moc+18] récapitulant les résultats de différentes méthodes de segmentation des vaisseaux. Elle illustre la diversité des jeux de données et des méthodes d'évaluations.

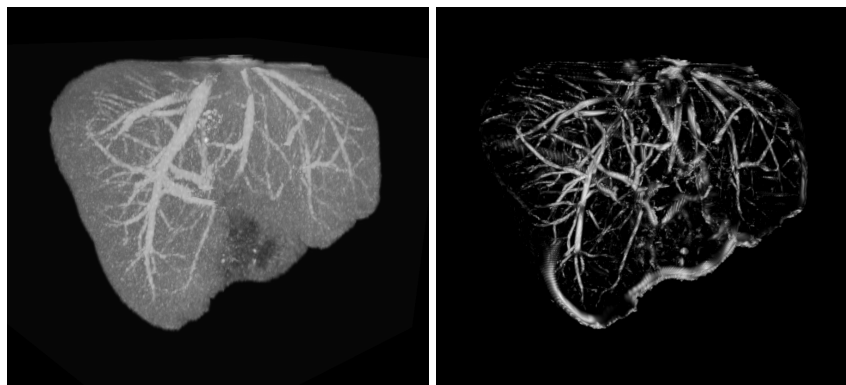
métriques de comparaisons. Certains articles utilisent les métriques standard de classification : précision (*precision*), justesse (*accuracy*), sensibilité, spécificité. D'autres travaux utilisent des métriques de recouvrement comme le Dice ou les coefficients de corrélation de Matthew (MCC) et d'autres des opérateurs intégraux de type *Area Under Curve* (AUC) ou *Receiving Operator* (ROC). Les résultats de certaines méthodes sont mêmes parfois simplement évalués visuellement par des experts.

Deuxièmement, il y a une hétérogénéité dans les jeux de données. Entre deux articles, il peut y avoir de grandes différences sur le nombre d'images utilisées, les modalités d'acquisition et leur disponibilité. Cette disparité est plus marquée pour les volumes 3D. Des contre-exemples existent comme pour l'imagerie du fond de l'œil (fundus) qui disposent de trois jeux de données annotés qui font référence (DRIVE, STARE, CHASE). L'accessibilité de ces jeux de données annotés est en partie responsable du grand nombre d'articles les utilisant.

Troisièmement, il est difficile de juger les bénéfices de chaque bloc algorithmique dans une chaîne de segmentation. Une étude ablative, comme on le ferait sur les réseaux de neurones, dans laquelle chaque bloc est retiré afin d'étudier sa performance n'est pas forcément possible. Il est donc complexe de juger si les gains obtenus par une méthode sont atteints grâce à sa modélisation du problème, l'utilisation de caractéristiques particulièrement pertinentes, de la métrique permettant une segmentation efficace ou simplement de la paramétrisation judicieuse de l'algorithme.

En étudiant plus en détail les blocs algorithmiques utilisés pour la segmentation vasculaire traditionnelle, une famille de filtres est utilisée régulièrement en amont des chaînes de traitement. Leur positionnement en fait un élément clé qui conditionne la suite de la segmentation. Ces filtres ont aussi la possibilité d'être appliqués sur les données d'entrée pour l'apprentissage profond. Une étude de leurs propriétés nous paraissait donc pertinente comme un premier pas vers la construction d'un algorithme de segmentation.

### 3.3 Modélisation des filtres de rehaussement



**Figure 3.11:** Exemple de filtre de rehaussement de vaisseaux. À droite, un foie en MIP, à gauche les vaisseaux rehaussés. La plupart des vaisseaux inclus dans l'intervalle d'échelles sélectionnés sont conservés. Des artefacts de bruit et de bords sont observables.

Les filtres de rehaussement de vaisseaux cherchent à isoler et améliorer le signal des structures géométriques associées à des vaisseaux (Fig. 3.11). Ces filtres répondent pour tout ou partie aux objectifs suivants :

- détecter les structures vasculaires ;
- différencier les structures vasculaires des autres structures ;

- filtrer les autres structures afin de ne garder que les vaisseaux ;
- améliorer le signal des vaisseaux.

Les filtres de rehaussement de vaisseaux reposent sur quatre principes : une modélisation des vaisseaux, un espace d'échelles, un descripteur de structure et une mesure de similarité entre le modèle des vaisseaux et la géométrie mesurée. Ces quatre principes reposent sur des observations effectuées directement à partir des images.

**Modélisation des vaisseaux** On observe que les vaisseaux sont de longues structures pleines et tortueuses dont la géométrie varie en taille et en courbure. C'est pourquoi la modélisation la plus populaire est d'assimiler les vaisseaux à des structures tubulaires. Les réseaux vasculaires sont formés par la connexion de structures tubulaires qui produisent alors un embranchement. On parle de bifurcations lorsqu'un vaisseau principal se divise en deux branches, trifurcations en trois et N-furcations dans le cas général. Dans la suite de ce manuscrit, nous effectuons un abus de langage en nommant "bifurcations" l'ensemble des furcations, puisque c'est le cas le plus couramment rencontré. Des hypothèses sont aussi faites sur l'intensité des vaisseaux. Selon les modalités, les vaisseaux peuvent apparaître noirs sur fond plus clair (IRM en phase T1, angiogramme) ou blancs sur fond plus foncé (IRM en phase T2, injection d'agent de contraste). Les hypothèses sont interchangeables, car on peut tout à fait inverser les niveaux de gris de l'image pour passer d'une hypothèse à l'autre. Pour la suite, nous prenons l'hypothèse que les vaisseaux sont clairs sur fond plus sombre.

**Espace d'échelles** Dans un réseau vasculaire, les plus gros vaisseaux peuvent faire plusieurs dizaines de voxels de diamètre tandis que les vaisseaux observables les plus fins peuvent atteindre les limites de la résolution des capteurs et mesurer jusqu'à un voxel de diamètre. La détection d'un réseau vasculaire dans sa totalité implique de détecter des vaisseaux de différentes tailles. Il n'est cependant pas envisageable de réécrire un algorithme pour chaque taille de vaisseaux ; c'est pourquoi des cadres théoriques, appelés *espaces d'échelles* ont été formulés. Ces espaces d'échelles permettent d'établir un cadre uniforme pour sélectionner les structures d'une image à une échelle donnée. Trois espaces d'échelles sont couramment associés au rehaussement vasculaire dans la littérature : l'espace d'échelles gaussien, l'espace d'échelles de flux orienté et l'espace d'échelles granulométrique.

**Descripteurs de géométrie** Mesurer la similarité entre un modèle tubulaire théorique et une structure de l'image nécessite l'utilisation de descripteurs de géométrie. Ces descripteurs sont une représentation compacte, mesurable et locale des caractéristiques d'une structure. Le gradient (le taux de changement d'intensité), la courbure ou la saillance (capacité de la structure à se démarquer du fond) sont des exemples de caractéristiques. Dans la suite de ce chapitre, nous présentons les descripteurs dérivatifs, de phase et à base de flux orienté. Ces trois types de descripteurs ont la particularité d'être des descripteurs matriciels qui peuvent

être représentés de manière compacte. Nous présentons ensuite les éléments structurants tubulaires issus de la morphologie mathématique.

**Mesure de tubularité** Les mesures de tubularité permettent de déterminer le degré de tubularité d'un voxel par rapport à son voisinage local. Pour les descripteurs matriciels, nous verrons que cette mesure s'exprime comme une combinaison de valeurs propres. Pour les descripteurs de morphologie mathématique le degré de tubularité est principalement dicté par l'élément structurant. Nous verrons cependant un type d'éléments structurants pour lequel la mesure de tubularité repose sur un vote basé sur leurs orientations. Nous avons décrit les quatre principes sur lesquels reposent les filtres de rehaussement de manière indépendante. En pratique, ils sont tributaires les uns des autres à des degrés variables. Par exemple, les descripteurs dérivatifs utilisés avec un espace gaussien peuvent être remplacés par des descripteurs de phase sans difficulté. Ils ne sont cependant pas compatibles avec un espace d'échelles de flux. La morphologie mathématique propose une approche fondamentalement différente, plus proche du *pattern matching*, dans laquelle l'élément structurant est au cœur de l'espace d'échelles et de la description des structures. Dans la suite de ce chapitre, nous présentons les différents composants des filtres de rehaussement tels que présentés dans la table 3.1 en commençant par les filtres matriciels puis morphologiques.

**Table 3.1:** Composants des filtres de rehaussement et leurs affinités. Certains composants des méthodes matricielles sont interchangeables, mais ils ne sont pas compatibles avec les méthodes à base de morphologie mathématique.

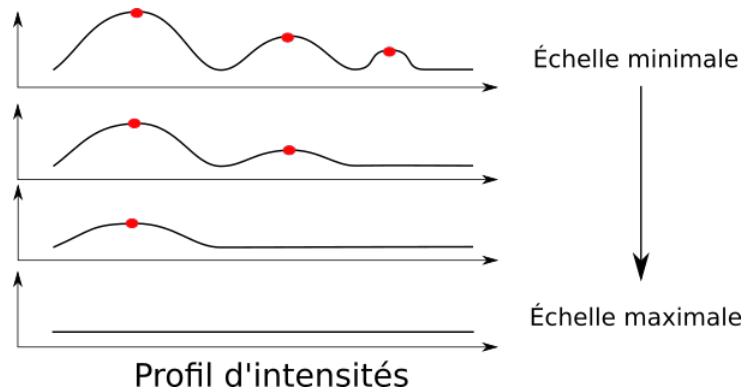
Méthodes matricielles		
Espace d'échelles	Type de descripteur	Mesure de tubularité
Gaussien	Dérivation	Combinaisons de valeurs propres
	Phase	
Flux	Flux orienté	
Méthode par morphologie mathématique		
Espace d'échelles	Type de descripteur	Mesure de tubularité
Granulométrie	Élément structurant	Élément structurant Vote sur les orientations

### 3.3.1 Filtres basés descripteurs matriciels

Dans cette section, nous présentons d'abord l'espace d'échelles gaussien puis les descripteurs dérivatifs et de phase qui lui sont associés. Nous présentons ensuite l'espace d'échelles de flux et le descripteur de flux orienté. Nous passons ensuite en revue les différentes mesures de tubularité applicables aux descripteurs matriciels.

### 3.3.1.1 Espace d'échelles gaussien

La théorie de l'espace d'échelles gaussien a été introduite par Lindeberg et al. [Lin94]. Dans cette théorie, à l'échelle la plus basse, la totalité des structures sont présentes et les détails les plus fins sont conservés. Au fur et à mesure que l'échelle augmente, les détails sont lissés pour ne laisser que les maxima locaux correspondant aux formes les plus grandes. Ainsi, l'échelle minimale correspond à l'image initiale et l'échelle maximale correspond à une image moyennée uniforme (Fig. 3.12). Lindeberg a aussi montré que les noyaux gaussiens (Eq. 3.1) étaient les seuls noyaux permettant de passer d'une échelle fine à une échelle grossière sans provoquer l'apparition de nouvelles structures. Au demeurant, un principe identique a été observé dans le fonctionnement de la vision humaine. La sélection de l'échelle dans



**Figure 3.12:** Lissage gaussien, les structures de taille égales ou supérieures à  $\sigma$  sont conservées. Au fur et à mesure que le lissage augmente, les maxima locaux (rouge) disparaissent progressivement, laissant place à une image uniforme.

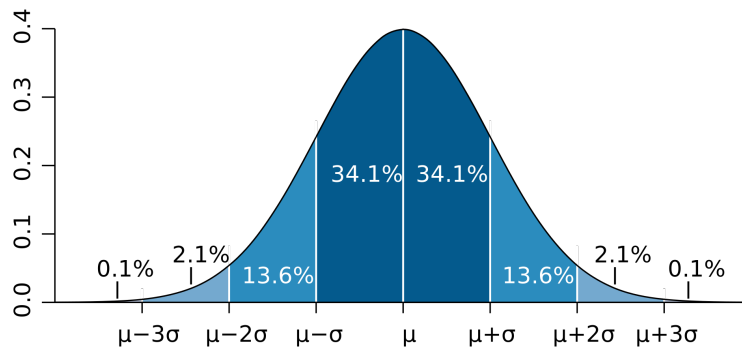
un espace gaussien se fait par le choix de l'écart-type  $\sigma$  de la gaussienne  $G_\sigma$  (Fig. 3.13, Eq. 3.1). L'écart-type peut-être défini indépendamment en fonction des axes, mais on considère habituellement un espace d'échelles avec un lissage uniforme dans toutes les directions :

$$\sigma = \sigma_x = \sigma_y = \sigma_z.$$

$$G_\sigma(x, y, z) = \frac{1}{(\sigma\sqrt{2\pi})^3} \exp\left(-\frac{x^2 + y^2 + z^2}{2\sigma^2}\right) \quad (3.1)$$

Il convient de noter que pour un  $\sigma$  donné, le diamètre des structures n'est pas supérieur ou égal à  $\sigma$ , mais plutôt supérieur ou égal à  $\alpha\sigma$ . En effet, en empruntant le formalisme des statistiques, l'intervalle de confiance, c'est-à-dire la couverture d'une distribution normale, correspond pour  $\sigma = 1$  à 34.1 %, 68 % pour  $\sigma = 2$  et 99.7 % pour  $\sigma = 3$  de la surface de la gaussienne. Ainsi, pour  $\sigma = 1$  on détectera en théorie des objets de rayon  $3\sigma$  et de diamètre  $6\sigma$ .

En pratique l'espace gaussien se calcule par convolution de l'image  $I$  avec un noyau gaussien  $G_\sigma$  d'écart-type  $\sigma$ . Il se prête particulièrement bien à la modélisation des vaisseaux. En effet, la formulation de la gaussienne correspond bien à l'effet combiné des hypothèses de vaisseaux cylindriques et des observations de la diminution d'intensité des vaisseaux au fur et à mesure que l'on s'éloigne de leur centre. Pour un vaisseau de diamètre  $3\sigma$ , les maxima locaux se situent le long de sa ligne centrale. La justesse de cette hypothèse varie cependant en fonction



**Figure 3.13:** Densité de probabilité d’une distribution normale exprimée en pourcentage en fonction de la moyenne  $\mu$  et de l’écart type  $\sigma$ . 99.7 % des valeurs sont comprises dans l’intervalle  $[\mu - 3\sigma, \mu + 3\sigma]$ . Pour un vaisseau, on peut donc prendre hypothèse que la relation entre son diamètre  $D$  et la gaussienne de l’espace d’échelles est  $D = 6\sigma$ .<sup>1</sup>

des modalités et de l’agent de contraste, le flux sanguin étant parfois laminaire et dans d’autres situations turbulent. La gaussienne se prête aussi très bien à une analyse locale de la géométrie basée sur la dérivation. Elle assure en effet les hypothèses de continuité du support de l’image et permet de combiner lissage et dérivation de l’image en une seule étape par dérivation du noyau gaussien. Les propriétés d’associativité et de commutativité de la convolution rendent possible cette opération :

$$\frac{\partial}{\partial v} [I(v) * G(v)] = \frac{\partial}{\partial v} * I(v) * G(v) \quad (3.2)$$

$$= I(v) * \frac{\partial}{\partial v} * G(v) \quad (3.3)$$

$$= I(v) * \left[ \frac{\partial}{\partial v} G(v) \right] \quad (3.4)$$

Enfin, le lissage a l’avantage d’apporter une certaine robustesse au bruit et de compenser la perte locale de signal.

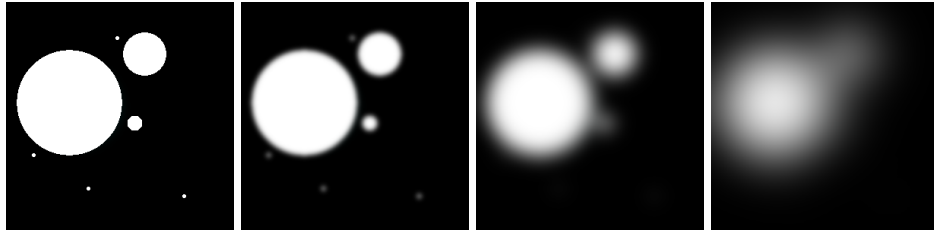
L’espace gaussien présente cependant des défauts. Le lissage de l’image implique nécessairement un étalement de toutes les structures qui peuvent par conséquent cacher des formes voisines de plus petite taille. Ce phénomène est particulièrement observé lorsque plusieurs échelles sont étudiées. De même, deux structures adjacentes de même taille peuvent fusionner, et ainsi créer une seule réponse, là où deux objets existaient initialement (Fig. 3.14).

### 3.3.1.2 Descripteurs associés à l’espace gaussien

#### 3.3.1.2.1 Descripteurs dérivatifs

Les descripteurs dérivatifs permettent de décrire les variations d’intensité autour d’un voxel. Les descripteurs du premier degré décrivent la vitesse de variation des intensités autour

1. Source : [https://en.wikipedia.org/wiki/Normal\\_distribution](https://en.wikipedia.org/wiki/Normal_distribution)



**Figure 3.14:** De gauche à droite, lissage de plus en plus fort par un noyau gaussien. On observe un débordement du signal des structures larges sur les structures de plus petite taille. Ce débordement peut parfois déplacer les maxima locaux vers des points selle.

d'un voxel. Le vecteur  $G$  des dérivées partielles est appelé gradient (Eq. 3.5). Une matrice alternative  $S$ , le tenseur de structure (Eq. 3.6), lui est quelquefois substituée [Men+09].

$$G(I) = \begin{bmatrix} \Delta x \\ \Delta y \\ \Delta z \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\partial I}{\partial v_1} \\ \frac{\partial I}{\partial v_2} \\ \frac{\partial I}{\partial v_3} \end{bmatrix} \quad (3.5)$$

$$S(I) = \begin{bmatrix} s_1 & s_2 & s_3 \\ s_1 & s_2 & s_3 \\ s_1 & s_2 & s_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \left(\frac{\partial I}{\partial v_1}\right)^2 & \frac{\partial I}{\partial v_1} \frac{\partial I}{\partial v_2} & \frac{\partial I}{\partial v_1} \frac{\partial I}{\partial v_3} \\ \frac{\partial I}{\partial v_2} \frac{\partial I}{\partial v_1} & \left(\frac{\partial I}{\partial v_2}\right)^2 & \frac{\partial I}{\partial v_2} \frac{\partial I}{\partial v_3} \\ \frac{\partial I}{\partial v_3} \frac{\partial I}{\partial v_1} & \frac{\partial I}{\partial v_3} \frac{\partial I}{\partial v_2} & \left(\frac{\partial I}{\partial v_3}\right)^2 \end{bmatrix} \quad (3.6)$$

avec  $v = (x, y, z)$ .

Pour les vaisseaux sanguins, qui peuvent être vu comme des maxima locaux étroits, la description de la courbure des intensités autour d'un voxel est plus pertinente. Cette courbure est décrite par la matrice des dérivées partielles secondes  $H$  : la matrice hessienne (Eq. 3.7).

Les valeurs propres et les vecteurs propres issus de la hessienne sont une représentation compacte des variations exprimées par la matrice. Les vecteurs propres permettent d'exprimer les directions principales de la courbure (pour la hessienne) et les valeurs propres expriment la force de la courbure pour chaque direction. Les valeurs propres et vecteurs propres de la hessienne permettent de quantifier l'orientation, le sens et l'amplitude du voisinage d'un point. L'utilisation des valeurs propres est explicité dans la section 3.3.1.5.

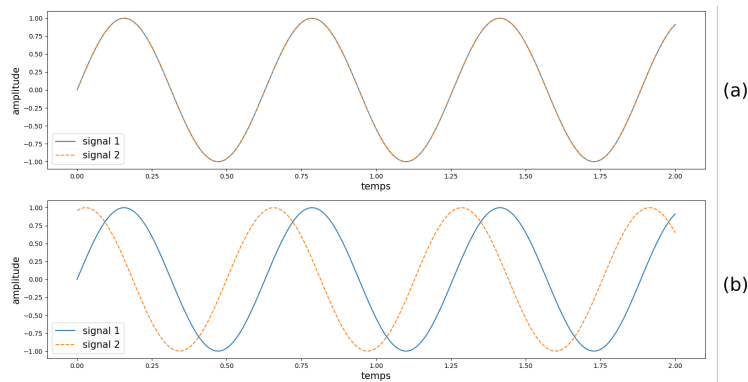
$$H(I) = \begin{bmatrix} h_{11} & h_{12} & h_{13} \\ h_{21} & h_{22} & h_{23} \\ h_{31} & h_{32} & h_{33} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\partial^2 I_x}{\partial v_1^2} & \frac{\partial^2 I_x}{\partial v_1 \partial v_2} & \frac{\partial^2 I_x}{\partial v_1 \partial v_3} \\ \frac{\partial^2 I_y}{\partial v_2 \partial v_1} & \frac{\partial^2 I_y}{\partial v_2^2} & \frac{\partial^2 I_y}{\partial v_2 \partial v_3} \\ \frac{\partial^2 I_z}{\partial v_3 \partial v_1} & \frac{\partial^2 I_z}{\partial v_3 \partial v_2} & \frac{\partial^2 I_z}{\partial v_3^2} \end{bmatrix} \quad (3.7)$$

### 3.3.1.2.2 Descripteurs de phase

Une image peut-être à la fois vue comme une matrice de pixels et comme un signal sinusoïdal discret en 2 ou 3 dimensions. La représentation sous forme de signal dépend de deux paramètres : l'amplitude, correspondant à l'intensité des pixels, et la phase correspond au

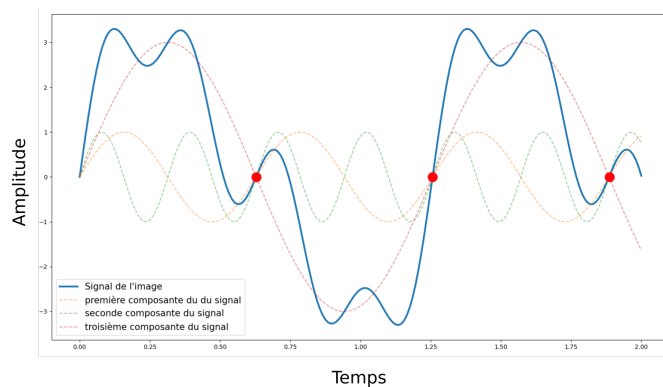


décalage temporel ou spatial de ce signal. En pratique on s'intéresse plutôt à la mesure de la différence de phase entre les périodes de deux signaux (Fig. 3.15). La phase est indépendante



**Figure 3.15:** (a) Signaux à phase et amplitude égale. (b) signaux à amplitude égale avec des phases différentes. La différence de phase mesure le décalage temporel entre les deux signaux.

de l'amplitude et n'est donc pas affectée par des changements d'intensité. Oppenhei et al. [OL81] démontrent l'importance de ces caractéristiques de l'image et montrent une correspondance avec le système visuel humain.



**Figure 3.16:** Décomposition de Fourier d'un signal. En certains points (rouge) la phase de chaque composante du signal est synchronisée. Ces points correspondent aux éléments saillants des images et sont indépendants des variations d'intensité (amplitude) de l'image. Le contraste de phase correspond à la mesure de la synchronisation des phases des composantes du signal.

Plusieurs constructions de filtres de rehaussement se basent sur cette propriété pour la détection des vaisseaux. Obara et al. [Oba+12] utilisent un tenseur de structure basé sur le contraste de phase (Fig. 3.16). Les valeurs propres de ce tenseur permettent ensuite d'exprimer une mesure de tubularité.

Ce tenseur est exprimé comme :

$$T_{PC} = \sum_o PC_o(p)(n_o n_o^T - \alpha I) \tag{3.8}$$

avec  $PC_o(x)$  la fonction de congruence de phase,  $n_\theta = [\cos(\theta), \sin(\theta)]^T$  le vecteur d'orientation  $o$ ,  $I$  le tenseur unitaire,  $\alpha = 1/(m - 1)$  avec  $m$  la dimension de  $I$ .  $PC(x)$  permet de

détecter les éléments saillants à la manière d'un détecteur de contours. En effet, une image vue comme un signal peut être décomposée comme un ensemble de signaux sinusoidaux. Les éléments saillants tels que les bordures ou les coins d'objets correspondent à une synchronisation, e.g congruence, de ces signaux pour un angle donné. La congruence de phase s'exprime par :

$$PC(x) = \max_{\theta \in [0, 2\pi)} \frac{\sum_{\omega} \alpha_{\omega} \cos(\theta_{\omega}(x) - \bar{\theta}(x))}{\sum_{\omega} \alpha_{\omega}} \quad (3.9)$$

Elle représente la variance de phase des différentes composantes sinusoidales  $\omega$  du signal au point  $x$ .  $\alpha_{\omega}$  correspond à l'amplitude de chaque composante  $\omega$ ,  $\theta_{\omega}(x)$  est la phase locale de la composante  $\omega$  à la position  $x$  et  $\bar{\theta}(x)$  est la moyenne pondérée des angles de phase de l'ensemble des composantes sinusoidales au point  $x$  [Kov00]. Lorsque les phases des signaux sont égales,  $PC(x) = 1$ . En pratique, cette définition est complexe à implémenter. On lui préfère la mesure d'énergie locale qui s'approxime avec des filtres de Gabor ou des ondelettes. Ces filtres sont basés sur des gaussiennes dont on peut contrôler l'échelle comme un espace gaussien.

Enfin, ces filtres sont dépendants du nombre d'orientations échantillonnées  $\omega$ . En pratique entre 6 et 10 échantillons régulièrement espacés suffisent en 2D.

### 3.3.1.3 Espace d'échelles de flux

Comme nous l'avons vu dans la section 3.3.1.1, l'espace d'échelles gaussien peut provoquer des débordements de structures sur d'autres, plus petites. On peut limiter ce problème en utilisant un cadre différent, celui de l'analyse des flux.

Si l'on considère un champ de vecteur  $V$ , par exemple un champ de gradient pour une image, on définit le flux (Eq. 3.10) passant à travers une surface  $S$ , orienté par sa normale  $\vec{n}_s$ , comme l'intégrale de la somme du produit scalaire entre le champ de gradient  $\vec{v}$  et la normale à la surface  $\vec{n}$ .

$$flux_S = \int_S \langle \vec{v}, \vec{n} \rangle dS \quad (3.10)$$

Le calcul du flux s'applique à la surface d'un objet fermé dont les frontières sont clairement définies. On évite donc, par construction, le débordement observé avec l'espace gaussien. Les structures en forme de disques, de sphères [LC08] ou de cylindres [WC19] sont utilisées pour la détection des vaisseaux. Dans ce contexte, l'échelle est définie par la taille de la surface sur laquelle est calculée le flux. Pour un disque et une sphère, le paramètre d'échelle correspond donc au diamètre de l'objet. Cette formulation de l'échelle diffère des méthodes précédentes, car les objets tubulaires ne sont détectés que pour une échelle donnée, là où les deux autres techniques conservent les objets à l'échelle donnée et aux échelles supérieures. Elle a aussi l'avantage de limiter l'analyse du flux à la surface de la sphère et donc de produire une réponse qui ne déborde pas.

Afin de garantir une précision constante du calcul du flux, il est nécessaire d'échantillonner la surface de la sphère à intervalle réguliers et constants peu importe la taille de  $S$ . Plus

l'échelle sélectionnée est grande, et donc plus la surface de la sphère est grande, plus le nombre d'échantillons requis est important. Cette contrainte fait croître le coût en calcul proportionnellement à la taille de la sphère. Law et al. [LC09] proposent une formulation élégante du calcul de flux dans le domaine de Fourier afin de réduire drastiquement le temps de calcul par rapport à l'implémentation naïve. Pour y parvenir, ils proposent d'exprimer le calcul de flux sous la forme d'une convolution dans le domaine temporel. L'avantage de la convolution est double : on évite l'étape d'échantillonnage sur la surface et la convolution s'exprime comme une multiplication dans le domaine de Fourier. On peut exprimer le calcul de flux en termes de volume et non plus en termes de surface grâce au théorème de la divergence qui établit une égalité entre le flux à la surface d'un objet et le flux à l'intérieur de son volume. Ainsi :

$$flux_C = \int_{\partial C} \langle \vec{v}, \vec{n} \rangle d\rho \equiv \int_C \Delta I d\nu \quad (3.11)$$

Plus précisément la forme continue du flux  $f_s$  est définie par :

$$f_s(x, y, z) = \int_{\partial R_s} \vec{v}(x+t, y+p, z+q) \cdot \vec{n}_{(t,p,q)} dA \quad (3.12)$$

avec  $R_s$  une région sphérique de rayon  $s$ ,  $dA$  une surface infinitésimale sur la surface  $\partial R_s$ ,  $\vec{n}_{(t,p,q)}$  le vecteur normal à  $dA$  à la position  $(t, p, q)$  et  $\vec{v}$  le gradient de l'image  $I$ .  $\vec{v}$  est obtenu à partir de l'image  $I$  lissée par un noyau gaussien (i.e.  $\vec{v} = \nabla(g * I)$ .) afin d'assurer la dérivabilité du signal de  $I$  comme explicité dans la section 3.3.1.2.1. Eq. 3.12 est équivalente à :

$$\begin{aligned} f_s(x, y, z) &= \int_{R_s} \vec{div}(\vec{v}(x+t, y+p, z+q)) dt dp dq \quad (3.13) \\ &= \int_{\omega} d_s(t, p, q) \vec{div}(\vec{v}(x+t, y+p, z+q)) dt dp dq \end{aligned}$$

où  $\omega$  est le domaine entier de l'image et  $d_s(t, p, q)$  correspond à la fonction porte sphérique de rayon  $s$  définie par :

$$d_s(x, y, z) = \begin{cases} 1, & \sqrt{x^2 + y^2 + z^2} \leq s \\ 0, & \text{sinon} \end{cases} \quad (3.14)$$

Ainsi,  $f_s(x, y, z)$  peut être reformulée sous forme de convolution :

$$\begin{aligned} f_s(x, y, z) &= \int_{\omega} d_s(t, p, q) \vec{div}(\vec{v}(x+t, y+p, z+q)) dt dp dq \quad (3.15) \\ &= \int_{\omega} d_s(t, p, q) (\Delta(g * I(x+t, y+p, z+q))) dt dp dq \\ &= \int_{\omega} d_s(-t, -p, -q) (\Delta(g * I(x+t, y+p, z+q))) dt dp dq \\ &= I(x, y, z) * d_s * \Delta g \\ &= I * h_s(x, y, z) \end{aligned}$$

avec  $*$  l'opérateur de convolution,  $\Delta$  l'opérateur laplacien. L'équation 3.16 exprimée dans le domaine de Fourier donne :

$$\begin{aligned} FFT(I * h_s(x, y, z)) &= FFT(I) \cdot FFT(h_s(u, v, w)) \\ &= FFT(I) \cdot FFT(ds(u, v, w)) \cdot (j2\pi)^2 \left( \left( \frac{u}{N_x} \right)^2 + \left( \frac{v}{N_y} \right)^2 + \left( \frac{w}{N_z} \right)^2 \right) \\ &\quad \cdot \exp\left(-\left( \left( \frac{u}{N_x} \right)^2 + \left( \frac{v}{N_y} \right)^2 + \left( \frac{w}{N_z} \right)^2 \right) 2(\pi\sigma)^2 \right) \end{aligned} \quad (3.16)$$

avec  $N_x$ ,  $N_y$  et  $N_z$  les dimensions de l'image le long respectivement des axes  $x$ ,  $y$  et  $z$ .

### 3.3.1.4 Descripteurs associés à l'espace d'échelles de flux

#### 3.3.1.4.1 Flux orienté sphérique

La structure utilisée pour le calcul de flux orienté sphérique est une sphère  $S_r$  de rayon  $r$ . Une matrice  $Q$  qui décrit la géométrie locale au niveau de la sphère est calculée à partir du champ de gradient sortant de la surface de la sphère  $S_r$ . Les auteurs formulent ainsi un problème d'optimisation cherchant à trouver une direction de projection optimale  $\hat{\rho}$  qui minimise le flux entrant dans la sphère. Cette formulation est définie par :

$$f(x; r, \hat{\rho}) = \int_{\delta S_r} ((v(x + r\hat{n}) \cdot \hat{\rho}) \hat{\rho}) \cdot \hat{n} dA = \hat{\rho}^T Q_{r,x} \hat{\rho}$$

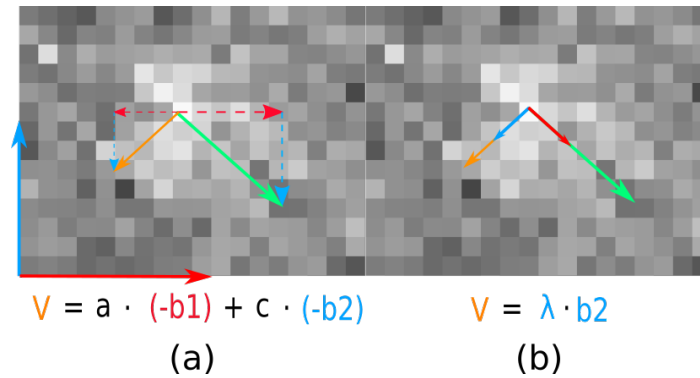
où  $v(\cdot)$  correspond au gradient de l'image à la position ".",  $dA$  est une zone infinitésimale sur la surface  $\delta S_r$  et  $\hat{n}$  la normale unitaire orientée vers l'extérieur de la sphère  $\delta S_r$ . Les  $i^{\text{ème}}$  ligne et  $j^{\text{ème}}$  colonne de  $Q$  sont définies par :

$$q_{r,x}^{i,j} = \int_{\delta S_r} v_i(x + r\hat{n}) n_j dA$$

En pratique, le flux entrant est minimal quand le flux sortant est maximisé, c'est-à-dire lorsque la sphère est positionnée au centre d'un vaisseaux. Dans ce cas, l'orientation optimale de projection correspond à la direction de la ligne centrale du vaisseau. Les valeurs propres de la matrice résultante peuvent être exploitées comme celles de la matrice hessienne. Law et al. [LC08] définissent d'ailleurs une relation d'équivalence entre  $Q$  et la matrice hessienne.

#### 3.3.1.5 Mesures de tubularité

Basées sur les espaces d'échelles et les descripteurs matriciels vu précédemment, plusieurs mesures de tubularité ont été proposées dans la littérature. Nous n'évoquerons ici que le cas de la hessienne, puisque nous avons vu que la matrice de flux orienté  $Q$  lui était équivalente. Les mesures de tubularité reposent sur une représentation condensée de ces matrices : les vecteurs propres et les valeurs propres.



**Figure 3.17:** À gauche, vecteurs de variation des intensités exprimés en fonction de la base de l'image. À droite, même représentation sous la forme de vecteurs propres et de valeurs propres. La représentation avec les vecteurs propres simplifie la description du voisinage sans perte d'information.

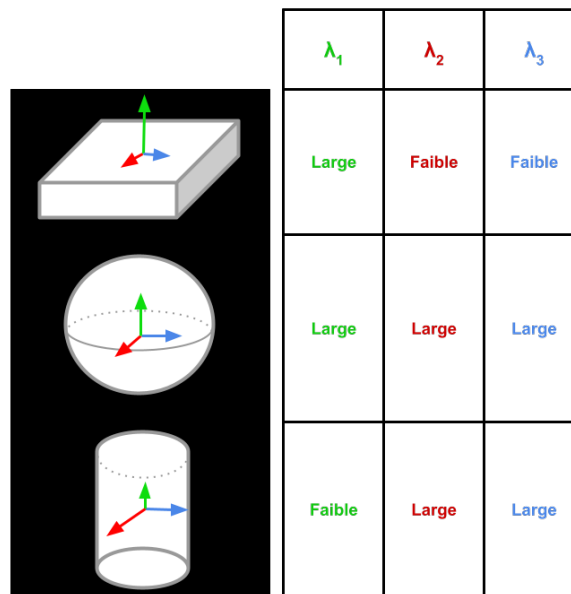
La matrice hessienne telle que nous l'avons formulée est exprimée par rapport aux axes  $x$ ,  $y$  et  $z$  de l'image. Les vecteurs propres forment une base vectorielle orthogonale différente de la base utilisée dans la matrice hessienne. Les vecteurs propres sont ainsi orientés dans les directions principales des variations de courbure d'intensité du voisinage d'un voxel. Les valeurs propres sont des facteurs d'homothétie des vecteurs propres et correspondent à la force de la variation de courbure des intensités dans le sens du vecteur propre associé (Fig. 3.17).

Lorsqu'ils sont calculés sur un voxel appartenant au centre d'une structure tubulaire les vecteurs propres prennent un alignement spécifique. Le vecteur  $v_1$  associé à la valeur propre  $\lambda_1$  est orienté dans la direction principale du tube (Fig. 3.18). Pour des vaisseaux, cette direction correspond à la direction de circulation du sang. Les deux autres vecteurs propres  $v_2$  et  $v_3$  sont orthogonaux à  $v_1$  et forment les axes majeurs et mineurs de l'ellipse qui compose la coupe transversale de la structure tubulaire. De ce fait, le degré de tubularité d'un objet peut-être directement exprimé grâce aux valeurs propres  $\lambda_1$ ,  $\lambda_2$ ,  $\lambda_3$  associées aux vecteurs propres  $v_1$ ,  $v_2$ ,  $v_3$ .

Soit les valeurs propres  $\lambda_1$ ,  $\lambda_2$ ,  $\lambda_3$  tels que  $|\lambda_1| \leq |\lambda_2| \leq |\lambda_3|$ . La tubularité peut s'exprimer de la manière suivante [Lor+97] :

$$\begin{aligned} \lambda_1 &\approx 0 & (3.17) \\ \lambda_1 &\ll \lambda_2 \\ \lambda_2 &\approx \lambda_3 \end{aligned}$$

Dans la direction de  $v_1$  qui correspond à la direction du tube, l'intensité reste relativement constante (i.e.  $\lambda_1 \approx 0$ ). Dans le plan de la coupe transversale du tube, l'intensité décroît rapidement au fur et à mesure que l'on s'éloigne du centre du vaisseaux (i.e.  $\lambda_1 \ll \lambda_2$ ). Enfin, la coupe transversale des vaisseaux est assimilée à une ellipse quasi circulaire (i.e.  $\lambda_2 \approx \lambda_3$ ).



**Figure 3.18:** Poids des valeurs propres en fonction de la forme de la géométrie locale. On distingue trois grands types de géométrie : les plateaux, les sphères et les tubes.

L'équation 3.17 est la définition idéale d'une structure tubulaire. En pratique, la géométrie d'un réseau vasculaire est complexe. Elle est composée d'un mélange de géométries tubulaires, planaires et sphériques à des degrés divers. Ces structures possèdent parfois des propriétés proches d'élément que l'on ne veut pas rehausser. On peut citer le bruit composé de petites structures sphériques ou encore les bords planaires des organes.

Plusieurs mesures de tubularité ont donc été proposées dans la littérature afin de différencier au mieux les vaisseaux des autres types de structures. Nous présentons six d'entre elles dans la suite de cette section.

### 3.3.1.5.1 Sato

Sato *et al.* [Sat+98] sont parmi les premiers à s'appuyer sur la définition de la tubularité telle qu'exprimée équation 3.17. (N.B. : le tri des valeurs propres est légèrement différent pour Sato. On définit  $\lambda_i^*$  tel que  $\lambda_1^* \geq \lambda_2^* \geq \lambda_3^*$ .) Quand  $\lambda_2^*, \lambda_3^* < 0$ , le vecteur propre  $e_1^*$  associé à  $\lambda_1^*$  pointe dans la direction de la plus petite variation d'intensité, qui est aussi la direction du vaisseau. Dans ce cas, les vecteurs propres  $e_2^*$  et  $e_3^*$  forment une base orthogonale à  $e_1^*$  et correspondent à la coupe transversale du vaisseau. La taille des axes de la coupe des vaisseaux est proportionnelle à  $|\lambda_2^*|$  et  $|\lambda_3^*|$ .

Le filtre de rehaussement de Sato utilise un ratio asymétrique de valeurs propres pour obtenir une réponse forte sur les structures tubulaires, basé sur le signe de  $\lambda_1^*$ . Ce filtre a l'avantage

de lisser la réponse et de réduire le bruit. Deux paramètres  $\alpha_1$  et  $\alpha_2$  contrôlent la force de cette asymétrie :

$$F = \begin{cases} \lambda_c^* \exp\left(-\frac{\lambda_1^{*2}}{2(\alpha_1 \lambda_c^*)^2}\right) & \text{Si } \lambda_1^* \leq 0, \lambda_c^* \neq 0 \\ \lambda_c^* \exp\left(-\frac{\lambda_1^{*2}}{2(\alpha_2 \lambda_c^*)^2}\right) & \text{Si } \lambda_1^* > 0, \lambda_c^* \neq 0 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

avec  $\lambda_c^* = \min\{-\lambda_2^*, -\lambda_3^*\}$ .

### 3.3.1.5.2 Frangi

Une année plus tard, Frangi *et al.* [Fra+98] exploitent l'ensemble des valeurs propres afin de proposer un contrôle plus fin de la géométrie des structures rehaussés. Trois mesures sont dérivées des valeurs propres :

$$\begin{aligned} R_b &= |\lambda_1| / \sqrt{|\lambda_2 \lambda_3|} \\ R_a &= |\lambda_2| / |\lambda_3| \\ S &= \sqrt{\lambda_1^2 + \lambda_2^2 + \lambda_3^2} \end{aligned}$$

Ces mesures permettent de discriminer les blobs ( $R_b$ ), différencier les plateaux des structures en ligne ( $R_a$ ) et contrôler les structures de faible contraste en étudiant la norme de la hessienne ( $S$ ). Ces trois mesures sont unifiées dans une fonction de rehaussement :

$$F = \begin{cases} (1 - \exp(-\frac{R_a^2}{2\alpha^2})) \exp(-\frac{R_b^2}{2\beta^2})(1 - \exp(-\frac{S^2}{2C^2})), & \text{Si } \lambda_2 \text{ et } \lambda_3 \leq 0 \\ 0, & \text{sinon} \end{cases} \quad (3.18)$$

Cette fonction est contrôlée par trois paramètres  $\alpha, \beta, C$ , qui rendent complexe le paramétrage du filtre. Cette méthode est utilisée dans la plupart des applications de segmentation avec rehaussement.

### 3.3.1.5.3 Meijering

Meijering *et al.* [Mei+04] proposent un filtre pour la détection de neurites dans des images fluoroscopiques. Ils s'intéressent en particulier à rehausser les structures fines d'un ou deux voxels de large grâce à un filtre de détection de structures tubulaires dont l'élongation est maximisée. Cette méthode a ensuite été testée en 3D dans [Oba+12]. Le filtre repose sur une matrice hessienne modifiée  $H'(f)$  que nous définissons de la manière suivante :

$$H'(f) = \begin{bmatrix} \alpha h_{11} + h_{22} + h_{33} & h_{12} & h_{13} \\ h_{21} & \alpha h_{22} + h_{11} + h_{33} & h_{23} \\ h_{31} & h_{32} & \alpha h_{33} + h_{11} + h_{22} \end{bmatrix} \quad (3.19)$$

avec  $h_{ij}$  les dérivées partielles secondes dont les définitions ont été rappelées section 3.3.1.2.1.

Le paramètre  $\alpha$  est utilisé pour orienter le filtre afin que son élongation soit maximale dans une direction. Meijering avait prouvé pour le cas 2D que la valeur optimale de  $\alpha$  était  $-1/3$ . La preuve de la valeur optimale de  $\alpha$  pour le cas 3D, n'a jamais été explicitement documenté. Nous fournissons une preuve en annexe 8.1 pour le cas 3D et démontrons que le  $\alpha$  optimal est  $-2/3$ . Les trois valeurs propres de  $H'(f)$  sont exprimées en fonction de celles de  $H(f)$  comme :

$$\begin{aligned}\lambda'_1 &= \alpha\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 \\ \lambda'_2 &= \lambda_1 + \alpha\lambda_2 + \lambda_3 \\ \lambda'_3 &= \lambda_1 + \lambda_2 + \alpha\lambda_3\end{aligned}$$

La mesure de tubularité est alors :

$$F = \begin{cases} \lambda_{\max}/\lambda_{\min} & \lambda_{\max} < 0 \\ 0 & \lambda_{\max} \geq 0 \end{cases}$$

où  $\lambda_{\max} = \max\{\lambda'_1, \lambda'_2, \lambda'_3\}$  est calculé pour chaque voxel, et  $\lambda_{\min}$  est la valeur propre minimale parmi l'ensemble des valeurs propres calculées pour tous les pixels de l'image.

#### 3.3.1.5.4 OOF

Pour le flux orienté, Law et al. [LC08] proposent d'utiliser différentes combinaisons de valeurs propres. Dans le cas de leurs expériences sur des données réelles, ils utilisent la moyenne géométrique des valeurs propres de la coupe transversale des vaisseaux :

$$F = \begin{cases} \sqrt{|\lambda_2 \cdot \lambda_3|} & \lambda_2, \lambda_3 < 0 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

#### 3.3.1.5.5 Jerman

Jerman et al. [Jer+15b] ont proposé une fonction de rehaussement dont l'objectif est de renforcer le signal aux bifurcations tout en proposant un filtre plus simple à paramétrer que le filtre de Frangi. Le rehaussement proposé repose sur la mesure *volume aspect ratio*, utilisée pour détecter des tenseurs presque sphériques. La fonction est définie par :

$$F = \begin{cases} 0 & \lambda_2 \leq \text{ou } \lambda_\rho \leq 0 \\ 1 & \lambda_2 \geq \lambda_\rho/2 > 0 \\ \lambda_2^2(\lambda_\rho - \lambda_2)\left(\frac{3}{\lambda_2 + \lambda_\rho}\right)^3 & \text{sinon} \end{cases}$$



$\lambda_\rho$  est la version régularisée de la valeur propre  $\lambda_3$ , défini pour réduire la sensibilité du filtre aux régions peu contrastées :

$$\lambda_\rho = \begin{cases} \lambda_3 & \lambda_3 > \tau \max_x \lambda_3(x) \\ \tau \max_x \lambda_3(x) & 0 < \lambda_3 \leq \tau \max_x \lambda_3(x) \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

où  $\tau \in [0, 1]$ . Cette paramétrisation produit une réponse du filtre plus homogène, même pour des vaisseaux avec des profils non homogènes.

### 3.3.1.5.6 Zhang

Zhang et al. [Zha+18] proposent d'améliorer le rehaussement de Jerman dans le contexte de la segmentation de vaisseaux hépatiques, et plus particulièrement sur le foie masqué. Pour résoudre ce problème de réponses fortes sur les bords du foie, les auteurs proposent une classification à base de K-moyennes pour estimer les intensités moyennes des vaisseaux. Ils utilisent ensuite ces intensités moyennes pour paramétrer une fonction sigmoïde pour filtrer les autres tissus. De plus, ils modifient légèrement le rehaussement de Jerman  $F$  en ajoutant un terme multiplicatif  $1 - e^{-\frac{R_s^2}{2\gamma}}$  avec  $R_s = \sqrt{\lambda_1^2 + \lambda_2^2 + \lambda_3^2}$  et  $\gamma = \frac{\lambda_p}{3}$ .

## 3.3.2 Filtres basés morphologie mathématique

### 3.3.2.1 Espace d'échelles granulométrique

La granulométrie est l'étude des tailles des particules d'un échantillon. En chimie, on utilise par exemple la technique du tamisage. Elle permet, grâce à un tamis et une grille dont on contrôle la taille du maillage, de ne conserver que des particules dont la taille est trop grosse pour passer à travers le tamis. Un principe similaire est applicable en morphologie mathématique sur les images binaires et par extension en niveaux de gris. En morphologie mathématique, la forme et la taille du maillage du tamis sont exprimées par l'élément structurant.

#### 3.3.2.1.1 Érosion et dilatation

Deux opérations élémentaires, la dilatation et l'érosion, permettent de définir les opérations nécessaires pour construire un espace d'échelles morphologique. Les définitions qui vont suivre sont des opérations binaires relatives à des objets blancs sur fond noir.

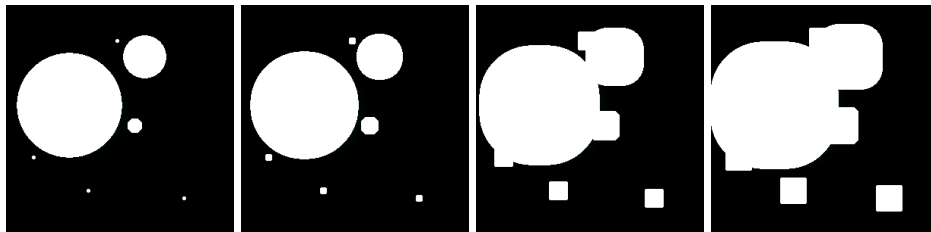
**Définitions** Soit deux ensembles  $A$  et  $B$  définis dans  $\mathbb{Z}^3$  tels que  $a = (a_1, a_2, a_3) \in A$  et  $b = (b_1, b_2, b_3) \in B$ .

Soit une image binaire  $I$  définie sur  $Z^3$  composé d'un ensemble blanc  $A$  sur fond noir. On appelle élément structurant un ensemble  $B_p$  avec  $p$  son ancre.  $p$  peut être défini en dehors de  $B$ , mais on préfère en général définir l'ancre comme étant le centre de l'élément structurant afin d'éviter la translation des structures de l'image.

**Dilatation** La dilatation d'un ensemble  $A$  par l'élément structurant  $B_p$  s'exprime par :

$$A \oplus B_p = \bigcup_{p \in A} B_p \quad (3.20)$$

La dilatation de  $A$  par  $B_p$  est l'union de toutes les translations de  $B_p$  tels que  $p$  soit inclus dans  $A$ . Cette opération permet de faire grossir une structure en fonction de la forme de  $B_p$  (Fig. 3.19).

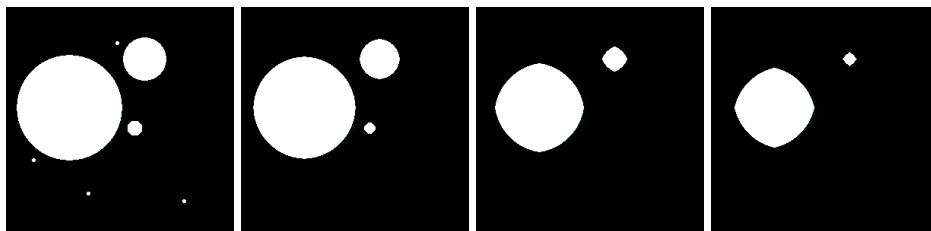


**Figure 3.19:** Exemple de dilatation par un élément structurant rectangulaire. La dilatation fait grossir les structures selon la forme de l'élément structurant.

**Érosion** L'opération complémentaire à la dilatation est l'érosion (Fig. 3.20) :

$$A \ominus B_p = \{p, B_p \subseteq A\} \quad (3.21)$$

L'érosion de  $A$  par  $B_p$  est l'ensemble de tous les points  $p$  tel que  $B_p$  est inclus dans  $A$ .



**Figure 3.20:** Exemple d'érosion avec un élément structurant rectangulaire. L'érosion peut faire disparaître des petites structures et érode les structures en fonction de la géométrie de l'élément structurant.

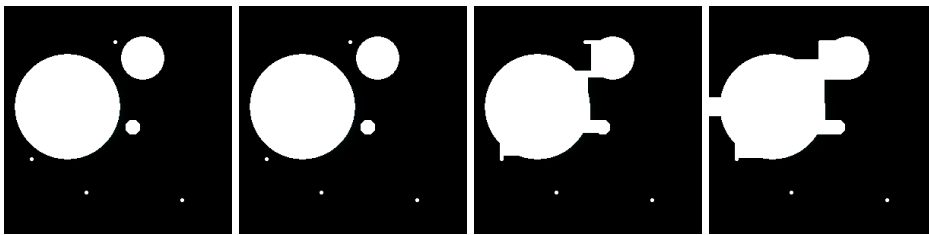
### 3.3.2.1.2 Fermeture et ouverture

À partir des opérations d'érosion et de dilatation, on peut définir des opérations composites : l'ouverture et la fermeture.

**Fermeture** La fermeture est définie comme la dilatation de  $A$  par  $B_p$  suivi de l'érosion du résultat par  $B_p$ .

$$A \bullet B_p = (A \oplus B_p) \ominus B_p \tag{3.22}$$

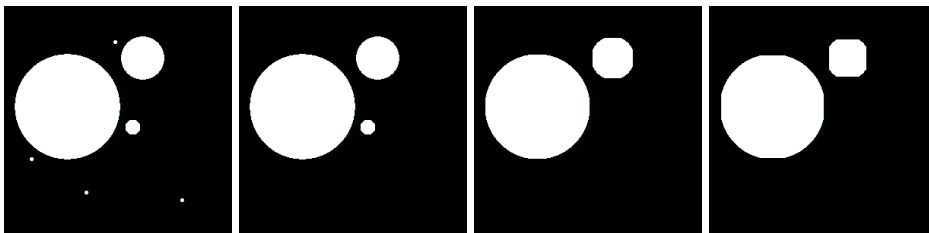
Cet opérateur est utilisé pour boucher les trous et les concavités dont la surface est inférieure à la surface de l'élément structurant (Fig. 3.21). L'érosion qui suit la dilatation permet d'assurer que la taille reste stable.



**Figure 3.21:** Exemple de fermeture par un élément structurant rectangulaire. La fermeture reconnecte des éléments adjacents en fonction de la géométrie de l'élément structurant.

**Ouverture** L'ouverture est définie comme l'érosion de  $A$  par  $B_p$  suivie de la dilatation du résultat par  $B_p$ .

$$A \circ B_p = (A \ominus B_p) \oplus B_p \tag{3.23}$$



**Figure 3.22:** Exemple d'ouverture. L'augmentation de la taille de l'élément structurant fait disparaître les structures dont la surface ne peut inclure l'élément structurant. L'espace d'échelles formé par une ouverture se comporte comme un espace d'échelles gaussien en conservant toutes les structures de tailles supérieures à la taille de l'élément structurant.

L'opérateur d'érosion est utilisé pour supprimer les structures et convexités de taille inférieure à la surface de l'élément structurant (Fig. 3.22). La dilatation qui suit l'érosion permet d'assurer que la taille des éléments reste stable. En utilisant l'ouverture, on peut définir un espace d'échelles qui se comporte comme un espace d'échelles gaussien. C'est-à-dire que plus la taille

de l'élément structurant augmente et plus on élimine des structures de grande taille. Cet espace ne souffre pas d'une fusion parasite des structures adjacentes.

### 3.3.2.1.3 Morphologie en niveaux de gris

Les opérations que nous avons définies jusqu'à maintenant sont applicables pour les images binaires. Pour des images de niveaux de gris les filtres *min* et *max* sont analogues à l'érosion et la dilatation binaire.

