



HAL
open science

Prise en compte de données multidimensionnelles et hétérogènes en imagerie médicale : contributions en fusion, filtrage et segmentation

Chantal Revol-Muller

► To cite this version:

Chantal Revol-Muller. Prise en compte de données multidimensionnelles et hétérogènes en imagerie médicale : contributions en fusion, filtrage et segmentation. Sciences de l'ingénieur [physics]. Université Claude Bernard Lyon1; INSA Lyon, 2012. tel-04890955

HAL Id: tel-04890955

<https://hal.science/tel-04890955v1>

Submitted on 16 Jan 2025

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.

Université Claude Bernard Lyon I
INSA Lyon

Habilitation à diriger des recherches

présentée par

Chantal REVOL-MULLER

Docteur Université de Saint Etienne, Spécialité Image
Maître de Conférences, INSA Lyon

Prise en compte de données multidimensionnelles et hétérogènes en imagerie médicale : contributions en fusion, filtrage et segmentation

Soutenue le 26 novembre 2012

Rapporteurs

Philippe BOLON	Professeur, Université de Savoie
Mireille GARREAU	Professeur, Université de Rennes 1
Frédéric TRUCHETET	Professeur, Université de Bourgogne

Examineurs

Olivier BASSET	Professeur, Université de Lyon 1
François COTTON	Professeur, Université de Lyon 1
Françoise PEYRIN	Directeur de Recherche INSERM
Christophe ODET	Professeur, INSA Lyon

En mémoire de mon père,

À ma mère et à tous ceux qui me sont chers,

À Lionel, Jérôme, Léandre et Pierre, qui sont les soleils de ma vie...

Remerciements

Les travaux présentés dans ce mémoire ont été réalisés à CREATIS, unité de recherche CNRS (UMR 5220) et Inserm (U1044), commune à l'INSA Lyon et à l'Université Claude Bernard Lyon 1. Je tiens à exprimer ma profonde reconnaissance à Madame Isabelle Magnin, Directeur de Recherche Inserm et à Monsieur Pierre Croisille, Professeur Hospitalo-Universitaire de l'Université de Lyon 1, actuel co-directeur, pour leur soutien dans mes projets durant ces douze années. Depuis mon arrivée à CREATIS, je considère comme un honneur et un privilège de travailler dans un centre de recherche en imagerie médicale de renommée internationale, fondée sur la synergie des chercheurs STIC et des médecins.

Je remercie également la précédente direction de CREATIS, Monsieur le Professeur Gérard Gimenez et Monsieur le Professeur Didier Revel, pour la confiance qu'elle m'a apportée lors de mes premières années au laboratoire. J'exprime en particulier ma gratitude à Monsieur Gérard Gimenez, avec qui j'ai codirigé ma première thèse, pour ses conseils et son accompagnement durant cette initiation à l'encadrement doctoral.

Je tiens également à témoigner toute mon estime à Monsieur Christophe ODET, professeur de l'INSA Lyon, pour qui mon admiration n'a d'égal que mon respect. Ses compétences scientifiques, techniques et pédagogiques sont une référence que je chercherai toute ma carrière à atteindre. Je le remercie infiniment pour tous les conseils qu'il m'a prodigués depuis le premier jour de mon arrivée à CREATIS. La codirection de thèses à ses côtés est riche de discussions, de réflexions scientifiques, d'enseignements et d'avancées méthodologiques, qui garantissent le succès des travaux.

Je souhaite mettre en exergue ma profonde considération pour Madame Françoise Peyrin, Directeur de recherche INSERM. Son expertise dans le domaine de l'imagerie osseuse et ses compétences scientifiques dans les domaines du traitement d'image et la reconstruction tomographique m'ont toujours impressionnée. Je suis heureuse d'avoir collaboré à plusieurs reprises à ses côtés, à l'occasion de projets ou de l'encadrement de thèse.

Je souhaite à présent remercier les membres du jury, qui me font l'honneur d'examiner mes travaux, qui ont su trouver du temps malgré une fin d'année très chargée, pour lire ce mémoire, l'évaluer et participer à ma soutenance.

J'exprime ma profonde reconnaissance à Monsieur le Professeur Frédéric Truchetet de l'Université de Bourgogne pour avoir accepté la charge de rapporter ce travail. Ses travaux en traitement du signal et sur les ondelettes sont une référence pour la communauté scientifique. Je le remercie pour l'intérêt qu'il a déjà témoigné à l'occasion de la thèse de J.L. Rose que j'ai codirigé avec Christophe Odet, en rapportant sur son travail.

C'est avec gratitude que je remercie Monsieur le Professeur Philippe Bolon, de l'Université de Savoie, pour sa patience et ses encouragements, puisque nous avons évoqué le projet de cette HDR depuis quelques années déjà, et pour avoir accepté la charge de rapporteur. Son expertise dans les domaines des statistiques, de l'extraction de paramètres, de la fusion de données et du filtrage non linéaire couvre l'ensemble de mes travaux et m'inspire un profond respect.

Je remercie Madame le Professeur Mireille Garreau, de l'Université de Rennes, d'avoir accepté la charge de rapporter sur mon mémoire et de participer à ce jury malgré la distance qui nous sépare. Les travaux de son équipe en imagerie médicale et plus spécialement en imagerie cardiaque dans des thématiques telles que la segmentation, la fusion et la caractérisation de tissu par des descripteurs sont reconnus internationalement. Je lui suis pleinement reconnaissante pour son implication dans l'évaluation de nos travaux, qu'elle a déjà manifestée en rapportant sur la thèse d'A. Pacureanu, que j'ai codirigée avec Françoise Peyrin.

Je remercie Monsieur le Professeur Olivier Basset, de l'Université de Lyon 1 pour avoir accepté de participer à ce jury. Son regard d'expert en traitement d'images ultrasonores lui permettra d'évaluer la pertinence de nos approches multiparamétriques et adaptatives.

Je sais gré à Monsieur le Professeur Hospitalo-Universitaire François Cotton, de l'Université de Lyon 1 de l'intérêt qu'il témoigne pour ce travail. Spécialiste de l'imagerie du vivant et du suivi de cohortes de patients, il pourra examiner les perspectives de notre travail.

Je voudrais rendre hommage à l'éminent Professeur Vasile Buzuloiu, de l'Université de Bucarest, avec qui nous avons collaboré dans le cadre de la thèse en cotutelle d'A. Pacureanu et qui nous a quittés peu de temps après sa soutenance.

Merci à Nicolas Costes, ingénieur de recherche au CERMEP, pour son expertise en imagerie TEP et pour sa disponibilité à chaque fois que nous l'avons sollicité, il a contribué à l'étude sur le métabolisme osseux.

Merci à Marc Janier, Professeur à l'Université Claude Bernard Lyon 1, pour nous avoir fait partager son enthousiasme pour l'imagerie du vivant et pour nous avoir guidés lors des projets liés à l'imagerie du petit animal sur la plate-forme Animage.

Merci à Alain Lalande, Maître de Conférences au LE2I à l'Université de Bourgogne pour nous avoir conduits à collaborer à son projet autour de la distensibilité aortique.

Merci à Christian Reichert, Maître de Conférences à l'INSA Lyon et à l'ICJ, pour ses compétences mathématiques et sa collaboration précieuse sur le formalisme variationnel.

J'exprime toute mon estime et ma reconnaissance à Monsieur Hugues Benoit-Cattin, Professeur de l'INSA Lyon et directeur du département Télécommunications, pour ses encouragements et le temps qu'il a consacré à la relecture de ce mémoire, malgré la charge de travail liée à ses nombreuses responsabilités.

Je tiens à remercier mes anciens doctorants Thomas Grenier, Jean-Loïc Rose et Alexandra Pacureau, pour leur investissement, leur rigueur et leur sérieux. Sans eux, cette recherche n'aurait pas pu être menée. Les résultats qui sont présentés dans ce mémoire s'appuient en grande partie sur leur travail de thèse. Merci à Thomas pour la polyvalence de ses compétences, merci à Jean-Loïc pour sa force de proposition, merci à Alexandra pour l'efficacité de son travail et son dynamisme.

Je remercie Juan Carlos Prieto que je co-encadre actuellement avec Christophe Odet pour contribuer activement à nos collaborations internationales avec Patrizia Camelliti du NHLI, Imperial College de Londres, avec Marcella Hernández Hoyos de l'Université de Bogota et avec Steve Pizer du MIDAG de l'Université de Caroline du Nord. Je l'encourage vivement dans sa dernière ligne droite.

Merci aux étudiants de Master et de projet de fin d'études du département Télécommunications qui ont également participé à ces travaux.

Je tiens à remercier chaleureusement l'ensemble de mes collègues de CREATIS pour leurs qualités scientifiques et humaines qui contribuent largement au plaisir de travailler ensemble. Ils sont la preuve vivante que « convivialité » et « efficacité » peuvent se conjuguer avec succès. Je rends hommage aux travaux qui sont menés par chacun d'entre eux, tant sur le plan médical que méthodologique. Je remercie en particulier Monsieur le Professeur Robert Goutte pour le temps qu'il a consacré à la relecture de ce mémoire.

Sur le versant enseignement, je souhaite adresser toute ma gratitude à Monsieur Gérard Thouy pour la confiance et le soutien qu'il m'a apportés lors de ma première année d'ATER au département Génie Electrique de l'INSA-Lyon. Je tiens à témoigner toute ma reconnaissance à l'équipe de l'IUT de Valence qui m'a accueillie pendant ma deuxième année d'ATER, en particulier à Monsieur André Lagrèze, qui reste pour moi un exemple de pédagogie, de compétences et de passion : j'ai énormément appris à son côté. Je remercie également chaleureusement mes collègues du département Télécommunications de l'INSA Lyon pour leur dynamisme, leur enthousiasme communicatif et la qualité de leurs relations : que ce soit pour le travail ou pour des échanges plus informels sur le plan culturel, sportif ou tout simplement humain, c'est toujours un plaisir de les retrouver. Je remercie aussi Monsieur Claude Guédât pour la confiance qu'il m'a accordée lors mon arrivée dans son département.

Merci aux douze promotions d'étudiants du département Télécommunications, pour leur dynamisme, leur motivation, la pertinence de leurs questions et la nouveauté de leur regard qui oblige continuellement à se remettre en question.

Sur le plan personnel, je remercie mes amis et les personnes de mon entourage, plus particulièrement Cristina et Mélanie, qui ont contribué à leur façon à l'accomplissement de ce travail.

Je remercie chaleureusement mes beaux-parents Marcelle et Jean-Paul pour leur aide et leur soutien et pour leur présence auprès des enfants que j'ai délaissés quelque temps pour finaliser ce mémoire.

Une pensée toute particulière pour mes parents : à mon père, et à ma mère pour sa bienveillance, son soutien indéfectible, son travail quotidien et sa patience avec les garçons : elle est pour moi un modèle d'énergie, de travail et d'abnégation.

Merci à Lionel, pour ses encouragements, son dévouement et sa patience, surtout dans ces derniers mois : je lui souhaite à mon tour bon courage pour ses nouveaux projets.

Merci enfin à TERENCE, Léandre et Pierre pour toute la joie, la force et la fierté qu'ils me donnent : qu'ils me pardonnent encore si je ne suis pas aussi disponible que je le devrais ou qu'ils le voudraient...

Table des matières

Introduction	17
--------------------	----

Partie 1.	Prise en compte de l'information multidimensionnelle et hétérogène	21
------------------	---	-----------

<u>Chapitre I.</u>	Introduction à la première partie.....	23
--------------------	--	----

<u>Chapitre II.</u>	Fusion de données par la théorie de Dempster Shafer	25
---------------------	---	----

1.	Introduction.....	25
----	-------------------	----

2.	Architecture modulaire pour l'aide à la décision	25
----	--	----

2.1	Contexte	25
-----	----------	----

2.2	Système modulaire de fusion	26
-----	-----------------------------	----

2.2.1	Analyse fonctionnelle.....	26
-------	----------------------------	----

2.2.2	Architecture de fusion	26
-------	------------------------------	----

2.2.3	Module de conversion numérique/symbolique.....	27
-------	--	----

2.2.4	Module de combinaison	28
-------	-----------------------------	----

2.2.5	Compte rendu du résultat de la fusion	29
-------	---	----

2.3	Application : aide au diagnostic de la viabilité myocardique	29
-----	--	----

2.3.1	Viabilité myocardique	29
-------	-----------------------------	----

2.3.2	Paramètres à fusionner	30
-------	------------------------------	----

2.3.3	Architecture de fusion	31
-------	------------------------------	----

2.3.4	Modules de conversion numérique/symbolique	31
-------	--	----

2.3.5	Modules de combinaison.....	32
-------	-----------------------------	----

2.3.6	Résultats	33
-------	-----------------	----

2.3.7	Conclusion	34
-------	------------------	----

3.	Dempster-Shafer modifié pour un système CAD	34
----	---	----

3.1	Contexte	34
3.2	Description du système CAD	35
3.3	Solutions envisagées pour le système CAD	35
3.3.1	Simple application de la théorie de Dempster-Shafer.....	35
3.3.2	Modification de la théorie de Dempster-Shafer.....	37
3.4	Application : détection de tumeurs à partir d'une base d'images TEP simulées	38
3.4.1	Base d'images test : « OncoPET_DB ».....	38
3.4.2	Analyse de la performance pour la détection de tumeur.....	39
3.4.3	Critère d'évaluation d'un système CAD	39
3.4.4	Résultats.....	40
3.4.5	Conclusion	42
4.	Bilan et perspectives	42
5.	Bibliographie personnelle du chapitre	43
Chapitre III. Filtrage par approche Mean Shift.....		45
1.	Introduction.....	45
2.	Contexte méthodologique	45
2.1	Estimation non paramétrique par noyau et paramètres d'échelle	45
2.1.1	Définitions.....	45
2.1.2	Estimation par noyau de données monodimensionnelles	46
2.1.2.1	<i>Estimateur par noyau univariable.....</i>	<i>46</i>
2.1.2.2	<i>Optimisation de l'estimation</i>	<i>46</i>
2.1.3	Estimation par noyau de données multidimensionnelles	47
2.1.3.1	<i>Estimateur par noyau multivariable.....</i>	<i>47</i>
2.1.3.2	<i>Matrice de paramètres d'échelle.....</i>	<i>47</i>
2.1.3.3	<i>Différents types des noyaux.....</i>	<i>48</i>
2.1.3.4	<i>Profil du noyau</i>	<i>49</i>
2.1.3.5	<i>Optimisation de l'estimation multidimensionnelle</i>	<i>50</i>
2.2	Principe du « Mean Shift »	50
2.2.1	Modes d'une densité.....	50
2.2.2	Gradient de la densité et ses racines	51
2.2.3	Calcul itératif des racines du gradient de l'estimation.....	52
2.2.4	Procédures « Mean Shift »	52
2.2.4.1	<i>Approche blurring.....</i>	<i>53</i>
2.2.4.2	<i>Approche non-blurring.....</i>	<i>54</i>
2.3	Filtrage Mean Shift	54
2.3.1	Positionnement du filtrage Mean Shift par rapport aux autres méthodes de filtrage adaptatif	54
2.3.1.1	<i>Diffusion anisotrope.....</i>	<i>55</i>
2.3.1.2	<i>Filtrage bilatéral.....</i>	<i>55</i>
2.3.1.3	<i>Apport du filtrage Mean Shift.....</i>	<i>56</i>
2.3.2	Principe du filtrage Mean Shift	56
3.	Filtrage Mean Shift adaptatif avec prise en compte de la résolution spatiale du système d'acquisition.....	56
3.1	Principe des paramètres d'échelle variables	57
3.2	Choix de la largeur de bande adaptative	58
3.2.1	Largeur de bande adaptative en amplitude $h_{i,r}$	59

3.2.2	Largeurs de bande adaptatives spatiales $h_{i,s1}$ and $h_{i,s2}$: lien avec la résolution spatiale du système d'acquisition	59
3.3	Filtrage adaptatif avec prise en compte de la résolution spatiale	60
4.	Filtrage Mean Shift multiparamétrique hybride	60
4.1	Filtrage Mean Shift multiparamétrique (MSMP)	60
4.2	Principe du MSMP hybride	60
5.	Applications à l'imagerie ultrasonore	62
5.1	Contexte de l'imagerie ultrasonore	62
5.2	Images ultrasonores simulées	62
5.2.1	Fantôme numérique	62
5.2.2	Résolution latérale de la sonde	62
5.2.3	Données ultrasonores et images paramétriques	63
5.3	Filtrage Mean Shift adaptatif de l'enveloppe avec prise en compte de la résolution spatiale de la sonde ultrasonore (MSA A+S)	63
5.4	Filtrage Mean Shift multiparamétrique hybride (MSMP hybride)	66
6.	Bilan et perspectives	70
7.	Bibliographie personnelle du chapitre	70
Chapitre IV.	Conclusion de la première partie	73
<hr/>		
Partie 2.	Segmentation par Croissance de Région	77
<hr/>		
Chapitre V.	Introduction à la deuxième partie	79
Chapitre VI.	Optimisation de la segmentation	83
1.	Introduction	83
2.	Evaluation et optimisation	83
2.1	Evaluation et optimisation d'un paramètre pilotant un algorithme de croissance de région	83
2.1.1	Contexte	83
2.1.2	Principe de la méthode	84
2.1.3	Fonctions d'évaluation	85
2.1.3.1	Notations	85
2.1.3.2	Critères contour	85
2.1.3.3	Critères région	86
2.1.4	Test sur une image synthétique	87
2.2	Evaluation et optimisation de la qualité de la segmentation par une imagerie de référence	89
2.2.1	Principe de l'évaluation	89
3.	Applications à l'imagerie IRM	90
3.1	Contexte applicatif	90

3.2	Segmentation d'images IRM par croissance de région optimisée	91
3.2.1	Images IRM haute résolution d'os trabéculaire.....	91
3.2.2	Résultats de la croissance de région optimisée.....	92
3.3	Validation d'un algorithme de segmentation par l'imagerie de référence SR μ CT	94
3.3.1	Schéma d'évaluation appliqué à l'imagerie osseuse.....	94
3.3.2	Résultat de l'évaluation.....	95
4.	Bilan et perspectives	96
5.	Bibliographie personnelle du chapitre	97
Chapitre VII. Formalismes pour la croissance de région.....		99
1.	Introduction.....	99
2.	Formalisme dans l'ensemble des caractéristiques (FSRG).....	99
2.1	Définitions	99
2.1.1	Région.....	99
2.1.2	Noyau.....	100
2.1.3	Voisinage robuste.....	101
2.2	Principe de FSRG	102
2.2.1	Processus itératif	102
2.2.2	Bande étroite $B^{[t]}$	102
2.3	Deux dérivations de FSRG	102
2.3.1	Croissance de région n-dimensionnelle (CRN).....	102
2.3.2	Croissance de région adaptative (CRA)	103
3.	Formalisme variationnel (VRG)	104
3.1	Définitions	104
3.1.1	Représentation d'une région.....	104
3.1.2	ϵ -Voisinage.....	104
3.2	Principe de VRG	105
3.2.1	Segmentation par approche variationnelle.....	105
3.2.2	Equation d'évolution.....	105
3.2.3	Zone de test.....	106
3.2.4	Variation d'énergie.....	106
3.2.5	Exemple d'énergie basée région.....	107
3.2.6	Algorithme de la croissance de région variationnelle.....	107
3.3	Une dérivation de VRG : croissance de région par séparation de densités (CRSD)	108
4.	Applications.....	109
4.1	Formalisme FSRG : CRN	109
4.2	Formalisme FSRG : CRA	111
4.3	Formalisme VRG: CRSD	113
5.	Bilan et perspectives	115
6.	Bibliographie personnelle du chapitre	116
Chapitre VIII. Intégration d'a priori de forme.....		117

1. Introduction.....	117
2. Energie basée modèle	117
2.1 Exemple avec les descripteurs de Chebyshev	117
2.2 Energie d'a priori de forme	118
2.3 Variation de l'énergie d'a priori de forme	119
2.4 Energie totale	119
3. Energie basée sur une caractéristique de forme	120
4. Illustration de l'apport de l'a priori de forme	121
4.1 Croissance de région variationnelle avec une énergie basée modèle (VRG _{J_T})	121
4.2 Croissance de région variationnelle avec une énergie basée sur une caractéristique de forme (VRG _{J_{FS}})	122
5. Applications à l'imagerie biomédicale	123
5.1 Segmentation de reins de souris à partir d'images μ CT à rayons X	124
5.1.1 Contexte	124
5.1.2 Résultats.....	124
5.2 Segmentation du réseau lacuno-canaliculaire dans un tissu osseux à partir d'images SR μ CT	126
5.2.1 Contexte	126
5.2.2 Résultats.....	126
6. Bilan et perspectives	127
7. Bibliographie personnelle du chapitre	128
Chapitre IX. Conclusion de la deuxième partie	131
<hr/>	
Partie 3. Synthèse des activités	133
<hr/>	
Chapitre X. Curriculum vitae.....	135
Chapitre XI. Synthèse des activités de recherche	139
1. Activités de recherche doctorales.....	139
2. Activités de recherche post-doctorales	140
2.1 Contexte et vue d'ensemble	140
2.2 Fusion de données par la théorie de Dempster Shafer	141
2.3 Filtrage Mean Shift	141
2.4 Evaluation et optimisation de la segmentation	142
2.5 Formalismes pour la croissance de région	142
2.6 Intégration d'a priori de forme dans la segmentation	143
3. Projet scientifique à court terme	143
4. Collaborations scientifiques et activités contractuelles.....	145

4.1	Participation aux GDRs	145
4.2	Labex PRIMES (depuis 2012)	146
4.3	Projets en imagerie osseuse (depuis 2000)	146
4.4	ESRF, ID19 (depuis 2000)	146
4.5	Cermep, Lyon (depuis 2001)	146
4.6	Plate-forme Animage (2001-2008)	147
4.7	Laboratoire LRMN, Lyon (2000-2002)	147
4.8	LE2I, Université de Bourgogne (2005-2010)	147
4.9	Institut Camille Jordan, Lyon (2005-2008)	147
4.10	Université de Bucarest, Roumanie (2009-2012)	147
4.11	Université de Bogota, Colombie (depuis 2010)	147
4.12	NHLL, Imperial College London, UK (depuis 2011)	148
4.13	Université de Caroline du Nord, Chapel Hill, USA (depuis 2011)	148
5.	Encadrement de jeunes chercheurs.....	148
5.1	Encadrement de thèses	148
5.2	Encadrement de DEA et de Master recherche	149
6.	Activité de révisions et évaluation scientifique	150
7.	Publications	150
7.1	Vue d'ensemble	150
7.2	Publications dans des revues internationales	152
7.3	Communications dans des conférences nationales et internationales avec actes et comité de lecture	153
7.3.1	2007-2012	153
7.3.2	2002-2006	155
7.3.3	1993-2001	156
7.4	Communications invitées	156
7.5	Chapitre d'ouvrage	156
7.6	Communications sans actes	156
7.7	Divers	157
Chapitre XII.	Synthèse des activités d'enseignement.....	159
1.	Activités d'enseignement en tant que moniteur	159
2.	Activités d'enseignement en tant qu'ATER	160
3.	Activités d'enseignement en tant que Maître de Conférences	163
3.1	Vue d'ensemble	163
3.2	Enseignements au département Télécommunications de l'INSA Lyon	166
3.3	Enseignements en International Master Embedded Systems & Medical Image Engineering (IMESI), INSA Lyon et CPE-Lyon	167
3.4	Enseignements en Information Science & Technology Semester (IST), INSA Lyon	167
Chapitre XIII.	Responsabilités collectives et administratives.....	169
1.	Responsabilités au sein de CREATIS	169
2.	Responsabilités au sein du département Télécommunications de l'INSA Lyon	169

Conclusion	171
Références bibliographiques.....	173
Annexe.....	183
Recueil de publications	187

Introduction

Après avoir exercé près de douze ans ma profession de Maître de Conférences à l'INSA de Lyon, je souhaite présenter mon habilitation à diriger des recherches (HDR) pour des raisons personnelles mais également collectives. Cette étape dans ma carrière universitaire est un moyen de faire reconnaître la pertinence de mes activités de recherche dans le domaine du traitement d'images médicales, mes capacités d'encadrement de jeunes chercheurs et mon aptitude à mettre en œuvre une stratégie de recherche sur le long terme pour lever des verrous technologiques et scientifiques qui limitent l'exploitation des données par les experts médicaux. Du point de vue collectif, je serai heureuse de soutenir le nombre de permanents HDR au niveau de l'INSA ou du laboratoire, et de contribuer ainsi au renforcement de notre positionnement lors des procédures d'évaluation ou d'attribution de financements pour la recherche.

Je présente dans ce document mes principaux travaux de recherche réalisés au laboratoire CREATIS (CNRS UMR 5220, Inserm U1044, Université de Lyon 1, INSA Lyon) depuis mon recrutement en tant que Maître de Conférences en septembre 2000. Après avoir réalisé une thèse en segmentation d'images tridimensionnelles appliquée à l'imagerie odontologique à l'Université de Saint Etienne, j'ai eu le privilège de pouvoir poursuivre ma recherche en imagerie médicale au sein de CREATIS, entité qui profite de la synergie de trois communautés scientifiques: les chercheurs et cliniciens des sciences du vivant, les spécialistes de l'imagerie et des systèmes d'acquisition (Rayons X, IRM, SRM, RF US, SR μ CT, TEP, imagerie optique) et les chercheurs en traitement d'image. En tant que membre du thème « imagerie volumique » devenu équipe 2 « Images et modèles » en 2009, ma mission a été de concevoir de nouvelles méthodes pour extraire des paramètres quantitatifs à partir d'images de modalité variée et prendre en compte l'ensemble de ces données hétérogènes dans un processus décisionnel. Durant ces années, j'ai fait le choix de ne pas me focaliser sur un type d'imagerie mais de privilégier la généralité des méthodes proposées. Cette stratégie est à l'origine du rayonnement de nos travaux vers les autres équipes de CREATIS, plus spécialisées sur l'application médicale ou sur la physique de l'acquisition (Figure 1). Partant des caractéristiques communes à l'ensemble des données de l'imagerie médicale, à savoir leur nature multidimensionnelle et

hétérogène, j'ai développé des méthodes suivant trois axes de recherche : en fusion, filtrage et segmentation d'images. Pour répondre aux verrous rencontrés dans chacune de ces thématiques, nous nous sommes appuyés sur des cadres formels tels que la théorie de Dempster-Shafer, l'estimation non paramétrique de densité par noyau et la procédure Mean Shift, et l'approche variationnelle de la segmentation.

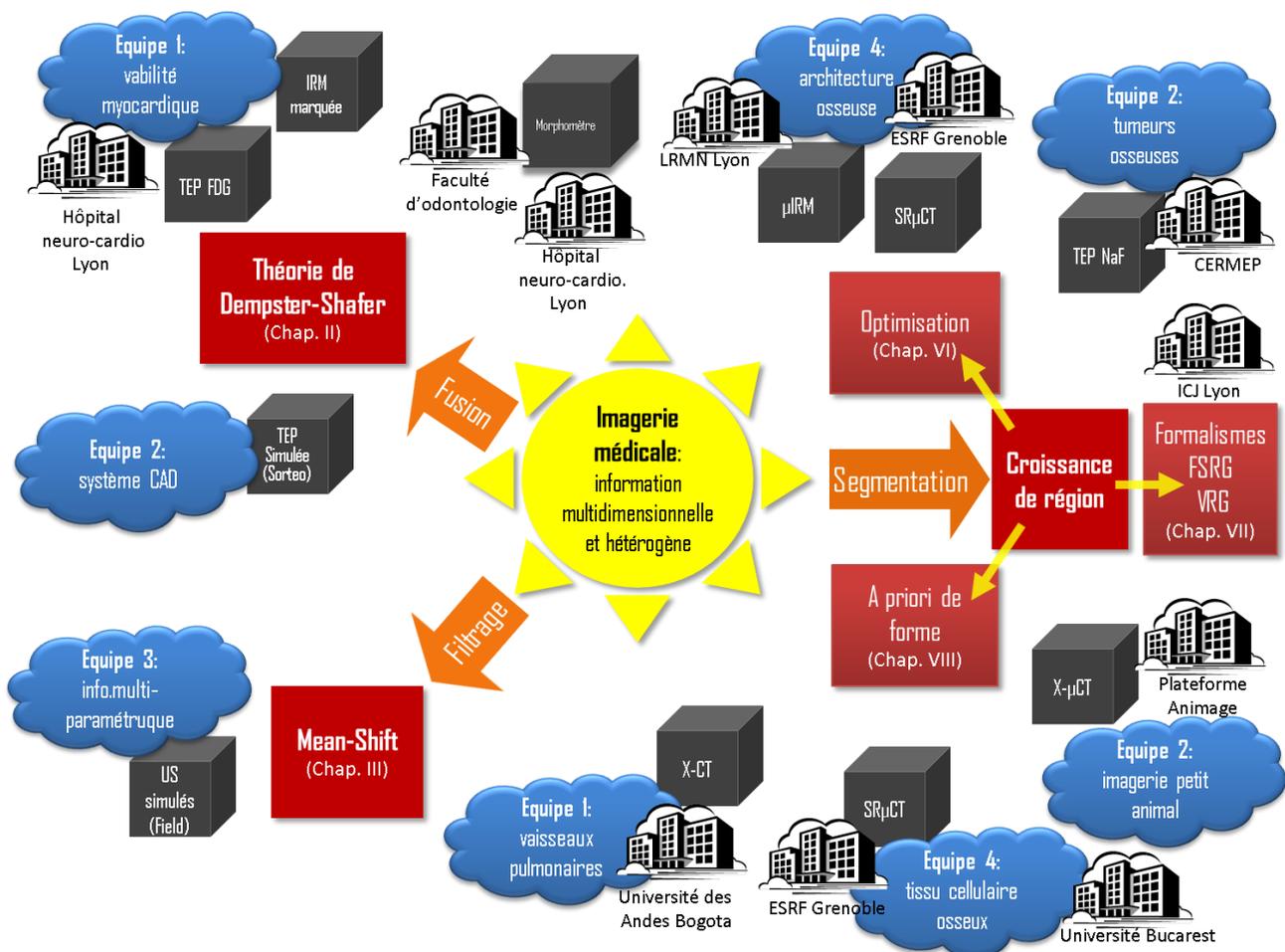


Figure 1: Positionnement de nos trois principaux axes de recherche dans le contexte de l'imagerie médicale. Synoptique de nos contributions méthodologiques, de leurs applications et de nos diverses collaborations.

J'ai structuré ce document en trois parties. La première partie présente des travaux dédiés à la prise en compte de l'information multidimensionnelle et hétérogène, avec un premier chapitre consacré à la fusion de données par la théorie de Dempster-Shafer (Chapitre II) et un deuxième chapitre portant sur le filtrage par approche Mean-Shift (Chapitre III). La deuxième partie du document décrit des recherches liées à la segmentation d'image par croissance de région : un chapitre porte sur l'évaluation et l'optimisation (Chapitre VI), un second présente deux formalismes décrivant la croissance de région dans des contextes mathématiques rigoureux (Chapitre VII) et un troisième traite spécifiquement de l'intégration d'a priori de forme dans la croissance de région

(Chapitre VIII). La troisième partie du document donne une synthèse de mes activités en recherche et en enseignement et de mes responsabilités collectives. La conclusion générale de ce document présente les prochaines orientations et évolutions de mes thématiques de recherche. Une annexe détaillant quelques aspects théoriques du Chapitre III, la liste des références bibliographiques et un recueil de quelques publications complètent ce mémoire.

Première Partie

Prise en compte de l'information multidimensionnelle et hétérogène

Chapitre I	Introduction à la première partie
Chapitre II	Fusion de données par la théorie de Dempster Shafer
Chapitre III	Filtrage par approche Mean Shift
Chapitre IV	Conclusion de la première partie

Chapitre I

INTRODUCTION A LA PREMIERE PARTIE

La première partie de ce document présente mes contributions méthodologiques pour prendre en compte les données multidimensionnelles et hétérogènes issues de l'imagerie médicale, dans les domaines de la fusion et du filtrage (Figure I. 1). Le chapitre II détaille deux systèmes d'aide à la décision reposant sur la fusion de données par la théorie de Dempster-Shafer. Le chapitre III expose deux méthodes de filtrage dérivées du filtrage « Mean Shift ».

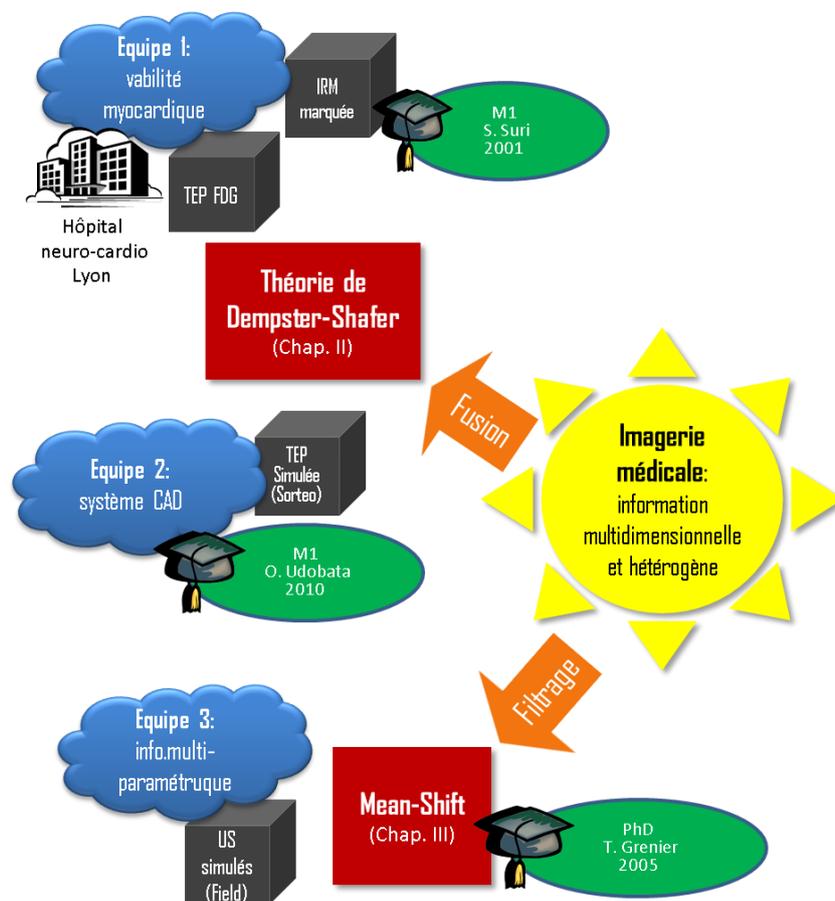


Figure I. 1: Synoptique de nos contributions méthodologiques en fusion et filtrage d'images médicales et de leur rayonnement vers diverses équipes et applications de CREATIS. Les étudiants de master (M1) et de thèse (PhD) que j'ai encadrés sur ces sujets sont également mentionnés.

Dès mon arrivée à CREATIS, j'ai voulu élargir mes compétences à d'autres techniques que la segmentation d'image. Même si historiquement, j'ai été recrutée par le thème « imagerie volumique », la prise en compte uniquement du caractère tridimensionnel des images m'est apparue réductrice. Avec le développement des systèmes d'acquisition et la diversité des modalités, il m'a

semblé indispensable de me tourner vers des techniques capables d'intégrer l'ensemble des informations disponibles pour un objet d'intérêt. L'image ne peut plus être assimilée comme classiquement, à une fonction d'intensité évoluant sur un domaine 2D ou 3D, mais elle doit se concevoir comme un ensemble d'observations dans un espace à n dimensions. Ajouté à la dimensionnalité élevée l'espace, se pose aussi le problème de l'hétérogénéité des données : à titre d'exemple, comment traiter conjointement l'information anatomique fournie par l'imagerie tomodensitométrique à rayons X ou par résonance magnétique (IRM) avec celle provenant de l'imagerie fonctionnelle telle que la tomographie à émission de positons (TEP), la scintigraphie (SPECT) ou l'IRM à agent de contraste ? Comment traiter des données dont la résolution peut varier de plusieurs millimètres à moins d'une centaine de micromètres ? Sous un angle plus large, comment compléter des informations quantitatives obtenues par l'imagerie par des informations sémantiques fournies par les données patient (âge, taille, antécédents, etc.).

Ce questionnement m'a conduit à l'approfondissement de deux techniques : i) la fusion de données par la théorie de Dempster-Shafer, bien appropriée au traitement des données hétérogènes, à la gestion de l'incertitude des sources et dans certaines circonstances à l'absence de connaissance et ii) le filtrage par Mean Shift, capable d'opérer directement dans un espace multidimensionnel appelé espace des caractéristiques et de s'adapter aux variations d'échelle dans une image.

Les deux chapitres suivants détaillent l'apport de ma recherche suivant les deux axes mentionnés.

Chapitre II

FUSION DE DONNEES PAR LA THEORIE DE DEMPSTER SHAFER

1. INTRODUCTION

Dans un processus décisionnel, il est généralement admis que la combinaison de deux ou plusieurs sources d'information conduit à des résultats meilleurs et plus fiables, que la prise en compte d'une seule source. L'analyse des informations fournies par plusieurs entrées permet d'augmenter considérablement la confiance que l'on a dans la décision finale : ces entrées pouvant en effet contenir des informations complémentaires ou valider mutuellement leurs données. Cette idée est à la base de la fusion de données.

La fusion de données et plus généralement la fusion d'information nécessite un cadre théorique pour manipuler et combiner des sources d'information d'origine variée. La théorie de l'évidence [Dempster, 1968; Shafer, 1976; Smets, 1991; Sentz, 2002] offre un cadre formel adapté à la représentation d'informations extraites des données en vue de leur fusion. Le double avantage de cette théorie est sa capacité à modéliser le doute, en associant un degré de confiance à l'information extraite et l'ignorance, lorsqu'il n'est pas possible de choisir entre deux hypothèses.

Dans ce chapitre, je présente deux projets d'aide à la décision dans le contexte médical basé sur la théorie de Dempster-Shafer. Le premier projet a été développé lors de mes premières années à CREATIS pour offrir une réponse aux besoins de fusion, récurrents dans plusieurs équipes de recherche [Muller, 2001; Revol-Muller, 2001; Rombaut, 2001]. C'est un système qui permet de définir une architecture de fusion « à la carte » i.e spécifique à l'application visée, d'effectuer la fusion des données d'entrée en fonction de cette architecture et d'afficher le rapport de son analyse via une interface graphique pour guider l'utilisateur dans sa décision. Après une phase de prototypage sous Matlab, le logiciel a été programmé en Tcl/Tk au cours d'un stage de 6 mois niveau Master I (S. Suri, 2001). Le second projet concerne des travaux plus récents visant à mettre en œuvre un système d'aide à la détection de tumeurs. Sa principale innovation est de modifier par une approche floue le schéma de fusion établi par la théorie de Dempster Shafer, de manière à mieux gérer le conflit entre deux sources. L'étude a été conduite durant un stage de 6 mois de Master I (O. Udobata, 2010) [Udobata, 2011].

2. ARCHITECTURE MODULAIRE POUR L'AIDE A LA DECISION

2.1 Contexte

Le diagnostic médical tel que l'estimation de la viabilité myocardique résulte de l'intégration de nombreux phénomènes complexes, dont l'interaction ne peut être précisément décrite par les spécialistes. De plus, la compréhension des phénomènes physiopathologiques évolue et s'affine constamment, ce qui nécessite de prendre en compte de nouveaux paramètres. Pour répondre à ces

besoins, nous avons proposé un système de fusion modulaire et évolutif pour faciliter l'analyse des spécialistes médicaux, leur permettre de tester de nouvelles combinaisons de paramètres et définir aisément de nouvelles architectures de fusion. Du point de vue applicatif, ce travail fait suite à une première étude réalisée à CREATIS par F. Behloul sur l'estimation de la viabilité myocardique basée sur une approche de fusion par logique floue [Behloul, 1998].

2.2 Système modulaire de fusion

2.2.1 Analyse fonctionnelle

Le système de fusion répond à un certain nombre de contraintes et d'objectifs :

1. Assistance au diagnostic : le système ne se substitue pas à l'expert, mais doit l'aider à prendre sa décision finale en lui fournissant les éléments utiles quand ils sont évaluables.
2. Explication : les données et les résultats des combinaisons partielles/finales doivent avoir un sens pour l'utilisateur.
3. Règles de décision : basées sur la connaissance de l'expert clinique, elles doivent pouvoir facilement évoluer.
4. Flexibilité de l'architecture de fusion : afin d'évaluer l'influence et le poids d'un paramètre dans le diagnostic, l'architecture de fusion doit être facilement modifiable.
5. Modules paramétrables : les modules élémentaires du système doivent se configurer et se changer facilement (paramètres, règles).
6. Types de données : le système doit être capable de gérer des données de nature hétérogène (taux de captation d'un radiotracteur, mesure de contractilité cardiaque, données patient etc.).

2.2.2 Architecture de fusion

Pour répondre aux besoins précédemment exprimés, nous avons développé un système modulaire de fusion capable de construire n'importe quelle architecture de fusion reposant sur des combinaisons deux à deux de paramètres. Une architecture de fusion élémentaire est illustrée dans Figure II. 1. Elle correspond à une chaîne de traitement de données mettant en œuvre deux types de modules : i) les modules de conversion numérique/symbolique appelés « Num2Symb » et ii) les modules de combinaison. Les premiers interprètent les valeurs numériques associées aux paramètres quantitatifs et les traduisent en grandeurs symboliques (exemple « basse », « moyenne », « haute »). Les seconds opèrent à la combinaison des données symboliques de manière à offrir une information plus synthétique. Dans les deux cas, la configuration de ces modules repose sur la connaissance a priori apportée par les experts. Figure II. 1 illustre la fusion de deux paramètres d'entrée X et Y. Les données numériques d'entrée sont typographiquement représentées par des variables en majuscules italiennes. Converties par les modules Num2Symb, les nouvelles variables symboliques apparaissent en majuscules dans les ellipsoïdes grises. Elles sont ensuite fusionnées par un module de combinaison pour donner le paramètre de sortie Z. Une architecture de fusion plus complexe s'obtient par la cascade de plusieurs cellules élémentaires de ce type et par fusions successives de paramètres deux à deux jusqu'à l'obtention d'un seul paramètre de sortie

correspondant à la variable associée au diagnostic recherché.

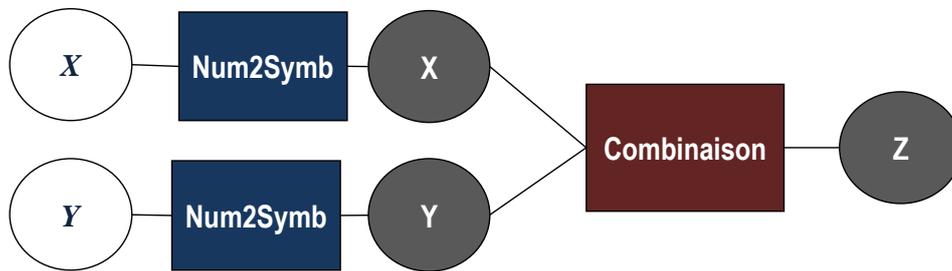


Figure II. 1: Simple architecture de fusion.

2.2.3 Module de conversion numérique/symbolique

Pour un paramètre numérique d'entrée, ce module associe pour chacune de ses valeurs possibles une confiance définie sur les différentes propositions symboliques associées à cette variable (exemple $T=40^\circ$, la température est haute). La confiance est modélisée par une distribution de masse d'évidence, telle que représentée dans Figure II. 2.

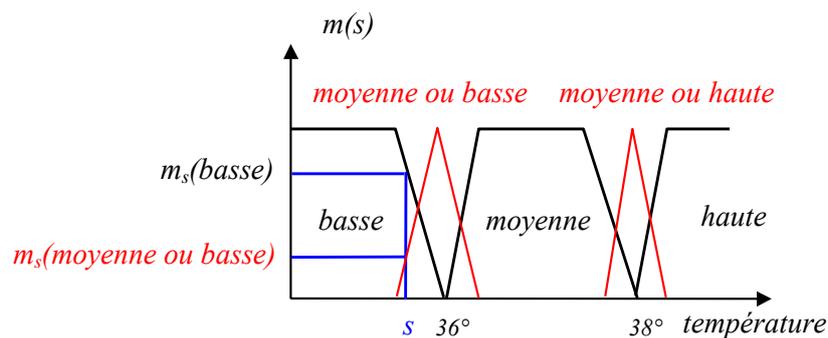


Figure II. 2: Conversion numérique/symbolique.