Ainsi la dilatation en niveaux de gris est définie pour chaque voxel à la position  $p$  par le maximum de la valeur des voxels  $p_x$  de l'image  $I$  compris dans la zone de l'élément structurant  $B_p$  :

$$I \oplus_{ng} B_p = \max_{p_x \in B_p} I(p_x) \quad (3.24)$$

L'érosion est définie pour chaque voxel à la position  $p$  par le minimum de la valeur des voxels  $p_x$  de l'image  $I$  compris dans la zone de l'élément structurant  $B_p$  :

$$I \ominus_{ng} B_p = \min_{p_x \in B_p} I(p_x) \quad (3.25)$$

Les opérations d'ouvertures et de fermetures sont définies de manière analogue aux ouvertures et fermetures binaires. La fermeture est définie par :

$$I \bullet B_p = (I \oplus_{ng} B_p) \ominus_{ng} B_p \quad (3.26)$$

L'ouverture est définie par :

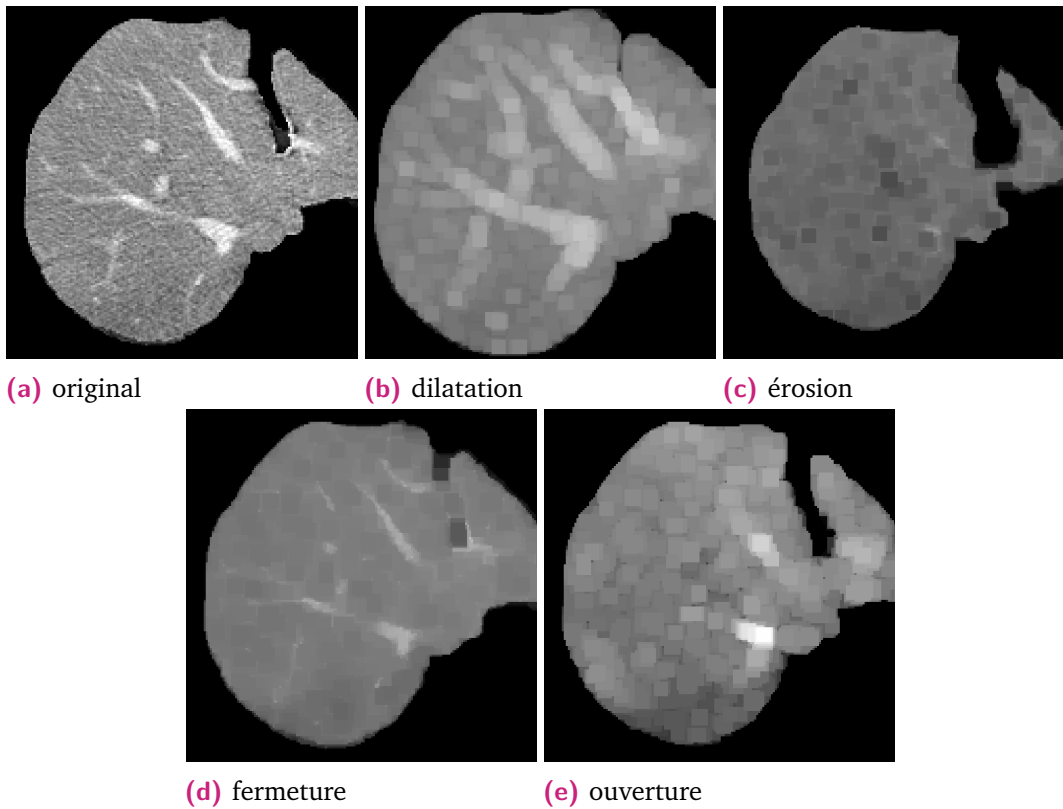
$$I \circ B_p = (I \ominus_{ng} B_p) \oplus_{ng} B_p \quad (3.27)$$

Ces opérations possèdent les mêmes propriétés que leur contrepartie binaire appliquée à l'intensité des voxels (Fig. 3.23). La taille de l'élément structurant joue le même effet de sélection de l'échelle des structures de l'image que dans le cas binaire.

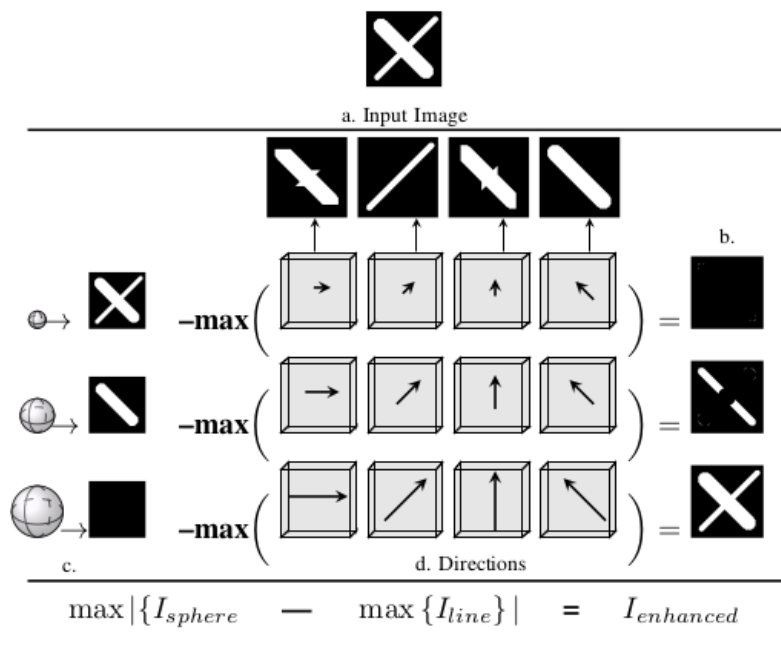
### 3.3.2.2 Descripteur de géométrie par éléments structurants

Pour le rehaussement des vaisseaux, on utilise une composition d'ouvertures dont les éléments structurants sont des boules et des cylindres. Les cylindres permettent de couvrir les parties curvilignes des vaisseaux, tandis que les boules couvrent les jonctions. Sazak et al. proposent un schéma de ce type en 2D [SNO19] et en 3D [SNO18] et comparent son efficacité relativement au rehaussement à base de tenseurs de phase et hessien. Cette méthode bien que simple à mettre en pratique, nécessite plusieurs itérations avec des rotations des éléments structurants afin de capturer toutes les orientations des structures tubulaires. Elle peut ainsi rapidement devenir coûteuse en 3D.

L'un des défauts de la méthode que nous venons d'exposer est le caractère fixe des éléments structurants qui ne permettent pas toujours de capturer les variations de formes des vaisseaux.



**Figure 3.23:** Opérateurs morphologiques appliqués aux images en niveaux de gris. L'élément structurant utilisé est un carré de  $3 \times 3$ .



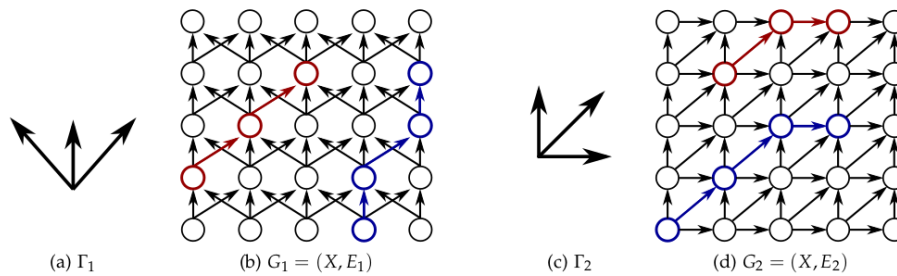
**Figure 3.24:** Bowler hat transform proposée par Sazak et al. [SNO18] La combinaison d'éléments sphériques et linéaires permet de capturer les structures curvilinéaires.

Hejimans et al. [HBT05] proposent une famille d'éléments structurants variables dont la forme est définie par une grille d'adjacences. Des améliorations successives de cet algorithme ont

été proposés : Cokelaer et al. [CTC12] proposent une version robuste au bruit en autorisant des discontinuités dans l'élément structurant, Van de Gronde et al. [GSR15] proposent une implémentation efficace de l'algorithme en  $O(N \log(L))$  avec  $N$  le nombre de pixels de l'image et  $L$  la taille du chemin. Enfin Merveille et al. [Mer+18] itèrent sur la méthode en proposant un classement de l'orientation des chemins afin de segmenter les vaisseaux dans des images 2D et 3D (Sec. 3.3.2.2.1).

### 3.3.2.2.1 RORPO

RORPO [Mer+18] est construit sur un espace d'échelles granulométrique défini par des ouvertures de chemins. Pour capturer les structures curvilinéaires, les éléments structurants sont définis comme des chemins sur une grille d'adjacence qui fournit un cadre flexible sur la géométrie des éléments à détecter (Fig. 3.25).



**Figure 3.25:** Illustration de relations d'adjacence permettant de définir les éléments structurants de RORPO. Cette relation est définie par rapport à un graphe  $G_i$  défini par un ensemble de nœuds  $E_i$  et d'arêtes  $E_i$ . L'ensemble des arêtes est défini selon un ensemble d'orientations spécifiques  $\Gamma_i$ . Les éléments structurants définis pour ces orientations détectent l'ensemble des structures de même nature orientées de la même manière.

Les ouvertures sont calculées avec des éléments structurants définis dans 7 orientations principales de l'espace 3D de manière à capturer les objets de différentes formes tels que les blobs, les structures linéaires et les plateaux. Une étape finale consiste à classifier les différentes formes en triant les orientations des éléments structurants. En effet, pour des objets tubulaires, tous les éléments structurants sont orientés dans la même direction. RORPO est complètement lié à son espace d'échelles (Sec. 3.3.2.1), contrairement aux mesures de tubularité basées sur des valeurs propres qui peuvent s'adapter à plusieurs espaces (gaussien, flux, phase).

## 3.3.3 Multi-échelle

Jusqu'à maintenant, nous avons présenté la manière de sélectionner une seule échelle en fonction de l'espace d'échelles choisi (gaussien, de flux ou granulométrique). Pour capturer l'ensemble des variations de tailles du réseau vasculaire, il suffit d'appliquer les filtres de tubularité sur un ensemble d'échelles, une à une. Les résultats de ces traitements sont rarement

exploités séparément. À la place, ils sont fusionnés dans une seule et même réponse grâce à un opérateur  $\max$ . Cet opérateur permet de récupérer pour un pixel donné la réponse maximale à travers l'ensemble des échelles.

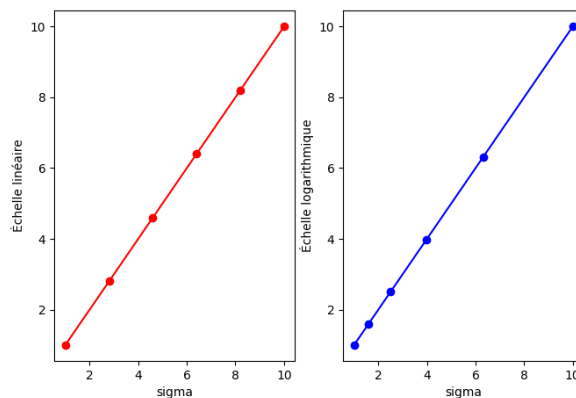
De manière explicite, le résultat du filtre de rehaussement  $R_{multi\acute{e}chelle}$  est défini comme le maximum des rehaussements  $R_p$  appliqués à l'image  $I$  à l'échelle  $p$  :

$$R(I)_{multi\acute{e}chelle} = \max_p R_p(I) \tag{3.28}$$

Le paramètre  $p$  dépend de l'espace d'échelles utilisé et correspond soit à  $\sigma$  pour l'espace gaussien, le rayon de la sphère de l'espace de flux et la taille de l'élément structurant pour l'espace granulométrique.

Cet opérateur peut provoquer un recouvrement des structures rehaussées par une structure adjacente ayant une réponse plus forte à un filtre. À notre connaissance, aucune publication ne propose de pondérer ou de hiérarchiser la réponse en fonction de la taille du noyau (gaussienne, élément structurant, sphère, etc.) de l'espace d'échelles.

Le choix de l'intervalle d'un espace multi-échelles est contrôlé par une borne inférieure, une borne supérieure et un nombre d'échelles dans cet intervalle. De manière naïve, on pourrait choisir d'espacer les échelles linéairement sur l'intervalle. Pour les vaisseaux, plus ceux-ci sont fins et plus leur nombre augmente. Il est donc nécessaire de consacrer un plus grand nombre de petites échelles et un nombre plus réduit de grandes échelles pour capturer efficacement l'ensemble des réseaux vasculaires. On préfère donc utiliser un espace d'échelles logarithmique à un espace d'échelles linéaire (Fig. 3.26).



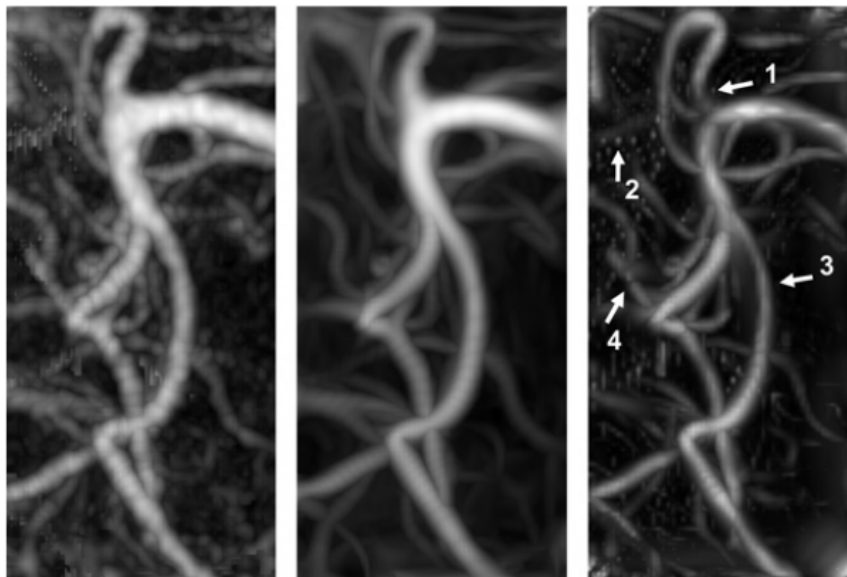
**Figure 3.26:** Représentation de l'espace gaussien dans lequel  $\sigma$  est le paramètre d'échelle. Espace d'échelles linéaire vs. espace d'échelles logarithmique :  $\sigma_{inf} = 1, \sigma_{sup} = 10$ , nombre d'échelles = 6. Avec l'échelle logarithmique, les variations des petits vaisseaux sont mieux capturées.

### 3.3.4 Amélioration des filtres par diffusion

On ne peut aborder les filtres de rehaussement de vaisseaux sans aborder les cadres de diffusions. Leur objectif est d'améliorer le signal des vaisseaux en homogénéisant leur intensité et en renforçant leurs bords. Pour cela, les filtres de diffusion proposent un schéma de lissage itératif qui prend en compte la géométrie des structures à lisser.

HDCS [Men+09] (Hybrid diffusion with continuous switch), propose un lissage hybride qui permet de choisir un type de lissage spécifique en fonction du voisinage du voxel traité. Un lissage isotrope est appliqué dans les régions d'intensités quasi constantes et un lissage anisotrope est utilisé le long des bordures des structures. La transition entre les types de lissage en fonction des régions est assurée par une combinaison linéaire des deux filtres pondérés par une mesure de la géométrie locale.

VED [MVN06] (Vessel enhancement diffusion) propose un lissage basé sur les méthodes de rehaussement hessien. Ce cadre permet ainsi d'homogénéiser la réponse de n'importe quel filtre de rehaussement hessien en lissant selon le sens du rehaussement.



**Figure 3.27:** Comparaison de l'image originale (gauche), VED+Frangi (centre) et Frangi (droite). Le rehaussement est lissé et l'homogénéité générale des vaisseaux est renforcée. Les flèches montrent les différences de comportement remarquables.

Ces méthodes itératives sont coûteuses en temps de calcul et nécessitent une paramétrisation supplémentaire pour contrôler la force du lissage ainsi que le nombre d'itérations nécessaire.



## 3.4 Bilan et orientation des travaux

Les constatations pour l'état de l'art du rehaussement de vaisseaux sont sensiblement les mêmes que celles dressées pour le bilan de l'état de l'art sur la segmentation (Sec. 3.2.3). Les articles originaux testent souvent leurs méthodes sur des structures synthétiques simples ou des exemples variés. Elles sont toujours comparées à deux à quatre autres méthodes. Lorsqu'ils sont utilisées sur des données réelles, les filtres de rehaussement sont largement appliqués avec les paramètres recommandés par l'auteur, sans adaptation à une application particulière.

Quelques travaux portent sur la comparaison des filtres de rehaussement. Luu et al. [Luu+15] proposent une comparaison de trois filtres de rehaussement et trois filtres de diffusion pour la tomodensitométrie du foie. Phellan et al. [PF17] proposent une comparaison de six filtres de rehaussement et trois filtres de diffusion sur des images d'IRM du cerveau et un jeu de données synthétiques.

Cependant, ces travaux ne nous permettent pas de répondre à plusieurs questions :

- quel filtre utiliser pour l'IRM du foie ?
- quel est l'impact de la paramétrisation sur la réponse des filtres ?
- La taille des vaisseaux a-t-elle un impact sur la qualité du rehaussement ?
- quel est l'impact des filtres de rehaussement indépendamment de la segmentation ?

Dans le chapitre suivant, nous élaborons la construction d'un banc de tests pour étudier ces problématiques. Celui-ci nous permettra ensuite d'effectuer une analyse poussée des filtres de rehaussement des vaisseaux sanguins dans les chapitres suivants.

# Banc de test

## 4.1 Motivations

Comme nous l'avons vu dans le chapitre précédent, choisir un filtre de rehaussement à partir de la littérature pour une application spécifique n'est pas simple. La littérature permet d'avoir une vision globale sur les filtres de rehaussement de vaisseaux sanguins et présente de nombreux exemples d'applications. Cependant, l'incorporation des filtres dans une chaîne de traitements dilue l'évaluation de leur impact réel sur la segmentation. Elle rend aussi plus difficile le choix d'un filtre et de ses paramètres optimaux pour une modalité et un organe spécifiques. De plus, les métriques de référence varient aussi entre deux publications, ajoutant à la difficulté d'établir une comparaison. Il est donc pertinent de proposer une base d'évaluation unifiée (Fig. 4.1).

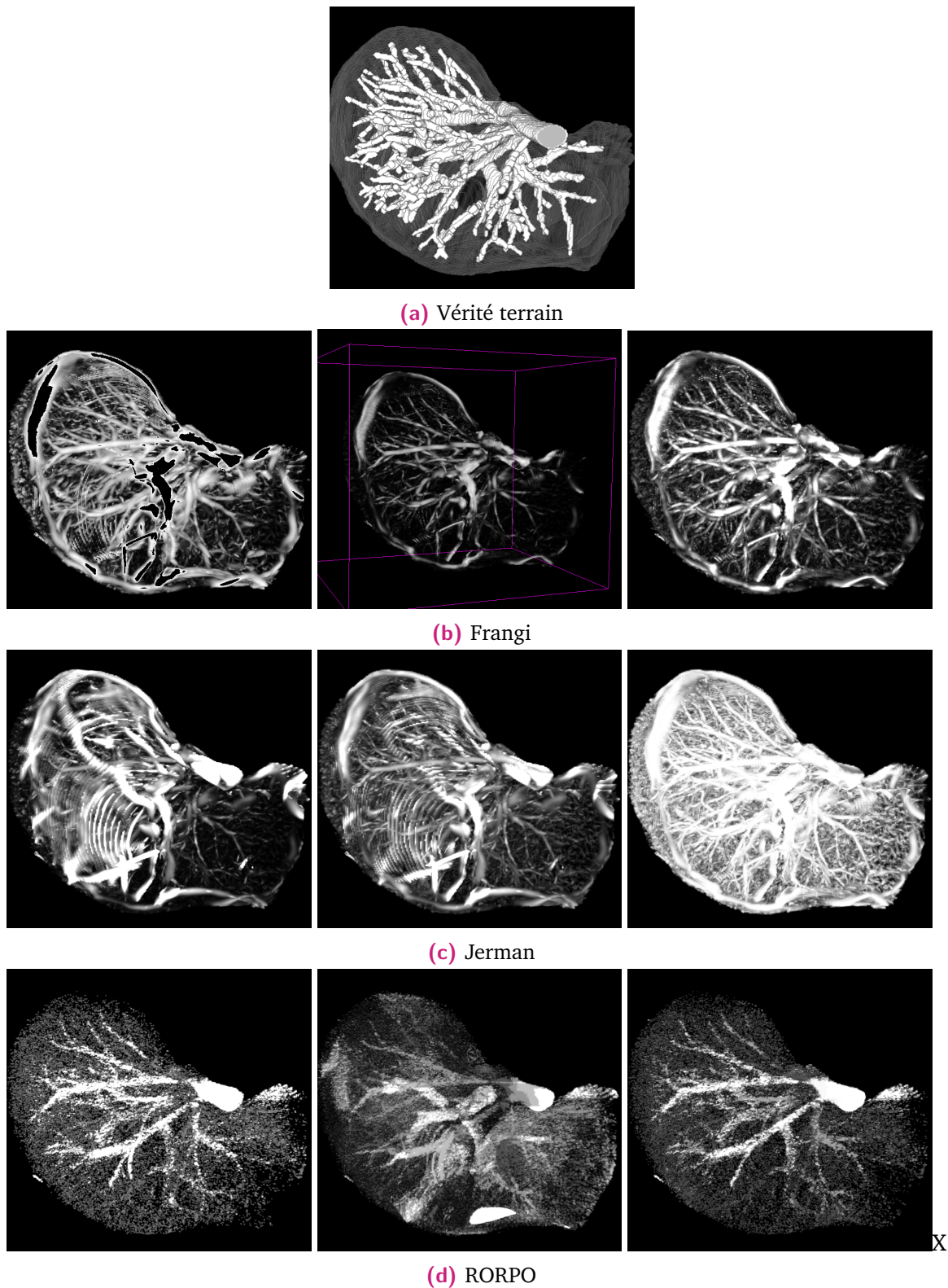
Dans ce chapitre, nous abordons la conception d'un banc de test permettant l'étude quantitative des filtres de rehaussement. Notre banc de test permet d'appliquer successivement plusieurs instances de filtres sur une même base de données. Il facilite ainsi l'étude de l'impact des variations des paramètres d'un filtre. Le résultat des filtrages est ensuite seuillé et les métriques d'évaluations sont calculées dans des zones d'intérêt définies par l'utilisateur. Une fois les métriques collectées, celles-ci peuvent être exploitées indépendamment par des outils de traitement de données. Son fonctionnement est illustré dans la Fig. 4.2

La création de notre banc de test passe par la construction d'une interface de filtres unifiée, la construction des jeux de données, la création de zones d'évaluation et le choix des métriques d'évaluations. Cette construction s'est réalisée de manière itérative au fur et à mesure des observations faites durant les expériences d'analyse des filtres et dont les résultats sont présentés dans le chapitre 5.

Avant de décrire chacune de ces étapes, il est nécessaire de mentionner les travaux existants à propos de l'évaluation des filtres de rehaussement de vaisseaux.

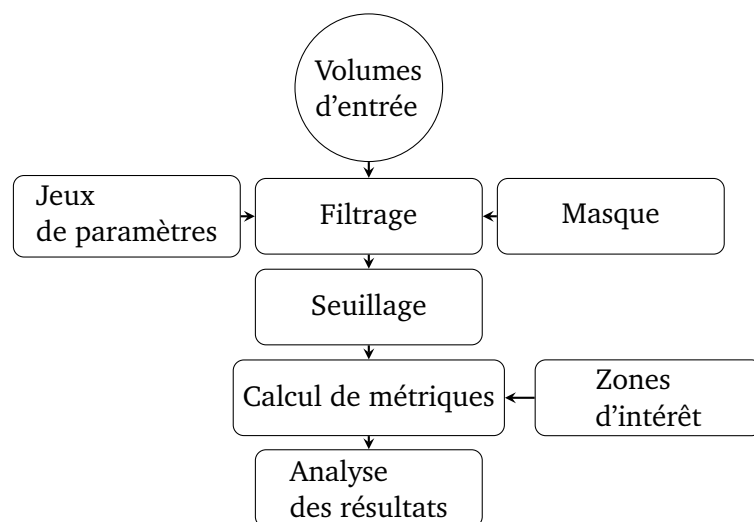
## 4.2 Travaux existants

Quelques travaux proposent une comparaison entre filtres de rehaussement. Par exemple, Sazak et Alharbi et al. [Alh+18] [SNO19] ont proposé une méthode de rehaussement de vaisseaux à base de morphologie mathématique en 2D et 3D. Ce filtre est comparé à d'autres filtres 2D et 3D à base de hessiennes ou de tenseurs de phase. Ces articles donnent toutefois



**Figure 4.1:** Illustration de l'application de différents jeux de paramètres pour plusieurs filtres de rehaussement. Il est difficile de choisir laquelle de ces paramétrisations est la plus apte pour une segmentation sans évaluation quantitative.

une part importante à l'évaluation qualitative plutôt que quantitative. De plus, ils ne proposent pas de discussion sur l'impact de la paramétrisation des filtres. En 3D, une analyse quantitative

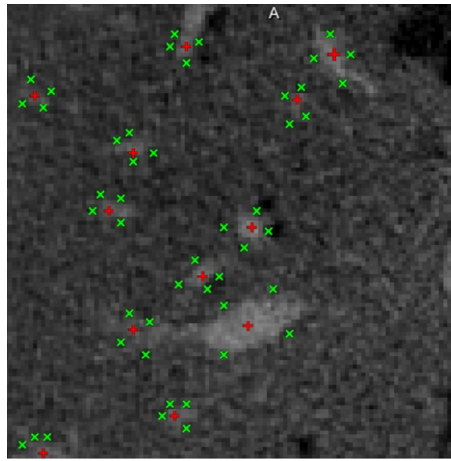


**Figure 4.2:** Schéma global du banc de test. Celui-ci présente une architecture simple afin de faciliter la prise en main par d'autres utilisateurs.

des filtres de rehaussement sur un grand nombre de volumes a été réalisée par Manh Luu et al. en 2015 [Luu+15] et Phellan et al. [PF17] en 2017. Manh Luu et al. avaient rendu leurs travaux publics, mais le site internet n'est aujourd'hui plus accessible.

Manh Luu et al. [Luu+15] ont proposé un banc de test sur 51 images tomodensitométriques du foie sans prétraitement des données. Ils ajoutent cependant dans leur chaîne de traitement une segmentation à base de croissance de région et une fermeture morphologique pour supprimer les composantes connexes inférieures à 10 voxels. Dans leurs travaux, l'évaluation de la qualité de la segmentation est basée sur des échantillons de marqueurs positionnés manuellement à l'intérieur et autour des vaisseaux (Fig. 4.3). Entre 300 et 700 points par volume sont annotés à l'intérieur des vaisseaux et 4 marqueurs du voisinage des vaisseaux sont ajoutés par points internes. Les filtres testés sont Frangi, Sato, Erdt [ERS08] et les schémas de diffusion HDCS (*Hybrid Diffusion with Continuous Switch*), VED (*Vessel Enhancement Diffusion*) et RPM (*Regularized Perona-Malik*) [PM90]. Les paramètres des filtres sont optimisés sur une sous-section de la base de données. L'optimisation des paramètres est un fait suffisamment rare dans la littérature pour être souligné. Les métriques utilisées pour l'évaluation des filtres sont le rapport signal sur bruit (SNR), le rappel, la justesse et la spécificité.

Phellan et al. [PF17] proposent quant à eux un banc de test sur 5 images IRM du cerveau et 40 volumes générés avec VascuSynth et l'ajout d'artefacts de tomodensitométrie. Leur chaîne de traitement inclut un prétraitement des données et une segmentation à base de seuillages et d'un filtrage de composantes connexes. Leur méthode d'analyse repose sur des vérités terrains binaires du réseau vasculaire entier et sur l'évaluation du diamètre des vaisseaux. De plus, Phellan et al. considèrent que la détection est plus importante que la précision des contours à l'étape du rehaussement. Ils définissent donc une zone d'acceptation dans laquelle les voxels ne participent pas à la métrique (Fig. 4.4). Les filtres évalués par Phellan sont Frangi, Sato, Erdt, OOF, RORPO, WTH (*White Top Hat transform*) [Soi+99] et les schémas de diffusion HDCS, VED et RPM. Seuls les paramètres d'échelles sont optimisés dans ces travaux, les



**Figure 4.3:** Marqueurs utilisés par Manh Luu et al. En rouge, marqueurs de vaisseaux; en vert, marqueurs extérieurs aux vaisseaux. Image issue de [Luu+15].

paramètres intrinsèques par défaut étant fixé par les auteurs. Les performances des filtres sont évaluées grâce au Dice, au MCC, à l'analyse de courbes ROC et à travers une analyse des composantes connexes.



**Figure 4.4:** Zone d'acceptation de Phellan définie comme la zone entre l'érosion (gris) et la dilatation (blanc) de la vérité terrain. La bordure réelle des vaisseaux se situe au sein de la zone blanche, mais les métriques ne sont calculées que dans la zone grise. Cette méthode exclut une partie des petits vaisseaux.

Ces deux bancs de test proposent des méthodes d'évaluations différentes. Des éléments intéressants pour notre application sont présents dans les deux benchmarks, qui chacun recouvrent une partie de nos besoins sans toutefois y répondre complètement. Par exemple, l'évaluation de Manh Luu sur le foie n'est pas faite sur une segmentation voxélique. Cette évaluation éparse sur quelques marqueurs dans le voisinage des vaisseaux peut mésestimer des artefacts, comme un rehaussement bruité à la surface des vaisseaux. Le travail de Phellan et al. est réalisé sur le cerveau sans optimisation des paramètres. Des filtres récents ne sont pas évalués, car ils sont postérieurs aux publications.

Nous souhaitons pouvoir évaluer les filtres sur des zones spécifiquement définies par l'utilisateur telles que les bifurcations des vaisseaux. Ces zones sont en effet connues pour être plus faiblement rehaussées sans que la littérature n'apporte de résultats quantifiables. Une analyse du rehaussement par taille de vaisseaux n'est pas non plus disponible pour le foie. C'est pourquoi nous avons voulu créer notre propre banc de test et mettre en pratique son

utilisation pour des données présentant des contraintes similaires à l'imagerie du foie. Nous avons voulu éviter de rencontrer les mêmes limitations que les travaux précédents en proposant un cadre suffisamment généraliste pour s'accommoder de différentes modalités et suffisamment modulaire afin que la prise en main du banc de test par d'autres utilisateurs soit possible.

La conception de notre banc de test a été guidée par plusieurs axes majeurs.

Le choix du type de vérité terrain pris en charge par notre banc de test a été le premier axe de conception. Comme présenté dans le chapitre 2, nous avons le choix entre segmentation voxélique et segmentation par ligne centrale. Une troisième option telle que l'utilisation de marqueurs, expérimentée par Manh Luu et al., nous a paru trop éparse pour rendre compte de la totalité du profil du rehaussement. Pour les mêmes raisons, nous avons écarté l'utilisation de vérités terrain à base de ligne centrale. Nous avons donc naturellement choisi de prendre en charge des segmentations et vérités terrains voxéliques dans notre banc de test. Ce choix s'est par la suite avéré pertinent, puisque nos jeux de données pré-traités ont été significativement partagés au sein du projet ANR.

## 4.3 Homogénéisation des filtres

Former une base homogène de filtres n'est pas une tâche simple. Celle-ci nécessite la recherche de code existant ou d'implémenter les filtres en se basant sur la méthodologie de l'article original.

Réaliser l'implémentation d'un filtre à partir des indications de l'auteur est parfois complexe, car il a souvent dû se soumettre à un exercice de concision lors de la publication de ses travaux. L'auteur va donc à l'essentiel et certains détails d'implémentation peuvent être omis. La difficulté peut aussi survenir d'un problème de compréhension de la part du lecteur auquel s'ajoute parfois la barrière de la langue. Il faut donc être particulièrement attentif à la compréhension et à la vérification des hypothèses afin d'implémenter correctement les filtres.

La collecte d'implémentations existantes n'est pas non plus évidente. En effet, il est possible que plusieurs versions d'un algorithme existent. Il est alors nécessaire de vérifier le code en détail. Certaines implémentations peuvent présenter des interfaces différentes de l'article original et nécessiter un travail de traduction d'une interface à l'autre. Il arrive aussi que des codes soient disponibles, mais avec une dette technologique importante suite à l'évolution des logiciels ou des bibliothèques nécessaires à leur fonctionnement. Il est aussi possible que des implémentations ajoutent des améliorations non documentées dans les articles originaux, ce qui peut être problématique dans les travaux de comparaison. Enfin, la multiplicité des langages, des bibliothèques et des logiciels sur lesquels sont déployés les filtres accroît le temps dédié à cette tâche. Ce travail est souvent réalisé de manière isolée par un chercheur, un doctorant, ou un stagiaire pour leurs expériences personnelles et ne profite pas à la communauté travaillant

**Table 4.1:** Méthodes disponibles et idées principales guidant leur conception.

Méthode	Idée principale	Date
Sato	Reconnexion des vaisseaux, contrôle du bruit	1997
Frangi	Contrôle sur l'atténuation des structures en plateau et en blob	1998
Meijering	Détection de fines structures allongées	2004
OOF	Limitation du débordement des réponses lié à l'espace d'échelles gaussien	2010
Jerman	Contrôle de l'homogénéité des réponses des vaisseaux	2016
Zhang	Pré-traitement pour limiter le rehaussement des bordures du foie (TDM foie)	2018
RORPO	Détection par chemins et différenciation des vaisseaux par vote sur les orientations	2018

**Table 4.2:** Origine des méthodes. La diversité des provenances et l'ancienneté des codes complique la mise en œuvre d'une comparaison des filtres.

Méthode	Provenance	État
Sato	Librairie ITK (C++)	Prêt à l'emploi
Frangi	Librairie ITK (C++)	Prêt à l'emploi
Meijering	Github (Matlab), scipy	Pondération proposée ne respectant pas l'article original
OOF	Site de l'auteur (Matlab), insight journal (C++)	obsolète
Jerman	Github de l'auteur (Matlab)	Prêt à l'emploi
Zhang	Non disponible	Non implémenté
RORPO	Github de l'auteur (C++)	Prêt à l'emploi

sur le sujet. Il doit alors reprendre de lui-même la totalité de ce travail à chaque introduction d'une nouvelle méthode.

Dans nos travaux, nous avons sélectionné, adapté et implémenté sept filtres qui répondent tous à une problématique spécifique du rehaussement (Tab. 4.1). La diversité de leur origine est résumée dans la table 4.2. Il a été choisi d'implémenter ces filtres et d'effectuer les modifications nécessaires pour les filtres existants en C++ avec la librairie ITK. Le C++ est particulièrement connu pour sa rapidité, un élément crucial pour des applications 3D qui doivent traiter un nombre important de voxels. La librairie open source ITK (Insight ToolKit), développée par Kitware Inc. depuis 2001, est la plus importante librairie de traitement d'images médicales. Elle fournit un ensemble de briques algorithmiques déjà implémentées et présente l'avantage de lire nativement une grande diversité de formats d'images médicales, ce qui est un atout pour la diffusion de notre banc de test.

Cette librairie s'appuie sur une communauté active et connaît des mises à jour régulières. C'est à la fois un avantage, pour la correction de bugs et l'introduction de nouveaux algorithmes mais aussi un inconvénient, car la dette technologique s'accumule plus rapidement à cause de cycles plus courts entre deux versions.

Une fois ces filtres collectés, il a été nécessaire de les standardiser afin de pouvoir former une base commune de comparaison. Cette standardisation englobe la redéfinition du domaine de sortie des filtres ainsi que la manière d'incorporer des masques de filtrage.

### 4.3.1 Redéfinition du domaine de sortie des filtres

Le rehaussement de vaisseaux est parfois présenté comme une carte de chaleur ou de probabilité pour laquelle une mesure de la tubularité locale est associée à chaque voxel. La mesure de tubularité n'est toutefois pas définie sur le même intervalle pour chaque filtre.

Pour le filtre de Frangi, la mesure de tubularité est définie entre 0 et 1 par conception. Cette propriété n'est pas nécessairement partagée par d'autres filtres. Parmi notre sélection, seuls Jerman, Zhang et Meijering fournissent une réponse définie sur cet intervalle. La réponse de Sato est définie sur  $[0, +\infty[$ , tout comme celle d'OOF. RORPO est un cas particulier, car l'intensité de sortie du filtre dépend de l'intensité maximal de l'image initiale. En effet, RORPO se base sur des ouvertures morphologiques dont la définition est bornée par le domaine de l'image.

La sortie des filtres est nécessairement dépendante des données d'entrée. Les filtres dont les sorties sont définies sur  $[0, +\infty[$  sont donc en pratique bornés par la variation maximale d'intensité des images. Une solution envisageable serait donc de normaliser les images d'entrée. Il nous a cependant semblé plus pratique de normaliser la sortie des filtres.

Nous avons choisi pour Sato et OOF de normaliser la réponse de sortie en fonction de la plus grande valeur de sortie du filtre :

$$\frac{I_{rehaussement}(x)}{\max(I_{rehaussement}(x))} \quad (4.1)$$

Pour RORPO dont la sortie est liée à l'intensité de l'image d'entrée, la normalisation prend la forme  $\frac{I_{rehaussement}(x)}{\max(I(x))}$ .

La nature de RORPO en fait un filtre difficile à intégrer à notre banc de test. Avec RORPO, un voxel est considéré comme tubulaire si un ensemble de chemins d'orientations similaires passent par ce voxel. RORPO ne définit donc pas de degré de tubularité à proprement parler et produit soit des voxels non tubulaires à valeur nulle, soit des voxels tubulaires à intensité proche de leur intensité initiale (les opérateurs  $\min$  et  $\max$  de l'ouverture ne conservent pas toujours l'intensité initiale du voxel). Cette "segmentation en niveaux de gris" que produit RORPO nous contraint à définir une normalisation basée sur les intensités des voxels tubulaires afin de transformer la sortie du filtre en carte de probabilité pour notre banc de test. Cette procédure a un impact non négligeable sur le résultat des expériences présentées dans le chapitre suivant.

Une attention particulière doit être portée aux types d'images pris en charge par l'implémentation des filtres. Les images 2D classiques sont souvent composées de canaux de 8 bits qui expriment 256 niveaux  $[0, 255]$  par canal. Habituellement, une image en niveaux de gris est composée d'un seul canal, une image couleur de 3 canaux (rouge, vert, bleu) et plus pour une image multispectrale.



La dynamique des images médicales abdominales n'est pas homogène. Elles possèdent la plupart du temps un seul canal avec parfois une dynamique de niveaux de gris plus élevée de 16 ou 32 bits. Des valeurs négatives peuvent aussi être présentes, comme pour la tomodensitométrie présentée au chapitre 2. Il faut donc s'assurer que les filtres prennent bien en compte les mêmes types d'images. Un même filtre peut en effet produire des résultats différents selon la précision des images (8 bits vs. 32 bits). Par exemple, l'implémentation de RORPO ne supporte que des valeurs de pixels positifs et nécessite de faire une translation des niveaux de gris négatifs sous peine d'obtenir des comportements non définis.

### 4.3.2 Utilisation de masques

Il peut souvent être utile de ne traiter qu'une partie de l'image, par exemple lorsque l'utilisateur ne veut rehausser les vaisseaux que d'un organe en particulier. La manière la plus simple est de définir un masque binaire de taille équivalente à l'image. On renseigne pour chaque voxel s'il appartient à la zone à traiter (1 ou 255) ou s'il n'y appartient pas (0).

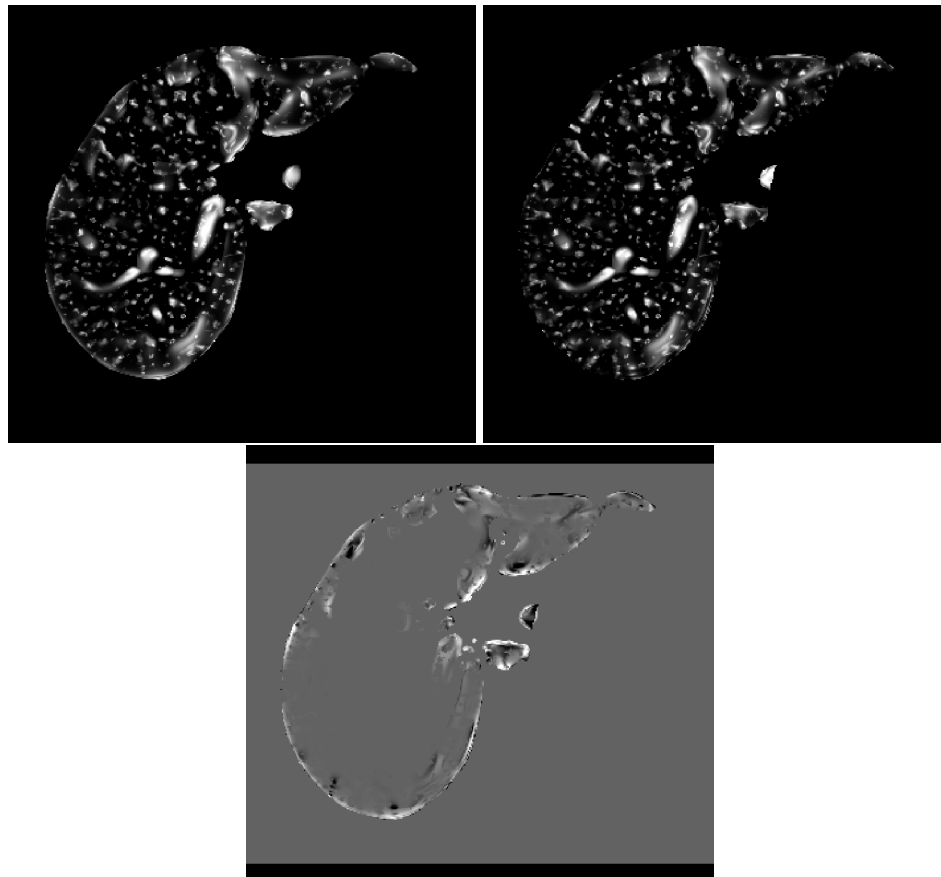
Différentes stratégies d'application du masque sont possibles. En fonction du filtre, celles-ci peuvent avoir un impact sur le temps de calcul ou la qualité du rehaussement. On peut en effet distinguer deux catégories de filtres de rehaussement qui demandent des stratégies différentes de masquage : les filtres à information locale (ou semi-locale) et les filtres à information locale et globale.

Les filtres à information locale ne considèrent le rehaussement que par rapport à des mesures effectuées dans un voisinage local. Ce voisinage est défini par la taille de la gaussienne pour les méthodes à espace d'échelles gaussien et par la taille de l'élément structurant pour les méthodes à base de morphologie. Les filtres à information locale sont Frangi, Sato et OOF. RORPO est un filtre semi-local, car l'élément structurant non isotrope peut-être long [Mer+18].

Les filtres à information globale sont Meijering, Jerman et Zhang. Meijering et Jerman/Zhang nécessitent la plus petite valeur propre (équivalent à la plus grande valeur propre négative en valeur absolue) de la zone sur laquelle est appliqué le rehaussement. Le pré-filtrage de Zhang nécessite lui aussi une information globale puisque cette étape repose sur la classification de l'ensemble des pixels de la zone de rehaussement.

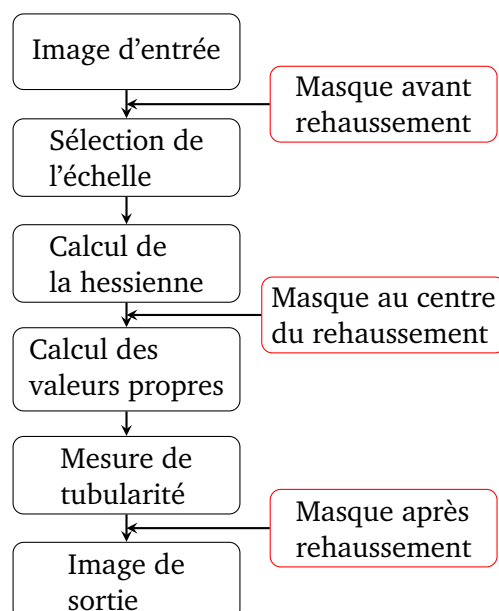
Une première stratégie de masquage consiste à appliquer le masque après le rehaussement. Le filtre est appliqué à toute l'image, puis le résultat est masqué pour ne conserver que le rehaussement de l'organe observé. Cette implémentation a le désavantage de calculer le rehaussement dans des zones non utilisées par la suite, telles que les zones autour du corps du patient. Pour les filtres à information globale, cette manière de masquer a un impact critique sur le résultat du rehaussement. Par exemple pour le filtre de Jerman appliqué au foie, la mesure de rehaussement sera pondérée par les valeurs propres minimales de l'image, donc celles des os (structures intenses) et non celles des vaisseaux.

Afin d'éviter ce problème, on peut masquer les filtres avant le rehaussement des vaisseaux. On masque ainsi l'image originale puis on applique le filtre de rehaussement sur l'image masquée. On règle ainsi le problème des filtres à information globale en masquant les structures parasites. On gagne aussi en temps de calcul dans les zones constantes à valeurs nulles qui ne font pas partie de l'évaluation. Ce gain de temps n'est pas négligeable, puisqu'un banc de test applique de multiples fois les filtres sur un grand nombre de volumes 3D. Toutefois, masquer avant le rehaussement crée artificiellement de faux bords en induisant un différentiel d'intensités marqué (voir Fig. 4.5). Une stratégie de masque a donc été choisie spécifiquement



**Figure 4.5:** Application du masque avant le rehaussement (gauche) et après (droite). La différence (fond gris) des deux masques est visible au centre. Le masque en amont crée un contour artificiellement net que le filtre rehausse.

pour chaque filtre (Fig. 4.6). Ainsi pour Frangi, Sato, OOF, RORPO, le masque est appliqué après rehaussement afin de limiter l'introduction de faux gradients liés au masque. Pour les autres filtres, une stratégie plus complexe a été utilisée. Comme nous avons implémenté nous-même les filtres de Jerman, Meijering et Zhang, nous avons un contrôle plus fin sur l'étape d'application du masque. Afin de combiner les deux propriétés de limitation du temps de calcul et de non-introduction de bordures nettes artificielles, l'opération de masque est introduite entre le calcul de la matrice hessienne et le calcul de ses valeurs propres. Ne sont calculées les valeurs propres que des pixels appartenant au masque tout en calculant la matrice hessienne sur la globalité du volume. On obtient ainsi un compromis tirant parti des avantages entre masque avant et après rehaussement (voir Fig. 4.7). Zhang est le filtre le plus



**Figure 4.6:** Emplacements possibles pour masquer la réponse. Le masque au centre bénéficie des avantages de rapidité de calcul offerts par le masque appliqué avant le rehaussement tout en limitant les effets de bord comme le masque après rehaussement.

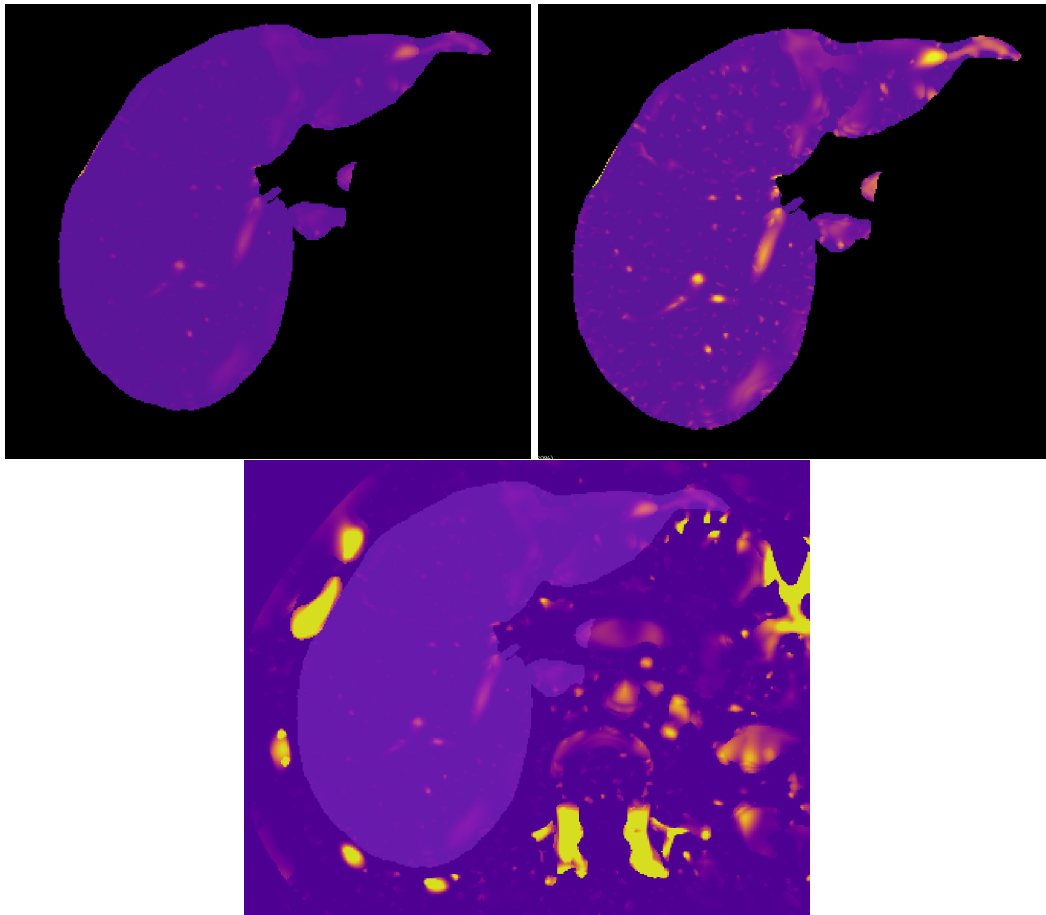
complexe. Il nécessite une étape de prétraitement par une K-moyenne pour paramétrer une fonction sigmoïde. Celle-ci sert ensuite à pré-filtrer l'image avant le rehaussement. Dans la méthode originale, le nombre de classes de la K-moyenne est défini par rapport à des images masquées. Cette K-moyenne est donc appliquée sur l'image globale masquée (fond mis à 0) avant le filtrage par sigmoïde. Ensuite, la même stratégie de masquage que pour Jerman et Meijering est utilisée. La K-moyenne classique est une opération coûteuse, en particulier lorsqu'elle est effectuée sur un volume 3D. Afin d'éviter un surcoût, nous avons utilisé une K-moyenne à partir d'un KD-tree. Il permet d'établir une partition initiale des intensités de l'image qui réduit significativement le temps de calcul du K-moyenne.

Les 7 filtres sont implémentés en C++ et reposent sur la librairie ITK. Ceux-ci sont organisés sous forme de CLI (*command line interface*) indépendants du cadre du banc de test et peuvent être utilisés en dehors de celui-ci. Cela signifie également que n'importe quel nouveau filtre respectant l'interface définie dans le benchmark (c'est-à-dire une entrée, une sortie et un masque optionnel) peut être ajouté de manière transparente à celui-ci.

## 4.4 Pré-traitements des jeux de données

Dans le bilan du chapitre 2 (Sec. 2.4), nous avons présenté les bases de données publiques que nous avons sélectionnées pour l'analyse des filtres de rehaussement.

Ces trois bases de données sont réparties en deux bases de données réelles, l'Ircad et Bullitt, et une base de données synthétique issue du logiciel VasuSynth [HJ10].



**Figure 4.7:** Première ligne : à gauche, filtre de Jerman avec un masque appliqué après le rehaussement. À droite, filtre de Jerman avec un masque appliqué avant le rehaussement. Seconde ligne : rehaussement avant l'application du masque en aval. La limite haute du rehaussement est définie par les structures intenses hors du foie plutôt que par les vaisseaux hépatiques. Dans les deux cas, les mêmes paramètres ont été appliqués.

Ces données ont toutes nécessité des prétraitements afin d'être exploitables dans notre banc de test. Nous décrivons dans les sections qui suivent les itérations principales du traitement effectué sur les données réelles puis sur les données synthétiques.

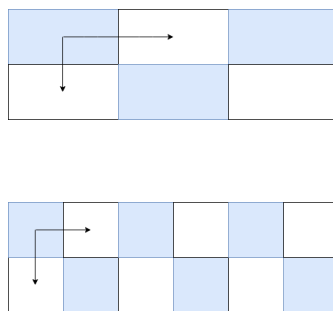
#### 4.4.1 Traitement des données réelles

Les voxels des images IRM et TDM sont des parallélépipèdes. L'acquisition d'une image est effectuée par coupes successives et l'opérateur doit trouver un compromis entre temps d'acquisition et qualité de l'image. Un voxel couvre donc la plupart du temps une zone plus grande dans l'axe Z que dans le plan X-Y. Les algorithmes dépendants de la géométrie sont généralement conçus pour être utilisés sur des images à voxels cubiques, de manière à ce qu'une mesure dans n'importe quelle direction de l'image reste consistante. La plupart des opérations géométriques sont biaisées si elles sont utilisées directement sur des données TDM et IRM. On pourrait envisager de prendre en compte la différence de distance en fonction des axes de l'image, mais cela nécessiterait de ré-implémenter la quasi-totalité des outils

algorithmiques que nous utilisons. Il est donc plus simple d'adapter les données directement grâce à un procédé de ré-échantillonnage.

La taille des axes d'une image en TDM ou en IRM a une correspondance directe avec une grandeur physique. Par exemple, la première image de la base de l'Ircad recouvre un volume de  $212.04 \times 172.14 \times 180.80$  mm. Dans ce volume est défini un certain nombre de voxels, ici  $372 \times 302 \times 113$ . On appelle le rapport du nombre de voxel sur la taille des axes du volume la résolution. Dans un volume de taille fixe, plus le nombre de voxels est élevé plus la résolution est élevée. Cela implique qu'une mesure plus fine des éléments de l'image est effectuée. À l'inverse, plus le nombre de voxels est faible plus la résolution est faible. Une mesure plus grossière des structures de l'image est effectuée. Évidemment, cette constatation est relative par rapport à la taille des éléments observés. Par exemple, une résolution au millimètre prêt peut-être adaptée pour observer un organe et ne pas suffire pour l'étude de capillaires.

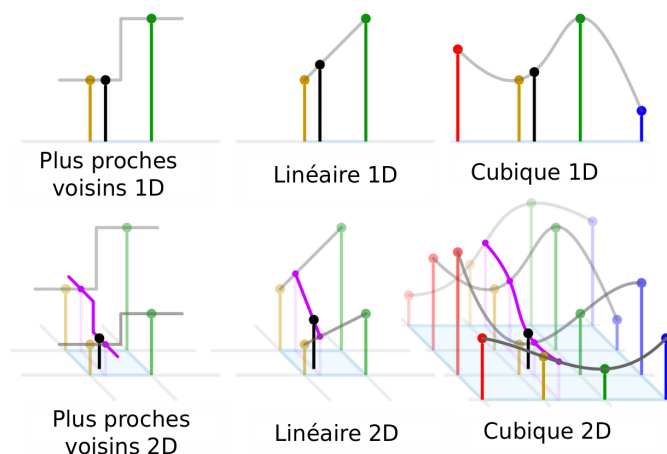
L'ensemble des voxels peut aussi être considéré comme une grille d'échantillonnage. Une grille de haute résolution possèdera un maillage fin tandis qu'une grille de basse résolution possèdera un maillage large. Dans notre cas, nous voulons changer la résolution de nos images, pour que les voxels soient isotropes pour qu'un pas d'une unité dans une direction aléatoire ait une mesure constante (Fig. 4.8). Dit autrement, nous voulons que l'espacement de la grille d'échantillonnage soit le même, peu importe l'axe considéré. Le ré-échantillonnage



**Figure 4.8:** Contrairement à une grille cubique (bas), un pas discret dans une grille formée de parallélépipèdes (haut) n'équivaut pas à un pas discret dans une autre direction. Cette différence peut avoir un impact sur de nombreux algorithmes basés sur la distance (gradients, cartes de distances, etc.).

consiste à re-définir une autre grille d'échantillonnage que celle d'origine. Pour cela, on part de la grille d'échantillonnage originale afin de d'approximer le signal continu sous-jacent. Ensuite, on applique un nouvel échantillonnage sur le signal approximé avec l'espacement désiré. En pratique, on ne reconstruit pas l'ensemble du signal continu, mais pour chaque nouvel échantillon, on détermine sa valeur par interpolation des valeurs existantes voisines. Plusieurs types d'interpolations existent (Fig. 4.9) : l'interpolation linéaire (bi-linéaire pour la 2D et tri-linéaire pour la 3D, etc.), l'interpolation par polynômes comme l'interpolation bi-cubique qui utilise un polynôme de degré 2 et l'interpolation à partir de B-Splines. Les interpolations utilisant des polynômes permettent des reconstructions plus fidèles par rapport à des interpolations linéaires, moyennant un coût supplémentaire en calcul. Ce type d'interpolation peut toutefois présenter des instabilités telles que des effets d'oscillation ou l'augmentation

artificielle du contraste local (i.e. piqué). L'utilisation de B-Spline permet de limiter ces effets grâce à une formulation polynomiale par partie et continue [UAE93]. Dans le reste de nos travaux, les images en niveaux de gris ont été ré-échantillonnées à l'aide d'une interpolation à base de B-spline d'ordre 3. Les images binaires ont été ré-échantillonnées à l'aide d'une interpolation à base de plus proches voisins afin de conserver le caractère binaire des images. Nous avons testé plusieurs résolutions pour rendre les images isotropes. En premier lieu, nous



**Figure 4.9:** Différents types d'interpolations. Chaque point peut-être associé à un pixel 1D ou 2D dont l'élévation correspond à l'intensité. Les points de couleur représentent les pixels nécessaires à l'interpolation et le point noir le point interpolé. Les interpolations cubiques (polynôme d'ordre 2) ou B-Spline produisent une reconstruction plus douce qui prend mieux en compte le contexte de variations autour du pixel interpolé.<sup>1</sup>

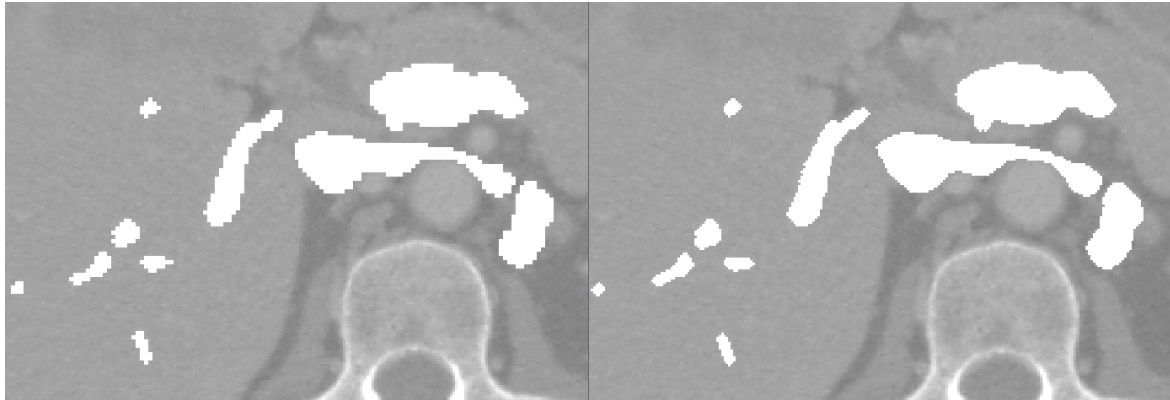
avons ré-échantillonné les images à une résolution normalisée de 1 mm pour chaque axe. Cet échantillonnage a l'avantage, d'avoir une correspondance directe 1 voxel égal à 1 mm, ce qui facilite le paramétrage de l'espace d'échelles des filtres. Un second avantage à cette convention est que le nombre de voxels est largement réduit par rapport au nombre initial de voxels. Par exemple, pour l'Ircad, l'utilisation de cette convention réduit la résolution dans les axes X et Y et augmente la résolution de l'axe Z réduisant ainsi significativement le nombre de voxels par volume. Le désavantage de cette méthode est qu'une partie de la géométrie est déformée à part le sous-échantillonnage axial. Il y a ainsi un risque de faire disparaître de petits vaisseaux ou d'altérer des caractéristiques des vaisseaux comme leur courbure. Bien que non optimale, nous avons utilisé cette politique lors de nos premières expériences. Les filtres et le banc de test demandent de multiples copies de l'image d'entrée (cadre multi-échelles, masques, vérité terrain, etc.) et la demande en mémoire RAM était un goulot d'étranglement de notre application. Ce choix de résolution permettait d'exécuter notre banc de test sur une machine avec moins de 10 Go de RAM.

Dans un second temps, nous avons opté pour un ré-échantillonnage à la résolution la plus haute de chaque volume qui correspond le plus souvent à la résolution axiale. Par exemple un volume de résolution [0.65 mm, 0.65 mm, 1.5 mm] est ré-échantillonné à une résolution de [0.65 mm, 0.65 mm, 0.65 mm]. De cette manière, aucun axe n'est sous-échantillonné et

1. Source : <https://en.wikipedia.org/wiki/Interpolation>

l'ensemble des détails est préservé et encodé dans des voxels isotropes. L'axe de résolution inférieure est tout de même sur-échantillonné, ce qui nécessite une interpolation. On obtient par cette opération des images significativement plus lourdes que les images originales. On impacte donc négativement à la fois la mémoire nécessaire et le temps de calcul des filtres. Cette contrainte s'est toutefois allégée lorsque nous avons eu accès à un cluster de calcul.

Une comparaison des images des deux stratégies est présentée figure 4.10. Afin de limiter

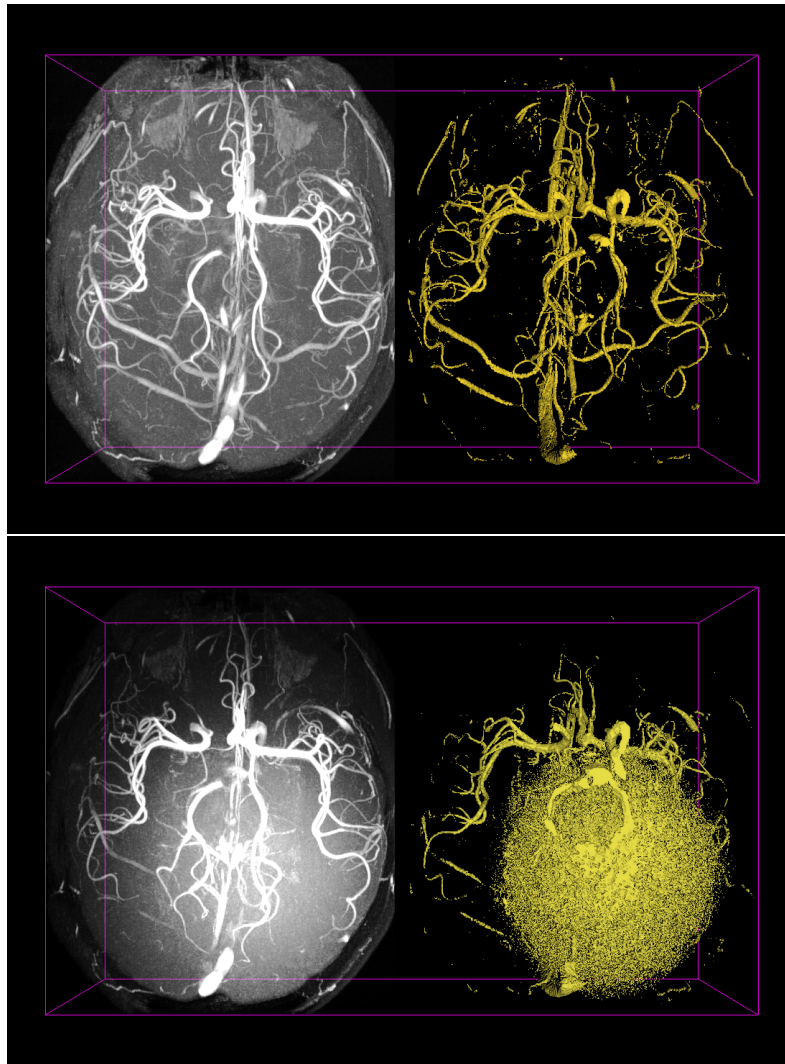


**Figure 4.10:** Illustration des deux stratégies d'échantillonnage : à gauche résolution  $1 \times 1 \times 1$  mm, à droite résolution  $0.57 \times 0.57 \times 0.57$  mm. L'image de résolution plus élevée (droite) contient quatre fois plus de voxels ( $\sim 27$  millions) que l'image basse résolution ( $\sim 6.6$  millions) mais la géométrie des vaisseaux est mieux préservée.

L'augmentation des tailles d'image, nous les avons recadrées pour supprimer le maximum de voxels inutiles, c'est-à-dire ceux en dehors du masque de l'organe. Pour ce faire, nous avons redimensionné les images à la taille de la boîte englobante du masque de l'organe en incluant une bordure de sécurité de 15 voxels. Pour les images de foie de l'Ircad, les masques sont souvent formés du masque du foie et de petites composantes connexes parasites. Il est donc nécessaire de faire une analyse de la taille des composantes connexes afin de récupérer la boîte englobante exacte du foie.

Ce procédé nous a permis de réduire de 43 % le nombre de voxels sur l'Ircad et limite l'augmentation moyenne des voxels de Bullitt à 18.7 %. Le gain considérable enregistré sur l'Ircad est dû au fait que le foie représente seulement une petite portion des images abdominales.

Pour la base de données Bullitt, les images d'IRM sont des images destinées à la recherche et sont d'une qualité particulièrement élevée. Une fois un masque du cerveau obtenu, il est très facile de récupérer une grande partie des vaisseaux grâce à un simple seuillage. Nous avons donc complexifié ces données en renforçant les artefacts IRM de variations d'intensité et le bruit ricien (Fig. 4.11). Les détails de cette modification sont explicités dans la sous-section suivante.



**Figure 4.11:** Segmentation d'un volume de Bullitt par seuillage simple. À gauche, données originales seuillées où la plupart des vaisseaux sont segmentés. À droite, données modifiées. Les vaisseaux sont alors impossibles à récupérer sans inclure une part significative de tissus non vasculaires.

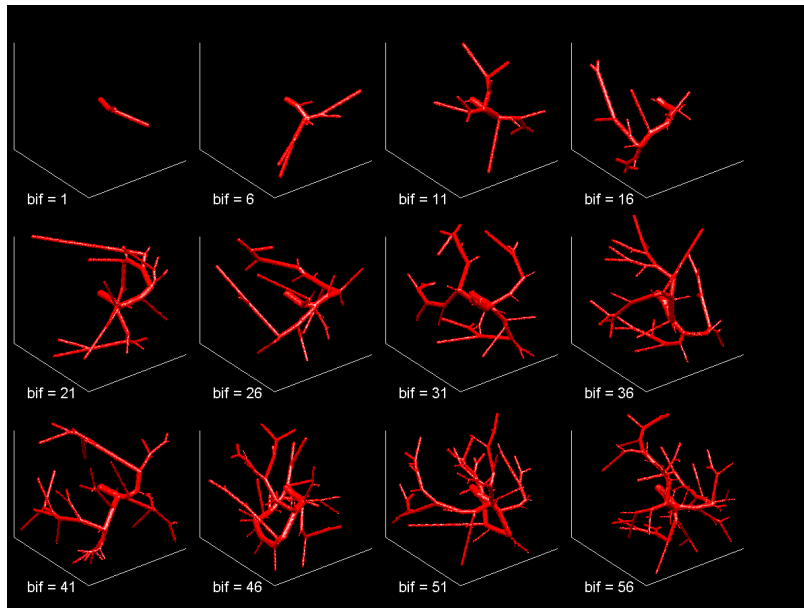
#### 4.4.2 Génération de données synthétiques

Pour compléter les images réelles, nous avons utilisé le jeu de données synthétiques Vas-  
cuSynth (Fig. 4.12) présenté dans le chapitre deux. Ce jeu est bi-modal dans le sens où  
seuls des vaisseaux et un fond nul sont présents. Il présente cependant l'avantage d'être un  
environnement complètement contrôlé par l'utilisateur et permet d'obtenir des vérités terrains  
au pixel près.

Durant cette thèse, nous avons dans un premier temps travaillé avec le jeu TDM de l'Ircad.  
Nous avons ensuite utilisé le jeu de données de VasculSynth. Ce n'est que bien plus tard que  
nous avons ajouté le jeu d'IRM réelles Bullitt à nos expériences. Au moment où nous avons  
sélectionné VasculSynth, nous avons choisi de simuler des volumes d'IRM du foie. Les travaux  
portants sur l'IRM du foie sont bien moins représentés dans la littérature comparé à l'imagerie



TDM. L'impact du rehaussement de vaisseaux pour cette modalité est de ce fait très peu étudié. Nous avons utilisé dans nos expériences la base de données VascuSynth\_2013, disponible



**Figure 4.12:** Illustration des vaisseaux de la base VascuSynth\_2013. Le jeu de données présente une quantité variable de bifurcations.

sur le site de VascuSynth<sup>2</sup>. VascuSynth produit des images en niveaux de gris de 0 à 255. L'intensité des vaisseaux est relativement forte : 223 pour les vaisseaux principaux avant de décroître après chaque bifurcation. L'intensité des vaisseaux décroît légèrement sur les bords de ceux-ci. On peut obtenir une vérité terrain au pixel près en binarisant ce volume initial.

La génération des artefacts IRM pour VascuSynth a connu plusieurs versions que nous détaillons ici. La version 1 a connu 4 étapes principales :

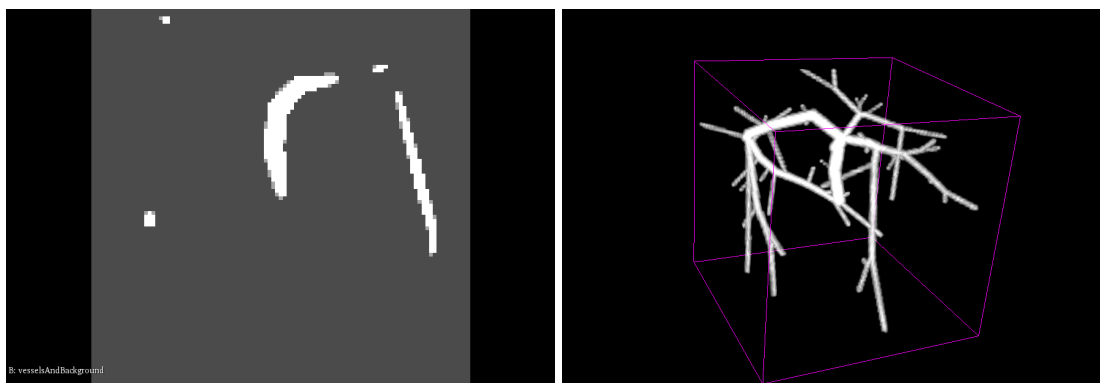
1. ajuster l'intensité des vaisseaux ;
2. modifier la valeur du fond constant ;
3. ajouter des artefacts d'illumination gaussiens ;
4. ajouter du bruit.

#### 4.4.2.1 Version 1

**Étapes 1 et 2** Premièrement, l'intensité initiale des vaisseaux était trop élevée. Elle était proche de la limite maximale définie par l'encodage des images de VascuSynth (8 bits, 256 niveaux de gris). L'ajout de bruit et d'artefacts additifs n'est donc pas possible sans créer un effet de plateau d'intensités par saturation des voxels, faisant ainsi disparaître les structures. Dans l'imagerie du foie avec agent de contraste, les vaisseaux sont en principe d'intensité supérieure ou égale à l'intensité des tissus. Nous avons donc réalisé une simple mise à l'échelle des intensités avec l'intensité du fond fixée à 50 et l'intensité maximale des vaisseaux à

2. <https://vascusynth.cs.sfu.ca/Data.html>

100 (Fig. 4.13). Pour cette première version, nous avons laissé les variations d'intensité

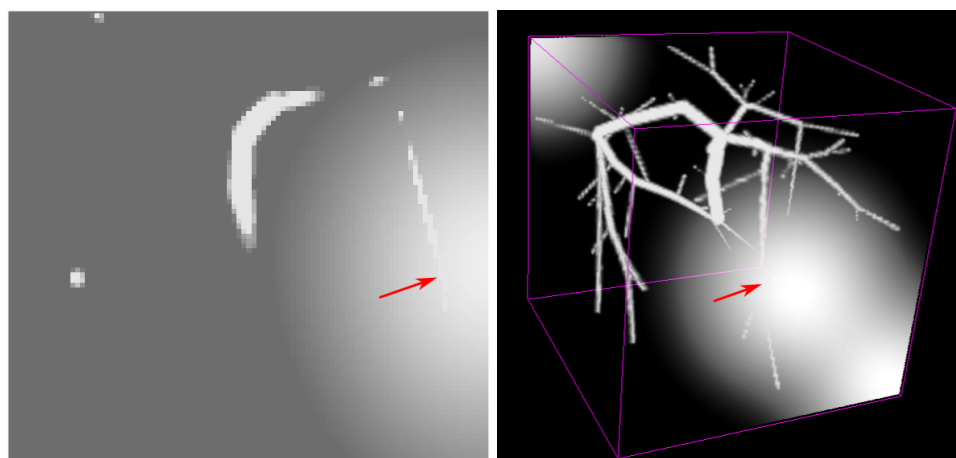


**Figure 4.13:** Vue 2D (à gauche) et 3D (à droite) d'un volume original de VasculSynth auquel est rajouté un fond constant. Le fond est d'intensité égale à l'intensité minimale des vaisseaux.

des vaisseaux du jeu de données d'origine. Simuler des variations réalistes d'intensité à l'intérieur des vaisseaux dépend des propriétés de mécanique des fluides de l'agent de contraste dans le sang. Ces variations sont difficiles à modéliser. Nous proposons tout de même une approximation de ces variations dans une seconde version.

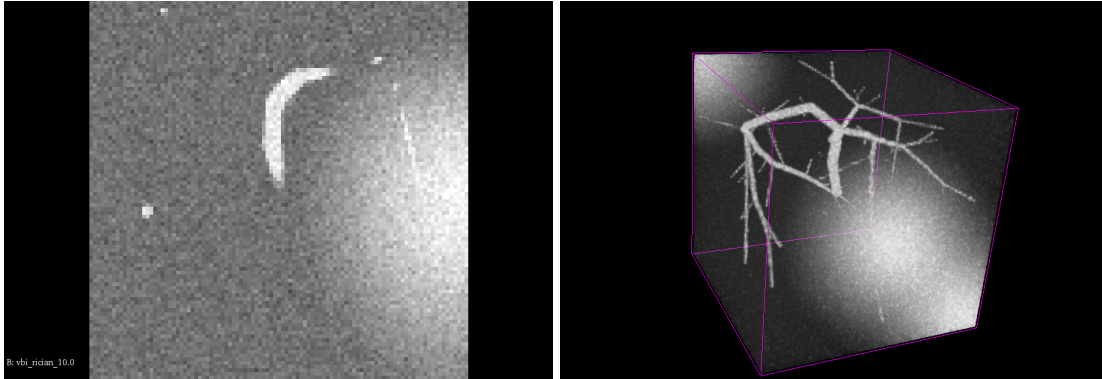
**Étape 3** Nous avons ensuite voulu simuler les variations d'intensité locales provoquées par le positionnement du corps en fonction du champ magnétique présenté dans le chapitre 2. Pour cela, nous avons créé trois gaussiennes d'écart-type  $\sigma = 40$  pour lesquels nous avons réajusté les intensités entre 50 et 100. Les centres de ces gaussiennes sont positionnés de manière aléatoire dans le volume puis un opérateur max est appliqué entre les intensités des voxels des gaussiennes et les intensités des voxels du volume.

Cet opérateur avait été choisi dans cette première version pour simuler des vaisseaux se fondant avec l'intensité des tissus environnants (Fig. 4.14). Nous sommes revenus sur ce choix dans la seconde version décrite ci-après.



**Figure 4.14:** Vaisseaux avec illumination. Certains vaisseaux disparaissent dans les tissus.

**Étape 4** Nous avons ensuite ajouté du bruit ricien spécifique à l'IRM dont nous avons fait varier l'écart-type des gaussiennes qui composent la densité de probabilité. Nous avons choisi empiriquement les valeurs  $\sigma = 5$ ,  $\sigma = 10$  et  $\sigma = 20$  (Fig. 4.15). En comparaison, la plupart des expériences sur des bases de données synthétiques appliquent un mélange de bruit de Poisson et gaussien caractéristique du bruit présent en tomodensitométrie.



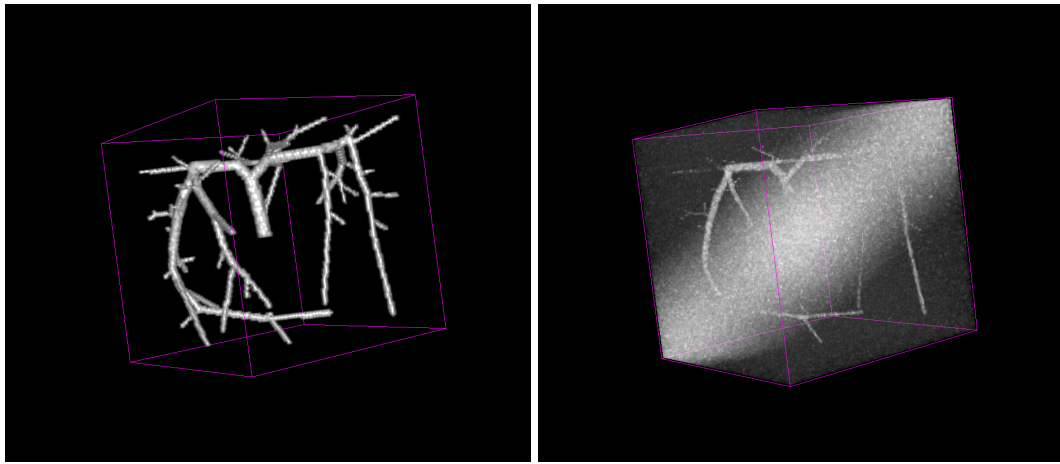
**Figure 4.15:** Résultat de l'étape 4 : ajout de bruit ricien sur l'image obtenue à l'étape 3 (Fig. 4.14).

**Limitations** Cette version était une première approximation. Elle souffre cependant de plusieurs limitations. Premièrement, la dynamique d'intensité est établie de manière visuelle. Il en est de même pour l'intensité du bruit ricien. Deuxièmement, le maximum calculé entre les images et les vaisseaux fait disparaître le signal des vaisseaux qui sont tout de même présents dans la vérité terrain. On introduit ainsi une diminution artificielle des performances des filtres puisque qu'aucun d'entre eux n'est en réalité capable de rehausser ces structures devenues invisibles. Il serait envisageable de proposer un système de reconnexion des vaisseaux pour les déconnexions importantes dans un filtre de rehaussement, mais les méthodes existantes en sont dénuées. Enfin, la plupart des vaisseaux peuvent être récupérés par un seuillage simple lorsque le niveau de bruit ne recouvre pas le signal. Ce problème est visible en MIP puisque l'intégralité des vaisseaux sont visibles quand ils ne sont pas recouverts par des blobs gaussiens (voir Fig. 4.16).

#### 4.4.2.2 Version 2

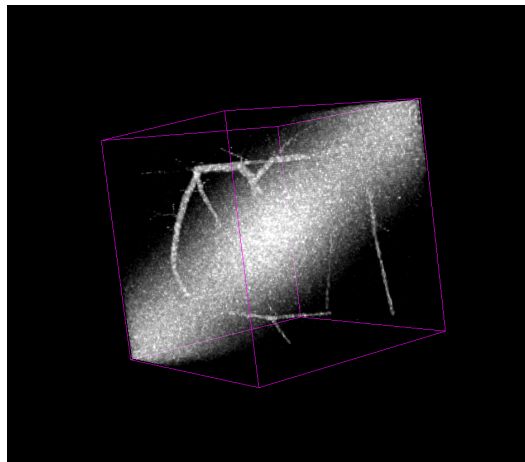
Dans une deuxième itération, nous avons revu le processus de création de ces volumes. Premièrement, les volumes ont été redimensionnés par ajout de zéros (padding) pour que leur taille passe de  $101 \times 101 \times 101$  à  $128 \times 128 \times 128$  voxels. Ce changement nous a permis de faciliter l'utilisation de cette base synthétique avec des méthodes de deep learning (Chap. 7).

**Étapes 1 et 2** Comme pour la version 1, un fond constant égal à l'intensité minimale des vaisseaux est ajouté. De même, l'intensité des vaisseaux est aussi réajustée. Cette fois-ci, la



(a) Vérité terrain

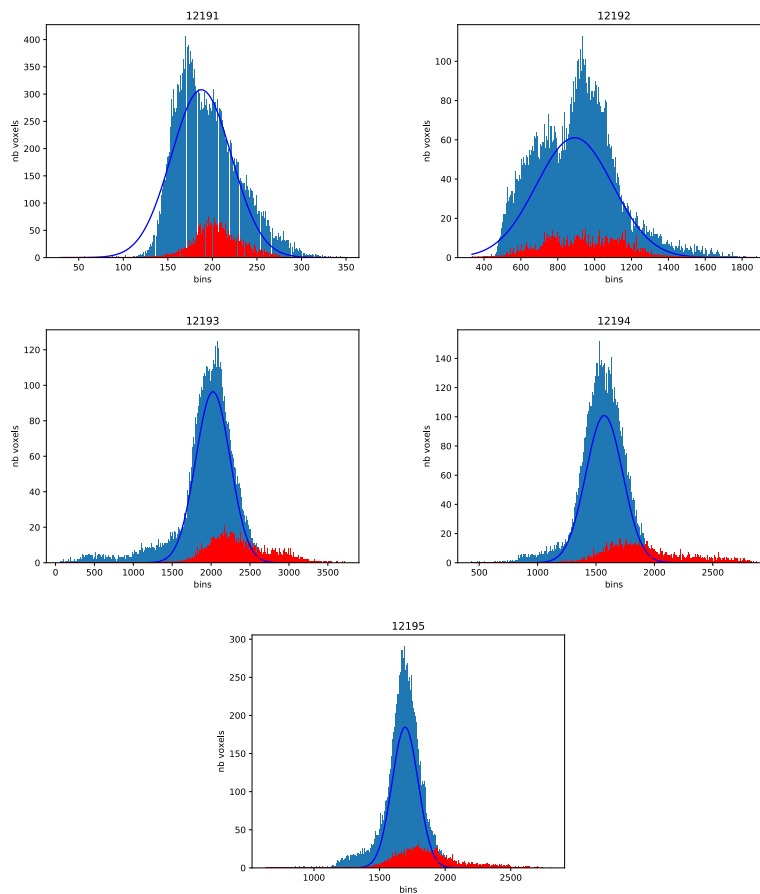
(b) Volume IRM simulé (MIP)



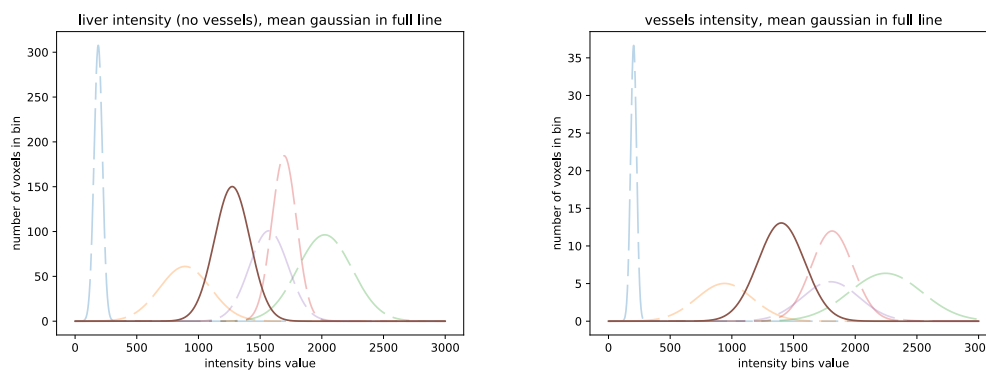
(c) Volume seuillé (MIP)

**Figure 4.16:** Vérité terrain et projection d'intensités maximales (MIP) d'une image générée avec la première version. La majeure partie des vaisseaux peut être obtenue par simple seuillage lorsque ceux-ci ne sont pas perdus dans les artefacts d'illumination.

plage d'intensité des vaisseaux est définie à partir de mesures de l'intensité des voxels issue d'IRM réelles de foie. Ces mesures ont été réalisées manuellement sur 5 volumes issus du projet R-Vessel-X. Pour chaque volume, nous avons annoté 3 coupes relativement espacées à l'intérieur du foie. Pour chaque coupe, nous avons annoté manuellement le fond et les vaisseaux afin d'obtenir un histogramme de la répartition des intensités pour les tissus et les vaisseaux par volume. Pour chaque volume, nous avons adapté une distribution gaussienne aux données (Fig. 4.17), puis nous avons moyenné les courbes de manière à obtenir une distribution moyenne (Fig. 4.18). Ainsi, pour des voxels d'images IRM compris dans l'intervalle  $[0, 3000]$  la moyenne de l'intensité des tissus du foie hors vaisseaux est de  $1273 \pm 144$  et celle des vaisseaux  $1400 \pm 189$ . Ramené à une dynamique d'intensité comprise entre  $[0, 255]$  on obtient  $108 \pm 12$  pour les tissus hors vaisseaux et  $119 \pm 16$  pour les vaisseaux. L'écart entre la moyenne des intensités des tissus et celle des vaisseaux est faible. En pratique, cet écart est plus élevé localement. Nous avons donc utilisé la somme de la moyenne des vaisseaux et de leur écart type pour l'intensité des vaisseaux ( $135 = 119 + 16$  vs  $119$ ). On peut ainsi augmenter la dynamique de niveaux de gris de l'image tout en restant cohérent avec les



**Figure 4.17:** Histogramme des intensités des volumes IRM du foie (anonymisés) ayant servi à modéliser les intensités moyennes des voxels pour VasculSynth. Des modèles gaussien représentés par les courbes rouges et bleu ont été extraits pour chacune des distributions. Les voxels appartenant aux vaisseaux apparaissent en rouge et les autres en bleu. On note que les intensités des vaisseaux sont inclus dans l'intervalle d'intensité des tissus du foie.



**Figure 4.18:** Distribution moyenne pour les tissus du foie (gauche) et les vaisseaux (droite). La distribution moyenne de l'ensemble des distributions des volumes est affichée en traits pleins.

mesures physiques. En effet, une trop petite dynamique dégrade aussi le profil des gaussiennes utilisées dans les étapes suivantes en formant une pente crénelée plutôt que lisse. Augmenter l'intervalle d'intensité donne aux gaussiennes un profil décroissant plus régulier.

**Étape 3** Dans cette version, nous avons introduit deux types supplémentaires de variations d'intensités via deux filtres : un premier pour faire varier le profil d'intensité des vaisseaux et un second pour faire varier l'intensité globale de l'image. Dans le premier cas, celle-ci essaie d'approcher les variations d'intensités liées à l'agent de contraste. Dans le second cas, cette modification a été faite pour que l'extraction d'une segmentation par simple seuillage soit difficile. L'objectif est alors que, localement, les vaisseaux restent des maxima locaux, mais que ceux-ci soient d'intensité plus faible que des tissus du foie situés à l'autre extrémité du volume.

Pour inclure ces améliorations, l'algorithme de génération change légèrement. Pour le changement d'intensité dans les vaisseaux, on utilise un masque avec des gaussiennes tirées aléatoirement ; ces gaussiennes sont pondérées de manière à faire diminuer l'intensité des vaisseaux au maximum de 30 % par rapport à leur intensité initiale. Les gaussiennes étant tirées dans l'espace entier de l'image, on obtient des variations non linéaires le long des vaisseaux.

La pondération de l'ensemble de l'image par des gaussiennes est effectuée pour que la diminution d'intensité atteigne au maximum 40 % de l'intensité originale des pixels.

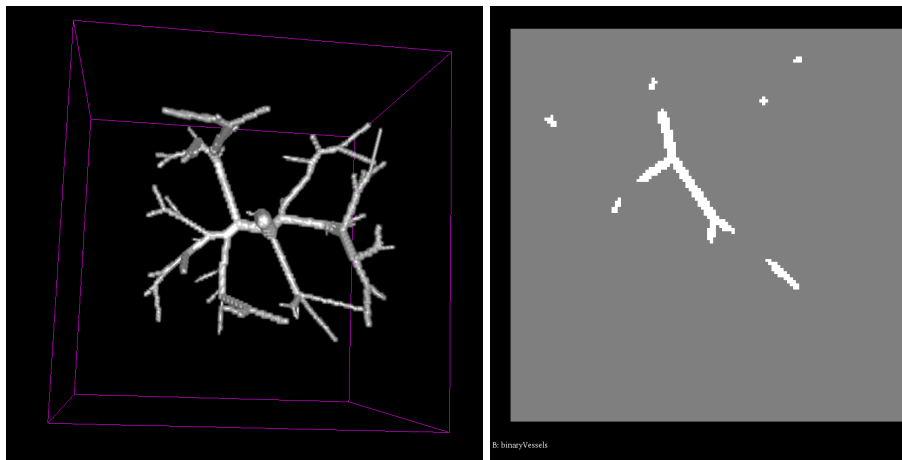
Des artefacts gaussiens sont ajoutés pour venir perturber les filtres de rehaussement en introduisant des structures faiblement tubulaires, planaires ou en forme de blob. Pour cela, une dizaine d'éléments gaussiens sont introduits avec un  $\sigma$  aléatoire pour chaque axe de l'image. Ces artefacts sont introduits de manière additive. Par conséquent, cette opération ne provoque aucune disparition de vaisseaux. Dans le pire des cas, un saut d'intensité est observé.

**Étape 4** Enfin, un bruit ricien est ajouté. L'écart d'intensité entre le fond et les vaisseaux étant plus faible sur cette version, nous avons revu les différents niveaux de bruit appliqués aux volumes tel que  $\sigma = 2, 4, 6$ .

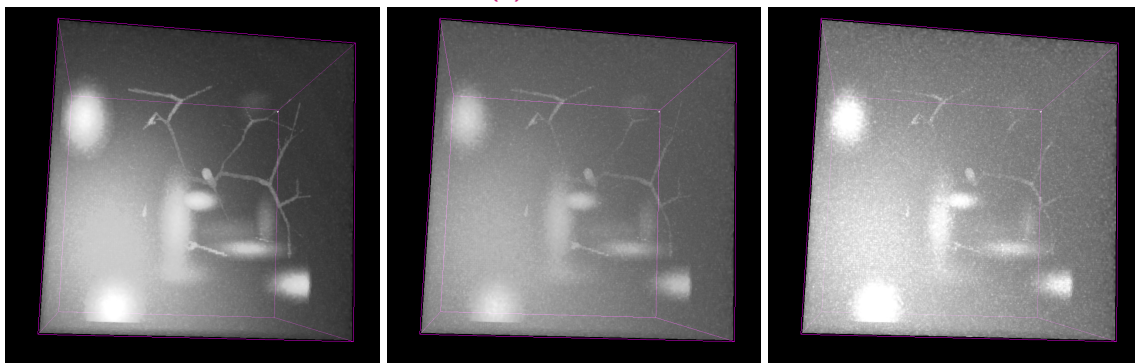
Les étapes de génération des volumes pour cette version sont :

1. ajuster l'intensité des vaisseaux ;
2. pondérer l'intensité des vaisseaux par des gaussiennes ;
3. ajouter un fond constant ;
4. pondérer l'intensité de l'ensemble de l'image par des gaussiennes ;
5. ajouter des artefacts intenses gaussiens ;
6. ajouter du bruit.

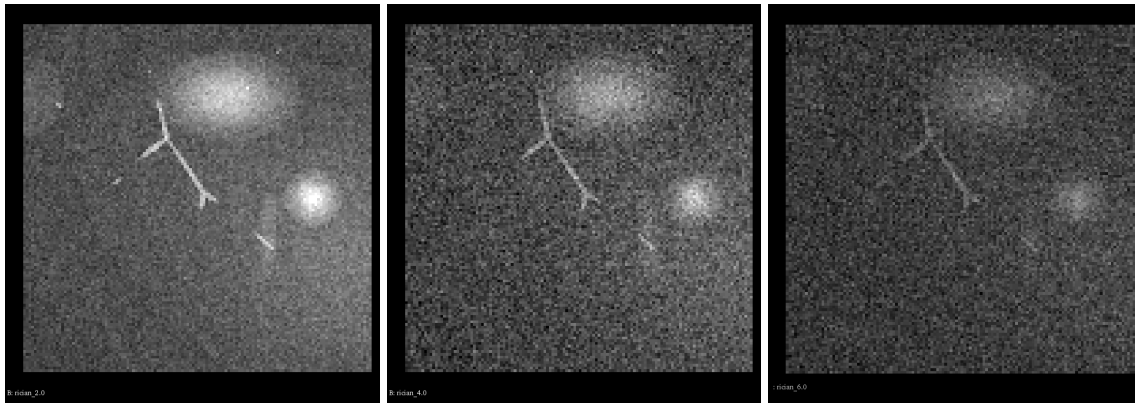
En conclusion, nous générons 360 volumes (120 volumes pour chaque niveau de bruit) contenant un arbre vasculaire et 4 types d'artefacts courants dans les images d'IRM (Fig. 4.19) que nous avons nous même validé de manière visuelle.



(a) Vérité terrain



(b) Volumes 3D générés avec un bruit ricien croissant  $\sigma = \{2, 4, 6\}$ .



(c) Coupes des volumes 3D avec un bruit ricien croissant  $\sigma = \{2, 4, 6\}$ .

**Figure 4.19:** Illustration des volumes générés avec la seconde version de simulation d'artefacts IRM. Les vaisseaux restent localement visibles malgré un contexte global complexe.

## 4.5 Construction des zones d'évaluation des filtres

De manière générale on évalue un algorithme dans le voisinage global de l'organe que l'on traite. Par exemple, lorsque l'on veut segmenter le cerveau, on évalue la performance de la segmentation sur l'image globale. Pour les vaisseaux, on évalue généralement un traitement par rapport à l'organe correspondant : le foie pour l'Ircad ou le cerveau pour Bullitt.

Cette évaluation globale n'est cependant pas suffisante seule pour évaluer le rehaussement de manière précise, puisqu'un filtre peut se comporter différemment en fonction des structures présentes localement. Nous avons donc souhaité définir des régions d'évaluation distinctes, que nous appelons zones d'intérêt (ZI), de manière à évaluer quantitativement le rehaussement, région par région. Nous listons ici les ZI que nous avons sélectionnées et nous récapitulons leurs avantages.

La première zone d'intérêt est le **volume de l'organe**. Comme rappelé précédemment, c'est la zone d'évaluation classique qui permet de juger des performances globales d'un filtre. Elle permet d'évaluer le rehaussement de la totalité du réseau vasculaire, mais aussi d'analyser la capacité d'un filtre à éviter les artefacts globaux comme le bruit ou les structures non tubulaires. Pour les jeux de données que nous utilisons, ces structures correspondent par exemple aux tumeurs qui touchent les foies de l'Ircad, aux replis du cerveau pour Bullitt ou encore aux artefacts gaussiens pour VasuSynth.

La seconde région d'intérêt concerne **les vaisseaux et leur voisinage proche**. Le voisinage est défini par un ensemble de voxels dont la distance aux vaisseaux est relativement faible. Étudier le rehaussement sur les vaisseaux seuls est important. En effet, un filtre qui n'arriverait pas à filtrer les artefacts ou le bruit peut toutefois présenter un rehaussement des vaisseaux de bonne qualité. Comme notre véritable terrain est voxélique, il est plus pertinent d'étudier les voxels appartenant aux vaisseaux et à un voisinage. En effet, ajouter le voisinage permet d'inclure l'enveloppe extérieure des vaisseaux dans l'analyse et de savoir si le rehaussement surestime la taille des vaisseaux. Cette région peut être subdivisée en partitions en fonction de la taille ou de la hiérarchie des vaisseaux. On peut ainsi analyser quels types de vaisseaux, larges ou fins, sont les mieux rehaussés et dans quel contexte.

La troisième région d'intérêt concerne **les bifurcations des vaisseaux**. Cette zone est singulière, car elle correspond à une jonction des vaisseaux tubulaires. Dans cette zone, la géométrie n'est plus tubulaire et le rehaussement peut donc y être affaibli. Cette perte de signal a été signalée dans de nombreuses publications et est souvent illustrée de manière visuelle sur des données synthétiques. Par contre, elle n'a, à notre connaissance, jamais été évaluée quantitativement.

Pour la zone d'intérêt des organes, celle-ci est relativement simple à obtenir à l'aide d'outils semi-automatiques comme les level sets ou la croissance de région à partir de marqueurs placés à la main. La géométrie de la bordure des organes est la plupart du temps simple et bien définie. Il peut cependant arriver que le mouvement du patient durant l'acquisition fasse



fusionner des tissus, comme c'est souvent le cas entre le foie et l'estomac. Dans ce cas, une correction manuelle peut être nécessaire.

La construction des zones d'intérêt du voisinage des vaisseaux passe par l'utilisation des vérités terrains. Pour la vérité terrain des vaisseaux, une première approximation peut être obtenue par seuillage en profitant du profil d'intensité élevé des vaisseaux. Cependant, la majeure partie des annotations doit être réalisée manuellement par un expert. La création de ces vérités terrains prend du temps. À titre d'exemple, il faut environ une heure pour segmenter les vaisseaux d'une image IRM de foie. Une paire de vues 2D et MIP 3D permet de valider les annotations de manière simple et améliore considérablement la qualité des annotations.

Pour obtenir une zone d'intérêt du voisinage des vaisseaux, on peut dilater la vérité terrain des vaisseaux. Nous avons dans un premier temps réalisé une dilatation globale. Cette dilatation construit un voisinage de taille constante autour des vaisseaux malgré des variations de tailles des vaisseaux. Le rapport entre le nombre de voxels du fond et des vaisseaux est donc différent pour les gros vaisseaux et les petits vaisseaux. Afin d'équilibrer ce rapport et d'observer le rehaussement en fonction de la taille des vaisseaux, nous avons séparé le voisinage des vaisseaux en trois classes pour l'Ircad et VascuSynth et deux classes pour Bullitt. Pour les deux premiers jeux de données, la première classe comprend les gros vaisseaux correspondant aux troncs des réseaux vasculaires. Une seconde classe comprend les vaisseaux de taille moyenne après les premiers embranchements et une troisième classe regroupe les petits vaisseaux des extrémités des réseaux vasculaires. Pour Bullitt, les vaisseaux présentent moins de variations de tailles et seules deux classes sont utilisées : une classe de tailles moyennes correspondant aux artères principalement localisées dans la zone inférieure du cerveau, appelée cercle de Willis, et une classe pour le reste des vaisseaux plus petits. La répartition des vaisseaux entre chaque classe nécessite de labelliser chaque branche de vaisseaux de la vérité terrain en fonction de son diamètre.

Afin de simplifier la dénomination des masques dans le reste de ce manuscrit, nous introduisons les notations suivantes :

- $M_{\text{glo}}$  pour le masque global, qui correspond à l'organe du volume traité. (Le foie pour le jeu de l'Ircad, le cerveau pour le jeu Bullitt et l'image entière pour le jeu VascuSynth) ;
- $M_{\text{vasc}}$  pour le voisinage des vaisseaux, qui correspond à l'union des vaisseaux et des zones proches des vaisseaux (voir la méthode de construction ci-dessous) ;
- $M_{\text{vess}}^{\text{large}}$ ,  $M_{\text{vess}}^{\text{medium}}$ ,  $M_{\text{vess}}^{\text{small}}$ , les masques de voisinage des vaisseaux, qui constituent une partition dépendante de la taille des vaisseaux de  $M_{\text{vasc}}$  ;
- $M_{\text{bif}}$ , le masque des bifurcations à l'intérieur des vaisseaux.

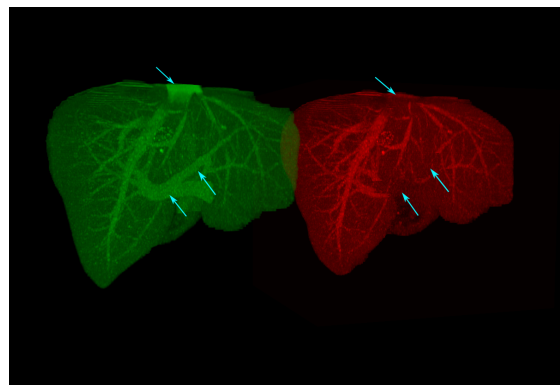
### 4.5.1 Masques globaux

Nous décrivons ici la création des masques par base de données. Chaque base a ses spécificités qu'il a fallu prendre en compte pour la création des masques.

**Ircad** Les masques globaux du foie sont déjà disponibles dans le jeu de données de l'Ircad. Cependant, ils ne recouvrent pas le ou les premier(s) embranchement(s) du tronc porte et la base de la veine cave situés légèrement à l'extérieur du foie. Par conséquent, lorsque l'on masque la vérité terrain des vaisseaux par le masque du foie, on produit une vérité terrain avec de nombreux vaisseaux déconnectés entre eux.

Ce manque de connectivité peut être problématique pour l'évaluation de filtres nécessitant une graine d'initialisation. Il pose aussi problème dans le cas où l'on voudrait évaluer le degré de connectivité d'une segmentation d'un réseau vasculaire complet après l'application d'un filtre de rehaussement. Il est en effet plus simple pour les médecins de planifier une opération à partir d'un arbre vasculaire complet plutôt que des vaisseaux déconnectés.

Nous avons utilisé ces masques dans la première version de notre banc de test. Nous avons ensuite raffiné manuellement les vérités terrains. Pour cela, nous avons extrait les bases des vaisseaux à partir de leur vérité terrain avant de les fusionner avec le masque du foie (Fig. 4.20).

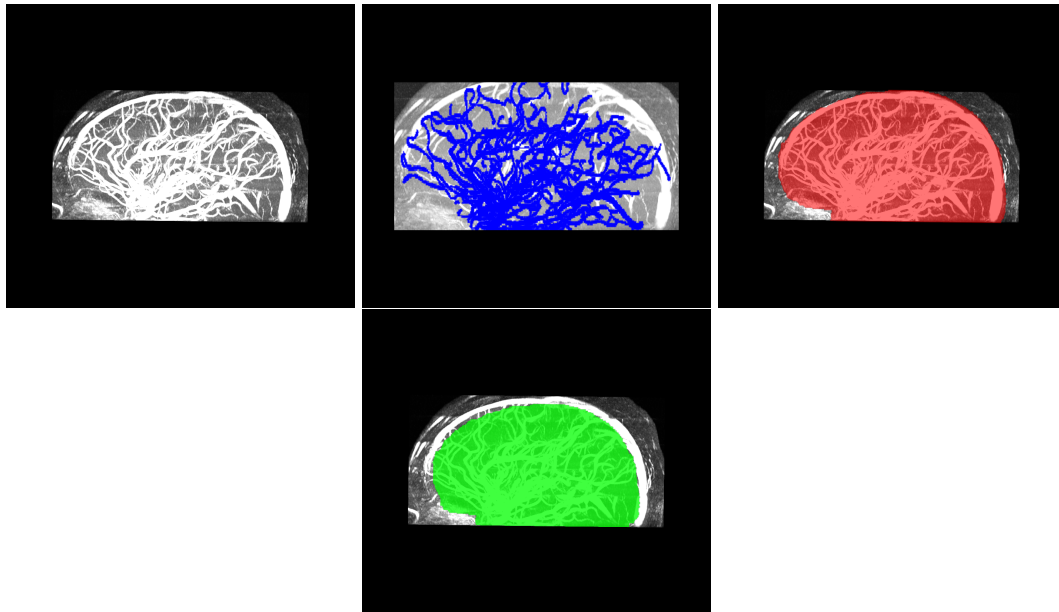


**Figure 4.20:** En rouge, masque du foie à la version 1. En vert, masque à la version 2 comprenant les veines portes et caves.

**VascuSynth** Pour le jeu de données issu de VascuSynth, il n'y a pas d'organe réel. Le masque global est donc un masque recouvrant l'image entière. Nous aurions pu créer un masque artificiel et simuler des bordures d'organes. Cependant, cette problématique est déjà couverte par les deux autres bases de données. De plus, ceci nous permet d'évaluer la qualité du rehaussement sans la présence d'artefacts de bordure.

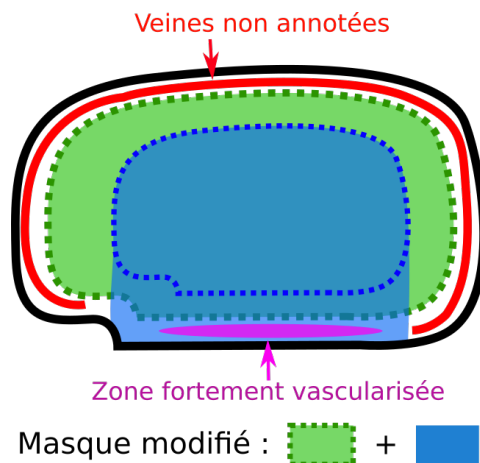
**Bullitt** Pour Bullitt, nous avons été confrontés à deux problèmes. Le premier est qu'il n'y avait pas de masques du cerveau pour cette base. Ces masques ont dû être créés manuellement pour les 33 volumes utilisés. Deuxièmement, nous avons dû faire face à un problème d'annotations. En effet, une partie des vaisseaux ne faisait pas partie du périmètre d'étude de Sanchez et al. [San+19] (Fig. 4.21). De larges veines dans la région périphérique intérieure du cerveau ne sont donc pas annotées. Celles-ci auraient été rehaussées lors de l'évaluation de nos filtres et auraient influencé négativement les résultats présentés dans le chapitre suivant. Nous avons

donc choisi de réduire le masque du cerveau de manière à ignorer ces vaisseaux. Le masque



**Figure 4.21:** En blanc, MIP d'un cerveau. En bleu, vérité terrain des vaisseaux. En rouge, masque du cerveau et en vert, masque corrigé. Ce masque permet d'ignorer les vaisseaux non annotés tout en conservant le cercle de Willis situé à la base du cerveau.

du cerveau a été redimensionné à 70 % de sa taille initiale en conservant son centre à la même position. Ce premier masque recouvre une majorité du volume du cerveau en ignorant les veines non annotées. Néanmoins, il ne recouvre pas la zone fortement vascularisée, le cercle de Willis, au niveau de la bordure inférieure du masque. Pour conserver ces vaisseaux, nous avons redimensionné un second masque du cerveau à 40 % de sa taille initiale. Nous avons ensuite utilisé l'intersection du premier masque et de la zone sous le second masque comme nouveau masque du cerveau (Fig. 4.22). La zone sous le second masque est créée par intersection des translations vers le bas du second masque.

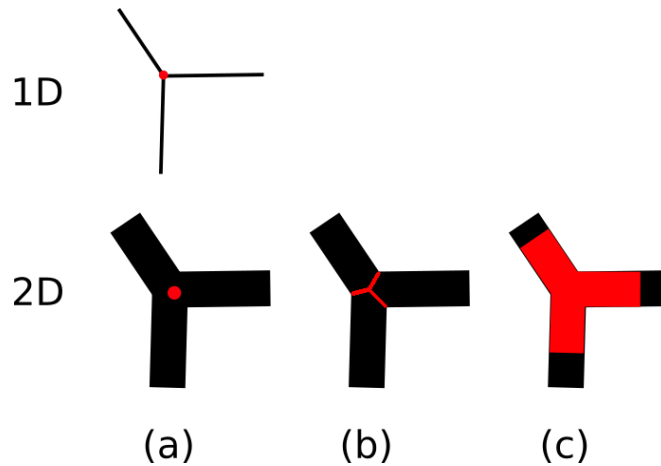


**Figure 4.22:** Composition du nouveau masque du cerveau excluant les veines périphériques (rouge). Deux redimensions à 70 % (vert) et 40 % (bleu) de la taille initiale du masque du cerveau (noir) permettent de créer le masque final.

## 4.5.2 Masques des vaisseaux

### 4.5.2.1 Outils de simplification des vaisseaux

La création des masques du voisinage des vaisseaux et du masque des bifurcations directement à partir de la vérité terrain voxélique des vaisseaux est complexe. Cette complexité est due au fait que plus la dimension d'un objet croît, plus il est difficile à décrire et à manipuler. Par exemple, une bifurcation est plus facile à définir sur une structure en une dimension qu'une structure en 2D ou en 3D (Fig. 4.23). Le squelette est le résultat d'un algorithme

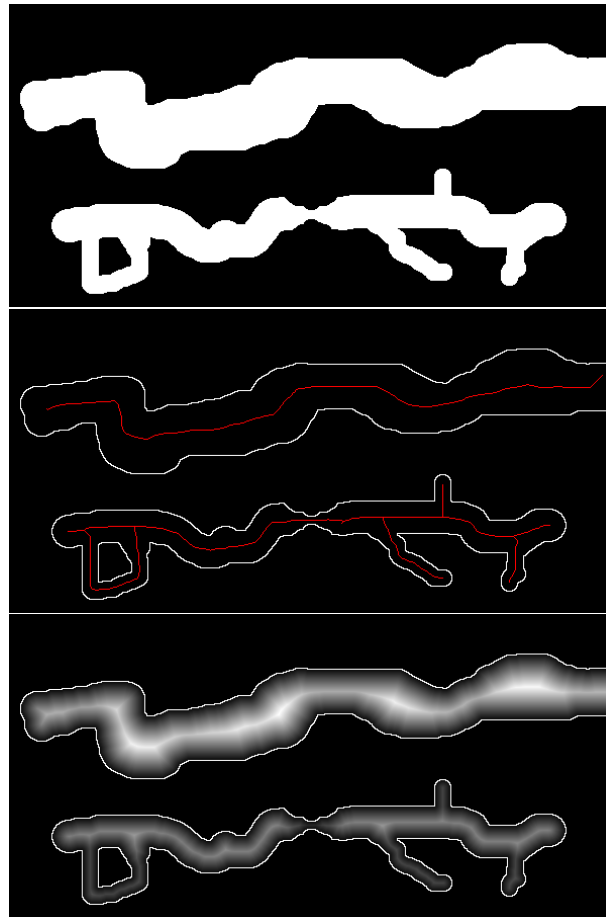


**Figure 4.23:** Illustration de l'augmentation de la complexité de la description du concept de bifurcations avec l'augmentation de dimension. En 1D la bifurcation peut-être définie comme un point. En 2D, la position du point est plus incertaine et les manières de définir une bifurcation sont plus nombreuses.

permettant d'affiner un objet binaire jusqu'à ce qu'il ne forme plus qu'une structure quasi 1D (Fig. 4.24). On peut visualiser le squelette comme étant le résultat d'une forme dont les bords ont été rongés au fur et à mesure et dont le processus s'arrête lorsque le fait d'enlever un voxel supplémentaire modifie la topologie de l'objet initial [LKC94]. Une autre manière de voir le squelette est de considérer la carte de distances internes à un objet où pour chaque voxel, on calcule la distance au bord le plus proche. Dans ce cas, l'ensemble des maxima locaux forme un ensemble d'arêtes connexes correspondant au squelette. Les algorithmes de squelettisation dépendent de la connexité des voxels. En 2D on parle de 4-connexité lorsque l'on considère les pixels Nord, Sud, Est, Ouest et de 8-connexité en ajoutant les pixels situés sur les diagonales (Nord-Est, Nord-Ouest, Sud-Est, Sud-Ouest). L'équivalent 3D de la 4-connexité est la 6-connexité et l'équivalent 3D de la 8-connexité est la 26-connexité.