De manière générale, un paramètre d'entrée X défini sur un intervalle I_X est associé à un ensemble d'hypothèses $\Omega_X = \{H_X^i\}$. Chaque hypothèse simple est définie par une fonction trapézoïdale mais également chaque proposition résultant de l'union de plusieurs hypothèses. Ainsi, le doute entre deux hypothèses consécutives est modélisé par $H_X^i \cup H_X^{i+1}$. La fonction m_X , appelée distribution de masse modélise la confiance qu'une valeur numérique $x \in I_X$ appartienne aux différentes propositions A_X^i définies par les sous-ensembles de Ω_X . L'ensemble de toutes les propositions possibles est appelé espace de discernement et se note 2^{Ω_X} . Figure II. 3 présente une illustration de cette distribution de masse.

$$\begin{aligned}
 m_X : \quad & 2^{\Omega_X} \rightarrow [0,1] \\
 & A_X^i \mapsto m_X(A_X^i)
 \end{aligned}
 \tag{II.1}$$

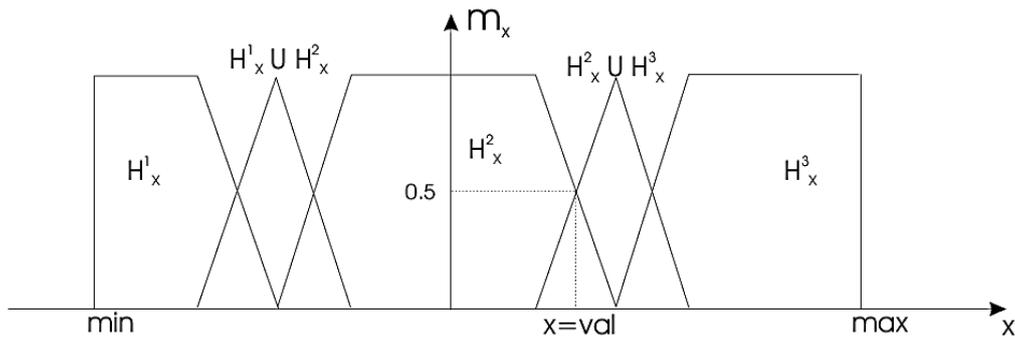


Figure II. 3: Distribution de masse associée à un paramètre X dans un module de conversion numérique/symbolique.

2.2.4 Module de combinaison

Les modules de fusion sont décrits par des règles logiques liant les descripteurs symboliques des variables d'entrée aux descripteurs symboliques de la variable de sortie. Leur rôle est de calculer la confiance sur les propositions de la variable de sortie par la combinaison des confiances des variables d'entrée. Les règles de combinaison sont décrites par une table de décision basée sur la connaissance des experts.

A titre d'exemple, supposons que les ensembles d'hypothèses liés aux paramètres d'entrée X, Y et de sortie Z soient les suivants : $\Omega_X = \{H_X^1, H_X^2, H_X^3\}$, $\Omega_Y = \{H_Y^1, H_Y^2, H_Y^3\}$ et $\Omega_Z = \{H_Z^1, H_Z^2, H_Z^3\}$, Tableau II. 1 fournit les règles de combinaison permettant de déterminer la variable de sortie Z à partir des hypothèses singletons de X et Y .

Variable de sortie Z		Hypothèses de X		
		H_X^1	H_X^2	H_X^3
Hypothèses de Y	H_Y^1	H_Z^1	H_Z^1	H_Z^1
	H_Y^2	H_Z^2	H_Z^3	H_Z^1
	H_Y^3	H_Z^2	H_Z^2	H_Z^2

Tableau II. 1: Règles de combinaison pour la détermination de Z , définies à partir des hypothèses singletons de X et Y .

Cependant, comme la combinaison se fait à partir de l'ensemble des propositions et non seulement à partir des hypothèses singletons, la table de décision est étendue comme indiqué dans Tableau II. 2.

Variable de sortie Z		Propositions de X				
		H_X^1	H_X^2	H_X^3	$H_X^1 \cup H_X^2$	$H_X^2 \cup H_X^3$
Propositions de Y	H_Y^1	H_Z^1	H_Z^1	H_Z^1	H_Z^1	H_Z^1
	H_Y^2	H_Z^2	H_Z^3	H_Z^1	$H_Z^2 \cup H_Z^3$	$H_Z^1 \cup H_Z^3$
	H_Y^3	H_Z^2	H_Z^2	H_Z^2	H_Z^2	H_Z^2
	$H_Y^1 \cup H_Y^2$	$H_Z^1 \cup H_Z^2$	$H_Z^1 \cup H_Z^3$	H_Z^1	$H_Z^1 \cup H_Z^2 \cup H_Z^3$	$H_Z^1 \cup H_Z^3$
	$H_Y^2 \cup H_Y^3$	H_Z^2	$H_Z^2 \cup H_Z^3$	$H_Z^1 \cup H_Z^2$	$H_Z^2 \cup H_Z^3$	$H_Z^1 \cup H_Z^2 \cup H_Z^3$

Tableau II. 2: Règles de combinaison étendue définies à partir des propositions de X et Y pour la détermination de Z .

2.2.5 Compte rendu du résultat de la fusion

Les précédents modules modélisent la connaissance des experts médicaux et sont indépendants de la phase de traitement des données conduisant au diagnostic. Néanmoins, le traitement des données spécifiques d'un patient s'appuie sur ces modules.

Etant donnée une valeur numérique x d'une variable X , la masse de croyance m_x se calcule à partir du modèle défini dans le module Num2Symb associé à cette variable. L'étape de fusion s'appuie sur le tableau de combinaison. La masse de croyance m_z de la variable de sortie Z est alors calculée à partir de la règle de combinaison conjonctive de Dempster dans sa forme non-normalisée. Par exemple, si X et Y sont les variables numériques et A, B et C des propositions de 2^Ω , on obtient :

$$m_z(A) = m_x \oplus m_y(A) = \sum_{A=B \cap C} m_x(B) \cdot m_y(C) \tag{II.2}$$

2.3 Application : aide au diagnostic de la viabilité myocardique

2.3.1 Viabilité myocardique

L'évaluation de la viabilité myocardique est un enjeu important dans la recherche sur la maladie des artères coronaires. Le tissu viable est un tissu sous-perfusé qui peut retrouver un état normal après le rétablissement du flux sanguin. La quantification du tissu viable est déterminant dans le diagnostic médical puisqu'il oriente la décision sur le bénéfique ou non d'une procédure de revascularisation d'un patient [Behloul, 1998]. Pour procéder à une analyse automatique de la viabilité, le système de fusion doit intégrer plusieurs paramètres complémentaires liés au métabolisme du glucose et la fonction contractile. L'évaluation de la fonction contractile s'obtient par l'analyse d'images par résonance magnétique marquées. Cette modalité permet une étude précise de la déformation de la paroi du cœur. Le métabolisme du glucose provient de l'analyse

d'images de Tomographie par Emission de Positons TEP utilisant le traceur ^{18}F -fluorodésoxyglucose en abrégé [18F]FDG. Un exemple de ces images est donné dans Figure II. 4.

2.3.2 Paramètres à fusionner

Les images IRM du cœur sont acquises avec un scanner Siemens vision 1.5 T possédant une résolution temporelle de 35ms : épaisseur des coupes 8mm, orientation du marquage 45 et 135 degrés, FOV 280mm (Figure II. 4a). Sept plans de vue au maximum suivant le petit axe sont acquis sous condition de repos au départ puis sous effort pharmacologique (après injection d'un bolus de dobutamine). L'analyse de la fonction du ventricule gauche à partir des images IRM marquées se fait grâce au logiciel FindTags conçu à l'université de John Hopkins (Baltimore). Deux paramètres sont considérés pour l'évaluation de la fonction contractile : le raccourcissement circonférentiel maximum MS du tenseur de déformation et l'angle A entre le vecteur déplacement et la direction circonférentielle. Ces deux paramètres sont calculés sur les images au repos (MS_r , A_r) et les images sous effort (MS_s , A_s) en fin de diastole. Les volumes TEP sont acquis par un tomographe HR+ (Siemens Erlangen) en mode 3D avec une résolution intrinsèque de (4x4mm). Une heure après le début de la perfusion clamp euglycémique hyperinsulinémique, 3 à 4 mCi de [18F]FDG sont injectés sous forme de bolus lent. L'acquisition est réalisée 45min après cette perfusion et s'effectue en 15min. Le métabolisme du glucose est obtenu par le taux d'absorption du FDG dans chaque région du myocarde (Figure II. 4b).

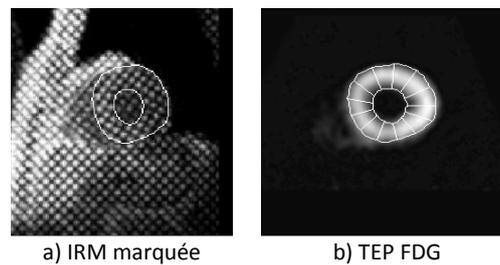


Figure II. 4: Origine des paramètres d'entrée du système de fusion.

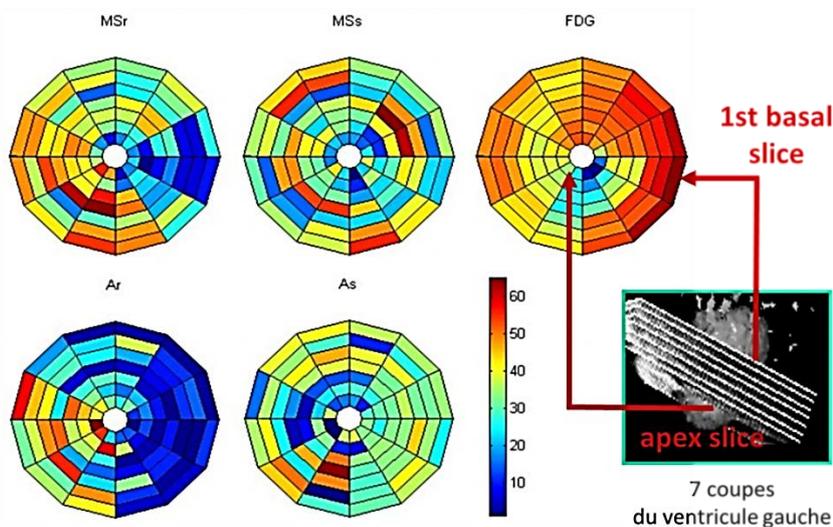


Figure II. 5: Cartes polaires des paramètres numériques d'entrée.

Le recalage des données, problème majeur pour tout système de fusion est réalisé préalablement par le logiciel Cardiofuz conçu à CREATIS. L'architecture de fusion repose donc sur cinq paramètres numériques d'entrée (MSr , Ar , MSs , As , FDG) visualisables sous forme de cartes polaires (Figure II. 5).

2.3.3 Architecture de fusion

L'architecture de fusion développée est décrite dans Figure II. 6. Les entrées numériques MSr , Ar , MSs , As , FDG sont converties en données symboliques par les modules Num2Symb. Ces données symboliques apparaissant dans les ellipses grises sont fusionnées deux par deux jusqu'à l'obtention de la variable recherchée $Viab$. Au cours des étapes intermédiaires, de nouvelles variables symboliques sont créées telles que la fonction contractile au repos CFr , la fonction contractile sous effort CFs et la fonction inotropique FI .

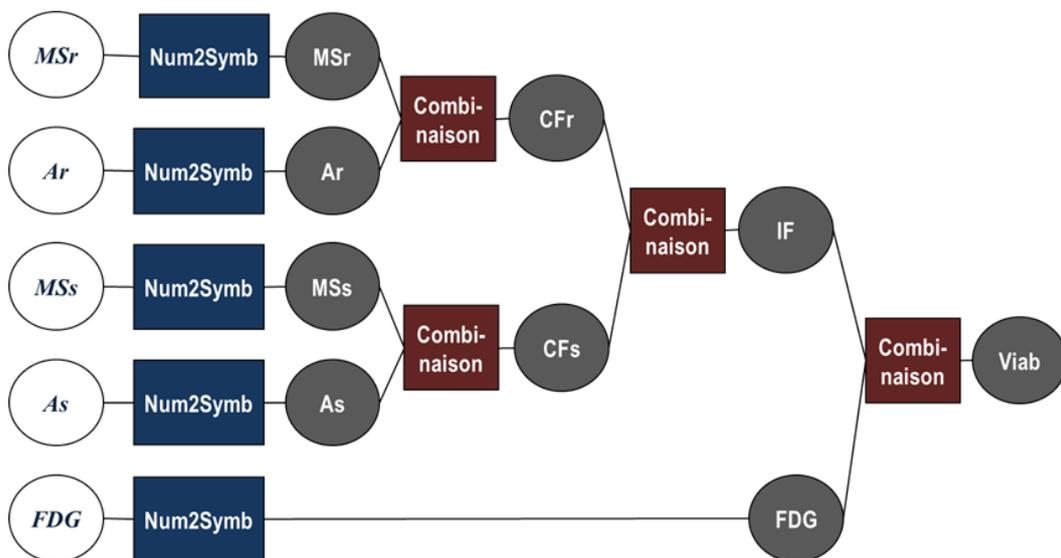


Figure II. 6: Architecture de fusion pour l'estimation de la viabilité myocardique.

2.3.4 Modules de conversion numérique/symbolique

Les modules Num2Symb réalisent la conversion des valeurs numériques de MSr , Ar , MSs , As , FDG en données symboliques. Pour chaque variable numérique, la répartition de la croyance entre les différentes hypothèses nécessite l'aide d'un expert médical pour le choix des seuils des fonctions trapézoïdales. Ces fonctions modélisent la confiance en une valeur numérique pour correspondre aux propositions symboliques associées à chaque variable. Tableau II. 3 présente les variables symboliques et leurs hypothèses associées obtenues à partir des variables numériques. Pour plus de clarté, seules les hypothèses singletons sont mentionnées. Le tableau étendu de toutes les propositions s'obtient facilement par la méthode présentée dans le paragraphe 2.2.3.

MSr	Ar	MSs	As	FDG
Small	Small	Negative	Negative	Small
Large	Large	Zero	Zero	Medium
		Positive	Positive	Large

Tableau II. 3: Hypothèses singletons pour les variables symboliques d’entrée.

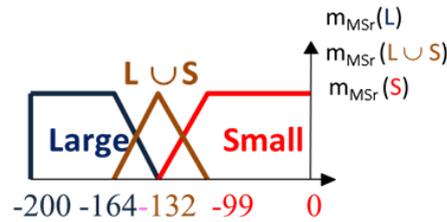


Figure II. 7: Distribution de masse de confiance pour la variable symbolique MSr entre les hypothèses singletons $\{L, S\}$ et la proposition exprimant le doute $\{L \cup S\}$.

2.3.5 Modules de combinaison

La combinaison de deux variables symboliques conduit à une nouvelle variable symbolique qui doit être interprétée par l’expert médical. Une description exhaustive des variables symboliques CFr, CFs, IF et Viab dérivant MSr, MSs, Ar, As et FDG est donnée dans Tableau II. 4. Comme précédemment, seules les hypothèses singletons sont mentionnées.

CFr		CFs		IF		Viab	
ADK	Akinetic or Diskinetic	Lr	Lower	ANI	Akinetic at rest and no improvement	Er	Error: FDG/IF Mismatch
HK	Hypokinetic	Eq	Equal	HNI	Hypokinetic at rest and no improvement	NE	Necrosis
NL	Normal	Hr	Higher	FI	Function improvement	Md	Maimed
				I	Ischemic	MV	Metabolic Viable
				R	Remote	V	Viable
						I	Ischemic
						R	Remote

Tableau II. 4: Hypothèses singletons pour les variables symboliques de sortie. Les règles de combinaison sont formalisées par des tables logiques. Tableau II. 5 donne une vue synthétique des règles de combinaison pour toutes les variables symboliques de sorties.

		MSr	
		S	L
Ar	S	HK	NL
	L	ADK	ADK

		MSs		
		N	Z	P
As	N	Hr	Hr	Hr
	Z	Lr	Eq	Hr
	P	Lr	Lr	Lr

		CFr		
		ADK	HK	NL
CFs	Lr	ANI	HNI	I
	Eq	ANI	HNI	R
	Hr	FI	FI	R

		IF				
		ANI	HNI	FI	I	R
FDG	S	Ne	Md	Er	Er	Er
	M	Md	Md	V	I	R
	L	MV	MV	V	I	R

Tableau II. 5: Règles de combinaison utilisées dans l'architecture de fusion.

2.3.6 Résultats

L'intérêt du système de fusion est de mettre en évidence les régions à risque. A cette fin, la viabilité myocardique est évaluée au niveau de chaque coupe et chaque secteur du ventricule gauche. Le diagnostic est affiché sous forme de cartes de plausibilité pour chaque hypothèse de la variable finale Viab présentée dans Tableau II. 5.

A titre d'illustration, Figure II. 8 présente les cartes polaires résultantes pour les données particulières d'un patient. Il ressort de l'analyse que les secteurs sont principalement viables « V » ou métaboliquement viables « MV ». Quelques secteurs sont endommagés « Maimed » ou ischémiques « I » mais aucun ne sont qualifiés de nécrosés « N »

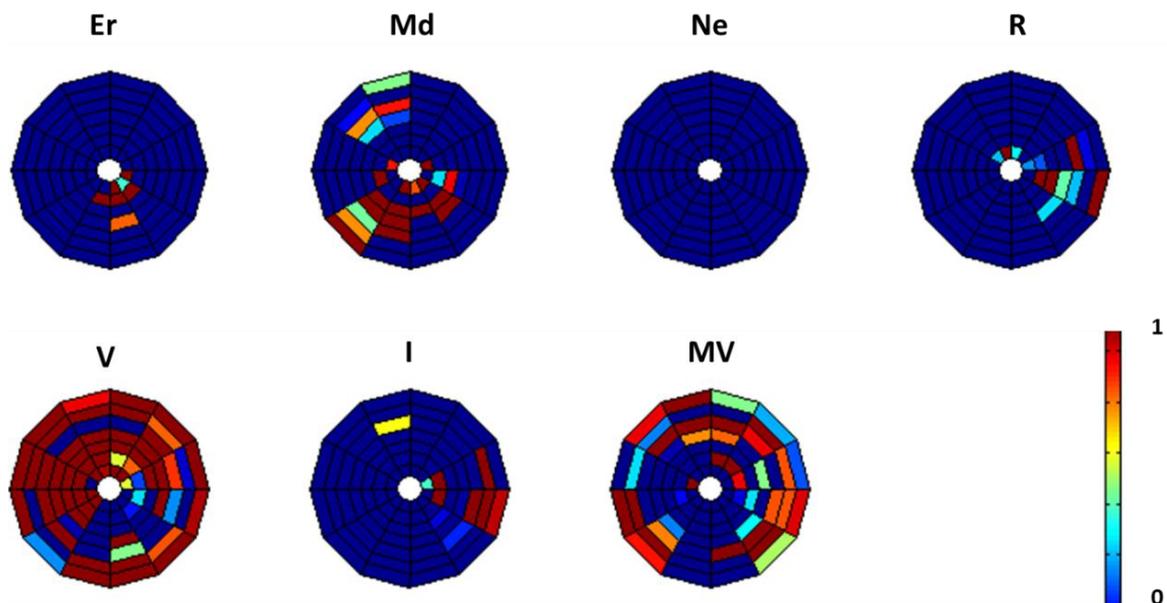


Figure II. 8: Cartes de plausibilité de la viabilité myocardique.

2.3.7 Conclusion

Pour résumer, nous avons proposé un système de fusion de données modulaire basé sur la théorie de Dempster-Shafer. Il met en œuvre des modules de conversion numérique/symbolique et des modules de combinaison capables de s'adapter à la connaissance des spécialistes. Ainsi, des architectures de fusion variées peuvent être construites à partir de ces modules. Une architecture de fusion a été spécifiquement définie pour évaluer la viabilité myocardique. Le diagnostic résulte de la fusion de cinq paramètres d'entrée *MSr*, *Ar*, *MSs*, *As*, *FDG* associée à la fonction contractile et au métabolisme glucidique du ventricule gauche. Il est affiché sous forme de cartes polaires de la masse d'évidence et/ou de la plausibilité de chaque hypothèse.

L'évaluation de l'exactitude du diagnostic a été envisagée par une comparaison des résultats avec des mesures réelles effectuées sur 30 patients avant et après une procédure de revascularisation. Cependant, l'étude clinique n'a pas pu être poursuivie comme prévue.

3. DEMPSTER-SHAFER MODIFIE POUR UN SYSTEME CAD

3.1 Contexte

Le but de ce travail de recherche est d'améliorer une version antérieure d'un système de détection assistée par ordinateur (CAD) dédié au dépistage des tumeurs à partir d'images TEP [Tomei, 2009], en appliquant les techniques de fusion issues de la théorie de Dempster-Shafer. Afin de mieux approcher nos objectifs, nous avons apporté quelques modifications aux règles fixées par la théorie de Dempster-Shafer. Cette nouvelle approche a été testée avec succès sur une série d'images TEP simulées. Le critère de réussite dans ce contexte est une augmentation du taux de détection des vraies tumeurs, associée à une réduction du taux de faux positifs [Udobata, 2011].

Pour faire face aux incertitudes épistémiques des processus de décision, la théorie de l'évidence de Dempster-Shafer et la logique floue ont devancé les traditionnelles méthodes probabilistes. La théorie de Dempster-Shafer est cependant connue pour donner des résultats erronés dans les situations de conflit élevé. Certaines méthodes ont été proposées dans la littérature pour l'amélioration de la théorie de Dempster-Shafer, comme la théorie de Dempster-Shafer pondérée qui suppose d'avoir quelques informations supplémentaires sur les fiabilités relatives des classificateurs [Yu, 2005]. Dans notre projet, nous proposons une autre approche qui consiste à intégrer des concepts flous dans le cadre théorie de Dempster-Shafer. Ce travail a été motivé par le désir d'améliorer les performances d'un système de détection assistée par ordinateur (CAD) dédié à la détection de tumeurs à partir d'images TEP et s'appuyant sur la fusion des cartes des scores de plusieurs classifieurs tels que SVM (Support Vector Machine) et LDA (Linear Discriminant Analysis). Des résultats peu satisfaisants, issus d'une première implantation basée sur une simple fusion binaire, nous ont incités à utiliser la théorie de Dempster-Shafer, d'abord dans sa version originale puis sous une forme modifiée. En effet, pour réduire les fausses détections et pallier les limites inhérentes à la théorie de l'évidence, nous avons introduit de la logique floue dans la définition des hypothèses et proposé de nouvelles règles de combinaison.

3.2 Description du système CAD

Le système CAD utilise les coefficients de la transformée en ondelettes 3D non décimés des images comme caractéristiques discriminantes et s'appuie sur la combinaison de deux classifieurs supervisés [Lartizien, 2009]. Chaque classifieur fournit une carte de score qui indique pour chaque pixel une valeur d'appartenance ou non à une tumeur. Plus cette valeur est élevée, plus la probabilité de présence d'une tumeur est importante. Dans une version antérieure du système CAD, le processus de décision reposait simplement sur un seuillage des deux cartes de score suivi d'un vote à la majorité. Devant sa faible performance en termes de sensibilité, nous avons choisi d'améliorer le processus de fusion. La Figure II. 9 donne le schéma bloc du nouveau système CAD. Les deux cartes de score sont fusionnées par la théorie de Dempster-Shafer. En chaque pixel, on obtient le degré de croyance en l'appartenance à une tumeur [Yager, 1994]. En fixant un seuil sur cette croyance, il est possible classer chaque pixel comme appartenant ou non à une tumeur.

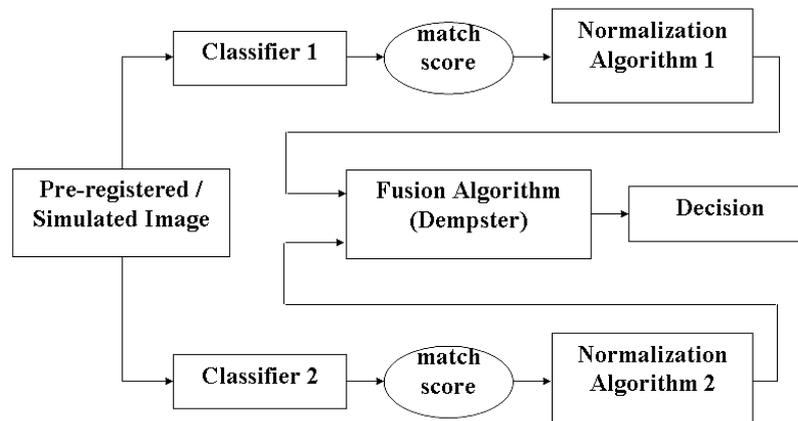


Figure II. 9: Schéma bloc du système CAD intégrant le traitement de fusion par la théorie de Dempster-Shafer.

3.3 Solutions envisagées pour le système CAD

3.3.1 Simple application de la théorie de Dempster-Shafer

Le processus de décision s'assimile à un problème de classification en deux classes où les hypothèses H_0 et H_1 correspondent respectivement à l'absence et à la présence de tumeur. D'après la théorie de Dempster-Shafer, ces hypothèses sont indépendantes et mutuellement exclusives. Une autre hypothèse traduisant le doute est formée de l'union de H_0 et H_1 i.e. $H_0 \cup H_1$. Nous obtenons l'ensemble de discernement $2^\Omega = \{\emptyset, H_0, H_1, H_0 \cup H_1\}$.

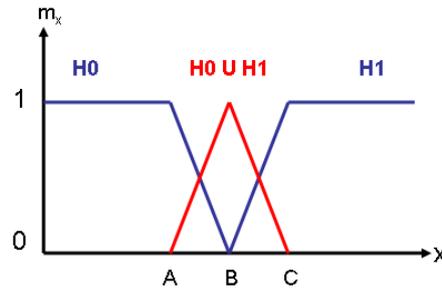


Figure II. 10: Distribution de masse pour un classifieur X avec la théorie de Dempster-Shafer.

La définition de la distribution de masse pour chaque classifieur nécessite le positionnement de 3 points : A, B et C (Figure II. 10) :

- les scores inférieurs à A sont supposés correspondre sans aucun doute à du tissu sain et sont affectés à une masse $m_x(H_0)$ égale à 1,
- les scores supérieurs à C sont supposés correspondre sans aucun doute à des tumeurs et sont affectés à une masse $m_x(H_1)$ égale à 1,
- les scores supérieurs à A et inférieurs à C sont entachés de doute, ce doute est maximal au point B, i.e. la masse $m_x(H_0 \cup H_1)$ est égale à 1 en B.

La fusion des sorties des deux classifieurs est réalisée par la règle de combinaison conjonctive de Dempster-Shafer dans sa forme normalisée, nous obtenons ainsi la masse jointe de la proposition A :

$$m_{1,2}(A) = (m_1 \oplus m_2)(A) = \frac{1}{1-K} \sum_{B \cap C = A \neq \emptyset} m_1(B)m_2(C) \quad (II.3)$$

où B et C sont des éléments de l'ensemble Ω , $m_1(B)$ et $m_2(C)$ sont respectivement les masses des hypothèses B et C pour les classifieurs 1 et 2 et K est une mesure du niveau de conflit entre les deux ensembles de masses exprimée par :

$$K = \sum_{B \cap C = \emptyset} m_1(B)m_2(C) \quad (II.4)$$

Le facteur de normalisation dans (II.4) permet d'ignorer le conflit et de le réallouer proportionnellement sur l'ensemble des masses. Notons que cette opération conduit à des résultats contre-intuitifs face à des conflits significatifs. Un seuillage à partir de cette masse jointe offre une solution pour classifier les pixels.

3.3.2 Modification de la théorie de Dempster-Shafer

Il est connu que la théorie de Dempster-Shafer donne des résultats erronés en situation de fort conflits [Sentz, 2002]. Des méthodes ont été proposées pour améliorer la fusion de Dempster-Shafer en introduisant une pondération des classifieurs [Yu, 2005], mais cette solution exige de pouvoir quantitativement exprimer la fiabilité des classifieurs. Comme nous cherchons à développer un système de fusion indépendant de la modalité d'images, des classifieurs et ne nécessitant aucune hypothèse a priori sur l'efficacité relative des classifieurs, nous avons proposé une autre approche.

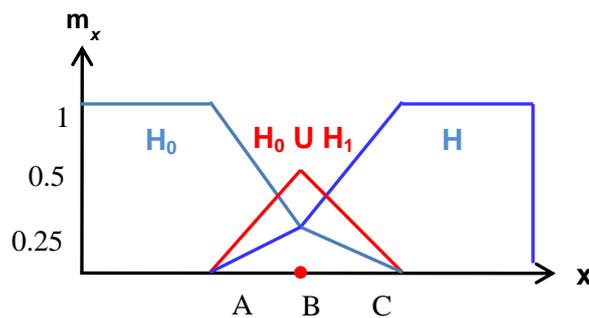


Figure II. 11: Distribution de masse avec la théorie de Dempster-Shafer modifiée par une approche floue.

Pour nous affranchir du problème de conflit et réduire le nombre de faux positifs, nous avons apporté des modifications au niveau de :

1. la distribution de masse d'évidence par l'introduction d'une approche floue.
2. la règle de combinaison par une restriction de la combinaison aux hypothèses singletons.

Comme le montre la Figure II. 11, nous avons «fuzzifié » la définition des hypothèses de manière à refléter notre vision du doute. Le point B reste le point de doute maximum, mais nous affirmons que le doute maximum doit être considéré comme une égale croyance dans l'hypothèse H_0 et l'hypothèse H_1 . Le résultat est qu'au point B, le doute ou l'hypothèse $H_0 \cup H_1$ a une valeur maximale de 0,5 tandis que H_0 et H_1 ont chacune une valeur de 0,25 (ce qui vérifie bien une somme égale à 1).

Nous avons modifié la règle de combinaison originale de Dempster-Shafer pour être plus restrictif, ne considérant que les hypothèses singletons et non les propositions issues de combinaisons d'hypothèses et nous avons défini le conflit comme la valeur absolue de la différence de masses pour l'hypothèse H_1 entre les deux classifieurs :

$$m_{1,2}(A) = \frac{1}{1-K} (m_1(A)m_2(A)) \tag{II.5}$$

$$K = |m_1(H_1) - m_2(H_1)|$$

Cependant, du fait du facteur de normalisation, cette variante ne résout pas le problème de fort conflit entre deux ensembles de masses d'évidence.

Nous avons proposé une seconde modification pour considérer le conflit sous une perspective différente. Plutôt que « conflit », nous privilégions le terme d'« accord » (un fort conflit étant synonyme d'un faible accord). Sous cet angle de vue, la masse jointe est redéfinie de la façon suivante :

$$m_{1,2}(A) = (1 - K)(m_1(A)m_2(A)) \quad (II.6)$$

Dans cette formulation, le facteur de normalisation est remplacé par un terme de pénalisation qui diminue la masse de A en cas de faible accord. Dans notre cas, A est égal à H_1 puisque nous nous intéressons uniquement à la détection de tumeurs.

3.4 Application : détection de tumeurs à partir d'une base d'images TEP simulées

3.4.1 Base d'images test : « OncoPET_DB »

Deux systèmes d'apprentissage supervisés ont été évalués par [Tomei, 2009] : le premier basé sur l'analyse discriminante linéaire (LDA) et le second basé sur un séparateur à vaste marge (SVM). Ces classifieurs entraînés et testés sur deux bases de données distinctes produisent deux cartes de score pour chaque image de test, dans lesquelles chaque voxel représente le degré de ressemblance à une lésion. Les images TEP utilisées dans cette étude proviennent de la base de données OncoPET_DB (www.creatis.insa-lyon.fr/oncoPET_DB) [Tomei, 2010]. Cette base de données se compose de 100 images simulées d'oncologie TEP [18F]FDG de torsos humains, avec des lésions insérées parfaitement contrôlées et de captation calibrées, incluant 50 cas normaux et 50 cas pathologiques. La simulation a été réalisée par un simulateur Monte Carlo TEP SORTEO (<http://sorteo.cermep.fr>) développé par [Reilhac, 2005] et validé pour la caméra Siemens ECAT EXACT HR+. Le modèle numérique fourni au simulateur est un modèle complexe de patient [18F]FDG construit à partir du fantôme Zubal et intégrant des distributions d'activité calculées sur une série de 70 cas cliniques. Des lésions de différents diamètres et contrastes ont été positionnées au hasard dans les poumons, les ganglions lymphatiques, le foie et la rate pour modéliser des patients atteints de lymphomes. Pour notre étude, 25 cartes de scores ont été calculées par chaque classifieur SVM et LDA, à partir de 25 patients OncoPET_DB. L'ensemble de ces images contiennent 75 lésions de contraste variable, situées dans les poumons, et calibrées pour couvrir toute la gamme de détectabilité humaine, à savoir « lésions très faciles à détecter » à « lésions très peu visibles ».

La Figure II. 12 montre un exemple de patient de la base OncoPET_DB. Ces coupes coronales contiennent trois lésions L1, L2 et L3 situées dans les poumons. L1, L2 et L3 ont un diamètre de 10,5 mm et respectivement un contraste de 10:1, 5:1 and 2:1. Ces contrastes ont été calibrés en se basant sur les courbes ROC d'étude humaine et correspondent à différents degrés de détectabilité. Par exemple, L1, L2 et L3 correspondent à une détectabilité de 70%, 30% and 10% ce qui signifie que des observateurs humains ne peuvent détecter que 70%, 30% and 10% des tumeurs de telle taille et contraste dans les poumons.

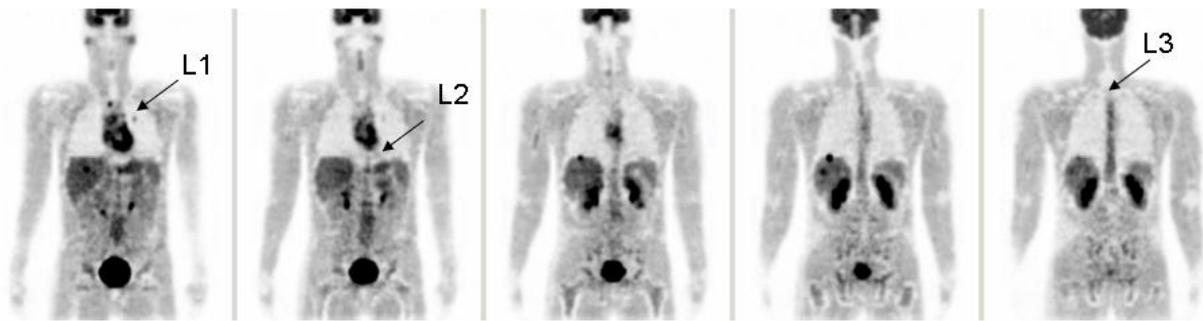


Figure II. 12: Coupes coronales d'une image TEP simulée contenant 3 lésions de diamètre égal à 10.5 mm situées dans les poumons et de différents contrastes : L1= 10:1, L2= 5:1, and L3=2:1.

3.4.2 Analyse de la performance pour la détection de tumeur

Nous avons comparé les performances de détection du système de fusion par Dempster-Shafer pour les deux stratégies de distribution de masse i.e normale §3.3.1 et flou §3.3.2 et pour les 3 règles de combinaison données par (II.3)(II.5)(II.6). A titre de référence, nous avons rappelé les performances obtenues individuellement par chaque classifieur ainsi que celles obtenues après combinaison par vote à la majorité. Les acronymes associés aux différents scenarii sont récapitulés dans Tableau II. 6.

Acronyme	Méthode	Type de Combinaison
LDA	Classifieur LDA seul	
SVM	Classifieur SVM seul	
MV	Combinaison des classifieurs LDA et SVM	Vote à la majorité
rDemp_CR1	Fusion avec distribution de masse classique (Figure II. 10)	Règle de fusion donnée par (II.3)
rDemp_CR2	Fusion avec distribution de masse classique (Figure II. 10)	Règle de fusion donnée par (II.5)
rDemp_CR3	Fusion avec distribution de masse classique (Figure II. 10)	Règle de fusion donnée par (II.6)
fDemp_CR1	Fusion avec distribution de masse flou (Figure II. 11)	Règle de fusion donnée par (II.3)
fDemp_CR2	Fusion avec distribution de masse flou (Figure II. 11)	Règle de fusion donnée par (II.5)
fDemp_CR3	Fusion avec distribution de masse flou (Figure II. 11)	Règle de fusion donnée par (II.6)

Tableau II. 6: Acronyme des différents scenarii évalués pour la détection de tumeurs.

3.4.3 Critère d'évaluation d'un système CAD

La nature des performances quantitatives d'un système de détection repose sur quatre notions essentielles que sont les vrais positifs (VP), les faux positifs (FP), les vrais négatifs (VN) et les faux négatifs (FN). Un VP quantifie la détection d'une vraie tumeur tandis qu'un FP correspond à la

détection d'une tumeur qui n'en est pas réellement une. De même, les FN qualifient les vraies tumeurs non détectées par le système. La sensibilité, définie en (II.7), correspond à la capacité du CAD à détecter les vraies tumeurs, tandis que la spécificité, décrite en (II.8) correspond à sa capacité à ne pas détecter de tumeurs là où il n'y en a pas.

$$\text{Sensibilité} = \frac{VP}{VP + FN} \quad (\text{II.7})$$

$$\text{Spécificité} = \frac{VN}{VN + FP} \quad (\text{II.8})$$

Les critères retenus pour notre évaluation sont la sensibilité et le nombre moyen de FP par image noté FPI.

3.4.4 Résultats

Les résultats de l'analyse sont reportés dans Tableau II. 7 sous forme de couples (Sensibilité, FPI).

	LDA	SVM	MV	rDemp_CR1	rDemp_CR2	rDemp_CR3	fDemp_CR1	fDemp_CR2	fDemp_CR3
Sensibilité (%)	77	90.6	69	92	90.6	92	93.3	93.3	92
FPI	27	10	2.5	23	22	12	17	15	13

Tableau II. 7: Performances des différents scénarii.

Ces résultats montrent la supériorité du classifieur SVM (90,6%, 10) sur le classifieur LDA (77%, 27). La combinaison par vote à la majorité (69%, 2,5) réduit drastiquement le nombre de faux positifs au détriment d'une perte de sensibilité ce qui est prévisible puisque le vote à la majorité ne peut détecter que des vraies tumeurs détectées simultanément par les deux classifieurs.

Tous les scénarii de fusion restituent les vraies lésions manquées par le classifieur LDA mais détectées par le classifieur SVM et permettent la détection d'une ou deux tumeurs supplémentaires faiblement contrastées correspondant au seuil de 10% de détectabilité humaine, excepté rDemp_CR2. Cette sensibilité accrue est contrebalancée par une augmentation du taux de FPI (entre 12 et 23) réalisé par les techniques de fusion et supérieur à celui atteint par le classifieur SVM (10). Les techniques de fusion ne parviennent pas à améliorer à la fois la sensibilité et la spécificité du classifieur SVM.

Parmi les méthodes de fusion, les distributions de masse avec une approche floue permettent d'augmenter la sensibilité tout en réduisant le taux de FPI sauf pour fDemp_CR3. Les meilleures performances sont atteintes avec fDemp_CR2 (93,3%, 15). Ce scénario a permis la détection de 2 tumeurs de plus que le classifieur SVM (pour un total de 70 tumeurs détectées sur 75) très faiblement contrastées (10% de détectabilité humaine).

La Figure II. 13 fournit une comparaison visuelle des résultats pour l'ensemble des scénarii. Il est possible de noter que la lésion L3 a été correctement détectée par les classifieurs LDA et SVM

mais perdue lors de la combinaison par vote à la majorité car l'intersection des cartes binaires est trop petite pour être prise en compte (inférieure à 5 pixels).

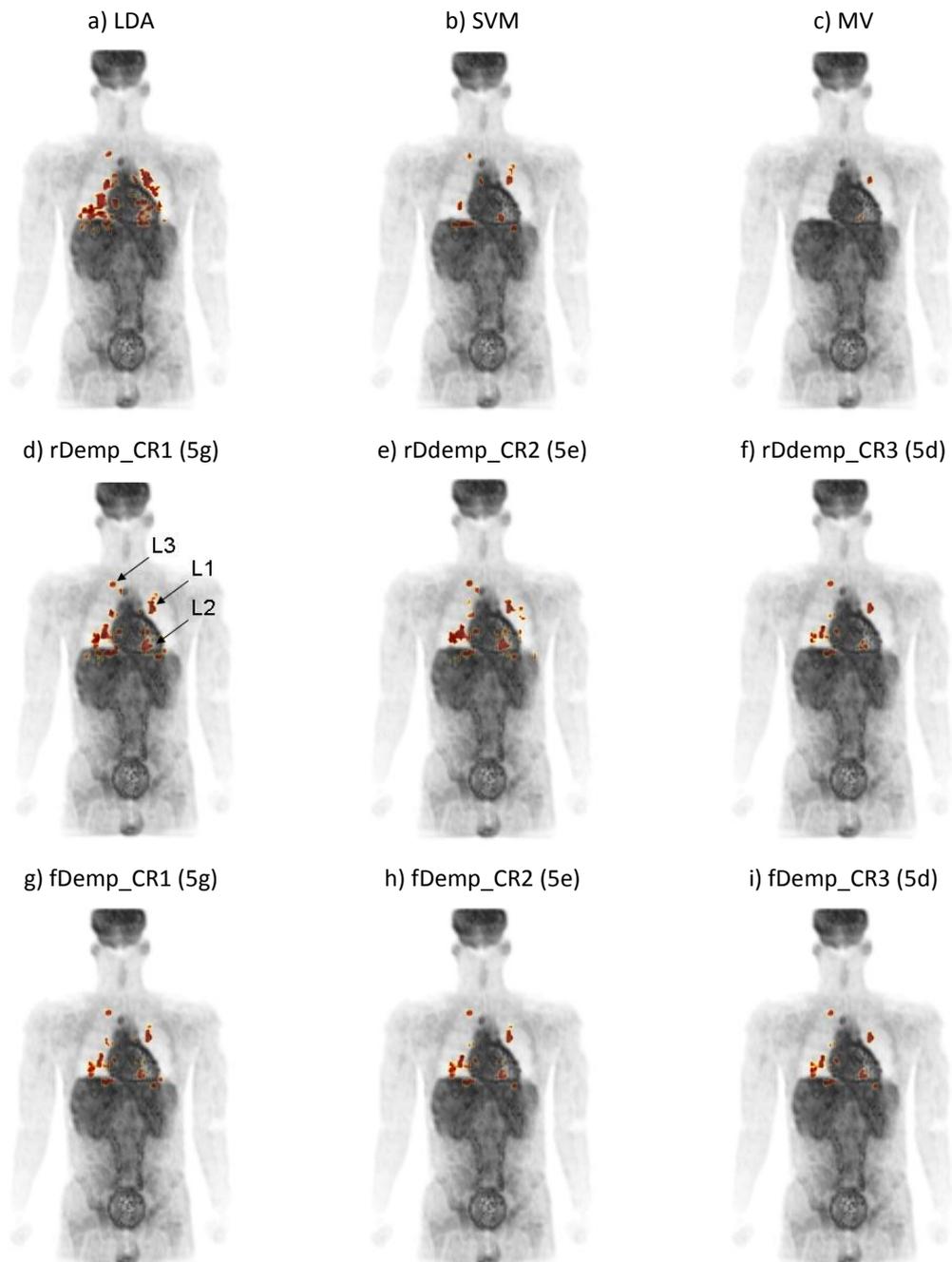


Figure II. 13: Rendu MIP de l'image 3D TEP simulée présentée dans Figure II. 12 avec superposition des cartes binaires calculées par : a) classifieur LDA ; b) classifieur SVM ; c) combinaison de type vote à la majorité ; d) à f) par fusion DS avec des distributions de masse standards ; g) à i) par fusion DS avec des distributions de masse modifiées par approche floue. Les trois lésions sont indiquées par des flèches.

3.4.5 Conclusion

La nouveauté de ce travail a été d'adapter la théorie de Dempster-Shafer à la problématique de détection de tumeurs dans le torse humain. Ce travail fait suite à des résultats préliminaires obtenus par un prototype CAD combinant des classifieurs SVM et LDA qui ont souligné la nécessité d'accroître à la fois la sensibilité et la spécificité avant tout transfert à la pratique clinique. La modification de la théorie de Dempster-Shafer par l'approche floue a permis d'augmenter la sensibilité en particulier pour les cas très difficiles de lésions à faible contraste. Les nouvelles règles de combinaison ont permis au système de fusion d'être plus robuste en cas de mauvaise classification résultant soit des classifieurs eux-mêmes, soit de la nature des images fournies aux classificateurs. Cette solution a l'avantage d'être indépendante du classifieur et ne nécessite pas de connaissance a priori sur leur fiabilité respective contrairement aux approches par la théorie de Dempster-Shafer pondérée.

L'approche floue de Dempster-Shafer est bien adaptée aux données bruitées des images TEP où les scores obtenus pour les véritables lésions (en particulier dans le cas d'un très faible contraste) varient dans un large intervalle de valeurs, englobant potentiellement beaucoup de fausses détections. Les différents scénarii de fusion n'ont cependant pas réduit le nombre de faux positifs à un taux cliniquement acceptable (entre 2 et 5 FPI par organe, selon les spécialistes).

Parmi les améliorations possibles, il serait utile d'analyser plus profondément l'influence de la position des points A, B et C (Figure II. 10) et (Figure II. 11) sur les performances de détection. Ces points sont sélectionnés à partir des histogrammes des scores du classifieur LDA et du classifieur SVM dans la région d'intérêt des poumons pour les 25 images TEP de test. A et C correspondent aux valeurs extrêmes de l'histogramme tandis que B est associé au score qui maximise l'histogramme. Une étude plus poussée de ces paramètres pourrait permettre d'optimiser ces valeurs.