L'algorithme proposé par ITK permet d'obtenir des squelettes 3D [Hom07] en 26-connexité afin d'obtenir des squelettes sans déconnexions.

La squelettisation simplifie énormément l'identification des bifurcations ainsi que des différentes branches des vaisseaux comme nous allons le voir dans les sections qui suivent.



**Figure 4.24:** De haut en bas : image binaire, squelette de la structure et transformée en distance interne. Le squelette correspond aux crêtes formées par les maxima locaux. Le contour externe des structures est conservé pour plus de lisibilité.

#### 4.5.2.2 Masques des bifurcations

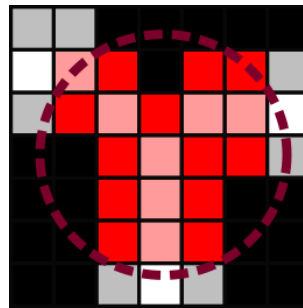
Les bifurcations sont des zones décrites par la littérature comme particulièrement mal rehaussées par les filtres. Celles-ci sont toutefois étudiées de manière qualitative sur quelques exemples synthétiques. Cependant, très peu de travaux, aussi bien pour des données synthétiques que pour des données réelles, ont essayé de mesurer quantitativement le rehaussement sur les bifurcations des vaisseaux. Une des raisons plausibles est qu'il est difficile de définir une bifurcation de manière précise. Par exemple, si l'on considère la bifurcation comme un point, il est nécessaire d'estimer son positionnement. Si les vaisseaux ont la même taille, on peut prendre le croisement des lignes centrales. La question devient plus complexe sur des bifurcations avec des vaisseaux de taille différentes.

En observant des exemples qualitatifs de rehaussement des bifurcations dans des publications précédentes, on se rend compte que la perte de signal est graduelle. On obtient un signal relativement fort au niveau des vaisseaux qui diminue graduellement jusqu'au point de fusion des vaisseaux. C'est la mesure de cette perte graduelle qui nous intéresse. Notre masque de bifurcations doit donc non seulement couvrir le centre de celles-ci, mais aussi couvrir une partie des vaisseaux quittant la bifurcation (Fig. 4.23 (c)).

La localisation des bifurcations des vaisseaux est facilitée par le squelette des vaisseaux. Une fois celui-ci obtenu, on peut caractériser chaque voxel par le nombre de voxels adjacents. Un seul voxel adjacent signifie la présence d'une extrémité ; deux voxels adjacents indiquent que le voxel appartient à une branche. À partir de 3 voxels, le voxel appartient à une bifurcation.

On peut tout à fait automatiser cette tâche de comptage grâce à l'opérateur de convolution. Cela nécessite un squelette binaire avec un premier plan blanc (intensité de 1) sur fond noir (intensité 0) ainsi qu'un noyau de convolution rempli de 1. Il suffit alors de seuiller le résultat pour obtenir les bifurcations recherchées.

Une fois les bifurcations identifiées et localisées spatialement, on peut dilater ces voxels par un élément structurant afin d'obtenir une boule recouvrant les zones de bifurcations. On peut ensuite masquer cette boule par la segmentation originale pour obtenir une segmentation des bifurcations en forme de fourche (Fig. 4.26). Cette méthode, censée fonctionner en théorie

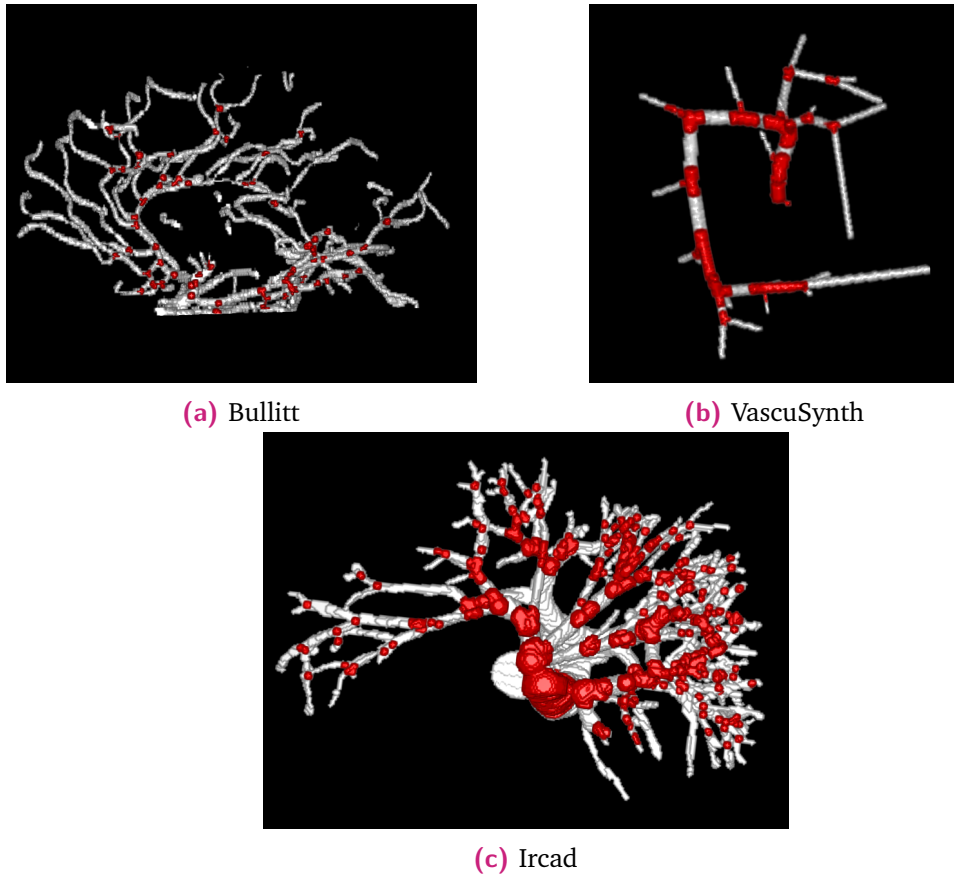


**Figure 4.25:** Création du masque des bifurcations. Les vaisseaux apparaissent en gris et leur squelette en blanc. La zone d'intérêt de la bifurcation (rouge) est composée par l'intersection entre une boule et la vérité terrain des vaisseaux. Le diamètre de la boule est défini en fonction de la taille des bifurcations.

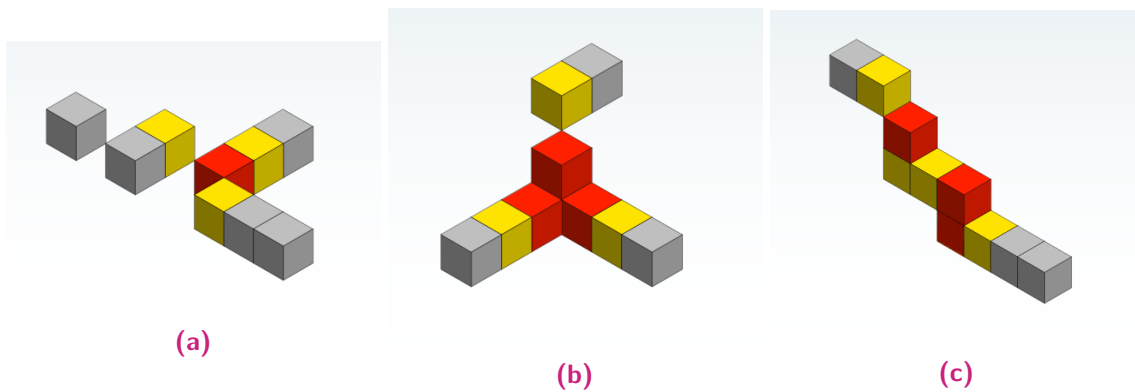
produit de mauvais résultats avec l'algorithme de squelettisation d'ITK. En 26-connexité, Une bifurcation peut-être définie comme 3 voxels au lieu d'un seul, par effet miroir de notre définition d'une bifurcation (Fig. 4.27 (b)). Cette observation n'est pas problématique au niveau de la géométrie des vérités terrain finales, mais triple le temps de traitement pour ces bifurcations.

Plus problématique, la nature du squelette d'ITK peut être localement en 4-connexité. Nous détectons donc des bifurcations à des endroits où il n'en existe pas (Fig. 4.27 (c)).

On peut aussi observer que les irrégularités sur la surface des vaisseaux produisent des branches parasites du squelette et donc créent des bifurcations sur le squelette, mais inexistantes au niveau des vaisseaux (Fig. 4.28). Ces branches supplémentaires sont difficiles à identifier par rapport au squelette légitime. Ce problème n'est cependant significatif que pour les gros vaisseaux de la base de l'Ircad et nous l'atténuons en conservant les bifurcations seulement à l'intérieur du masque original du foie (sans les troncs manuellement ajoutés). Les problèmes précédents ont ensuite été réglés en partie dans une seconde itération. Nous avons pu produire des squelettes plus propres à partir d'un algorithme de squelettisation par



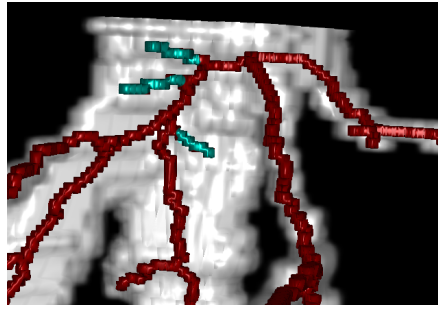
**Figure 4.26:** Masque des bifurcations (rouge) pour les trois jeux de données.



**Figure 4.27:** Exemples de squelettes rencontrés avec l'algorithme de squelettisation 3D d'ITK en 26-connexité. En rouge, voxels ayant exactement 3 voisins (jaune). Lorsque les courbures du squelette s'effectuent en 4-connexité, des voxels peuvent être identifiés comme des bifurcations (b) et (c).

noyau critique [BC06] et ainsi éliminer une grande partie des bifurcations erronées (Fig. 4.27 (c)).

Dans cette seconde itération avec un squelette de meilleure qualité, nous avons aussi abandonné l'identification des bifurcations par convolution pour utiliser une méthode à base de parcours de graphe. Le parcours de graphe permet à la fois de détecter les bifurcations, de nettoyer les cas miroirs et de labelliser chaque branche du réseau vasculaire en fonction de sa



**Figure 4.28:** Partie supérieure de la veine hépatique à l'entrée d'un foie de l'Ircad. Les irrégularités sur la surface des vaisseaux provoquent des branches parasites pour la détection des bifurcations des vaisseaux (bleu).

taille. Le fonctionnement du parcours de graphe est expliqué dans la section suivante dans laquelle nous décrivons la construction des parcours par taille.

### 4.5.3 Masques par taille

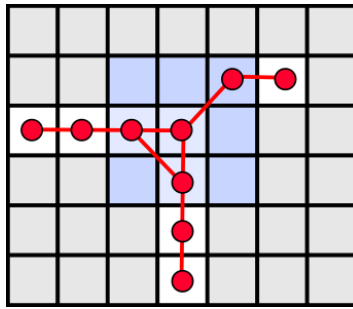
Dans un réseau vasculaire, chaque branche n'est pas constituée du même nombre de voxels. L'ordre de grandeur pour les gros vaisseaux est d'une dizaine de voxels de diamètre pour une centaine de long. L'ordre de grandeur pour les petits vaisseaux est de quelques voxels de diamètre pour une dizaine de voxels de long. Chaque image présente une répartition différente entre gros et petits vaisseaux. Lorsque l'on calcule des métriques quantitatives sur le réseau vasculaire total, il est difficile d'évaluer la contribution réelle des différentes classes de tailles de vaisseaux. Il est toutefois possible qu'un filtre produise un rehaussement différent en fonction de la taille des vaisseaux. C'est pourquoi nous avons décidé de créer une partition du masque de voisinage global en classes dépendant de la taille des vaisseaux.

Créer une partition des vaisseaux par taille revient à labelliser chaque branche en fonction de son diamètre puis à classifier les branches par taille. Comme pour les bifurcations, nous sommes partis du squelette de la vérité terrain des vaisseaux.

Le parcours du squelette de proche en proche nous permet de déterminer la hiérarchie des branches. Pour cela, on définit les voxels du squelette comme un graphe dans lequel les voxels sont les nœuds et les arêtes sont définies par adjacence des voxels en 26-connexité (Fig. 4.29). Il est tout à fait possible que des déconnexions entre les vaisseaux existent dans les vérités terrain. Les traitements de parcours de graphe que nous décrivons sont donc réalisés pour chaque composante connexe.

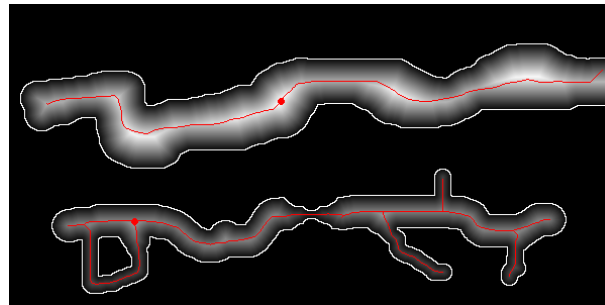
Une première étape consiste à identifier un point de départ sur une composante connexe. Nous avons choisi comme point de départ le point sur le squelette où le diamètre des vaisseaux est le plus élevé. Il correspond à un point habituellement au centre du vaisseau racine pour les réseaux vasculaires en forme d'arbres (Ircad et VascuSynth). Pour identifier la position du nœud de départ, nous utilisons la transformée en distance interne à la vérité terrain des vaisseaux.





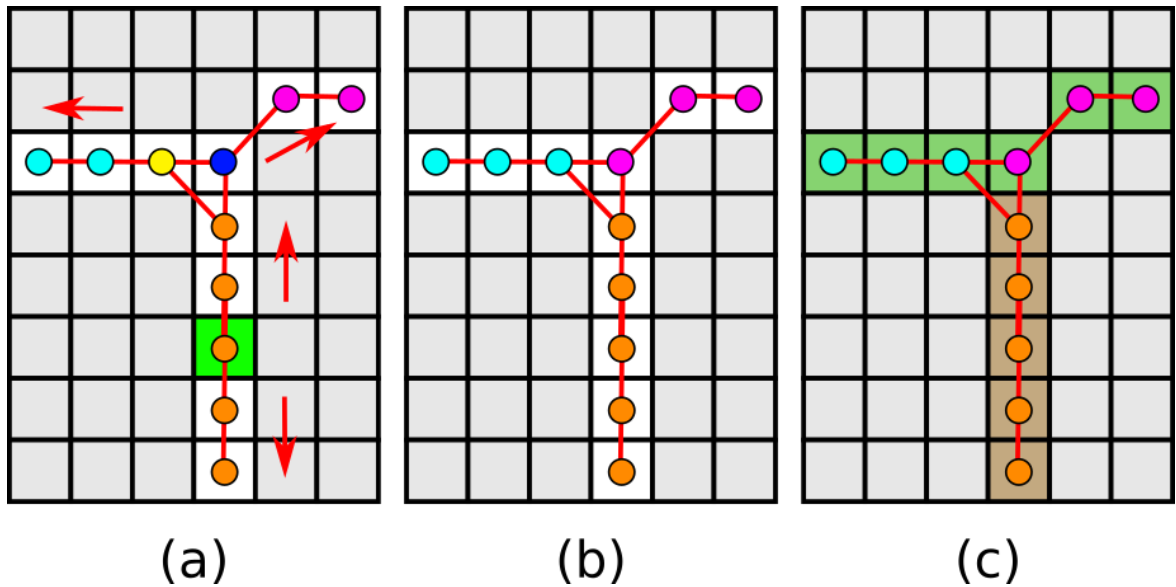
**Figure 4.29:** Représentation 2D du graphe (rouge) construit à partir du squelette (blanc). Les voxels forment les nœuds du graphe et les arêtes sont définies par l'adjacence en 26-connexité des voxels (bleu).

Celle-ci nous permet d'obtenir la distance aux bords de tous les pixels de la segmentation. À branches parasites près, le squelette correspond à la ligne centrale des vaisseaux ; la valeur de la carte de distances pour les points du squelette correspond alors au rayon des vaisseaux. Nous choisissons donc comme point de départ le voxel du squelette avec le rayon le plus large (Fig. 4.30). Un label est ensuite propagé le long du squelette jusqu'à la rencontre de

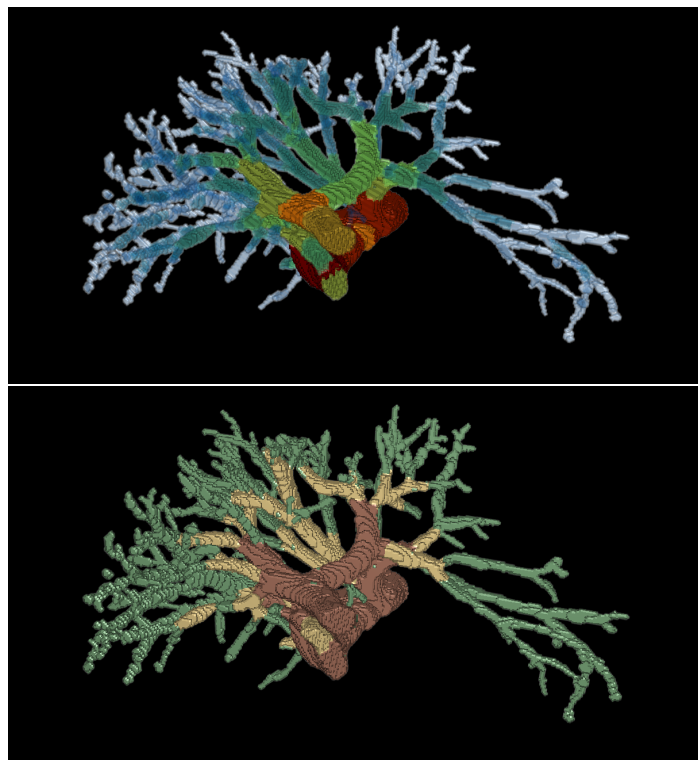


**Figure 4.30:** Le départ du parcours de graphe est le point sur le squelette (rouge) où la valeur de la carte de distances est la plus élevée. Les valeurs de la carte de distances sur le squelette correspondent au diamètre des vaisseaux.

la prochaine bifurcation, c'est-à-dire un voxel avec plus de deux voisins, ou d'une extrémité. Le voxel d'initialisation est un cas particulier puisqu'il est souvent détecté au centre d'une branche. La branche racine du squelette est donc visitée par deux fronts de propagation portant le même label contrairement aux autres branches qui ne sont visitées que par un seul front. À chaque rencontre d'une bifurcation, un nouveau label unique est associé à une nouvelle branche (Fig. 4.31 (a)). Cette méthode souffre du même défaut que pour la création des masques de bifurcations à cause de la symétrie de configuration rencontrée sur les bifurcations (cycle du graphe Fig. 4.29). Cette symétrie provoque l'apparition de labels pour lesquels seulement 1 voxel leur est attribué (Fig. 4.31 (a)). Une solution est donc de relabelliser ces voxels avec le label d'une branche adjacente. Cela n'impacte pas le résultat final. Cette méthode de relabellisation de branches de petites tailles (moins de 4-5 voxels) peut aussi être utilisée si un algorithme de squelettisation moins performant est utilisé. Une fois les branches du squelette labellisées, celles-ci doivent être relabellisées par la taille des branches des vaisseaux (Fig. 4.32). Pour cela nous définissons leur taille comme étant le rayon maximum de la branche obtenue grâce à la carte de distances précédemment calculée.



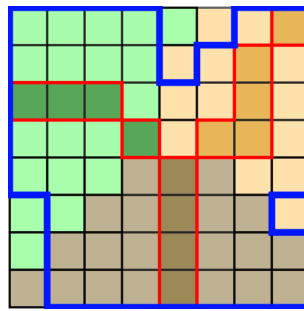
**Figure 4.31:** (a) Le parcours de graphe pour la labellisation des vaisseaux commence à la racine (vert). La labellisation est ensuite propagée de proche en proche. Le label change lorsqu'une bifurcation (un nœud avec plus de deux voisins) est découverte. (b) Les labels isolés sont fusionnés avec le label d'une des branches adjacentes. (c) On associe ensuite au squelette de chaque branche une classe qui est propagée sur les voxels de la vérité terrain.



**Figure 4.32:** En haut, taille des vaisseaux par branche : Une branche est caractérisée par son rayon maximal. Les vaisseaux de faible diamètre sont représentés en bleu et les vaisseaux de gros diamètres en rouge. En bas, partition en trois classes des vaisseaux : gros vaisseaux en marron, vaisseaux moyens en jaune et petits vaisseaux en vert.

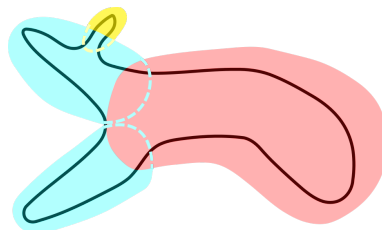
Enfin, il est possible de propager les labels générés sur le squelette à l'ensemble des voxels en utilisant un algorithme de *fast marching* ou des cellules de Voronoï avec les labels pour

graines (Fig. 4.33). Le choix du rayon maximum plutôt que le rayon moyen des branches assure que la limite des partitions des masques par taille soit bien définie. Le masque du



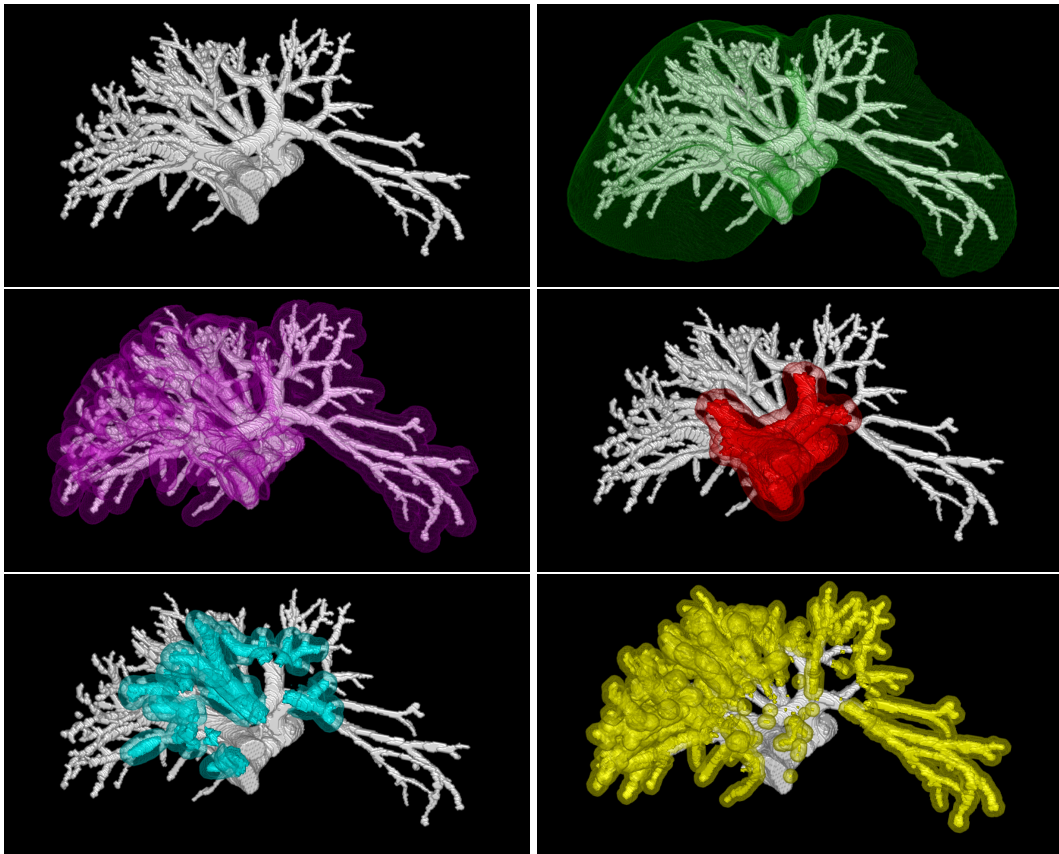
**Figure 4.33:** Propagation des labels du squelette (zone rouge) sur les vaisseaux (zone bleu) par calcul de leur zone d’influence grâce à l’algorithme des cellules de Voronoï. Chaque voxel est labellisé par le label du squelette le plus proche. Lorsqu’ un voxel est à équidistance d’un label, une décision arbitraire est prise.

voisinage des vaisseaux est construit en fonction du diamètre des vaisseaux minimal, moyen et maximal de chaque jeu de données :  $[0, 3]$ ,  $]3, 6[$  et  $]6, +\text{inf}[$  mm pour l’Ircad et  $[0, 1]$ ,  $]1, 2[$  et  $]2, +\text{inf}[$  mm pour VascuSynth. Le diamètre des vaisseaux dans le jeu de données Bullitt varie peu ; nous avons donc utilisé deux masques seulement :  $[0, 0.513]$  mm ( $M_{\text{vess}}^{\text{small}}$ ) et  $]0.513, +\text{inf}[$  mm ( $M_{\text{vess}}^{\text{medium}}$ ). Le masque du voisinage des vaisseaux ( $M_{\text{vess}}$ ) et ses partitions ( $M_{\text{vess}}^{\text{large}}$ ,  $M_{\text{vess}}^{\text{medium}}$ ,  $M_{\text{vess}}^{\text{small}}$ ) sont obtenus par dilatation de la vérité terrain des vaisseaux en fonction de leur diamètre. Ces valeurs ont été déterminées empiriquement : 9, 7, 5 voxels pour le jeu de l’Ircad ; 5, 3 pour le jeu Bullitt ; 7, 5, 3 pour VascuSynth. Lorsque deux masques de voisinages se chevauchent, la région conflictuelle est attribuée au masque des vaisseaux les plus larges. On garantit ainsi que les trois masques constituent bien une partition de  $M_{\text{vasc}}$  tout en préservant la cohérence des subdivisions créées (Fig. 4.35 et 4.34). En particulier,



**Figure 4.34:** Illustration de la hiérarchie de la partition des zones d’intérêt par tailles. Les zones d’intérêt les plus grandes ont précedence sur les zones les plus petites. Les zones d’intersections sont donc attribuées à la zone la plus grande ; on évite ainsi que des voxels participent à plusieurs zones d’intérêt.

nous avons  $M_{\text{bif}} \subseteq M_{\text{vasc}} \subseteq M_{\text{glo}}$  et  $M_{\text{vasc}} = M_{\text{vess}}^{\text{large}} \cup M_{\text{vess}}^{\text{medium}} \cup M_{\text{vess}}^{\text{small}}$ . Le masque  $M_{\text{bif}}$  est construit à partir des positions des bifurcations extraites du squelette. Ces points sont ensuite dilatés par un facteur  $kp$  où  $p$  est le rayon des vaisseaux et  $k = 3$  si  $p \leq 1$  voxel et 2 sinon. L’intersection avec la vérité terrain est ensuite réalisée de manière à assurer que  $M_{\text{bif}}$  est inclus dans les vaisseaux.



**Figure 4.35:** Zones d'intérêt (ZI) utilisés dans notre banc de test. Vérité terrain (blanc), ZI de l'organe (vert), ZI du voisinage des vaisseaux global (magenta), ZI du voisinage local des vaisseaux : large (rouge), moyen (cyan), petits (jaune)

## 4.6 Description du banc de test

### 4.6.1 Fonctionnement global

Notre banc de test est implémenté en deux blocs. Il est composé d'un premier bloc de calcul des métriques et d'un second bloc d'analyse des métriques récoltées.

Le premier bloc nécessite une base de données d'images et de leur vérité terrain, une liste de filtres, une liste de jeux de paramètres par filtres, un ensemble de zones d'intérêt et d'une série de métriques. L'algorithme est détaillé en algorithme 1.

Pour chaque volume de la base, chaque filtre et chaque paramètre, un filtrage est réalisé. Ce filtrage est ensuite seuillé afin de le comparer à la vérité terrain du volume. Afin de ne pas choisir arbitrairement un seuil, nous effectuons un ensemble de seuils successifs répartis linéairement dans  $[0, 1]$  et dont le nombre est choisi par l'utilisateur. Ensuite, pour chaque zone d'intérêt, une série de métriques toutes basées sur le calcul de la matrice de confusion

3. La décomposition des jeux de paramètres est explicité en Section 5.3.

**Table 4.3:** Récapitulatif des paramètres des bases de données utilisés pour chaque version de nos expériences. Chaque version a donné lieu à une publication dont le contexte est fourni dans le chapitre 6.

Propriétés	Version 1 (ICPR)	Version 2 (TMI)
Bases de données	Ircad, VascuSynth	Ircad, VascuSynth, Bullitt
Isotropie des données réelles	[1mm,1mm,1mm]	[maxRes,maxRes,maxRes]
Dynamique d'intensité des images synthétiques	Manuelle	Mesures sur images réelles
Artefacts d'images synthétiques	Bruit, inhomogénéité	Bruit, inhomogénéité, artefacts gaussiens
Bruit ricien pour images synthétiques	5,10,20	2,4,6
Masques	Organe, voisinage global, bifurcations	Organe, voisinage par taille, bifurcations
Nombre de seuils	100	200

---

**Algorithme 1** Algorithme du banc de test

---

**Entrée :** Ensemble des images  $I = \{I_1, \dots, I_N\}$   
 Ensemble des vérités terrain  $GT = \{GT_1, \dots, GT_N\}$   
 Filtre  $F$   
 Régions d'intérêt  $ROI$   
 Jeu de paramètres  $P = \{P_{scale}, P_{intr}\}^3$  du filtre  $F$   
 Métriques  $M$   
 Nombre de seuils  $S$

**Algorithme :**

```

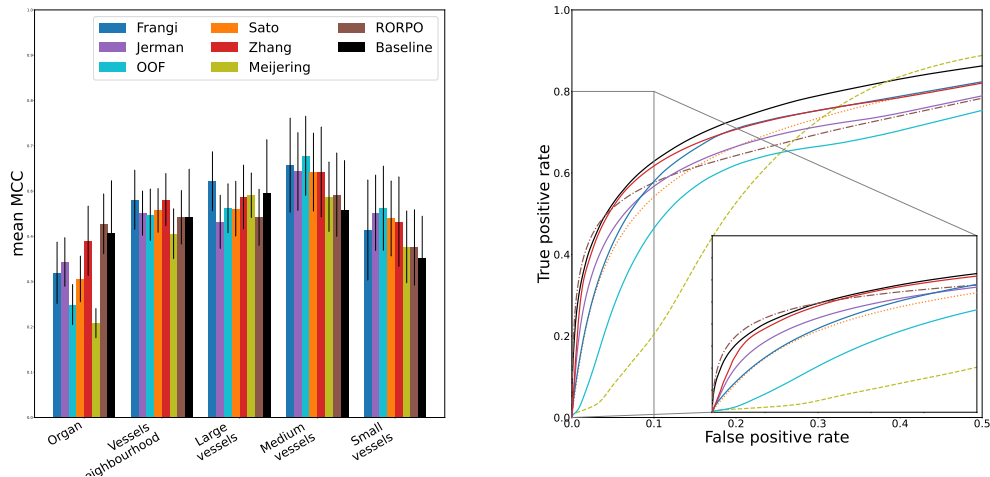
pour  $i$  in  $[1, N]$  faire
     $R_i \leftarrow AppliquerFiltre(F, I_i, P)$ 
    pour  $s$  in  $[1, S]$  faire
         $RS_i \leftarrow Seuiller(R_i, s)$ 
         $RS_i^{masked}, GT_i^{masked} \leftarrow AppliquerROI(RS_i, GT_i, ROI)$ 
         $m_i \leftarrow CalculerMétriques(RS_i^{masked}, GT_i^{masked}, M)$ 
         $SauvegarderMétriques(F, P, I_i, ROI)$ 
    fin pour
fin pour
    
```

---

entre chaque paire  $\{volumeBinaire, véritéTerrain\}$  sont calculées. Les résultats sont ensuite stockés dans un fichier par zone d'intérêt.

Les nombres de seuils et les métriques utilisées sont définies dans le chapitre suivant qui détaille nos expériences.

Le second bloc est un bloc d'analyse des métriques. Il prend en entrée les fichiers de zones d'intérêt, sous forme de fichier csv, et permet d'exprimer les métriques en termes de moyennes par volumes et par zones d'intérêt et de construire des rapports sous forme de tableaux et de graphes de résultats (Fig. 4.36). Le fonctionnement de ce second bloc est détaillé dans le chapitre suivant dans la partie détaillant l'optimisation des paramètres.



Region	ParameterSet	optimMetric	mean_MCC	std_MCC	mean_Dice	std_Dice
Organ	1.60-2.60-3.00.nii	MCC	0.3763	0.0513	0.4139	0.0519
VN	1.60-2.60-3.00.nii	MCC	0.4747	0.0473	0.5199	0.0496
Vlarge	1.60-2.60-3.00.nii	MCC	0.4826	0.0601	0.5026	0.0792
Vmedium	1.60-2.60-3.00.nii	MCC	0.5932	0.0768	0.6355	0.0791
Vsmall	1.60-2.60-3.00.nii	MCC	0.4614	0.0835	0.5114	0.0826
Bifurcations	1.60-2.60-3.00.nii	MCC	0.0	0.0	0.6783	0.1472

**Figure 4.36:** Sortie type du second module. Les résultats numériques sous forme de tableaux sont aussi compilés sous forme de graphiques.

## 4.6.2 Considérations sur les performances

Le découplage en deux blocs pour rendre indépendantes la collecte des métriques et l'analyse de celles-ci permet un travail hors ligne et offre plus de modularité, puisque le module d'analyse peut-être interchangeable selon les besoins de l'utilisateur.

Une expérience peut très vite consommer des ressources importantes. À l'exécution, le bloc de calcul des métriques est en lui-même peu consommateur en ressources ; il contient la vérité terrain du volume en cours, le résultat des filtres, la zone d'intérêt courante et les pointeurs sur les fichiers de métriques (1 par zone d'intérêt). Le lancement des filtres peut être coûteux, car les mécanismes multi-échelles multiplient les volumes gardés en mémoire. Par exemple, pour les filtres à base de hessienne, il y a au minimum le volume d'entrée, les volumes représentant la matrice hessienne et le volume résultat du rehaussement. Si les images d'entrée sont larges, la demande en RAM peut rapidement dépasser plus de 10 Go en explorant 3 à 4 échelles de vaisseaux.

En termes de stockage des résultats, le banc de test peut produire des volumes de données importants. Par exemple, tester une quarantaine de jeux de paramètres pour les 7 filtres et garder les volumes de résultats revient à multiplier le nombre de volumes sur disque par 280.

Nous avons donc implémenté une option permettant de supprimer un volume de filtrage après que toutes les métriques ont été calculées. Le résultat d'une session de collecte des

métriques n'est alors composé que de fichiers CSV en quelques mégabits et quelques dizaines de mégabits pour les plus gros. Nous avons aussi implémenté une option permettant de calculer des métriques à partir d'une base existante de filtrages. Lorsque l'espace disque est disponible, cela permet un gain de temps considérable puisque les filtrages n'ont pas besoin d'être recalculés afin d'évaluer de nouvelles métriques ou de nouvelles zones d'intérêt.

En termes de temps d'exécution, il était indispensable que le calcul des filtres soit l'unique goulot d'étranglement du premier bloc de l'application. Nous avons donc été attentifs à ce qu'aucune autre étape ne ralentisse inutilement le banc de test. Dans ce bloc, l'opération la plus coûteuse est le calcul du seuillage.

Dans une première version, nous avons utilisé un seuillage classique disponible dans ITK. Cependant, l'utilisation de ce filtre s'est avéré très coûteux en temps d'exécution dans le cadre de seuillages multiples. En effet, pour  $N$  seuillages successifs de 1 à 0, un voxel seuillé à une valeur haute (par exemple 0.9) fera nécessairement partie de la segmentation pour tous les seuils inférieurs, il n'est donc pas nécessaire de les parcourir plusieurs fois. Dans le cas naïf, tous les pixels sont visités  $N$  fois.

Dans une seconde version, nous proposons de réduire le nombre de visites d'un voxel de l'image pour calculer les 4 valeurs de la matrice de confusion pour chaque seuil : vrais positifs (VP), vrais négatifs (VN), faux positifs (FP) et faux négatifs (FN) (Alg. (2)).

---

**Algorithme 2** Algorithme du seuillage

---

**Entrée :**Image résultat d'un filtre  $I$  d'indice  $N$ Vérité terrain  $VT$ Valeurs de matrice de confusion initiales  $VN_{init}, VP_{init}, FN_{init}, FP_{init}$ Valeurs de matrice de confusion par seuil  $VN_s, VP_s, FN_s, FP_s$ Pas  $p$ Liste d'indices des voxels  $L^{ind}$ Liste d'intensités des voxels  $L^{vi}$ **Algorithme :** $VN_{init}, VP_{init}, FN_{init}, FP_{init} \leftarrow 0$  $VN_s, VP_s, FN_s, FP_s \leftarrow 0$ **pour**  $i \in 1 \dots N$  **faire**  **si**  $I(i) = 0$  **alors**    **si**  $GT(i) = 0$  **alors**       $FN_{init} \leftarrow FN_{init} + 1$     **sinon**       $TN_{init} \leftarrow TN_{init} + 1$     **fin si**  **sinon**    AjouterIndex( $I_i, L^{ind}$ )    AjouterIntensite( $I_i, L^{vi}$ )  **fin si****fin pour** $t \leftarrow 1$ **tant que**  $t \geq 0$  **faire**  **tant que**  $L^{ind} \neq \emptyset$  **faire**    **si**  $I(i) \geq t$  **alors**      **si**  $GT(i) \geq 0$  **alors**         $TP_s \leftarrow TP_s + 1$       **sinon**         $FP_s \leftarrow FP_{init} + 1$       **fin si**      RetirerIndex( $I_i, L^{ind}$ )      RetirerIntensite( $I_i, L^{vi}$ )    **sinon**      **si**  $GT(i) \geq 0$  **alors**         $FN_s \leftarrow FN_s + 1$       **sinon**         $TN_s \leftarrow TN_{init} + 1$       **fin si**    **fin si**  **fin tant que** $m \leftarrow \text{CalculerMetriques}(TP_{init} + TP_s, TN_{init} + TN_s, FP_{init} + FP_s, FP_{init} + FP_s)$   SauvegarderMetriques( $I, t, m$ )   $t \leftarrow t - p$ **fin tant que**

---





# Analyse du rehaussement

## 5.1 Conditions initiales

Nous avons présenté dans les chapitres précédents les problématiques liées aux images médicales (Chap. 2), puis nous avons illustré les grandes familles de rehaussement de vaisseaux (Chap. 3). Nous avons ensuite construit un banc de test capable d'évaluer l'influence du rehaussement sur des zones d'intérêt précises (Chap. 4). Dans ce chapitre, nous mettons à profit l'ensemble des connaissances et outils vus précédemment afin d'analyser en détail sept filtres de rehaussement de vaisseaux. Pour commencer, nous récapitulons rapidement les bases de données utilisées ainsi que les filtres sélectionnés avant de définir les métriques et la méthode d'évaluation utilisée.

Nous avons à disposition trois bases de données présentées dans le chapitre 2 : l'Ircad, une base de 20 volumes en tomodensitométrie ; trois versions de VasuSynth, contenant chacune 120 volumes, définies avec différents niveaux de bruit ricien  $\sigma = \{2, 4, 6\}$  et Bullitt, une base de 33 volumes IRM en phase T2, à laquelle ont été ajoutés du bruit ricien ( $\sigma = 4$ ) et des biais en intensité. Nous disposons, pour ces jeux de données, des vérités terrains binaires des vaisseaux ainsi que des masques construits précédemment (Sec. 4.5) dénommés comme suit :

- $M_{\text{glo}}$  pour le masque global, qui correspond à l'organe du volume traité.
- $M_{\text{vasc}}$  pour le voisinage des vaisseaux, qui correspond à l'union des vaisseaux et des zones proches des vaisseaux ;
- $M_{\text{vess}}^{\text{large}}$ ,  $M_{\text{vess}}^{\text{medium}}$ ,  $M_{\text{vess}}^{\text{small}}$ , les masques de voisinage des vaisseaux, qui constituent une partition dépendante de la taille des vaisseaux de  $M_{\text{vasc}}$  ;
- $M_{\text{bif}}$ , le masque des bifurcations à l'intérieur des vaisseaux.

Les sept filtres choisis pour cette analyse sont ceux détaillés dans le chapitre 3 et dont la construction cherche à répondre à des problématiques spécifiques différentes. Ces particularités sont résumées dans la table 4.1 du chapitre précédent.

## 5.2 Métriques

Pour cette expérience, nous utilisons plusieurs métriques. La majorité des métriques utilisées repose sur la comparaison voxel à voxel entre le résultat binarisé d'un filtre associé à un jeu de paramètres donné et la vérité terrain.

**Table 5.1:** Matrice de confusion.  $VN$  : vrais négatifs,  $FP$  : faux positifs,  $FN$  : faux négatifs,  $VP$  : vrais positifs.

		Vérité terrain	
		0	1
prédiction	0	$VN$	$FN$
	1	$FP$	$VP$

On peut classifier les voxels du résultat binaire selon 4 classes différentes : Les vrais positifs ( $VP$ ) lorsqu'il y a une correspondance 1-1 entre le  $i^{\text{ème}}$  voxel du résultat binaire et le  $i^{\text{ème}}$  voxel de la vérité terrain, les vrais négatifs ( $VN$ ) pour une correspondance 0-0, les faux positifs ( $FP$ ) lors d'une correspondance 1-0 et les faux négatifs ( $FN$ ) pour une correspondance 0-1. Ces quatre classes sont quelquefois représentées sous la forme d'une matrice de confusion (Tab. 5.1).

Un certain nombre de métriques rencontrées couramment dans la littérature repose sur un rapport entre ces quantités. Ces métriques sont définies entre 0 et 1, avec 1 le meilleur score possible.

**Précision** La précision représente la proportion de voxels prédits positifs par rapport à la proportion de voxels positifs prédits totaux.

$$Précision = \frac{VP}{VP + FP} \quad (5.1)$$

Cette mesure permet d'évaluer la proportion de voxels correctement classifiés par rapport aux voxels prédits positifs.

**Sensibilité** La sensibilité est la proportion de voxels positifs prédits parmi les voxels attendus comme positifs.

$$Sensibilité = \frac{VP}{P} = \frac{VP}{VP + FN} \quad (5.2)$$

Cette mesure permet d'évaluer si le filtre est capable de détecter tous les vaisseaux annotés par la vérité terrain et dans quelle proportion certains vaisseaux ne sont pas détectés.

**Spécificité** La spécificité est la proportion de voxels négatifs correctement prédits parmi les voxels attendus comme négatifs.

$$Spécificité = \frac{VN}{N} = \frac{VN}{VN + FP} \quad (5.3)$$

Cette mesure permet d'évaluer si le filtre rehausse des structures non annotées dans la vérité terrain. Elle est l'équivalent de la sensibilité appliquée aux voxels de fond.

**Justesse** La justesse est une métrique plus large que la précision. Elle prend en compte le classement correct des voxels positifs et négatifs.

$$Justesse = \frac{VP + VN}{P + N} = \frac{VP + VN}{VP + VN + FP + FN} \quad (5.4)$$

La justesse mesure la qualité de la classification globale. Elle valorise les voxels bien classifiés et pénalise les erreurs de classification.

Bien que toutes ces mesures soient informatives pour un aspect particulier de la segmentation, elles n'ont pas toutes le même poids. En effet, les vaisseaux représentent moins de 5 % de l'ensemble des voxels d'un volume. Le nombre des voxels négatifs peut donc dans une certaine mesure être très supérieur au nombre des voxels positifs. On peut ainsi être amené, avec la justesse, à sous-estimer des erreurs de segmentation. Par exemple, prenons un volume de 27 millions de voxels dont 5 % des voxels appartiennent à des vaisseaux. Si l'ensemble des voxels des vaisseaux est classé comme faux négatif alors la valeur de la justesse reste élevée (0.905). Parmi les métriques vues précédemment, celles dont les variations sont les plus significatives pour les structures éparses sont la sensibilité et la précision.

**Dice** Le score de Dice [Dic45], aussi connu sous le nom de F1-score est une mesure de recouvrement entre le volume binaire de la vérité terrain et le volume binaire prédit. Il s'exprime de manière similaire à l'intersection sur l'union de la vérité terrain et du volume binaire prédit.

$$Dice = \frac{2VP}{FP + FN + 2VP} \quad (5.5)$$

Le Dice est une mesure populaire dans la littérature, mais il n'exprime que le recouvrement des voxels positifs correctement classifiés. Un recouvrement total aura une mesure de 1 là où un recouvrement nul aura une mesure de 0. Cette mesure est performante lorsque l'on s'intéresse à maximiser l'intersection entre la vérité terrain et la segmentation. Cependant, elle ne permet pas de différencier un ensemble de segmentations qui auraient un nombre similaire de vrais positifs, mais dont la proportion de FP et de FN est différente. Pour notre analyse, il est en effet souhaitable d'avoir une métrique qui permette de différencier les sur-segmentations et les sous-segmentations. Dans notre analyse, le Dice sert donc de mesure d'évaluation secondaire. Il permet notamment d'évaluer les performances du rehaussement des bifurcations, puisque l'autre métrique d'évaluation que nous utilisons (voir MCC ci-dessous) n'est pas définie dans cette zone d'intérêt.

**Coefficient de corrélation de Matthew** Le coefficient de corrélation de Matthew (MCC), un cas spécifique du score  $\phi$  [CJ20], est plus expressif que le Dice puisqu'il intègre la classification correcte du fond, les vrais négatifs, dans la mesure. Cette métrique est définie entre  $-1$  et  $1$ . Un MCC égal à  $1$  correspond à un volume binaire égal à la vérité terrain et un MCC égal à  $-1$  correspond à un volume binaire étant le complémentaire de la vérité terrain.

$$\text{MCC} = \frac{TP \cdot TN - FP \cdot FN}{\sqrt{(TP + FP)(TP + FN)(TN + FP)(TN + FN)}} \quad (5.6)$$

Bien que le Dice soit plus commun dans la littérature, le MCC est présenté par Chicco et Jurman [CJ20] comme une mesure plus stable pour les structures éparses telles que les vaisseaux. Le MCC n'est pas défini dans un certain nombre de cas, et notamment lorsque les vérités terrains des zones d'intérêt sur lesquelles sont calculées les métriques ne contiennent pas de voxels négatif. Pour ces zones, on utilise le Dice pour l'évaluation.

**Rapport signal sur bruit** Nous avons souhaité intégrer une mesure au banc de test qui ne dépende pas d'un processus de binarisation mais qui exprime la distance entre la vérité terrain et la sortie du filtre. Nous avons choisi le PSNR, qui est habituellement utilisé pour évaluer le degré de dégradation d'une image causée par du bruit. Le PSNR est défini par :

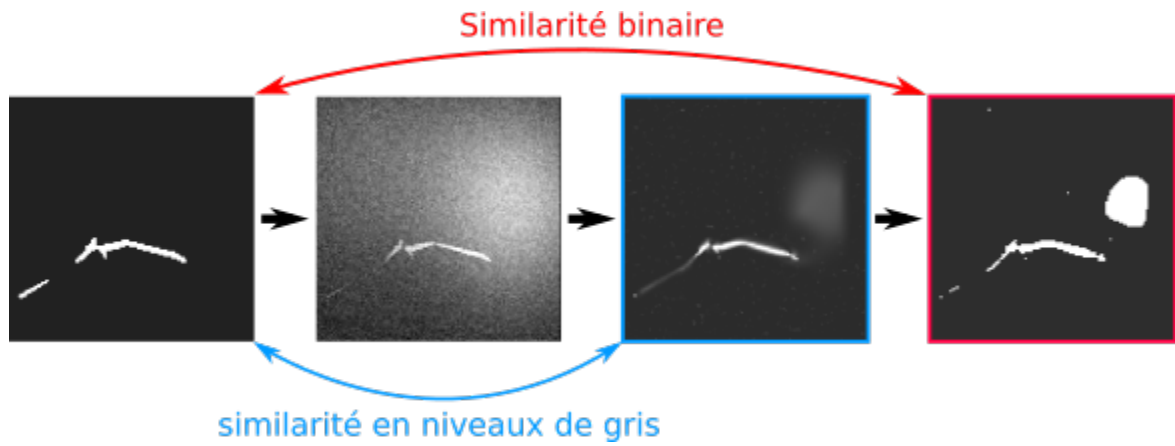
$$\text{PSNR} = \log_{10} \left( \frac{(\max_x I_{GT}(x))^2}{\text{MSE}(I_{GT}, I_{\text{Filtre}})} \right)$$

avec  $I_{\text{filtre}}$  l'image filtrée,  $I_{GT}$  l'image binaire et MSE l'erreur au sens des moindres carrés. Plus le PSNR est haut, plus l'image filtrée est proche de l'image binarisée. Dans le cas où les deux sont égales, le PSNR est infini.

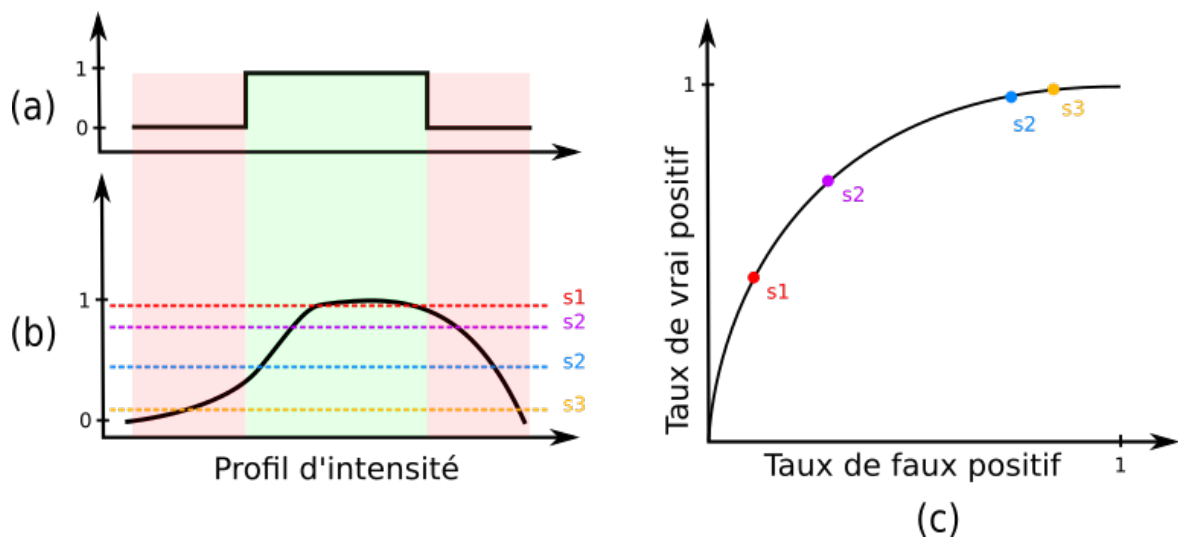
Dans notre cas, nous utilisons le PSNR comme une mesure de similarité entre la sortie du filtre non binarisée et la vérité terrain normalisée (0 ou 1). Afin que la comparaison du PSNR entre filtres ait un sens, nous réalisons une mise à l'échelle de l'intensité de sortie du filtre entre 0 et 1 et de la vérité terrain (1 et non 255). En effet, nous nous sommes assurés que tous les filtres aient une sortie définie entre 0 et 1 (Chap. 3) mais rien ne garantit que la plage de rehaussement couvre l'ensemble de l'intervalle  $[0,1]$  et non un intervalle quelconque comme  $[0,0.3]$ .

Un faible PSNR indique soit que le rehaussement est très bruité, soit qu'il dépasse les limites des structures ou que le niveau général de l'intensité du rehaussement est faible.

**Courbe ROC** La courbe ROC (*Receiving Operator Characteristic*) est une visualisation de l'évolution du taux de vrai positif en fonction du taux de faux positif au fur et à mesure des seuillages successifs appliqués au résultat des filtres. Pour rappel, le taux de vrais positifs correspond à la sensibilité et le taux de faux positifs est égal à  $1 - \text{spécificité}$ .



**Figure 5.1:** On peut considérer le processus de filtrage de la manière suivante : une image de vaisseaux binaire est altérée par un processus d'acquisition (TDM ou IRM) qui produit des artefacts. Les filtres de rehaussement de vaisseaux cherchent à rétablir l'image binaire originale. Pour juger de la qualité du rehaussement, on utilise soit des mesures de similarité binaires qui nécessitent un seuillage préalable (matrice de confusion) soit une mesure en niveau de gris directement à partir de la sortie du filtre (PSNR).



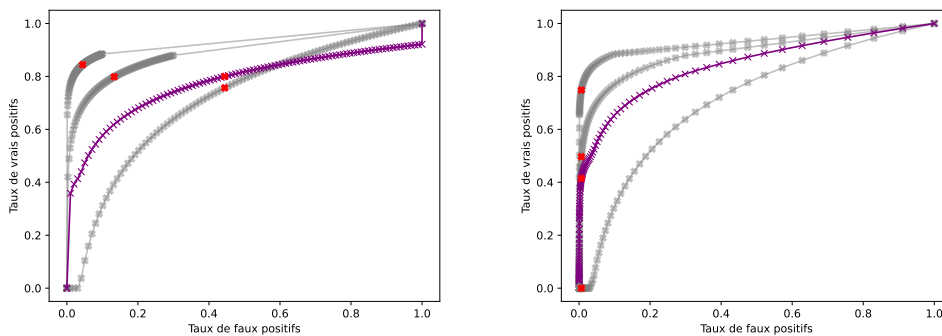
**Figure 5.2:** Construction d'une courbe ROC. (a) profil d'intensité de la vérité terrain. (b) profil d'intensité d'un filtre de rehaussement de vaisseaux. Selon le seuil de binarisation appliqué ( $s_1, \dots, s_i$ ), on obtient des performances différentes. (c) La courbe ROC formée par le taux de vrai positif (TVP) et le taux de faux positif (TFP) en fonction du seuil résume ces variations.

Cette courbe donne une vue globale de la performance des filtres pour l'ensemble des seuils possibles (Fig. 5.2). Elle permet le suivi de l'évolution des performances des filtres en fonction du seuil de décision choisi. Les autres métriques nous servent à quantifier les performances optimales d'un filtre.

Une courbe ROC classique est définie par un ensemble de points  $P$  dont les coordonnées sont en abscisse le TVP et en ordonnée le TFP. Cet ensemble forme généralement une fonction concave croissante entre les points (0,0) et (1,1) (Fig. 5.2 (c)). Selon les images et les filtres appliqués, la répartition des voxels classifiés en tant que vrais ou faux positifs est variable et

donc la répartition des points le long de la courbe ROC est, elle aussi, variable. Par exemple, les points qui forment la courbe ROC d'un filtre qui rehausse bien les vaisseaux sans rehausser le bruit seront répartis pour l'essentiel sur un intervalle de TFP faible, par exemple  $[0, 0.3]$ . Un filtre qui rehausse une partie du bruit aura une répartition plus régulière sur l'axe des abscisses au fur et à mesure que le TFP augmente.

Cette représentation de la courbe par un ensemble de points définis sur des intervalles différents demande une attention particulière pour le calcul de courbes ROC moyennes. Par exemple, si l'on possède trois courbes ROC de 200 points, chacune représentée sous la forme d'une liste de points, on ne peut pas moyenner les points en fonction des indices ( $m_i = (ROC_i^1 + ROC_i^2 + ROC_i^3)/3$ ). Les points ne sont en effet pas échantillonnés de la même manière sur la courbe et la moyenne est faussée (Fig. 5.3). Pour résoudre ce problème, il est nécessaire d'interpoler chaque courbe de manière à obtenir le même échantillonnage régulier sur chaque courbe. On obtient ainsi une courbe moyenne réellement représentative de la moyenne des ROC.



**Figure 5.3:** En violet, courbe ROC moyenne construite à partir des courbes ROC en gris. À gauche la courbe moyenne est construite sans interpolation. À droite, courbe ROC avec interpolation. Les points rouges sur les courbes grises sont les points ayant servi à moyenner le point rouge sur la courbe violette.

### 5.3 Optimisation des paramètres

L'un des objectifs de l'analyse des filtres de rehaussement est d'évaluer l'impact de leurs paramètres. Le choix des paramètres des filtres repose sur des considérations géométriques théoriques, mais en pratique les valeurs des paramètres à utiliser sont rarement discutées. À la place, des paramètres par défaut sont généralement proposés. C'est par exemple le cas de Frangi ( $\alpha = 0.5, \beta = 0.5$ ), ou Sato ( $\alpha_1 = 0.5, \alpha_2 = 2$ ) dont les recommandations sont reprises dans de nombreux articles sans être discutées. Pourtant, dans certains articles plus applicatifs, les paramètres utilisés par les auteurs sont différents. Par exemple, Marcan et al. [Mar+14] proposent d'utiliser ( $\alpha = 0.3, \beta = 0.7$ ) dans leur chaîne de segmentation, pour l'IRM du foie. Nous avons donc voulu identifier s'il existait des règles pour le choix des valeurs des

paramètres et si la recherche de paramètres optimaux était pertinente pour le rehaussement de vaisseaux.

Nous avons donc mesuré les performances d'un ensemble de jeux de paramètres pour chaque filtre et essayé de déterminer le jeu de paramètres optimal pour chaque jeu de données par rapport à une mesure et une zone d'intérêt.

Nous avons choisi d'utiliser comme métrique d'optimisation le MCC, qui mesure la similarité entre la vérité terrain binaire des vaisseaux et les volumes filtrés puis binarisés. Nous avons choisi le MCC plutôt que le Dice afin de différencier les variations de faux positifs et de faux négatifs qui ne sont pas nécessairement mesurées par le Dice (Eq. 5.5 et 5.6). Comme le MCC est évalué sur des structures binaires, le rehaussement est simplement seuillé avant la comparaison avec la vérité terrain. Afin d'éviter de cacher des spécificités potentielles des filtres, aucun prétraitement ou post-traitement n'est réalisé sur le seuillage. Par exemple, ajouter un traitement qui consisterait à éliminer toutes les composantes connexes inférieures à 100 voxels minimiserait l'analyse de la robustesse des filtres au bruit.

La zone d'intérêt sur laquelle est calculée la métrique influence le choix du jeu de paramètres optimal. Nous avons choisi le masque  $M_{\text{glo}}$  afin que le jeu de paramètres optimal maximise la détection des vaisseaux, la différenciation avec les autres structures, la qualité du filtrage et l'amélioration du signal des vaisseaux. Nous aurions également pu choisir de maximiser le rehaussement des vaisseaux en utilisant leur voisinage comme zone d'optimisation. Cependant, certains artefacts n'auraient pas d'impact sur le choix du jeu de paramètres.

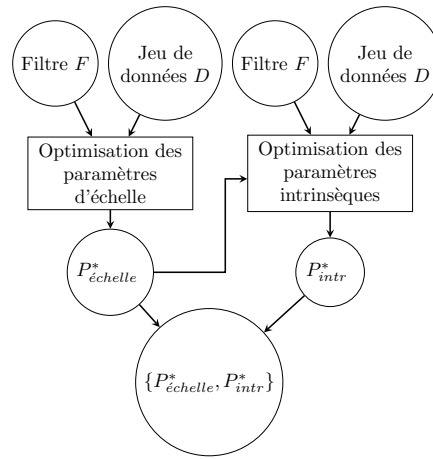
L'ensemble des paramètres liés aux filtres de rehaussement peuvent être classifiés en deux groupes : les paramètres d'échelles qui définissent la fenêtre permettant de capturer la taille des vaisseaux et les paramètres intrinsèques des méthodes permettant de détecter la forme des vaisseaux. Par exemple, le filtre de Frangi possède 3 paramètres liés à l'échelle et trois paramètres qui pondèrent le filtrage en fonction de la géométrie. Quand un nombre élevé de paramètres (i.e  $K \gg 1$ ) nécessite d'être optimisé (e.g.  $K = 6$  pour Frangi), trouver un jeu de paramètres optimal dans l'espace à  $K$  dimensions est coûteux en temps de calcul.

Dans nos expériences, nous avons choisi d'optimiser l'ensemble des paramètres en deux étapes :

- l'optimisation de l'échelle en utilisant des paramètres intrinsèques fixes ;
- l'optimisation des paramètres intrinsèques en utilisant le jeu d'échelles optimales trouvé à l'étape précédente.

Les paramètres intrinsèques fixes sont ceux recommandés par les auteurs des méthodes ou sont choisis empiriquement. Pour chaque étape, les paramètres optimaux sont définis au sens du meilleur MCC moyen dans le masque global ( $M_{\text{glo}}$ ) du jeu de données entier. Cette stratégie en deux étapes peut être comparée à un choix naturel où un utilisateur commence dans un premier temps par choisir les paramètres d'échelles en se basant sur des observations des structures biologiques avant de raffiner le rehaussement (Fig. 5.4).





**Figure 5.4:** Diagramme illustrant l'optimisation en deux temps : d'abord l'optimisation de l'échelle puis l'optimisation des paramètres intrinsèques.  $\{P_{\text{échelle}}^*, P_{\text{intr}}^*\}$  forme le jeu de paramètres optimal final.

## 5.3.1 Méthode de calcul

### 5.3.1.1 Calcul du MCC moyen

Notre définition du MCC moyen a connu deux formulations successives afin de supprimer les biais présents dans la première définition (Fig. 5.5 et 5.6). La première formulation présentait des défauts que nous avons corrigés dans la seconde version.

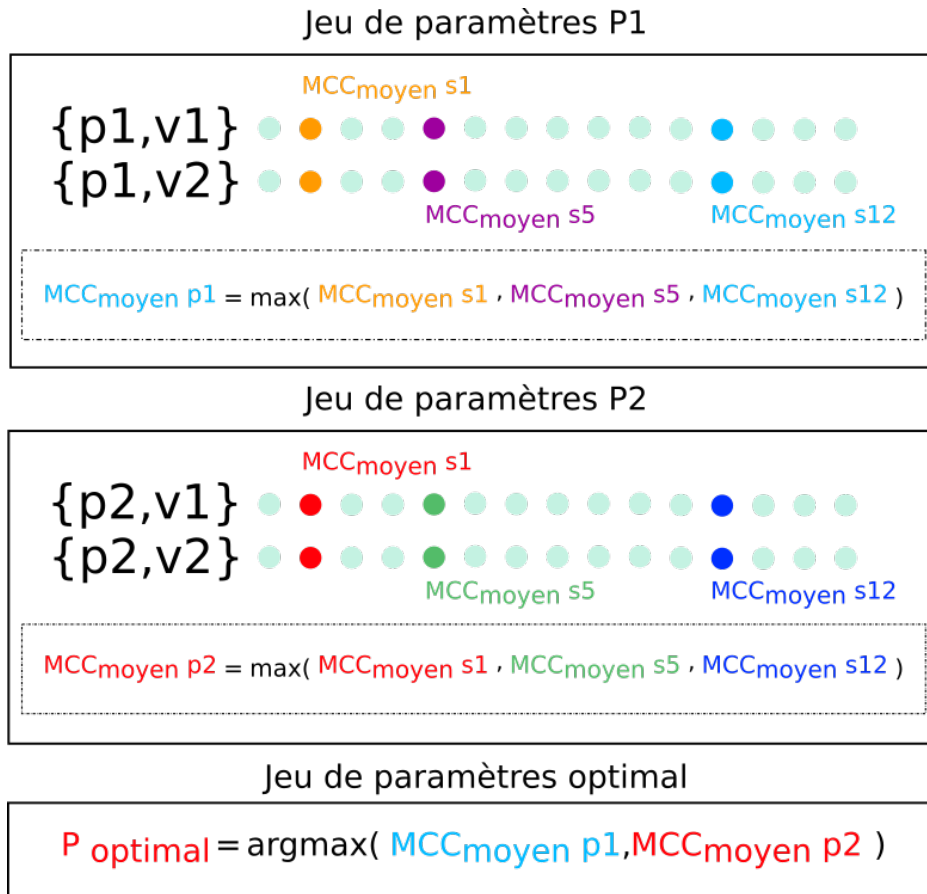
Nous présentons la méthode de calcul du MCC moyen pour un seul filtre et une seule base de données. En réalité nous avons calculé le MCC moyen de tous les jeux de paramètres pour tous les filtres sur l'ensemble des bases de données. De plus, le MCC moyen optimal est calculé pour la zone d'intérêt  $M_{\text{glo}}$ , mais une fois le jeu de paramètres optimal trouvé, la moyenne de chacune des métriques présentées précédemment est calculée pour ce jeu de paramètres dans les six zones d'intérêt. Le calcul de la moyenne de chaque métrique est effectué de la même manière que celle du MCC.

**Première version** Soit  $F$  un filtre de rehaussement et  $D$  un jeu de données de  $N$  images. Soit  $P$  l'ensemble des jeux de paramètres  $\forall p \in P, \forall v \in D$  :

$$R_{p,v} = F_p(v) \quad (5.7)$$

avec  $R_{p,v}$  le résultat du filtrage de  $v$  par  $F_p$ . Soit l'ensemble  $S$  des seuillages  $s$  appliqués à  $R$  tels que  $\forall s \in S$  :

$$RS_{p,v,s} = \text{seuillage}(R_{p,v}, s) \quad (5.8)$$



**Figure 5.5:** Exemple de la première version du calcul du jeu de paramètres optimal. Ici, seulement deux jeux de paramètres  $P1$  et  $P2$  sont appliqués à deux volumes  $V1$  et  $V2$ . Les points correspondent aux valeurs des MCC des volumes filtrés et seuillés par le seuil  $s$ . Dans cette version, la moyenne s'effectue par niveaux de seuils.

Soit la valeur du MCC  $MCC_{p,v,s}$  calculée pour le volume seuillé  $RS_{p,v,s}$ . Alors le MCC moyen par seuil  $\overline{MCC}_{p,s_k}$  est défini par :

$$\overline{MCC}_{p,s_k} = \frac{1}{N} \sum_{v \in D} MCC_{p,v,s} \quad (5.9)$$

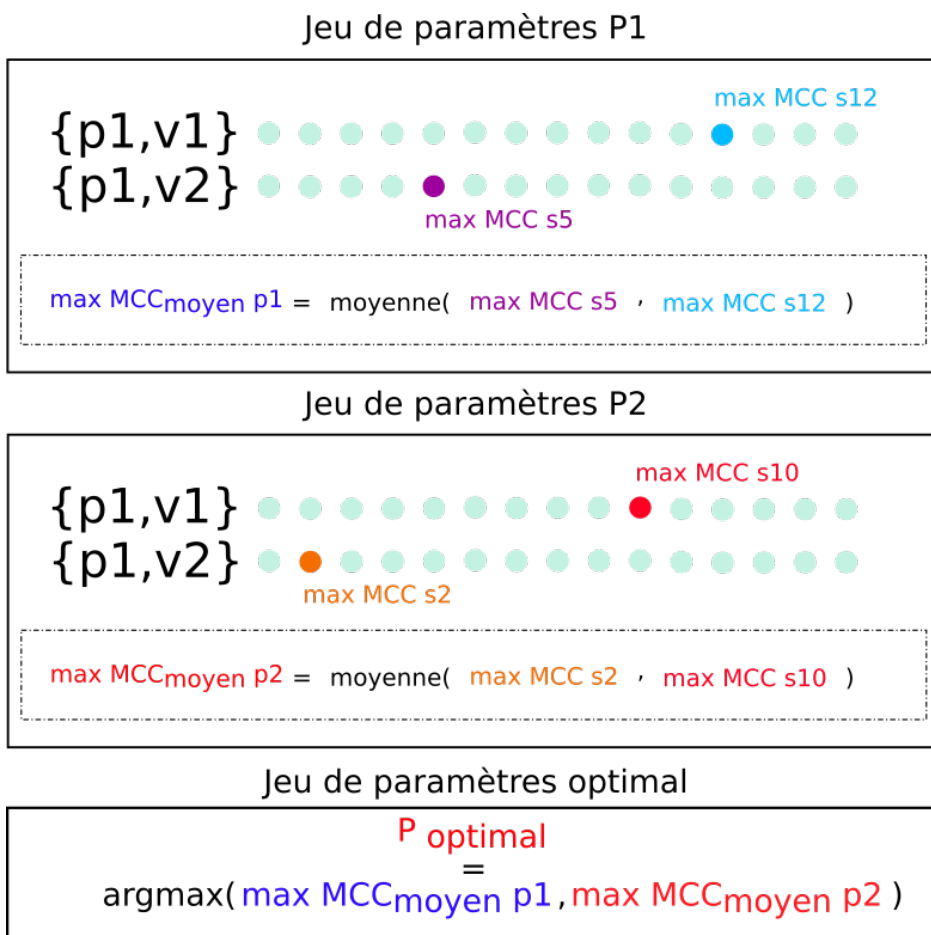
Le meilleur MCC moyen  $\overline{MCC}_p$  par jeu de paramètres est défini par :

$$\overline{MCC}_p = \max_{s \in S} \overline{MCC}_{p,s} \quad (5.10)$$

Le meilleur jeu de paramètres  $p^*$  est défini comme le jeu de paramètres dont le MCC moyen est maximal :

$$p^* = \arg \max_{p \in P} \overline{MCC}_p \quad (5.11)$$

Cette méthode (Fig. 5.5), utilisée dans nos premiers travaux [Lam+20a] [Lam+21] [Lam+20b] [Lam21], souffre des mêmes limitations qu'une moyenne effectuée naïvement pour calculer des courbes ROC. Elle traite en effet des rehaussements ayant des dynamiques différentes, ce qui sous-estime les résultats.



**Figure 5.6:** Exemple de la seconde version du calcul du jeu de paramètres optimal. Ici, seulement deux jeux de paramètres  $P1$  et  $P2$  sont appliqués à deux volumes  $V1$  et  $V2$ . Les points correspondent aux valeurs des MCC des volumes filtrés et seuillés par le seuil  $s$ . Dans cette version, la moyenne est calculée à partir du MCC maximal obtenu par volume.

**Deuxième version** Pour la deuxième itération (Fig. 5.6), il a été choisi de maximiser le MCC du rehaussement dès l'étape de seuillage en choisissant le seuil maximisant le MCC par volume, plutôt que de moyenner le MCC par seuil sur l'ensemble des volumes.

Soit  $F$  un filtre de rehaussement et  $D$  un jeu de données de  $N$  images. Soit  $P$  l'ensemble des jeux de paramètres.  $\forall p \in P, \forall v \in D$ , on nomme  $R_{p,v}$  le résultat du filtre de paramètres  $p$  appliqué à l'image  $v$  :

$$R_{p,v} = F_p(v) \tag{5.12}$$

Soit l'ensemble  $S$  des seuillages appliqués à  $R_{p,v}$  tel que  $\forall s \in S$

$$RS_{p,v,s} = \text{seuillage}(R_{p,v}, s) \tag{5.13}$$

Soit la valeur du MCC  $MCC_{p,v,s}$  calculée pour le volume seuillé  $RS_{p,v,s}$ . Alors le MCC maximal par volume  $MCC_{p,v}^{max}$  est défini par :

$$MCC_{p,v}^{max} = \max_{\forall s \in S} MCC_{p,v,s} \tag{5.14}$$

Le meilleur MCC moyen  $\overline{MCC}_{p_i}$  par jeu de paramètres est défini par :

$$\overline{MCC}_p = \frac{1}{N} \sum_{v \in D} MCC_{p,v}^{max} \quad (5.15)$$

Le meilleur jeu de paramètres  $p^*$  est défini comme le jeu de paramètres dont le MCC moyen est maximal :

$$p^* = \arg \max_{p \in P} \overline{MCC}_p \quad (5.16)$$

Dans cette itération, on choisit la procédure d'optimisation la plus favorable à chaque filtre. On tire donc le maximum des performances du pipeline de segmentation. Cette manière de procéder est utilisée aux deux étapes de l'optimisation sans changement de l'algorithme. Dans notre analyse du rehaussement, le pas appliqué entre chaque seuil est de 0.005, ce qui conduit à 201 seuils binaires. Cette méthode est utilisée dans nos travaux [Lam+22a].

### 5.3.2 Choix des paramètres

Une stratégie de recherche exhaustive (*grid search*) est réalisée pour l'optimisation des paramètres d'échelles  $P_{\text{échelle}}$  et  $P_{\text{intr}}$ . Les conditions de cette recherche sont résumées dans les tables 5.2 et 5.3 (paramètres d'échelles) et la table 5.4 (paramètres intrinsèques).

Le choix des paramètres a été fait de manière à trouver un compromis entre temps de calcul total du banc de test, espacement des paramètres et exhaustivité. Les limites des paramètres d'échelles ont été définies en mesurant la taille des structures des troncs des réseaux vasculaires pour la limite haute et les limites de la résolution d'un pixel pour la limite basse. Une échelle inférieure à un pixel n'aurait en effet pas de sens pour les espaces gaussiens et de flux. La mesure de la taille des structures a été effectuée sur des images isotropes de résolution [1mm, 1mm, 1mm].

Nous avons aussi intégré des limites de distances entre deux échelles successives d'un même jeu de paramètres. Cette limite permet d'éviter les jeux de paramètres aux échelles redondantes. C'est pourquoi tout jeu de paramètres d'échelles dont la différence entre chaque échelle successive est inférieure à  $\frac{1}{6}$  mm est éliminé. Pour RORPO, les tailles minimale et maximale des chemins ont été choisies empiriquement par validation visuelle. Une limite minimale à la taille entre deux chemins successifs pour un jeu de paramètres a aussi été déterminée empiriquement de manière à limiter la redondance.

Au total, 41 jeux de paramètres d'échelles sont testés pour les filtres hessiens et OOF. Respectivement 32, 44 et 51 jeux de paramètres sont testés pour RORPO sur l'Ircad, VasuSynth et Bullitt. Pour les paramètres intrinsèques, 10 jeux de paramètres sont testés pour Jerman, Zhang et OOF. 75 jeux de paramètres sont testés pour Frangi et 30 pour Sato.

**Table 5.2:** Paramètres d'échelle pour les filtres utilisant un espace d'échelles basé sur le diamètre : Frangi, Sato, Meijering, Jerman, Zhang, OOF. Les conditions assurent que l'écart entre deux échelles successives  $\sigma_i$  et  $\sigma_j$  soit supérieur à la résolution d'un voxel.

Ircad et VasuSynth			
Paramètres	Intervalle	Pas	Conditions
$\sigma_{\min}$	[0.4, 1.8]	0.4	$\sigma_i - \sigma_j > \frac{1}{6}$ mm
$\sigma_{\max}$	[1.4, 3.4]	0.4	
Nombre d'échelles	[[3, 4]]	1	
Bullitt			
Paramètres	Intervalle	Pas	Conditions
$\sigma_{\min}$	[0.2, 1.6]	0.4	$\sigma_i - \sigma_j > \frac{1}{6}$ mm
$\sigma_{\max}$	[1.2, 3.2]	0.4	
Nombre d'échelles	[[3, 4]]	1	

**Table 5.3:** Paramètres d'échelle pour RORPO sans le paramètre de dilatation. Les conditions d'espacement assurent que deux échelles successives  $i$  et  $j$  ne soient pas similaires et que le chemin de taille maximal  $\text{échelle}_{\max}$  ne dépasse pas une certaine taille.

Ircad			
Paramètres	Intervalle	Pas	Conditions
Échelle min.	[30, 150]	10	$20 < \text{échelle}_i - \text{échelle}_j$ et $\text{échelle}_{\max} < 200$
Facteur	[1.1, 1.6]	0.1	
Nb. d'échelles	[[2, 4]]	1	
Bullitt			
Paramètres	Intervalle	Pas	Conditions
Échelle min.	[30, 90]	10	$20 < \text{échelle}_i - \text{échelle}_j$ et $\text{échelle}_{\max} < 200$
Facteurs	[1.1, 1.5]	0.1	
Nb. échelles	[[2, 4]]	1	
VascuSynth			
Paramètres	Intervalle	Pas	Conditions
Échelle min.	[10, 90]	10	$9 < \text{échelle}_i - \text{échelle}_j$ et $\text{échelle}_{\max} < 100$
Facteur	[1.1, 1.5]	0.1	
Nb. d'échelles	[[2, 4]]	1	

## 5.4 Résultats

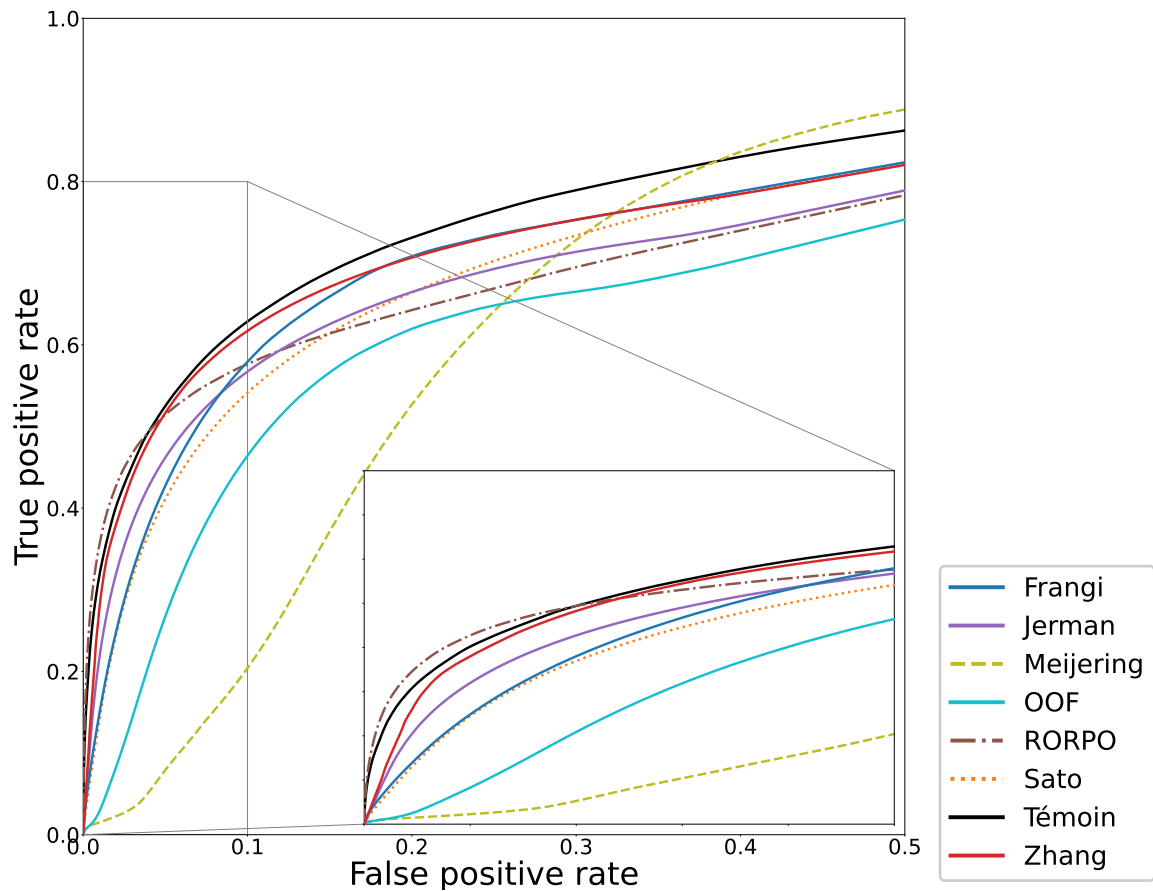
Dans cette section, nous présentons et discutons des résultats quantitatifs et qualitatifs des différents filtres. En plus des sept filtres présentés précédemment, nous ajoutons un filtre témoin. Le témoin est un simple filtre de mise à l'échelle des intensités afin que l'image d'entrée soit normalisée. L'image normalisée est ensuite seuillée de la même manière que pour les filtres de rehaussement. On obtient de cette manière un seuillage optimisé qui sert de base à la comparaison des performances des filtres.

**Table 5.4:** Paramètres intrinsèques (Meijering et RORPO n'ont pas de paramètre intrinsèque).

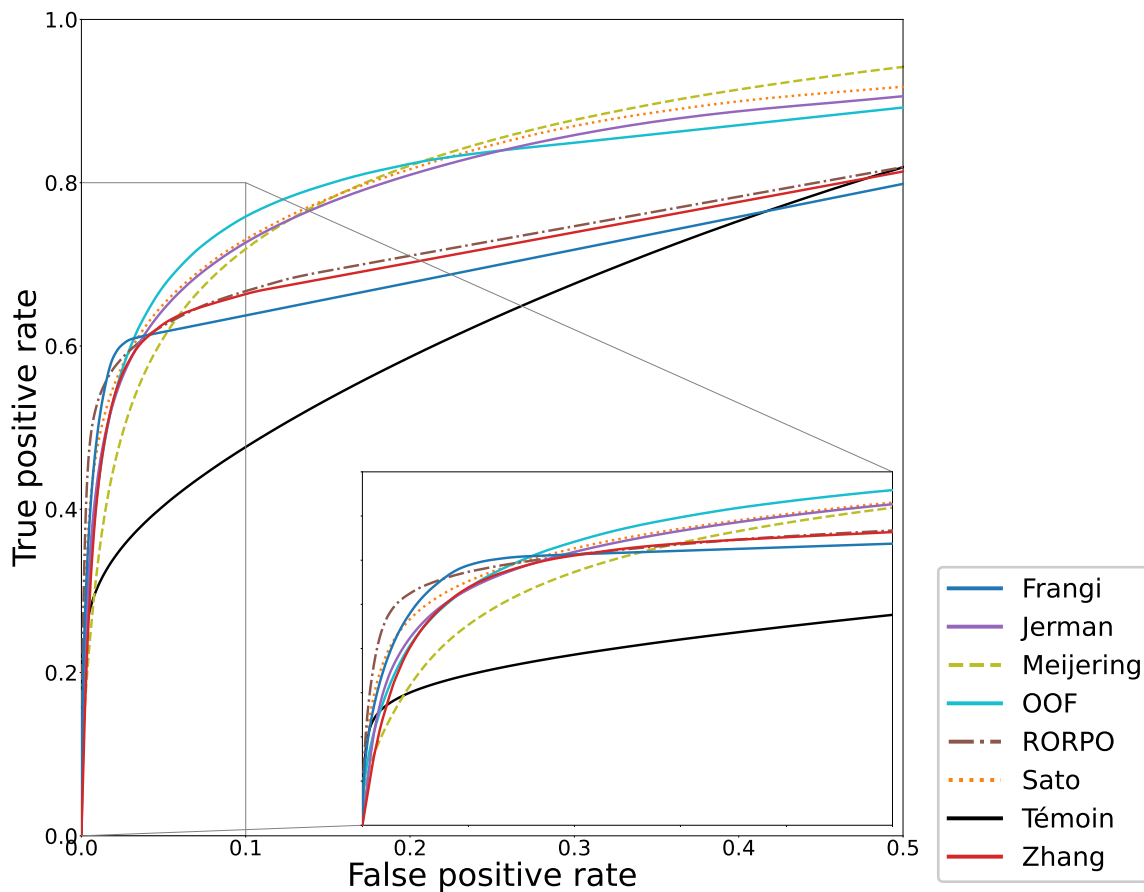
Filtres	Paramètres	Intervalle	Pas
Frangi	$\alpha$	[0.2, 1.0]	0.2
—	$\beta$	[0.2, 1.0]	0.2
—	$C$	[0, 60]	30
Sato	$\alpha_1$	[0.2, 1.0]	0.2
—	$\alpha_2$	[1, 2]	0.2
OOF	$\sigma$	[0.1, 1.0]	0.1
Jerman	$\tau$	[0.1, 1.0]	0.1
Zhang	$\tau$	[0.1, 1.0]	0.1

Dans la suite, nous commençons par analyser les résultats des filtres dans le masque global  $M_{\text{glo}}$ . Puis, nous discutons des résultats obtenus sur les masques vasculaires  $M_{\text{vasc}}$ ,  $M_{\text{vess}}^{\text{large}}$ ,  $M_{\text{vess}}^{\text{medium}}$ ,  $M_{\text{vess}}^{\text{small}}$ . Enfin, nous exposons les résultats obtenus au niveau des bifurcations.

### 5.4.1 Résultats globaux



**Figure 5.7:** Courbe ROC moyenne des sept filtres de rehaussement pour le jeu de l'Ircad. Un zoom est effectué sur la partie gauche de la courbe ROC.



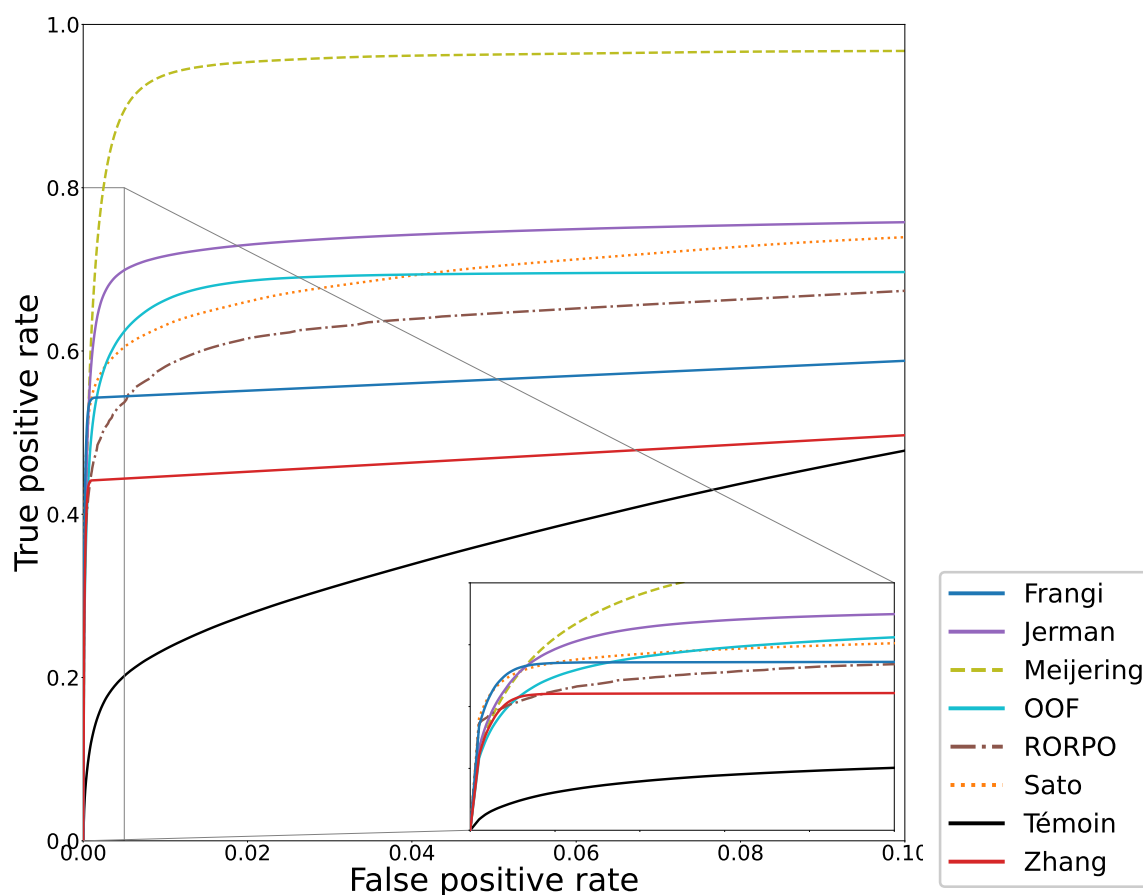
**Figure 5.8:** Courbe ROC moyenne des sept filtres de rehaussement pour Bullitt. Un zoom est effectué sur la partie gauche de la courbe ROC.

**Table 5.5:** Résultats quantitatifs (moyenne  $\pm$  écart-type) dans le masque global  $M_{\text{glo}}$  sur le jeu de données de l'Ircad.

	MCC	Dice	PSNR
Témoin	0.452 $\pm$ 0.129	<b>0.468</b> $\pm$ 0.126	9.352 $\pm$ 1.247
Frangi	0.355 $\pm$ 0.075	0.392 $\pm$ 0.074	19.899 $\pm$ 1.624
Jerman	0.382 $\pm$ 0.060	0.415 $\pm$ 0.059	18.926 $\pm$ 1.186
Meijering	0.232 $\pm$ 0.036	0.241 $\pm$ 0.050	19.079 $\pm$ 1.392
OOF	0.277 $\pm$ 0.049	0.316 $\pm$ 0.055	19.728 $\pm$ 1.575
RORPO	<b>0.475</b> $\pm$ 0.073	0.477 $\pm$ 0.076	<b>20.349</b> $\pm$ 1.687
Sato	0.340 $\pm$ 0.056	0.380 $\pm$ 0.057	19.915 $\pm$ 1.633
Zhang	0.434 $\pm$ 0.085	0.462 $\pm$ 0.079	20.274 $\pm$ 1.648

**Ircad** En observant les résultats présentés en table 5.5, on peut remarquer que globalement, le MCC et le Dice de tous les filtres appliqués sur les images de foies de l'Ircad sont faibles (inférieurs à 0.5). Ce résultat était attendu puisque nous avons réduit notre chaîne de traitement au minimum. Cependant, ce résultat justifie quantitativement le fait qu'un filtre seul ne peut se substituer à une méthode de segmentation complète.

Qualitativement (Fig. 5.12), tous les filtres excepté RORPO produisent des faux positifs sur les bords du foie. Meijering semble produire les moins bons résultats en rehaussant à la fois



**Figure 5.9:** Courbe ROC moyenne des sept filtres de rehaussement pour VascuSynth  $\sigma = 2$ . Un zoom est effectué sur la partie gauche de la courbe ROC.

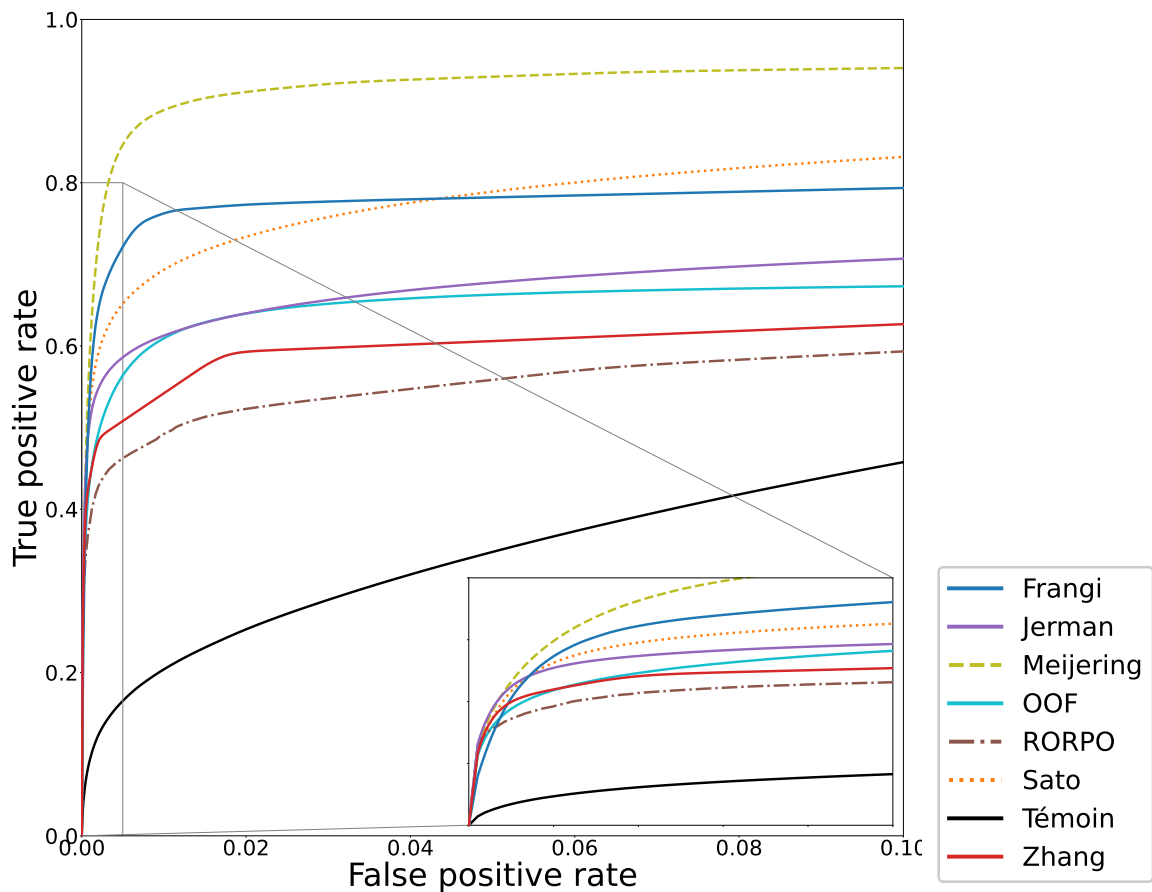
fortement les bords et le bruit dans les tissus. En comparaison, le seuillage, permet de bien récupérer les vaisseaux larges, mais l'on observe une augmentation des déconnexions au fur et à mesure que les vaisseaux deviennent de plus en plus petits.

Quantitativement, RORPO propose les meilleurs résultats avec un MCC de 0.475. Le témoin remporte le second meilleur MCC (0.452). Le fait qu'un simple seuillage produise de meilleurs résultats que la plupart des filtres sur des images TDM injectées peut paraître surprenant. Cependant, ces résultats sont à pondérer par le fait que les petits et moyens vaisseaux sont absents du seuillage témoin dans une proportion bien plus large que pour les filtres de rehaussement. En effet, tous les filtres ont des résultats supérieurs à la référence pour les vaisseaux petits et moyens.

Zhang produit le troisième meilleur résultat (MCC = 0.434), alors que OOF (MCC = 0.277) et Meijering (MCC = 0.231) présentent les performances les plus faibles. Les meilleurs filtres (RORPO et Zhang) obtiennent ces performances par des stratégies différentes. La précision de RORPO est élevée (0.666) avec une sensibilité moyenne (0.379). Au contraire, Zhang présente une sensibilité importante (0.435) en contrepartie d'une précision plus faible (0.515).

Nous rappelons que ces résultats sont basés sur le meilleur jeu de paramètres moyen pour l'ensemble des volumes du jeu de données. Le processus d'optimisation produit donc un





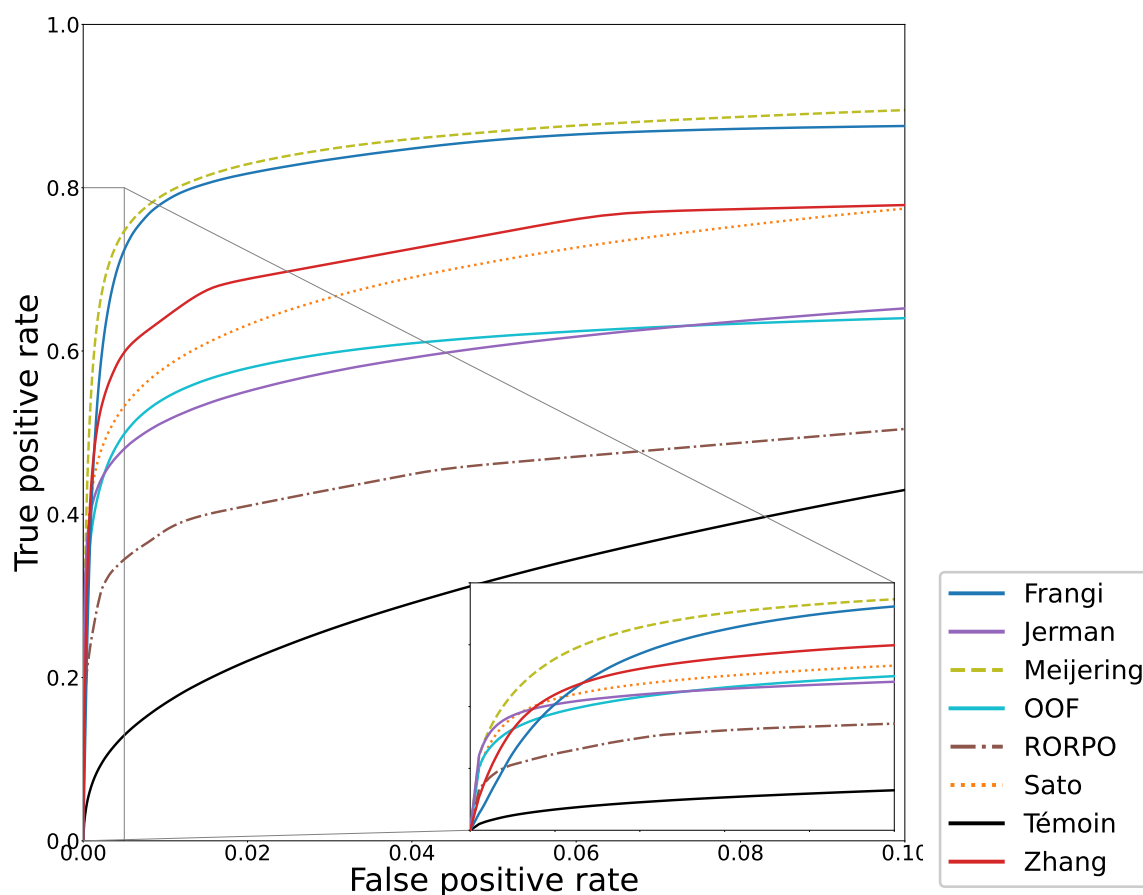
**Figure 5.10:** Courbe ROC moyenne des sept filtres de rehaussement pour VascuSynth  $\sigma = 4$ . Un zoom est effectué sur la partie gauche de la courbe ROC.

rehaussement qui est le compromis entre rehausser au maximum les vaisseaux, limiter le bruit et limiter le rehaussement des structures qui ne sont pas des vaisseaux (telles que les bords du foie).

**Table 5.6:** Résultats quantitatifs (moyenne  $\pm$  écart-type) dans le masque global  $M_{\text{glo}}$  sur le jeu de données de Bullitt.

	MCC	Dice	PSNR
Témoïn	0.396 $\pm$ 0.049	0.340 $\pm$ 0.061	20.275 $\pm$ 0.732
Frangi	0.474 $\pm$ 0.027	0.481 $\pm$ 0.026	21.768 $\pm$ 0.510
Jerman	0.432 $\pm$ 0.030	0.438 $\pm$ 0.029	19.723 $\pm$ 1.051
Meijering	0.349 $\pm$ 0.040	0.354 $\pm$ 0.043	21.905 $\pm$ 0.463
OOF	0.417 $\pm$ 0.029	0.424 $\pm$ 0.030	21.875 $\pm$ 0.491
RORPO	<b>0.543</b> $\pm$ 0.021	<b>0.540</b> $\pm$ 0.023	<b>21.909</b> $\pm$ 0.497
Sato	0.475 $\pm$ 0.026	0.473 $\pm$ 0.028	21.799 $\pm$ 0.466
Zhang	0.423 $\pm$ 0.037	0.431 $\pm$ 0.037	21.261 $\pm$ 0.847

**Bullitt** Qualitativement (Fig. 5.15), RORPO semble le mieux rehausser les vaisseaux avec peu de bruit. Cependant, les vaisseaux faiblement contrastés présentent des déconnexions



**Figure 5.11:** Courbe ROC moyenne des sept filtres de rehaussement pour VascuSynth  $\sigma = 6$ .

irrégulières typiques des filtres anti-extensifs. Quelques méthodes rehaussent le bruit dans les tissus du cerveau plus que d'autres telles que Jerman, Sato, Meijering et OOF. Cependant, Jerman et Sato présentent des profils de vaisseaux bien plus contrastés que le bruit. Le diamètre des vaisseaux est surestimé par Jerman, Zhang, Meijering et dans une moindre mesure par OOF. Cela amène à la fusion de vaisseaux adjacents (voir Fig. 5.18). Le rehaussement de Zhang est irrégulier avec certains vaisseaux très contrastés et d'autres plus faiblement. Cet effet est provoqué par la K-moyenne qui introduit un rehaussement dépendant de la classe associée aux voxels.

Nous attirons l'attention du lecteur sur le fait que nous n'avons pas observé d'artefacts liés au bord sur ce jeu de données puisque nous avons érodé le masque du cerveau de manière à exclure les veines non labellisées qui auraient biaisé nos métriques.

Quantitativement, RORPO offre de meilleurs résultats par rapport aux autres filtres (MCC=0.543). Sato (MCC=0.475) et Frangi (MCC=0.474) arrivent respectivement en seconde et troisième position. Bien que présentant des MCC proches, le rappel de Frangi est meilleur que celui de Sato (0.469 et 0.399) mais avec un plus faible taux de précision (0.498 vs. 0.585). Jerman (MCC=0.432), Zhang (MCC=0.424) et OOF (MCC=0.417) présentent des résultats supérieurs au témoin (MCC=0.396) tandis que Meijering produit un fort taux de faux positifs qui pénalise le MCC (0.349).

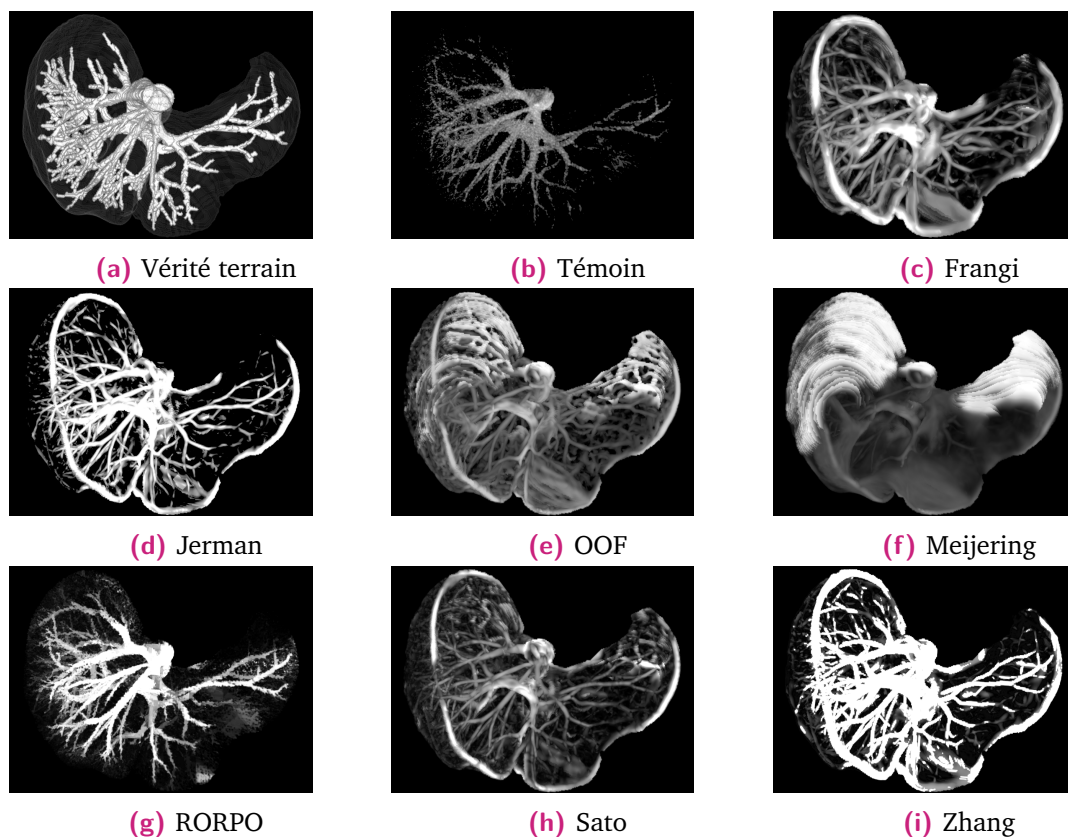


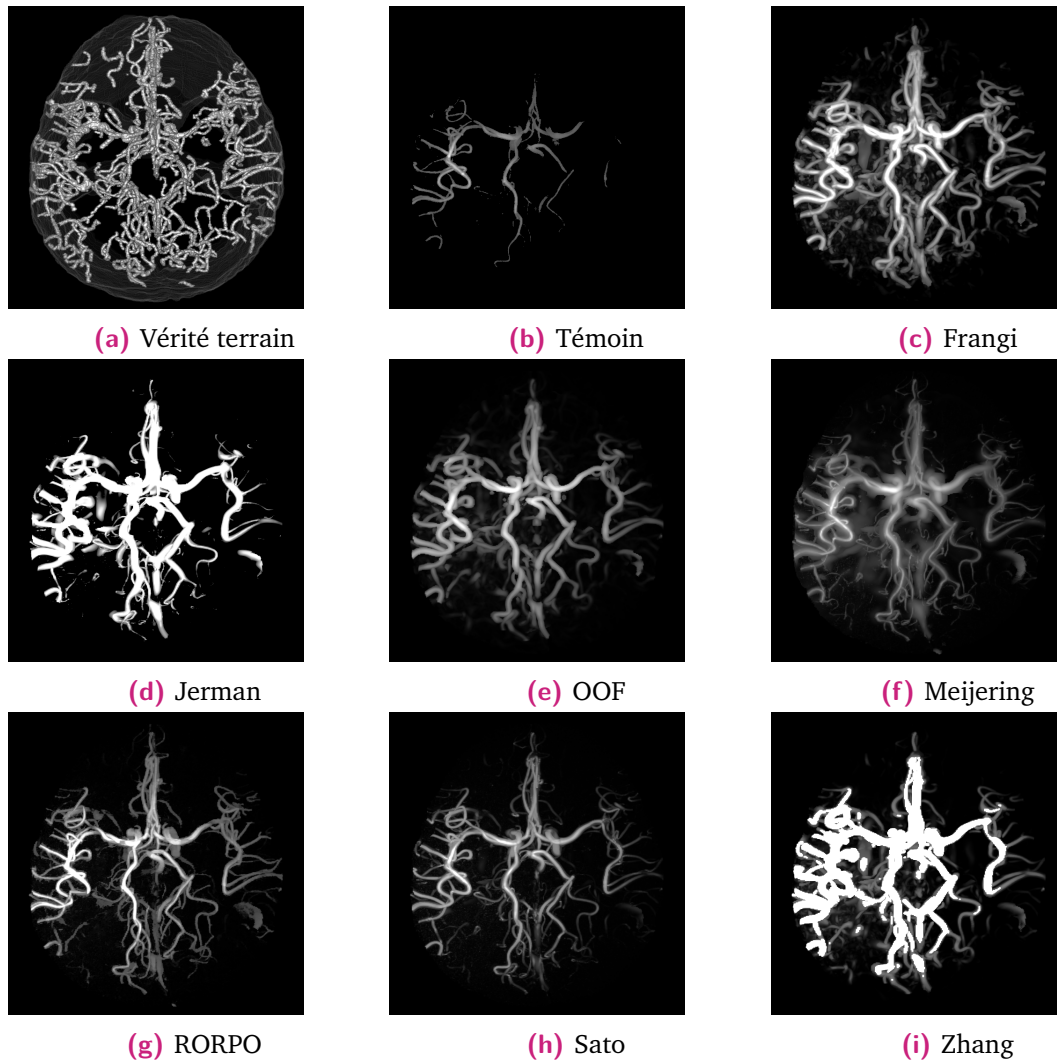
Figure 5.12: Illustration des résultats de filtrage optimisé pour l'Ircad.

Table 5.7: Résultats quantitatifs (moyenne  $\pm$  écart-type) dans le masque global  $M_{\text{glo}}$  sur les jeux de données de VascuSynth.

	MCC			Dice			PSNR		
	$\sigma = 2$	$\sigma = 4$	$\sigma = 6$	$\sigma = 2$	$\sigma = 4$	$\sigma = 6$	$\sigma = 2$	$\sigma = 4$	$\sigma = 6$
Témoin	0.184 $\pm$ 0.136	0.143 $\pm$ 0.116	0.106 $\pm$ 0.089	0.162 $\pm$ 0.134	0.122 $\pm$ 0.114	0.089 $\pm$ 0.087	9.411 $\pm$ 0.231	9.397 $\pm$ 0.230	9.374 $\pm$ 0.229
Frangi	<b>0.634</b> $\pm$ 0.051	0.577 $\pm$ 0.070	0.500 $\pm$ 0.081	<b>0.621</b> $\pm$ 0.049	0.572 $\pm$ 0.074	0.485 $\pm$ 0.091	26.274 $\pm$ 2.813	<b>26.496</b> $\pm$ 2.872	<b>26.692</b> $\pm$ 2.856
Jerman	0.611 $\pm$ 0.064	0.565 $\pm$ 0.049	0.501 $\pm$ 0.048	0.603 $\pm$ 0.065	0.549 $\pm$ 0.046	0.464 $\pm$ 0.048	<b>26.774</b> $\pm$ 1.296	21.758 $\pm$ 0.399	21.831 $\pm$ 0.489
OOF	0.627 $\pm$ 0.061	0.496 $\pm$ 0.065	0.449 $\pm$ 0.069	0.530 $\pm$ 0.060	0.476 $\pm$ 0.063	0.419 $\pm$ 0.067	26.324 $\pm$ 1.802	24.594 $\pm$ 1.329	22.983 $\pm$ 1.072
Meijering	0.538 $\pm$ 0.061	<b>0.603</b> $\pm$ 0.059	<b>0.565</b> $\pm$ 0.060	0.619 $\pm$ 0.064	<b>0.599</b> $\pm$ 0.061	<b>0.564</b> $\pm$ 0.059	26.586 $\pm$ 2.331	25.902 $\pm$ 1.889	24.821 $\pm$ 1.395
RORPO	0.587 $\pm$ 0.155	0.517 $\pm$ 0.119	0.366 $\pm$ 0.123	0.554 $\pm$ 0.157	0.476 $\pm$ 0.117	0.325 $\pm$ 0.113	23.236 $\pm$ 2.472	20.672 $\pm$ 1.689	18.372 $\pm$ 1.571
Sato	0.618 $\pm$ 0.046	0.559 $\pm$ 0.058	0.488 $\pm$ 0.052	0.596 $\pm$ 0.044	0.548 $\pm$ 0.058	0.464 $\pm$ 0.050	26.602 $\pm$ 2.539	26.241 $\pm$ 1.803	24.801 $\pm$ 1.285
Zhang	0.553 $\pm$ 0.052	0.523 $\pm$ 0.051	0.481 $\pm$ 0.065	0.531 $\pm$ 0.051	0.498 $\pm$ 0.049	0.474 $\pm$ 0.067	26.221 $\pm$ 2.805	26.360 $\pm$ 2.826	26.543 $\pm$ 2.845

**VascuSynth** Qualitativement (Fig. 5.15), Meijering, Sato et Jerman produisent les meilleurs résultats. Cependant, Meijering a tendance à rehausser le bruit au voisinage des vaisseaux, donnant à leur contour un aspect irrégulier. Jerman a un rehaussement des vaisseaux de bonne qualité, mais rehausse aussi une partie significative du bruit. Frangi, Zhang et Sato semblent être les meilleures méthodes pour filtrer le bruit ricien.