Une autre piste serait d'améliorer les performances des classifieurs ou/et d'envisager de nouveaux classifieurs basés sur les arbres de décisions et des méthodes non-supervisées [Liang, 2012; Lopez-Vallverdu, 2012].

4. BILAN ET PERSPECTIVES

Dans ce chapitre, j'ai présenté deux contributions en fusion de données par la théorie de l'évidence afin de prendre en compte de l'information multidimensionnelle et hétérogène dans des systèmes d'aide à la décision.

L'innovation apportée par le premier projet est de concevoir un système modulaire et évolutif capable de définir des architectures de fusion « à la carte » [Muller, 2001; Rombaut, 2001]. Ce caractère générique repose sur la séparation conceptuelle du système selon deux modes de fonctionnement : i) un mode « conception de l'architecture » qui correspond à la phase de définition des modules de conversion numérique/symbolique et de combinaison des variables et ii) un mode « traitement des données » pendant lequel les données patient sont fusionnées suivant l'architecture préalablement définie. Nous avons testé cette approche pour concevoir un système d'aide au diagnostic dans le cadre de l'estimation de la viabilité myocardique [Revol-Muller, 2001]. Notre

système a permis d'établir les cartes de plausibilité des différentes hypothèses afférentes à la viabilité. Cependant, ce projet soulève un certain nombre de problèmes : comment vérifier la justesse du diagnostic sans connaître la vérité terrain associée aux données traitées ? Comment mesurer l'impact des incertitudes liées au recalage des différentes images ? Comment les prendre en compte dans le système de fusion ? Comment ajuster automatiquement les distributions de masse ? La complexité du vivant peut-elle vraiment se modéliser par des règles de combinaisons successives deux à deux ?

Notre deuxième contribution a consisté à introduire une approche floue dans la définition des masses d'évidence afin de réduire l'impact de la discordance entre deux sources. La solution a été introduite dans un système d'aide à la détection de tumeurs dans les poumons et testée à partir d'image TEP simulées [Udobata, 2011]. Disposer d'un simulateur d'images TEP est un atout considérable dans cette application, car grâce à la vérité terrain fournie par le modèle numérique, il devient possible d'évaluer la performance de l'algorithme de fusion. Partant de cette information, il est envisageable d'ajuster ses paramètres tels que les limites de la distribution de masses par un processus d'optimisation. Une recherche plus approfondie devrait permettre de mettre en œuvre cette optimisation qui pour le moment n'a été que manuelle.

En conclusion, les résultats de notre approche par fusion sont très perfectibles. Actuellement, le principal frein que je vois à cette méthode est le caractère arbitraire de la distribution des masses d'évidence suivant les différentes hypothèses. Ajouté à la variabilité inter-patient intrinsèquement liée à l'imagerie du vivant, il me semble difficile de trouver une méthode permettant de régler automatiquement ces paramètres ...

5. BIBLIOGRAPHIE PERSONNELLE DU CHAPITRE

[Rombaut, 2001] M. Rombaut, **C. Revol-Muller**, and M. Janier, "Modular fusion system for a computer-aided diagnosis of the myocardial viability," in 4^{ème} Conférence Internationale sur la Fusion d'Information, International Society for Information Fusion ISIF Montréal, Canada, 5 pages, 2001.

[Revol-Muller, 2001] **C. Revol-Muller**, M. Rombaut, and M. Janier, "Dempster-Shafer approach for high level data fusion applied to the assessment of myocardial viability", First International Workshop on Functional Imaging and Modeling of the Heart (FIMH'01), Helsinki, Finland, pp. 104-112, 2001.

[Muller, 2001] **C. Revol-Muller**, M. Rombaut, and M. Janier, "Une architecture de fusion modulaire pour l'assistance au diagnostic médical", GRETSI, Toulouse, France, pp. 140-143, 2001.

[Udobata, 2011] O. Udobata, **C. Revol-Muller**, and C. Lartzien, "Computer-aided tumor detection stemmed from the fuzzification of the Dempster-Shafer theory", SPIE Medical Imaging 2011: Computer-Aided Diagnosis, , Lake Buena Vista, Florida, United States, Proceedings Vol. 7963 , 7 pages, 03/2011.

Chapitre III

FILTRAGE PAR APPROCHE MEAN SHIFT

1. INTRODUCTION

Le filtrage est un prétraitement dont le rôle est d'améliorer la qualité des images, soit pour faciliter l'interprétation visuelle, soit pour augmenter l'efficacité des méthodes appliquées ultérieurement telle que la segmentation. Dans ce chapitre, je présente deux méthodes dérivées du filtrage Mean Shift, technique reposant sur l'estimation non paramétrique par noyau du gradient d'une densité de probabilité et opérant dans l'espace multidimensionnel des caractéristiques via une distance pondérée par une matrice de paramètres d'échelle. Ces travaux ont été principalement développés pendant la thèse de T. Grenier soutenue en décembre 2005 [Grenier, 2005a].

Après avoir rappelé le cadre formel du filtrage Mean Shift, je détaille nos deux contributions : i) un filtrage Mean Shift adaptatif (MSA) capable de prendre en compte la résolution spatiale d'un système d'acquisition [Grenier, 2005e; Grenier, 2005c] et ii) un filtrage Mean Shift multiparamétrique hybride (MSMP hybride) combinant les approches « non-blurring » et « blurring » dans la procédure de convergence [Davignon, 2005; Grenier, 2005d; Grenier, 2006b].

J'examine ensuite l'intérêt de ces deux filtrages dans le contexte de l'imagerie ultrasonore, avant de dresser le bilan et perspectives de cette action de recherche.

2. CONTEXTE METHODOLOGIQUE

2.1 Estimation non paramétrique par noyau et paramètres d'échelle

2.1.1 Définitions

La probabilité d'apparition de l'événement « $a < X < b$ » pour une variable aléatoire continue X associée à la fonction de densité de probabilité f vaut :

$$P(a < X < b) = \int_a^b f(x) dx, \text{ pour tout } a < b \quad (\text{III.1})$$

L'estimation non paramétrique consiste à estimer la fonction de densité de probabilité à partir des données observées sans hypothèse a priori sur le type de la distribution suivie.

Nous notons :

- X un échantillon de n individus sur lesquels portent les observations x_1, \dots, x_n
- f la fonction de densité sous-jacente

- \hat{f} l'estimation de f .

2.1.2 Estimation par noyau de données monodimensionnelles

2.1.2.1 Estimateur par noyau univariable

Hypothèse : les observations x_1, \dots, x_n sont des scalaires, elles ne portent que sur une seule caractéristique des individus.

La fonction noyau K est une fonction généralement symétrique (Tableau III. 1) satisfaisant la relation suivante :

$$K : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^+ \quad (III.2)$$

$$\int_{-\infty}^{+\infty} K(x) dx = 1$$

L'estimateur par noyau univariable (appelé également estimateur de Parzen) est défini par :

$$\hat{f}(x) = \frac{1}{nh} \sum_{i=1}^n K\left(\frac{x-x_i}{h}\right) \quad (III.3)$$

Il a été montré que sous certaines conditions pour K , cette estimation est asymptotiquement non-biaisée et cohérente au sens des moindres carrés.

Le paramètre h possède plusieurs dénominations :

- « paramètre de lissage », si l'on considère l'estimation comme une opération de convolution de l'échantillon X avec un noyau plus ou moins étendu.
- « paramètre de largeur de bande », si l'on se place du point de vue du voisinage défini par h . Plus h est grand, plus l'estimation est réalisée sur un grand voisinage de x , inversement plus h est petit, plus l'estimation est locale à x .
- « paramètre d'échelle », par analogie à l'analyse à l'espace échelle. Plus h est grand, plus l'estimation réalisée est « grossière », plus h est petit, plus l'estimation est « fine ».

2.1.2.2 Optimisation de l'estimation

La similarité de l'estimation \hat{f} avec la vraie densité f dépend de plusieurs facteurs comme la valeur paramètre d'échelle h et la fonction noyau K .

La minimisation de l'Erreur Quadratique Moyenne Intégrée (EQMI) entre l'estimation et la densité conduit à la détermination d'un facteur d'échelle optimal h_{opt} et d'un noyau optimal K_e appelé « noyau d'Epanechnikov » (cf. Annexe §A.1 p. 183). La détermination de h_{opt} n'étant pas triviale, nous avons retenu la solution de [Comaniciu, 2001] basée sur un « plug-in » pour le calculer.

La forme influençant faiblement la qualité de l'estimation [Silverman, 1986] [Wand, 1995], nous avons privilégié la simplicité des calculs pour notre choix du noyau dans Tableau III. 1.

Noyaux	$K(x)$
Epanechnikov K_e	$\begin{cases} \frac{3}{4}(1-x^2) & \text{si } x < 1 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$
Bicarré	$\begin{cases} \frac{15}{16}(1-x^2)^2 & \text{si } x < 1 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$
Triangle	$1- x \quad \text{si } x < 1, \quad 0 \quad \text{sinon}$
Gaussien K_g	$\frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-x^2/2}$
Rectangle	$\frac{1}{2} \quad \text{si } x < 1, \quad 0 \quad \text{sinon}$

Tableau III. 1: Exemples de noyaux.

2.1.3 Estimation par noyau de données multidimensionnelles

Hypothèse : les observations $\mathbf{x}_1, \dots, \mathbf{x}_n$ sont des vecteurs de dimension d ($\mathbf{x}_i \in \mathbf{R}^d$), elles portent sur plusieurs caractéristiques de l'individu.

2.1.3.1 Estimateur par noyau multivariable

L'estimation de la fonction de densité de probabilité sous-jacente aux données multidimensionnelles observées s'obtient par l'expression :

$$\hat{f}(\mathbf{x}; \mathbf{H}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) \tag{III.4}$$

avec : \mathbf{H} matrice des paramètres d'échelle, équivalent multidimensionnel du paramètre h .

$K_{\mathbf{H}}$ noyau dilaté par \mathbf{H} .

2.1.3.2 Matrice de paramètres d'échelle

La matrice \mathbf{H} est une matrice carrée $(d \times d)$, symétrique et définie positive. Elle est souvent choisie diagonale, ce qui conduit à définir un facteur d'échelle par dimension. Cette possibilité de choisir des facteurs d'échelle pour chaque dimension permet de gérer l'hétérogénéité des caractéristiques (spatiale et amplitude).

2.1.3.3 Différents types des noyaux

Dans (III.4), $K_{\mathbf{H}}$ est défini en fonction du noyau multivariable K (avec $|\mathbf{H}|$ le déterminant de la matrice \mathbf{H}) :

$$K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}) = |\mathbf{H}|^{-1/2} K(\mathbf{H}^{-1/2}\mathbf{x}) \quad (\text{III.5})$$

Le noyau multivariable K défini de \mathbb{R}^d dans $[0;1]$ s'apparente à une fonction de densité de probabilité centrée et limitée éventuellement à un support borné :

$$\int \cdots \int_{\mathbb{R}^d} K(x_1, \dots, x_d) \cdot dx_1 \cdots dx_d = 1 \quad (\text{III.6})$$

Deux types de noyaux multivariables peuvent dériver des fonctions noyaux univariées et symétriques $K(x)$:

- le noyau sphérique $K^S(\mathbf{x})$:
$$K^S(\mathbf{x}) = c_{K,d} K\left(\left(\mathbf{x}^T \mathbf{x}\right)^{1/2}\right) \quad (\text{III.7})$$

avec $c_{K,d}$ constante de normalisation pour que (III.6) soit vérifiée.

- le produit de noyaux $K^P(\mathbf{x})$:
$$K^P(\mathbf{x}) = \prod_{k=1}^d K(x_k) \quad (\text{III.8})$$

A titre d'illustration, dans le cas des images 2D couleur, les observations \mathbf{x}_i sont associées à deux caractéristiques multidimensionnelles : la position spatiale \mathbf{x}_s (vecteur de dimension deux) et la couleur \mathbf{x}_r (vecteur de dimension trois). Les \mathbf{x}_i sont des vecteurs de \mathbb{R}^5 . Cet espace est le domaine joint de l'espace spatial et de l'espace des amplitudes (représentant la couleur). Le noyau $K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x})$ peut s'écrire comme le produit de noyaux sphériques $K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}) = K_{s, \mathbf{H}_s}(\mathbf{x}_s) \cdot K_{r, \mathbf{H}_r}(\mathbf{x}_r)$, où K_s (resp. K_r) est le noyau sphérique associé à la caractéristique spatiale (resp. d'amplitude) et à la matrice de paramètres \mathbf{H}_s (resp. \mathbf{H}_r).

Dans le cas général, les vecteurs \mathbf{x}_i de \mathbb{R}^d sont issus de la concaténation de c sous-vecteurs $x_j \in \mathbb{R}^{d_j}$ ($j \in [1, \dots, c]$), c étant le nombre de caractéristiques j de dimension d_j avec $\sum_{j=1}^c d_j = d$.

La matrice \mathbf{H} est obtenue par la concaténation de c sous-matrices \mathbf{H}_j diagonales :

$$\mathbf{x}_i = [\mathbf{x}_1, \dots, \mathbf{x}_c]^T, \mathbf{H} = \begin{bmatrix} \mathbf{H}_1 & & 0 \\ & \ddots & \\ 0 & & \mathbf{H}_c \end{bmatrix} \text{ et } |\mathbf{H}| = \prod_{j=1}^c |\mathbf{H}_j| \quad (\text{III.9})$$

La forme générale du noyau multivariable est donnée par :

$$K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}) = \left(\prod_{j=1}^c |\mathbf{H}_j| \right)^{-1/2} \cdot \prod_{j=1}^c C_{K_j, d_j} \cdot K_j \left(\left(\mathbf{x}_j^T \mathbf{H}_j^{-1} \mathbf{x}_j \right)^{1/2} \right) \quad (\text{III.10})$$

où C_{K_j, d_j} est la constante de normalisation du noyau K_j appliqué sur d_j dimensions.

La forme quadratique $\mathbf{x}_j^T \mathbf{H}_j^{-1} \mathbf{x}_j$ est liée à l'utilisation de noyaux sphériques. Sa racine carrée est une distance normalisée de \mathbb{R}^{d_j} dans $[0;1]$ permettant l'utilisation de fonctions noyaux univariables. Dans le cas particulier des images couleur, on obtient :

$$K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}) = \left(|\mathbf{H}_s| \cdot |\mathbf{H}_r| \right)^{-1/2} \cdot C_{K_s, 2} \cdot K_s \left(\left(\mathbf{x}_s^T \mathbf{H}_s^{-1} \mathbf{x}_s \right)^{1/2} \right) \cdot C_{K_r, 3} \cdot K_r \left(\left(\mathbf{x}_r^T \mathbf{H}_r^{-1} \mathbf{x}_r \right)^{1/2} \right) \quad (\text{III.11})$$

$$\mathbf{x}_i = [\mathbf{x}_s, \mathbf{x}_r]^T \quad \mathbf{H} = \begin{bmatrix} \mathbf{H}_s & 0 \\ 0 & \mathbf{H}_r \end{bmatrix}$$

Si $K_{\mathbf{H}}$ est remplacé dans (III.4) par un noyau sphérique (III.7), l'estimation de la densité devient :

$$\hat{f}(\mathbf{x}; \mathbf{H}) = \frac{1}{n \cdot |\mathbf{H}|^{1/2}} \sum_{i=1}^n K \left(\left((\mathbf{x} - \mathbf{x}_i)^T \mathbf{H}^{-1} (\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) \right)^{1/2} \right)$$

$$\text{si on pose : } d(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}) = \left((\mathbf{x} - \mathbf{x}_i)^T \mathbf{H}^{-1} (\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) \right)^{1/2} \quad (\text{III.12})$$

$$\hat{f}(\mathbf{x}; \mathbf{H}) = \frac{1}{n \cdot |\mathbf{H}|^{1/2}} \sum_{i=1}^n K(d(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}))$$

Dans (III.12), si \mathbf{H} est remplacée par la matrice de covariance Σ , $d(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H})$ correspond à la distance de Mahalanobis. Cette distance mesure la similarité de deux individus issus de la même distribution de covariance Σ : plus cette distance est grande, plus les individus sont dissemblables. Dans l'estimation plus $d(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H})$ est importante, plus la valeur renvoyée par la fonction noyau K est faible et donc moins \mathbf{x}_i a d'impact sur l'estimation de f au point \mathbf{x} .

2.1.3.4 Profil du noyau

Lorsque noyau sphérique $K(\mathbf{x})$ s'exprime en fonction du carré de la distance, il est d'usage de le remplacer par son profil k (cf. Tableau III. 2) :

$$K(\mathbf{x}) = C_{K, d} k(\mathbf{x}^T \mathbf{x}) \quad (\text{III.13})$$

Noyaux sphériques multivariés	Profils correspondants
$K_{gauss}(\mathbf{x}) = (2\pi)^{-d/2} \cdot \exp\left(-\frac{1}{2}\mathbf{x}^T\mathbf{x}\right)$	$k_{gauss}(u) = \exp\left(-\frac{1}{2}u\right)$ avec $C_{K,d} = (2\pi)^{-d/2}$
$K_{Epanechnikov}(\mathbf{x}) = \begin{cases} \frac{3}{4}(1-\mathbf{x}^T\mathbf{x}) & \text{si } \mathbf{x}^T\mathbf{x} < 1 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$	$k_{Epanechnikov}(u) = \begin{cases} 1-u & \text{si } u < 1 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$ avec $C_{K,d} = \frac{3}{4}$

Tableau III. 2: Noyaux sphériques et leur profil associé (noyau Gaussien et noyau d’Epanechnikov).

2.1.3.5 Optimisation de l’estimation multidimensionnelle

Comme pour l’estimation monodimensionnelle, l’EQMI permet d’évaluer la qualité de l’estimation et de déterminer des paramètres optimaux pour \mathbf{H} et K [Wand, 1995]. En se plaçant dans le cas très particulier où $\mathbf{H} = h^2\mathbf{I}$, il est possible de trouver h_{opt} la valeur optimale de h au sens de l’EQMI multidimensionnelle et un noyau optimum obtenu à partir de h_{opt} qui est le noyau d’Epanechnikov multivariable (cf. Annexe §A.2 p.184).

2.2 Principe du « Mean Shift »

Le Mean Shift est une approche qui s’appuie sur l’estimation non paramétrique par noyau [Fukunaga, 1975]. Le Mean Shift est une procédure itérative de recherche de maxima locaux (appelés modes) de la densité de probabilité sous-jacente à un échantillon de données. Son principe repose sur la recherche des zéros du gradient de la densité. A chaque itération, un vecteur particulier appelé vecteur Mean Shift défini comme le décalage entre le point courant et la moyenne pondérée de la densité au voisinage de ce point est calculé. Tant que le décalage est non nul, la moyenne pondérée remplace le point courant et le décalage est réévalué. Lorsque le vecteur Mean Shift n’évolue plus, l’algorithme a convergé sur un zéro du gradient de la densité autrement dit sur un maximum local de la densité.

Dans ce qui suit, nous rappelons l’expression du gradient d’une densité dans le cas d’une estimation non paramétrique par noyau multivariable et son lien avec le vecteur « Mean Shift ». Nous terminons par une comparaison des deux approches « *blurring* » et « *non-blurring* » des procédures « Mean Shift ».

2.2.1 Modes d’une densité

L’estimation par noyau permet un lissage de la densité de probabilité estimée mais en aucun cas un filtrage des données. Par contre, dans le cas où les observations sont issues d’une combinaison de plusieurs fonctions de densité, si l’on parvient à déterminer à quelle densité de probabilité appartient chaque donnée, on peut réaliser un filtrage, en affectant aux données la valeur la plus représentative de la densité à laquelle elles appartiennent. Par définition, le mode

d'une fonction de densité de probabilité est la valeur dont la réalisation est la plus probable, autrement dit qui maximise la fonction de densité.

Dans la section §2.3.2 , nous verrons que le principe du filtrage Mean Shift consiste à associer à chaque donnée la valeur du mode de la densité dont elle est issue. Pour l'application au traitement d'image, il est nécessaire de faire l'hypothèse qu'une région est homogène si elle est caractérisée par une densité de probabilité monomodale pour une échelle donnée et que, pour cette échelle, les modes des autres régions de l'image restent caractéristiques de leur région.

L'estimation non paramétrique par noyau permet d'estimer localement la densité de probabilité localement grâce à la prise en compte de la composante spatiale. Pour la localisation des modes, l'estimation globale de la densité est remplacée par une multitude d'estimations locales. Ainsi, chacune de ces estimations locales ne voit que partiellement les régions : seules les estimations en certains points situés à la frontière de plusieurs régions font apparaître une densité multimodale (Figure III. 1).

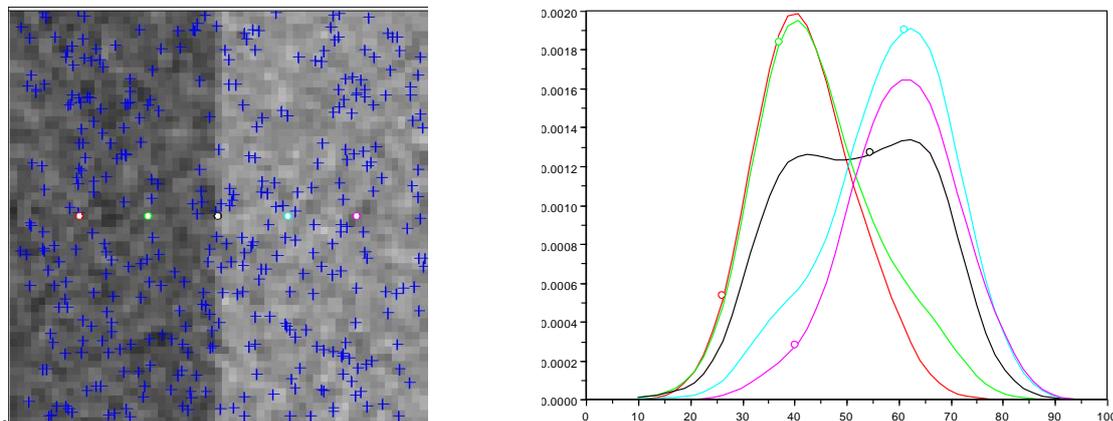


Figure III. 1: Estimations locales en différents points de l'image. A gauche, une image avec deux régions associées à deux distributions gaussiennes de niveaux de gris : $G(\mu=40, \sigma=10)$ région sombre, $G(\mu=60, \sigma=10)$ région claire. Les observations x_i sont marquées par une croix bleue (10% des points de l'image), les cercles de couleurs correspondent aux points x où sont réalisées les estimations de densité. A droite, avec les couleurs correspondantes, les densités estimées en chacun des points x avec un produit de 2 profils gaussiens et les facteurs d'échelle optimaux ($h_{\text{gaus_opt}}$) : $\text{diag}(\mathbf{H})=[7,7 \ 8,2 \ 5,1]$ [Grenier, 2005a].

2.2.2 Gradient de la densité et ses racines

La localisation des maxima locaux d'une fonction de densité peut se faire par la détermination des zéros de son gradient.

Pour estimer le gradient de la densité de probabilité $f(\mathbf{x})$, il suffit de calculer le gradient de l'estimation $\hat{f}(\mathbf{x})$:

$$\hat{\nabla}f(\mathbf{x}) \equiv \nabla\hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \nabla K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) \quad (\text{III.14})$$

L'expression (III.14) montre que l'estimation du gradient de la densité s'obtient également par une estimation non paramétrique par noyau avec comme noyau le gradient de $K_{\mathbf{H}}$.

Le calcul du gradient de la densité $\hat{\nabla}f(\mathbf{x})$ est détaillé pour les deux types de noyau : « sphérique » et « produit » dans l'Annexe §A.3 p. 185. Les expressions résultantes de $\hat{\nabla}f(\mathbf{x})$ font apparaître un vecteur particulier, proportionnel au gradient de l'estimation, appelé vecteur « Mean Shift [Fukunaga, 1975], [Cheng, 1995], [Comaniciu, 1997], [Fashing, 2005]. Le but de la procédure Mean shift est de trouver les valeurs de \mathbf{x} qui annulent ce vecteur.

2.2.3 Calcul itératif des racines du gradient de l'estimation

Les racines des équations (III.14) se déterminent itérativement par les deux équations suivantes (cf. Annexe §A.3 p. 185) :

$$\text{Noyau sphérique : } \mathbf{x}^{[t+1]} = \frac{\sum_{i=1}^n g\left(d^2(\mathbf{x}^{[t]}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H})\right) \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^n g\left(d^2(\mathbf{x}^{[t]}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H})\right)} \quad (\text{III.15})$$

$$\text{Produit de noyaux : } \mathbf{x}_j^{[t+1]} = \frac{\sum_{i=1}^n N(\mathbf{x}_j^{[t]}, \mathbf{x}_{i,j}, k_{\mathbf{H}}) \cdot \mathbf{x}_{i,j}}{\sum_{i=1}^n N(\mathbf{x}_j^{[t]}, \mathbf{x}_{i,j}, k_{\mathbf{H}})} \quad (\text{III.16})$$

$$\text{Avec } \mathbf{x}_j^{[0]} = \mathbf{x}_j \quad \text{et} \quad j \in [1; c]$$

Au vu des équations (III.15) et (III.16), la dénomination de « Mean Shift » prend tout son sens : à chaque itération, le point courant \mathbf{x} est remplacé par le centre de gravité des points \mathbf{x}_i , pondérés plus ou moins fortement suivant leur distance quadratique au point \mathbf{x} .

Le déplacement du point \mathbf{x} est représenté par le vecteur Mean Shift noté $\mathbf{M}_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}^{[t]})$:

$$\mathbf{M}_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}^{[t]}) = \mathbf{x}^{[t+1]} - \mathbf{x}^{[t]} \quad (\text{III.17})$$

2.2.4 Procédures « Mean Shift »

La procédure Mean Shift est une procédure itérative de recherche de maxima locaux. Elle consiste à itérer le déplacement d'un point \mathbf{y} par le vecteur Mean Shift jusqu'à ce que ce déplacement soit nul. $\mathbf{y}^{[t]}$ a alors atteint un point de convergence noté $\mathbf{y}^{[conv]}$ qui localise un mode de la distribution sous-jacente f . La procédure Mean Shift est intrinsèquement convergente puisqu'elle résulte de la recherche itérative par la méthode de Newton de la solution $\hat{\nabla}f(x) = 0$ [Fukunaga, 1975]. Pour des justifications plus précises, on se référera aux articles de Cheng [Cheng, 1995] et de Comaniciu [Comaniciu, 1999a; Comaniciu, 1999b].

Il existe deux variantes de la procédure Mean Shift : l'approche « blurring » ou l'approche « non-blurring » suivant l'échantillon de données utilisé pour calculer le vecteur Mean Shift. [Cheng, 1995] a néanmoins montré qu'il est possible de décrire ces deux approches par un même algorithme.

2.2.4.1 Approche blurring

Cette approche correspond à la version initialement décrite par Fukunaga [Fukunaga, 1975]. Dans ce cas, l'échantillon de données $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$ à partir duquel est calculée l'estimation évolue à chaque itération : il est remplacé par l'ensemble des points de convergence de l'itération précédente. Figure III. 2 illustre l'approche « blurring » : les points initiaux sont marqués par une croix bleue et l'évolution de l'échantillon des données $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$ utilisé pour l'estimation est mise en évidence par les étoiles rouges.

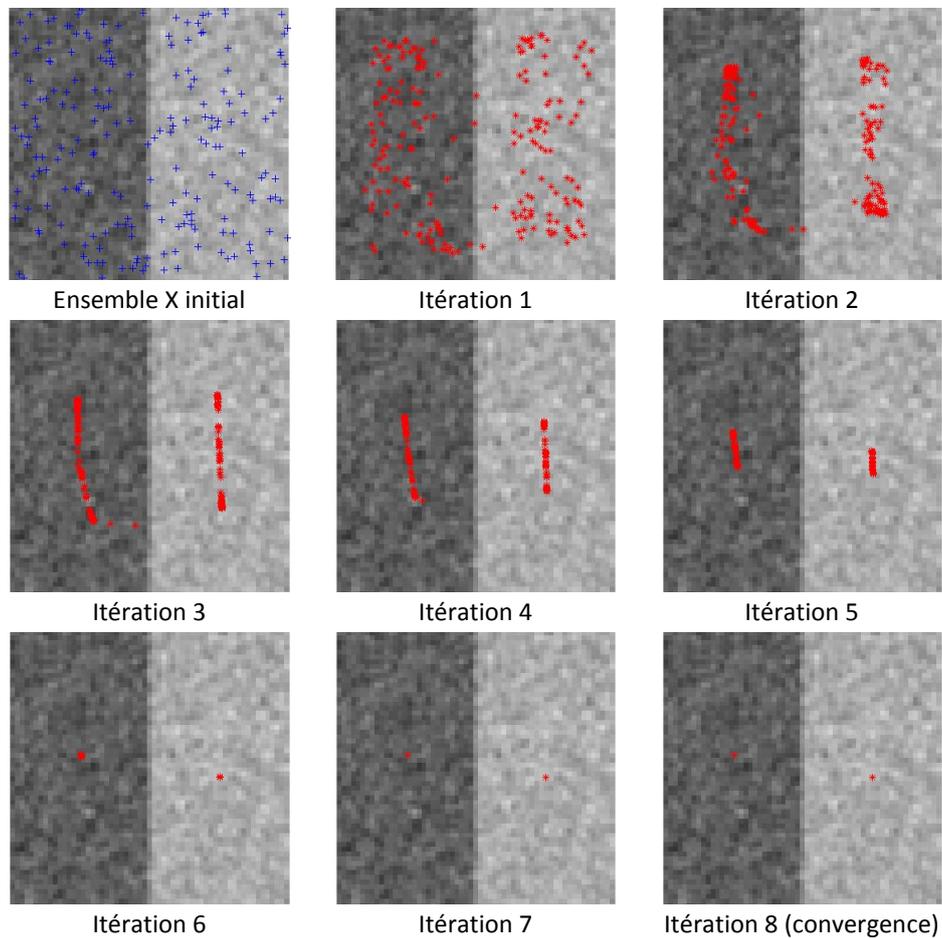


Figure III. 2 : Approche« blurring » [Grenier, 2005a].

2.2.4.2 Approche non-blurring

Cette approche est celle utilisée par Comaniciu [Comaniciu, 1999b]. L'échantillon de données $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$ reste identique à chaque itération. Comme le montre Figure III. 3, l'échantillon de données $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$ marqué par les croix bleues reste invariant. La convergence de 3 points particuliers (marqués par un cercle rouge) vers le mode de la densité locale est mise en évidence par les décalages successifs de ces points et par l'évolution de la densité de probabilité au voisinage de ces points.

Après ce rappel sur la procédure Mean Shift, nous étudions dans le paragraphe suivant sa mise en œuvre pour le filtrage adaptatif d'image.

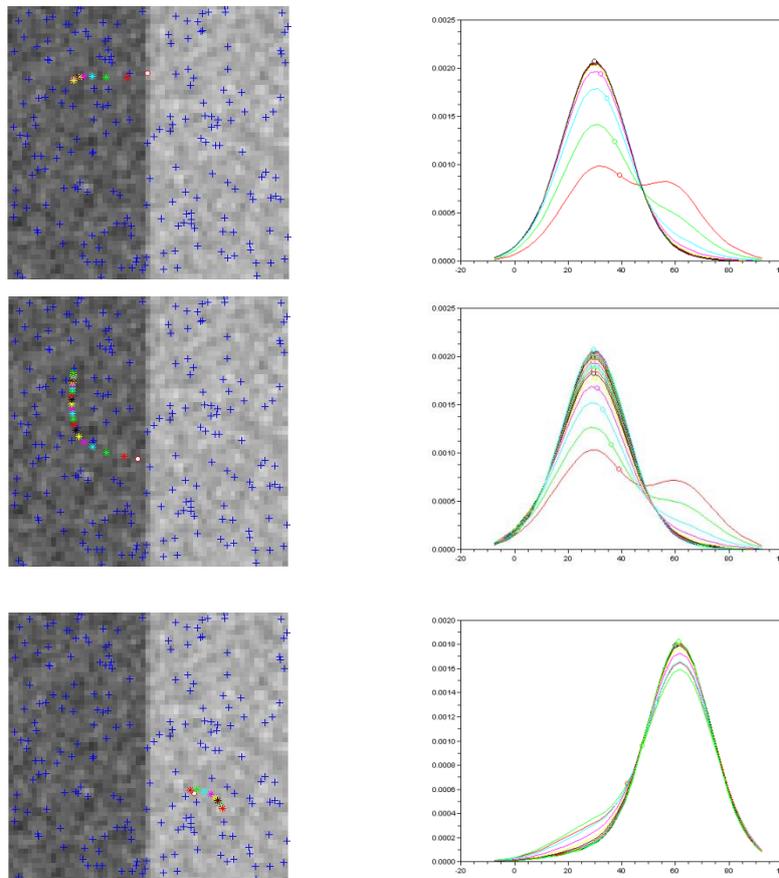


Figure III. 3 : Approche « non-blurring » pour 3 points. A gauche les déplacements jusqu'à convergence (le point de départ est indiqué par un cercle) ; à droite les estimations locales successives (moyennes des 2 régions de l'image : 30 et 60) [Grenier, 2005a].

2.3 Filtrage Mean Shift

2.3.1 Positionnement du filtrage Mean Shift par rapport aux autres méthodes de filtrage adaptatif

En traitement d'image, le filtrage est une opération de bas niveau qui vise à homogénéiser les régions ou portions sémantiquement cohérentes tout en préservant les discontinuités entre ces régions. Dans les années 90, de nombreux travaux ont été consacrés à l'élaboration de méthodes de

filtrage adaptatif, i.e. un filtrage dont les paramètres s'ajustent localement aux données. Ce type de filtrage est nécessaire pour que le lissage des données s'opère uniquement à l'intérieur de régions et n'affecte pas les frontières. Deux filtrages peuvent être considérés comme précurseurs au filtrage Mean Shift : la diffusion anisotrope et le filtrage bilatéral.

2.3.1.1 Diffusion anisotrope

Proposée par [Perona, 1990], cette méthode dérive de l'équation de propagation de la chaleur modifiée de manière à ne lisser que les points où la norme du gradient est faible.

$$I^{t+1}(\mathbf{x}) = \frac{\sum_{i=-1}^1 \sum_{j=-1}^1 I^t(\mathbf{x}_{i,j}) \cdot w^t}{\sum_{i=-1}^1 \sum_{j=-1}^1 w^t} \quad (\text{III.18})$$

avec : $I^t(\mathbf{x})$ niveau de gris du pixel \mathbf{x} à l'itération t

$\mathbf{x} = (x_1, x_2)$ et $\mathbf{x}_{i,j} = (x_1 + i, x_2 + j)$

$w^t(\mathbf{x}) = e^{-\frac{(d^t(\mathbf{x}))^2}{2\sigma_D^2}}$

σ_D^2 variance de la gaussienne

$d^t(\mathbf{x}) = \|\nabla I(\mathbf{x}, t)\|$

Une variante proposée par [Weickert, 1999] consiste à remplacer la diffusivité scalaire par une mesure de cohérence qui reflète l'anisotropie de la structure et qui se calcule à partir des valeurs propres du tenseur de diffusion. Dans ce cas, la diffusion s'effectue principalement suivant l'axe associé à l'anisotropie la plus forte.

Néanmoins, les inconvénients majeurs de la diffusion anisotrope résident dans son absence de critère d'arrêt qui conduit à une homogénéisation globale des niveaux de gris et dans la restriction de son formalisme aux niveaux de gris.

2.3.1.2 Filtrage bilatéral

Le filtrage bilatéral complète le formalisme précédent (III.18) en introduisant une pondération liée aux coordonnées spatiales [Barash, 2002].

$$\mathbf{I}^{t+1}(\mathbf{x}) = \frac{\sum_{i=-h}^h \sum_{j=-h}^h \mathbf{I}^t(\mathbf{x}_{i,j}) \cdot w^t(\mathbf{x}, \mathbf{x}_{i,j})}{\sum_{i=-h}^h \sum_{j=-h}^h w^t(\mathbf{x}, \mathbf{x}_{i,j})} \quad (\text{III.19})$$

avec: h la demi-largeur du filtre

$\mathbf{I}^t(\mathbf{x}) = [I_R(\mathbf{x}), I_G(\mathbf{x}), I_B(\mathbf{x})]^T$ vecteur RGB du pixel \mathbf{x} à l'itération t

$$w^t(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \exp\left(-\frac{\|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|^2}{2\sigma_S^2}\right) \cdot \exp\left(-\frac{\|\mathbf{I}^t(\mathbf{x}) - \mathbf{I}^t(\mathbf{y})\|^2}{2\sigma_R^2}\right)$$

σ_S^2 et σ_R^2 variances des gaussiennes dans les domaines spatial et couleur

Ce formalisme est une avancée dans la mesure où il permet de prendre en compte des informations spatiales et d'amplitude dans le filtrage, mais il ne résout pas le problème du critère d'arrêt et le point filtré évolue uniquement dans l'espace des couleurs.

2.3.1.3 Apport du filtrage Mean Shift

Barash a montré que le filtrage Mean Shift s'inscrivait dans la continuité du filtrage bilatéral [Barash, 2004]. Son innovation est d'opérer totalement dans l'espace des caractéristiques. Autrement dit, les points filtrés n'évoluent pas seulement dans l'espace des amplitudes mais également dans le domaine spatial. Il possède un avantage considérable sur les méthodes précédentes : il s'appuie sur une procédure qui converge et qui ne nécessite aucun critère d'arrêt.

2.3.2 Principe du filtrage Mean Shift

Le principe du filtrage Mean Shift consiste à associer à chaque point d'une image d'origine la valeur du mode le plus proche de la distribution sous-jacente en appliquant une procédure Mean shift en chacun de ces points. Ce filtrage repose sur l'hypothèse qu'une région homogène est caractérisée par une densité de probabilité monomodale à une échelle donnée et qu'à cette échelle les autres modes de l'image sont caractéristiques des autres régions.

Dans la section suivante, nous présentons deux contributions :

- Un filtrage Mean Shift à largeurs de bande adaptatives (MSA A+S) capable de prendre en compte la résolution spatiale du système d'acquisition [Grenier, 2005e; Grenier, 2005c].
- Un filtrage Mean Shift multiparamétrique hybride (MSMP hybride) combinant les approches « non-blurring » et « blurring » [Davignon, 2005; Grenier, 2005d; Grenier, 2006b].

3. FILTRAGE MEAN SHIFT ADAPTATIF AVEC PRISE EN COMPTE DE LA RESOLUTION SPATIALE DU SYSTEME D'ACQUISITION

Le Mean Shift offre un cadre particulièrement intéressant pour le filtrage d'image car il permet de prendre en compte à la fois l'information spatiale (coordonnées des voxels dans le domaine spatial $\Omega_s \subset \mathbb{R}^s$) et l'information d'amplitude (niveau de gris, couleur ou information spectrale dans le domaine amplitude $\Omega_r \subset \mathbb{R}^r$). Le domaine joint spatial-amplitude $\Omega_s \times \Omega_r \subset \mathbb{R}^d$ est un sous-ensemble de l'espace euclidien \mathbb{R}^d , où $d = s + r$. De plus, le Mean Shift ne nécessite aucune connaissance a priori sur la distribution sous-jacente des pixels. Cependant, la difficulté repose sur le choix des paramètres d'échelle associés au domaine joint. Une solution proposée dans [Comaniciu, 2001] décrit un filtrage Mean Shift à largeurs de bande variables qui s'appuie sur un paramètre d'échelle en amplitude adaptatif et qui s'avère plus performant que le filtrage Mean Shift à largeur de bande constante. Nous avons étendu cette approche en proposant un filtrage Mean shift à

largeurs de bande variables à la fois dans le domaine des amplitudes Ω_r et le domaine spatial, les paramètres d'échelle étant adaptatifs dans chacun des domaines. Notre principal apport est de prendre en compte l'a priori sur le système d'acquisition, telle que la connaissance de sa variation de résolution spatiale et latérale.

3.1 Principe des paramètres d'échelle variables

Dans le Mean Shift à largeur de bande constante, la fonction de densité est estimée en chaque point $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1,\dots,n}$ à l'aide du même noyau normalisé.

$$\hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) \quad (\text{III.20})$$

Le noyau à largeur de bande constante a pour défaut de ne pas lisser suffisamment l'estimation de la fonction de densité pour des données situées en queue de distribution et au contraire de trop la lisser lorsque les données sont situées vers un pic de la distribution. Par conséquent, les performances de l'estimateur se dégradent lorsque les données présentent des variations locales d'échelle.

Le principe du Mean Shift à largeurs de bande variables repose sur l'utilisation d'une matrice de paramètres d'échelle \mathbf{H}_i qui s'adapte à chaque point $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1,\dots,n}$ où est estimée la fonction de densité.

$$\hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n K_{\mathbf{H}_i}(\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) \quad (\text{III.21})$$

La matrice de paramètres d'échelle \mathbf{H}_i normalise le support du noyau pour qu'il soit radial et symétrique en chaque point $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1,\dots,n}$:

$$K_{\mathbf{H}_i}(\mathbf{u}) = (\det[\mathbf{H}_i])^{-\frac{1}{2}} \cdot K\left(\mathbf{H}_i^{-\frac{1}{2}} \mathbf{u}\right) \quad (\text{III.22})$$

Dans notre étude, nous avons restreint \mathbf{H}_i à une matrice diagonale où chaque élément de la matrice $h_{i,m}$ ($m \in [1;d]$) est un paramètre d'échelle de la $m^{\text{ième}}$ dimension de \mathbb{R}^d .

De par ses propriétés de symétrie, le noyau sphérique $K(\mathbf{x})$ peut se remplacer par le profil $k(u)$:

$$\begin{aligned} k : [0, +\infty[&\rightarrow \mathbf{R} \\ \begin{cases} k(u) \geq 0 & \text{pour } 0 \leq u \leq 1 \\ k(u) = 0 & \text{pour } u > 1 \end{cases} & \quad (\text{III.23}) \\ K(\mathbf{x}) &= c_{k,d} k(\mathbf{x}^t \mathbf{x}) \quad \text{avec } c_{k,d} \text{ constante de normalisation} \end{aligned}$$

En tenant compte de (III.22) et (III.23), l'équation (III.21) devient :

$$\begin{aligned}\hat{f}(\mathbf{x}) &= \frac{C_{k,d}}{n} \sum_{i=1}^n (\det[\mathbf{H}_i])^{-\frac{1}{2}} k\left((\mathbf{x}-\mathbf{x}_i)^T \mathbf{H}_i^{-1} (\mathbf{x}-\mathbf{x}_i)\right) \\ &= \frac{C_{k,d}}{n} \sum_{i=1}^n (\det[\mathbf{H}_i])^{-\frac{1}{2}} k\left(d_M^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}_i)\right)\end{aligned}\quad (\text{III.24})$$

où $d_M^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}_i)$ correspond au carré de la distance de Mahalanobis entre les points \mathbf{x} et \mathbf{x}_i .

A partir de l'expression du gradient de l'estimation donnée par l'équation (A.12) en Annexe §A.3 et la notation $Q_i(\mathbf{x})$ donnée par l'équation (III.25), on obtient l'expression du vecteur Mean Shift $M(\mathbf{x})$ donnée dans l'équation (III.26) :

$$\mathbf{Q}_i(\mathbf{x}) = (\det[\mathbf{H}_i])^{-\frac{1}{2}} \cdot \mathbf{H}_i^{-1} \cdot g\left(d[\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}_i]^2\right) \quad (\text{III.25})$$

$$\mathbf{M}(\mathbf{x}) = \left(\sum_{i=1}^n \mathbf{Q}_i(\mathbf{x}) \right)^{-1} \sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i \cdot \mathbf{Q}_i(\mathbf{x}) - \mathbf{x} \quad (\text{III.26})$$

Comme nous l'avons vu dans la section §2.2.2, $M(\mathbf{x})$ est un estimateur du gradient normalisé de la distribution sous-jacente aux données.

La procédure Mean Shift (cf. section §2.2.4) est appliquée itérativement de manière à converger sur le point où le gradient de la densité est nul i.e. $\|M(\mathbf{x})\| \approx 0$. Partant d'un point $\mathbf{x} = \mathbf{x}^{[0]}$, les positions successives du point sont données par la séquence $\{\mathbf{x}^{[l]}\}_{l=1..k}$:

$$\mathbf{x}^{[l+1]} = \left(\sum_{i=1}^n \mathbf{Q}_i(\mathbf{x}^{[l]}) \right)^{-1} \cdot \left(\sum_{i=1}^n \mathbf{Q}_i(\mathbf{x}^{[l]}) \cdot \mathbf{x}_i \right) \quad (\text{III.27})$$

A chaque itération, $\|M(\mathbf{x})^{[l+1]}\| = \|\mathbf{x}^{[l+1]} - \mathbf{x}^{[l]}\|$ est évalué. Le processus s'arrête lorsque la norme du vecteur Mean Shift est inférieure à un certain seuil. Le point de convergence \mathbf{x}_{conv} correspond alors à un mode de la distribution.