Ce jeu de données montre une certaine sensibilité de RORPO au bruit. Plus le bruit augmente et plus les artefacts sont rehaussés. Ce comportement était en partie attendu puisque nous n'avons pas utilisé le paramètre de dilatation de RORPO (qui gère les déconnexions liées au bruit) en le laissant à 0. Ce choix a été motivé par le fait que ce paramètre ne peut pas être optimisé séparément des paramètres d'échelle. Toutefois, dans des applications réelles avec un fort niveau de bruit, l'étude de ce paramètre est indispensable. On peut aussi noter que comme les autres filtres, RORPO rehausse une partie des blobs gaussiens de forte intensité.

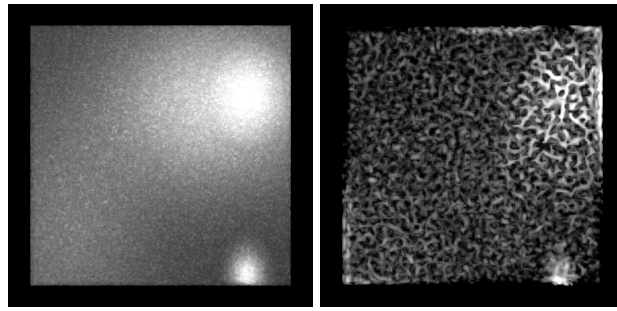


**Figure 5.13:** Illustration des résultats de filtrage optimisé pour Bullitt. Dans l'ordre de lecture vérités terrains, suivies du témoin, Frangi, Jerman, OOF, Meijering, RORPO, Sato et Zhang.

Un cas particulier du rehaussement de blob, propre à RORPO, se produit lorsqu'un blob est en contact avec un vaisseau. Dans ce cas, une partie des chemins participant au rehaussement des structures tubulaires peuvent traverser et rehausser les blobs. Ce comportement est par exemple visible lorsqu'un blob gaussien touche l'extrémité d'un vaisseau.

Comme le jeu de données VasuSynth ne présente pas de bords d'organes où d'artefacts similaires, l'éventualité d'un faux rehaussement lié à ces artefacts est limitée comparativement aux jeux de données réels, excepté pour OOF qui rehausse les bordures de l'image assimilées à des plans. La mesure utilisée pour OOF distingue en effet mal les structures planaires des structures tubulaires. Une autre mesure de tubularité telle que la mesure de Frangi pourrait être utilisée pour éviter ce problème. De manière générale, quand le bruit n'est pas bien filtré, les filtres de rehaussement ont tendance à introduire de fausses structures tubulaires non présentes dans l'image d'origine (Fig. 5.14).

Quantitativement, Frangi donne les meilleurs résultats pour  $\sigma = 2$  avec un MCC de 0.634. Meijering atteint un MCC de 0.603 pour  $\sigma = 4$  et 0.565 pour  $\sigma = 6$ . Ces bonnes performances



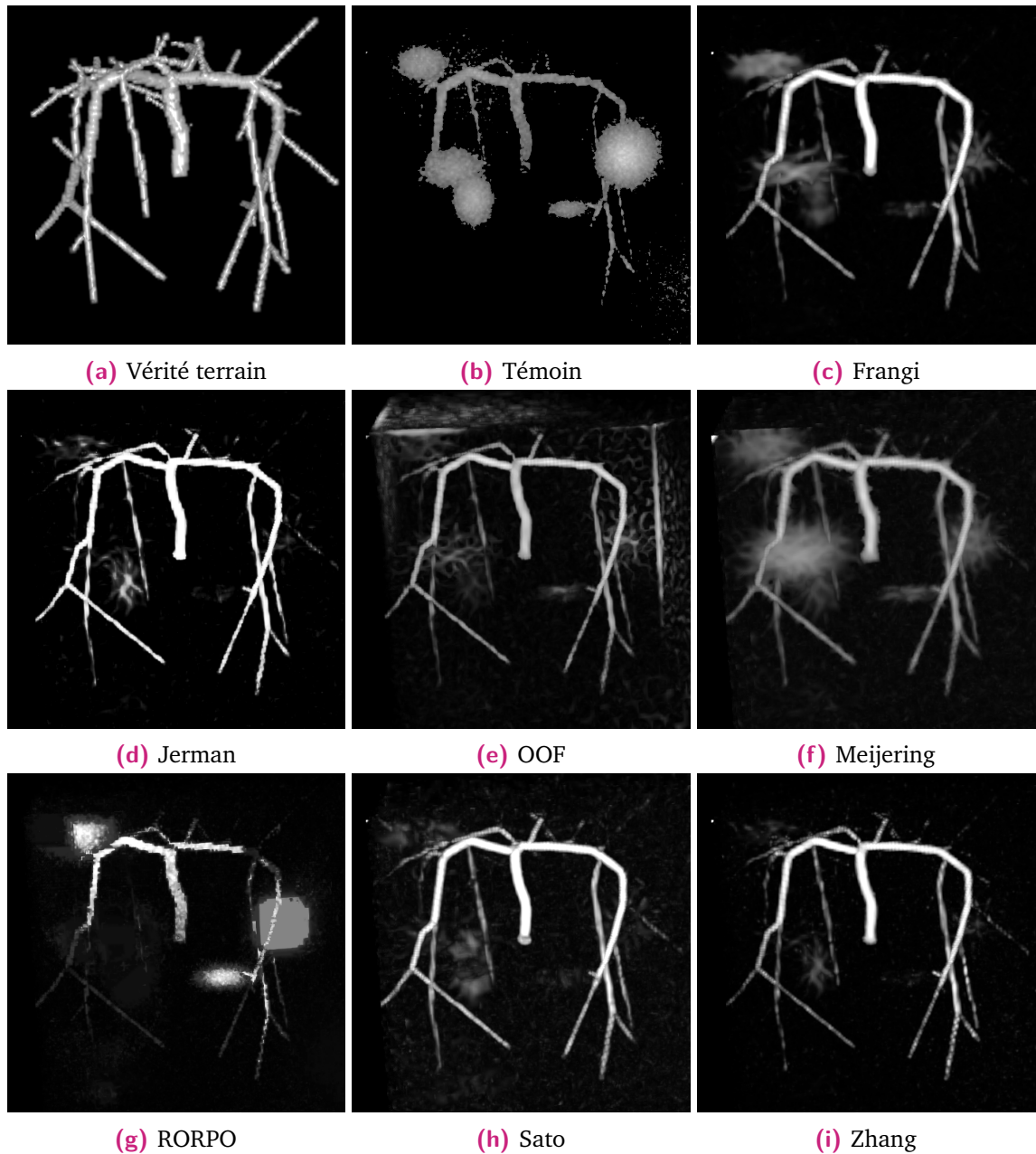
**Figure 5.14:** Bruit de fond de Vasucsynth  $\sigma = 4$  et bruit de fond après filtrage par OOF. Après filtrage, le bruit forme des structures tubulaires de faible intensité pour la plupart des filtres matriciels.

de Meijering peuvent s'expliquer par le fait que la géométrie des vaisseaux de VasucSynth corresponde aux hypothèses du modèle de Meijering (vaisseaux droits et de rayon constant). Sato obtient le troisième meilleur résultat pour le niveau de bruit  $\sigma = 2$  (MCC=0.618) tandis que Jerman présente de meilleurs résultats pour des niveaux de bruits supérieurs (MCC = 0.565 pour  $\sigma = 4$  et MCC=0.501 pour  $\sigma = 6$ ). Peu importe les cas, les deux filtres donnent des résultats similaires, puisque leur sensibilité est proche, indépendamment du niveau de bruit. La différence entre les deux filtres s'explique au niveau de la précision : pour des niveaux de bruit élevés (e.g.  $\sigma = 4$ ), Jerman présente une plus grande précision (MCC = 0.717 vs. 0.661) tandis que Sato présente une précision supérieure pour les faibles niveaux de bruit (MCC = 0.810 vs. 0.689). En général, Frangi est la méthode la plus robuste au bruit pour des niveaux de bruit élevés avec un PSNR de 26.496 et 26.692 pour  $\sigma = 4$  et  $\sigma = 6$ , respectivement. Les résultats du témoin sont très mauvais à cause de la présence d'artefacts de haute intensité et d'un fond non homogène dans les données de VasucSynth. Ce comportement est une motivation supplémentaire pour l'usage de filtres de rehaussement pour des applications avec un contexte similaire. Globalement, RORPO produit les moins bons résultats sur VasucSynth alors que Zhang reste relativement stable, peu importe le niveau de bruit choisi.

## 5.4.2 Voisinage des vaisseaux

Les résultats quantitatifs des sept filtres sont présentés dans les tables 5.8–5.10 pour les jeux de données de l'Ircad, Bullitt et VasucSynth.

**Ircad** Tous les filtres hessiens et OOF ont des performances qui augmentent significativement quand ils sont calculés dans  $M_{\text{vess}}$ , puisque les artefacts éloignés des vaisseaux sont ignorés pour ce masque. Alors que RORPO présentait les meilleurs résultats dans  $M_{\text{glo}}$ , pour  $M_{\text{vess}}$ , ce sont Frangi et Zhang qui obtiennent le meilleur MCC (MCC=0.535). En étudiant les performances des filtres en fonction de la taille des vaisseaux rehaussés ( $M_{\text{vess}}^{\text{large}}$ ,  $M_{\text{vess}}^{\text{medium}}$ ,  $M_{\text{vess}}^{\text{small}}$ ), on observe que Frangi est capable de bien rehausser les vaisseaux larges (MCC=0.580) et moyens (MCC= 0.619), mais ses performances baissent pour les petits vaisseaux (MCC=0.460). À l'inverse, OOF et Jerman rehaussent correctement les petits vaisseaux



**Figure 5.15:** Illustration des résultats de filtrage optimisé pour VasculSynth  $\sigma = 4$ .

(MCC=0.514 et MCC=0.502) mais avec des performances réduites sur les gros vaisseaux (MCC=0.513 et MCC=0.480).

**Bullitt** Localement, les résultats pour  $M_{\text{glo}}$  et  $M_{\text{vess}}$  sont similaires puisque le jeu de données ne contient quasiment pas de structures autres que les vaisseaux. Dans ce contexte, RORPO est toujours le meilleur filtre suivi de Sato et Frangi.

**VasculSynth** Globalement, le rehaussement des vaisseaux est le mieux réalisé par Frangi, à l'exception du plus faible niveau de bruit où Meijering obtient les meilleurs résultats. Une

**Table 5.8:** Résultats quantitatifs (moyenne  $\pm$  écart-type) par catégorie de tailles de vaisseaux pour l'Ircad.

	Voisinage ( $M_{\text{vasc}}$ )			Larges ( $M_{\text{vess}}^{\text{large}}$ )		
	MCC	Dice	PSNR	MCC	Dice	PSNR
Témoin	0.491 $\pm$ 0.118	0.527 $\pm$ 0.110	13.110 $\pm$ 1.795	0.552 $\pm$ 0.130	0.597 $\pm$ 0.136	20.938 $\pm$ 2.637
Frangi	0.535 $\pm$ 0.073	<b>0.581</b> $\pm$ 0.065	19.989 $\pm$ 1.653	<b>0.580</b> $\pm$ 0.072	<b>0.627</b> $\pm$ 0.087	22.189 $\pm$ 1.867
Jerman	0.501 $\pm$ 0.054	0.521 $\pm$ 0.060	<b>21.464</b> $\pm$ 1.757	0.480 $\pm$ 0.065	0.496 $\pm$ 0.083	<b>24.119</b> $\pm$ 1.972
Meijering	0.451 $\pm$ 0.061	0.522 $\pm$ 0.049	20.091 $\pm$ 1.646	0.545 $\pm$ 0.055	0.669 $\pm$ 0.044	22.407 $\pm$ 1.850
OOF	0.498 $\pm$ 0.063	0.556 $\pm$ 0.051	19.912 $\pm$ 1.642	0.513 $\pm$ 0.060	0.574 $\pm$ 0.067	22.056 $\pm$ 1.850
RORPO	0.491 $\pm$ 0.066	0.501 $\pm$ 0.075	20.463 $\pm$ 1.765	0.491 $\pm$ 0.069	0.504 $\pm$ 0.080	22.580 $\pm$ 1.948
Sato	0.508 $\pm$ 0.054	0.542 $\pm$ 0.057	19.996 $\pm$ 1.679	0.512 $\pm$ 0.067	0.548 $\pm$ 0.086	22.130 $\pm$ 1.861
Zhang	<b>0.535</b> $\pm$ 0.064	0.551 $\pm$ 0.074	20.940 $\pm$ 1.857	0.541 $\pm$ 0.078	0.561 $\pm$ 0.101	23.199 $\pm$ 2.032
	Moyens ( $M_{\text{vess}}^{\text{medium}}$ )			Petits ( $M_{\text{vess}}^{\text{small}}$ )		
	MCC	Dice	PSNR	MCC	Dice	PSNR
Témoin	0.509 $\pm$ 0.121	0.557 $\pm$ 0.117	21.250 $\pm$ 2.989	0.391 $\pm$ 0.103	0.424 $\pm$ 0.097	18.687 $\pm$ 2.209
Frangi	0.619 $\pm$ 0.115	0.660 $\pm$ 0.113	27.387 $\pm$ 2.554	0.460 $\pm$ 0.123	0.506 $\pm$ 0.118	26.624 $\pm$ 2.232
Jerman	0.604 $\pm$ 0.095	0.622 $\pm$ 0.110	<b>30.111</b> $\pm$ 3.155	0.502 $\pm$ 0.093	0.525 $\pm$ 0.104	<b>27.991</b> $\pm$ 2.120
Meijering	0.542 $\pm$ 0.085	0.602 $\pm$ 0.082	27.432 $\pm$ 2.474	0.419 $\pm$ 0.088	0.462 $\pm$ 0.077	26.723 $\pm$ 2.187
OOF	<b>0.642</b> $\pm$ 0.097	0.681 $\pm$ 0.097	27.334 $\pm$ 2.467	<b>0.514</b> $\pm$ 0.103	<b>0.559</b> $\pm$ 0.096	26.692 $\pm$ 2.251
RORPO	0.547 $\pm$ 0.102	0.573 $\pm$ 0.115	28.138 $\pm$ 2.637	0.417 $\pm$ 0.093	0.435 $\pm$ 0.104	27.157 $\pm$ 2.354
Sato	0.602 $\pm$ 0.096	<b>0.629</b> $\pm$ 0.105	27.437 $\pm$ 2.548	0.488 $\pm$ 0.092	0.522 $\pm$ 0.091	26.777 $\pm$ 2.277
Zhang	0.602 $\pm$ 0.110	0.619 $\pm$ 0.126	28.808 $\pm$ 3.119	0.481 $\pm$ 0.110	0.497 $\pm$ 0.124	27.471 $\pm$ 2.311

analyse plus fine des résultats par tailles montre que Meijering et Jerman obtiennent de meilleurs résultats que Frangi sur les vaisseaux moyens et petits pour de faibles niveaux de bruit. Dans les autres cas, Frangi produit de meilleurs résultats pour  $M_{\text{vess}}$ .

### 5.4.3 Bifurcations

Le filtrage des bifurcations est présenté visuellement dans les figures 5.16 et 5.17 pour VasuSynth et l'Ircad, tandis que les bifurcations et les vaisseaux adjacents de Bullitt sont présentés dans les figures 5.18.

Qualitativement, nous observons que les filtres de Frangi et Sato présentent une perte de signal au centre des bifurcations pour l'Ircad et Bullitt et sur les pourtours de la bifurcation pour VasuSynth. Cette perte de signal n'a pas été observée pour les autres filtres. Le déplacement de la perte de signal s'éloignant des bords pour VasuSynth peut s'expliquer par une géométrie particulière pour ce jeu de données. En effet, les nouvelles branches partant d'un vaisseau principal, plus gros, ont une épaisseur plus réduite. Le centre de la bifurcation se retrouve translaté de l'intersection des deux vaisseaux à la base du plus petit. Concernant les vaisseaux adjacents, certains filtres ont une tendance à fusionner les vaisseaux très proches. Ces filtres sont Jerman, Meijering et Zhang. Les autres filtres tels que Frangi, Sato, OOF et RORPO semblent plus robustes à cet effet. En particulier, cette robustesse est assurée par la propriété d'anti-extensivité pour RORPO.

Nous divisons l'analyse quantitative (Tab. 5.11) en deux parties avec d'une part les jeux de données réels et d'autre part les données synthétiques dont la vérité terrain des bifurcations est plus précise.

**Table 5.9:** Résultats quantitatifs (moyenne  $\pm$  écart-type) par catégorie de tailles de vaisseaux pour Bullitt.

Voisinage ( $M_{\text{vasc}}$ )			
	MCC	Dice	PSNR
Témoin	0.371 $\pm$ 0.038	0.341 $\pm$ 0.062	<b>22.291</b> $\pm$ 0.513
Frangi	0.415 $\pm$ 0.028	0.506 $\pm$ 0.026	21.641 $\pm$ 0.517
Jerman	0.377 $\pm$ 0.037	0.466 $\pm$ 0.029	21.990 $\pm$ 0.687
Meijering	0.288 $\pm$ 0.041	0.412 $\pm$ 0.045	22.076 $\pm$ 0.509
OOF	0.353 $\pm$ 0.026	0.456 $\pm$ 0.032	21.771 $\pm$ 0.506
RORPO	<b>0.506</b> $\pm$ 0.022	<b>0.556</b> $\pm$ 0.025	21.784 $\pm$ 0.506
Sato	0.435 $\pm$ 0.027	0.491 $\pm$ 0.029	21.698 $\pm$ 0.478
Zhang	0.348 $\pm$ 0.029	0.460 $\pm$ 0.026	21.430 $\pm$ 0.553
Moyens ( $M_{\text{vess}}^{\text{medium}}$ )			
	MCC	Dice	PSNR
Témoin	0.542 $\pm$ 0.129	0.555 $\pm$ 0.163	33.836 $\pm$ 2.891
Frangi	0.605 $\pm$ 0.034	0.684 $\pm$ 0.034	33.262 $\pm$ 2.827
Jerman	0.580 $\pm$ 0.048	0.660 $\pm$ 0.055	<b>34.066</b> $\pm$ 3.226
Meijering	0.402 $\pm$ 0.054	0.521 $\pm$ 0.067	34.034 $\pm$ 2.820
OOF	0.620 $\pm$ 0.049	<b>0.690</b> $\pm$ 0.044	33.621 $\pm$ 2.971
RORPO	<b>0.647</b> $\pm$ 0.047	0.712 $\pm$ 0.047	33.370 $\pm$ 2.882
Sato	0.594 $\pm$ 0.064	0.663 $\pm$ 0.088	33.072 $\pm$ 2.928
Zhang	0.577 $\pm$ 0.074	0.655 $\pm$ 0.101	33.789 $\pm$ 2.790
Petits ( $M_{\text{vess}}^{\text{small}}$ )			
	MCC	Dice	PSNR
Témoin	0.358 $\pm$ 0.038	0.315 $\pm$ 0.057	<b>22.771</b> $\pm$ 0.591
Frangi	0.419 $\pm$ 0.024	0.491 $\pm$ 0.026	22.153 $\pm$ 0.609
Jerman	0.376 $\pm$ 0.031	0.445 $\pm$ 0.030	22.352 $\pm$ 0.863
Meijering	0.287 $\pm$ 0.040	0.382 $\pm$ 0.044	22.549 $\pm$ 0.593
OOF	0.353 $\pm$ 0.025	0.436 $\pm$ 0.038	22.275 $\pm$ 0.586
RORPO	<b>0.510</b> $\pm$ 0.023	<b>0.544</b> $\pm$ 0.027	22.307 $\pm$ 0.590
Sato	0.436 $\pm$ 0.024	0.473 $\pm$ 0.031	22.236 $\pm$ 0.572
Zhang	0.349 $\pm$ 0.022	0.440 $\pm$ 0.023	21.861 $\pm$ 0.680

**Ircad** Pour l'Ircad, les trois filtres qui ont le Dice le plus élevé sont Meijering (Dice=0.881), Frangi (Dice=0.732), OOF (Dice=0.728). Dans ce jeu de données, la majorité des vaisseaux est plus intense que le fond, ce qui permet au témoin d'obtenir un Dice élevé (Dice=0.657). Les deux filtres présentant les moins bonnes performances sont Jerman (Dice=0.632) et RORPO (Dice=0.616). Sur ce jeu de données, les performances des filtres suivent les mêmes tendances que sur  $M_{\text{vasc}}$ . Seuls Meijering et OOF présentent des résultats bien plus élevés pour les bifurcations que pour  $M_{\text{vasc}}$ .

**Bullitt** Les filtres montrant les meilleures performances sur le jeu de données Bullitt sont Frangi (Dice=0.797), Zhang (Dice=0.781) et OOF (Dice=0.779). Sato (Dice=0.717) et Meijering (Dice=0.716) sont les deux filtres présentant les résultats les plus faibles pour les bifurcations de Bullitt.



**Table 5.10:** Résultats quantitatifs (moyenne  $\pm$  écart-type) par catégorie de tailles de vaisseaux pour VasculSynth ( $\sigma = 2$ ).

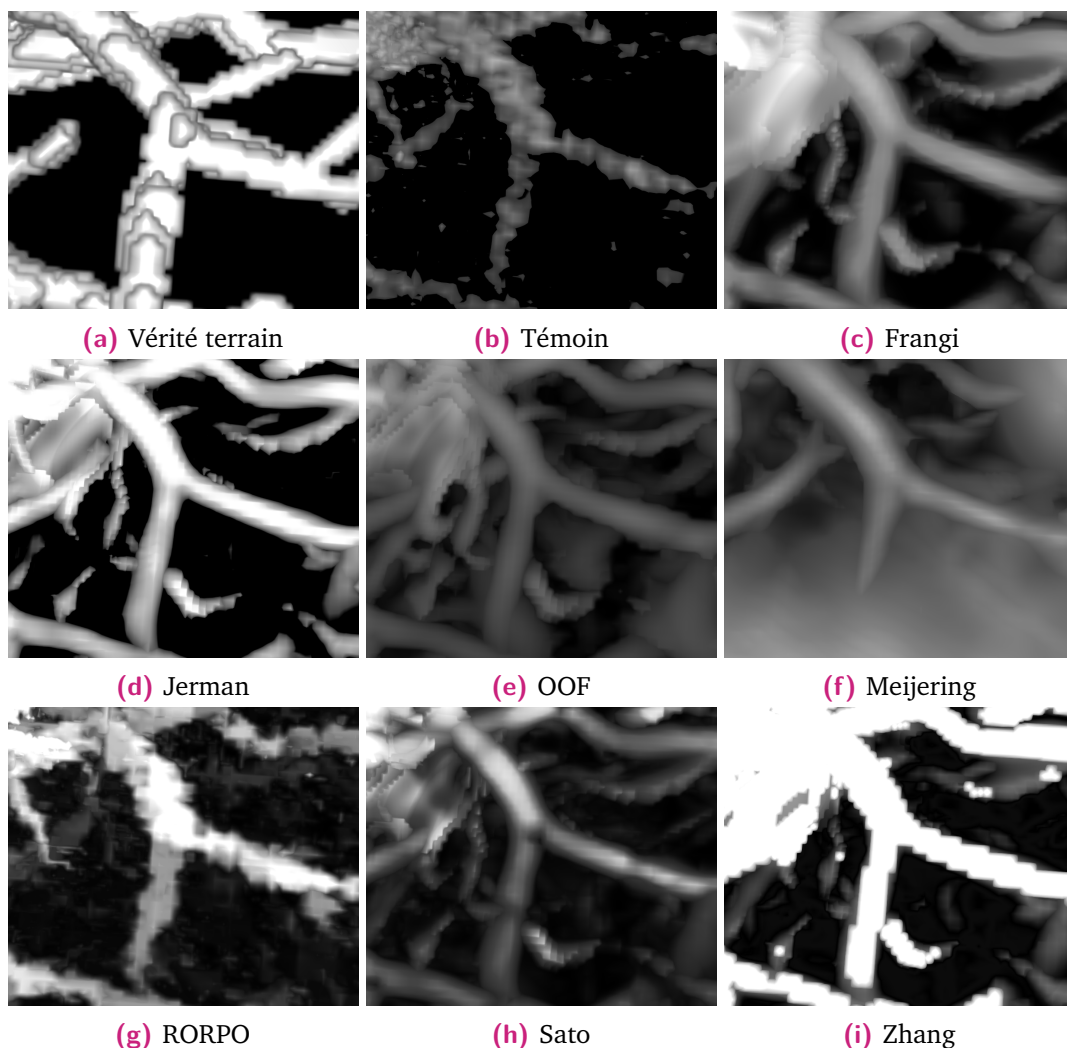
	Voisinage ( $M_{\text{vasc}}$ )			Larges ( $M_{\text{vess}}^{\text{large}}$ )		
	MCC	Dice	PSNR	MCC	Dice	PSNR
Témoin	0.392 $\pm$ 0.145	0.340 $\pm$ 0.172	25.198 $\pm$ 3.109	0.515 $\pm$ 0.293	0.491 $\pm$ 0.307	30.738 $\pm$ 1.278
Frangi	0.700 $\pm$ 0.037	0.688 $\pm$ 0.044	26.275 $\pm$ 2.814	0.757 $\pm$ 0.022	0.747 $\pm$ 0.025	32.939 $\pm$ 0.934
Jerman	0.710 $\pm$ 0.055	0.702 $\pm$ 0.067	<b>29.880</b> $\pm$ 3.007	0.735 $\pm$ 0.027	0.722 $\pm$ 0.031	36.312 $\pm$ 0.973
Meijering	<b>0.725</b> $\pm$ 0.034	<b>0.753</b> $\pm$ 0.035	27.305 $\pm$ 2.969	<b>0.818</b> $\pm$ 0.028	<b>0.834</b> $\pm$ 0.028	34.217 $\pm$ 0.978
OOF	0.648 $\pm$ 0.043	0.624 $\pm$ 0.053	28.275 $\pm$ 2.968	0.714 $\pm$ 0.025	0.696 $\pm$ 0.029	35.068 $\pm$ 0.980
RORPO	0.639 $\pm$ 0.082	0.619 $\pm$ 0.096	29.406 $\pm$ 3.407	0.713 $\pm$ 0.165	0.694 $\pm$ 0.197	<b>37.049</b> $\pm$ 1.574
Sato	0.661 $\pm$ 0.034	0.642 $\pm$ 0.042	26.938 $\pm$ 2.867	0.731 $\pm$ 0.024	0.719 $\pm$ 0.028	33.699 $\pm$ 0.945
Zhang	0.624 $\pm$ 0.042	0.594 $\pm$ 0.053	26.225 $\pm$ 2.809	0.713 $\pm$ 0.041	0.696 $\pm$ 0.050	32.893 $\pm$ 0.936
	Moyens ( $M_{\text{vess}}^{\text{medium}}$ )			Petits ( $M_{\text{vess}}^{\text{small}}$ )		
	MCC	Dice	PSNR	MCC	Dice	PSNR
Témoin	0.415 $\pm$ 0.176	0.355 $\pm$ 0.202	26.699 $\pm$ 1.974	0.284 $\pm$ 0.125	0.218 $\pm$ 0.129	27.954 $\pm$ 3.858
Frangi	0.715 $\pm$ 0.035	0.698 $\pm$ 0.041	28.986 $\pm$ 2.026	0.683 $\pm$ 0.056	0.657 $\pm$ 0.069	30.328 $\pm$ 3.627
Jerman	0.708 $\pm$ 0.047	0.691 $\pm$ 0.057	<b>32.360</b> $\pm$ 2.236	<b>0.730</b> $\pm$ 0.073	<b>0.719</b> $\pm$ 0.090	<b>34.315</b> $\pm$ 4.028
OOF	<b>0.768</b> $\pm$ 0.031	<b>0.785</b> $\pm$ 0.031	30.159 $\pm$ 2.141	0.660 $\pm$ 0.072	0.652 $\pm$ 0.086	31.054 $\pm$ 3.723
Meijering	0.672 $\pm$ 0.040	0.646 $\pm$ 0.049	31.016 $\pm$ 2.152	0.615 $\pm$ 0.071	0.572 $\pm$ 0.091	32.202 $\pm$ 3.802
RORPO	0.670 $\pm$ 0.087	0.647 $\pm$ 0.101	32.281 $\pm$ 2.506	0.566 $\pm$ 0.108	0.523 $\pm$ 0.118	32.660 $\pm$ 3.946
Sato	0.675 $\pm$ 0.035	0.649 $\pm$ 0.042	29.659 $\pm$ 2.078	0.647 $\pm$ 0.047	0.615 $\pm$ 0.059	30.939 $\pm$ 3.674
Zhang	0.648 $\pm$ 0.044	0.616 $\pm$ 0.054	28.936 $\pm$ 2.024	0.580 $\pm$ 0.054	0.528 $\pm$ 0.071	30.278 $\pm$ 3.618

**Table 5.11:** Résultats quantitatifs (moyenne  $\pm$  écart-type) pour le masque des bifurcations  $M_{\text{bif}}$  sur l'ensemble des jeux de données. Seul le Dice est exprimé car le MCC n'est pas défini sur ce masque.

	Dice				
	Ircad	Bullitt	VasculSynth 2	VasculSynth 4	VasculSynth 6
Témoin	0.657 $\pm$ 0.142	0.492 $\pm$ 0.091	0.408 $\pm$ 0.256	0.382 $\pm$ 0.255	0.360 $\pm$ 0.243
Frangi	0.732 $\pm$ 0.138	<b>0.797</b> $\pm$ 0.039	0.716 $\pm$ 0.043	0.783 $\pm$ 0.051	<b>0.833</b> $\pm$ 0.057
Jerman	0.632 $\pm$ 0.161	0.748 $\pm$ 0.056	0.713 $\pm$ 0.061	0.652 $\pm$ 0.042	0.562 $\pm$ 0.050
Meijering	<b>0.881</b> $\pm$ 0.096	0.716 $\pm$ 0.084	<b>0.904</b> $\pm$ 0.048	<b>0.875</b> $\pm$ 0.044	0.810 $\pm$ 0.053
OOF	0.728 $\pm$ 0.132	0.779 $\pm$ 0.069	0.666 $\pm$ 0.047	0.604 $\pm$ 0.055	0.543 $\pm$ 0.062
RORPO	0.616 $\pm$ 0.168	0.758 $\pm$ 0.031	0.658 $\pm$ 0.098	0.563 $\pm$ 0.105	0.440 $\pm$ 0.119
Sato	0.652 $\pm$ 0.145	0.717 $\pm$ 0.049	0.671 $\pm$ 0.042	0.684 $\pm$ 0.060	0.593 $\pm$ 0.056
Zhang	0.646 $\pm$ 0.165	0.781 $\pm$ 0.051	0.635 $\pm$ 0.056	0.600 $\pm$ 0.053	0.678 $\pm$ 0.070

Frangi et OOF sont les deux filtres présentant des résultats supérieurs aux autres filtres sur les deux jeux réels. Le comportement des autres filtres est difficile à définir et la corrélation avec les résultats visuels n'est pas évidente. Toutefois, les valeurs des métriques obtenues sur  $M_{\text{bif}}$  suivent les tendances observées sur  $M_{\text{vasc}}$ .

**VasculSynth** Pour VasculSynth, Frangi et Meijering sont les filtres avec les valeurs de Dice les plus hautes (Dice=0.716 vs. Dice=0.904 pour  $\sigma = 2$ ), (Dice=0.783 vs. Dice=0.875 pour  $\sigma = 4$ ), (Dice=0.833 vs. Dice=0.810 pour  $\sigma = 6$ ). Frangi et Zhang sont les filtres dont les performances ne décroissent pas alors que le bruit augmente. Encore une fois, les résultats avec les bifurcations sont corrélés avec le rehaussement dans le voisinage des vaisseaux. Par exemple, la dégradation des résultats de RORPO avec l'augmentation du niveau de bruit s'observe également pour les bifurcations.



**Figure 5.16:** MIP des filtres avec les meilleurs paramètres sur une bifurcation pour le jeu de données de l'Ircad. Le témoin est l'image originale masquée et seuillée de manière optimale par rapport au MCC.

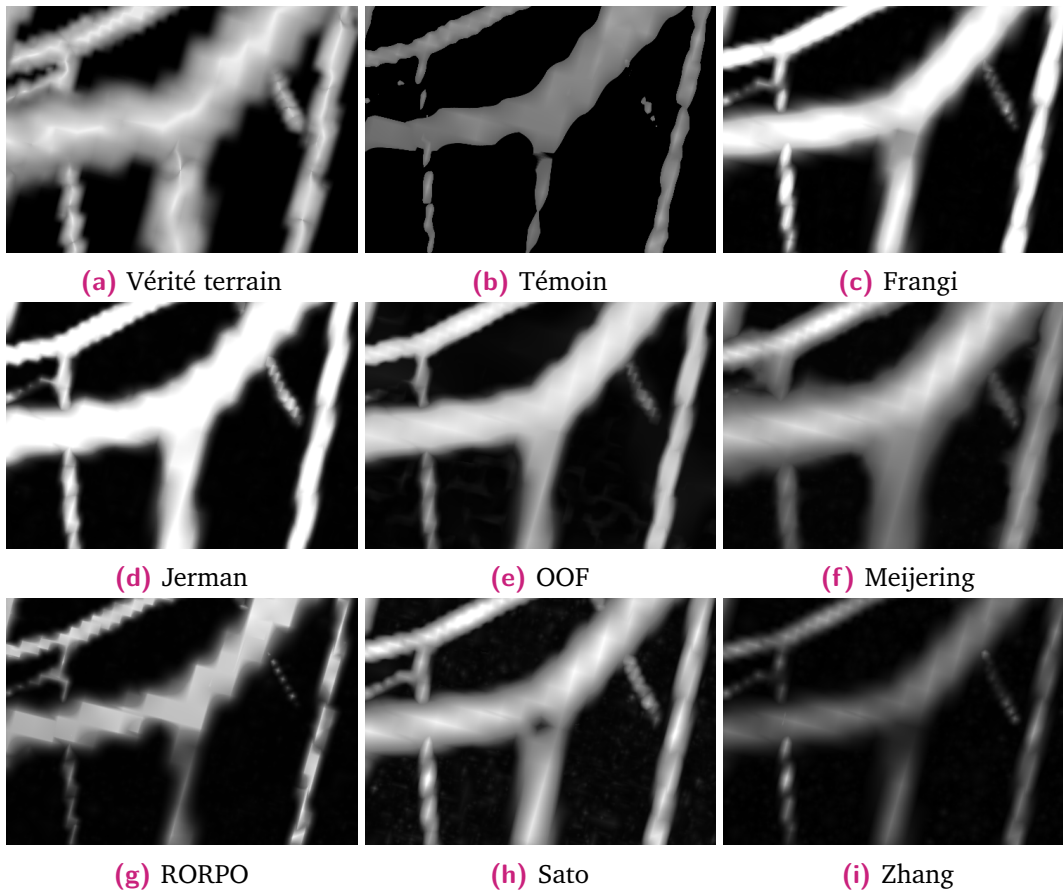
## 5.5 Discussion

### 5.5.1 Recommandations sur l'usage des filtres

En se basant sur ces résultats d'expériences, il est possible de formuler quelques recommandations en fonction du masque de région d'intérêt.

#### Meijering

Nous avons observé que les performances de Meijering sont faibles sur les jeux de données réels, car le filtre rehausse fortement le bruit. Ce comportement est consistant avec le fait que Meijering est un filtre dédié au rehaussement dans des images très faiblement contrastées pour des applications de tracking. Il faut toutefois noter que Meijering présente de bons



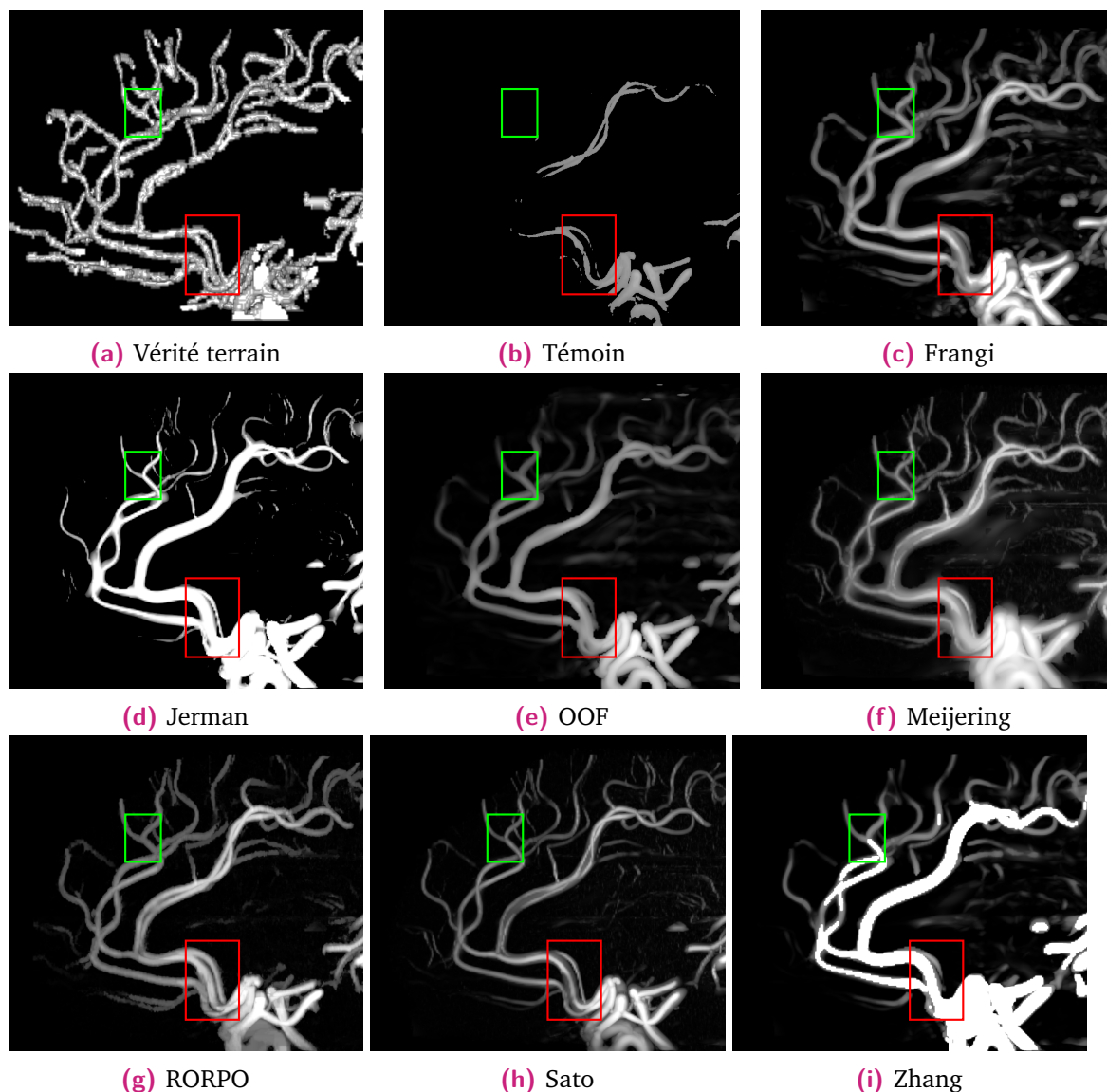
**Figure 5.17:** MIP des filtres avec les meilleurs paramètres sur une bifurcation pour le jeu de données VasuSynth avec  $\sigma = 2$ . Le témoin est l'image originale masquée et seuillée de manière optimale par rapport au MCC.

résultats sur les données synthétiques de VasuSynth. Il peut être intéressant d'appliquer Meijering dans plusieurs contextes :

- les images sont faiblement contrastées et présentent une géométrie des vaisseaux relativement droite sans variations de diamètres ;
- l'utilisateur choisit d'appliquer une segmentation basée sur une stratégie de tracking et/ou applique une stratégie de post-traitement capable d'identifier les faux positifs.

## OOF

OOF, couplé avec la mesure de tubularité de la moyenne géométrique, présente des résultats relativement faibles sur les jeux de données, ce qui peut s'expliquer par deux éléments : (1) le choix de la mesure dont le pouvoir de discrimination entre les plateaux et les structures tubulaires est faible ; et (2) OOF est basé sur l'hypothèse de sections de vaisseaux à géométrie circulaire, ce qui en pratique n'est pas toujours le cas, en particulier pour l'Ircad. Il convient aussi de noter que OOF est un cadre d'espace d'échelles et que différentes mesures de tubularité peuvent être utilisées en fonction de l'application d'intérêt. OOF est un bon choix dans les cas suivants :



**Figure 5.18:** MIP des vaisseaux au centre du cerveau pour le jeu de données Bullitt. Ces vaisseaux sont situés sur le même plan, illustrant ainsi les vaisseaux proches (rouge) et les bifurcations (vert).

- les vaisseaux présentent des sections circulaires ;
- les réseaux vasculaires présentent un nombre important de vaisseaux adjacents.

### 5.5.1.1 Sato et Frangi

Sato et Frangi présentent tous les deux de bonnes performances dans notre banc de test. Ces deux filtres proposent un bon compromis entre sensibilité et spécificité, mais produisent la plupart du temps une perte de signal au niveau des bifurcations. Nous recommandons Frangi dans les cas suivants :

- les vaisseaux dans les images ont des diamètres supérieurs à quelques voxels ;

- l'utilisateur a besoin d'un contrôle efficace sur le niveau de bruit à filtrer, au prix de la perte des petits vaisseaux ;
- le rehaussement des bifurcations est un facteur déterminant de la méthode de segmentation ;
- un filtrage du bruit est nécessaire.

Sato est recommandé dans les cas suivants :

- les images présentent peu de bruit ;
- les vaisseaux ont des sections circulaires ;
- les réseaux vasculaires comportent des vaisseaux adjacents.

## **Jerman**

Jerman présente de bonnes performances avec une sensibilité importante et rehausse nettement les contours de vaisseaux. Cependant, le filtre a tendance à être plus sensible au bruit que les filtres hessiens classiques (i.e. Frangi et Sato) et partage la même tendance à surestimer le volume des vaisseaux. Nous recommandons le filtre de Jerman dans les cas suivants :

- les images présentent des vaisseaux fins et peu contrastés ;
- le niveau de bruit des images est faible.

## **Zhang**

Zhang est une version modifiée de Jerman, créé pour être moins sensible aux artefacts de bord. Malheureusement la méthode est limitée à des organes spécifiques (ici le foie). Bien que la méthode propose des résultats intéressants, celle-ci requiert une connaissance a priori de la distribution des intensités des structures de l'image seulement disponible pour certaines applications. Zhang est un bon filtre dans les cas suivants :

- les applications où un masque des organes d'intérêt est disponible ;
- La distribution des intensités des vaisseaux se mélange peu avec la distribution d'intensité des autres tissus.

## **RORPO**

RORPO obtient la première place dans les deux jeux de données réels sur le masque global, mais produit des résultats faibles pour le jeu de données synthétiques VasuSynth. Le filtre différencie de manière efficace les bords des organes et les structures tubulaires et ne surestime jamais la taille des vaisseaux. Cependant, RORPO favorise la spécificité par rapport à la sensibilité et de ce fait présente un plus grand nombre de faux négatifs que les autres méthodes. RORPO est un bon choix pour les applications suivantes :

- les applications nécessitant la détection des contours précis des vaisseaux ;
- les applications où il est important de minimiser le nombre de faux positifs.

## 5.5.2 Influence des paramètres

Nous avons voulu aller plus loin dans l'analyse des filtres en détaillant l'influence de leurs paramètres. Nous discutons d'abord des paramètres d'échelles puis des paramètres intrinsèques. Pour ces derniers, nous nous sommes intéressés à la variation du MCC pour l'ensemble des jeux de paramètres testés ainsi qu'à la visualisation des types de structures rehaussés pour les paramètres optimaux de chaque filtre. L'ensemble des paramètres optimaux obtenus lors de nos expériences sont résumés dans la table 5.12.

**Table 5.12:** Paramètres optimaux des 7 filtres dans les 3 jeux de données.

	Paramètres	Ircad	VascuSynth			Bullitt
			$\sigma = 2$	$\sigma = 4$	$\sigma = 6$	
Frangi	$\alpha$	1	0.2	0.2	0.2	1
—	$\beta$	1	0.6	0.4	0.4	0.4
—	$C$	30	30	30	30	30
Jerman	$\tau$	0.1	0.2	0.2	0.3	0.2
OOF	$\sigma$	1	0.1	0.1	0.1	0.1
RORPO	Échelles min.	70	50	50	40	20
—	Facteur	1.3	1.1	1.2	1.4	1.3
—	Nb échelles	4	3	2	2	4
Sato	$\alpha_1$	0.3	0.3	0.3	0.5	0.7
—	$\alpha_2$	1.6	2	1	2	1
Zhang	$\tau$	0.3	0.4	0.8	0.9	0.1

### 5.5.2.1 Influence des paramètres d'échelles

Les choix des paramètres d'échelles sont déterminants pour l'ensemble des filtres. Lorsque la technique de rehaussement est efficace, les variations du résultat entre une échelle non optimisée et une échelle optimisée sont très importantes. Entre le moins bon et le meilleur jeu de paramètres (étape 1 de l'optimisation), des variations de MCC entre 0.23 et 0.30 ont été observées pour les filtres hessiens. Pour RORPO, dont le paramétrage repose exclusivement sur la taille des éléments structurants, une variation moyenne de 0.18 du MCC a été observée. OOF présente le delta le plus faible, avec des variations de MCC moyennes de 0.07. Une hypothèse est que la majeure partie des vaisseaux sont capturés dans une seule échelle, limitant ainsi l'impact de l'optimisation.

### 5.5.2.2 Influence des paramètres intrinsèques

Nous proposons d'étudier l'influence des paramètres intrinsèques de deux manières : en observant les variations de MCC obtenues sur l'ensemble des jeux de paramètres d'un filtre et en analysant la réponse théorique des filtres pour leurs paramètres optimaux.

#### 5.5.2.2.1 Rehaussement théorique

Nous avons vu dans le chapitre 3 que pour les filtres à descripteurs matriciels, la mesure de tubularité était définie à partir d'un triplet de valeurs propres. Ces valeurs propres expriment les variations d'intensité locale et peuvent être associées à des géométries particulières (Sec. 3, Fig. 3.3.1.5). Par exemple, une structure tubulaire est définie par deux valeurs propres élevées et une valeur propre proche de zéro. Une structure planaire est définie par deux valeurs propres proches de zéro et une valeur propre élevée. Une structure sphérique est définie par les trois valeurs propres égales.

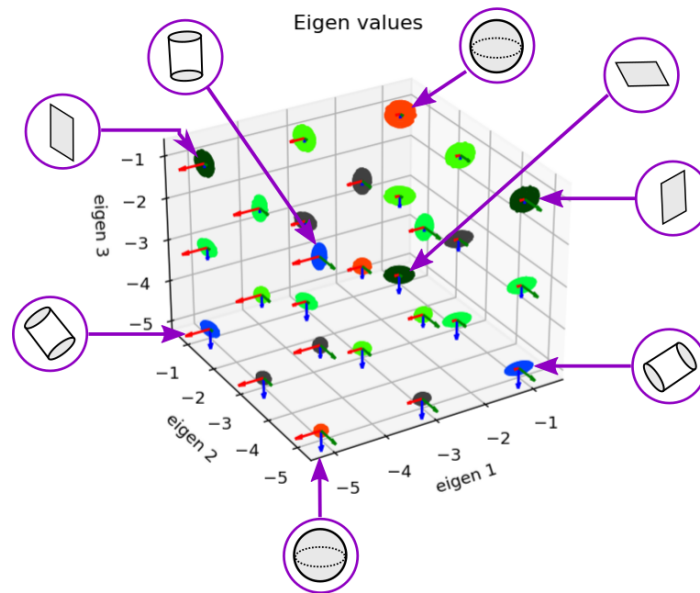
La figure 5.19 définit un ensemble de triplets de valeurs propres qui varient entre  $-1$  et  $-5$ . Dans cet espace, les points  $(-5, -5, -1)$ ,  $(-1, -5, -5)$  et  $(-5, -1, -5)$  correspondent à une géométrie tubulaire. Les points  $(-1, -5, -1)$ ,  $(-1, -1, -5)$  et  $(-5, -1, -1)$  correspondent à une géométrie planaire. Les points situés sur la diagonale formée par les points  $(-1, -1)$  et  $(-5, -5)$  correspondent à une géométrie sphérique. Le reste des points forment une combinaison linéaire de ces 3 cas particuliers.

Sur cet espace, on peut calculer la valeur du rehaussement, représentée par une couleur, pour chaque triplet de valeurs propres. On construit ainsi une signature visuelle qui permet de caractériser le rehaussement pour un jeu de paramètres donné.

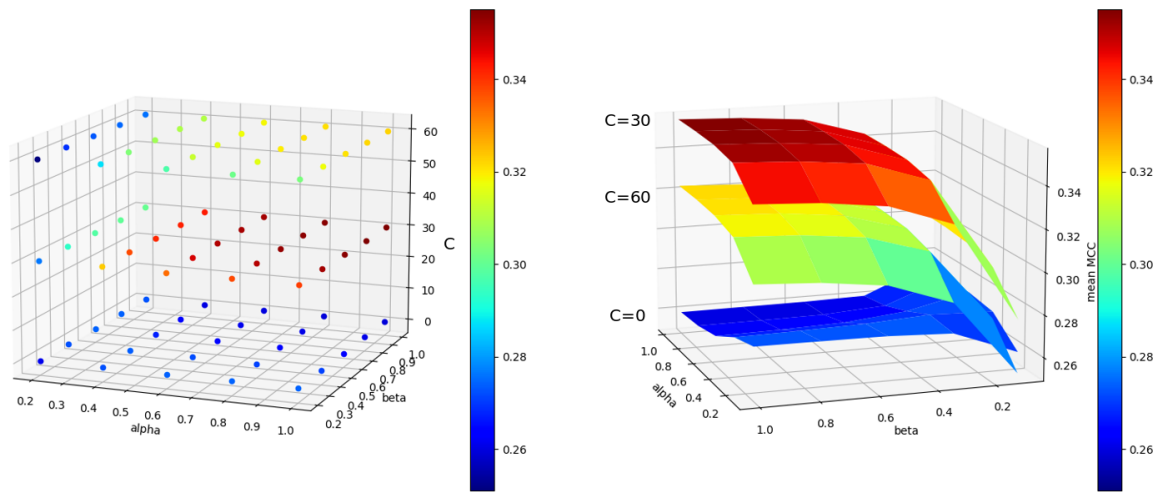
#### 5.5.2.2.2 Frangi

Pour Frangi, la différence de MCC entre le meilleur et le moins bon jeu de paramètres intrinsèque est de 0.30. Cette différence est la plus marquée parmi l'ensemble des filtres.

Ce résultat était prévisible, car les paramètres de la mesure de tubularité de Frangi modulent la réponse du filtre pour une diversité importante de géométrie. Cette modulation est beaucoup plus importante que pour les autres filtres. On observe cependant que des combinaisons de jeux de paramètres assez éloignées produisent des résultats assez similaires en termes de MCC. Par exemple les paramètres  $\{\alpha = 0.4, \beta = 1\}$ ,  $C = 30$ ,  $\alpha = 0.6, \beta = 1.0, C = 30$  et  $\{\alpha = 1, \beta = 0.4, C = 30\}$  produisent des MCC moyens sur l'Ircad de 0.342, 0.351 et 0.351. On obtient donc des résultats quantitatifs similaires avec des valeurs de suppression de blobs et de plateaux différents. On peut illustrer ces plateaux de jeux de paramètres en représentant l'ensemble de l'espace des paramètres intrinsèques en fonction du MCC moyen associé, ce que nous illustrons figure 5.20.



**Figure 5.19:** Correspondance entre géométrie et valeurs propres. Les valeurs propres sont représentées par un triplet de flèches en chaque point. Les structures décrites par les valeurs propres sont représentées par des ellipses de couleurs. Trois régions correspondent à des géométries caractéristiques : la géométrie tubulaire en bleu, la géométrie planaire en vert foncé et la géométrie sphérique en rouge. Les autres régions en vert correspondent à des interpolations de ces trois géométries.

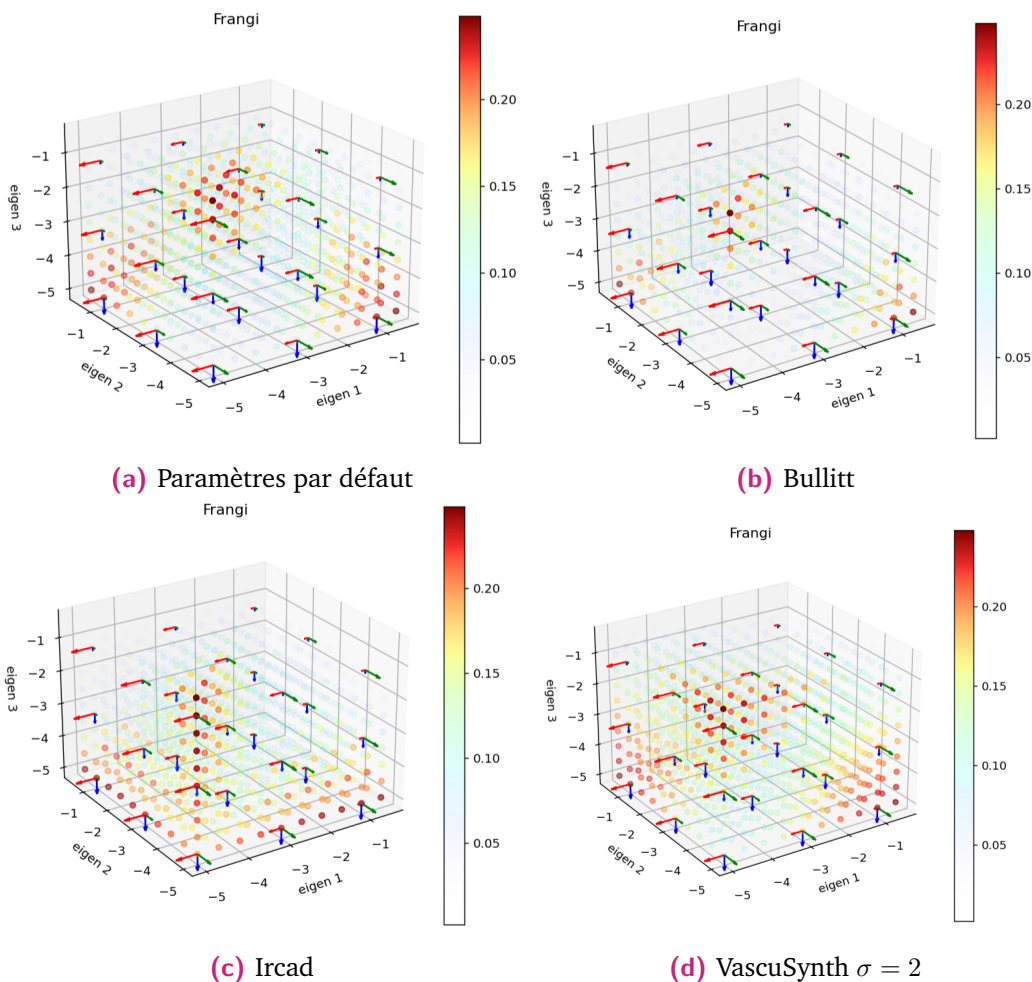


**Figure 5.20:** Valeur du MCC moyen associé aux jeux de paramètres intrinsèques de Frangi pour la base de l'Ircad. À gauche, représentation de l'ensemble des paramètres intrinsèques testés sur le jeu de données. Chaque point représente un jeu de paramètres  $\{\alpha, \beta, C\}$  auquel est associé une couleur représentant le MCC moyen. À droite, représentation des mêmes jeux de paramètres sous la forme de surfaces. Chaque surface est définie par l'ensemble des variations d' $\alpha$  et  $\beta$  pour un  $C$  donné. L'élévation des vertices de la surface correspond au MCC moyen pour un jeu de paramètres donné. Cette représentation illustre les plateaux de performances liés aux paramètres intrinsèques du filtre de Frangi.

En moyenne, une variation de MCC de 0.2 a été observée entre les paramètres par défaut proposés par Frangi et les paramètres optimisés. D'un point de vue géométrique, les paramètres



par défaut ( $\alpha = 0.5, \beta = 0.5$ ) correspondent à un modèle de tubularité modéré qui autorise des variations planaires et sphériques des structures (Fig. 5.21). Pour Bullitt dont les vaisseaux sont circulaires et fins, les paramètres optimisés correspondent à un modèle de tubularité beaucoup plus strict sans variations de géométrie (Fig. 5.21 (a)). Les paramètres optimaux pour VascuSynth  $\sigma = 2$  sont similaires aux paramètres par défaut en relâchant encore plus la contrainte de tubularité (Fig. 5.21 (d)). L'Ircad est la base qui présente le plus de variations de formes de vaisseaux. Les paramètres optimaux pour l'Ircad sont ceux qui diffèrent le plus des paramètres par défaut. Ils favorisent les structures tubulaires et les structures sphériques aux valeurs propres élevées (Fig. 5.21 (c)).

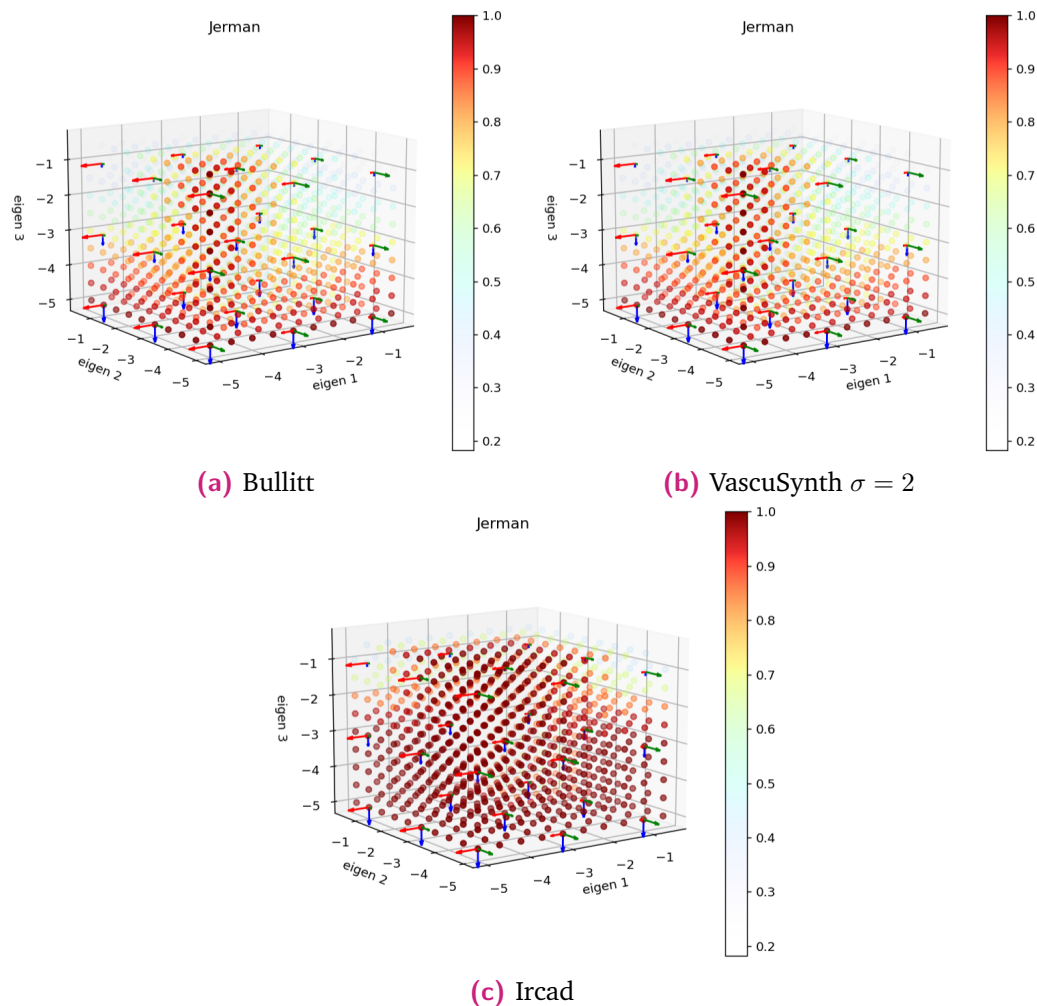


**Figure 5.21:** Visualisation de la réponse théorique du filtre de Frangi pour les paramètres optimaux du banc de test (Tab. 5.12). Les paramètres par défaut proposé par Frangi sont présentés à titre indicatif (a). Pour Bullitt (b) et VascuSynth (c), les paramètres optimaux ont une réponse proche des paramètres par défaut. Pour l'Ircad (d), les paramètres optimaux favorisent la détection de structures plus arrondies.

### 5.5.2.3 Jerman et Zhang

Les filtres de Jerman et Zhang présentent de très faibles variations de MCC autour de 0.04 entre le moins bon et le meilleur jeu de paramètres. Ceci est probablement causé par le

seuillage automatique qui compense l'effet du paramètre  $\tau$ , dont le rôle est de contrôler l'homogénéité de la réponse du filtre. Les filtres de Jerman et Zhang sont caractérisés par une relaxation importante du modèle tubulaire avec un rehaussement marqué aussi bien pour les structures tubulaires que sphériques et planaires (Fig. 5.22). Une faible valeur de  $\tau$  comme pour l'Ircad rehausse aussi les structures dont les valeurs propres sont faibles, et notamment le bruit.

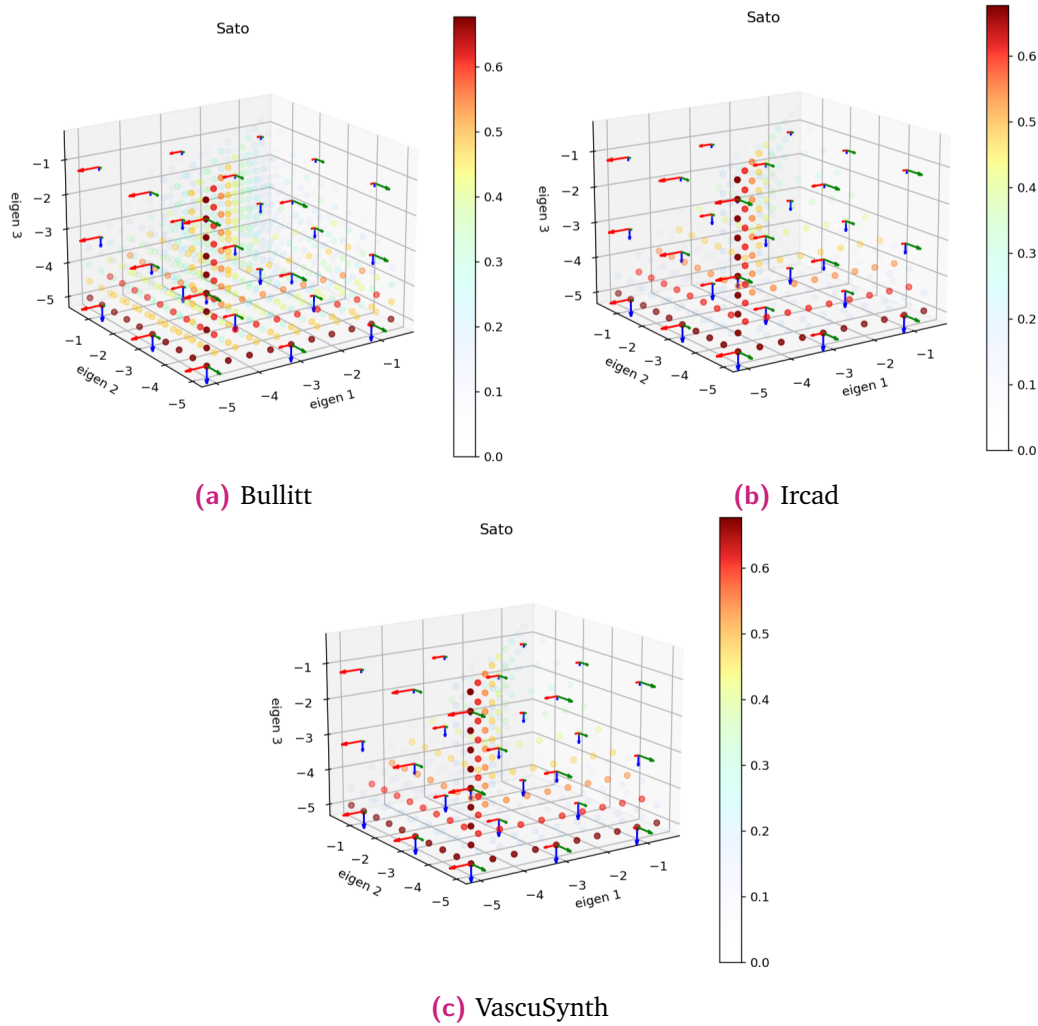


**Figure 5.22:** Visualisation de la réponse théorique du filtre de Jerman (couleur) pour les paramètres optimaux de Bullitt, VascuSynth  $\sigma = 2$  et l'Ircad. Le rehaussement est plus homogène et accepte des structures tubulaires de géométries plus variées qu'un filtre comme Frangi ou Sato.

#### 5.5.2.4 Sato

Le filtre de Sato présente très peu de variations par jeu de paramètres, avec une variation maximale moyenne de MCC de 0.02. Les paramètres par défaut proposés par Sato, sont donc très proches des paramètres optimaux trouvés. D'un point de vue géométrique, Sato propose une mesure assez stricte par rapport à la définition de la tubularité, avec une réponse forte

pour les tubes. En particulier, le paramètre  $\alpha_1$  contrôle la relaxation du modèle par rapport aux blobs/bifurcations (Fig. 5.23).



**Figure 5.23:** Visualisation de la réponse du filtre de Sato (couleur) pour les paramètres optimaux de Bullitt, l'Ircad et VasuSynth  $\sigma = 2$ . Le rehaussement est plus strict en limitant le rehaussement à des variations plus faibles de la géométrie.

Il convient aussi de noter que dans nos expériences, la plupart des paramètres optimaux des filtres ne sont pas choisis en fonction de leur capacité à produire une réponse forte en valeur absolue, mais à différencier les structures en valeurs relatives. On remarque ainsi que dans notre expérience, la plupart des rehaussements ont des valeurs souvent basses. Ces faibles valeurs de rehaussement sont compensées par la sélection du seuil optimal de binarisation. Pour une utilisation pratique, et donc sans vérité terrain disponible, on peut avoir recours à un seuil de décision fixe plutôt que variable. Dans ce cas, la recherche d'un rehaussement élevé en valeur absolue devient une contrainte supplémentaire d'optimisation des paramètres. Il est donc probable que les paramètres optimaux soient différents dans ces conditions. Dans notre banc de test actuel, vérifier cette hypothèse serait possible en optimisant les paramètres des filtres par rapport au PSNR plutôt qu'au MCC calculé sur la réponse binaire des filtres.

**Table 5.13:** Temps de calcul des 7 filtres (temps CPU en secondes). Moyenne effectuée sur 3 volumes de chaque jeu de données.

	Ircad	Bullit	VascuSynth
Frangi	72	47	6
Sato	67	44	<b>5</b>
Meijering	43	36	6
OOF	231	274	17
RORPO	1776	1227	160
Jerman	<b>39</b>	<b>34</b>	6
Zhang	106	80	10

### 5.5.3 Temps de calcul des filtres

Le temps de calcul moyen pour chaque filtre sur trois volumes de chaque jeu de données est présenté dans la table 5.13. Tous les filtres hessiens sont similaires (environ 1 minute par volume), excepté pour Zhang puisque l'étape de K-moyenne induit un surcoût calculatoire.

OOF et RORPO requièrent beaucoup plus de puissance de calcul puisque leur complexité n'est pas linéaire par rapport à la taille de l'image. Cependant, l'implémentation de RORPO est parallélisée pour réduire le temps de calcul. OOF peut être implémenté sur GPU comme démontré par Law et al. [LC09] afin de réduire son temps de calcul.

## 5.6 Bilan

Dans ce chapitre, nous avons analysé sept filtres de rehaussement. Cette analyse repose à la fois sur les comparaisons des performances entre les filtres et la comparaison des performances de différents jeux de paramètres.

Nous avons exposé des différences notables entre les filtres dans leur capacité à rehausser le réseau vasculaire dans son ensemble, mais aussi à rehausser des parties spécifiques du réseau, tels que les vaisseaux fins. Nous avons aussi montré que leur performance peut varier significativement en présence de bruit. De plus, nous avons exposé les différentes faiblesses des filtres par rapport à leur réponse au niveau des bords des organes.

Nous avons également démontré l'importance de la paramétrisation de l'espace d'échelles des filtres qui influe de manière significative sur la capacité des filtres à capturer l'ensemble des tailles de vaisseaux présents. Pour les paramètres intrinsèques, nous avons montré qu'ils jouaient, eux aussi, un rôle dans les performances des filtres. En effet, une mauvaise paramétrisation de ces paramètres peut faire chuter les performances des filtres de manière importante. Cette chute de performance est d'autant plus marquée dans des situations réelles lorsque choisir un seuil optimal après le rehaussement est particulièrement complexe. Cependant, dans un certain nombre de cas, des performances similaires peuvent être atteintes par un

ensemble de jeux de paramètres. Ce type de plateau justifie l'utilisation de paramètres "par défaut" proposés par les auteurs des méthodes.

En tant que filtre sans paramètre intrinsèque, Meijering est le plus simple des filtres à paramétrer. RORPO et OOF sont aussi simples à paramétrer puisque RORPO n'a qu'un seul paramètre intrinsèque binaire (le paramètre de dilatation) et OOF dépend seulement d'un paramètre de lissage  $\sigma$ . Jerman et Zhang ont, eux aussi, un seul paramètre intrinsèque à régler,  $\tau$ , qui contrôle à la fois la netteté des bordures des vaisseaux et l'homogénéité du contraste. Dans la plupart des cas, le  $\tau$  optimal est faible de manière à obtenir une réponse homogène.

Sato et Frangi sont les filtres les plus complexes à paramétrer. Ils possèdent 2 et 3 paramètres intrinsèques pour lesquels la correspondance avec la réalité physique des images est difficile à déterminer. Ces paramètres influencent directement la géométrie des structures et le résultat est donc sensible au changement de paramètres. Nous avons pu observer que les paramètres optimaux pour les deux filtres étaient choisis de manière à relaxer la contrainte de tubularité et rehausser les vaisseaux aux formes plus variées. Cependant, le gain de performances n'est pas significatif par rapport aux paramètres par défaut recommandés par les auteurs.

Pour les bifurcations, nos observations quantitatives ne sont pas toujours en accord avec nos observations qualitatives. Le rehaussement sur les bifurcations est soit similaire, soit d'un ordre de grandeur plus élevé que le rehaussement sur les autres régions. Par exemple le filtre de Frangi montre des performances quantitatives élevées dans l'ensemble des jeux de données. Ces résultats contredisent en partie les observations de perte de signal observées visuellement sur le filtre de Frangi ou le filtre de Sato. On peut toutefois remarquer que les mesures obtenues sur les bifurcations s'alignent la plupart du temps sur les résultats obtenus pour le masque du voisinage des vaisseaux. Il est donc possible que les seuils de binarisation choisis pour les paramètres optimaux des filtres compensent les éventuelles pertes de signal.

Enfin, il est important que noter que le résultat de ces expériences dépend des jeux de données et des vérités terrain associées. Les jeux de données publics sont rares et donc précieux, même s'ils présentent des limitations. En particulier, les vérités terrain de l'Ircad n'incluent pas certains vaisseaux larges, ce qui influence les métriques calculées. De plus, le diamètre des vaisseaux est souvent surestimé, ce qui ajoute un biais systématique (positif ou négatif en fonction des méthodes) dans les résultats quantitatifs. Le jeu de données VascaSynth étant synthétique, la géométrie des vaisseaux est plus simple que pour les vaisseaux réels, ce qui impacte le résultat des filtres. De plus, l'environnement dans lequel sont les vaisseaux est plus simple que dans la plupart des images médicales, qui contiennent d'autres structures et organes.

# Diffusion et reproduction des travaux

Dans ce chapitre, nous discutons de la reproduction puis de la diffusion de nos travaux. En effet, un de nos objectifs principaux était la réutilisation de notre travail (filtres, banc de test, etc.) par des tiers souhaitant utiliser ou créer des filtres de rehaussement de vaisseaux. Nos travaux peuvent aussi s'appliquer au rehaussement d'autres structures présentant des propriétés similaires dans des images 3D.

## 6.1 Reproduction

### 6.1.1 Définitions

La reproduction des résultats de recherche est une part aussi importante que leur diffusion, qu'elle peut part ailleurs favoriser. Bien que la diffusion soit fermement implantée dans la communauté scientifique par la publication d'articles ou la communication à travers des conférences nationales ou internationales, l'aspect reproductibilité est plus souvent négligé. Pourtant, celle-ci est primordiale pour la recherche car, elle contribue à rendre transparente toutes les étapes d'une expérience. Elle permet aussi la vérification et la validation des résultats par des tiers, qui est la base du consensus scientifique.

Il existe différentes options et concepts liés à la reproduction des résultats. La définition de la reproduction de travaux est en effet variable selon les auteurs. Nous utilisons ainsi les définitions proposées par l'ACM<sup>1</sup> (*Association of Computing Machinery*) qui présente différents degrés de reproduction. Les auteurs distinguent trois définitions :

**La répétabilité (même équipe - même équipement)** La répétabilité consiste à ce qu'une équipe de chercheurs puisse reproduire ses propres expériences de manière consistante avec la même précision, la même méthodologie et le même équipement. Pour les expériences calculatoires, cela signifie qu'un chercheur peut répéter ses propres calculs de manière constante.

---

1. <https://www.acm.org/publications/policies/artifact-review-and-badging-current>

**La reproductibilité (équipe différente - même équipement)** La reproductibilité consiste à ce qu'une équipe de chercheurs différente de l'équipe initiale puisse reproduire les résultats de la première équipe avec la même précision et en utilisant la même méthodologie et les mêmes conditions d'opérations. Pour les expériences calculatoires, cela veut dire qu'un chercheur indépendant peut obtenir les mêmes résultats en utilisant le code de l'auteur original.

**La répliquabilité (équipe différente - équipement différent)** La répliquabilité consiste à ce qu'une équipe indépendante puisse reproduire les résultats d'une autre équipe à une précision donnée avec leur propre équipement et leurs propres algorithmes. Pour des expériences calculatoires, cela veut dire qu'un groupe indépendant peut reproduire les mêmes résultats avec sa propre implémentation.

## 6.1.2 Reproductibilité du banc de test

Pour notre travail, il était évident que notre banc de test devait être reproductible. En effet, c'est la condition minimale à remplir pour qu'un autre utilisateur puisse appliquer et/ou étendre nos travaux. Un autre avantage est qu'un code reproductible sert aussi de base d'exemples pratiques dont l'utilisateur peut s'inspirer pour créer ses propres expériences.

Comme présenté dans les chapitres 4 et 5, le banc de test complet a nécessité 5 éléments : les bases de données, les filtres, le banc de test, les fichiers de paramètres des expériences et enfin les scripts d'analyse des résultats selon un critère d'optimisation.

De manière à ce qu'un utilisateur puisse réutiliser nos données, nous avons rendu publics les volumes des jeux de données modifiés sur un serveur du LIRIS. Cette méthode assure donc la reproductibilité au niveau des données, puisque les mêmes volumes utilisés dans nos expériences peuvent être téléchargés. Cette première solution reste cependant fragile, puisque l'aléa de l'entretien de petites plateformes peut rendre ces données indisponibles. C'est par exemple le cas pour le banc de test de Manh Luu et al. présenté dans le Chap. 3. Nous avons donc proposé une seconde option en rendant disponible le code permettant de générer l'ensemble des masques, des zones d'intérêt et des volumes modifiés à partir des bases de données publiques. Cette seconde option est cependant répliquable et non reproductible puisqu'une partie des artefacts, notamment le bruit, est appliquée de manière aléatoire. Elle pourrait devenir reproductible si nous avions conservé les graines initialisant les générateurs de variables aléatoires, ce qui n'est pas le cas.

L'ensemble du code pour les filtres, le banc de test, les outils de génération des fichiers de paramètres ainsi que les scripts d'analyses sont disponibles publiquement sur un dépôt de la plateforme GitHub (<https://github.com/JonasLamy/LiverVesselness>). Nous avons différencié les versions associées aux publications majeures de nos travaux de manière à garder une traçabilité des itérations de nos travaux et d'associer une base de code à une

**Table 6.1:** Tableau récapitulant les propriétés de notre banc de test. Bien que reproductibles, certaines étapes nécessitent une modification manuelle en fonction des bases de données. Les \* signifient que les résultats sont répétables dans le cas où l'on définit à l'avance les graines des générateurs aléatoires.

Étape	Répétable	Reproductible	Répliquable	Automatisation totale
Génération des jeux de paramètres	×	×	×	-
Génération des volumes	×	×	*	×
Calcul des métriques	×	×	*	×
Calcul des paramètres optimaux	×	×	*	-

publication spécifique. On évite ainsi de ne conserver que la version la plus récente et de perdre la reproductibilité sur les publications intermédiaires telles que les articles de conférence.

Nous avons aussi rendu publics les fichiers de paramètres permettant de lancer l'ensemble des calculs du banc de test. Ces fichiers sont répartis en trois catégories :

- les fichiers de configuration du banc de test pour le calcul de métriques ;
- les fichiers de description des bases de données ;
- les fichiers listant les paramètres des filtres.

L'usage de ces fichiers rend la reproduction du calcul des métriques transparente, puisque l'ensemble du paramétrage est déjà effectué pour les 60 sous-parties de l'analyse (7 filtres, 2 étapes d'optimisation sauf pour RORPO et Meijering, 5 bases de données).

Ce système de paramétrage a été mis à l'épreuve avec succès lorsque nous n'avions pas de cluster de calcul à disposition et que nous devons déployer le banc de test sur plusieurs machines différentes. Le banc de test a été utilisé sur deux types de systèmes d'exploitation différents, à savoir Linux et Mac OS.

### 6.1.3 Stabilité des calculs

La répliquabilité est difficile à obtenir sur ce genre de banc de test, relativement complexe. En effet, la diversité des OS et le type d'encodage des valeurs numériques, aussi bien pour les données que pour le banc de test, sont susceptibles de faire varier les résultats. Pour assurer la répliquabilité, il faudrait ainsi s'assurer, architecture par architecture, de la stabilité des calculs. Par exemple, l'encodage des types primitifs (*int*, *float*, *double*), et donc leur précision peuvent varier selon les machines. Sur certaines opérations, et notamment en travaillant avec des nombres flottants, une perte de précision peut avoir lieu. Sur des calculs cumulatifs, celle-ci peut devenir significative.

Nous n'avons pas assuré la répliquabilité de notre banc de test. Cependant, nous avons essayé de limiter au maximum les instabilités de notre code. Par exemple, nous avons détecté puis corrigé des inconsistances dans le seuillage des volumes de sortie après filtrage.

La nature de la représentation des nombres en virgule flottant couplée à un seuillage binaire provoquait des inconsistances dans la répartition des voxels après le seuillage. Par exemple,



un test d'infériorité au sens large (Eq. 6.1) appliqué au seuil 0.6 classe incorrectement un voxel flottant pour lequel 0.6 est approximé par 0.59999999.

$$p(x) = \begin{cases} 1, & \text{si } I(x) \leq \text{seuil} \\ 0, & \text{sinon} \end{cases} \quad (6.1)$$

Cette erreur était accrue par le fait que notre algorithme de calcul des métriques est cumulatif seuil après seuil (Sec. 4.6.2, Alg. 2). La réécriture de ce test en incluant un epsilon permet de résoudre cette inconsistance (Eq. 6.2).

$$p(x) = \begin{cases} 1, & \text{si } I(x) \leq (\text{seuil} - \epsilon) \\ 0, & \text{sinon} \end{cases} \quad (6.2)$$

avec  $\epsilon = \frac{1}{\text{Nb\_seuils}} 1.10^{-3}$ . Dans notre banc de test, l'utilisateur choisit le nombre de seuils. La valeur de  $\epsilon$  est donc définie de manière adaptative afin qu'elle soit toujours inférieure au pas entre deux seuils.

Enfin, il est important de noter qu'il est difficile de réaliser des travaux reproductibles et répliquables de manière solitaire. En effet, tester soit même ses outils a ses limites. En particulier des erreurs peuvent passer inaperçues par effet d'accoutumance lié à la lecture d'un code familier. Il est donc indispensable que des personnes extérieures puissent proposer un retour d'expérience sur ce type de projets. C'est par exemple par l'échange de résultats avec les membres du projet R-Vessel-X que les erreurs précédentes ont été mises en lumière.

## 6.1.4 Temps

Un autre argument en faveur d'un code ouvert et reproductible est l'aspect lié au temps de calcul et aux ressources disponibles. Bien que notre banc de test n'inclue pas lui-même de statistiques sur le temps de calcul, nous avons pu mesurer ces valeurs grâce au cluster de l'IN2P3 (Institut National de Physique Nucléaire et de Physique des Particules) sur lequel nous avons lancé nos expériences pour la deuxième version de nos travaux.

Sur un cluster, le temps de calcul se différencie entre le temps horloge (*Wallclock time*) et le temps CPU (*CPU time*). Dans le premier cas, le temps horloge correspond au temps passé par l'ensemble du processus. Le temps CPU ne renseigne que le temps d'utilisation du CPU et ne prend donc pas en compte les appels systèmes ou les écritures/lectures sur le disque. Sur un cluster, les temps de calcul sont estimés en unité HS06.h<sup>2</sup>. La norme HS06 est une norme pour banc de test qui permet de mesurer pour une quantité d'énergie, la quantité de travail réalisé par un système. L'unité HS06.h est donc une unité d'heure définie dans le contexte de ce banc de test. Le temps CPU HS06.h est aussi exprimé de manière linéaire et non de manière parallélisée. Cela veut dire qu'un calcul parallélisé en 3 processus, équivalent à deux heures réelles de traitement, correspond à six heures de calcul HS06.h. L'ensemble du temps

---

2. <https://w3.hepix.org/benchmarking.html>

**Table 6.2:** Consommation en heures de calculs des ressources de l'IN2P3 pour produire les résultats pour la dernière version de nos travaux (essais préliminaires, erreurs de lancement et banc de test compris). Pour l'IN2P3, le temps réel est estimé en divisant par 16 le temps HS06.h. Cette valeur dépend des infrastructures et nous a été donnée par le support du centre de calcul.

Temps	HS06.h	Heures réelles
Horloge	178 521	11 157
CPU	83 348	5 209

de calcul nécessaire à la réalisation des résultats présentés dans le chapitre 5 est récapitulé dans la Tab. 6.2.

## 6.2 Diffusion

### 6.2.1 Communication scientifique

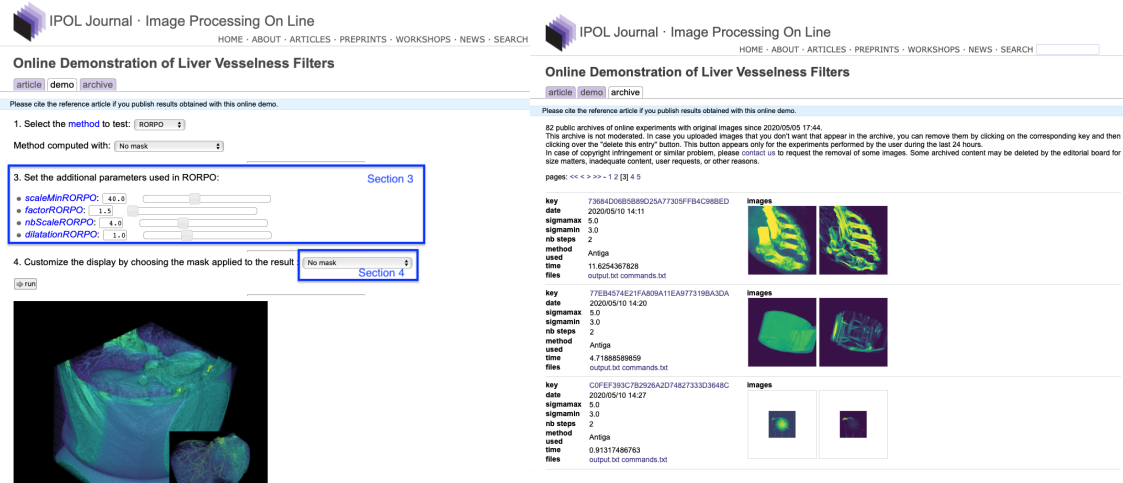
Nous avons présenté notre travail dans différentes conférences et journaux scientifiques. Lors de la création du banc de test, une première communication sans acte a eu lieu à VPH 2020 (Virtual Physiological Human) à Paris [Lam+20a]. Une première analyse des filtres de rehaussement avec la première version de l'optimisation des paramètres des filtres a été présentée à ICPR 2020 (International Conference on Pattern Recognition) [Lam+20b] ainsi que le fonctionnement du banc de test en tant qu'article complémentaire au workshop RRPR (Reproducible Research in Pattern Recognition) [Lam+21]. Ces travaux ont aussi été présentés à la conférence nationale ORASIS 2021 à Toulouse [Lam21]. Enfin la seconde version du banc de test, incluant la deuxième version de l'optimisation, l'analyse du rehaussement en fonction de la taille des vaisseaux et l'ajout de la base Bullitt a été publiée dans le Journal IEEE Transactions on Medical Imaging [Lam+22a].

Ces travaux sont accompagnés d'un dépôt GitHub où l'on peut retrouver l'ensemble du code : <https://github.com/JonasLamy/LiverVesselness>.

### 6.2.2 Démonstration en ligne

Le choix de découpler l'implémentation du banc de test des CLI formés par les filtres de rehaussement nous a permis de mettre en place une démonstration en ligne (Fig. 6.1). Elle permet de tester les 7 filtres de rehaussement utilisés dans nos travaux sans aucune installation préalable. L'utilisateur peut sélectionner un filtre et régler ses paramètres intrinsèques ainsi que l'échelle de détection des vaisseaux afin d'observer le comportement et la stabilité du rehaussement. Dans cette démonstration, l'utilisateur peut choisir d'appliquer les filtres dans des zones d'intérêt particulières selon le même principe utilisé dans le banc de test. Un ensemble de volumes de test issus de l'Ircad et de VasculSynth ainsi qu'un ensemble de

masques tels que le foie, le voisinage des vaisseaux et les bifurcations sont sélectionnables. De plus, l'interface utilisateur permet de téléverser ses propres volumes sur lesquels il est possible d'appliquer les différents filtres. Là aussi, l'utilisateur peut choisir d'utiliser ses propres zones d'intérêt. Tous les types d'images volumiques supportés par la librairie ITK peuvent être utilisés tel que le *.vol*, *.nii*, *.nii.gz*, *.mhd*, ou *.mha* avec une taille inférieure à 50 Mo.



(a) Paramétrisation

(b) Historique

**Figure 6.1:** Illustration de l'interface de la démonstration en ligne. (a) Interface principale permettant de choisir les paramètres d'échelles et les paramètres intrinsèques, ainsi que les masques d'images (encadrés en bleu). (b) Section d'historique des images testées par les utilisateurs anonymes.

La démonstration propose un résultat sous forme de visualisation 3D du rehaussement (Fig. 6.2). Le visualisateur 3D utilisé pour cette démonstration est *itk-vtk-viewer* [McC+20]. Il propose la visualisation du volume résultat avec une superposition de la vérité terrain (quand celle-ci est disponible). Le viewer permet aussi d'ajuster la fenêtre d'intensité et le contraste de la visualisation des filtres. Il permet également la vue de coupes 2D.

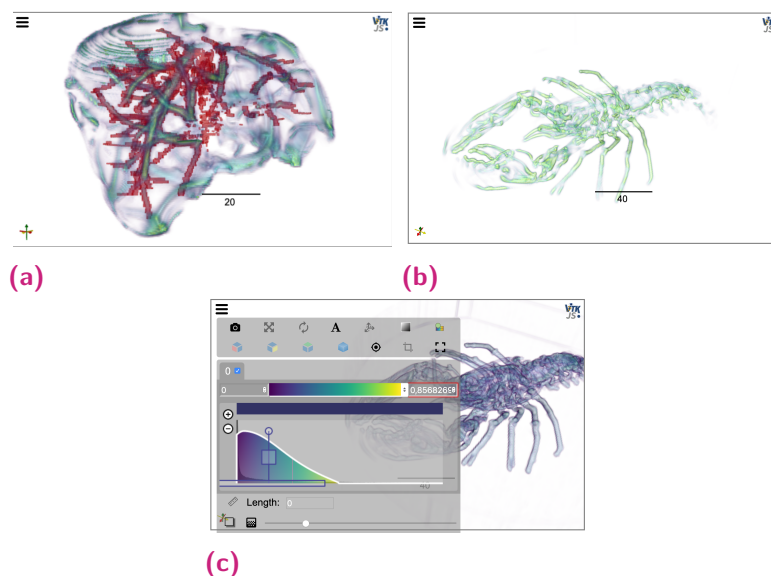
La démonstration est disponible sur le site du journal IPOL (Image Processing On Line)<sup>3</sup>. Elle compte à l'heure de l'écriture de ce manuscrit 165 utilisations (23/12/2022).

### 6.2.3 Intégration aux outils Kitware

Nous avons largement utilisé les outils de Kitware Inc. pour développer notre banc de test. L'ensemble de codes repose sur la librairie ITK. Nous nous sommes aussi fortement reposés sur l'outil 3DSlicer pour la visualisation interactive des volumes 3D.

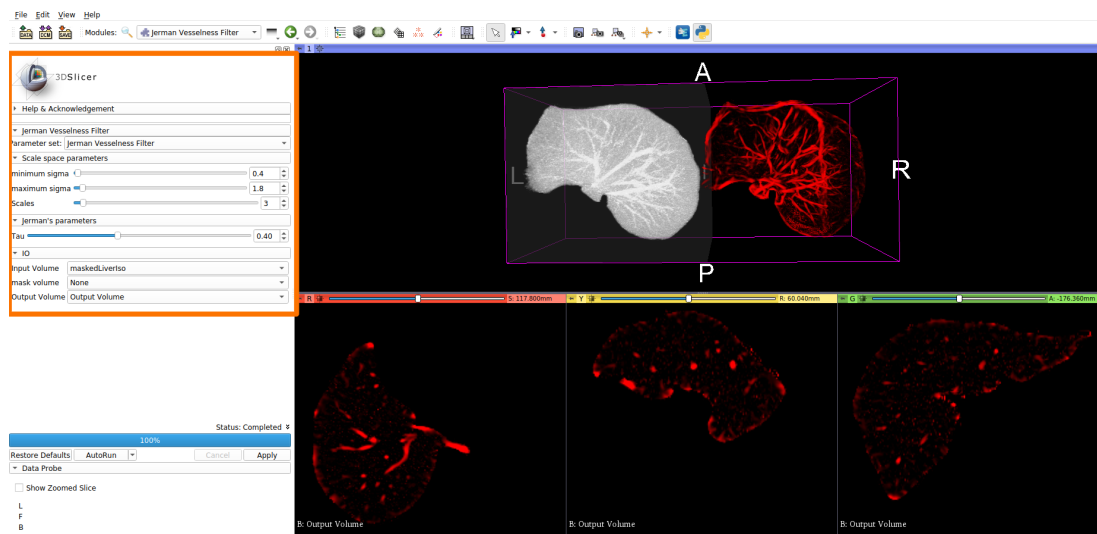
Les filtres de Jerman, Zhang, OOF et Meijering, ont été implémentés en prenant exemple sur des filtres déjà fournis par ITK (Frangi, Sato) et peuvent donc être incorporés à la librairie moyennant une vérification des conventions de nommage. De même, nous avons implémenté

3. <https://kerautret.github.io/LiverVesselnessIPOLDemo/>



**Figure 6.2:** Illustration de la visualisation 3D obtenue par la démonstration. (a) Résultat d'un filtre superposé à la vérité terrain (rouge). (b) Rehaussement effectué à partir de données fournies par l'utilisateur. (c) Réglage dynamique des couleurs et de la transparence de la fenêtre de visualisation.

une interface entre les CLI (*Command Line Interfaces*) des filtres et 3DSlicer. L'ensemble des filtres peut ainsi être manipulé de manière interactive dans le logiciel (Fig. 6.3).



**Figure 6.3:** Illustration de l'utilisation du filtre de Jerman (dont la zone des paramètres est encadrée en orange à gauche) dans 3DSlicer.

## 6.2.4 Plug-in d'annotation

Nous avons aussi participé à l'élaboration d'un plug-in 3DSlicer permettant de faciliter l'annotation d'images hépatiques en 3D<sup>4</sup>. L'élaboration de ce plug-in a été motivée par

4. <https://github.com/R-Vessel-X/SlicerRVXLiverSegmentation>

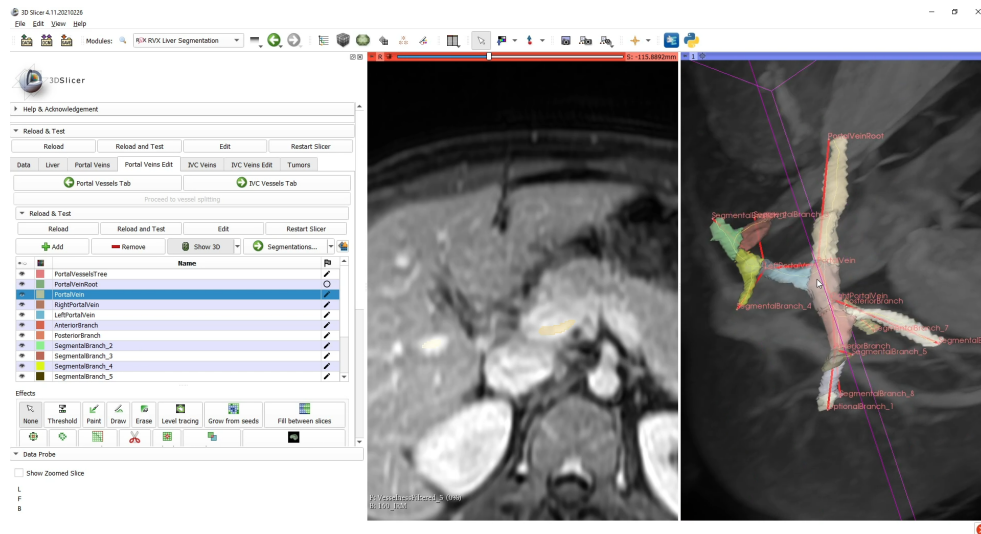
l'absence de jeux de données incluant des vérités terrains des vaisseaux en IRM. Ce plug-in a été développé de manière à faciliter le travail de segmentation par les médecins en fluidifiant le pipeline d'annotations.

Nous avons, dans un premier temps, mené une analyse des avantages et inconvénients des différents logiciels gratuits en termes de capacité et de modularité. Parmi les logiciels tels que MITK, ITK-Snap, etc., nous avons choisi 3DSlicer qui nous paraissait le logiciel le plus personnalisable, grâce à son système de plug-in et une API python ouverte.

Le plug-in est composé de 7 onglets qui permettent :

- le chargement et la gestion des images médicales
- la segmentation du foie ;
- l'annotation de la veine porte et sa segmentation ;
- l'annotation de la veine cave et sa segmentation ;
- l'annotation des tumeurs.

Les segmentations peuvent être obtenues à l'aide d'outils interactifs (tels que les croissances de région) ou en utilisant des méthodes de deep learning. Le plug-in permet l'annotation de la ligne centrale des vaisseaux en apposant des nœuds aux embranchements des vaisseaux. Le positionnement des points est accompagné d'une nomenclature dynamique permettant de nommer les différentes branches. A partir de ces points, le plug-in permet d'initialiser une segmentation voxélique effectuée automatiquement par le module VMTK (Vascular Modeling Tool Kit). L'utilisateur peut ensuite raffiner manuellement la segmentation (Fig. 6.4).



**Figure 6.4:** Segmentation et classification des vaisseaux en utilisant le plug-in R-Vessel-X.

L'ensemble des segmentations peut être exporté sous forme de volumes binaires ainsi que le graphe des lignes centrales des vaisseaux sous la forme de fichier csv contenant les points et une matrice d'adjacence. Ce plug-in a fait l'objet d'une publication dans le journal JOSS (Journal of Open Source Software) [Lam+22c] ainsi qu'aux conférences VPH 2020 [Lam+20c] et EASL 2022 (Liver Cancer Summit) [Lam+22b].

## Perspectives et bilan

Dans les chapitres précédents, nous avons couvert l'ensemble de nos travaux sur l'analyse des filtres de rehaussement. Dans ce chapitre, nous proposons de discuter des perspectives futures du rehaussement. Nous commençons par discuter de la création de nouveaux filtres de rehaussement puis des possibilités d'utiliser le rehaussement pour la segmentation à base de deep learning. Nous abordons ensuite une application connexe, la segmentation des vaisseaux à partir de la seule annotation des bifurcations. Cette application, nous a menés à utiliser le rehaussement de vaisseaux pour tenter de localiser les bifurcations des vaisseaux dans un contexte à information limitée. Nous concluons ce chapitre par un bilan de nos travaux.

### 7.1 Amélioration des filtres

Après avoir analysé les filtres de rehaussement qui se sont démarqués ces vingt dernières années, on peut se demander s'il est encore nécessaire de créer de nouveaux filtres de rehaussement. Notre opinion est que les filtres existants couvrent déjà une part importante des besoins pour le rehaussement. Les mesures de tubularité des filtres comme Frangi, Jerman et Sato couvrent une large part des besoins en termes de modélisation des vaisseaux. Les propositions récentes en termes de filtres de rehaussement présentent des différences structurelles, par exemple en choisissant d'autres descripteurs de géométrie (ondelettes, moments de Zernike, etc.). Les derniers changements de paradigmes majeurs pour le rehaussement de vaisseaux ont été effectués avec la mesure de tubularité proposée par Jerman et la classification de l'orientation de chemins orientés de RORPO.

Dans le même ordre d'idée, nous n'avons pas étudié OOF de manière extensive, alors que le descripteur matriciel de flux permettrait d'associer à OOF des mesures de tubularité plus élaborées (Frangi, Sato, Jerman, etc.). Il est donc possible que ce couplage réduise les débordements de ce type de filtres par rapport à la taille réelle des vaisseaux.

Enfin, il est envisageable de proposer un filtre de rehaussement basé sur un apprentissage à base de deep learning. Cependant, il est difficile de cerner l'apport qu'aurait une telle méthode par rapport à des réseaux qui effectuent directement une segmentation. Par exemple un réseau Unet produit une carte de probabilité presque binaire puisque les vérités terrains sont des segmentations. Produire un réseau de neurones qui prédit un rehaussement demanderait une vérité terrain du rehaussement attendu. La vérité terrain de vaisseaux, en termes de carte de rehaussement, est encore plus difficile à définir qu'une segmentation manuelle. De plus, dans le cas où l'on utiliserait un filtre existant comme vérité terrain, le réseau issu de l'entraînement ne permettrait pas forcément de dépasser les limitations intrinsèques du filtre utilisé.

## 7.2 Couplage avec la segmentation à base de deep learning

Ces dernières années, le deep learning est devenu la technologie la plus explorée pour résoudre des tâches complexes de segmentation. En particulier, on privilégie les méthodes de bout en bout (*end-to-end*). Ces méthodes concentrent toute la chaîne de traitement dans un réseau de neurones. Celui-ci apprend de lui-même à élaborer un modèle, à extraire des caractéristiques et à segmenter un organe.

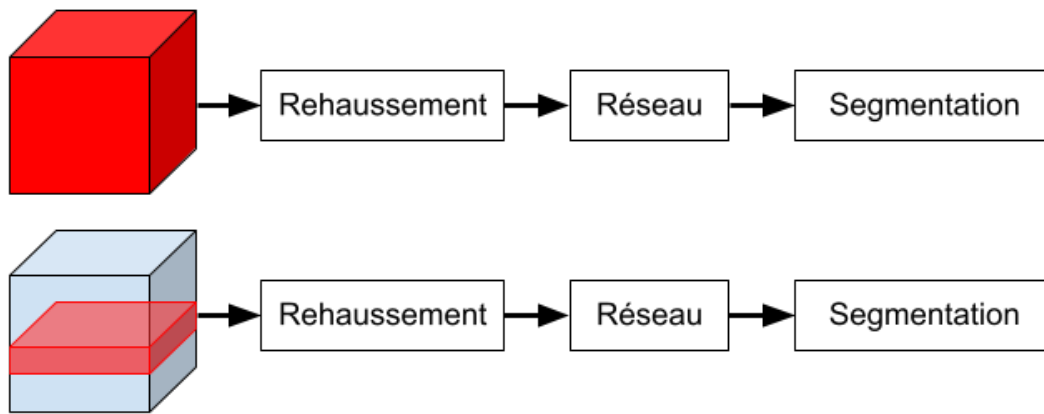
Comme on a pu le voir précédemment, le rehaussement s'applique en amont des chaînes de traitement de la segmentation et il peut donc aussi s'appliquer en amont des réseaux de neurones. Le traitement des jeux de données en deep learning est particulièrement important, puisque dans ces systèmes, c'est le jeu de données qui va contrôler la capacité du réseau à se spécialiser sur un problème ou au contraire à le généraliser. Un jeu de données se doit donc d'être le plus représentatif du problème que l'on cherche à traiter.

Les filtres de rehaussement de vaisseaux peuvent faciliter cette représentativité, puisqu'ils permettent de mettre en valeur les vaisseaux tout en éliminant une partie des autres structures. On peut, de plus, utiliser différents filtres ou différentes paramétrisations, non nécessairement optimales, pour augmenter artificiellement nos données ou renforcer l'apprentissage de vaisseaux spécifiques.

Nous avons effectué un travail collaboratif [Aff+22] dans le cadre du projet ANR avec Abir Affane et al. où nous avons fait l'expérience de tester plusieurs combinaisons de filtres de rehaussement (Jerman, Sato, RORPO et Zhang) et d'architectures de réseaux de neurones (U-net, Dense Net, MultiRes U-net). Les expériences ont été menées sur la base de l'Ircad avec les filtres optimisés dont les paramètres optimaux ont été trouvés par notre banc de test. Les résultats des expériences montrent que le rehaussement, en particulier le rehaussement homogène de Jerman, peut aider les réseaux à mieux segmenter les vaisseaux.

Ces observations ont été obtenues en entraînant les réseaux de deux manières : un premier entraînement où l'ensemble du volume contenant les vaisseaux était présenté au réseau et un second entraînement où seuls des blocs (coupes successives d'un volume de quelques voxels d'épaisseurs) étaient présentés au réseau (Fig. 7.1). Dans le second cas, le nombre de vaisseaux, leur taille et la taille de leur voisinage était réduit. Le réseau de neurones a donc plus de difficultés à différencier les vaisseaux de leur contexte. L'ajout de filtres de rehaussement permet de compenser cette perte de contexte. Le réseau obtient ainsi des performances proches de l'entraînement avec des images entières. Survarachakan et al. [Sur+21] ont proposé des travaux similaires qui valident, eux aussi, l'utilisation des filtres de rehaussement afin d'améliorer la segmentation de réseaux de type U-net.

Les réseaux de neurones sont aussi connus pour avoir du mal à généraliser d'une modalité à une autre. En effet, l'apparence des vaisseaux peut changer selon les modalités ainsi que le contexte alentour. Les sorties des filtres de rehaussement ont aussi l'avantage d'être définis dans un domaine relativement homogène. On peut donc imaginer se servir des filtres



**Figure 7.1:** Visualisation des deux types d'entraînement présentés dans [Aff+22]. En haut, l'ensemble des volumes de la base de données est présenté au réseau après avoir été rehaussé. En bas, seul un bloc de quelques couches successives est utilisé. Le réseau doit donc apprendre à identifier les vaisseaux dans un contexte plus réduit. Les filtres de rehaussement, en particulier celui de Jerman, permettent de compenser la perte de performance due au contexte réduit.

de rehaussement pour unifier les modalités. On pourrait ainsi créer des jeux de données mixtes contenant des résultats de filtrages issus de modalités différentes et ainsi améliorer la généralisation des réseaux sur des images vasculaires, quelque soit leur modalité.

Une autre manière d'utiliser les filtres de rehaussement avec le deep learning est de considérer le résultat d'un filtrage comme un nouveau canal de l'image par analogie avec les images multi-spectrales. Ainsi, au lieu de remplacer les volumes présentés aux réseaux par des volumes filtrés, on concatène aux données initiales plusieurs filtrages. Un vaisseau est ainsi décrit par son aspect initial ainsi que par plusieurs types de rehaussements qui fournissent des données complémentaires. Lors de l'apprentissage, un réseau de neurones pourrait alors choisir la combinaison d'informations qui lui permettrait de segmenter au mieux les vaisseaux. Ce type d'approches a déjà été employé pour la segmentation de tumeurs cérébrales en combinant des modalités IRM [Wan+17].

### 7.3 Application connexe

Vers la fin de nos travaux sur l'analyse de rehaussement, nous avons réalisé quelques expériences sur des sujets connexes au rehaussement. Ces expériences ont été guidées par une série d'observations que nous avons pu établir durant l'élaboration de nos travaux sur l'analyse du rehaussement des vaisseaux.



### 7.3.1 Segmentation avec annotations réduites

Nous avons indiqué à plusieurs reprises le long de ce manuscrit, que la production d'annotations est une tâche critique pour le développement de nouveaux algorithmes de segmentation de vaisseaux. Cependant, on ne peut pas demander à des médecins de consacrer des heures à l'annotation de volumes alors qu'elles pourraient être consacrées à prendre soin des patients. Le manque de personnel dans les hôpitaux ne semble pas aller dans le sens d'une amélioration prochaine de cette situation. À ces contraintes pratiques s'ajoute l'évolution des lois sur la gestion des données personnelles qui complexifie la collecte et la gestion des données.

Ce contexte rend la constitution de larges bases de données plus difficile, données qui sont pourtant requises pour l'élaboration d'algorithmes basés sur l'apprentissage profond. Il y a donc une forme de contradiction entre l'évolution des solutions techniques et la réalité sur le terrain.

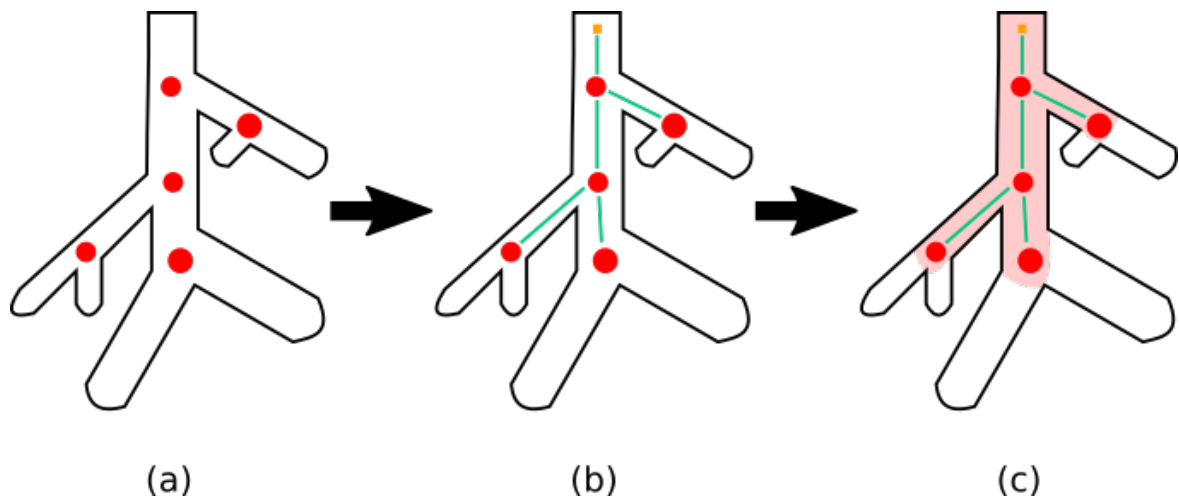
En partant de ces observations, nous avons essayé de développer une méthode de segmentation qui réduit au maximum le temps d'annotation demandé aux médecins. En effet, la communauté est plus à même d'obtenir de larges bases de données annotées si le temps d'annotation d'un réseau vasculaire entier passe de 30 à 60 minutes à une dizaine de minutes.

Pour atteindre cet objectif, il est nécessaire d'identifier des points remarquables des réseaux vasculaires. Les intersections entre plusieurs vaisseaux sont les seuls points qui sont à la fois critiques pour l'identification de la hiérarchie des vaisseaux et simples à identifier pour un annotateur. Ces bifurcations marquent en effet le début et la fin de chaque section tubulaire du réseau vasculaire. Elles peuvent donc ensuite servir comme points de départ et d'arrivée pour des algorithmes de tracking de vaisseaux. De plus, si l'on demande au médecin de ne positionner qu'un seul point par bifurcation, le temps d'annotation s'en trouve drastiquement réduit. En comparaison, une segmentation des vaisseaux nécessite d'annoter l'ensemble des pixels des vaisseaux.

Une identification des vaisseaux à partir des bifurcations revient donc à :

- localiser les bifurcations ;
- construire une hiérarchie entre les bifurcations ;
- extraire le réseau vasculaire (ligne centrale ou segmentation).

Une solution que nous avons envisagée pour l'extraction du réseau vasculaire a été de relier les bifurcations deux à deux grâce à une approche par chemins minimaux. L'optimisation du tracé de ce chemin peut alors reposer sur une carte de coût qui est le résultat d'un filtre de rehaussement de vaisseaux. Par exemple, pour trouver des chemins passant par le centre des vaisseaux, on peut choisir un filtre dont le rehaussement diminue près des bords. C'est le cas de filtres comme Frangi, Sato ou Jerman avec un  $\tau$  élevé. Si l'on veut aller plus loin, il est aussi possible d'estimer le rayon des vaisseaux à partir de la ligne centrale ainsi obtenue (Fig. 7.2).



**Figure 7.2:** Segmentation avec annotations minimales. (a) Détection des bifurcations. (b) Construction d'un arbre hiérarchique par connexion entre les bifurcations. Cette connexion peut par exemple se faire grâce à une approche par chemins minimaux. (c) Segmentation du réseau vasculaire. On remarquera que les vaisseaux formant les extrémités du réseau vasculaire ne sont pas inclus dans cette méthode. Ils nécessitent donc un traitement particulier.