3.2 Choix de la largeur de bande adaptative

Une matrice de largeur de bande \mathbf{H}_i est calculée pour chacun des points $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$. Dans notre application, nous avons utilisé des images 2D en niveaux de gris. La dimension spatiale s est égale à 2, et La dimension d'amplitude r égale à 1. De plus, la matrice de largeurs de bande variables utilisée est diagonale. Son contenu est détaillé dans l'équation (III.28) :

$$\mathbf{H}_i = \begin{bmatrix} h_{i_{s1}} & 0 & 0 \\ 0 & h_{i_{s2}} & 0 \\ 0 & 0 & h_{i_r} \end{bmatrix} \quad (\text{III.28})$$

Les caractéristiques spatiale et d'amplitude étant de nature différente, nous appliquons deux méthodes distinctes pour déterminer les largeurs de bande dans chaque sous-espace :

1. le paramètre d'amplitude h_{i_r} issu des propriétés des estimateurs adaptatifs est calculé suivant la méthode de Comaniciu,
2. les paramètres d'échelle $h_{i_{s1}}$ et $h_{i_{s2}}$ sont choisis de manière à s'adapter à la résolution locale de l'image.

3.2.1 Largeur de bande adaptative en amplitude h_{i_r}

La largeur de bande d'amplitude adaptative h_{i_r} est déterminée à partir des règles données dans [Comaniciu, 2001] :

$$h_{i_r} = h_0 \cdot \left[\frac{\lambda}{\tilde{f}(\mathbf{x}_i)} \right]^{\frac{1}{2}} \quad (\text{III.29})$$

Cet expression implique une autre estimation de $f(\mathbf{x}_i)$ nommée densité pilote $\tilde{f}(\mathbf{x}_i)$, ainsi que le choix des valeurs de deux constantes h_0 et λ . h_0 est une largeur de bande fixe calculée à partir de la règle proposée par [Sheather, 1991]. La densité pilote $\tilde{f}(\mathbf{x}_i)$ est obtenue pour chaque pixel à partir d'une estimation locale de densité. Cette estimation est basée sur l'utilisation d'un noyau ayant pour largeur de bande en amplitude la valeur fixe h_0 et utilisant les largeurs de bandes spatiales $h_{i_{s1}}$ et $h_{i_{s2}}$ déterminées par notre méthode. λ est la moyenne géométrique de $\{\tilde{f}(\mathbf{x}_i)\}_{i=1..n}$. Enfin, h_{i_r} est déduit de l'équation (III.29).

3.2.2 Largeurs de bande adaptatives spatiales $h_{i_{s1}}$ and $h_{i_{s2}}$: lien avec la résolution spatiale du système d'acquisition

L'utilisation de largeurs de bande spatiales adaptatives est proche d'une analyse multi-échelles des données. Dans [Comaniciu, 2001], les auteurs proposent une sélection semi-paramétrique du paramètre spatial, basée sur une propriété du vecteur Mean Shift particulièrement appropriée lorsqu'aucune connaissance a priori n'est disponible au niveau de l'échelle spatiale de l'image. Dans le contexte de l'imagerie médicale, il est possible de prendre en compte des informations supplémentaires concernant le dispositif d'acquisition telles que la résolution spatiale de la sonde qui peut être expérimentalement estimée en chaque pixel. Comme l'échelle spatiale est étroitement liée à la résolution spatiale du dispositif d'acquisition, notre contribution a été de déterminer les largeurs de bandes spatiales $h_{i_{s1}}$ et $h_{i_{s2}}$ à partir de l'estimation de cette résolution en chaque pixel. Pour chaque pixel \mathbf{x}_i , nous prenons pour $h_{i_{s1}}$ la valeur de la résolution spatiale latérale de la sonde,

évaluée à la position considérée, $h_{i,s2}$ est obtenu par le produit de $h_{i,s1}$ par une constante reflétant l'anisotropie de l'image.

3.3 Filtrage adaptatif avec prise en compte de la résolution spatiale

Soit $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$ les données originales à d dimensions et $\{\mathbf{y}_i\}_{i=1..n}$ les points filtrés dans le domaine joint $\Omega_s \times \Omega_r \subset \mathbb{R}^d$. Le filtrage adaptatif Mean Shift s'obtient en appliquant la procédure Mean Shift à largeurs de bande variables pour chaque pixel $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$ de l'image originale et en attribuant à chaque élément $\{\mathbf{y}_i\}_{i=1..n}$ de l'image filtrée les composantes spatiales du point de départ \mathbf{x}_i et la composante en amplitude du point de convergence $\mathbf{x}_{conv i}$ associé à \mathbf{x}_i .

Une application du filtrage Mean Shift à largeurs de bande variables prenant en compte la résolution spatiale d'une sonde ultrasonore est détaillée dans la section §5.3. Auparavant, nous présentons notre deuxième contribution : le filtrage Mean Shift multiparamétrique hybride.

4. FILTRAGE MEAN SHIFT MULTIPARAMETRIQUE HYBRIDE

4.1 Filtrage Mean Shift multiparamétrique (MSMP)

Dans un premier travail [Davignon, 2005; Grenier, 2005d], nous avons proposé un filtrage Mean Shift capable de traiter simultanément toutes les composantes d'une image multiparamétrique. Les données à traiter ont plusieurs caractéristiques : leurs coordonnées spatiales dans l'image ($s > 2$) et un ensemble de paramètres issus de l'imagerie médicale appelés paramètres d'amplitude ($r > 1$). Ce filtrage a ensuite été amélioré de manière à supprimer la convergence erronée de la procédure Mean Shift sur un point « selle », point dont le gradient de $f(\mathbf{x})$ est nul sans être un maximum ou un minimum de $f(\mathbf{x})$. Nous avons appelé ce filtrage Mean Shift multiparamétrique hybride (MSMP hybride).

4.2 Principe du MSMP hybride

Ce filtrage relance la convergence des points éventuellement bloqués sur des points « selle » vers leur véritable mode. L'appellation *hybride* provient de la combinaison des procédures Mean Shift « non-blurring » et « blurring » qui sont appliquées alternativement [Grenier, 2006b].

A chaque itération, un filtrage MSMP basé sur l'approche « non-blurring » est exécuté. Cet algorithme converge sur les modes $\{\mathbf{z}_i\}_{i=1..n}$ associés à chaque $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$ des données d'entrée. Les données d'entrée $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$ sont ensuite remplacées par les modes résultants $\{\mathbf{z}_i\}_{i=1..n}$ et un filtrage MSMP est de nouveau appliqué sur ce nouvel ensemble de points. Cette évolution des données d'entrée $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$ est comparable à la procédure « blurring » qui estime le vecteur Mean Shift à partir de l'ensemble des points modifiés et non à partir des données d'entrée. A chaque itération, seules les caractéristiques d'amplitude des points de convergence $\{\mathbf{z}_i\}_{i=1..n}$ remplacent les

caractéristiques d'amplitude des $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$. La prise en compte des coordonnées spatiales des modes bloqueraient la progression des points. Le processus complet est répété N fois pour obtenir un regroupement des points suffisamment dense. Le principe du filtrage MSMP hybride est schématisé dans Figure III. 4.

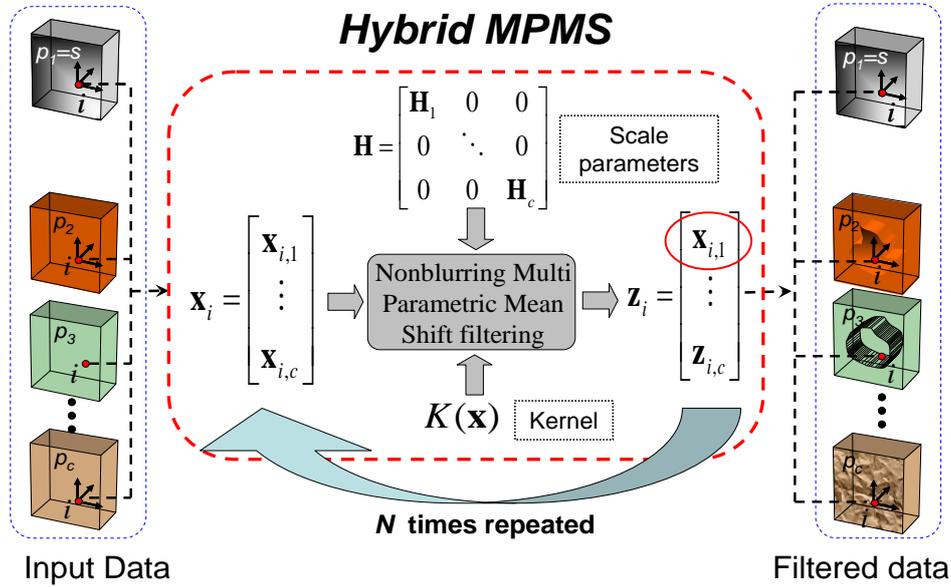


Figure III. 4: Principe du filtrage MSMP Hybride.

En notant :

- $Z^{[k]}$ l'ensemble des modes résultants à l'itération k ,
- X l'ensemble des données d'entrée,
- $MSMP(Z^{[k]}, K, \mathbf{H})_Y$ l'algorithme MSMP qui filtre l'ensemble de points $Z^{[k]}$ en utilisant un noyau multivariable K , une matrice de largeurs de bande \mathbf{H} et un ensemble de données d'entrée Y pour l'estimation du gradient de la densité.

L'algorithme itératif de filtrage MSMP hybride se décrit très simplement :

$$\begin{aligned}
 & \text{Initialisation : } Z^{[0]} = X \\
 & \begin{cases} Y = Z^{[k]} \\ Z^{[k+1]} = MSMP(Z^{[k]}, K, \mathbf{H})_Y \end{cases} \quad (III.30)
 \end{aligned}$$

La convergence de MSMP hybride est assurée par les propriétés de la procédure Mean Shift [Cheng, 1995].

L'intérêt du filtrage MSMP hybride est démontré dans la section §5.4, qui présente les résultats de son application à l'imagerie multiparamétrique ultrasonore.

Après avoir exposé le principe de nos deux méthodes de filtrage Mean Shift, nous évaluons à présent leur apport dans le contexte de l'imagerie ultrasonore.

5. APPLICATIONS A L'IMAGERIE ULTRASONORE

5.1 Contexte de l'imagerie ultrasonore

Les images ultrasonores se caractérisent par une qualité médiocre et de ce fait, les traitements tels que la segmentation automatique sont des problèmes difficiles [Ashton, 1995]. La dégradation de l'image est due principalement au bruit de « speckle », à la faible résolution latérale et à l'atténuation qui varie avec la profondeur. De plus, le principe de la formation d'image utilise la focalisation du faisceau ultrasonore, par conséquent la taille de la cellule de résolution n'est pas constante le long de la direction de propagation. La variance des statistiques dans un tissu homogène pouvant être relativement importante et les statistiques de tissus différents pouvant être très semblables, plusieurs techniques sont proposées dans la littérature pour augmenter le contraste des données ultrasonores telles que des approches de filtrage [Abd-Elmoniem, 2002] et de diffusion anisotropique [Yongjian Yu, 2002]. Dans cette étude, nous mettons en évidence l'apport de nos deux méthodes de filtrage présentées aux sections §3 et §4, comme prétraitements à une opération de classification par seuillage.

5.2 Images ultrasonores simulées

5.2.1 Fantôme numérique

Afin d'évaluer l'efficacité de notre méthode, un fantôme numérique a été synthétisé avec le logiciel Field [Jensen, 1997]. Le fantôme réalisé contient 100 000 diffuseurs disposés aléatoirement et dont les valeurs d'échogénéité suivent une loi normale. Dans un cylindre de 10 mm de diamètre, placé au centre du fantôme, les valeurs d'échogénéité des diffuseurs sont divisées par 10. Figure III. 5 illustre la géométrie du fantôme.

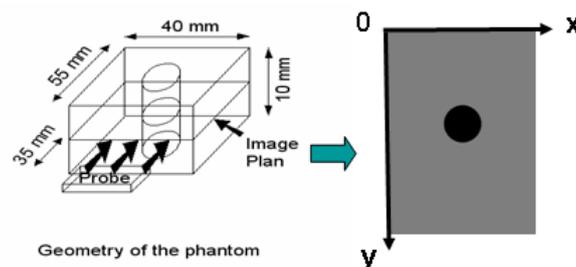


Figure III. 5: Géométrie du fantôme.

5.2.2 Résolution latérale de la sonde

La fréquence de la sonde est de 3.5 MHz. Sa zone focale est centrée sur l'inclusion. Les 50 lignes RF obtenues sont échantillonnées à 100 MHz. L'enveloppe du signal est ensuite détectée afin de générer une image échographique de dimension 50x358 pixels.

La résolution latérale, qui varie avec la profondeur (axe y) est liée à la réponse impulsionnelle du système d'imagerie. La réponse impulsionnelle latérale, illustrée par Figure III. 6b, peut être estimée comme la largeur à mi-hauteur du profil latéral de la réponse impulsionnelle (Figure III. 6a).

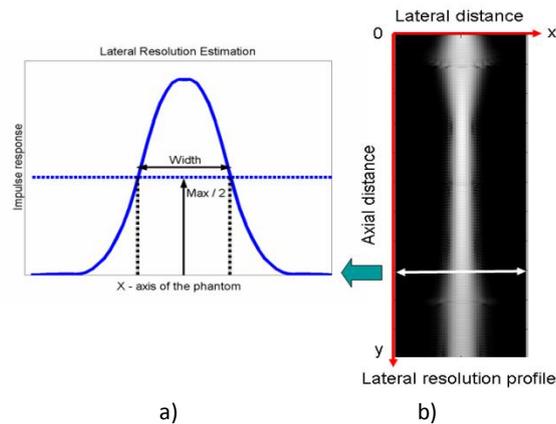


Figure III. 6: Profil de résolution latérale de la sonde.

5.2.3 Données ultrasonores et images paramétriques

L'image ultrasonore conventionnelle est construite à partir de l'enveloppe du signal RF. D'autres paramètres liés aux propriétés acoustiques des tissus peuvent être extraits à partir du signal RF. Ils peuvent apporter des informations sur la répartition spatiale ou sur les propriétés échogènes des diffuseurs. Pour tester le filtrage Mean shift multiparamétrique, nous avons considéré :

- A, l' enveloppe du signal RF,
- α_2 , un paramètre qui estime la densité de diffuseurs,
- Ω , un paramètre relié à la distribution de Nakagami qui reflète les conditions de diffusion dans le tissu.

La méthode proposée est testée à partir des données ultrasonores simulées avec le logiciel Field [Jensen, 1997] obtenues avec le fantôme présenté dans §5.2.1. Les paramètres α_2 et Ω sont estimés localement sur les données enveloppe et permettent de construire des images paramétriques. Les amplitudes de ces trois images sont normalisées entre 0 et 255. La détermination de ces paramètres est expliquée dans [Davignon, 2005; Grenier, 2005d].

5.3 Filtrage Mean Shift adaptatif de l'enveloppe avec prise en compte de la résolution spatiale de la sonde ultrasonore (MSA A+S)

Dans [Comaniciu, 2001], l'auteur présente un filtrage Mean Shift à largeurs de bande adaptatives, mais seulement pour la caractéristique d'amplitude (MSA A). L'algorithme que nous avons proposé en section §3 a étendu cette approche, et propose également un paramètre d'échelle adaptatif pour la caractéristique spatiale (MSA A+S), afin de prendre en compte les spécificités des données ultrasonores. MSA A+S associe à chaque pixel un paramètre d'échelle en amplitude, calculé à partir des données images, et un paramètre d'échelle spatial, obtenu à partir de la connaissance a priori de la résolution latérale de la sonde ultrasonore. Cette étude compare les performances des filtres MSA A+S et MSA A.

Nous avons appliqué MSA A+S à des données ultrasonores simulées. Figure III. 7a et Figure III. 7c montrent l'image originale de l'enveloppe RF et sa distribution de niveaux de gris. La distribution

ne permet pas de distinguer les classes sombres des claires. Nous avons comparé le filtrage MSA A+S à un filtrage MSA A. Les deux méthodes utilisent la même expression donnée par (III.29) pour le calcul de h_{i_r} . Cependant, dans MSA A+S, h_{i_r} est estimée à partir d'un noyau dont les largeurs de bandes spatiales $h_{i_{s1}}$ et $h_{i_{s2}}$ sont adaptatives. Pour le filtrage MSA A, h_{s1} est égal à la résolution latérale moyenne de la sonde et h_{s2} est calculée en utilisant le même facteur d'anisotropie que précédemment ($h_{s2} = 5.2 \times h_{s1}$). Les images filtrées résultantes se trouvent dans Figure III. 7d pour MSA A et Figure III. 7g pour MSA A+S. Figure III. 7f et Figure III. 7i montrent leur distribution de niveaux de gris respectives. Dans Figure III. 7f, on voit que MSA A a légèrement groupé les données autour de plusieurs modes, mais ils restent très nombreux. MSA A+S donne de meilleurs résultats que MSA A, la zone sombre étant nettement isolée dans la distribution de l'image filtrée. Les points ont été regroupés vers un nombre plus limité de modes. L'homogénéité des images est évaluée par un seuillage. Tandis qu'un seuillage manuel est nécessaire pour les images originales et filtrées par MSA A, un seuillage automatique [Otsu, 1979] peut séparer correctement les classes sombres et claires dans l'image filtrée par MSA A+S. Figure III. 7h montre un résultat visuellement très satisfaisant.

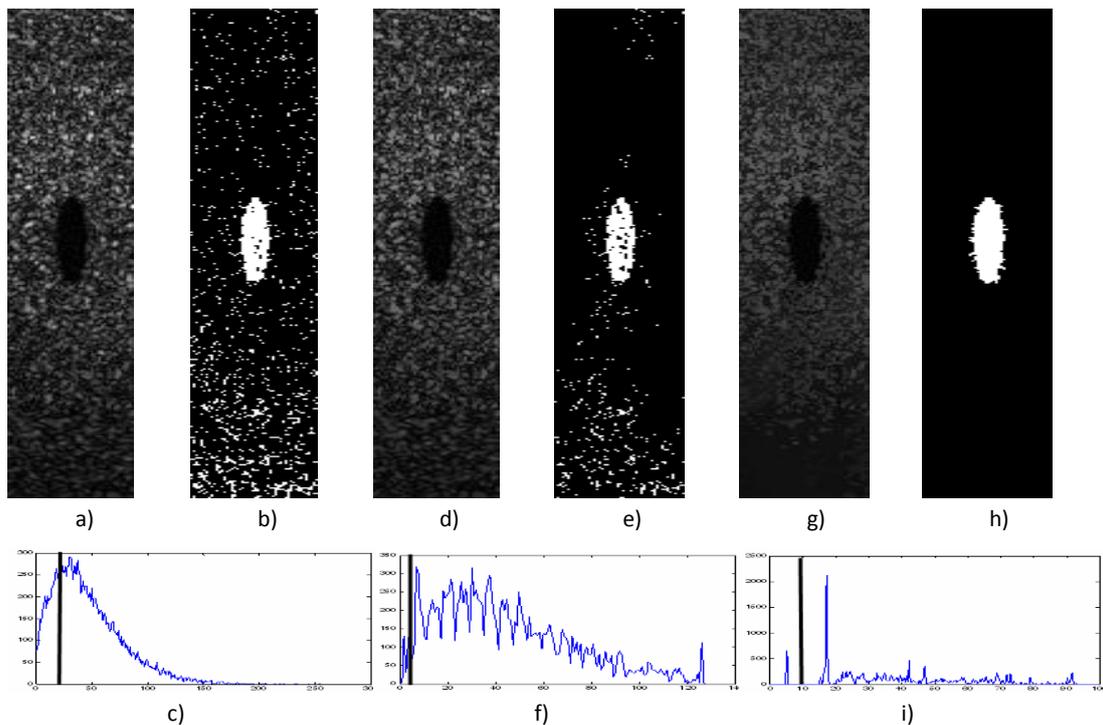


Figure III. 7: Résultats: a, b) données originales et seuillage manuel correspondant ; d), e) image filtrée par MSA A et seuillage manuel correspondant; g), h) image filtrée par MSA A+S et seuillage automatique correspondant; c), f), i) distributions de niveaux de gris des images a), d) et g); les traits verticaux indiquent les seuils utilisés.

Le résultat obtenu Figure III. 7h est comparé en Figure III. 8 aux résultats issus de deux autres méthodes classiques de segmentation d'images ultrasonores : la méthode des K-Means et la segmentation bayésienne. L'algorithme des K-Means est une méthode de partitionnement basée sur les moindres carrés. Elle permet de diviser un ensemble de pixels en K classes. La seconde méthode utilisée est une segmentation adaptative, basée sur une estimation bayésienne (MAP) de l'image des

classes. Les régions sont modélisées par un champ aléatoire de Markov. La distribution des niveaux de gris des données originales est supposée gaussienne. La minimisation de la fonction d'énergie est réalisée à l'aide d'un algorithme déterministe (Iterated Conditional Mode). Cette approche bayésienne a été testée aussi dans sa version multi résolution proposée par [Boukerroui, 2003], [Boukerroui, 2001].

Figure III. 8b montre que la segmentation par les K-Means échoue sur des données ultrasonores bruitées. De même, l'approche bayésienne adaptative, du fait de l'atténuation des ultrasons dans le milieu qui se traduit par une décroissance des niveaux de gris avec la profondeur de l'image, ne conduit pas à une segmentation satisfaisante (Figure III. 8c). L'algorithme multi résolution amène un résultat moins bruité mais ne parvient pas non plus à unifier les pixels de l'arrière-plan de l'image en une seule classe (Figure III. 8d). Le résultat obtenu par un simple seuillage de l'image filtrée par la méthode décrite ici est reporté en Figure III. 8e.

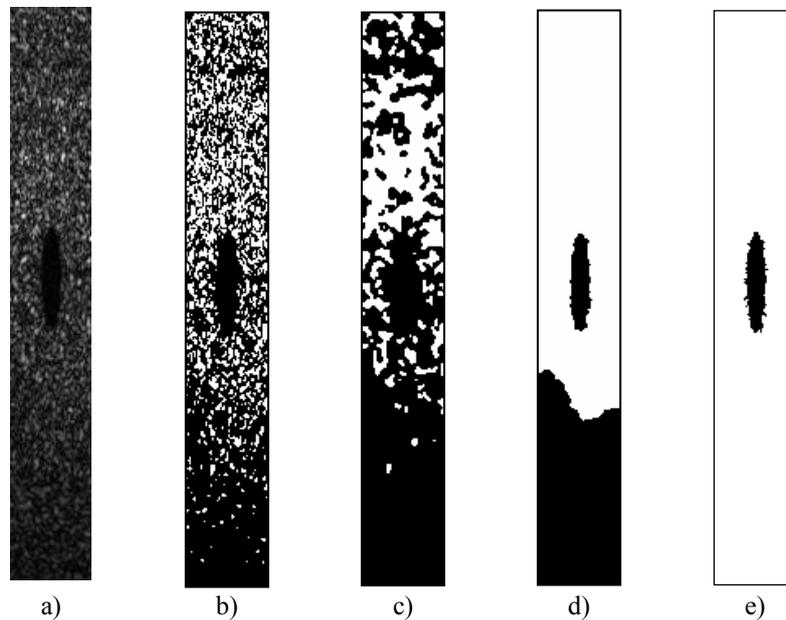


Figure III. 8: Comparaison visuelle de 3 méthodes de segmentation avec le seuillage de MSA A+S: a) image originale ; segmentations par b) algorithme des k-means , c) approche bayésienne, d) approche bayésienne multi résolution ; e) seuillage automatique de l'image filtrée par la méthode MSA A+S.

En conclusion, nous avons développé un filtrage Mean Shift avec des paramètres d'échelle adaptatifs aussi bien dans le domaine spatial que dans le domaine d'amplitude. Pour chaque point, le paramètre d'échelle en amplitude est calculé à partir des données et les paramètres d'échelle spatiaux sont évalués à partir de la résolution latérale de la sonde ultrasonore. Notre méthode s'avère plus performante qu'un filtrage Mean Shift adaptatif en amplitude mais avec des paramètres spatiaux fixes. De plus, les images filtrées par notre méthode conduisent, par simple seuillage automatique, à une segmentation meilleure que celles obtenues avec des méthodes de classification plus sophistiquées, comme l'approche bayésienne multi-résolution. Notre filtrage présente plusieurs avantages : d'une part, l'utilisateur ne fixe aucune valeur de paramètre arbitrairement et d'autre part, l'algorithme s'adapte à la résolution variable de la sonde ultrasonore.

5.4 Filtrage Mean Shift multiparamétrique hybride (MSMP hybride)

Nous avons testé le filtrage MSMP hybride sur trois jeux de données ultrasonores multiparamétriques présentées en §5.2.3. Le premier fantôme est une lésion hypo-échogène à faible densité de diffuseurs (*jeu 1*), le deuxième consiste en une lésion hyper-échogène à forte densité (*jeu 2*) et le troisième montre une lésion à faible densité (*jeu 3*).

Nous avons évalué les améliorations apportées par l'approche hybride par rapport au simple filtrage MSMP. Le simple filtrage MSMP s'obtient facilement à partir de MSMP hybride, puisqu'il s'agit du résultat de la première itération de MSMP hybride, noté MSMP^[1].

Figure III. 9 illustre l'évolution des points filtrés au cours des itérations de MSMP Hybride. Les données d'entrée pour la caractéristique d'amplitude proviennent de trois images paramétriques ultrasonores affichées dans Figure III. 10. L'espace euclidien résultant utilisé pour la représentation de ces données est un espace de dimension 5 : 2 dimensions pour la caractéristique spatiale s des points et 3 dimensions pour la caractéristique d'amplitude r . Le noyau multivariable utilisé pour l'estimation est un produit de noyaux sphériques d'Epanechnikov K_s et K_r afin de traiter indépendamment chaque caractéristique et la matrice diagonale de paramètres d'échelle \mathbf{H} a pour éléments $[10^2, 10^2, 70^2, 70^2, 70^2]$.

Figure III. 9 montre l'évolution de chaque caractéristique dans son sous-espace respectif pour un jeu de données particulier. A l'état initial, les données ont leur caractéristique spatiale situées sur une grille uniforme et leur caractéristique d'amplitude représentée par des vecteurs RGB forment un nuage de points fortement dispersé.

Après la première itération, les données sont plus concentrées dans l'espace amplitude et se sont déplacées dans l'espace spatial. La grille n'est plus uniforme, certaines zones en noir sont complètement vidées de leurs pixels : aucun mode n'est situé dans ces zones. Cette information de convergence spatiale est retirée à l'itération suivante : les données d'entrée ne sont mises à jour que par la caractéristique d'amplitude des modes et conservent leur caractéristique spatiale initiale.

A l'itération 2, deux groupes de données se sont formés dans le sous-espace amplitude. Dans l'espace spatial, seuls les pixels situés à la limite de l'objet se sont déplacés, ailleurs la grille est restée uniforme (i.e. presque aucune évolution des modes dans l'espace spatial). Ensuite, à partir de la deuxième itération jusqu'à l'itération 10, la séparation des classes évolue lentement.

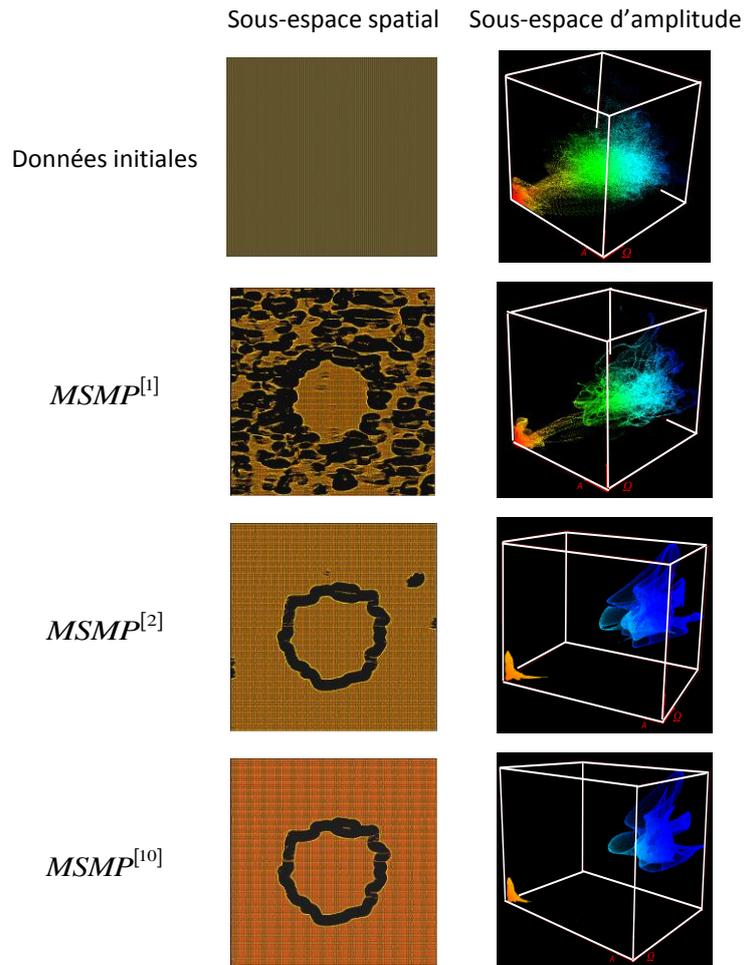


Figure III. 9: Evolution des données au cours des itérations du filtrage MSMP hybride dans les sous espaces spatial et d'amplitude, de l'initialisation à la 10^{ème} itération.

Figure III. 10 affiche les 3 paramètres ultrasonores considérés pour la caractéristique d'amplitude : A l'enveloppe du signal RF, α_2 l'estimation de la densité de diffuseurs et Ω un paramètre de diffusion, ainsi que les résultats obtenus par simple filtrage MSMP et par filtrage MSMP hybride après 10 itérations noté $MSMP^{[10]}$.

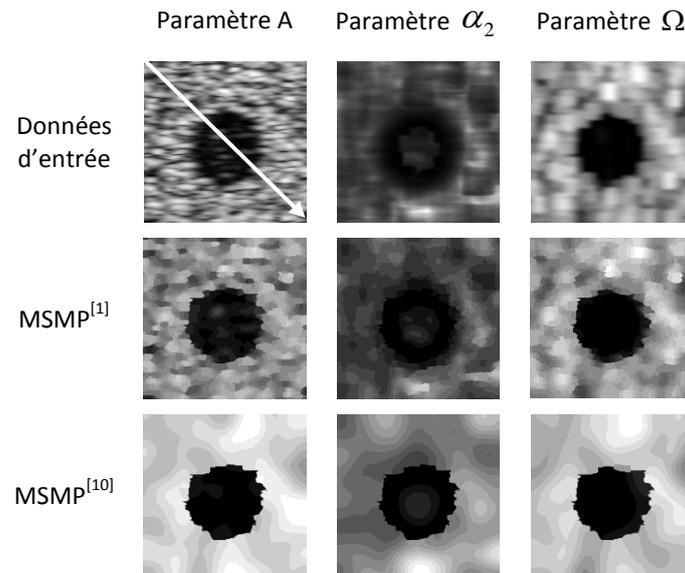


Figure III. 10: Images des paramètres (en haut), images filtrées par simple MSMP (MSMP^[1]) et par MSMP hybride (MSMP^[10]).

Figure III. 11 affiche les profils d'intensité le long de la diagonale représentée par la flèche blanche pour chaque image de Figure III. 10. La première ligne montre les profils associés à chaque paramètre ultrasonore. De forte variation sont présentes pour le paramètre A du fait du bruit de speckle. La seconde ligne correspond aux profils obtenus avec MSMP^[1]. Il est possible de noter une augmentation de l'amplitude des transitions dès cette première itération. La dernière ligne correspond aux profils associés à MSMP hybride. L'amplitude des transitions a augmenté de manière significative alors que l'intensité à l'intérieur des régions est plus homogène.

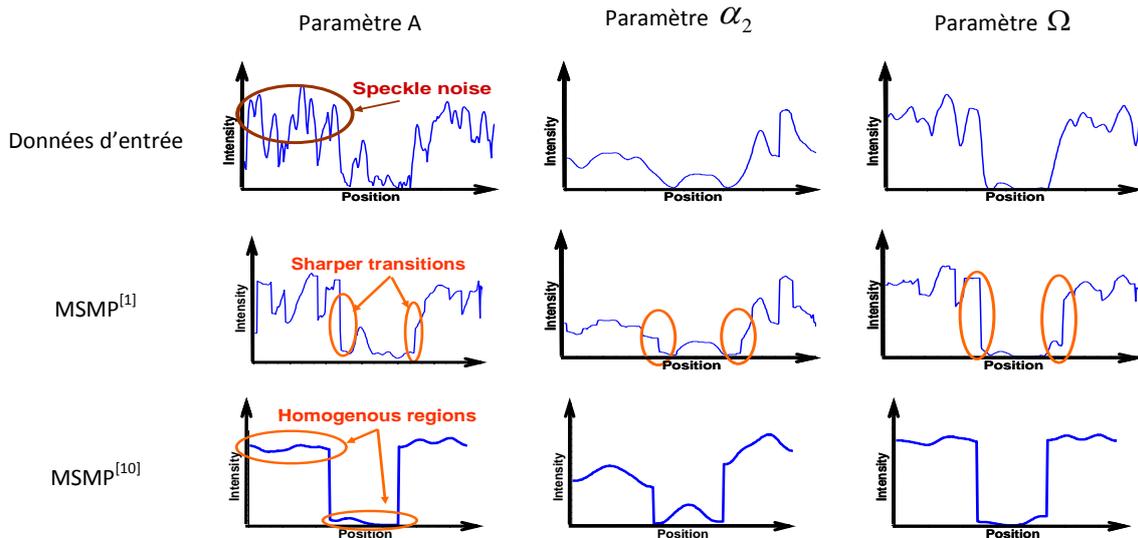


Figure III. 11: Profils d'intensité obtenus à partir des images de Figure III. 10.

Une étude quantitative a été réalisée à partir de 3 jeux de données simulées pour évaluer l’apport de MSMP hybride comme prétraitement à une opération de segmentation. La méthode de segmentation retenue est une opération de seuillage automatique par la méthode d’Otsu [Otsu, 1979]. Nous avons comparé les segmentations obtenues à partir : i) des images non filtrées, ii) des images filtrées individuellement par filtrage Mean Shift (d=2, r=1) noté MS, iii) des images filtrées par MSMP^[1] et iv) des images filtrées par MSMP hybride. Nous avons calculé le taux de pixels correctement classés (tpcc) pour chacune de ces méthodes. Nous avons ensuite calculé l’amélioration apportée par les méthodes de filtrage vis à vis de ce critère en prenant comme référence $tpcc_ref$, le tpcc obtenu à partir des images non filtrées et nous avons défini le taux d’amélioration suivant :

$$ar = \frac{tpcc_met - tpcc_ref}{1 - tpcc_ref} \tag{III.31}$$

avec $tpcc_met$, le tpcc obtenu après application de la méthode de filtrage considérée.

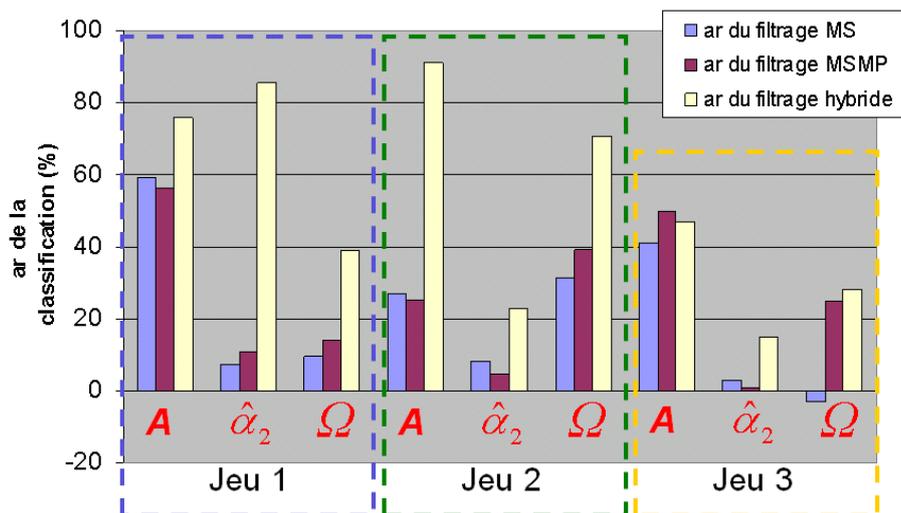


Figure III. 12: Amélioration de la segmentation par seuillage automatique lorsque les méthodes de filtrage MS, MSMP^[1] et MSMP hybride sont préalablement appliquées.

Figure III. 12 montre l’apport du filtrage pour accroître les performances d’une méthode de segmentation, avec une amélioration moyenne de 20,4% pour MS, 25,1% pour MSMP^[1] et 52,7% pour MSMP hybride. La prise en compte simultanément des 3 paramètres dans le filtre MSMP^[1] conduit à une progression de près de 5% par rapport au filtrage individuel des paramètres. L’efficacité du filtrage MSMP hybride est confirmée avec une amélioration de presque 30% par rapport au filtrage MSMP^[1]. Ce résultat met en évidence l’intérêt de réitérer le filtrage MSMP en alternant les procédures « non-blurring » et « blurring » de manière à « ressortir » des points de convergence locaux et non significatifs.

En conclusion, le filtrage MSMP hybride permet de filtrer simultanément l’ensemble des paramètres ultrasonores en prenant en compte à la fois les caractéristiques spatiales et d’amplitude.

L'approche hybride permet d'atteindre des résultats supérieurs au simple filtrage MSMP sur les plans de la séparation des classes, l'homogénéisation des régions et la précision des contours.

6. BILAN ET PERSPECTIVES

Nous avons étudié un espace multidimensionnel particulier appelé espace des caractéristiques capable de représenter l'ensemble des paramètres numériques scalaires ou vectoriels associés à un élément de cet espace (e.g. coordonnées spatiales, niveau de gris, paramètres issus de l'imagerie ultrasonore ou IRM, etc.). Pour analyser les données dans cet espace, rechercher des classes sans a priori, nous nous sommes appuyés sur des techniques d'estimation de densité de probabilité non paramétrique par noyau multivariable. Le filtrage des données repose sur une recherche de modes, i.e. maxima locaux de la densité sous-jacente, obtenus itérativement par une procédure Mean Shift qui converge sur les zéros du gradient de la densité. Le filtrage consiste à attribuer à un élément la valeur du mode vers lequel il a convergé. Nous avons défini deux nouveaux filtres Mean Shift : i) un filtre Mean Shift avec des paramètres d'échelle adaptatifs, capable de prendre en compte la résolution spatiale d'un système d'acquisition [Grenier, 2005e; Grenier, 2005c], et ii) un filtre multiparamétrique hybride combinant les approches « non-blurring » et « blurring » de la procédure Mean Shift [Davignon, 2005; Grenier, 2005d; Grenier, 2006b]. Ces deux filtres ont été appliqués à des images ultrasonores simulées. Ils ont permis respectivement de corriger l'effet de variation de résolution spatiale latérale de la sonde sur des algorithmes de classification et de réaliser le filtrage simultané d'un ensemble de paramètres issus du signal RF.

Ces premiers résultats ouvrent la voie à d'autres pistes de recherche. La plus immédiate serait d'exploiter les paramètres d'échelle adaptatifs dans les méthodes de filtrage multiparamétrique. MSMP hybride n'a été évalué qu'avec des paramètres d'échelle constants, il est probable qu'une combinaison de nos deux contributions devrait parfaire le filtrage.

Notons que cette thématique est désormais pilotée par T. Grenier, Maître de Conférences à CREATIS. Dans le cadre de la thèse de T. Li [Li, 2012] qu'il a codirigée, il a poursuivi ses recherches méthodologiques sur le filtrage Mean Shift et a évalué ses potentialités d'application dans le contexte de l'imagerie IRM et l'ischémie cérébrale pour classifier de manière non supervisée des paramètres de perfusion et de diffusion, en vue de prédire l'évolution de la zone de pénombre quelques jours après un accident vasculaire.

7. BIBLIOGRAPHIE PERSONNELLE DU CHAPITRE

[Grenier, 2006b] T. Grenier, **C. Revol-Muller**, and G. Gimenez, "Hybrid approach for multiparametric Mean Shift filtering", ICIP'06, Atlanta, USA, pp. 1541-1544, 2006.

[Davignon, 2005] F. Davignon, T. Grenier, **C. Revol-Muller**, G. Gimenez, and O. Basset, "Lissage et segmentation d'images multi-paramétriques ultrasonores par une approche 'Mean Shift'", GRETSI'05, Louvain-La-Neuve, Belgium, pp. 21-24, 2005.

[Grenier, 2005a] Grenier, T., "Apport de l'espace des caractéristiques et des paramètres d'échelle adaptatifs pour le filtrage et la segmentation d'image," in Ecole doctorale EEA Lyon: Institut National des Sciences Appliquées de Lyon, 2005a. Thèse codirigée avec G. Gimenez.

[Grenier, 2005c] T. Grenier, **C. Revol-Muller**, F. Davignon, O. Basset, and G. Gimenez, "'Mean Shift ' Adaptatif pour le lissage d'images ultrasonores", GRETSI'05, Louvain-La-Neuve, Belgium, pp. 53-56, 2005c.

[Grenier, 2005d] T. Grenier, **C. Revol-Muller**, F. Davignon, O. Basset, and G. Gimenez, "Multiparametric Smoothing Based On Mean Shift Procedure For Ultrasound Data Segmentation", EUSIPCO'05, Antalya, Turkey, pp. Article ID cr1461, 4 pages, 2005d.

[Grenier, 2005e] T. Grenier, **C. Revol-Muller**, F. Davignon, O. Basset, and G. Gimenez, "Variable bandwidth Mean Shift for Smoothing ultrasonic images", EUSIPCO'05, Antalya, Turkey, pp. Article ID cr1454, 4 pages, 2005e.

Chapitre IV

CONCLUSION DE LA PREMIERE PARTIE

Dans cette première partie, j'ai présenté mes principales contributions sur la prise en compte d'informations multidimensionnelles et hétérogènes. Nos apports en fusion de données et en filtrage sont mis en évidence par Figure IV. 1.

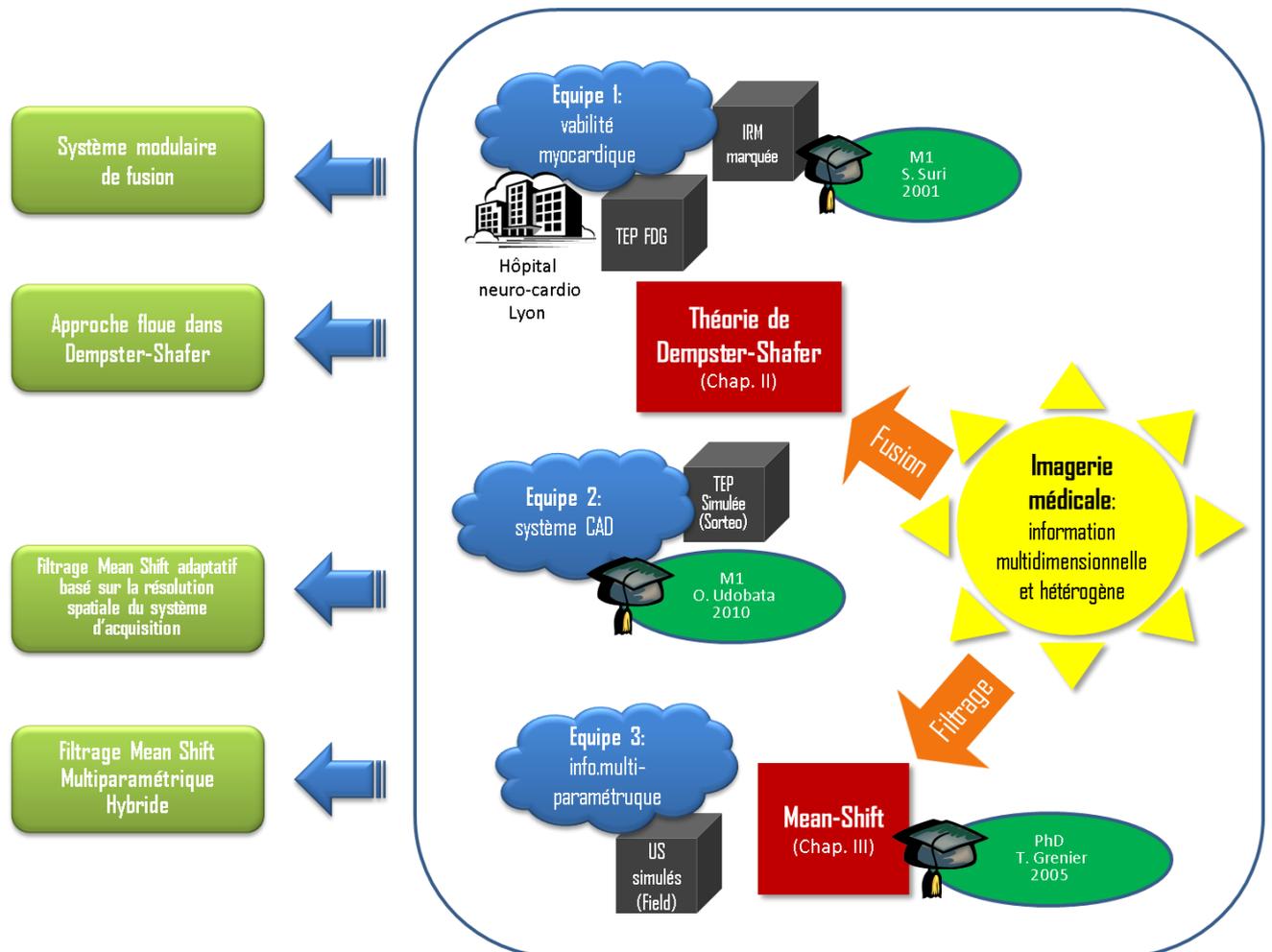


Figure IV. 1: Synthèse de nos contributions méthodologiques présentées dans la Partie 1.

La thématique de fusion de données se distingue de mes autres thématiques de recherche, dans la mesure où les développements réalisés ne sont pas en lien direct avec le traitement d'image. Nous n'avons pas exploré cette technique pour améliorer ou extraire l'information contenue dans les images mais pour fournir une aide à un processus décisionnel qui arrive en fin de chaîne.

A ce stade, les paramètres considérés sont par nature très hétérogènes et porteurs d'une information plus ou moins fiable. Nous avons retenu la théorie de l'évidence pour son aptitude à

modéliser l'incertitude et l'ignorance. Un système modulaire de fusion a été conçu pour faciliter la définition d'une architecture de fusion, c'est-à-dire spécifier les paramètres à fusionner et définir les hypothèses associées à chaque paramètre ainsi que les règles de combinaison entre ces paramètres. Une amélioration a également été apportée à un système d'aide à la détection de tumeurs basé sur deux classifieurs (SVM et LDA) en substituant l'étape de vote à la majorité par un processus de fusion. Une approche floue a été envisagée dans la théorie de Dempster Shafer pour pallier les incohérences en cas de conflit entre ces classifieurs. Cette solution a permis d'augmenter la sensibilité du système (capacité à détecter des tumeurs) mais n'a pas amélioré le taux de nombre de faux positifs.

Au-delà des développements réalisés, cette thématique m'a convaincue de l'importance de disposer d'outils permettant de connaître la vérité terrain. Dans la première application concernant l'estimation de la viabilité myocardique, l'évaluation clinique n'a pas été conduite en raison des difficultés de mise en œuvre et du temps demandé pour une telle étude. La seconde application réalisée à partir des images TEP simulées au contraire a largement bénéficié de la connaissance de la vérité terrain pour évaluer les performances de la méthode et optimiser ses paramètres. L'ajustement des distributions de masse d'évidence ou des règles de combinaison reste le problème majeur de ces systèmes de fusion. La rétroaction des indicateurs de performance tels que la sensibilité ou le nombre de faux positifs dans le modèle de fusion est une piste à poursuivre. Cependant, le transfert du système CAD optimisé à partir des images simulées vers l'application clinique ne sera une réussite que si ces images simulées sont suffisamment proches des images réelles et modélisent correctement les tumeurs. Par ailleurs, le choix des classifieurs et plus généralement des systèmes d'apprentissage situés en amont du système de fusion est à considérer attentivement. Depuis quelques années, la recherche en intelligence artificielle s'est particulièrement orientée sur des techniques d'apprentissage profond. Ces approches ne nécessitent plus de phase d'apprentissage et extraient d'elles-mêmes des caractéristiques hiérarchiquement structurées, au fort pouvoir discriminant. Appliquées initialement dans les domaines de la reconnaissance de la parole et de la musique, elles me semblent tout à fait prometteuses pour les systèmes CAD [Lee, 2011; Mohamed, 2011; Mohamed, 2012].

Dans la thématique du filtrage, nous avons étudié un espace multidimensionnel particulier appelé espace des caractéristiques capable de représenter l'ensemble des paramètres numériques, scalaires ou vectoriels, relatif à un élément de cet espace (coordonnées, spatiales, niveau de gris, paramètres issus de l'imagerie ultrasonore ou IRM, etc.) et la procédure Mean Shift qui recherche itérativement les modes de la densité sous-jacente par une estimation non paramétrique par noyau du gradient de la densité. Le filtrage Mean Shift consiste à attribuer à un élément la valeur du mode vers lequel la procédure a convergé. Nous avons défini deux nouveaux filtrages Mean shift : un filtrage avec des paramètres d'échelle adaptatifs capable de prendre en compte la résolution spatiale d'un système d'acquisition et un filtrage multiparamétrique hybride combinant les approches « non-blurring » et « blurring » de la procédure Mean Shift. Appliqués à des images ultrasonores simulées, ces deux filtrages ont permis respectivement de corriger les perturbations liées aux variations de résolution spatiale latérale de la sonde et réaliser le filtrage simultané d'un ensemble de paramètres issus du signal RF.

Les travaux sur le filtrage Mean shift se sont poursuivis dans le cadre de la thèse de T. Li encadrée par T. Grenier. En collaboration avec l'équipe imagerie cérébrale, ils ont évalué les possibilités du filtrage Mean shift pour classifier de manière non supervisée des paramètres issues de l'imagerie IRM tels que des paramètres de perfusion et de diffusion. Ces travaux ont été appliqués chez la souris et chez l'homme pour prédire l'évolution de la zone de pénombre après un accident vasculaire.

Dans le cas de données multidimensionnelles et hétérogènes, le choix de la taille du noyau demeure un problème pour le filtrage Mean Shift. La technique adaptative basée sur la résolution spatiale du système d'acquisition n'est pas toujours applicable par manque de connaissance a priori. L'accès de CREATIS à la grille de calcul EGEE offre des facilités comme la possibilité de déterminer les paramètres d'échelle optimaux en effectuant une recherche exhaustive pour chaque type de données [Li, 2010]. Pour définir le critère d'optimalité, la nécessité de la vérité terrain est encore une fois incontournable. Cette approche a été retenue par T. Li pour analyser le comportement du filtrage Mean Shift sur des images couleur synthétiques [Li, 2011]. A l'avenir, il serait intéressant de compléter ses travaux par une étude menée à partir d'images IRM simulées à l'aide de SIMRI [Benoit-Cattin, 2005] afin de se rapprocher du contexte applicatif. Cependant des avancées devront être faites en parallèle pour fournir un modèle réaliste au simulateur, afin de générer des images aussi semblables que possible aux images réelles.

Deuxième partie

Segmentation par Croissance de Région

Chapitre V	Introduction à la deuxième partie
Chapitre VI	Optimisation de la segmentation
Chapitre VII	Formalismes pour la croissance de région
Chapitre VIII	Intégration d'a priori de forme
Chapitre IX	Conclusion de la deuxième partie

Chapitre V

INTRODUCTION A LA DEUXIEME PARTIE

La deuxième partie de ce document présente mes contributions en segmentation d'image, avec un focus particulier sur la technique de la croissance de région (Figure V. 1).

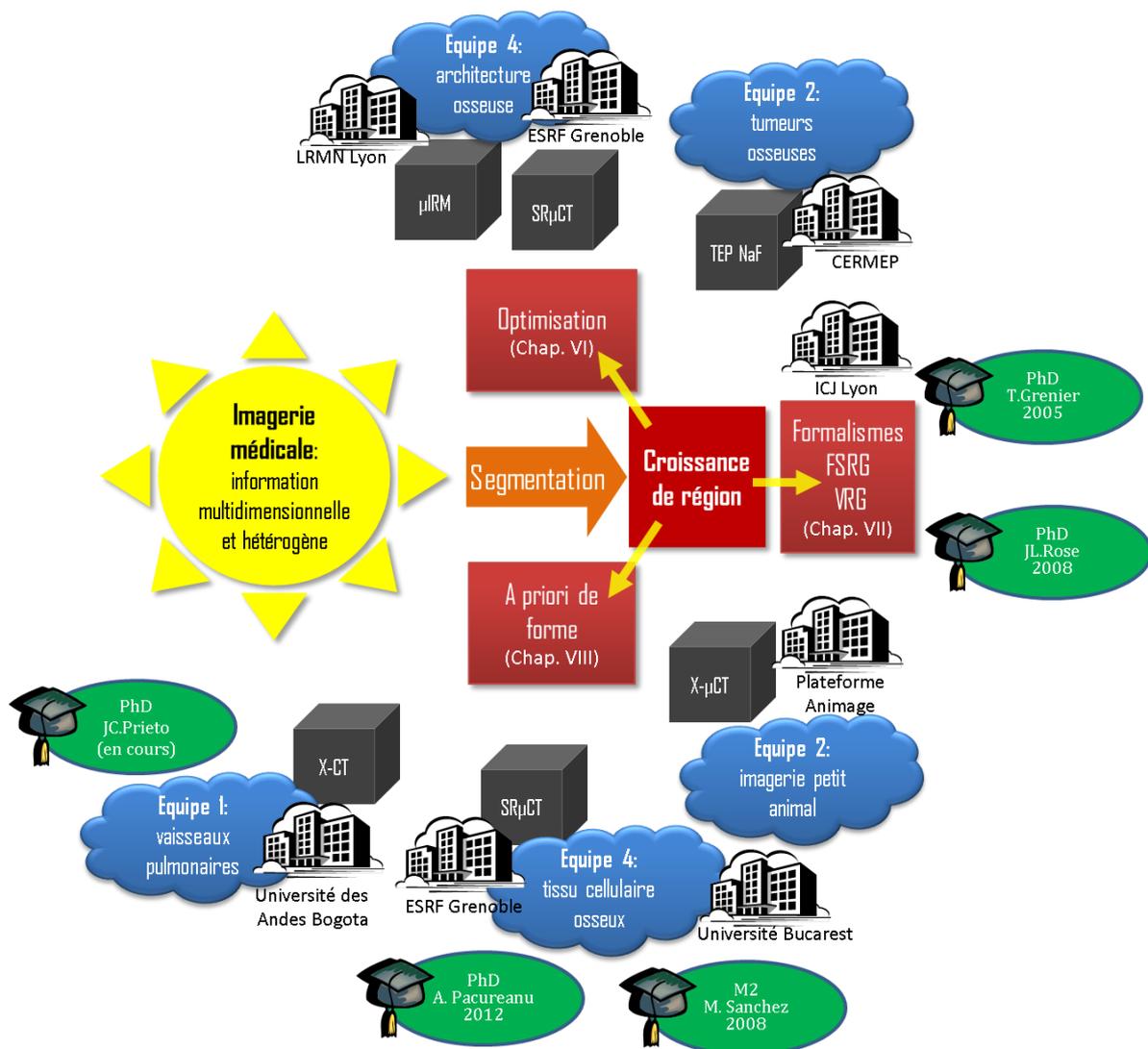


Figure V. 1: Synoptique de nos contributions méthodologiques en segmentation d'images médicales et de leur rayonnement vers diverses équipes et applications de CREATIS.

L'exposé de cette partie suit l'ordre chronologique de ma recherche. Dans le chapitre VI, j'expose mes premières réflexions sur l'optimisation de la segmentation : ces approches s'inscrivent en partie dans la continuité de mes travaux de thèse [Revol, 1996]. Ma vision de la croissance de

région a ensuite évolué et s'est affinée grâce aux travaux menés dans le cadre des thèses de T. Grenier et J.L. Rose [Grenier, 2005a; Rose, 2008a]. Fournir un cadre mathématique formel par lequel il serait possible d'étudier l'évolution de la région et la convergence du processus a été ma principale préoccupation. Le chapitre VII est le résultat de cette investigation : deux formalismes sont proposés pour décrire la segmentation par croissance de région : i) dans l'espace des caractéristiques (FSRG : Feature Space Region Growing) et ii) dans un cadre variationnel (VRG : Variational Region Growing). L'exploitation de ce second formalisme conduit à apporter plusieurs solutions au problème d'intégration d'a priori de forme dans la croissance de région. Ces dernières contributions sont présentées dans le chapitre VIII.

L'imagerie du vivant au moyen de ses nombreuses modalités (e.g. tomographie à rayons X, imagerie par résonance magnétique, ultrasons, tomographie par émission de positons etc.) permet une exploration tridimensionnelle des structures anatomiques avec une précision accrue, mais en contrepartie, fournit aux médecins ou aux biologistes une énorme quantité de données à analyser. Afin de profiter pleinement de ces systèmes d'imagerie, il est crucial de disposer d'un logiciel capable d'extraire automatiquement des objets d'intérêt. Ce processus appelé «segmentation d'images» est fondamental, car il conditionne ultérieurement la qualité de l'étude médicale, en termes de précision des mesures et d'analyse quantitative réalisée sur la structure visée. La segmentation d'images est un problème ardu, notamment en imagerie du vivant, en raison de la complexité des objets anatomiques, de la faible résolution spatiale, de la nature particulière des processus physiques impliqués dans la formation des images, et également de la présence d'artefacts liés au bruit, dépendants de la modalité d'image et des structures imagées (artefacts de mouvement, des objets physiques de l'interface, inhomogénéité du fond...).

Depuis la première définition de la segmentation donnée par Zucker dans "Region Growing : childhood and adolescence" [Zucker, 1976], de nombreuses techniques ont été proposées dans la littérature pour résoudre le problème: croissance de région [Adams, 1994; Mehnert, 1997; **Revol**, 1997; Chuang, 2001; Grenier, 2006a], snakes et contours actifs [Kass, 1987; Caselles, 1997; Xu, 1998; Paragios, 2002; Freedman, 2004], ensembles de niveau [Malladi, 1995; Paragios, 2005], graph-cuts [Boykov, 2001; Rother, 2004], etc. Parmi les approches basées « région », la croissance de région est souvent utilisée dans les logiciels de segmentation semi-interactifs. Cette technique est appréciée par les utilisateurs car son usage est simple, flexible et intuitif. En général, il consiste à extraire une région d'intérêt en agrégeant tous les pixels voisins considérés comme homogènes, à partir d'un ensemble de germes initiaux créé manuellement [Olabarriaga, 2001] ou automatiquement [Lin, 2000; Fan, 2001; Grenier, 2005b]. Le critère d'homogénéité est évalué à partir des niveaux de gris de la région (moments statistiques, paramètres de texture, approches bayésiennes). Toutefois, le principal défaut de la croissance de région est sa vulnérabilité aux « fuites » (propagations incorrectes en dehors de l'objet recherché), car il lui est impossible de distinguer deux structures connexes possédant des intensités ou des propriétés statistiques similaires. Afin de résoudre les problèmes dus à la connexité des objets, il est indispensable d'ajouter des contraintes de type géométrique dans le processus de croissance de région. Alors que certaines techniques sont bien adaptées pour prendre en compte l'a priori de forme [Cremers, 2003; Gastaud, 2004; Chan, 2005; Foulonneau, 2006], la croissance de région dans sa description originale ne possède pas de cadre

mathématique formel sur lequel s'appuyer, et les quelques solutions trouvées sont principalement ad-hoc [Dehmeshki, 2003; Rose, 2007].

Cette constatation m'a conduite à décrire la croissance de région sous un angle différent pour bénéficier d'outils mathématiques puissants. Deux formalismes résultent de cette recherche (chapitre VII). Le premier formalisme basé sur l'espace des caractéristiques permet de traiter des données variées et multidimensionnelles (niveaux de gris, ensemble de paramètres physiques, coordonnées spatiales, etc.). Son principal avantage est de définir un voisinage robuste i.e. un ensemble de points appartenant à la population visée sans tenir compte des valeurs aberrantes, à l'aide d'une distance normalisée par une matrice de paramètres d'échelle. Ce formalisme permet de décrire facilement des approches adaptatives car le voisinage peut s'ajuster aux variations locales de la densité sous-jacente des données. Le deuxième formalisme décrit la croissance de région dans un cadre variationnel. La croissance de région est vue comme un processus itératif et convergent piloté par une minimisation d'énergie. Ce formalisme est particulièrement puissant puisqu'il ouvre de nouvelles possibilités à la croissance de région, grâce à la pléthore d'énergies définies dans la littérature. Une avancée majeure est sans doute l'opportunité d'ajouter de l'a priori de forme dans la croissance de région. Deux approches sont présentées suivant que la contrainte de forme repose sur un modèle de référence ou sur des propriétés géométriques spécifiques à l'objet recherché (chapitre VIII). La deuxième approche a été particulièrement exploitée dans le cadre de la thèse d'A. Pacureau [Pacureau, 2012a] pour extraire le réseau lacuno-canaliculaire du tissu osseux à partir d'images tomographiques très haute résolution obtenues par rayonnement synchrotron.

Chapitre VI

OPTIMISATION DE LA SEGMENTATION

1. INTRODUCTION

Ce chapitre s'inscrit dans la continuité de mes travaux de thèse « Méthodes de segmentation bidimensionnelles et tridimensionnelles appliquées à l'imagerie odontologique et biomédicale » [Revol, 1996]. Il correspond à mes premiers travaux à CREATIS en tant qu'Attachée Temporaire d'Enseignement et Recherche puis Maître de Conférences. L'origine de ce travail est liée à deux problèmes : celui du réglage automatique des paramètres pilotant une méthode de segmentation et celui de l'absence de vérité terrain, i.e. connaissance de la position de l'objet à extraire, pour évaluer la précision des méthodes de segmentation dans le cadre de l'imagerie médicale. Deux contributions méthodologiques sont présentées i) pour optimiser les paramètres d'une méthode de croissance de région et ii) pour évaluer la précision d'une méthode de segmentation en l'absence de vérité terrain. Dans la section §2.1, je décris l'amélioration apportée à la méthode de croissance de région proposée dans [Revol, 1997] afin d'automatiser le traitement de segmentation [Revol-Muller, 2000b; Revol-Muller, 2002b]. Dans la section §2.2, je détaille un schéma expérimental qui permet tout aussi bien d'évaluer la précision d'une méthode de segmentation que d'optimiser les paramètres d'un protocole d'acquisition à l'aide d'un système d'imagerie de référence basé sur le rayonnement synchrotron [Peyrin, 2000; Revol-Muller, 2000a; Revol-Muller, 2002a]. Je termine le chapitre par l'application de ces travaux à l'imagerie par résonance magnétique haute résolution dans le cadre de l'analyse de la microarchitecture osseuse.

2. EVALUATION ET OPTIMISATION

2.1 Evaluation et optimisation d'un paramètre pilotant un algorithme de croissance de région

2.1.1 Contexte

L'objet de ce travail est de trouver le paramètre optimal pilotant un algorithme de croissance de région en vue d'automatiser le processus de segmentation. L'algorithme de croissance de région considéré cherche à extraire une région d'intérêt homogène désignée initialement par un ou plusieurs germes. L'homogénéité de la région est évaluée à partir des niveaux de gris des pixels. Une région est considérée comme homogène si l'écart-type σ de ses niveaux de gris ne dépasse pas un certain seuil. Partant des germes initiaux, l'algorithme de croissance de région regroupe des pixels voisins tant que l'écart-type des niveaux de gris des pixels de la région en cours d'évolution reste inférieur à ce seuil σ_{\max} . La région segmentée dépend donc étroitement du choix de ce seuil maximal d'homogénéité. Dans les systèmes interactifs, ce seuil est ajusté expérimentalement par essai et erreur et dépend de l'opérateur. Notre approche s'affranchit de ce réglage et permet de

déterminer automatiquement un seuil optimal σ_{opt} , c'est-à-dire qui conduit à la région segmentée la plus significative au sens d'un certain critère [Revol-Muller, 2000b; Revol-Muller, 2002b].

2.1.2 Principe de la méthode

Comme l'explique Figure VI. 1, notre approche consiste exécuter une croissance de région paramétrique [Revol, 1997] en faisant varier le paramètre σ_{max} dans un certain intervalle $\sigma_{max} \in [\sigma_0, \sigma_m]$. Les régions segmentées résultantes ordonnées par ordre croissance de σ_{max} forment un ensemble appelée séquence. Aux extrémités de cette séquence se trouvent la région la plus « sous-segmentée » associée à σ_0 valeur minimale de σ_{max} et la région la plus « sur-segmentée » associée à σ_m valeur maximale de σ_{max} . Un certain critère que nous avons appelé fonction d'évaluation $f_a(\sigma_{max})$ est ensuite calculé sur chaque élément de la séquence pour évaluer la qualité de la segmentation. Le seuil optimal σ_{opt} est ensuite obtenu en recherchant la valeur de σ_{max} qui maximise le critère.

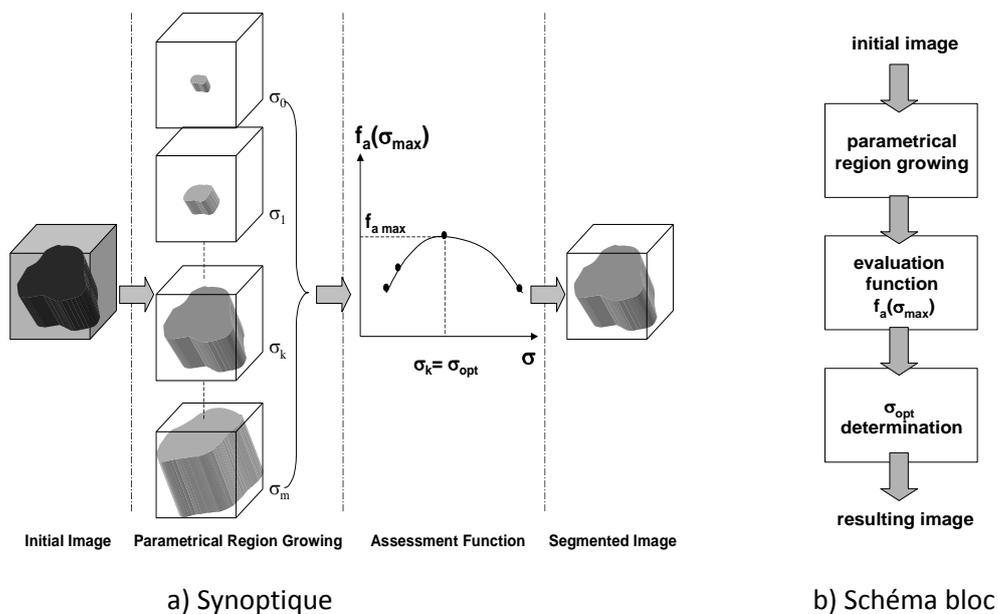


Figure VI. 1: Principe de l'optimisation de la croissance de région paramétrique.

Dans le contexte d'images à histogramme bimodal, le positionnement automatique des germes se règle facilement par un seuillage automatique suivi d'une opération binaire d'érosion mathématique qui assure à l'ensemble des points conservés, d'être situés à l'intérieur de l'objet d'intérêt.

L'intervalle de variation de σ_{max} est obtenu par analyse des niveaux de gris dans le voisinage des germes. Un écart-type moyen est déterminé et les bornes de l'intervalle de variation sont fixées relativement à cette valeur. Le pas d'incrément de σ_{max} correspond à un pourcentage de l'écart-type moyen.

2.1.3 Fonctions d'évaluation

Les fonctions d'évaluation de la qualité de la segmentation relèvent classiquement de deux approches : contour et région. Dans le premier cas, le critère privilégie les régions segmentées dont les frontières possèdent les plus fortes transitions, dans le second cas, il avantage l'homogénéité des régions correspondant à l'objet et à l'arrière-plan.

2.1.3.1 Notations

$R(\sigma_{\max})$: région segmentée correspondant à l'objet recherché, pour un seuil égal à σ_{\max} .

$\bar{R}(\sigma_{\max})$: région correspondant à l'arrière-plan (région complémentaire à la région segmentée).

$B_{R(\sigma_{\max})}$: frontière interne de la région segmentée.

2.1.3.2 Critères contour

Nous avons retenu trois critères de type contour. Ces critères sont calculées à partir des couples de pixels voisins, situés de par et d'autre de la frontière interne de l'objet segmenté, appelés « couples de transition » ou à partir des voisinages (V_6 ou V_{26}) des pixels de $B_{R(\sigma_{\max})}$.

- $w_1(\sigma_{\max})$ basé sur le contraste LIP [Jourlin, 1988]

Le contraste LIP, particulièrement adapté aux images de type logarithmique telles que les images à rayons X, est défini de la manière suivante :

$$c_f(x, y) = \frac{|f(x) - f(y)|}{1 - \frac{\min(f(x) - f(y))}{M}} \quad (\text{VI.1})$$

avec f la fonction d'intensité et $M = 2^N$ si les niveaux de gris sont codés sur N bits.

$w_1(\sigma_{\max})$ est défini comme la moyenne des contrastes LIP de tous les couples de transition de la région segmentée :

$$w_1(\sigma_{\max}) = \frac{\sum_{x \in B_{R(\sigma_{\max})}} \sum_{\substack{y \in N_x \\ y \notin R(\sigma_{\max})}} c_f(x, y)}{N_{tc}} \quad (\text{VI.2})$$

avec N_{tc} le nombre de couples de transition.

- $w_2(\sigma_{\max})$ basé sur une mesure d'écart-type

Soit $\xi(x)$ l'écart-type des niveaux de gris d'un pixel x appartenant à la frontière interne et de ses voisins. $w_2(\sigma_{\max})$ correspond à la moyenne des $\xi(x)$ calculés pour tous les pixels x de la frontière interne :

$$w_2(\sigma_{\max}) = \frac{\sum_{x \in B_{R(\sigma_{\max})}} \xi(x)}{\text{Cardinal}\{B_{R(\sigma_{\max})}\}} \quad (\text{VI.3})$$

- $w_3(\sigma_{\max})$ basé sur les niveaux de transition

$w_3(\sigma_{\max})$ est la moyenne des niveaux de transition pour tous les couples de transition de la frontière :

$$w_3(\sigma_{\max}) = \frac{\sum_{x \in B_{R(\sigma_{\max})}} \sum_{\substack{y \in N_x \\ y \notin R(\sigma_{\max})}} |f(x) - f(y)|}{N_{tc}} \quad (\text{VI.4})$$

2.1.3.3 Critères région

Nous avons proposé trois autres critères de type région.

- $S(\sigma_{\max})$ basé sur l'entropie

Le principe du maximum d'entropie repose sur la distribution de probabilités qui maximise l'entropie de Shannon. $S(\sigma_{\max})$ dérive de l'algorithme de [Kapur, 1985] mettant en œuvre deux distributions de probabilité :

$$S(\sigma_{\max}) = -\sum_{i=0}^{ng} p_{i_R} \ln(p_{i_R}) - \sum_{i=0}^{ng} p_{i_{\bar{R}}} \ln(p_{i_{\bar{R}}}) \quad (\text{VI.5})$$

avec $p_{i_R} = \frac{h_R[i]}{\text{Cardinal}\{R(\sigma_{\max})\}}$ et $p_{i_{\bar{R}}} = \frac{h_{\bar{R}}[i]}{\text{Cardinal}\{\bar{R}(\sigma_{\max})\}}$

Avec $h_R[i]$ et $h_{\bar{R}}[i]$ histogrammes des niveaux de gris dans $R(\sigma_{\max})$ et $\bar{R}(\sigma_{\max})$.

- $V(\sigma_{\max})$ basé sur la variance interclasse

$V(\sigma_{\max})$ évalue la meilleure séparation entre les classes de l'objet et de l'arrière-plan en maximisant leur variance interclasse ou de manière équivalente en minimisant la variance intra-classe [Otsu, 1979] :

$$V(\sigma) = \frac{\left(\sum_{x \in R} f(x)\right)^2}{\text{Card}\{R(\sigma)\}} + \frac{\left(\sum_{x \in \bar{R}} f(x)\right)^2}{\text{Card}\{\bar{R}(\sigma)\}} \quad (\text{VI.6})$$

- $\text{InvD}_{GL}(\sigma_{\max})$ basé sur une distance calculée à partir des niveaux de gris

$InvD_{GL}(\sigma_{\max})$ s'appuie sur la distance $D_{GL}(\sigma_{\max})$ entre la fonction d'intensité et les niveaux de gris moyens M_R et $M_{\bar{R}}$ des régions $R(\sigma_{\max})$ et $\bar{R}(\sigma_{\max})$:

$$D_{GL}(\sigma_{\max}) = \sqrt{\sum_{x \in R(\sigma_{\max})} (f(x) - M_R)^2 + \sum_{x \in \bar{R}(\sigma_{\max})} (f(x) - M_{\bar{R}})^2} \quad (VI.7)$$

$$InvD_{GL}(\sigma_{\max}) = \frac{1}{D_{GL}(\sigma_{\max})}$$

Pour tous les critères présentés, le paramètre σ_{opt} de la croissance de région est déterminé en recherchant la valeur σ_{\max} qui maximise leur valeur.

2.1.4 Test sur une image synthétique

Le comportement des critères ont été étudiés à partir d'une image synthétique composée d'une grille foncée de niveau de gris constant égal à 20 dans un fond clair de niveau de gris égal à 70, à laquelle est ajouté un bruit gaussien de moyenne nulle et d'écart-type égal à 10 (Figure VI. 2a). Ces propriétés statistiques correspondent approximativement à celles des données IRM qui seront traitées dans l'application (3.2.1).

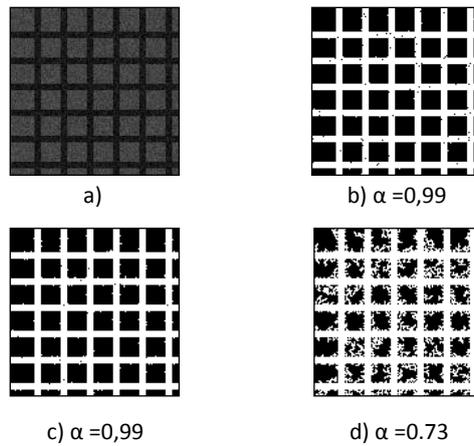


Figure VI. 2: Résultats de la segmentation : a) image synthétique de test ; b) segmentation optimale selon w_1, w_2, w_3 ; c) selon V et $InvD_{GL}$; d) selon S .

Pour mesurer quantitativement la qualité de la segmentation, nous utilisons le coefficient α défini ainsi :

$$\alpha = \frac{n_{intersection}}{n_{grille\ référence}} \frac{n_{intersection}}{n_{grille\ segmentée}} \quad (VI.8)$$

avec : $n_{grille\ segmentée}$: nombre de pixels dans la grille segmentée,
 $n_{grille\ référence}$: nombre de pixels dans la grille de référence,

$n_{intersection}$: nombre de pixels dans la région d'intersection entre la grille segmentée et la grille de référence.

Nous pouvons vérifier que $\alpha = 1$ quand la grille segmentée correspond exactement à la grille originale.

Figure VI. 2 montre les résultats de la segmentation par croissance de région avec le seuil optimal σ_{opt} déterminé par chaque critère. Les critères w_1, w_2, w_3 conduisent exactement à la même segmentation (Figure VI. 2b), de même que V et $InvD_{GL}$ (Figure VI. 2c). Avec un coefficient α proche de 1, ces segmentations sont presque parfaites. Seule la croissance de région optimisée par S converge sur un résultat peu satisfaisant (Figure VI. 2d) avec α égale à 0.73.

Figure VI. 3 compare l'évolution des critères normalisés $w_1, w_2, w_3, V, InvD_{GL}, S$ et du coefficient α en fonction de σ_{max} . Les cinq premiers critères sont maximisés pour des valeurs σ_{max} très proches de la valeur σ_{α} qui maximise le coefficient α . Ils peuvent donc être retenus comme fonction d'évaluation $f_{\alpha}(\sigma_{max})$ pour optimiser la croissance de région. Nous obtenons $\sigma_{opt} = 9.6$ pour w_1, w_2, w_3 et $\sigma_{opt} = 10.2$ pour V et $InvD_{GL}$ alors que la valeur optimale pour le coefficient α est située à $\sigma_{\alpha} = 9.9$. La segmentation médiocre obtenue avec S (Figure VI. 2d) s'explique par une valeur de $\sigma_{opt} = 18.75$ beaucoup trop forte.

Le comportement des critères contours w_1, w_2, w_3 qui augmentent à chaque extrémité de l'intervalle de σ_{max} peut s'interpréter par la segmentation de pixels provenant du bruit et qui génèrent des frontières avec un très fort gradient. C'est pour cette raison que nous avons limité dans notre méthode les variations de σ_{max} à un intervalle particulier estimé à partir des germes initiaux.

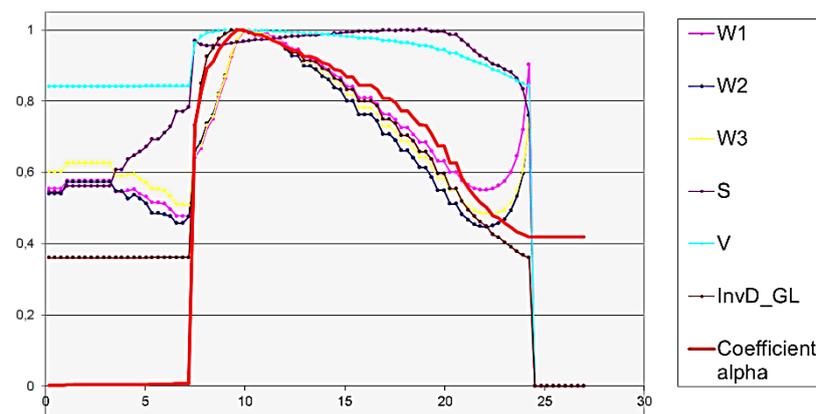


Figure VI. 3: Evolution des critères $w_1, w_2, w_3, S, V, InvD_{GL}$ et du coefficient α en fonction de σ_{max} .

L'application de cette approche pour segmenter des images IRM sera détaillée dans la section §3.2. Après avoir présenté une méthode d'optimisation basée sur des critères calculés à partir des données image, nous examinons à présent une autre approche, dans laquelle l'évaluation destinée à guider l'optimisation est réalisée extérieurement par un système de référence.

2.2 Evaluation et optimisation de la qualité de la segmentation par une imagerie de référence

Un problème important dans le contexte de l'imagerie médicale est l'évaluation des méthodes de segmentation en termes de précision, vu que la vérité terrain est dans la majorité des cas inaccessible. Comme nous l'avons vu précédemment une variété de critères peut piloter la segmentation, dès lors la segmentation n'est optimale qu'au sens du ou des critères considérés. Une solution élégante pour évaluer les méthodes de segmentation consiste à tester ces algorithmes sur des images virtuelles fournies par des simulateurs d'imagerie (IRM, US, TEP, CT) à partir de modèles numériques dont la géométrie est parfaitement maîtrisée [Glatard, 2012], mais ces outils ne sont pas encore disponibles à la date de ces travaux. Nous avons proposé une approche différente qui profite de la qualité exceptionnelle des images de micro-tomographie par rayonnement synchrotron (SR μ CT) en termes de rapport signal à bruit et de résolution, et qui fait de ce système une imagerie de référence pour la mesure de paramètres quantitatifs.

2.2.1 Principe de l'évaluation

Le principe de notre méthode est donné dans Figure VI. 4. Il consiste à réaliser les acquisitions d'un même échantillon avec le système d'imagerie médicale conventionnelle (IRM, RX) et le système d'imagerie SR μ CT. L'évaluation de la méthode de segmentation, utilisée pour extraire l'objet d'intérêt dans les images médicales, se fait par comparaison de certains attributs quantitatifs calculés sur l'objet segmenté et sur l'objet extrait des images SR μ CT par simple seuillage. Les attributs calculés à partir des images SR μ CT étant considérés comme les valeurs de références, si les valeurs obtenues à partir de l'objet segmenté sont fortement corrélées à celles fournies par l'imagerie SR μ CT, la méthode de segmentation peut être validée pour l'application.

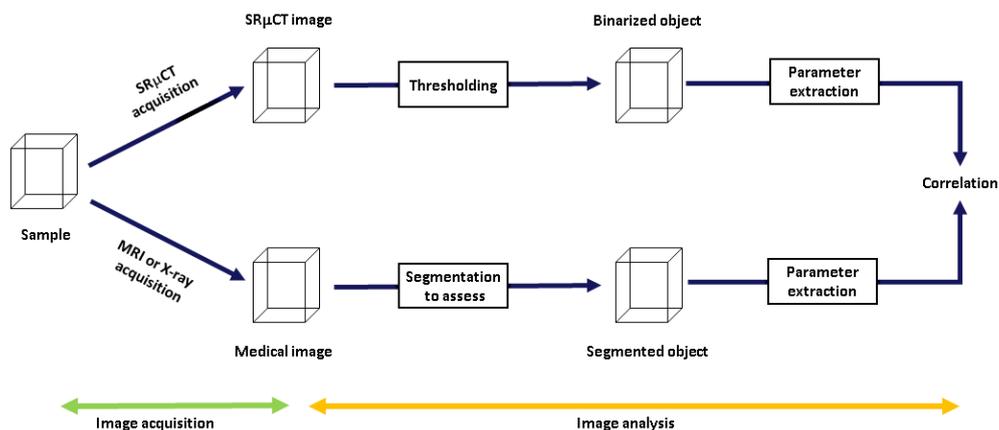


Figure VI. 4: Vue d'ensemble du schéma d'évaluation d'une méthode de segmentation.

Notons que notre approche peut être reprise dans un objectif d'optimisation :

- pour les paramètres de la méthode de segmentation,
- pour les paramètres du protocole d'acquisition.

Il suffit dans ce cas d'introduire une boucle de rétroaction comme le montre Figure VI. 5 et de rechercher les paramètres optimaux via le bloc de corrélation.

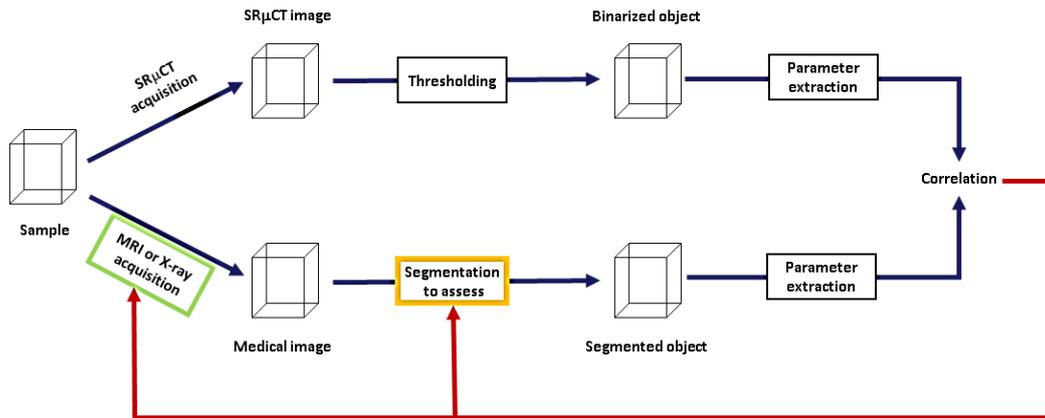


Figure VI. 5: Schéma d'évaluation utilisé à des fins d'optimisation.

Dans la section suivante, les développements réalisés pour l'optimisation de la croissance de région paramétrique et l'évaluation d'une méthode de segmentation sont appliqués dans le contexte de l'imagerie haute résolution par résonance magnétique.

3. APPLICATIONS A L'IMAGERIE IRM

3.1 Contexte applicatif

L'ostéoporose est une maladie associée à la fragilité osseuse qui conduit à des fractures osseuses spontanées. Cette maladie se caractérise par une réduction de la masse osseuse et par une détérioration de la structure osseuse pouvant conduire à des fractures spontanées. La mesure de densité minérale osseuse utilisée en diagnostic clinique permet la détection de l'ostéoporose mais pas la connaissance précise de son degré d'évolution. Seule l'analyse de la microarchitecture du tissu osseux, qui repose sur une interconnexion de plaques et de travées, peut fournir des informations sur les propriétés biomécaniques de l'os.

La quantification de l'architecture osseuse à l'aide des systèmes d'imagerie conventionnelle reste difficile car l'épaisseur des travées est de l'ordre de la limite de résolution des systèmes d'acquisition les plus performants ($\sim 60\mu\text{m}$). Les travaux applicatifs que nous présentons dans cette section s'insèrent dans une étude plus large qui consiste à évaluer les possibilités offertes par l'imagerie IRM haute résolution pour quantifier la microarchitecture osseuse. Cette modalité possède l'avantage de ne pas irradier les patients. Cependant, les images IRM présentent de fortes inhomogénéités et un faible rapport signal sur bruit comparativement aux images à rayons X, ce qui rend la segmentation de l'os trabéculaire ardue. La qualité de la segmentation conditionnant directement la précision de la quantification de l'architecture, l'évaluation de la méthode de segmentation est une étape majeure dans le processus de validation de l'IRM dans le contexte du diagnostic de l'ostéoporose.

Notre étude porte sur 12 échantillons d'os calcanéum humain (Figure VI. 6) d'1 cm de diamètre prélevés sur des cadavres (âge moyen : 80 ans, écart-type : 2 ans). Pour répondre aux besoins de validation, ces échantillons ont été imagés à la fois par un système d'acquisition IRM

haute résolution (CNRS-5012 Lyon) et par un système de micro-tomographie par rayonnement synchrotron (ID19 ESRF Grenoble).

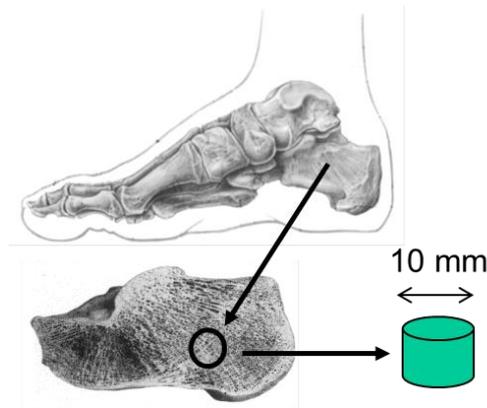


Figure VI. 6: Echantillons de calcaneum.

La micro-tomographie par rayonnement synchrotron produit des images 3D très haute résolution ($10.13 \mu\text{m}$ dans le cadre de cette étude, jusqu'à $0.28 \mu\text{m}$ aujourd'hui) et s'avère être un outil de référence pour analyser l'architecture osseuse in vitro [Peyrin, 1998], la structure osseuse s'obtenant par simple seuillage des images. Dans cette étude, les images SR μ CT ont été réalisées avec une énergie de 20keV et 900 projections de taille 1024×1024 . Leur taille est de $660 \times 660 \times 660$ voxels soit un champ de vision de $6.6 \times 6.6 \times 6.6 \text{ mm}^3$.

3.2 Segmentation d'images IRM par croissance de région optimisée

Nous avons appliqué l'algorithme de croissance de région décrit dans la section §2.1 pour segmenter l'os trabéculaire à partir d'images IRM haute résolution [Peyrin, 2000; **Revol-Muller**, 2000b; **Revol-Muller**, 2002b].

3.2.1 Images IRM haute résolution d'os trabéculaire

Les acquisitions ont été réalisées à partir d'un système d'acquisition μ IRM 3D spécifique [Beuf, 2002] équipé d'un aimant Oxford 2 Tesla avec une intensité de gradient de 50mT/m et d'une console SMIS. Les échantillons ont été placés dans une bobine solénoïde radiofréquence spécialement conçue pour l'expérience. La séquence utilisée est une séquence rapide 3D d'écho de spin grand angle ($\alpha=110^\circ$) avec TR = 200 ms et TE = 10 ms. Un temps d'acquisition de 6 heures a été nécessaire pour obtenir des voxels cubiques de $78 \mu\text{m}$ de côté et un champ de vision de 1 cm. La taille de l'image est de $128 \times 128 \times 128$ voxels. Les images 3D ont été reconstruites par un algorithme de transformée de Fourier 3D. L'hyper-signal dans les images correspond à moelle osseuse et l'hypo-signal à l'os trabéculaire. Figure VI. 7 montre l'histogramme des niveaux de gris d'une image μ IRM typique. Les classes de l'os et de l'arrière-plan se chevauchent, ce qui rend la segmentation difficile. Une région d'intérêt d'environ $8 \times 8 \times 8 \text{ mm}^3$ a été sélectionnée dans chaque image μ IRM pour s'affranchir des artefacts survenant aux bords des images.

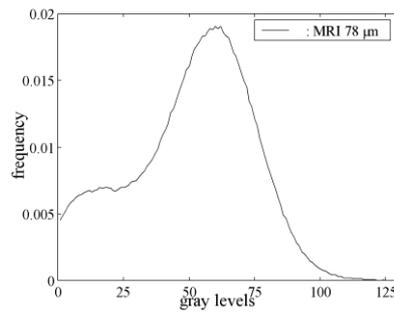


Figure VI. 7: Histogramme des niveaux de gris dans une image μ IRM d'os trabéculaire.

3.2.2 Résultats de la croissance de région optimisée

Notre algorithme de croissance de région a été comparé avec un seuillage automatique basé sur la variance interclasse et un seuillage manuel réalisé par un expert médical. Le critère w_3 a été utilisé pour déterminer le seuil optimal σ_{opt} . Nous avons privilégié un critère basé contour plutôt qu'un critère basé région car les images μ IRM présentent des frontières assez contrastées alors que les régions sont peu homogènes.