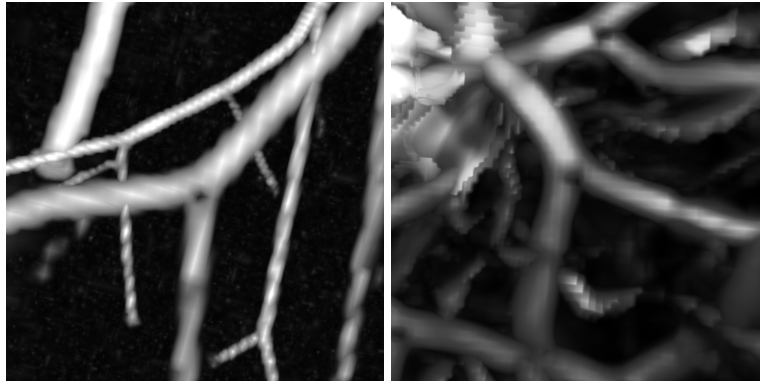
Le premier défi d'une telle méthode est donc la détection et la localisation des bifurcations. Nous présentons les différentes pistes que nous avons étudiées pour détecter ces structures et les problématiques auxquelles nous avons été confrontés. Ces travaux sont des ébauches dont nous illustrons quelques résultats préliminaires.

### 7.3.1.1 Pistes de détection des bifurcations

Le défi à relever est la détection et la localisation des bifurcations. En termes de modélisation, les bifurcations sont difficiles à définir. On considère d'habitude les bifurcations comme des zones en forme de blob, c'est-à-dire où le gradient s'éloigne du centre dans toutes les directions. Cette hypothèse est plus fragile lorsqu'elle est confrontée à la réalité des cas pratiques. Par exemple, si les vaisseaux composant la bifurcation ne font pas la même taille, la zone non tubulaire identifiant la bifurcation se trouve déportée sur les bords des vaisseaux et la géométrie se trouve plus aplatie que circulaire (Fig. 7.3).

Par conséquent, la variabilité des bifurcations les rend difficile à modéliser par un filtre de rehaussement. Jerman et al. ont proposé un filtre de rehaussement pour les anévrismes qui ont, eux aussi, une structure en forme de blobs [Jer+15a]. Cependant, le filtre de rehaussement proposé ne produit pas une réponse homogène. Cela atteste d'une géométrie réelle plus complexe. Les auteurs proposent d'ailleurs un système particulier de visualisation afin de compenser le manque de régularité de la réponse du filtre.

Nous avons testé ce filtre pour détecter les bifurcations sur des vaisseaux binaires du jeu de données VasuSynth. Les bifurcations y sont mal rehaussées, au contraire des pourtours des extrémités des vaisseaux, qui présentent une géométrie similaire aux anévrismes. Formuler une mesure d'appartenance à une bifurcation explicite est donc complexe à mettre en œuvre.



**Figure 7.3:** Filtre de Sato présentant une perte de signal marquée dans les zones non tubulaires, correspondant ici aux bifurcations. Lorsque les vaisseaux ne sont pas de même taille, la perte de signal ne se situe pas au centre, mais sur les bords du vaisseau principal.

### Composition de filtres de rehaussement

Comme la détection explicite des bifurcations est difficile à réaliser, nous avons essayé de mettre en place une combinaison de filtres de rehaussement afin de les détecter de manière implicite. Au lieu de rechercher les bifurcations, nous recherchons les endroits non tubulaires. On inclut alors les variations de géométrie des bifurcations.

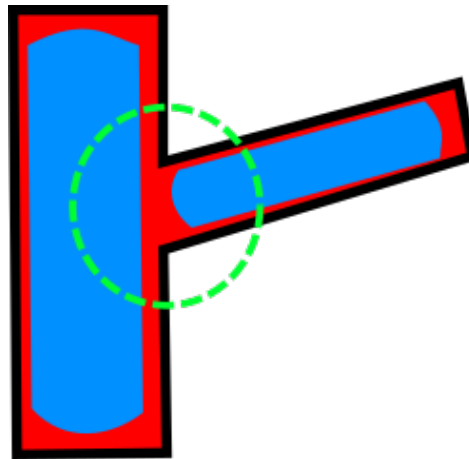
Nous avons en effet remarqué dans le chapitre précédent que pour certains filtres, une absence de signal distinct avait lieu au niveau des bifurcations (Fig. 7.3). En particulier, le filtre de Sato produit les pertes de signal aux bifurcations les plus marquées. On peut accentuer ce phénomène en paramétrant  $\alpha_1$  avec des valeurs basses.

On pourrait donc, a priori, utiliser la réponse inverse du rehaussement pour localiser les bifurcations. Toutefois, dans la réponse inverse, l'ensemble du fond serait rehaussé en même temps que les bifurcations. Afin de corriger ce problème, nous avons utilisé le filtre de Jerman avec une valeur de  $\tau$  élevé afin de définir un masque qui différencie le fond des vaisseaux. Notre filtre  $F(I)$  de détection de bifurcation s'exprime alors comme  $F(I) = Jerman(I) - Sato(I)$  avec  $I$  l'image d'entrée (Fig. 7.4).



**Figure 7.4:** Filtre de Sato (Blanc), Filtre de Jerman (Rouge), différence Jerman – Sato (jaune). Bien que le signal du rehaussement soit plus fort sur les bifurcations, la visualisation en coupe suggère une exploitation difficile de cette méthode.

Deux problèmes sont observables. Un résidu de signal est présent aux bifurcations, mais la délimitation de celui-ci est très variable. Il forme parfois des structures plates plutôt que sphériques. De plus, le filtre de Jerman estime le rayon des vaisseaux de manière plus large que le filtre de Sato. Le résultat forme une seule composante connexe formée d'une enveloppe externe et de cavités délimitées par des jonctions correspondant aux bifurcations. Dans ces structures, comparables à la structure d'un bambou, il reste difficile d'extraire les bifurcations (Fig. 7.5).



**Figure 7.5:** La différence (rouge) entre le filtre de Jerman et le filtre de Sato (bleu) produit une seule grande composante connexe. La réponse forte des vaisseaux est donc difficile à extraire de ce type de filtre composite.

### Détection par deep learning

Face à la variabilité de la géométrie des bifurcations, nous nous sommes tournés vers des méthodes d'apprentissage à base de deep learning.

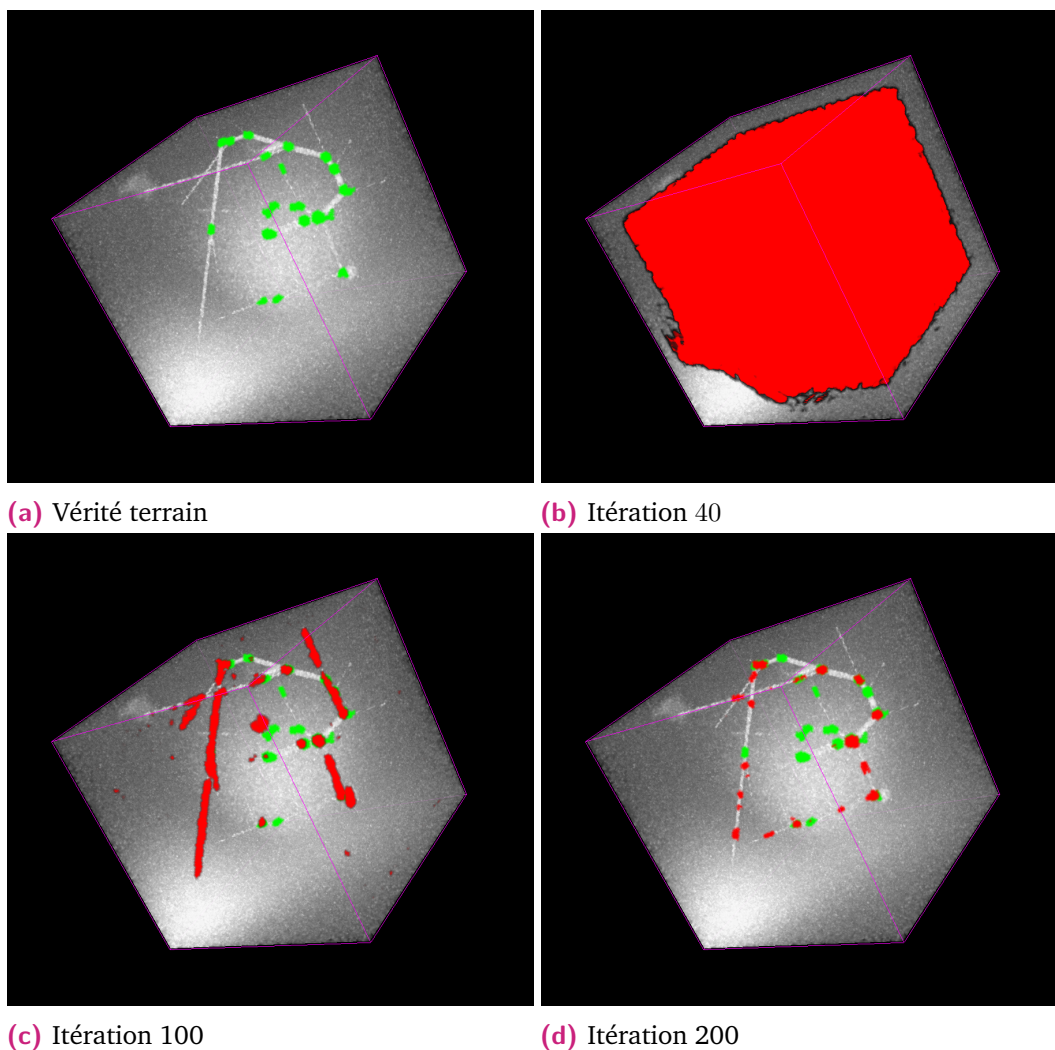
Nous avons à notre disposition des vérités terrain de segmentation voxéliques des bifurcations que nous avons construites dans le chapitre 4. Nous nous sommes donc appuyés sur ces données pour essayer d'obtenir une segmentation voxélique des bifurcations sur le jeu de données VasuSynth,  $\sigma = 2$ . Pour cela, nous avons choisi un réseau de segmentation, Unet, qui présentait de bons résultats pour la segmentation des vaisseaux ( $MCC \approx 0.80$ ) sur ce jeu de données.

Cependant, lorsque les vérités terrain sont des segmentations des bifurcations, le réseau n'arrive pas à apprendre. Nous avons essayé de comprendre pourquoi en observant les résultats du réseau pour différentes étapes de l'entraînement (Fig. 7.6). Nous avons alors remarqué que le réseau apprenait dans un premier temps à segmenter les vaisseaux avant de tenter d'apprendre les bifurcations. Toutefois, celui-ci ne parvient pas à différencier les bifurcations de tronçons quelconques du réseau vasculaire.

On peut néanmoins remarquer que Unet arrive à segmenter les bifurcations lorsqu'il est chargé de segmenter le réseau vasculaire entier, mais qu'il échoue lorsqu'il doit segmenter les

bifurcations seules. La segmentation des bifurcations est donc probablement un sous-problème, plus complexe, de la segmentation des vaisseaux.

Dans ce contexte, plusieurs hypothèses sont envisageable. Les vérités terrains des bifurcations qui incluent une partie des vaisseaux ne sont pas assez discriminantes pour différencier les bifurcations du reste des vaisseaux. Les bifurcations sont des structures trop rares pour être apprises correctement par le réseau de neurone.

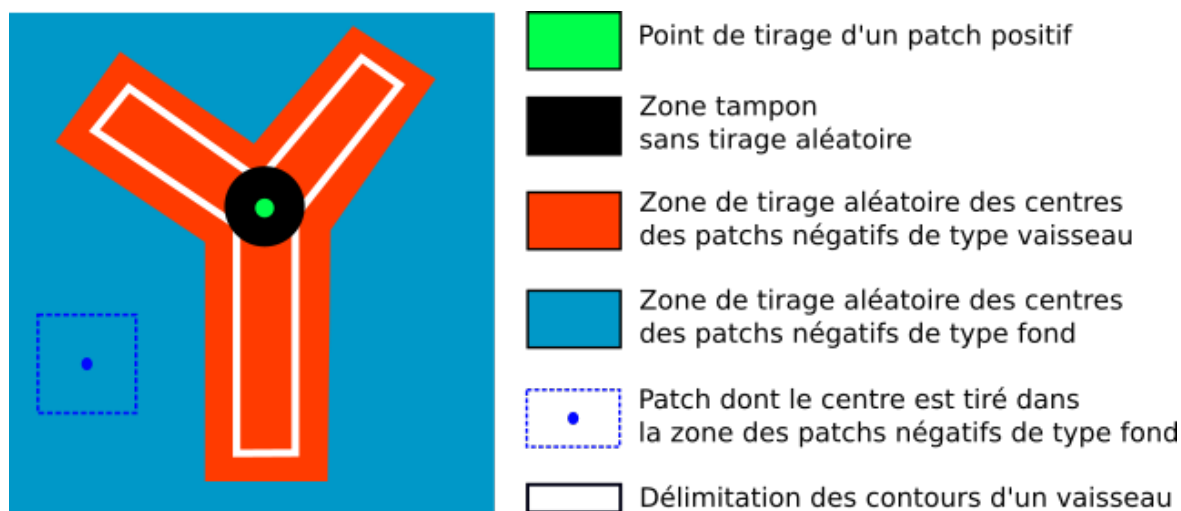


**Figure 7.6:** Phases d'entraînement de Unet pour la segmentation des bifurcations. Inférence à l'itération 40, 100 et 200 de l'entraînement. Volume en gris, vérités terrain des bifurcations en vert et sortie du réseau en rouge.

Afin de contourner ces problèmes, nous avons changé d'objectif en nous concentrant sur la classification de patches d'images de bifurcations. Dans cette expérience, l'objectif était d'apprendre à un réseau à identifier si un patch contenait une bifurcation centrée sur celui-ci ou non. Lors de la génération des vaisseaux des jeux de données VascaSynth, un fichier contenant les positions des bifurcations est généré. La position des bifurcations est donc connue par construction.

Dans ce nouveau contexte, la tâche à effectuer par le réseau passe d'une segmentation voxélique à une classification binaire des patches. Nous avons donc remplacé le réseau Unet par un réseau de classification inspiré de l'architecture VGG. Cette architecture se présente sous la forme d'un encodeur formé de couches convolutionnelles suivies de couches de neurones entièrement connectées. La sortie du réseau est formée d'un seul neurone donnant la probabilité d'appartenance d'un patch à une bifurcation.

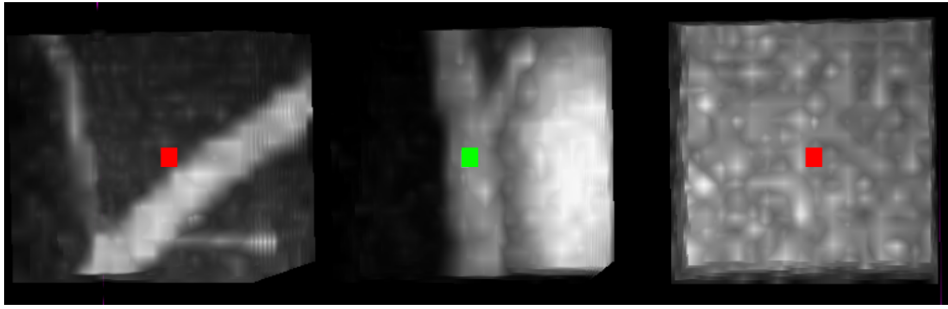
Afin de limiter le nombre de bifurcations par patch, nous avons défini une taille de patch de  $16 \times 16 \times 16$ . Cette taille limite cependant la profondeur du réseau dont certaines opérations réduisent la taille spatiale du volume d'entrée.



**Figure 7.7:** Illustration des zones dans lesquelles sont tirés les patches. Les patches négatifs sont tirés parmi deux zones : le voisinage des vaisseaux (rouge) et le fond (bleu). Ces zones permettent d'assurer la présence de vaisseaux parmi les patches négatifs.

Il a ensuite été nécessaire de construire un jeu de données de patches contenant un ensemble représentatif de toutes structures présentes dans les images. Nous avons donc dû nous assurer que des bifurcations, des vaisseaux et des éléments constituant le fond étaient présents dans le jeu de données. Les patches positifs ont été simples à construire, car ils regroupent tous les patches centrés sur les coordonnées des bifurcations. Les patches négatifs ont nécessité plus d'attention, car les vaisseaux ne représentent que 5% des volumes. Un tirage aléatoire des patches négatifs dans un volume ne permet donc pas de s'assurer qu'une partie des patches contiennent des vaisseaux. Nous avons donc tiré les patches de manière semi-aléatoire dans deux zones distinctes : le voisinage des vaisseaux et la zone hors de ce voisinage. Dans la zone du voisinage des vaisseaux, nous avons exclu une zone de rayon 8 voxels au niveau des bifurcations de manière à éviter les patches ambigus, trop proches des bifurcations. Les différentes zones sont illustrées dans la figure 7.7.

Dans un premier temps, nous n'avons pas réussi à faire converger notre réseau, malgré de multiples tentatives et de variations du jeu de données et de la configuration du réseau. Nous avons notamment fait varier la proportion et la quantité de patches de bifurcations dans le jeu de données. Nous avons aussi fait varier le nombre de couches du réseau ainsi que le taux



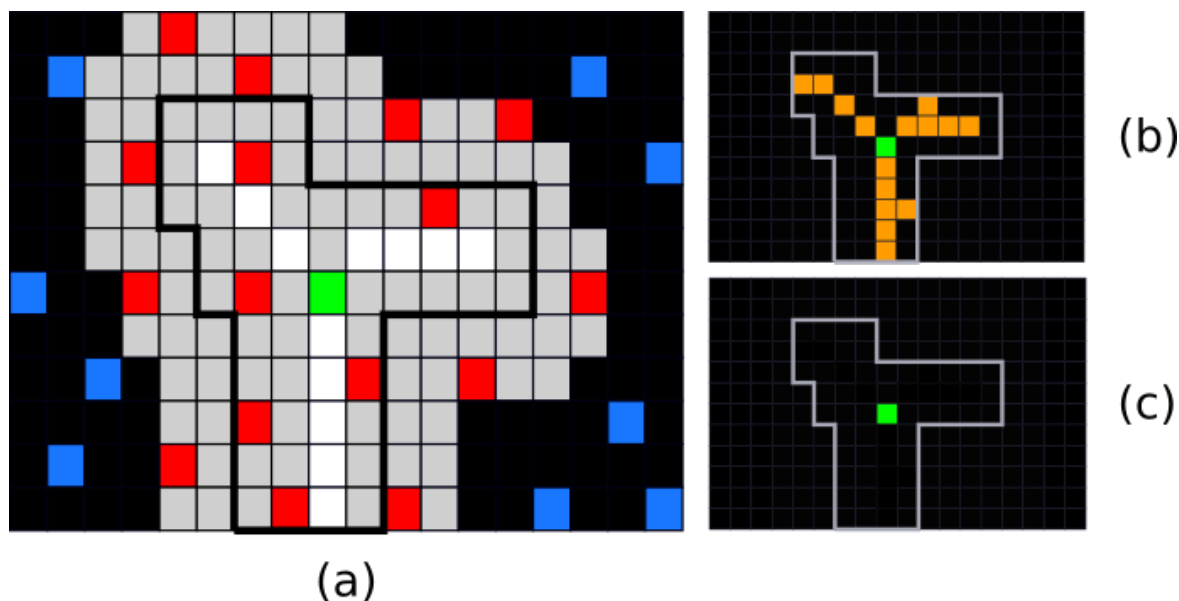
**Figure 7.8:** Trois exemples de patches ; de gauche à droite : patch négatif contenant des vaisseaux, patch positif centré sur une bifurcation et patch négatif de bruit. Les patches négatifs qui contiennent des vaisseaux peuvent parfois contenir des bifurcations adjacentes non centrées.

d'apprentissage, l'utilisation des couches de pooling et la fonction de coût sans succès. Nous sommes ensuite parvenus à faire converger le réseau en augmentant la taille des patches de  $16 \times 16 \times 16$  à  $32 \times 32 \times 32$ .

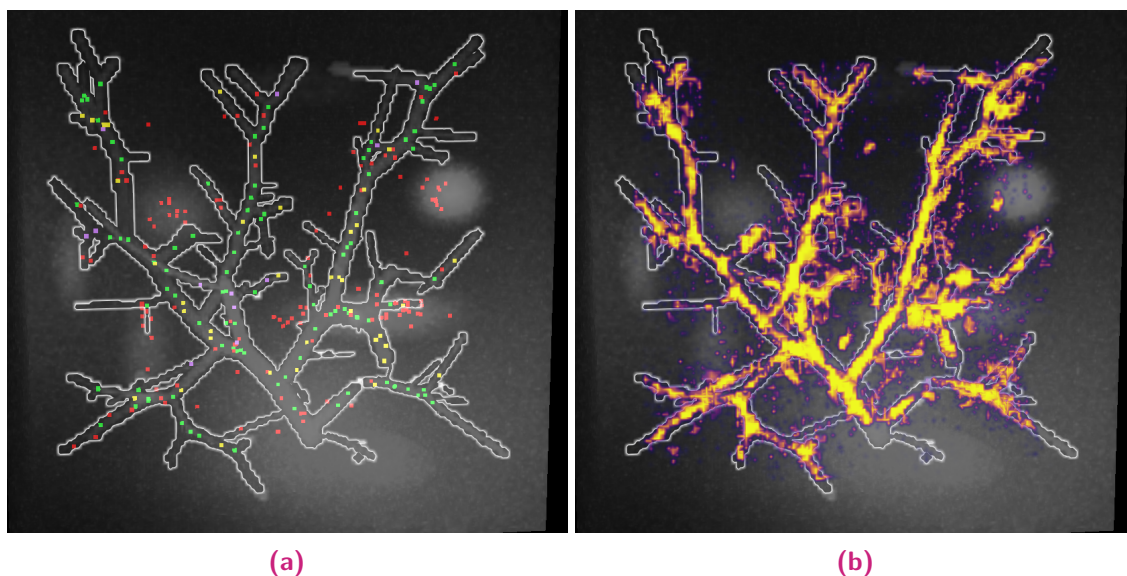
Les résultats de classification des patches ont été encourageants, avec une bonne détection des patches des bifurcations pour ce jeu de données. Nous avons alors tenté d'appliquer la classification sur l'ensemble d'un volume témoin grâce à un mécanisme de fenêtre glissante. Nous avons alors observé que le réseau identifiait le centre des vaisseaux comme étant des bifurcations. Ce comportement est intéressant, car il révèle une faiblesse de notre méthode (Fig. 7.9). En effet, nous avons tiré une partie des patches négatifs dont le centre est aléatoirement distribué dans le voisinage des vaisseaux. Il y a donc une faible probabilité que des patches négatifs soient centrés sur la ligne centrale des vaisseaux (Fig. 7.9 (a)). Or, toutes nos bifurcations labellisées positives sont localisées le long de la ligne centrale des vaisseaux. Dans le cas où le réseau identifie les voxels le long de la ligne centrale comme des bifurcations, notre jeu de données ne permet pas de différencier les voxels de ligne centrale des voxels de bifurcations (Fig. 7.10).

De plus, les zones que nous avons définies pour le tirage aléatoire des centres des patches dépend des masques de voisinages des vaisseaux, et donc des vérités terrains voxeliques des vaisseaux. Cependant, ces masques vont à l'encontre des contraintes d'annotations que nous nous sommes fixées puisque les annotations des bifurcations ne suffisent pas dans ce cas de figure.

Nous avons dû trouver une méthode de tirage qui ne nécessitait pas de vérité terrain des vaisseaux et qui favorisait le tirage de patches le long de la ligne centrale dans le but que le réseau différencie ligne centrale et bifurcations. Nous avons donc procédé au tirage des patches négatifs contenant des vaisseaux en utilisant la carte de probabilité générée par un filtre de rehaussement, plutôt que d'utiliser une zone binaire. Les patches dont le centre est proche de la ligne centrale des vaisseaux ont ainsi une probabilité plus élevée d'être tirés que les patches en périphérie des vaisseaux. De cette manière, nous pensons à la fois nous passer d'annotations des vaisseaux et pousser le réseau à différencier les voxels de bifurcations des voxels de la ligne centrale. Cette méthode n'a cependant pas réglé le problème de l'apprentissage.



**Figure 7.9:** Illustration de la problématique du tirage aléatoire de la position des patches pour la détection de bifurcations. (a) Le tirage de patches de bifurcation (vert), négatifs avec vaisseaux (rouges) et négatifs sans vaisseaux (bleu) a peu de chances d'être effectué sur la ligne centrale des vaisseaux. Un réseau entraîné sur une base de données centrées de cette manière peut apprendre la configuration (b) et obtenir de bonnes performances de classification alors que la configuration (c) est attendue.



**Figure 7.10:** Exemple de résultats de classification sur un échantillon de patches et sur un volume entier par fenêtre glissante. (a) Chaque point représente le centre d'un patch de taille  $32 \times 32 \times 32$  dont le code couleur est le suivant : VP=vert, VN=rouge, FP=jaune, FN=violet. Avec cette représentation, le réseau semble produire une bonne classification. (b) Classification effectuée par fenêtre glissante de l'ensemble des voxels de l'image. La probabilité d'appartenance d'un voxel à une bifurcation est représentée en jaune. Cette visualisation montre que le réseau n'a pas appris à distinguer les bifurcations.

Ce travail sur la détection des bifurcations pour ensuite segmenter les vaisseaux est un travail préliminaire que nous n'avons pas pu achever. Nous avons toutefois proposé une piste et une méthodologie crédibles qui nécessiteraient d'être poursuivies.



## 7.4 Bilan des travaux

Nous avons articulé l'ensemble de nos travaux de manière à ce qu'ils constituent un socle de connaissances et d'outils pour une personne souhaitant approfondir ses connaissances sur les filtres de rehaussement de vaisseaux.

Nous avons dans un premier temps établi un état de l'art des filtres de rehaussement recouvrant les vingt dernières années. Nous avons ensuite identifié sept filtres représentatifs de la littérature. Nous avons aussi explicité les différents cadres d'espaces d'échelles qui permettent au rehaussement d'être efficace sur l'ensemble du réseau vasculaire malgré des variations de taille importantes des vaisseaux.

Nous avons ensuite décidé d'améliorer l'accessibilité des filtres de rehaussement en proposant de rassembler, adapter et réimplémenter les sept filtres dans un cadre commun en C++ . Un utilisateur souhaitant utiliser des filtres de rehaussement, peut ainsi éviter de passer par cette étape très chronophage de recherche et d'adaptation de filtres provenant de sources multiples.

Puis, nous avons proposé un banc de test, permettant de comparer les performances de ces filtres de manière qualitative et quantitative dans différents contextes. Assez tôt dans sa conception, nous avons fait en sorte que celui-ci soit modulable et extensible par d'autres utilisateurs par l'ajout de nouveaux filtres, zones d'intérêt ou jeux de données. Cet outil permet ainsi de faciliter l'évaluation d'une nouvelle contribution par rapport aux filtres de la littérature.

Les expériences que nous avons menées avec ce banc de test ont mis en valeur des différences significatives entre les filtres de rehaussement. Les filtres hessiens ou de flux proposent des rehaussements lisses, mais parfois surestimés ou rehaussant des bords d'organes. À l'inverse, RORPO est plus précis dans les structures rehaussées, mais leur aspect est beaucoup plus irrégulier. Les filtres se distinguent aussi par leur résistance au bruit avec des filtres plutôt performants pour de faibles niveaux de bruits, comme Jerman et Sato, mais dont les performances chutent lorsque le bruit augmente. À l'inverse le filtre de Frangi propose un mécanisme intéressant pour le contrôle du bruit.

Nous avons aussi fait en sorte que les implémentations des filtres et du banc de test soient à la fois complémentaires et indépendants. De cette manière, chaque partie peut être réutilisée et intégrée séparément selon l'utilisation souhaitée. Nous avons d'ailleurs tiré parti de cette propriété en proposant une démonstration en ligne des filtres qui permet de tester, sans installation, les filtres de rehaussement sur des données de l'utilisateur. L'intégration des filtres de rehaussement a aussi été réalisée dans un logiciel de visualisation d'images médicales : 3DSlicer. Les filtres peuvent ainsi être directement utilisés de manière interactive dans celui-ci.

Enfin, pour compenser le manque d'annotations, nous avons participé à l'élaboration d'un plug-in de segmentation, afin que les bases de données hépatiques avec annotations des

vaisseaux se démocratisent. Nous avons aussi exploré une méthode de segmentation à partir des seules annotations des bifurcations.

Nous avons finalement élaboré un travail couvrant tous les aspects nécessaires à l'étude du rehaussement : le développement des bases de données, la théorie du rehaussement, la mise en pratique des filtres ainsi que leur évaluation.



## Annexes

### 8.1 Preuve de l'élongation maximale du noyau du filtre de Meijering dans le cas 3D

Nous étendons à la 3D l'analyse 2D réalisée dans l'annexe de [Mei+04]. À translation et rotation près et sans perte de généralité, on suppose que la structure tubulaire est orientée dans l'axe  $x$  de l'espace 3D  $\mathbb{R}^3$ . Le point d'intérêt est localisé en  $\mathbf{x} = \mathbf{0}$ . En suivant [Mei+04], on cherche à obtenir

$$\lim_{\mathbf{x} \rightarrow \mathbf{0}} (\mathbf{e}_x \cdot \nabla)^2 h'(\mathbf{x}) = 0 \quad (8.1)$$

avec

$$h'(\mathbf{x}) = (\alpha(\mathbf{e}_x \cdot \nabla)^2 + (\mathbf{e}_y \cdot \nabla)^2 + (\mathbf{e}_z \cdot \nabla)^2)G(\mathbf{x}) \quad (8.2)$$

et

$$G(\mathbf{x}) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{x^2+y^2+z^2}{2\sigma^2}} \quad (8.3)$$

où  $\{\mathbf{e}_x, \mathbf{e}_y, \mathbf{e}_z\}$  est une base canonique de  $\mathbb{R}^3$ . On a

$$\begin{aligned} h'(\mathbf{x}) &= \alpha \frac{\partial^2 G(\mathbf{x})}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 G(\mathbf{x})}{\partial y^2} + \frac{\partial^2 G(\mathbf{x})}{\partial z^2} \\ &= \frac{\alpha x^2 + y^2 + z^2 - (\alpha + 2)\sigma^2}{\sigma^4} G(\mathbf{x}) \\ &= p(\mathbf{x}) \cdot G(\mathbf{x}) \end{aligned} \quad (8.4)$$

et

$$\begin{aligned} (\mathbf{e}_x \cdot \nabla)^2 h'(\mathbf{x}) &= \frac{\partial^2 h'(\mathbf{x})}{\partial x^2} \\ &= \frac{\partial^2 p(\mathbf{x}) \cdot G(\mathbf{x})}{\partial x^2} \\ &= \frac{\partial^2 p(\mathbf{x})}{\partial x^2} \cdot G(\mathbf{x}) + 2 \frac{\partial p(\mathbf{x})}{\partial x} \cdot \frac{\partial G(\mathbf{x})}{\partial x} + p(\mathbf{x}) \cdot \frac{\partial^2 G(\mathbf{x})}{\partial x^2} \end{aligned} \quad (8.5)$$

Comme

$$\begin{aligned}\lim_{\mathbf{x} \rightarrow \mathbf{0}} G(\mathbf{x}) &= \frac{1}{2\pi\sigma^2} ; \lim_{\mathbf{x} \rightarrow \mathbf{0}} \frac{\partial G(\mathbf{x})}{\partial x} = 0 ; \lim_{\mathbf{x} \rightarrow \mathbf{0}} \frac{\partial^2 G(\mathbf{x})}{\partial x^2} = -\frac{1}{2\pi\sigma^4} \\ \lim_{\mathbf{x} \rightarrow \mathbf{0}} p(\mathbf{x}) &= -\frac{\alpha + 2}{\sigma^2} ; \lim_{\mathbf{x} \rightarrow \mathbf{0}} \frac{\partial p(\mathbf{x})}{\partial x} = 0 ; \lim_{\mathbf{x} \rightarrow \mathbf{0}} \frac{\partial^2 p(\mathbf{x})}{\partial x^2} = \frac{2\alpha}{\sigma^4}\end{aligned}$$

on en déduit

$$\lim_{\mathbf{x} \rightarrow \mathbf{0}} (\mathbf{e}_x \cdot \nabla)^2 h'(\mathbf{x}) = \frac{3\alpha + 2}{2\pi\sigma^6}$$

et Eq. (8.1) est résolue si et seulement si  $\alpha = -\frac{2}{3}$ .

# Bibliographie

- [Aff+22] A. AFFANE, J. LAMY, M.-A. LEBRE et A. VACAVANT. “Robust deep 3-D architectures based on vascular patterns for liver vessel segmentation”. In : *Informatics in Medicine Unlocked* 34 (2022), p. 101111 (cf. p. 146, 147).
- [Alh+18] S. S. ALHARBI, Ç. SAZAK, C. J. NELSON et B. OBARA. “Curvilinear structure enhancement by multiscale top-hat tensor in 2D/3D images”. In : *2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*. IEEE. 2018, p. 814-822 (cf. p. 61).
- [Ant+22] M. ANTONELLI, A. REINKE, S. BAKAS et al. “The medical segmentation decathlon”. In : *Nature communications* 13.1 (2022), p. 1-13 (cf. p. 21).
- [Asr+19] S. K. ASRANI, H. DEVARBHAVI, J. EATON et P. S. KAMATH. “Burden of liver diseases in the world”. In : *Journal of Hepatology* 70.1 (2019), p. 151-171 (cf. p. 1).
- [BC06] G. BERTRAND et M. COUPRIE. “A New 3D Parallel Thinning Scheme Based on Critical Kernels”. In : *Discrete Geometry for Computer Imagery in Lect. Notes Comput. Sci.* T. 4245. Oct. 2006, p. 580-591 (cf. p. 90).
- [Bul+05] E. BULLITT, D. ZENG, G. GERIG et al. “Vessel tortuosity and brain tumor malignancy : a blinded study<sup>1</sup>”. In : *Academic radiology* 12.10 (2005), p. 1232-1240 (cf. p. 24).
- [Cha+17] A. CHARTSIAS, T. JOYCE, R. DHARMAKUMAR et S. A. TSAFTARIS. “Adversarial image synthesis for unpaired multi-modal cardiac data”. In : *International workshop on simulation and synthesis in medical imaging*. Springer. 2017, p. 3-13 (cf. p. 36).
- [CJ20] D. CHICCO et G. JURMAN. “The advantages of the Matthews correlation coefficient (MCC) over F1 score and accuracy in binary classification evaluation”. In : *BMC Genomics* 21.1 (2020), p. 1-13 (cf. p. 104).
- [Clo+19] J. R. CLOUGH, N. BYRNE, I. OKSUZ et al. “A topological loss function for deep-learning based image segmentation using persistent homology”. In : *arXiv preprint arXiv :1910.01877* (2019) (cf. p. 35).
- [CTC12] F. COKELAER, H. TALBOT et J. CHANUSSOT. “Efficient robust d-dimensional path operators”. In : *IEEE Journal of Selected Topics in Signal Processing* 6.7 (2012), p. 830-839 (cf. p. 57).
- [DGM77] R. DAMADIAN, M. GOLDSMITH et L. MINKOFF. “NMR in cancer : XVI. Fonar image of the live human body”. In : *Physiol. Chem* 9 (1977), p. 97-100 (cf. p. 12).
- [Dic45] L. DICE. “Measures of the amount of ecologic association between species”. In : *Ecology* 26.3 (1945), p. 297-302 (cf. p. 103).
- [Die+07] O. DIETRICH, J. G. RAYA, S. B. REEDER, M. F. REISER et S. O. SCHOENBERG. “Measurement of signal-to-noise ratios in MR images : influence of multichannel coils, parallel imaging, and reconstruction filters”. In : *Journal of Magnetic Resonance Imaging* 26.2 (2007), p. 375-385 (cf. p. 31).

- [ERS08] M. ERDT, M. RASPE et M. SUEHLING. “Automatic hepatic vessel segmentation using graphics hardware”. In : *International Workshop on Medical Imaging and Virtual Reality*. Springer. 2008, p. 403-412 (cf. p. 63).
- [ELD09] S. ESNEAULT, C. LAFON et J.-L. DILLESEGER. “Liver vessels segmentation using a hybrid geometrical moments/graph cuts method”. In : *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 57.2 (2009), p. 276-283 (cf. p. 33).
- [Fan+12] C.-H. FANG, J.-H. YOU, W. Y. LAU et al. “Anatomical variations of hepatic veins : three-dimensional computed tomography scans of 200 subjects”. In : *World Journal of Surgery* 36.1 (2012), p. 120-124 (cf. p. 8).
- [Fra+98] A. F. FRANGI, W. J. NIESSEN, K. L. VINCKEN et M. A. VIERGEVER. “Multiscale vessel enhancement filtering”. In : *International conference on medical image computing and computer-assisted intervention*. Springer. 1998, p. 130-137 (cf. p. 4, 50).
- [Gli+13] C. GLIDE-HURST, D. CHEN, H. ZHONG et I. CHETTY. “Changes realized from extended bit-depth and metal artifact reduction in CT”. In : *Medical physics* 40.6 Part1 (2013), p. 061711 (cf. p. 11).
- [GSG17] E. GOCERI, Z. K. SHAH et M. N. GURCAN. “Vessel segmentation from abdominal magnetic resonance images : adaptive and reconstructive approach”. In : *International Journal for Numerical Methods in Biomedical Engineering* 33.4 (2017), e2811 (cf. p. 37).
- [GBD04] P. GRAVEL, G. BEAUDOIN et J. A. DE GUISE. “A method for modeling noise in medical images”. In : *IEEE Transactions on medical imaging* 23.10 (2004), p. 1221-1232 (cf. p. 31).
- [GSR15] J. J. GRONDE, H. R. SCHUBERT et J. B. ROERDINK. “Fast computation of greyscale path openings”. In : *International Symposium on Mathematical Morphology and Its Applications to Signal and Image Processing*. Springer. 2015, p. 621-632 (cf. p. 57).
- [GP95] H. GUDBJARTSSON et S. PATZ. “The Rician distribution of noisy MRI data”. In : *Magnetic Resonance in Medicine* 34.6 (1995), p. 910-914 (cf. p. 15, 31).
- [HJ10] G. HAMARNEH et P. JASSI. “VascuSynth : Simulating vascular trees for generating volumetric image data with ground-truth segmentation and tree analysis”. In : *Computerized Medical Imaging and Graphics* 34.8 (2010), p. 605-616 (cf. p. 22, 70).
- [HBT05] H. HELJMANS, M. BUCKLEY et H. TALBOT. “Path openings and closings”. In : *Journal of Mathematical Imaging and Vision* 22.2 (2005), p. 107-119 (cf. p. 56).
- [Hig+19] T. HIGAKI, Y. NAKAMURA, F. TATSUGAMI, T. NAKAURA et K. AWAI. “Improvement of image quality at CT and MRI using deep learning”. In : *Japanese journal of radiology* 37.1 (2019), p. 73-80 (cf. p. 31).
- [Hom07] H. HOMANN. “Implementation of a 3D thinning algorithm”. In : *The Insight Journal* (oct. 2007) (cf. p. 87).
- [Hou95] G. HOUNSFIELD. “Computerized transverse axial scanning (Tomography). 1. Description of system (Reprinted from *British-Journal-of-Radiology*, VOL 46, PG 1016-1022, 1973)”. In : *British Journal Of Radiology* 68.815 (1995), H166-H172 (cf. p. 10).
- [Hu+19] X. HU, F. LI, D. SAMARAS et C. CHEN. “Topology-preserving deep image segmentation”. In : *Advances in Neural Information Processing Systems* 32 (2019) (cf. p. 35).
- [Huo+18] Y. HUO, Z. XU, S. BAO et al. “Adversarial synthesis learning enables segmentation without target modality ground truth”. In : *2018 IEEE 15th international Symposium on Biomedical Imaging (ISBI 2018)*. IEEE. 2018, p. 1217-1220 (cf. p. 36).

- [Jad20] S. JADON. “A survey of loss functions for semantic segmentation”. In : *2020 IEEE Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (CIBCB)*. IEEE. 2020, p. 1-7 (cf. p. 35).
- [Jer+15a] T. JERMAN, F. PERNUŠ, B. LIKAR et Z. SPICLIN. “Blob Enhancement and Visualization for Improved Intracranial Aneurysm Detection”. In : *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics* 22 (jan. 2015), p. 1 (cf. p. 149).
- [Jer+15b] T. JERMAN, F. PERNUŠ, B. LIKAR et Ž. ŠPICLIN. “Beyond Frangi : an improved multiscale vesselness filter”. In : *Medical Imaging 2015 : Image Processing*. T. 9413. SPIE. 2015, p. 623-633 (cf. p. 51).
- [KWT88] M. KASS, A. WITKIN et D. TERZOPOULOS. “Snakes : Active contour models”. In : *International journal of computer vision* 1.4 (1988), p. 321-331 (cf. p. 32).
- [Kav+21] A. E. KAVUR, N. S. GEZER, M. BARIŞ et al. “CHAOS Challenge - combined (CT-MR) healthy abdominal organ segmentation”. In : *Medical Image Analysis* 69 (avr. 2021), p. 101950 (cf. p. 19).
- [Kov00] P. KOVESI. “Phase congruency : A low-level image invariant”. In : *Psychological research* 64.2 (2000), p. 136-148 (cf. p. 45).
- [KA09] K. KRISSIAN et S. AJA-FERNANDEZ. “Noise-Driven Anisotropic Diffusion Filtering of MRI”. In : *IEEE Transactions on Image Processing* 18.10 (2009), p. 2265-2274 (cf. p. 31).
- [Lam21] J. LAMY. “Filtres vasculaires - Étude et benchmark pour l'imagerie hépatique”. In : *ORASIS 2021*. 2021 (cf. p. 109, 141).
- [Lam+21] J. LAMY, B. KERAUTRET, O. MERVEILLE et N. PASSAT. “Structure, Concept and Result Reproducibility of the Benchmark on Vesselness Filters”. In : *Reproducible Research in Pattern Recognition (RRPR)*. T. 12636. Lecture Notes in Computer Science. Milan, Italy, 2021, p. 121-135 (cf. p. 109, 141).
- [Lam+22a] J. LAMY, O. MERVEILLE, B. KERAUTRET et N. PASSAT. “A Benchmark Framework for Multiregion Analysis of Vesselness Filters”. In : *IEEE Transactions on Medical Imaging* 41.12 (2022), p. 3649-3662 (cf. p. 111, 141).
- [Lam+20a] J. LAMY, O. MERVEILLE, B. KERAUTRET, N. PASSAT et A. VACAVANT. “A benchmark preview of liver vessel enhancement algorithms”. In : *Virtual Physiological Human (VPH)*. Paris, France, 2020 (cf. p. 109, 141).
- [Lam+20b] J. LAMY, O. MERVEILLE, B. KERAUTRET, N. PASSAT et A. VACAVANT. “Vesselness filters : A survey with benchmarks applied to liver imaging”. In : *International Conference on Pattern Recognition (ICPR)*. 2020, p. 3528-3535 (cf. p. 109, 141).
- [Lam+22b] J. LAMY, T. PELLETIER, G. LIENEMANN et al. *A new 3D Slicer plug-in for the interactive annotation and segmentation of liver anatomy*. EASL Liver Cancer Summit (LCS). Poster. 2022 (cf. p. 144).
- [Lam+20c] J. LAMY, T. PELLETIER, G. LIENEMANN et al. “Preliminary results with a new annotation tool for liver volume and inner vessels from DCE-MRI data”. In : *Virtual Physiological Human (VPH)*. Paris, France, 2020 (cf. p. 144).
- [Lam+22c] J. LAMY, T. PELLETIER, G. LIENEMANN et al. “The 3D Slicer RVXLiverSegmentation plug-in for interactive liver anatomy reconstruction from medical images”. In : *Journal of Open Source Software* 7.73 (2022), p. 3920 (cf. p. 144).



- [LC08] M. W. LAW et A. CHUNG. “Three dimensional curvilinear structure detection using optimally oriented flux”. In : *European Conference on Computer Vision*. Springer. 2008, p. 368-382 (cf. p. 45, 47, 51).
- [LC09] M. W. LAW et A. C. CHUNG. “Efficient implementation for spherical flux computation and its application to vascular segmentation”. In : *IEEE Transactions on Image Processing* 18.3 (2009), p. 596-612 (cf. p. 46, 135).
- [LKC94] T. LEE, R. KASHYAP et C. CHU. “Building Skeleton Models via 3-D Medial Surface Axis Thinning Algorithms”. In : *CVGIP : Graphical Models and Image Processing* 56.6 (1994), p. 462-478 (cf. p. 87).
- [LS92] T. LEI et W. SEWCHAND. “Statistical approach to X-ray CT imaging and its applications in image analysis. I. Statistical analysis of X-ray CT imaging”. In : *IEEE Transactions on Medical Imaging* 11.1 (1992), p. 53-61 (cf. p. 12).
- [Les+09] D. LESAGE, E. D. ANGELINI, I. BLOCH et G. FUNKA-LEA. “A review of 3D vessel lumen segmentation techniques : Models, features and extraction schemes”. In : *Medical Image Analysis* 13.6 (2009), p. 819-845 (cf. p. 37).
- [Li+11] C. LI, R. HUANG, Z. DING et al. “A level set method for image segmentation in the presence of intensity inhomogeneities with application to MRI”. In : *IEEE Transactions on Image Processing* 20.7 (2011), p. 2007-2016 (cf. p. 32).
- [Li+18] X. LI, H. CHEN, X. QI et al. “H-DenseUNet : hybrid densely connected UNet for liver and tumor segmentation from CT volumes”. In : *IEEE transactions on Medical Imaging* 37.12 (2018), p. 2663-2674 (cf. p. 35).
- [Lin94] T. LINDBERG. “Scale-space theory : A basic tool for analyzing structures at different scales”. In : *Journal of Applied Statistics* 21.1-2 (1994), p. 225-270 (cf. p. 41).
- [LK16] P. LISKOWSKI et K. KRAWIEC. “Segmenting retinal blood vessels with deep neural networks”. In : *IEEE Transactions on Medical Imaging* 35.11 (2016), p. 2369-2380 (cf. p. 36).
- [Lor+97] C. LORENZ, I.-C. CARLSEN, T. M. BUZUG, C. FASSNACHT et J. WEESE. “Multi-scale line segmentation with automatic estimation of width, contrast and tangential direction in 2D and 3D medical images”. In : *CVRMed-MRCAS'97*. Springer. 1997, p. 233-242 (cf. p. 48).
- [Luu+15] H. M. LUU, C. KLINK, A. MOELKER, W. NIESSEN et T. VAN WALSUM. “Quantitative evaluation of noise reduction and vesselness filters for liver vessel segmentation on abdominal CTA images”. In : *Physics in Medicine & Biology* 60.10 (2015), p. 3905 (cf. p. 60, 63, 64).
- [MVN06] R. MANNIESING, M. A. VIERGEVER et W. J. NIESSEN. “Vessel enhancing diffusion : A scale space representation of vessel structures”. In : *Medical Image Analysis* 10.6 (2006), p. 815-825 (cf. p. 59).
- [Mar+14] M. MARCAN, D. PAVLIHA, M. M. MUSIC et al. “Segmentation of hepatic vessels from MRI images for planning of electroporation-based treatments in the liver”. In : *Radiology and Oncology* 48.3 (2014), p. 267-281 (cf. p. 37, 106).
- [McC+20] M. MCCORMICK, S. JOURDAIN, S. WITTENBURG et al. *Kitware/itk-vtk-viewer : v10.8.0*. Version v10.8.0. Oct. 2020 (cf. p. 142).

- [Mei+04] E. MEIJERING, M. JACOB, J.-C. SARRIA et al. “Design and validation of a tool for neurite tracing and analysis in fluorescence microscopy images”. In : *Journal of Cytometry Part A* 58.2 (2004), p. 167-176 (cf. p. 50, 159).
- [Men+09] A. M. MENDRIK, E.-J. VONKEN, A. RUTTEN, M. A. VIERGEVER et B. van GINNEKEN. “Noise reduction in computed tomography scans using 3-D anisotropic hybrid diffusion with continuous switch”. In : *IEEE Transactions on Medical Imaging* 28.10 (2009), p. 1585-1594 (cf. p. 31, 43, 59).
- [Mer+18] O. MERVEILLE, H. TALBOT, L. NAJMAN et N. PASSAT. “Curvilinear structure analysis by ranking the orientation responses of path operators”. In : *IEEE Transactions in Pattern Analysis* 40 (2018), p. 304-317 (cf. p. 57, 68).
- [Moc+18] S. MOCCIA, E. DE MOMI, S. EL HADJI et L. S. MATTOS. “Blood vessel segmentation algorithms—Review of methods, datasets and evaluation metrics”. In : *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 158 (2018), p. 71-91 (cf. p. 37).
- [Oba+12] B. OBARA, M. FRICKER, D. GAVAGHAN et V. GRAU. “Contrast-independent curvilinear structure detection in biomedical images”. In : *IEEE Transactions on Image Processing* 21.5 (2012), p. 2572-2581 (cf. p. 44, 50).
- [OL81] A. V. OPPENHEIM et J. S. LIM. “The importance of phase in signals”. In : *Proceedings of the IEEE* 69.5 (1981), p. 529-541 (cf. p. 44).
- [PM90] P. PERONA et J. MALIK. “Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion”. In : *IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence* 12.7 (1990), p. 629-639 (cf. p. 63).
- [PF17] R. PHELLAN et N. D. FORKERT. “Comparison of vessel enhancement algorithms applied to time-of-flight MRA images for cerebrovascular segmentation”. In : *Medical physics* 44.11 (2017), p. 5901-5915 (cf. p. 60, 63).
- [RSM15] M. RADOJEVIĆ, I. SMAL et E. MEIJERING. “Automated neuron morphology reconstruction using fuzzy-logic detection and Bayesian tracing algorithms”. In : *2015 IEEE 12th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*. 2015, p. 885-888 (cf. p. 34).
- [RFB15] O. RONNEBERGER, P. FISCHER et T. BROX. “U-net : Convolutional networks for biomedical image segmentation”. In : *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*. Springer. 2015, p. 234-241 (cf. p. 35).
- [San+19] P. SANCHEZ, C. MEYER, V. VIGON et B. NAEGEL. “Cerebrovascular network segmentation of MRA images with deep learning”. In : *ISBI*. 2019, p. 768-771 (cf. p. 24, 85).
- [Sat+98] Y. SATO, S. NAKAJIMA, N. SHIRAGA et al. “Three-dimensional multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images”. In : *Medical Image Analysis* 2.2 (1998), p. 143-168 (cf. p. 49).
- [SNO18] C. SAZAK, C. J. NELSON et B. OBARA. “The multiscale bowler-hat transform for vessel enhancement in 3D biomedical images”. In : *arXiv preprint arXiv :1802.05097* (2018) (cf. p. 55, 56).
- [SNO19] Ç. SAZAK, C. J. NELSON et B. OBARA. “The multiscale bowler-hat transform for blood vessel enhancement in retinal images”. In : *Pattern Recognition* 88 (2019), p. 739-750 (cf. p. 55, 61).
- [Sig+14] E. M. SIGURÐSSON, S. VALERO, J. A. BENEDIKTSSON et al. “Automatic retinal vessel extraction based on directional mathematical morphology and fuzzy classification”. In : *Pattern Recognition Letters* 47 (2014), p. 164-171 (cf. p. 34).

- [Soi+99] P. SOILLE et al. *Morphological image analysis : principles and applications*. T. 2. 3. Springer, 1999 (cf. p. 63).
- [Sol+10] L. SOLER, A. HOSTETTLER, V. AGNUS et al. "3D image reconstruction for comparison of algorithm database : A patient specific anatomical and medical image database". In : *IRCAD, Strasbourg, France, Tech. Rep 1.1* (2010) (cf. p. 18).
- [Sud+17] C. H. SUDRE, W. LI, T. VERCAUTEREN, S. OURSELIN et M. JORGE CARDOSO. "Generalised dice overlap as a deep learning loss function for highly unbalanced segmentations". In : *Deep Learning in Medical Image Analysis and Multimodal Learning for Clinical Decision Support*. Springer, 2017, p. 240-248 (cf. p. 35).
- [Sur+21] S. SURVARACHAKAN, E. PELANIS, Z. A. KHAN et al. "Effects of Enhancement on Deep Learning Based Hepatic Vessel Segmentation". In : *Electronics* 10.10 (2021) (cf. p. 146).
- [Taj+20] N. TAJBAKHSI, L. JEYASEELAN, Q. LI et al. "Embracing imperfect datasets : A review of deep learning solutions for medical image segmentation". In : *Medical Image Analysis* 63 (2020), p. 101693 (cf. p. 36).
- [Tan+11] O. TANKYEVYCH, H. TALBOT, N. PASSAT, M. MUSACCHIO et M. LAGNEAU. "Angiographic image analysis". In : *Medical Image Processing*. Springer, 2011, p. 115-144 (cf. p. 37).
- [UAE93] M. UNSER, A. ALDROUBI et M. EDEN. "B-spline signal processing. I. Theory". In : *IEEE Transactions on Signal Processing* 41.2 (1993), p. 821-833 (cf. p. 73).
- [Ven+17] C. VENTURA, J. PONT-TUSET, S. CAELLES, K.-K. MANINIS et L. VAN GOOL. "Iterative deep learning for network topology extraction". In : *arXiv preprint arXiv :1712.01217* (2017) (cf. p. 35).
- [WMS12] C. WANG, R. MORENO et Ö. SMEDBY. "Vessel segmentation using implicit model-guided level sets". In : *MICCAI Workshop "3D Cardiovascular Imaging : a MICCAI segmentation Challenge", October 2012*. 2012 (cf. p. 32).
- [Wan+17] G. WANG, W. LI, S. OURSELIN et T. VERCAUTEREN. "Automatic brain tumor segmentation using cascaded anisotropic convolutional neural networks". In : *International MICCAI brainlesion workshop*. Springer. 2017, p. 178-190 (cf. p. 147).
- [WC19] J. WANG et A. CHUNG. "High-order oriented cylindrical flux for curvilinear structure detection and vessel segmentation". In : *International Conference on Information Processing in Medical Imaging*. Springer. 2019, p. 479-491 (cf. p. 45).
- [Yu+19] W. YU, B. FANG, Y. LIU et al. "Liver vessels segmentation based on 3d residual U-NET". In : *2019 IEEE International Conference on Image Processing (ICIP)*. IEEE. 2019, p. 250-254 (cf. p. 35).
- [Zen+18] Y.-z. ZENG, S.-h. LIAO, P. TANG et al. "Automatic liver vessel segmentation using 3D region growing and hybrid active contour model". In : *Computers in Biology and Medicine* 97 (2018), p. 63-73 (cf. p. 32).
- [Zen+17] Y.-z. ZENG, Y.-q. ZHAO, P. TANG et al. "Liver vessel segmentation and identification based on oriented flux symmetry and graph cuts". In : *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 150 (2017), p. 31-39 (cf. p. 33).
- [Zha+18] R. ZHANG, Z. ZHOU, W. WU et al. "An improved fuzzy connectedness method for automatic three-dimensional liver vessel segmentation in CT images". In : *Journal of Healthcare Engineering* 2018 (2018) (cf. p. 34, 52).