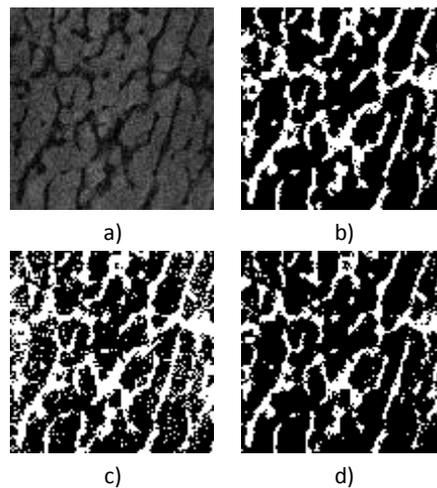


Figure VI. 8: Résultats : a) coupe de l'image μ IRM initiale ; coupe de l'image μ IRM segmentée b) par notre croissance de région, c) par un seuillage automatique, d) par un seuillage manuel.

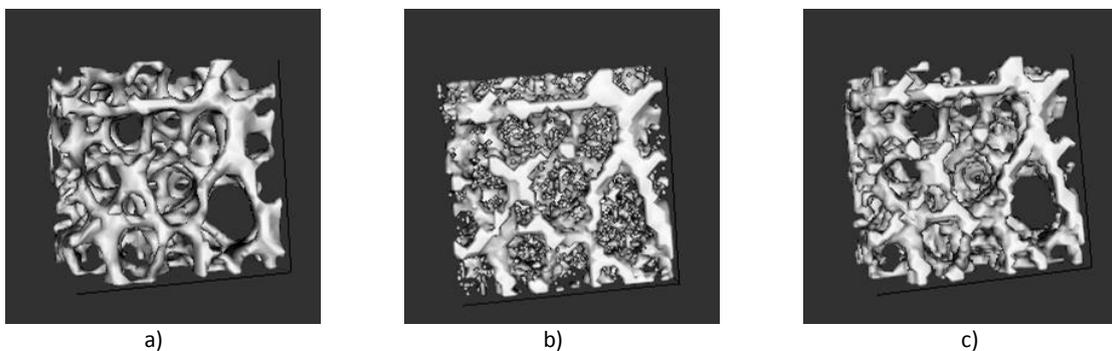


Figure VI. 9: Os trabéculaire obtenu : a) à partir d'une image SR μ CT sous-échantillonnée à 80 μ m ; à partir d'une image μ IRM segmentée b) par seuillage automatique, c) par notre croissance de région.

Du point de vue qualitatif, Figure VI. 8 et Figure VI. 9 montrent que notre croissance de région est plus performante que les seuillages automatique et manuel. Dans Figure VI. 8c, Figure VI. 8d, Figure VI. 9b, les seuillages produisent de nombreux points isolés. Dans Figure VI. 8b et Figure VI. 9c, notre croissance de région sépare l'os de la moelle en supprimant les points isolés et en maintenant la connectivité de la structure.

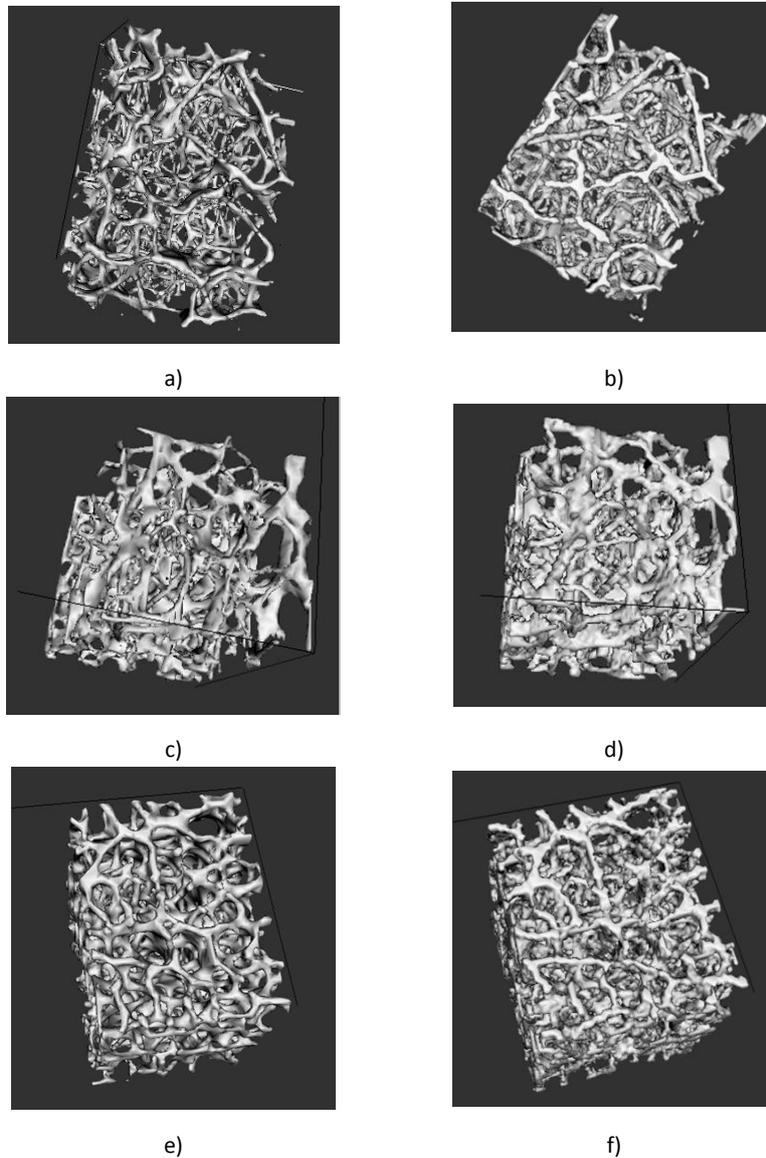


Figure VI. 10: Comparaison des structures osseuses obtenues: a) c) e) par seuillage des images de référence SR μ CT sous-échantillonnées à 80 μ m; b) d) f) par segmentation des images μ IRM par croissance de région.

Nous avons comparé visuellement les images μ IRM segmentées par croissance de région avec les images SR μ CT seuillées qui offrent un rendu précis de l'architecture osseuse. La similarité des structures est mise en évidence Figure VI. 9 et Figure VI. 10 (dans ces vues, les images SR μ CT ont été sous-échantillonnées à la résolution de 80 μ m), seul un épaissement des travées est à remarquer dans les images μ IRM.

Notre croissance de région a permis de segmenter automatiquement les images μ IRM grâce à son processus de recherche de seuil optimal. Contrairement aux techniques de seuillage, la croissance de région ne conduit pas à la présence de points isolés et préserve la connectivité des travées. Par ailleurs, la similarité des structures osseuses obtenues par μ IRM et par SR μ CT a été visuellement mise en évidence. Dans le paragraphe suivant, la précision de la segmentation par croissance de région est évaluée quantitativement en comparant des paramètres de l'architecture osseuse mesurés sur les images μ IRM segmentées avec ceux obtenus à partir des images SR μ CT seuillées.

3.3 Validation d'un algorithme de segmentation par l'imagerie de référence SR μ CT

Nous mettons en application le schéma d'évaluation proposé dans la section §2.2 pour estimer la qualité de deux méthodes de segmentation (seuillage automatique et croissance de région) appliquées aux images μ IRM. Les paramètres retenus pour effectuer la comparaison entre l'imagerie de référence et les images μ IRM segmentées sont des attributs décrivant l'architecture osseuse [Peyrin, 2000; Revol-Muller, 2000a; Revol-Muller, 2002a]. L'objectif est de vérifier que notre algorithme de croissance de région appliqué à des images μ IRM permet une quantification précise de l'architecture osseuse.

3.3.1 Schéma d'évaluation appliqué à l'imagerie osseuse

Figure VI. 11 présente le schéma d'évaluation. L'idée de base est de comparer les paramètres d'architecture osseuse calculés sur les images SR μ CT avec ceux obtenus à partir des images μ IRM segmentées.

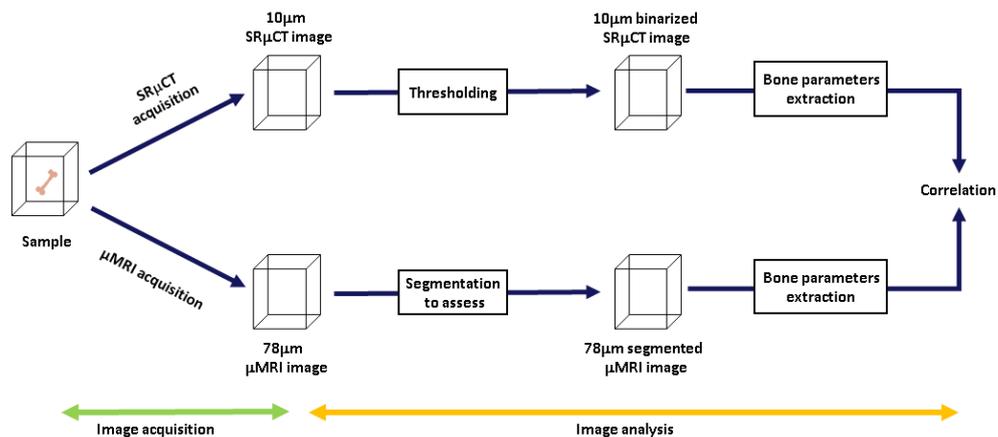


Figure VI. 11: Schéma d'évaluation d'une méthode de segmentation appliquée à des images μ IRM dans le contexte de la quantification de l'architecture osseuse.

Les paramètres d'architecture osseuse déterminés à partir des images SR μ CT seuillées sont pris comme référence. Les mêmes paramètres calculés sur les images μ IRM segmentées sont comparés à cette référence.

Les paramètres osseux calculés à partir des images binaires sont des paramètres topologiques et morphologiques similaires à ceux utilisés en histo-morphométrie, mais étendus en 3D par la

méthode de détermination de la longueur d'interception moyenne basée sur l'algorithme des sécantes dirigées [Simmons, 1997]. Les paramètres considérés sont : la portion du volume d'os tabulaire (BV/TV), le rapport surface osseuse sur volume osseux (BS/BV), l'épaisseur des travées (TbTh), le nombre de travées (TbN) et la séparation trabéculaire (TbSp). La connectivité est également quantifiée par le nombre d'Euler-Pointcaré [Odgaard, 1993]. La connectivité peut être définie comme le nombre de branches que l'on peut supprimer sans changer la topologie de la structure osseuse.

3.3.2 Résultat de l'évaluation

Ce schéma d'évaluation a été utilisé pour comparer deux algorithmes de segmentation [Peyrin, 2000; **Revol-Muller**, 2000a; **Revol-Muller**, 2002a]: un algorithme de seuillage automatique (noté ATH) basé sur la maximisation de la variance interclasse retenu pour sa simplicité et notre algorithme de croissance de région automatisée (noté ARG) basé sur l'optimisation d'une fonction d'évaluation (cf. §2.1).

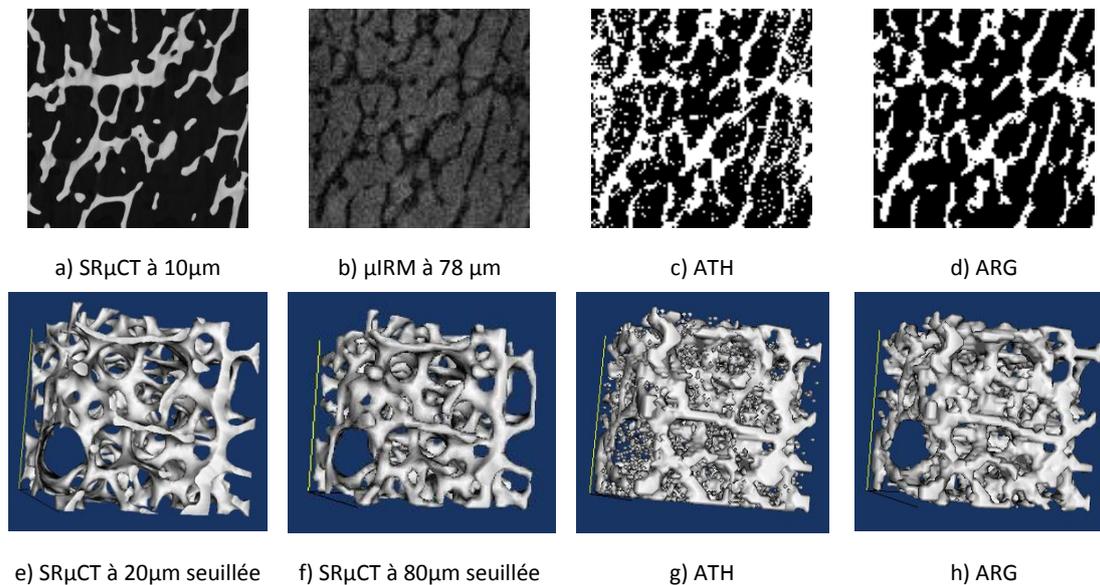


Figure VI. 12: Images d'un échantillon de calcanéum obtenues par a) SR μ CT à 10 μ m, b) μ IRM 78 μ m. Résultats des segmentations de l'image μ IRM par : c, g) ATH, d, h) ARG. Rendus des images seuillées SR μ CT à e) 10 μ m, f) 80 μ m.

Figure VI. 12 permet une comparaison visuelle des images de l'architecture osseuse obtenue à partir des systèmes d'acquisitions SR μ CT et μ IRM. Dans Figure VI. 12a, les travées (niveaux de gris élevés, contraste inversé par rapport à l'IRM) sont clairement mises en évidence grâce à l'excellente résolution et au rapport signal à bruit élevé des images SR μ CT, tandis que dans Figure VI. 12b elles sont moins perceptibles en raison de la résolution limitée des images μ IRM et des fortes inhomogénéités dues au bruit. Les mauvaises performances du seuillage automatique sont visibles dans Figure VI. 12c, g. La segmentation par la croissance de région (Figure VI. 12d, h) donne des résultats visuellement proches des rendus obtenus à partir des images SR μ CT seuillées (Figure VI. 12e, f) surtout lorsque l'image SR μ CT est sous-échantillonnée à une résolution de 80 μ m semblable à celle des images μ IRM.

Tableau VI. 1 présente les coefficients de corrélation r^2 calculés avec les paramètres issus des images μ IRM segmentées et ceux obtenus à partir des images SR μ CT. Ce tableau permet une comparaison quantitative des deux approches. Quel que soit le paramètre d'architecture étudié, les coefficients de corrélation sont beaucoup plus élevés avec l'approche croissance de région (ARG). Pour le nombre d'Euler associé à la connectivité de la structure osseuse, on passe par exemple de 0,26 à 0,41 en changeant d'algorithme de segmentation, ce qui prouve que la croissance de région préserve mieux la connectivité de la structure osseuse.

	BV/TV	BS/BV	Tb. Th	Euler
ARG	0.89	0.65	0.61	0.41
ATH	0.66	0.26	0.18	0.26

Tableau VI. 1: Corrélation calculée sur 12 échantillons entre les paramètres d'architecture osseuse calculé sur les images SR μ CT seuillées et les images IRM segmentées avec les méthodes ARG et ATH.

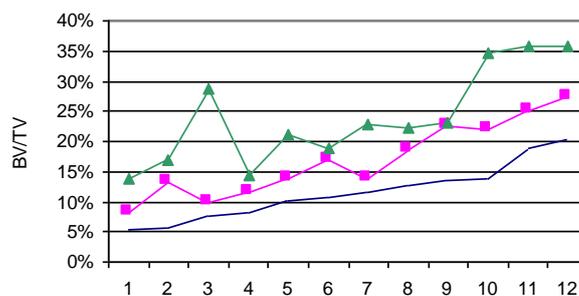


Figure VI. 13: Comparaison sur les 12 échantillons du paramètre BV/TV obtenu à partir des images SR μ CT (trait plein) et à partir des images IRM segmentées par les méthodes ATH (triangle) et ARG (carré).

On peut observer plus finement ce qui se passe sur l'ensemble des échantillons. A titre d'exemple, les variations du paramètre BV/TV qui représente la proportion d'os dans l'échantillon sont tracées dans Figure VI. 13. Avec les deux approches, ce paramètre est surévalué, mais il est plus proche de la référence avec la méthode ARG, ce qui est confirmé par le coefficient de corrélation du tableau. Cependant, ce paramètre présente de plus fortes variations avec ARG selon les échantillons soulignant les limites de l'acquisition IRM associée à la segmentation. Ceci peut s'expliquer par un manque de résolution spatiale de l'imagerie IRM utilisée (80 μ m) pour étudier l'os trabéculaire.

4. BILAN ET PERSPECTIVES

Dans ce chapitre, j'ai décrit une première approche pour optimiser une croissance de région paramétrique. Dans l'algorithme considéré, la région évolue tant qu'elle respecte un certain critère d'homogénéité dont le seuil doit être fixé au préalable. La méthode proposée permet de s'affranchir du choix de ce seuil, par l'usage d'une fonction d'évaluation qui estime la qualité de la segmentation

suivant un intervalle de variation de ce seuil. Le seuil maximisant la fonction d'évaluation étant considéré comme le paramètre optimal de la croissance de région [Revol-Muller, 2000b; Revol-Muller, 2002b]. Cet algorithme s'est avéré performant pour segmenter automatiquement un ensemble d'images μ IRM dans le contexte de la quantification de l'architecture osseuse. L'observation de la fonction d'évaluation au cours de la segmentation montre que le processus converge vers un maximum local, cependant à ce stade de nos travaux, nous ne possédons pas encore de formalisme mathématique qui permette de prouver l'existence de cette convergence. Ce n'est que quelques années plus tard que nous mettrons en place des outils qui intègrent le processus de convergence au sein même de la stratégie d'évolution...

La deuxième contribution que j'ai présentée vise à répondre au problème de l'évaluation d'une méthode de segmentation en l'absence de vérité terrain. L'approche consiste à utiliser l'imagerie SR μ CT comme imagerie de référence puisque l'extraction d'un objet d'intérêt dans ces images s'obtient par simple seuillage, à calculer des attributs à partir l'objet seuillé puis de les comparer à ceux obtenus à partir du même objet imagé par un système d'imagerie classique et segmenté par la méthode à évaluer [Peyrin, 2000; Revol-Muller, 2000a; Revol-Muller, 2002a]. Cette approche a permis de valider l'usage de la méthode de croissance de région dans une chaîne de quantification de paramètres osseux basée sur l'imagerie μ IRM. Notons néanmoins que cette approche présente un certain nombre de limites : l'imagerie SR μ CT est une imagerie ex-vivo en raison du problème de dose, du fait de la très haute résolution le volume imagé est limité à quelques millimètres de coté, les structures à segmenter ne correspondent pas forcément à un hyper-signal dans les images SR μ CT (si faible absorption des rayons X), etc. Le schéma d'évaluation n'est donc pas systématiquement applicable. Pour résoudre le problème d'évaluation des algorithmes de segmentation, l'alternative serait de disposer de simulateurs d'images capables de générer des images réalistes à partir de modèles numériques qui fournissent la vérité terrain sans aucune ambiguïté, mais au début des années 2000, ce n'est pas encore d'actualité...

5. BIBLIOGRAPHIE PERSONNELLE DU CHAPITRE

[Revol-Muller, 2000a] **C. Revol-Muller**, H. Benoit-Cattin, Y. Carillon, C. Odet, A. Briguët, and F. Peyrin, "Bone MRI segmentation assessment based on synchrotron radiation computed microtomography", Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference, Lyon, France, pp. 19.7-19.11, 2000a.

[Revol-Muller, 2000b] **C. Revol-Muller**, F. Peyrin, C. Odet, and Y. Carillon, "Automated 3D region growing algorithm governed by an evaluation function", IEEE International Conference on Image Processing ICIP'00, Vancouver, Canada, 4 pages, 2000b.

[Revol-Muller, 2002b] **C. Revol-Muller**, F. Peyrin, Y. Carillon, and C. Odet, "Automated 3D region growing algorithm based on an assessment function", Pattern Recogn Lett, vol. 23, no. 1-3, pp. 137-150, 2002b.

[Revol-Muller, 2002a] **C. Revol-Muller**, H. Benoit-Cattin, Y. Carillon, C. Odet, A. Briguët, and F. Peyrin, "Bone MRI segmentation assessment based on synchrotron radiation computed microtomography", IEEE Trans Nucl Sci, vol. 49, no. 1, pp. 220-224, 2002a.

[Peyrin, 2000] F. Peyrin, **C. Revol-Muller**, Y. Carillon, E. Martin-Badosa, S. Nuzzo, A. Bonnassie, and A. Briguet, "Synchrotron radiation Micro-CT : a reference tool for the characterization of bone samples", Bone architecture and the competence of bone, Big Sur Symposium, USA, 16 pages, 2000.

[Revol, 1997] **C. Revol-Muller**, and M. Jourlin, "A new minimum-variance region growing algorithm for image segmentation", Pattern Recogn Lett, vol. 18, pp. 249-258, 1997.

[Revol, 1996] C. Revol, « Méthodes de segmentation bidimensionnelles et tridimensionnelles appliquée à l'imagerie odontologique et biomédicale », Saint Etienne, Université Jean Monnet, 11/1996

Chapitre VII

FORMALISMES POUR LA CROISSANCE DE REGION

1. INTRODUCTION

Exprimer la croissance de région dans un cadre formel, établir un socle mathématique capable de décrire l'ensemble des approches de segmentation par croissance de région, prouver la convergence du processus, tels ont été les objectifs de ma recherche en segmentation durant ces dix dernières années. Dans le cadre de leur thèse, ces travaux ont été amorcés par T. Grenier [Grenier, 2005a] puis largement développés par J.L. Rose [Rose, 2008a]. Ce chapitre, que je considère comme le cœur de ce mémoire, présente ma vision de la croissance de région via deux formalismes [Revol-Muller, 2012c; Revol-Muller, 2012b]. Le premier formalisme (FSRG) repose sur l'espace des caractéristiques et sur un voisinage robuste spécial, défini à partir d'une distance pondérée par une matrice de paramètres d'échelle [Revol-Muller, 2012a]. Le second (VRG) s'appuie sur l'approche variationnelle et décrit la croissance de région comme un processus de minimisation d'énergie [Rose, 2009b; Rose, 2010]. Je termine ce chapitre par l'illustration du caractère générique de ces deux formalismes, en présentant leur mise en œuvre dans diverses méthodes de croissance de région.

2. FORMALISME DANS L'ENSEMBLE DES CARACTERISTIQUES (FSRG)

Dans ce premier formalisme, la croissance de région vise à segmenter des points qui appartiennent à un espace des caractéristiques de dimension d , d'où l'appellation FSRG « Feature Space Region Growing ». Le nombre de caractéristiques utilisées pour décrire un point détermine la dimension de cet espace. Cette approche est particulièrement utile dans le contexte de l'imagerie médicale, où les données proviennent d'une imagerie multi-modalités e.g. dispositifs TEP-CT, cartes de paramètres physiques tels que T1, T2, ρ (densité de protons) en IRM, échogénicité, élasticité, densité des diffuseurs en imagerie par ultrasons . Dans le formalisme FSRG, la croissance de région cherche à regrouper des points similaires en s'appuyant sur les techniques d'estimation de densité non paramétrique par noyau (cf. Chap. III §2.1 p. 45).

2.1 Définitions

2.1.1 Région

Une région R (resp. \bar{R}) est l'ensemble des points segmentés (resp. non segmentés) de \mathbb{R}^d espace euclidien de dimension d . Comme la croissance de région est un processus itératif, la région en évolution à l'itération t est noté $R^{[t]}$. La région initiale $R^{[0]}$ est habituellement appelée l'ensemble des germes.

Le formalisme FSRG dérive de l'estimation non paramétrique par noyau [Silverman, 1986]) qui consiste à reconstruire la densité sous-jacente aux données multidimensionnelles par le moyen de $\mathbf{K}_{\mathbf{H}}$ une fonction noyau multi-variable, normalisée par \mathbf{H} une matrice de paramètres d'échelle comme le rappelle l'équation (VII.1):

$$\hat{f}(\mathbf{x}; \mathbf{H}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) \quad (\text{VII.1})$$

2.1.2 Noyau

Dans FSRG, K désigne aussi une fonction noyau, mais avec des contraintes moins fortes que dans (VII.1), en particulier du point de vue de la normalisation:

$$K(\mathbf{x}) : \begin{cases} \mathbf{R}^d \rightarrow [0,1] \\ K(\vec{0}) = \text{Max}(K(\mathbf{x})) \\ K(\vec{\infty}) \rightarrow 0 \end{cases} \quad (\text{VII.2})$$

Pour plus de commodité, un profil k peut être associé à K un noyau radialement symétrique :

$$K(\mathbf{x}) = k(\mathbf{x}^T \mathbf{x}) \quad (\text{VII.3})$$

En particulier, le profile k_{rect} sera utilisé :

$$k_{rect}(u) = \begin{cases} 1 & \text{if } |u| \leq 1 \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad u \in \mathbf{R}^+ \quad (\text{VII.4})$$

Dans notre cas, u correspond au carré de la distance entre deux points dans l'espace des caractéristiques :

$$d_M^2(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{H}) = (\mathbf{x} - \mathbf{y})^T \mathbf{H}^{-1} (\mathbf{x} - \mathbf{y}) \quad (\text{VII.5})$$

avec \mathbf{H} la matrice de paramètres d'échelle symétrique définie positive. Cette distance appelée distance de Mahalanobis devient la distance euclidienne normalisée si \mathbf{H} est choisie diagonale.

Les points $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^d$ peuvent être séparés en c sous-vecteurs \mathbf{x}_j associés à leurs c caractéristiques ($j \in [1, c]$). La matrice \mathbf{H} peut être semblablement décomposée en c sous-matrices \mathbf{H}_j :

$$\mathbf{H} = \begin{bmatrix} \mathbf{H}_1 & & 0 \\ & \ddots & \\ 0 & & \mathbf{H}_c \end{bmatrix} \quad (\text{VII.6})$$

Par ailleurs, un noyau multivariable construit à partir d'un produit de noyaux sphériques peut s'exprimer comme un produit de noyaux univariables K_j :

$$\begin{aligned}
 K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}) &= \prod_{j=1}^c K_j \left(\left(\mathbf{x}_j^T (\mathbf{H}_j)^{-1} \mathbf{x}_j \right)^{1/2} \right) \\
 K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}) &= \prod_{j=1}^c k_j \left(\left(\mathbf{x}_j^T (\mathbf{H}_j)^{-1} \mathbf{x}_j \right) \right)
 \end{aligned}
 \tag{VII.7}$$

Par convention, l'indice s (resp. r) représente la caractéristique spatiale (resp. d'amplitude).

2.1.3 Voisinage robuste

Nous appelons $N(\mathbf{y})$, voisinage robuste d'un point \mathbf{y} , l'ensemble de points qui vérifient une condition particulière et exclut les points aberrants :

$$N(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{H}) \right) = 1 \right\}
 \tag{VII.8}$$

Avec X le sous-ensemble de \mathbb{R}^d tel que $X \subset \mathbb{R}^d$.

Cette écriture est puissante car elle permet de traiter les données représentées dans un espace des caractéristiques au moyen d'une distance associée à chaque caractéristique. De plus, elle offre la possibilité d'adapter les paramètres d'échelle en chaque point de l'espace au moyen d'une matrice $\mathbf{H}_{|\mathbf{y}}$, de façon semblable à l'estimation non paramétrique.

Par exemple, dans le cas où les points possèdent des caractéristiques spatiale et d'amplitude, le voisinage robuste adaptatif peut s'écrire comme un produit de profils avec des paramètres d'échelle adaptatifs :

$$N(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_s, \mathbf{y}_s, \mathbf{H}_{s|\mathbf{y}}) \right) \cdot k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_r, \mathbf{y}_r, \mathbf{H}_{r|\mathbf{y}}) \right) = 1 \right\}
 \tag{VII.9}$$

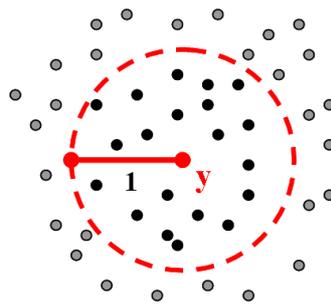


Figure VII. 1: Voisinage robuste $N(\mathbf{y})$ représenté par l'ensemble des points noirs.

2.2 Principe de FSRG

2.2.1 Processus itératif

La croissance de région est un processus itératif qui vise à agglomérer de nouveaux points à une région existante tant qu'une condition spéciale est satisfaite. L'ensemble des nouveaux points à l'itération t est noté $B^{[t]}$, cet ensemble est spatialement inclus dans une bande située autour de la région en évolution $R^{[t]}$. En partant de la région initiale $R^{[0]}$, le processus d'évolution est simplement décrit par (VII.10) :

$$R^{[t+1]} = R^{[t]} \cup B^{[t]} \quad (\text{VII.10})$$

Cette étape est répétée jusqu'à convergence, i.e. la région a cessé d'évoluer: $R^{[t+1]} = R^{[t]}$.

2.2.2 Bande étroite $B^{[t]}$

L'ensemble $B^{[t]}$ est directement lié au voisinage robuste précédemment présenté. Il est défini comme l'ensemble des points $\{\mathbf{y}\}$, qui n'appartiennent pas à $R^{[t]}$, mais dont le voisinage robuste $N(\mathbf{y})$ contient au moins un point de $R^{[t]}$.

$$B^{[t]} = \left\{ \mathbf{y} \in \bar{R}^{[t]} \mid N(\mathbf{y}) \cap R^{[t]} \neq \emptyset \right\} \quad (\text{VII.11})$$

Il est important de noter que la sélection des nouveaux points et le comportement de la croissance de région dépend entièrement du voisinage $N(\mathbf{y})$.

Dans le paragraphe suivant, nous profitons du cadre ouvert de FSRG pour décrire deux types de croissance de région : i) une croissance de région n-dimensionnelle et ii) une croissance de région localement adaptative.

2.3 Deux dérivations de FSRG

Dans ce qui suit, la définition de la bande étroite $B^{[t]}$ (VII.11) et le principe d'évolution (VII.10) restent identiques. Les méthodes ne diffèrent que par la définition spécifique de leur voisinage robuste.

2.3.1 Croissance de région n-dimensionnelle (CRN)

La description d'une croissance de région n-dimensionnelle comme mentionnée dans [Comaniciu, 2002] est immédiate avec le formalisme FSRG. Le noyau multivariable utilisé dans le voisinage robuste peut traiter simultanément les caractéristiques spatiale et d'amplitude des points:

$$N(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_s, \mathbf{y}_s, \mathbf{H}_s) \right) \cdot k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_r, \mathbf{y}_r, \mathbf{H}_r) \right) = 1 \right\} \quad (\text{VII.12})$$

$N(\mathbf{y})$ contient les points spatialement proches de \mathbf{y} et dont la caractéristique d'amplitude est similaire à \mathbf{y}_r . L'étendue du voisinage est contrôlée par les matrices \mathbf{H}_s et \mathbf{H}_r . A titre d'exemple, \mathbf{y}_r peut être un vecteur de composantes RGB.

2.3.2 Croissance de région adaptative (CRA)

FSRG peut aisément décrire une segmentation adaptative au moyen d'un voisinage robuste adaptatif. A titre d'illustration, nous montrons comment récrire une méthode de croissance de région appelée *Road RG* présentée dans [Grenier, 2006a] à l'aide du formalisme FSRG. Cette méthode est pilotée par des informations locales telles que $\mu_{r,x}$ la moyenne des niveaux de gris des points proches de \mathbf{x} appartenant à $R^{[t]}$ et la moyenne de la norme du gradient d'intensité à proximité du point testé (cf. Figure VII. 2).

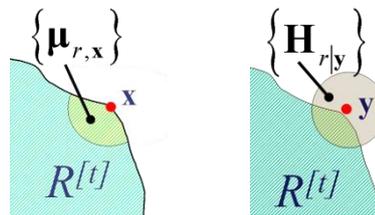


Figure VII. 2: Informations locales utilisées dans *Road RG*.

Ces informations peuvent être prises en compte pour paramétrer la matrice $\mathbf{H}_{r|y}$ et le voisinage robuste :

$$N(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_s, \mathbf{y}_s, \mathbf{H}_s) \right) \cdot k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_r, \mathbf{y}_r, \mathbf{H}_{r|y}) \right) = 1 \right\} \quad (\text{VII.13})$$

Les paramètres d'échelle dans le matrice \mathbf{H}_s sont constants pour la caractéristique spatiale mais adaptés en chaque point \mathbf{y} pour la caractéristique d'amplitude au moyen de la matrice $\mathbf{H}_{r|y}$. Nous pouvons remarquer que pour éviter l'effet de chaînage dans la croissance de région, il peut être utile de modifier le voisinage comme suit :

$$N(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_s, \mathbf{y}_s, \mathbf{H}_s) \right) \cdot k_{rect} \left(d^2(\mu_{r,x}, \mathbf{y}_r, \mathbf{H}_{r|y}) \right) = 1 \right\} \quad (\text{VII.14})$$

Pour résumer, FSRG est formalisme intéressant pour unifier de nombreuses approches de croissance de région précédemment décrites dans la littérature. L'espace des caractéristiques ouvre de nouvelles possibilités à la croissance de région qui n'est plus seulement restreinte aux images à niveaux de gris. Le voisinage robuste dérivant de l'estimation de densité par noyau offre de nombreux avantages comme la capacité de décrire des approches adaptatives au moyen de matrices de paramètres d'échelle.

3. FORMALISME VARIATIONNEL (VRG)

Le formalisme de croissance de région variationnelle (VRG) décrit la croissance de région comme un processus d'optimisation qui vise à minimiser une certaine fonctionnelle appelée énergie, par analogie à de nombreux phénomènes physiques. Elle repose sur l'hypothèse que pour une énergie judicieusement choisie, la région segmentée correspond aux pixels qui minimisent cette énergie. Cette approche est largement utilisée dans de nombreuses techniques de segmentation telles que la segmentation bayésienne, les contours actifs, les ensembles de niveau, les graph-cuts, mais peu mise à profit dans la croissance de région [Adams, 1994; Zhu, 1996; **Revol-Muller**, 2002b; Grenier, 2006a; Rose, 2007]. Suite aux travaux de thèse de J.L. Rose, nous avons publié dans [Rose, 2009b] la première description de la croissance de région variationnelle, en collaboration avec C. Reichert de l'Institut Camille Jordan (UMR CNRS 5208) pour les aspects mathématiques.

3.1 Définitions

3.1.1 Représentation d'une région

La région en cours d'évolution est représentée par une fonction caractéristique $\Phi_{\mathbf{x}}$ définie par :

$$\Phi_{\mathbf{x}} = \Phi(\mathbf{x}) = \begin{cases} 1, & \text{if } \mathbf{x} \in \Omega_{in} \\ 0, & \text{if } \mathbf{x} \in \Omega_{out} \end{cases} \quad (\text{VII.15})$$

avec $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n$ un élément du domaine image Ω , Ω_{in} le sous-ensemble représentant la région segmentée dans Ω et $\Omega_{out} = \Omega \setminus \Omega_{in}$ le complément de Ω_{in} représentant le fond.

La région initiale ($t = 0$) est décrite par la fonction caractéristique Φ^0 :

$$\Phi^0 = \{\mathbf{x} \in \Omega \mid \Phi(\mathbf{x}, t = 0) = 1\} \quad (\text{VII.16})$$

3.1.2 ε -Voisinage.

Le ε -voisinage d'un point \mathbf{u} de l'espace métrique Ω est l'ensemble de tous les points proches de \mathbf{u} au sens de la distance euclidienne:

$$N_{\varepsilon}(\mathbf{u}) = \{v \in \Omega \mid \|v - \mathbf{u}\| \leq \varepsilon\} \quad (\text{VII.17})$$

La frontière extérieure $\mathcal{D}_{\varepsilon}^{+}$ (resp. intérieure $\mathcal{D}_{\varepsilon}^{-}$) de Ω_{in} est définie comme suit :

$$\begin{aligned} \mathcal{D}_{\varepsilon}^{+} &= \{v \in \Omega_{out} \mid \exists u \in \Omega_{in}, v \in N_{\varepsilon}(u)\} \\ \mathcal{D}_{\varepsilon}^{-} &= \{v \in \Omega_{in} \mid \exists u \in \Omega_{out}, v \in N_{\varepsilon}(u)\} \end{aligned} \quad (\text{VII.18})$$

L'union des frontières intérieure et extérieure se notera $\mathcal{D}_{\varepsilon}^{\pm}$.

3.2 Principe de VRG

VRG vise à atteindre la partition désirée de l'image par commutations successives de la fonction discrète Φ_x , afin de minimiser une fonctionnelle d'énergie qui modélise la structure à détecter. Bien entendu, cette fonctionnelle d'énergie doit être correctement conçue de sorte que sa valeur minimale corresponde à la solution de la segmentation, c'est-à-dire à l'objet recherché.

3.2.1 Segmentation par approche variationnelle

Dans une approche variationnelle, la segmentation s'exprime comme un processus d'optimisation :

$$\Phi^* = \arg \min_{\Phi} J(\Phi) \quad (\text{VII.19})$$

avec Φ^* la partition optimale de l'image, obtenue par minimisation de l'énergie $J(\Phi)$.

Afin de trouver itérativement la solution, une variable temporelle artificielle t est introduite, ce qui permet de relier $\Delta_t \Phi$ la variation de Φ dépendante du temps avec $\Delta J(\tilde{\Phi})$ la variation estimée de l'énergie pour $\tilde{\Phi}$ une petite altération de Φ :

$$\Delta_t \Phi + F(\Phi, \Delta J(\tilde{\Phi})) = 0 \quad (\text{VII.20})$$

avec F une fonctionnelle contrôlant l'évolution de la région.

3.2.2 Equation d'évolution

Dans VRG, l'évolution de la région est un processus discret à la fois dans les domaines spatial et temporel, car les éléments de Ω sont échantillonnés sur une grille et les itérations dépendent d'une variable temps-discret n .

Dans ce cas, le but de F est d'induire une commutation des valeurs de Φ , chaque fois que cela conduit à une réduction de l'énergie i.e. $\Delta J(\tilde{\Phi}) < 0$. Ainsi F peut être exprimée dans (VII.21) comme une fonction de $\Delta J(\tilde{\Phi})$ et de $c(\Phi)$, commande de changement d'état définie plus-bas dans (VII.23) :

$$F(\Phi, \Delta J(\tilde{\Phi})) = -c(\Phi) \cdot H(-\Delta J(\tilde{\Phi})) \quad (\text{VII.21})$$

avec H la fonction de Heaviside:

$$H(z) = \begin{cases} 0 & \text{if } z < 0 \\ 1 & \text{if } z \geq 0 \end{cases} \quad (\text{VII.22})$$

La commande $c(\Phi)$ conduit à une commutation de Φ_x au point \mathbf{x} au moyen de l'opération suivante :

$$c(\Phi_x) = 1 - 2\Phi_x \quad (\text{VII.23})$$

En introduisant (VII.21) dans (VII.20), l'équation d'évolution de la région peut donc s'écrire :

$$\Delta_t \Phi - c(\Phi) \cdot H(-\Delta J(\tilde{\Phi})) = 0 \quad (\text{VII.24})$$

L'équation (VII.24) se résout itérativement par des méthodes numériques en partant de Φ^0 . Nous notons Φ^n la fonction région à l'itération n . Les valeurs de la fonction Φ à l'itération $n+1$ sont évaluées en chaque point par la relation suivante:

$$\Phi_{\mathbf{x}}^{n+1} = \Phi_{\mathbf{x}}^n + c(\Phi_{\mathbf{x}}^n) \cdot H(-\Delta J(\tilde{\Phi}_{\mathbf{x}}^n)) \quad (\text{VII.25})$$

Suivant le signe de $\Delta J(\tilde{\Phi}_{\mathbf{x}}^n)$, la valeur de $\Phi_{\mathbf{x}}^{n+1}$ est commutée ou reste inchangée. L'évolution s'arrête lorsque Φ^n ne rencontre plus de modification aux points testés.

3.2.3 Zone de test

Dans VRG, à chaque itération, un nombre limité de voxels seulement est testé pour une possible agrégation. Ces voxels sont choisis à proximité de la frontière de la région segmentée. L'étendue de cette zone dépend de la taille du ε -voisinage utilisé pour définir les frontières extérieure et intérieure. Cette zone est similaire à la bande étroite utilisée dans les ensembles de niveau. La plupart du temps, seule la frontière extérieure est prise en considération pour l'évolution de la région. Toutefois, si la frontière intérieure est incluse dans la zone de test, cela signifie que des points appartenant précédemment à la région en évolution peuvent être évalués de nouveau à une itération suivante et éventuellement éjectés : ce phénomène peut entraîner des changements topologiques de la région segmentée tels que des trous ou des déconnexions. Cette zone de test est prise en compte dans l'équation d'évolution (VII.25) en remplaçant $c(\Phi_{\mathbf{x}}^n)$ by $c_{\varepsilon}(\Phi_{\mathbf{x}}^n)$:

$$c_{\varepsilon}(\Phi_{\mathbf{x}}^n) = \begin{cases} c(\Phi_{\mathbf{x}}^n) & \text{if } \mathbf{x} \in \delta_{\varepsilon}^{\pm} \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (\text{VII.26})$$

3.2.4 Variation d'énergie

Puisque l'évolution de la région dépend de la variation d'énergie $\Delta J(\tilde{\Phi}_{\mathbf{x}}^n)$, il est utile de trouver une expression générale de cette variation pour classe important d'énergies. Parmi le large panel d'énergies proposées dans la littérature, nous restreignons l'étude aux énergies basées région. Dans [Jehan-Besson, 2003], l'auteur propose une expression générale d'une énergie basée région obtenue à partir d'un descripteur $k_{\mathbf{x}}$ «région-indépendant »:

$$J(\Omega_{in}) = \int_{\Omega_{in}} k_{\mathbf{x}} d\mathbf{x} \quad (\text{VII.27})$$

Dans notre contexte discret, l'expression de l'énergie devient :

$$J(\Phi^n) = \sum_{\mathbf{x} \in \Omega} k_{\mathbf{x}} \Phi_{\mathbf{x}}^n \quad (\text{VII.28})$$

Etant donnée l'énergie $J(\Phi^n)$ à l'itération n , nous évaluons l'énergie $J(\tilde{\Phi}^n)$ qui résulterait d'un changement d'état d'un voxel candidat \mathbf{v} .

Le changement d'état de \mathbf{v} devant être testé est donné par:

$$\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n = 1 - \Phi_{\mathbf{v}}^n \quad (\text{VII.29})$$

$$\text{Ainsi:} \quad \tilde{\Phi}_{\mathbf{x}}^n = \Phi_{\mathbf{x}}^n \quad \text{for all } \mathbf{x} \neq \mathbf{v} \quad (\text{VII.30})$$

En tenant compte des équations (VII.28)(VII.29)(VII.30), l'énergie évaluée s'écrit :

$$J(\tilde{\Phi}^n) = k_{\mathbf{v}} \cdot \tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n + \sum_{\mathbf{x} \neq \mathbf{v}, \mathbf{x} \in \Omega} k_{\mathbf{x}} \cdot \Phi_{\mathbf{x}}^n \quad (\text{VII.31})$$

$$J(\tilde{\Phi}^n) = k_{\mathbf{v}} \cdot (1 - \Phi_{\mathbf{v}}^n) - k_{\mathbf{v}} \cdot \Phi_{\mathbf{v}}^n + k_{\mathbf{v}} \cdot \Phi_{\mathbf{v}}^n + \underbrace{\sum_{\mathbf{x} \neq \mathbf{v}} k_{\mathbf{x}} \cdot \Phi_{\mathbf{x}}^n}_{J(\Phi^n)} \quad (\text{VII.32})$$

Par conséquent, la variation d'énergie $\Delta J(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n)$ associée au seul voxel \mathbf{v} est donnée par l'expression :

$$\Delta J(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n) = (1 - 2\Phi_{\mathbf{v}}^n) \cdot k_{\mathbf{v}} \quad (\text{VII.33})$$

Cette expression d'évolution de la fonctionnelle d'énergie est valide pour tout descripteur $k_{\mathbf{v}}$ région-indépendant.

3.2.5 Exemple d'énergie basée région

Dans [Chan, 2001], les auteurs proposent une énergie basée région calculée à partir des niveaux de gris moyens à l'intérieur et à l'extérieur de la région segmentée, dérivée des travaux de [Mumford, 1989]:

$$J_I(\Phi_{\mathbf{x}}) = \lambda_{\text{int}} \sum_{\mathbf{x}} |f(\mathbf{x}) - \mu_{\text{in}}|^2 \Phi_{\mathbf{x}} + \lambda_{\text{ext}} \sum_{\mathbf{x}} |f(\mathbf{x}) - \mu_{\text{out}}|^2 (1 - \Phi_{\mathbf{x}}) \quad (\text{VII.34})$$

avec μ_{in} (resp. μ_{out}) l'intensité moyenne dans Ω_{in} (resp. Ω_{out}) et $f(\mathbf{x})$ l'intensité du pixel \mathbf{x} .

Selon (VII.33), la variation de cette énergie s'exprime simplement de la manière suivante :

$$\Delta J_I(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n) = (1 - 2\Phi_{\mathbf{v}}^n) \left[|f(\mathbf{v}) - \mu_{\text{in}}|^2 - |f(\mathbf{v}) - \mu_{\text{out}}|^2 \right] \quad (\text{VII.35})$$

3.2.6 Algorithme de la croissance de région variationnelle

L'algorithme de la croissance de région variationnelle peut se résumer en quelques étapes :

- Etape 1 : Initialisation. Création de la partition initiale Φ^0 (VII.16). Cette partition correspond aux germes initiaux.

- Etape 2 : Zone de test. Déterminer l'ensemble ∂_ϵ^\pm des points candidats au changement d'état (frontières intérieure et extérieure de Ω_{in}).
- Etape 3 : Evolution. Commuter la valeur de Φ_v en chaque point v appartenant à ∂_ϵ^\pm si la variation d'énergie $\Delta J(\tilde{\Phi}_v^n)$ est négative.
- Etape 4 : Répéter les étapes 2 et 3 jusqu'à ce que la variation d'énergie soit nulle (i.e. plus aucun point ne commute)

Pour résumer, le formalisme de VRG décrit la croissance de région comme un processus itératif qui converge vers un minimum d'énergie. C'est un formalisme qui permet de piloter la segmentation par un large panel d'énergies basées sur des descripteurs région-indépendants

3.3 Une dérivation de VRG : croissance de région par séparation de densités (CRSD)

Pour illustrer, la capacité de VRG d'intégrer facilement une énergie basée région dans le processus de minimisation, nous décrivons une nouvelle croissance de région par séparation de densités (CRSD) [Rose, 2010], qui s'appuie sur une énergie proposée par [Paragios, 2005] dans le cadre d'une segmentation par ensembles de niveau. Cette énergie recherche la meilleure séparation entre les densités de probabilité de l'objet d'intérêt et de l'arrière-plan de l'image.

Soient $\mathbf{x} \in \Omega$ un pixel du domaine image Ω et $I(\mathbf{x}) \in \mathbb{R}^d$ une grandeur pouvant tout aussi bien représenter l'intensité de niveau de gris ($d = 1$) ou le vecteur de composantes RGB du pixel \mathbf{x} ($d = 3$).

Nous notons $p_{in}(I(\mathbf{x}))$ et $p_{out}(I(\mathbf{x}))$ les deux fonctions de densité de probabilité estimées à partir de la région segmentée Ω_{in} et l'arrière-plan de l'image Ω_{out} au pixel \mathbf{x} par une méthode d'estimation non paramétrique par noyau.

$$\begin{aligned} p_{in}(I(\mathbf{x}))_{\mathbf{H}} &= \frac{1}{|\Omega_{in}|} \sum_{\mathbf{i} \in \Omega_{in}} K_{\mathbf{H}}(I(\mathbf{x}) - I(\mathbf{i})) \\ p_{out}(I(\mathbf{x}))_{\mathbf{H}} &= \frac{1}{|\Omega_{out}|} \sum_{\mathbf{i} \in \Omega_{out}} K_{\mathbf{H}}(I(\mathbf{x}) - I(\mathbf{i})) \end{aligned} \quad (\text{VII.36})$$

Avec $|\Omega_{in}|$ (resp. $|\Omega_{out}|$) le cardinal de l'ensemble Ω_{in} (resp. Ω_{out}), \mathbf{H} une matrice $d \times d$ définie positive de paramètres d'échelle et $K_{\mathbf{H}}$ un noyau multivariable défini par :

$$K_{\mathbf{H}}(I(\mathbf{x})) = |\mathbf{H}|^{-1/2} K(\mathbf{H}^{-1/2} I(\mathbf{x})) \quad (\text{VII.37})$$

où K est une fonction noyau d-variable satisfaisant : $\int K(\mathbf{z}) d\mathbf{z} = 1$.

Dans CRSD, nous utilisons le noyau sphérique gaussien K_G :

$$K_G(\mathbf{H}^{-1/2}I(\mathbf{x})) = (2\pi)^{-d/2} \exp\left(-\frac{1}{2}I(\mathbf{x})^T \mathbf{H}^{-1}I(\mathbf{x})\right) \quad (\text{VII.38})$$

avec $\mathbf{H} = \lambda \mathbf{I}$, \mathbf{I} étant la matrice identité et λ empiriquement fixé à 2.25.

Paragios *et al.* ont montré que la maximisation de la probabilité a posteriori est équivalent à la minimisation de la fonction $[-\log(\cdot)]$ associée. De ce fait, nous définissons l'énergie de CRSD de la manière suivante :

$$J(\Phi^n) = -\sum_{\mathbf{x}} \log(p_{in}(I(\mathbf{x}))) \cdot \Phi_{\mathbf{x}} - \sum_{\mathbf{x}} \log(p_{out}(I(\mathbf{x}))) \cdot (1 - \Phi_{\mathbf{x}}) \quad (\text{VII.39})$$

D'après l'équation de variation d'énergie pour des descripteurs région-indépendants (VII.33), nous en déduisons la variation d'énergie de $J(\Phi_{\mathbf{x}})$:

$$\Delta J(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n) = (1 - 2\Phi_{\mathbf{v}}^n) \cdot \left[\log(p_{out}(I(\mathbf{v}))) - \log(p_{in}(I(\mathbf{v}))) \right] \quad (\text{VII.40})$$

où $p_{in}(I(\mathbf{v}))$ and $p_{out}(I(\mathbf{v}))$ sont réactualisés à chaque itération.

Connaissant la variation d'énergie $\Delta J(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n)$, il ne reste plus qu'à appliquer l'équation d'évolution pour procéder à segmentation (VII.25).

4. APPLICATIONS

Dans les sections §2.3 et §3.3, nous avons présenté trois exemples de croissances de région, pour illustrer la diversité des algorithmes que peuvent décrire les formalismes FSRG et VRG.

Dans cette section, nous examinons l'intérêt de ces trois croissances de région dans des contextes particuliers :

1. FSRG CRN : croissance de région n-dimensionnelle pour la segmentation d'images multiparamétriques,
2. FSRG CRA : croissance de région adaptative pour la segmentation d'images fortement bruitées,
3. VRG CRSD : croissance de région variationnelle pour segmenter indifféremment des images à niveaux de gris ou couleur.

4.1 Formalisme FSRG : CRN

Nous illustrons l'intérêt de CRN pour segmenter des données multiparamétriques telles que les cartes de paramètres physiques T1, T2, ρ en imagerie IRM. Pour plus de lisibilité, les cartes T1, T2, ρ sont codées par une image couleur RGB : R pour T1, G pour T2 et B pour ρ (cf. Figure VII. 3a, d, g). Figure VII. 3a montre les cartes synthétiques originales des paramètres IRM. Les données de test (Figure VII. 3d, g) sont obtenues en dégradant l'image dans Figure VII. 3a par l'application d'un filtre

spatial gaussien de lissage (c: $\sigma_s = 1$; e: $\sigma_s = 0.5$) et l'ajout de bruit gaussien (c, e: $\sigma_n = 10$). Les histogrammes Figure VII. 3b, e, h montrent l'effet de ces perturbations sur les distributions associées aux différents canaux.

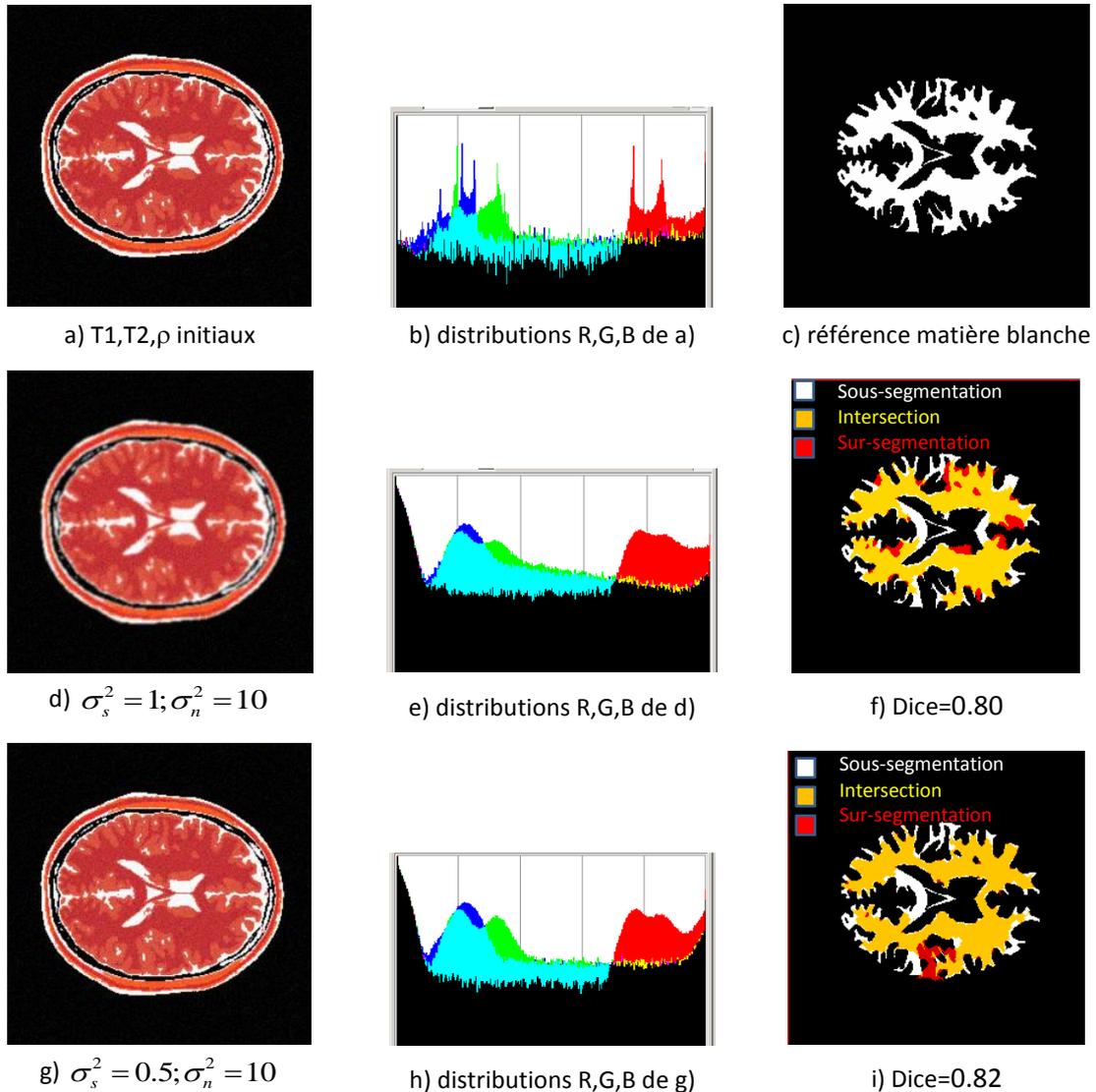


Figure VII. 3: Résultats de CRN: a) paramètres IRM initiaux; c) référence de la matière blanche ; d, g) paramètres IRM de test ; b, e, h) histogrammes RGB logarithmiques des images a,d,g ; f, i) résultats de CRN associés aux paramètres d, g.

Nous avons appliqué CRN pour segmenter la matière blanche à partir des deux images de test. La région de référence pour la matière blanche est donnée dans Figure VII. 3c. CRN met en œuvre un voisinage robuste rappelé dans (VII.41) dont les paramètres d'échelle ont été arbitrairement choisis pour la caractéristique spatiale de dimension 2 ($h_{s,x} = h_{s,y} = 3$) et pour la caractéristique d'amplitude de dimension 3 ($h_{r,R} = h_{r,G} = h_{r,B} = 10$).

$$N_{CRN}(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_s, \mathbf{y}_s, \mathbf{H}_s) \right) \cdot k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_r, \mathbf{y}_r, \mathbf{H}_r) \right) = 1 \right\} \quad (\text{VII.41})$$

La segmentation des paramètres IRM dans Figure VII. 3d (resp. Figure VII. 3g) par CRN apparaît dans Figure VII. 3f (resp. Figure VII. 3i). La couleur des pixels indique si les pixels sont i) correctement segmentés : jaunes; ii) sur-segmentés : rouges ; iii) sous-segmentés : blancs. A titre indicatif, l'indice de Dice est égal à 0,80 pour Figure VII. 3f et 0,82 pour Figure VII. 3i. Il est normal d'obtenir un meilleur résultat à partir de Figure VII. 3g, puisqu'il s'agit de l'image la moins dégradée (lissage plus faible). La performance de CRN pourrait être améliorée par un meilleur ajustement des paramètres d'échelle, notamment en utilisant des paramètres d'échelle adaptatifs, mais notre objectif est seulement de montrer la possibilité d'opérer une croissance de région dans un espace de dimension 5 grâce au formalisme de FSRG.

4.2 Formalisme FSRG : CRA

Dans cet exemple, nous montrons la capacité de FSRG à décrire des méthodes de croissance de région adaptatives. Nous nous plaçons dans un contexte d'images fortement bruitées afin de mettre en évidence l'apport des paramètres adaptatifs dans la croissance de région. Nous comparons trois méthodes :

- une croissance de région non-adaptative (CRNA),
- une croissance de région semi-adaptative one (CRSA),
- une croissance de région adaptative (CRA).

Notons qu'elles ne diffèrent que par leur voisinage robuste (VII.42)(VII.43)(VII.44) :

$$N_{CRNA}(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_s, \mathbf{y}_s, \mathbf{H}_s) \right) \cdot k_{rect} \left(d^2(\mu_{r, R^{[l]}} \mathbf{y}_r, \mathbf{H}_r) \right) = 1 \right\} \quad (\text{VII.42})$$

$$N_{CRSA}(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_s, \mathbf{y}_s, \mathbf{H}_s) \right) \cdot k_{rect} \left(d^2(\mu_{r, \mathbf{x}} \mathbf{y}_r, \mathbf{H}_r) \right) = 1 \right\} \quad (\text{VII.43})$$

$$N_{CRA}(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_s, \mathbf{y}_s, \mathbf{H}_s) \right) \cdot k_{rect} \left(d^2(\mu_{r, \mathbf{x}} \mathbf{y}_r, \mathbf{H}_{r|\mathbf{y}}) \right) = 1 \right\} \quad (\text{VII.44})$$

Dans (VII.42) et (VII.43), tous les paramètres d'échelle sont constants, mais pour CRNA la distance pour la caractéristique d'amplitude est calculée relativement à $\mu_{r, R^{[l]}}$ niveau de gris moyen de la région $R^{[l]}$ alors que pour CRSA, elle est calculée relativement à $\mu_{r, \mathbf{x}}$ niveau de gris moyen dans un voisinage \mathbf{x} (cf. Figure VII. 2), d'où le terme de « semi-adaptative ». Pour CRA, le paramètre d'amplitude est adaptatif et dépend de la norme moyenne du gradient dans le voisinage de \mathbf{y} .

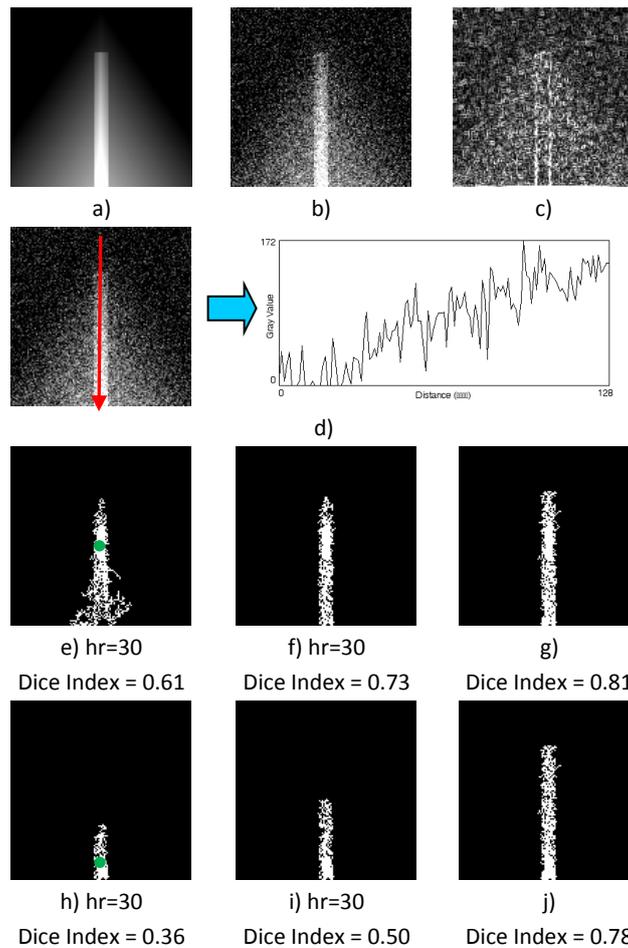


Figure VII. 4: Résultats de CRA: a) image synthétique; b) image bruitée de test; c) image de test après Prewitt ; d) profil d'intensité le long de la flèche rouge; résultats de CRNA, CRSA et CRA à partir des germes initiaux situés e, f, g) au milieu de l'objet; h, i, j) au bas de l'objet.

Nous avons testé CRNA, CRSA et CRA sur une image 2D synthétique imitant les caractéristiques des images TEP NaF. L'image initiale représente un objet rectangulaire placé dans un arrière-plan hétérogène. Les intensités des pixels dans l'objet diminuent verticalement et horizontalement comme le montre Figure VII. 4a. L'image 2D de test présentée dans Figure VII. 4b a été obtenue après ajout d'un bruit gaussien ($\sigma = 25$). Comme CRA est basé sur la norme du gradient de l'intensité, le résultat d'un filtre de Prewitt appliqué à l'image test est affiché dans Figure VII. 4c. Dans Figure VII. 4d, un profil d'intensité le long de la flèche rouge réalisé à partir de l'image test met en évidence la forte hétérogénéité des niveaux de gris. Les trois méthodes ont été testées avec les deux ensembles de germes initiaux indiqués par les ronds verts dans Figure VII. 4e et Figure VII. 4h. Les résultats des segmentations de CRNA, CRSA et CRA, initialisés par les germes situés au centre de l'objet sont affichés dans Figure VII. 4e, Figure VII. 4f, Figure VII. 4g. Les paramètres non-adaptatifs qui ont été utilisés par CRNA et CRSA sont mentionnés sous chaque image. Ils ont été réglés manuellement afin d'obtenir les meilleurs résultats. Les résultats obtenus avec les germes initiaux situés en bas de l'objet sont donnés dans Figure VII. 4h, Figure VII. 4i, Figure VII. 4j. Les paramètres non adaptatifs sont restés identiques. Les indices de Dice spécifiés sous chaque image segmentée révèlent que CRA

est plus performant que CRNA et CRSA. Comme le montrent Figure VII. 4g et Figure VII. 4j, CRA a l'avantage d'être moins dépendant du choix des germes initiaux.

4.3 Formalisme VRG: CRSD

Nous illustrons l'intérêt de CRSD pour segmenter indifféremment des images à niveaux de gris et couleurs. Nous avons comparé les résultats de CRSD avec ceux d'une croissance de région non variationnelle (CRNV). Dans CRNV, l'agrégation des pixels à la région qui évolue est soumise à la condition suivante :

$$|I(\mathbf{x}) - \mu_{\Omega_{in}}| \leq \alpha \cdot \sigma_{\Omega_{in}} \quad (\text{VII.45})$$

avec $\mu_{\Omega_{in}}$, $\sigma_{\Omega_{in}}$ la moyenne et l'écart-type de la densité de probabilité (uni ou multivariée) des pixels appartenant à Ω_{in} et α un hyper-paramètre.

Figure VII. 5 permet de constater visuellement la supériorité de CRSD sur CRNV. La segmentation de CRSD conduit à des contours significatifs des objets (Figure VII. 5c, f) alors que CRNV ne parvient pas à extraire les objets d'intérêt, même en ajustant manuellement le paramètre α pour obtenir les meilleurs résultats possibles (Figure VII. 5b, e). Par ailleurs, avec CRSD, la région évolue itérativement en testant les points candidats spécifiés par $\mathcal{D}_\varepsilon^+$ jusqu'à convergence : il n'y a pas d'hyper-paramètre à régler comme dans CRNV.

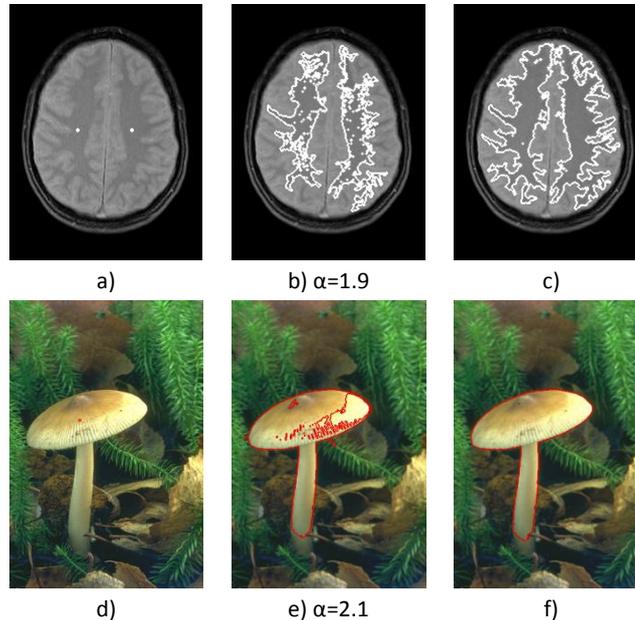


Figure VII. 5: Segmentations d'une image à niveaux de gris (BRAIN) et d'une image couleur (MUSHROOM) : a, d) germes initiaux pour CRSD et CRNV ; contours des segmentations obtenues avec les méthodes : b, e) CRNV; c, f) CRSD.

Un autre avantage de CRSD est sa faible sensibilité à l'initialisation. Cette propriété est liée à son énergie basée région qui prend en compte l'information de toute l'image, alors que dans les

croissances de région classiques le critère d'homogénéité ne s'appuie que sur des informations provenant de la région en cours d'évolution.

Figure VII. 6 montre les résultats de CRSD obtenus à partir de la même image couleur mais avec trois initialisations différentes (Figure VII. 6 a, c, e). La prise en compte des densités de probabilité multivariées à l'intérieur et à l'extérieur de la région permet à CRSD d'extraire précisément le léopard de l'arrière-plan de l'image. Malgré les initialisations diverses, CRSD converge vers la même segmentation (Figure VII. 6 b, d, f).

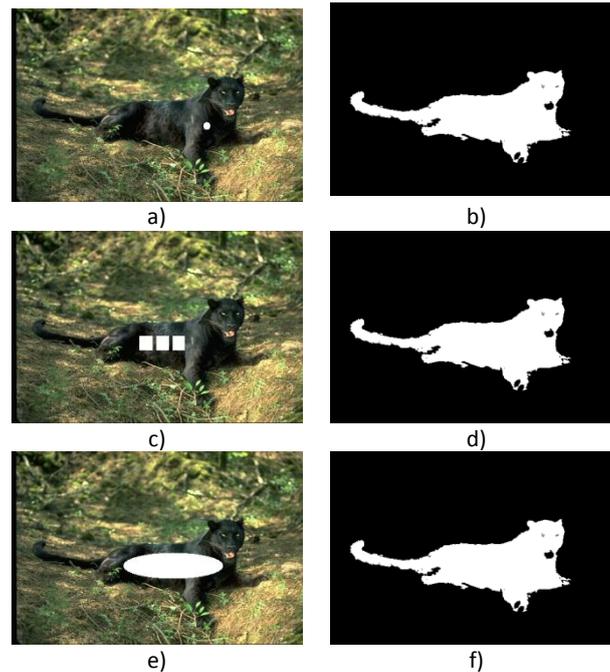


Figure VII. 6: Stabilité des résultats de CRSD : a, c, e) image couleur à segmenter (LEOPARD) avec différents germes initiaux; b, d, f) résultats de CRSD.

Finalement, nous avons étudié la convergence de CRSD dans le cas où les pixels candidats appartiennent à la frontière intérieure et extérieure $\mathcal{D}_{\varepsilon}^{\pm}$. Figure VII. 7 affiche les résultats de CRSD obtenus à partir de la même image à niveaux de gris mais avec des initialisations différentes. CRSD converge sur le même résultat (Figure VII. 7c) avec les deux initialisations données par Figure VII. 7a et Figure VII. 7 b. Ainsi, à partir du moment où les germes sont situés dans la même région d'intérêt, CRSD converge vers le même résultat. Figure VII. 7e affiche le résultat obtenu avec les germes de Figure VII. 7d. Cet exemple illustre l'intérêt d'inclure la frontière intérieure $\mathcal{D}_{\varepsilon}^{-}$ dans la zone de test : des pixels appartenant à la région en évolution peuvent être rejetés lors des itérations suivantes, ce qui permet de segmenter des objets non connexes. CRSD a la capacité de converger vers l'objet désiré en autorisant les changements de topologie. Dans Figure VII. 7f, les courbes mettent en évidence la minimisation d'énergie qui se produit au cours de la croissance de région. Dans les trois cas, CRSD converge vers un minimum local d'énergie. Il est possible de vérifier que les segmentations de Figure VII.a et Figure VII.d conduisent bien au même minimum d'énergie. Cette convergence sur un minimum local provient de la restriction des pixels candidats à la zone de test spécifiée dans

(VII.26).

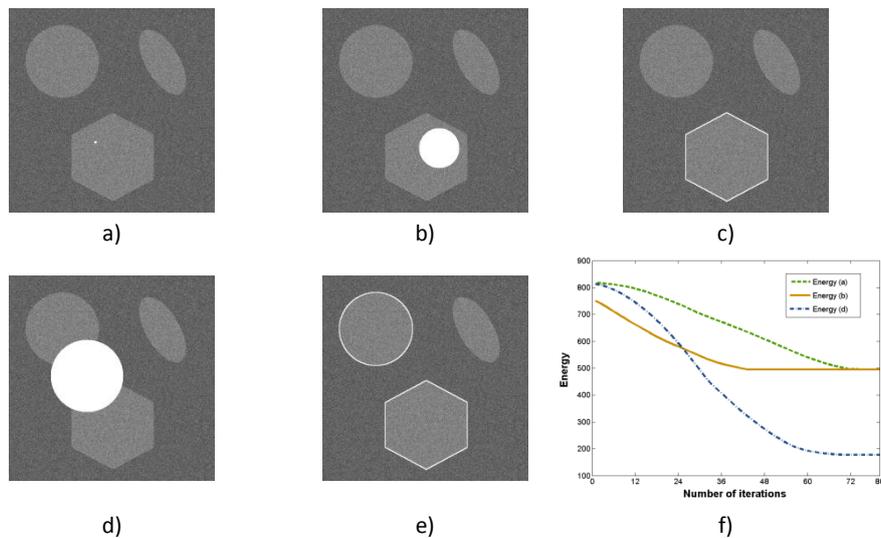


Figure VII. 7: Résultats de CRSD: a, b, d) images originales et différents germes initiaux; c) contours des segmentations obtenus à partir de a et b; e) contour de la segmentation obtenue à partir de d. Evolution de l'énergie de CRSD au cours des segmentations de a, b et d.

5. BILAN ET PERSPECTIVES

Dans ce chapitre, j'ai présenté un premier formalisme de croissance de région s'appuyant sur l'espace des caractéristiques. Il a l'avantage inhérent d'opérer sur des données multidimensionnelles et de spécifier facilement une segmentation adaptative [Revol-Muller, 2012a; Revol-Muller, 2012c; Revol-Muller, 2012b]. J'ai illustré son usage pour définir une croissance de région multidimensionnelle appliquée à la segmentation de cartes synthétiques de paramètres physiques IRM et j'ai montré son intérêt pour définir une croissance de région localement guidée par l'information de gradient à l'aide de sa matrice de paramètres d'échelle adaptatifs.

Le deuxième formalisme que j'ai détaillé repose sur une approche variationnelle [Rose, 2009b; Rose, 2010]. L'évolution de la région est guidée par la variation discrète d'une énergie que l'on cherche à minimiser. L'apport de ce formalisme a été exemplifié par la conception d'une nouvelle croissance de région pilotée par une énergie proposée initialement dans le cadre des ensembles de niveau. L'estimation de densité non paramétrique par noyau multivariable a été mise en œuvre pour calculer cette énergie qui vise la meilleure séparation possible entre les densités de l'objet d'intérêt et l'arrière-plan de l'image. Les performances de la nouvelle croissance ont été évaluées à partir d'images à niveaux de gris et couleur. Ce dernier exemple illustre la coopération possible entre nos deux formalismes. A notre connaissance, ces deux formalismes devraient être en mesure de décrire la plupart des segmentations par croissance de région proposées dans la littérature.

Un article récemment soumis à la revue IEEE Transactions on Image Processing intitulé « Local optimization of discrete region-based energies for multi-region segmentation » en partenariat avec le LIRIS devrait valoriser prochainement les travaux de J.L. Rose et T. Grenier (soumis le 26/07/12).

6. BIBLIOGRAPHIE PERSONNELLE DU CHAPITRE

[Revol-Muller, 2012a] **C. Revol-Muller**, T. Grenier, T. Li, and H. Benoit-Cattin, "Feature Space Region Growing", International Conference on Image Processing, ICIP'12, Orlando, Florida, USA, 4 pages, 2012a.

[Revol-Muller, 2012b] **C. Revol-Muller**, T. Grenier, J. L. Rose, A. Pacureanu, F. Peyrin, and C. Odet, "Region Growing: Adolescence and adulthood ;Two visions of region growing: in feature space and variational framework", VISAPP 2012. International Conference on Computer Vision Theory and Applications, Rome, Italy, pp. 286-297, 02/12, 2012b.

[Revol-Muller, 2012c] **C. Revol-Muller**, T. Grenier, J. L. Rose, A. Pacureanu, F. Peyrin, and C. Odet, "Region Growing: When Simplicity Meets Theory. Region growing revisited in feature space and variational framework", Lecture Notes Series of Communications in Computer and Information Science (CCIS), Springer-Verlag, 20 pages, 2012c.

[Rose, 2010] J. L. Rose, T. Grenier, **C. Revol-Muller**, and C. Odet, "Unifying variational approach and region growing segmentation", 18th European Signal Processing Conference (EUSIPCO-2010), Aalborg, Denmark, pp. 1781-1785, 08/2010.

[Rose, 2009b] J. L. Rose, **C. Revol-Muller**, C. Reichert, and C. Odet, "Variational region growing", VISAPP-09 International Conference on Computer Vision Theory and Applications, Lisboa, Portugal, 6 pages, February, 2009b.

[Rose, 2008a] Rose, J. L., "Croissance de région variationnelle et contraintes géométriques tridimensionnelles pour la segmentation d'image," Institut National des Sciences Appliquées de Lyon, 2008a. Thèse codirigée avec C. Odet.

[Grenier, 2006a] T. Grenier, **C. Revol-Muller**, N. Costes, M. Janier, and G. Gimenez, "3D Robust Adaptive Region Growing for Segmenting [18F]fluoride Ion PET Images", 2006 NSS MIC, San Diego, USA, pp. 2644-2648, Oct, 2006a.

[Grenier, 2005b] T. Grenier, **C. Revol-Muller**, N. Costes, M. Janier, and G. Gimenez, "Automated seeds location for whole body naf pet segmentation," IEEE Trans Nucl Sci, vol. 52, pp. 1401 - 1405, Oct. 2005b.

Chapitre VIII

INTEGRATION D'A PRIORI DE FORME

1. INTRODUCTION

Dans ce chapitre, je présente deux solutions pour prendre en compte de l'a priori de forme dans la croissance de région. Notre réflexion a commencé dès le début de la thèse de J.L. Rose en 2005 [Rose, 2008a]. Avant la définition du formalisme de VRG, d'autres voies ont été explorées pour intégrer une contrainte de forme [Rose, 2007; Rose, 2008b] basées sur des cartes de distances signées et le flux du vecteur gradient. Comme je ne détaille pas ces approches dans ce chapitre, le lecteur est invité à consulter les références mentionnées si besoin. Profitant du cadre variationnel, la réponse apportée consiste à définir deux types d'énergie capable de gérer l'a priori de forme. La première repose les descripteurs d'un modèle de référence et la seconde sur les propriétés géométriques particulières de l'objet d'intérêt [Rose, 2009a; Revol-Muller, 2012d]. C'est durant la thèse d'A. Pacureanu soutenue en janvier 2012 [Pacureanu, 2012a] que la deuxième énergie a été définie pour extraire spécifiquement des structures tubulaires dans une image [Pacureanu, 2010]. L'application de ces travaux à l'imagerie biomédicale est exposée à la fin de ce chapitre, après avoir illustré l'apport de l'a priori de forme sur quelques cas de figure.

2. ENERGIE BASEE MODELE

La définition d'une énergie basée modèle est envisageable quand une forme de référence est disponible. Cette approche a été implantée avec succès par [Foulonneau, 2006; Rose, 2009a]. Elle consiste à décrire la forme par des descripteurs tels que les moments de Legendre ou de Chebyshev. Il faut ensuite définir une distance de forme basée sur ces descripteurs, afin de pouvoir comparer la forme de la région en cours de segmentation avec celle de l'objet de référence. L'énergie de forme qui gouverne la croissance de région est étroitement liée à cette distance.

2.1 Exemple avec les descripteurs de Chebyshev

Les moments de Chebyshev d'ordre $p+q$ d'une image binaire de taille $N \times N$ représentée par une fonction caractéristique Φ_x s'exprime à partir des polynômes orthogonaux normalisés de Chebyshev $t_{p,N}(\cdot)$ de la manière suivante :

$$T_{pq} = C_{pq} \cdot \sum_{x \in \Omega} t_{p,N}(x_1) t_{q,N}(x_2) \Phi_x \quad p, q = 0, 1, 2, \dots, \eta - 1 \quad (\text{VIII.1})$$

avec: $t_{p,N}$ polynôme de Chebyshev d'ordre p [Nikiforov, 1991] tel que:

$$t_{p,N}(x_1) = \frac{p!}{N^p} \sum_{k=0}^p (-1)^{p-k} \binom{N-1-k}{p-k} \binom{p+k}{p} \binom{x_1}{k} \quad (\text{VIII.2})$$

N^p facteur de normalisation introduit dans (VIII.2) pour assurer la stabilité numérique aux ordres plus élevés.

$C_{pq}(N)$ constante de normalisation définie par $(\rho(p,N) \cdot \rho(q,N))^{-1}$ avec $\rho(p,N)$ égal à :

$$\rho(p,N) = \frac{(N^2 - p^2)(2p-1)}{N^2(2p+1)} \rho(p-1,N) \quad (\text{VIII.3})$$

Les fonctions de base sont orthogonales et directement définies dans l'espace des coordonnées de l'image : leur mise en œuvre numérique ne nécessite aucune approximation discrète. Mukundan a montré la supériorité des moments de Chebyshev sur les moments de Legendre ou de Zernike dans le contexte du traitement d'image d'image [Mukundan, 1998; Mukundan, 2001]. Ces moments discrets sont donc bien adaptés aux méthodes de segmentation par croissance de région.

Une propriété souhaitable pour les descripteurs de forme est l'invariance par transformation géométrique i.e translation, rotation et mise à l'échelle. Nous avons proposé une solution pour que les moments de Chebyshev répondent à cette attente. Nous avons modifié leur définition en introduisant une transformation affine présentée par [Pei, 1995] pour normaliser les formes. Partant de la transformation affine T^{aff} telle que $\mathbf{u} = T^{\text{aff}} \mathbf{x}$ avec $\mathbf{u} = [u_1, u_2]$, nous définissons les moments invariants de Chebyshev v_{pq} par :

$$v_{pq} = C_{pq} \cdot \sum_{\mathbf{x} \in \Omega} t_{p,N}(u_1) t_{q,N}(u_2) \Phi_{\mathbf{x}} \quad (\text{VIII.4})$$

Toute forme de référence peut être décrite par les moments invariants de Chebyshev d'ordre $p+q$: $\{v_{pq}^{\text{ref}}, p, q = 0, 1, 2, \dots, \eta-1\}$. Cette description permet l'alignement des formes pendant le processus de segmentation.

2.2 Énergie d'a priori de forme

Nous introduisons une énergie d'a priori de forme $J_{\text{prior}}(\Phi^n)$ qui mesure la différence entre l'ensemble des moments $T_{pq}(\Phi^n)$ décrivant l'intérieur de la région en évolution Φ^n et l'ensemble des moments T_{pq}^{ref} décrivant l'objet binaire de référence.

$$J_{\text{prior}}(\Phi^n) = \sum_{p,q}^{p,q < \eta} H_{pq}(\sigma)^2 \cdot (T_{pq}(\Phi^n) - T_{pq}^{\text{ref}})^2 \quad (\text{VIII.5})$$

avec :

$$H_{pq}(\sigma) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} \exp\left(-\frac{(p+q)^2}{2\sigma^2}\right) \quad (\text{VIII.6})$$

$H_{pq}(\sigma)$ est un terme de pondération qui accorde plus d'importance aux erreurs quadratiques commises sur les moments d'ordre faible (liés à la forme globale) que sur les moments d'ordre élevé (liés aux détails). σ est un hyper-paramètre qui permet de prendre plus ou moins en compte les moments d'ordre élevé.

2.3 Variation de l'énergie d'a priori de forme

Pour déterminer la variation d'énergie $\Delta J_{prior}(\tilde{\Phi}_x^n)$, nous procédons comme dans Chap.VII §3.2.4 p. 106. Etant donnée l'énergie $J(\Phi^n)$ à l'itération n , nous évaluons l'énergie $J(\tilde{\Phi}^n)$ qui résulterait d'un changement d'état d'un voxel candidat \mathbf{v} . Pour alléger l'écriture, nous notons $T_{pq}^n = T_{pq}(\Phi^n)$.

$$J_{prior}(\tilde{\Phi}^n) = \sum_{p,q}^{p+q \leq \eta} H_{pq}(\sigma)^2 \cdot \left(T_{pq}^n + (1 - 2\Phi_{\mathbf{v}}^n) R_{\mathbf{v}} - T_{pq}^{ref} \right)^2 \quad (\text{VIII.7})$$

avec :

$$R_{\mathbf{v}} = C_{pq} t_{p,N}(u_1) t_{q,N}(u_2)$$

La variation d'énergie au pixel \mathbf{v} est donc égale à :

$$\Delta J_{prior}(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n) = (1 - 2\Phi_{\mathbf{v}}^n) \sum_{p,q}^{p,q \leq \eta} H_{pq}(\sigma)^2 \cdot \left(2T_{pq}^n R_{\mathbf{v}} + (1 - 2\Phi_{\mathbf{v}}^n) R_{\mathbf{v}}^2 - 2T_{pq}^{ref} R_{\mathbf{v}} \right) \quad (\text{VIII.8})$$

2.4 Energie totale

Comme la segmentation dépend à la fois des niveaux de gris de l'image et de l'a priori de forme donné par le modèle de référence, une énergie mixte $J_T(\Phi_x)$ doit être introduite dans VRG :

$$J_T(\Phi_x) = J_I(\Phi_x) + \alpha * J_{prior}(\Phi_x) \quad (\text{VIII.9})$$

avec $J_I(\Phi_x)$ l'énergie dérivée de [Chan, 2001] et présentée dans l'équation (VII.34) et $J_{prior}(\Phi_x)$ l'énergie d'a priori de forme définie dans (VIII.5). L'hyper-paramètre α équilibre l'influence de l'a priori de forme et des données image.

La variation de l'énergie totale au pixel \mathbf{v} résulte de la somme des variations de chacune des énergies :

$$\Delta J_T(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n) = \Delta J_I(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n) + \alpha * \Delta J_{prior}(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n) \quad (\text{VIII.10})$$

avec $\Delta J_{prior}(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n)$ exprimée dans (VIII.8) et $\Delta J_I(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n)$ dans (VII.35).

3. ENERGIE BASEE SUR UNE CARACTERISTIQUE DE FORME

L'énergie basée sur une caractéristique de forme est définie par une fonctionnelle qui prend en compte des informations sur la géométrie de la structure à détecter. Par exemple, la structure de l'objet peut être essentiellement tubulaire. Dans [Pacureanu, 2010], nous avons proposé d'introduire dans la fonctionnelle d'énergie des informations sur le caractère filiforme d'un objet, afin d'améliorer la propagation de la croissance de région dans les structures tubulaires. L'évaluation du caractère longiligne est obtenue par un filtrage classique basé sur la matrice hessienne [Frangi, 1998; Sato, 1998] ou par une version améliorée reposant sur un filtrage non linéaire [Pacureanu, 2009]. Ce filtre peut être ajusté pour rehausser les structures tubulaires d'une taille particulière. La fonctionnelle d'énergie $J_{FS}(\Phi_{\mathbf{x}})$ combine l'information d'intensité $f(\mathbf{x})$ dans l'image originale et l'information sur le caractère tubulaire $v(\mathbf{x})$. Chaque terme de cette énergie est pondérée par la probabilité que le voxel \mathbf{x} considéré appartienne à une structure tubulaire, autrement dit par la valeur de $v(\mathbf{x})$:

$$J_{FS}(\Phi_{\mathbf{x}}) = J_f(\Phi_{\mathbf{x}}) + J_v(\Phi_{\mathbf{x}}) \quad (\text{VIII.11})$$

où :

$$J_v(\Phi_{\mathbf{x}}) = \sum_{\mathbf{x}} v(\mathbf{x}) \left| v(\mathbf{x}) - \mu_{v_{in}} \right|^2 \Phi_{\mathbf{x}} + \sum_{\mathbf{x}} v(\mathbf{x}) \left| v(\mathbf{x}) - \mu_{v_{out}} \right|^2 (1 - \Phi_{\mathbf{x}}) \quad (\text{VIII.12})$$

$$J_f(\Phi_{\mathbf{x}}) = \sum_{\mathbf{x}} (1 - v(\mathbf{x})) \left| f(\mathbf{x}) - \mu_{f_{in}} \right|^2 \Phi_{\mathbf{x}} + \sum_{\mathbf{x}} (1 - v(\mathbf{x})) \left| f(\mathbf{x}) - \mu_{f_{out}} \right|^2 (1 - \Phi_{\mathbf{x}}) \quad (\text{VIII.13})$$

avec : $\mu_{v_{in}}, \mu_{v_{out}}$ les valeurs moyennes de $v(\mathbf{x})$ dans les domaines Ω_{in} et Ω_{out} de l'image filtrée.

$\mu_{f_{in}}, \mu_{f_{out}}$ les valeurs moyennes de $f(\mathbf{x})$ dans les domaines Ω_{in} et Ω_{out} de l'image originale.

La variation de l'énergie $\Delta J_{FS}(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n)$ au voxel \mathbf{v} s'exprime de la manière suivante:

$$\Delta J_{FS}(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n) = (1 - 2\Phi_{\mathbf{v}}^n) (k_v(J_v) + k_v(J_f)) \quad (\text{VIII.14})$$

avec:

$$k_v(J_v) = v(\mathbf{v}) \left(\left| v(\mathbf{v}) - \mu_{v_{in}} \right|^2 - \left| v(\mathbf{v}) - \mu_{v_{out}} \right|^2 \right) \quad (\text{VIII.15})$$

$$k_v(J_f) = (1 - v(\mathbf{v})) \left(\left| f(\mathbf{v}) - \mu_{f_{in}} \right|^2 - \left| f(\mathbf{v}) - \mu_{f_{out}} \right|^2 \right) \quad (\text{VIII.16})$$

$v(\mathbf{v}) \in [0, 1]$ peut s'interpréter comme une mesure de probabilité que le voxel \mathbf{v} appartienne à une structure tubulaire. D'après (VIII.14), quand \mathbf{v} appartient à une structure tubulaire, $v(\mathbf{v})$ est proche de 1 ; par conséquent, le terme $k_v(J_v)$ basé sur le caractère tubulaire est prépondérant dans l'équation (VIII.14). Si \mathbf{v} appartient à l'arrière-plan ou à une structure non tubulaire, $v(\mathbf{v})$ est proche de 0 et c'est le terme $k_v(J_f)$ qui devient prépondérant : la variation d'énergie repose principalement sur la fonction intensité.

4. ILLUSTRATION DE L'APPORT DE L'A PRIORI DE FORME

4.1 Croissance de région variationnelle avec une énergie basée modèle (VRG_{J_T})

Dans [Rose, 2009a], nous avons testé VRG_{J_T} une croissance de région variationnelle pilotée par l'énergie $J_T(\Phi_x)$ présentée dans l'équation (VIII.9) section §2.4. L'image initiale Figure VIII. 1a est une image réelle constituée d'un lapin partiellement obstrué sur un arrière-plan encombré. Le modèle de forme de référence utilisé pour l'énergie d'a priori de forme est affiché dans Figure VIII. 1b. Nous avons fait varier l'hyper-paramètre α selon trois valeurs. Les régions segmentées résultantes sont mises en évidence par leur contour. Dans Figure VIII. 1c, la valeur de α est égale à 0, l'énergie totale $J_T(\Phi_x)$ ne prend pas en compte l'énergie d'a priori de forme $J_{prior}(\Phi^n)$. La croissance de région est seulement pilotée par l'énergie $J_I(\Phi_x)$ calculée à partir des niveaux de gris. Pour les deux autres résultats, $J_{prior}(\Phi^n)$ a été déterminée en utilisant les moments de Chebyshev jusqu'à l'ordre 40 et avec $\sigma = 1.5$ et son effet dans la croissance région varie en fonction des valeurs de α . Pour $\alpha = 250$, le résultat montre une influence partagée entre $J_{prior}(\Phi^n)$ et $J_I(\Phi_x)$ dans Figure VIII. 1d alors que pour $\alpha = 500$, $J_{prior}(\Phi^n)$ devient prédominante, la segmentation ne tient pas compte des données image Figure VIII. 1e.

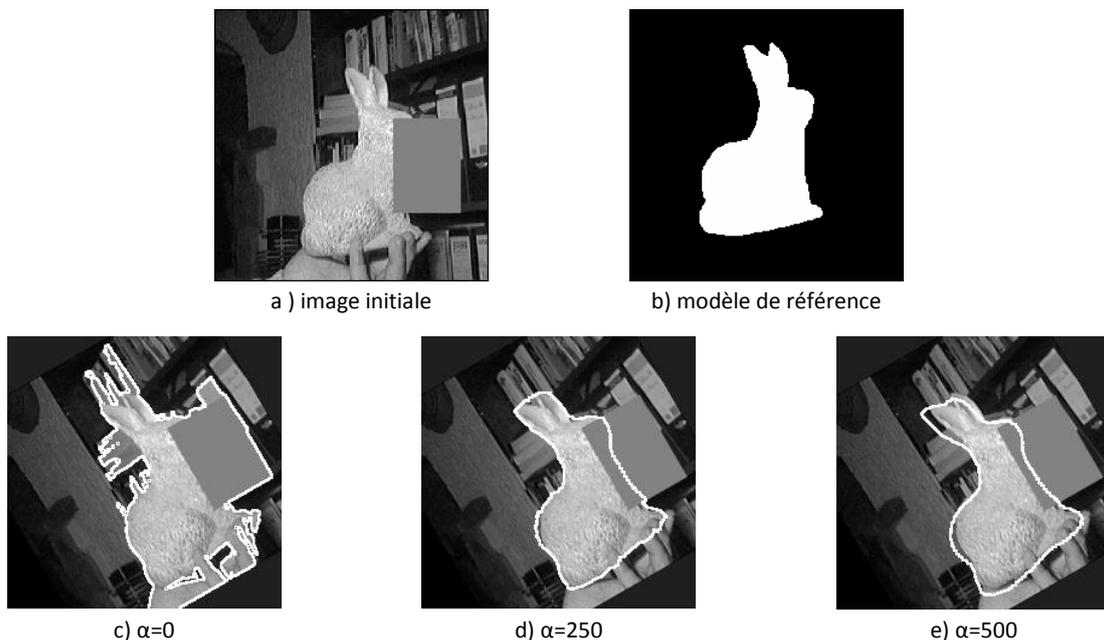


Figure VIII. 1: Influence de l'a priori de forme dans VRG_{J_T} : a) image initiale; b) forme de référence; c,d,e) résultats des segmentations par VRG_{J_T} pour 3 valeurs de α .

Par cet exemple, nous avons illustré l'apport de notre contrainte de forme dans la croissance de région pour la suppression des points de fuite et des occlusions.

4.2 Croissance de région variationnelle avec une énergie basée sur une caractéristique de forme (VRG_ J_{FS})

Dans [Pacureanu, 2010], nous avons testé VRG_ J_{FS} une croissance de région variationnelle pilotée par l'énergie $J_{FS}(\Phi_x)$ présentée dans l'équation (VIII.11) section §3. Comme l'application visée est la segmentation du réseau lacuno-canaliculaire dans le tissu osseux à partir d'images SR μ CT (cf. §5.2), nous avons synthétisé une image 3D de test possédant des propriétés statistiques et géométriques similaire à ces images. L'image synthétique modélise des lacunes interconnectées par des canalicules dont les tailles et les niveaux de gris correspondent aux observations faites sur les images expérimentales. Elle est constituée de canalicules dont le diamètre est de un à trois voxels et le niveau de gris est égal à 150, les lacunes ont un niveau de gris égal à 200 tandis que celui de l'arrière-plan est égal à 100. Quelques discontinuités ont également été créées au niveau des structures tubulaires (Figure VIII. 2a). Pour l'image de test finale, des perturbations ont été ajoutées à l'image synthétique sous la forme d'un bruit gaussien de moyenne nulle et d'écart-type égal à 25, semblable au bruit estimé à partir des données réelles (Figure VIII. 2b).

Dans l'algorithme VRG_ J_{FS} , l'information sur le caractère tubulaire $\nu(\mathbf{x})$ est fournie par un filtrage de [Frangi, 1998] dont les paramètres ont été expérimentalement ajustés. Nous appelons VRG_ J_I une croissance variationnelle sans a priori de forme pilotée par l'énergie $J_I(\Phi_x)$ basée uniquement sur les niveaux de gris (VII.34). Nous avons comparé les segmentations obtenues par VRG_ J_{FS} et par VRG_ J_I . Le résultat de VRG_ J_{FS} dans Figure VIII. 2d est visuellement meilleur que celui de VRG_ J_I dans Figure VIII. 2c : les canalicules sont mieux segmentées et leur connectivité mieux préservée (cf. régions mises en évidence par les ellipses rouges). Par ailleurs, l'évaluation quantitative de ces résultats a confirmé la supériorité de VRG_ J_{FS} puisqu'un taux de 70% de pixels correctement segmentés dans les canalicules a été atteint par VRG_ J_{FS} , contre un taux de 51% par VRG_ J_I selon le critère de Dice.

Même si la surface des canalicules manque de régularité, la structure extraite par VRG_ J_{FS} fournit un point de départ tout à fait exploitable par des méthodes d'amincissement/squelettisation, nécessaires à une analyse topologique plus fine du réseau : l'important étant que la connectivité soit préservée.

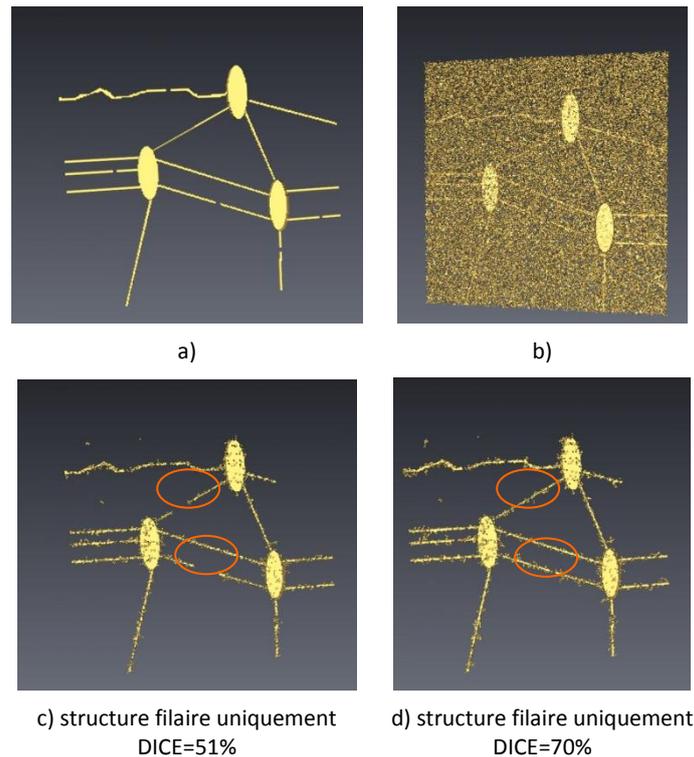


Figure VIII. 2: Segmentations avec et sans a priori de forme. Affichés avec un rendu surfacique: a) image synthétique; b) image de test; c) résultat de VRG_J₁; d) résultat de VRG_J_{FS}.

Par cet exemple, nous avons montré l'intérêt de prendre en compte le caractère tubulaire des structures dans l'énergie à minimiser. L'algorithme VRG_J_{FS} s'est avéré performant pour extraire des objets filiformes et maintenir leur connectivité, même à partir de données fortement bruitées. Dans une étude plus approfondie, VRG_J_{FS} a été comparé à une méthode de segmentation par ensembles de niveau (LS) [Malladi, 1995; Pacureanu, 2011b] à partir de la même image de test. LS atteint des performances similaires à VRG_J_{FS} vis-à-vis de du critère de Dice, mais son taux d'erreur de connectivité est près de 20 fois plus élevé (11% pour VRG_J_{FS} et 218% pour LS). Ces résultats sont détaillés dans un article prochainement soumis à la revue *Pattern Recognition*.

5. APPLICATIONS A L'IMAGERIE BIOMEDICALE

Dans cette section, nous appliquons les méthodes précédemment présentées, dans le contexte de l'imagerie biomédicale, pour segmenter des images de micro-tomographie à rayons X du petit animal (μ CT) et des images très haute résolution obtenues à partir du rayonnement synchrotron (SR μ CT).

Les images biomédicales sont souvent difficiles à segmenter en raison de la présence d'artefacts et du faible rapport signal à bruit des niveaux de gris. Il est fréquent que les méthodes de segmentation reposant uniquement sur un critère d'homogénéité ne parviennent pas à retrouver un objet d'intérêt. La croissance de région variationnelle par sa capacité à intégrer de l'a priori de forme dans sa fonctionnelle d'énergie offre une solution pertinente aux verrous rencontrés. Dans la suite,

nous ne présentons pas d'études approfondies pour évaluer la précision des résultats, nous voulons seulement illustrer que VRG peut répondre positivement aux besoins spécifiques d'une application si sa fonctionnelle d'énergie est judicieusement choisie, notamment en combinant à la fois l'information des niveaux de gris et l'a priori de forme.

5.1 Segmentation de reins de souris à partir d'images μ CT à rayons X

5.1.1 Contexte

Nos travaux ont été appliqués dans le contexte de l'imagerie du petit animal, pour une étude de phénotypage relative au volume rénal des souris. Les images 3D μ CT à rayons X de reins de souris ont été acquises par la plateforme « Animage » (CERMEP, Lyon). L'expérience a été réalisée sur des souris femelles et mâles (Balb / c). Nous avons testé notre algorithme sur huit images *in vivo* des reins gauche et droit de souris, acquises après injection d'un produit de contraste iodé. Les images ont une résolution isotrope de 35 μ m avec des voxels codés sur 8 bits. La taille de la région d'intérêt est de 220x180x490 voxels pour un volume de 7,7x6,3x17,2 mm³ soit environ 830 mm³.

5.1.2 Résultats

Nous avons appliqué VRG_ J_T (cf.§4.1 p.121) pour segmenter les reins de souris [Rose, 2009a]. Une segmentation manuelle a été effectuée par un expert pour produire le modèle 3D de référence. L'exemple affiché dans Figure VIII. 3 correspond à un volume pris aléatoirement dans le jeu de données. Une coupe de l'image initiale est affichée dans Figure VIII. 3a. Nous pouvons comparer visuellement le résultat de la segmentation obtenue avec VRG_ J_T sans a priori de forme ($\alpha=0$: Figure VIII. 3b, Figure VIII. 3d) et avec a priori de forme ($\alpha=200$: Figure VIII. 3c, Figure VIII. 3e). La segmentation sans a priori de forme ne parvient pas extraire correctement le rein en raison des fortes inhomogénéités de l'image. La région extraite s'est propagée suivant des points de fuite. La prise en compte de la contrainte de forme a été ajustée via l'hyper-paramètre α : le meilleur compromis entre $J_{prior}(\Phi_x)$ and $J_l(\Phi_x)$ a été trouvé pour $\alpha=200$. Dans ce cas, la surface du rein est plus régulière et ne présente pas de fuite.

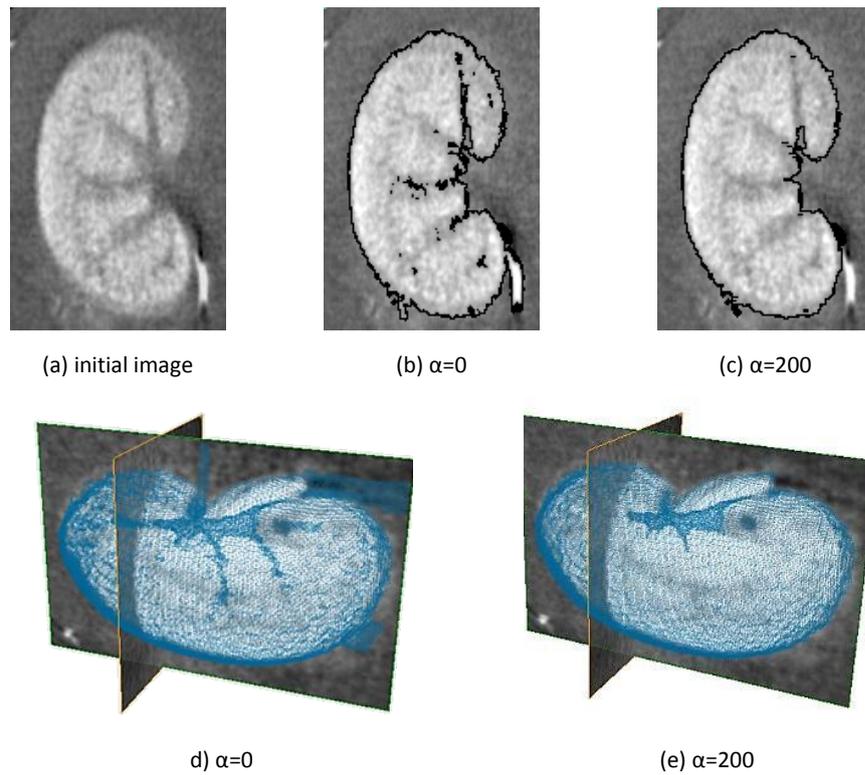


Figure VIII. 3: Segmentation d'une image 3D μ CT par VRG_{J_T} : (a) coupe de l'image initiale, (b, d) résultat de VRG_{J_T} sans a priori de forme, (c, e) résultat de VRG_{J_T} avec priori de forme.

Du point de vue quantitatif, la segmentation de VRG_{J_T} a permis la détermination des volumes des quatre reins gauches et des quatre reins droits. Les résultats sont cohérents avec des mesures réalisées rapidement à la main (détourage manuel sur quelques coupes suivi d'une interpolation). Nous déplorons cependant que l'étude n'ait pas été poursuivie : un nombre d'acquisitions plus important et un ensemble d'exams détourés manuellement avec plus de précision auraient permis une évaluation plus significative de VRG_{J_T} .

	Reins gauches	Reins droits
Segmentation par VRG_{J_T}	$\mu = 214\text{mm}^3$ $\sigma=10$	$\mu = 210\text{mm}^3$ $\sigma=5$
Segmentation manuelle	$\mu = 195\text{mm}^3$ $\sigma=9.5$	$\mu = 202\text{mm}^3$ $\sigma=16$

Tableau VIII. 1: Mesures du volume rénal pour les reins gauches et droits de souris.

5.2 Segmentation du réseau lacuno-canaliculaire dans un tissu osseux à partir d'images SR μ CT

5.2.1 Contexte

Les récents progrès en micro-tomographie par rayonnement synchrotron (SR μ CT) ouvre de nouvelles opportunités pour imager en 3D les tissus biologiques à l'échelle sub-micrométrique. A l'ESRF (European Synchrotron Radiation Facility), il est possible d'acquérir des images μ -CT avec une taille de voxel pouvant atteindre 0.28 μm [Peyrin, 1998; Salome, 1999; Pacureau, 2011a; Pacureau, 2012b].

Dans le contexte de l'ostéoporose, le réseau lacuno-canaliculaire du tissu osseux est actuellement l'objet d'intenses recherches, car il a été prouvé que son rôle était essentiel dans le remodelage osseux, et donc dans la qualité des tissus. Dans ce réseau, les lacunes accueillant les ostéocytes sont reliées par l'intermédiaire de minces canalicules mesurant environ 300 à 600 nanomètres de diamètre.

On trouve dans la littérature quelques méthodes spécifiques pour segmenter des structures filamenteuses 2D en imagerie microscopique [Aubert, 2007; Sandberg, 2007], mais l'extraction 3D de telles structures reste un problème ouvert. Dans [Pacureau, 2010], nous avons proposé une méthode tridimensionnelle pour segmenter la structure osseuse lacuno-canaliculaire basée sur la croissance de région variationnelle (VRG $_{J_{FS}}$). L'extraction de cette structure est particulièrement ardue en raison de la très faible taille des canalicules (1 à 2 voxels de diamètre) engendrant des effets de volume partiel, une sensibilité au bruit et un faible contraste. Par ailleurs, la forte densité des canalicules augmente le risque de créer de fausses jonctions ou d'unifier deux structures parallèles. Notre approche qui introduit de l'a priori de forme dans l'énergie à minimiser a permis de répondre positivement aux besoins de cette application.

5.2.2 Résultats

VRG $_{J_{FS}}$ piloté par l'énergie $J_{FS}(\Phi_x)$ (cf. §4.2 p. 122) a été appliqué pour segmenter les données expérimentales obtenues à partir des images SR μ CT très haute résolution (0.28 μm) représentant la structure 3D lacuno-canaliculaire dans le tissu osseux d'un fémur humain. Comme nous pouvons le voir dans Figure VIII. 4, la principale difficulté provient de la finesse et de la densité des canalicules. Figure VIII. 4a montre un sous volume original de taille 800x500x100 voxels. Figure VIII. 4b affiche le résultat de la segmentation réalisée par VRG $_{J_{FS}}$: l'algorithme a réussi à segmenter le réseau complexe formé par les lacunes reliées entre elles par les canalicules. VRG $_{J_{FS}}$ est la première méthode de segmentation qui a permis l'extraction du réseau lacuno-canaliculaire en 3D à partir de l'imagerie SR μ CT. Contrairement à la segmentation par ensembles de niveau, elle permet d'assurer une bonne connectivité au niveau des canalicules.

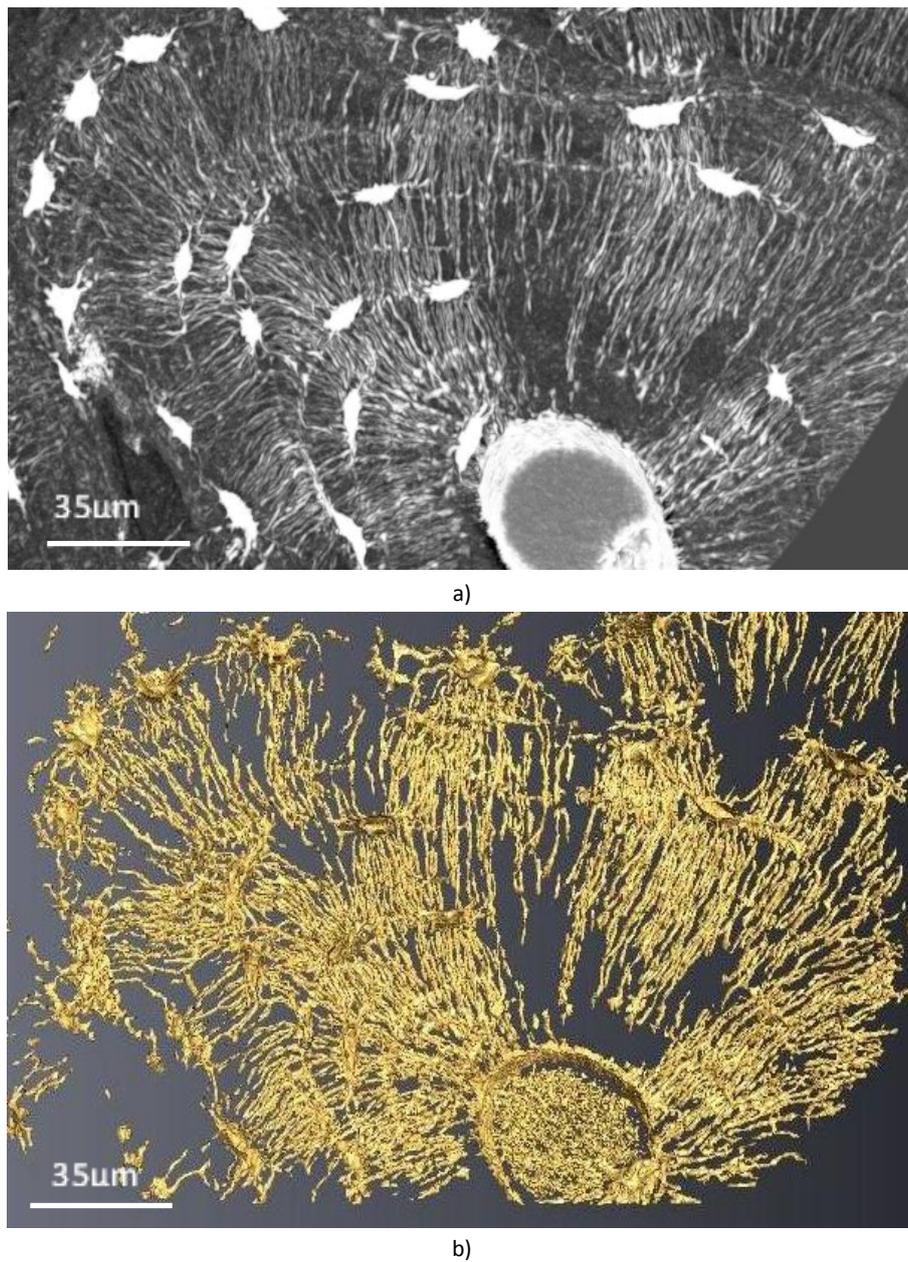


Figure VIII. 4: Segmentation d'une image SR μ CT représentant le système lacuno-canaliculaire dans un échantillon d'os de fémur humain (largeur de l'image = 224 μ m): a) rendu MIP du volume original (inversé); b) image segmentée avec VRG_ J_{FS} basé sur l'énergie $J_{FS}(\Phi_x)$.

6. BILAN ET PERSPECTIVES

Dans ce chapitre, j'ai présenté deux solutions pour prendre en compte de l'a priori de forme dans la croissance de région. Dans les deux cas, l'intégration de la contrainte de forme a été possible grâce au formalisme VRG qui décrit la croissance de région comme un processus de minimisation d'énergie. Deux types d'énergie ont été proposés : i) la première est calculée à partir des descripteurs d'un modèle de référence [Rose, 2009a], ii) la seconde s'appuie sur des caractéristiques de forme évaluées en chaque voxel [Pacureanu, 2010; Revol-Muller, 2012d]. Les croissances de

région résultantes ont l'avantage d'être facilement mises en œuvre, de converger sans avoir à régler de paramètres pour limiter la propagation de la région et enfin de ne plus être sensibles ni aux points de fuite et ni aux objets obstrués. J'ai terminé ce chapitre par l'application de nos méthodes au sein de deux projets d'imagerie biomédicale et j'ai montré que malgré son apparente simplicité, la croissance de région peut s'avérer une solution efficace pour répondre aux besoins de l'imagerie du vivant.

Notons que ces travaux ont été récemment étayés par J.C. Prieto dans le cadre de sa thèse commencée en septembre 2010, et plus particulièrement lors de sa participation au challenge VESSEL'12 de la conférence ISBI (International Symposium on Biomedical Imaging). La croissance de région basée sur l'énergie de forme tubulaire a été exploitée pour segmenter l'arbre vasculaire pulmonaire chez l'humain à partir d'images CT. Ce travail a été mené en collaboration avec l'Université des Andes (Colombie, Bogota) via le programme franco-colombien ECOS-Nord Committee (action C03S02) [Prieto, 2012b; Prieto, 2012c].

7. BIBLIOGRAPHIE PERSONNELLE DU CHAPITRE

[Prieto, 2012b] J. C. Prieto, C. Pérez Romanello, V. Pérez Romanello, **C. Revol-Muller**, C. Odet, M. Orkisz, and M. Hernández Hoyos, "Segmentación del árbol vascular pulmonar", Conferencia Latinoamericana en Informática (CLEI), Medellín, Colombia, 6 pages, 10/2012b.

[Prieto, 2012c] J. C. Prieto, **C. Revol-Muller**, C. Odet, M. Orkisz, and M. Hernández Hoyos, "CreaLungs: a variational region growing method to segment pulmonary vascular trees", ISBI VESSEL12 Challenge, Barcelona, Spain, 2 pages, 05/2012c.

[Revol-Muller, 2012c] **C. Revol-Muller**, T. Grenier, J. L. Rose, A. Pacureanu, F. Peyrin, and C. Odet, "Region Growing: When Simplicity Meets Theory. Region growing revisited in feature space and variational framework", Lecture Notes Series of Communications in Computer and Information Science (CCIS), Springer-Verlag, 20 pages, 2012c.

[Revol-Muller, 2012b] **C. Revol-Muller**, T. Grenier, J. L. Rose, A. Pacureanu, F. Peyrin, and C. Odet, "Region Growing: Adolescence and adulthood ;Two visions of region growing: in feature space and variational framework", VISAPP 2012. International Conference on Computer Vision Theory and Applications, Rome, Italy, pp. 286-297, 02/12, 2012b.

[Revol-Muller, 2012a] **C. Revol-Muller**, T. Grenier, T. Li, and H. Benoit-Cattin, "Feature Space Region Growing", International Conference on Image Processing, ICIP'12, Orlando, Florida, USA, 4 pages, 2012a.

[Revol-Muller, 12d] **C. Revol-Muller**, J. L. Rose, A. Pacureanu, F. Peyrin, and C. Odet, "Shape Prior in Variational Region Growing", International Conference on Image Processing Theory, Tools and Applications, IPTA'12, Istanbul, Turquie, 5 pages, 2012d.

[Pacureanu , 2012a] Pacureanu, A., "Imaging the bone cell network with nanoscale synchrotron computed tomography," Institut National des Sciences Appliquées de Lyon 2012a. Thèse codirigée avec F. Peyrin.

[Pacureanu , 2012b] Pacureanu, A., Langer, M., **Revol-Muller**, C., and Peyrin, F., "Imaging of the bone cell network with nanoscale synchrotron radiation computed tomography," in SSBA 2012, Symposium on Image Analysis Stockholm, Sweden, 2012b.

[Pacureanu, 2011a] A. Pacureanu, M. Langer, P. Dong, **C. Revol-Muller**, V. Buzuloiu, and F. Peyrin, "Imagerie microscopique 3D du réseau lacuno-canaliculaire dans l'os humain", GRETSI, Bordeaux, 4 pages, 2011a.

[Pacureanu , 2011b] A. Pacureanu, J. Rollet, **C. Revol-Muller**, V. Buzuloiu, M. Langer, and F. Peyrin, "Segmentation of 3d cellular networks from sr-micro-ct images", International Symposium on Biomedical Imaging, Chicago, USA, 4 pages, 2011b.

[Pacureanu , 2010] A. Pacureanu, **C. Revol-Muller**, J. L. Rose, M. Sanchez-Ruiz, and F. Peyrin, "A Vesselness-guided Variational Segmentation of Cellular Networks from 3D Micro-CT", IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI'10), Rotterdam, Netherlands, pp. 912-915, 06/2010 .

[Pacureanu , 2009a] A. Pacureanu, A. Larrue, Z. Peter, **C. Revol-Muller**, V. Buzuloiu, and F. Peyrin, "Filtrage 3D non-linéaire pour la détection de microstructures biologiques à l'échelle nanométrique", XXIIe Colloque GRETSI - Traitement du Signal et des Images (GRETSI'09), Dijon, France, pp. in-press, September, 4 pages, 2009a.

[Rose, 2009a] J. L. Rose, **C. Revol-Muller**, D. Charpigny, and C. Odet, "Shape prior criterion based on Tchebichef moments in variational region growing", IEEE International Conference on Image Processing ICIP'09, Cairo, Egypt, 4 pages, November, 2009a.

[Rose, 2008a] Rose, J. L., "Croissance de région variationnelle et contraintes géométriques tridimensionnelles pour la segmentation d'image," Institut National des Sciences Appliquées de Lyon, 2008a. Thèse codirigée avec C. Odet.

[Rose, 2008b] J. L. Rose, **C. Revol-Muller**, J. B. Langlois, M. Janier, and C. Odet, "3D region growing integrating adaptive shape prior", Biomedical Imaging: From Nano to Macro, 2008. ISBI 2008. 5th IEEE International Symposium on, Paris, France, pp. 967-970, May, 2008b .

[Rose, 2007] J. L. Rose, **C. Revol-Muller**, M. Almajdub, E. Chereul, and C. Odet, "Shape Prior Integrated in an Automated 3D Region Growing method", IEEE International Conference on Image Processing ICIP'07, San Antonio, USA, pp. 53-56, September, 2007.

Chapitre IX

CONCLUSION DE LA DEUXIEME PARTIE

Cette deuxième partie a présenté nos principales contributions en segmentation et plus particulièrement en croissance de région.

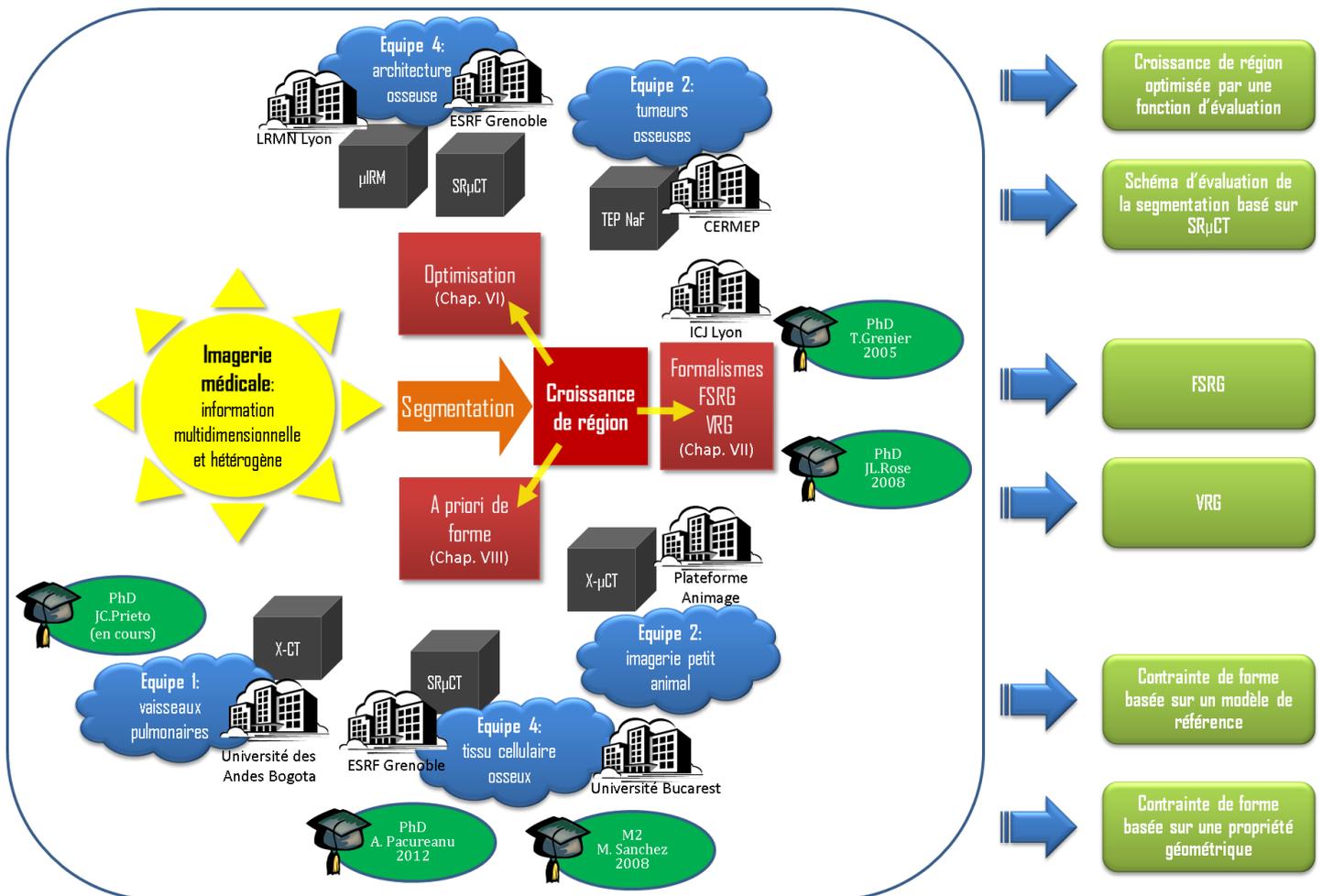


Figure IX. 1: Synthèse de nos contributions méthodologiques présentées dans la Partie 2.

Une de mes motivations durant cette décennie a été d'offrir à la communauté de nouvelles méthodes de segmentation pour faciliter les études quantitatives menées à partir des images médicales et biomédicales. J'ai le sentiment d'avoir rempli mes objectifs car comme le montre Figure IX. 1, nos contributions ont rayonné vers diverses équipes et applications telles que l'imagerie du petit animal, l'imagerie du tissu osseux ou l'imagerie vasculaire.

Les trois thématiques que nous avons explorées portent sur l'optimisation de la segmentation, l'établissement de nouveaux formalismes pour décrire la croissance de région et la prise en compte de l'a priori de forme dans la croissance de région.

La segmentation est intimement liée au problème d'évaluation, et ce à deux niveaux : dans le processus d'optimisation de ses paramètres et dans l'estimation de la précision de ses résultats. Nous avons exploré des critères mesurant soit l'homogénéité des régions, soit le niveau de contraste des frontières séparant les objets, afin d'automatiser le réglage d'hyper-paramètres dans une croissance de région. Cette approche a été utile pour segmenter automatiquement de l'os trabéculaire dans des images μ IRM. Ces travaux nous ont fait réaliser l'importance d'intégrer le processus d'optimisation au cœur même du processus d'évolution de la région.

Nous avons proposé un schéma d'évaluation d'une méthode de segmentation en prenant comme référence l'imagerie par rayonnement synchrotron. Ce dispositif a permis d'une part de valider les résultats de notre algorithme de croissance de région et d'autre part de démontrer la potentialité de l'IRM en tant qu'imagerie quantitative de l'architecture osseuse. Bien que ce schéma d'évaluation soit séduisant, il ne s'applique qu'à un nombre limité d'études en raison des problèmes de dose et du champ de vue très limité de l'imagerie SR μ CT. Pouvoir disposer de la vérité terrain est un enjeu de première importance pour le spécialiste en traitement d'image. Le développement des simulateurs d'images et leur mise à disposition via la plate-forme VIP [Glatard, 2012] sont des projets qui visent à répondre à ce besoin. Cependant, le réalisme des images simulées est directement lié au réalisme de l'objet virtuel fourni aux simulateurs.

Nos deux formalismes FSRG et VRG reposant respectivement sur l'espace des caractéristiques et sur l'approche variationnelle offrent de nouveaux horizons à la croissance de région tels que la possibilité d'opérer sur des données multidimensionnelles, spécifier facilement une segmentation adaptative ou d'intégrer de l'a priori de forme. Deux solutions ont été préconisées pour prendre en compte une contrainte de forme au moyen de fonctionnelles d'énergie suivant le type d'a priori disponible. Nos travaux sur l'extraction de formes tubulaires vont se poursuivre à travers notre collaboration avec M. Hernández Hoyos de l'université de Bogota, pour segmenter l'arbre vasculaire pulmonaire chez l'humain. La sélection de notre équipe franco-colombienne au challenge VESSEL'12 de la conférence ISBI a renforcé les liens qui s'étaient déjà établis via le programme franco-colombien ECOS-Nord Committee (action C03S02). Pour finir, une publication en collaboration avec le LIRIS, laboratoire d'accueil de J.L. Rose pendant ses années post-doctorales, a été soumise à *IEEE Transactions on Image Processing* concernant une méthode d'optimisation locale d'énergie discrète pour la segmentation multi régions et une étude comparative sur des méthodes de segmentation appliquées aux images SR μ CT du réseau lacuno-canaliculaire est en préparation pour *Pattern Recognition*.

Troisième partie

Synthèse des activités

Chapitre X : Curriculum vitae

Chapitre XI : Synthèse des activités de recherche

Chapitre XII : Synthèse des activités d'enseignement

Chapitre XIII : Responsabilités collectives et administratives

Chapitre X

CURRICULUM VITAE

Chantal REVOL-MULLER

Née le 11 février 1970 à Bourgoin Jallieu (38).

Nationalité : Française.

Mariée, 3 enfants.

Coordonnées professionnelles

CREATIS CNRS UMR 5220, Inserm U1044,
Univ. Lyon1, INSA Lyon
Bât. B. Pascal

69621 Villeurbanne cedex, France

Tél : 04.72.43.81.91 Fax : 04.72.43.63.12

Email : chantal.muller@creatis.insa-lyon.fr

<http://www.creatis.insa-lyon.fr/~muller>

Statut actuel

Maître de conférences INSA Lyon, CNU Section 61, depuis le 1^{er} Septembre 2000.

- Laboratoire CREATIS CNRS UMR 5220, Inserm U1044, Univ. Lyon1, INSA Lyon .

- Département Télécommunications, Services & Usages, INSA Lyon.

Statuts précédents

- | | |
|-----------|--|
| 1999-2000 | ATER, IUT Valence, Département Informatique, Option Informatique des Systèmes Industriels, Université Grenoble II. |
| 1998-1999 | ATER, INSA Lyon, Dpt. Génie Electrique. |
| 1993-1996 | Doctorant allocataire de recherche (MENSUR), Moniteur Université de Saint Etienne. |

Diplômes

1996 : **Thèse de Doctorat**, Université de Saint-Etienne, Spécialité Image, obtenue le 25 novembre 1996 avec mention très honorable. Président : M. Druetta. Rapporteurs : P. Bonton, P. Bolon. « *Méthodes de segmentation bidimensionnelles et tridimensionnelles appliquées à l'imagerie odontologique et biomédicale* ».

1993 : **DEA Image**, Université de Saint-Etienne, mention Bien. « *Reconnaissance de formes en mouvement sur un convoyeur industriel* ».

1993 : **Ingénieur en Physique-Electronique** à l'ICPI (Institut de Chimie et Physiques Industrielles de Lyon, 69). Option Traitement d'image.

Domaines de recherche

- **Segmentation d'images** : croissance de région, évaluation, approche variationnelle, a priori de forme.
- **Fusion de données** : théorie de l'évidence, systèmes d'aide à la décision.
- **Filtrage** : espace des caractéristiques, filtrage adaptatif et multidimensionnel, approche Mean Shift.
- **Imagerie osseuse** : quantification de l'architecture osseuse, segmentation du réseau lacuno-canaliculaire.

Publications

- 7 publications dans des revues internationales.
- 32 communications dans des conférences internationales à comité de lecture.
- 1 communication dans une conférence nationale à comité de lecture.

Encadrement de jeunes chercheurs

- 3 thèses soutenues en 2005, 2008 et 2012.
- 1 thèse en cours.
- 12 encadrements de DEA et Master.

Collaborations nationales et internationales

- Université Polytechnique de Bucarest, Roumanie (depuis 2009)
- Université des Andes, Bogota, Colombie (depuis 2010)
- NHLI, Imperial College London, Royaume Uni (depuis 2011)
- MIDAG, Université de Caroline du Nord, Chapel Hill, USA (depuis 2011)
- Institut Camille Jordan, UMR 5208 CNRS, Université de Lyon 1 (depuis 2008)
- Cermep, Lyon (depuis 2001)
- Plate-forme Animage (2001-2008)
- Laboratoire LRMN, UMR 5012 CNRS, Université de Lyon 1 (2000-2002)
- ESRF, ID19 (depuis 2000)
- LE2I, UMR 6306 CNRS, Université de Bourgogne (2005-2010)

Projets et actions contractuelles

- Projet FRM (Fondation pour la Recherche Médicale) **MICROTOMOS** (Participant):
Durée 3 ans (03/2009-03/2012),
Titre : «Three-dimensional Micro- Imaging of bone tissue at the cellular level »,
Coordonnateur : Françoise Peyrin, DR, CREATIS.
- Projet européen **EUMORPHIA** (QLG2-CT-2002-00930) (Participant):
Durée 42 mois (10/2002-03/2006),

Titre : « Understanding human molecular physiology and pathology through integrated functional genomics in the mouse model »,

Coordonnateur : Medical Research, United Kingdom.

- **ANR VIP** (ANR-09-COSI-03) (Participant) :

Durée 3 ans (2009-2012),

Titre : « Virtual Image Platform » ;

Coordonnateur : T. Glatard, CR, CREATIS.

- **GDR CNRS 2237** : Durée 4 ans (01/2000-01/2003) (Participant) :

Titre : « Imagerie et caractérisation tissulaire appliquées au domaine ostéoarticulaire »,

Coordonnateur : Pr. A. Briguët, Laboratoire de RMN, UMR 5012 CNRS, UCB Lyon.

- **GDR CNRS 720 ISIS** (Participant) :

Titre : « Information, Signal, Images et ViSion » ,

Directeur : Laure Blanc-Féraud, DR, CNRS, I3S, UMR 6070.

- **GDR 2647 CNRS/Inserm STIC Santé** (Participant) :

Directeur : Françoise Peyrin, DR, CREATIS.

Animations et responsabilités collectives

Responsabilité collective au sein de CREATIS :

Organisation des séminaires hebdomadaires de 2001 à 2007.

Représentante élue du collège B :

- au conseil de département Télécoms depuis septembre 2011.

- au conseil d'unité à CREATIS depuis mai 2011.

Enseignements

2000-2012 Dpt. Télécommunications et filières internationales (Master IMESI et Semestre IST), INSA Lyon.

Cours, TD, TP de signaux et systèmes, traitement du signal, traitement d'images, systèmes de communication, codage.

1999-2000 ATER, Dpt d'Informatique, Option Informatique des Systèmes Industriels, Université de Grenoble II.

TP informatique des systèmes industriels et électronique numérique.

1998-1999 ATER, Dpt. Génie Electrique, INSA Lyon.

Travaux pratiques d'électronique en 3^{ème} année et projets de réalisation technique .

1993-1995 Moniteur, DEUG A 1^{ère} année et DEUG B 2^{ème} année, Université de Saint Etienne.

TP, TD de sciences physiques.

Chapitre XI

SYNTHESE DES ACTIVITES DE RECHERCHE

Ci-après, je présente une brève synthèse de mes activités de recherche depuis ma thèse soutenue le 25 novembre 1996. Mes principales activités en fusion, filtrage et segmentation font l'objet des deux premières parties de ce mémoire.

1. ACTIVITES DE RECHERCHE DOCTORALES

Ma thèse est consacrée au développement de méthodes de segmentation bidimensionnelles et tridimensionnelles et à leur application en imagerie odontologique.

Méthodes par approche contour

- Etude des opérateurs de filtrage 3D (Roberts, Prewitt, Canny, etc.).
- Mise en œuvre d'une méthode de segmentation par contours actifs 2D (snake, ballon).
- **Contribution n 1 : méthode de multi-seuillage automatique**, guidée par une fonction particulière appelée « poids d'une frontière ». Ce critère évalue la qualité des frontières entre deux classes de l'image, que l'on obtiendrait par seuillage binaire à une valeur donnée. Partant du principe que plus une frontière possède un poids fort, plus il est probable qu'elle corresponde à un contour significatif (principe de Kohler), les seuils du multi-seuillage se déduisent par détection des maxima locaux de la fonction de poids.

Méthodes par approche région

- Etude des critères pouvant évaluer l'homogénéité d'une région.
- Classification multidimensionnelle

Mise œuvre de techniques issues de l'analyse des données (nuées dynamiques de Diday, classification ascendante hiérarchique de Benzécri,) capables de prendre en compte à la fois l'information des niveaux de gris et l'information spatiale des voxels.

Etude des distances pouvant combiner ces deux types d'information et des stratégies d'agrégation suivies dans la classification ascendante hiérarchique (min, max, moyenne, critère de Ward : cette stratégie devant conduire à une hiérarchie indicée vérifiant les conditions d'une ultra-métrique).

Contribution n°2 : algorithme de classification combinant nuées dynamiques multidimensionnelles et classification ascendante hiérarchique. Cette méthode consiste à effectuer une pre-

mière classification par nuées dynamiques multidimensionnelles au niveau des pixels, puis une classification ascendante hiérarchique à partir des regroupements obtenus.

- Segmentation par croissance de région

Mise en œuvre des méthodes existantes : croissance de région par simple chaînage, méthode d'Asano et Yokoya, croissance de région globale.

Contribution n°3 : croissance de région non connexe. Cette croissance de région peut remettre en cause l'agrégation des pixels à une itération donnée et les expulser à une itération suivante. S'appuyant sur des opérations morphologiques spéciales, cette méthode conduit à la segmentation de régions non nécessairement connexes [J2, Pattern Recogn. Lett., 1997], [J1, Micr. Microanal. Microstruct., 1996].

Application à l'imagerie odontologique

- Application de nos développements pour traiter des coupes sériées de scanner X ou des volumes issus d'un prototype de scanner 3D : le Morphomètre.
- Evaluation réalisée par un chirurgien dentiste dans le cadre de son doctorat: le point fort de notre méthode repose sur sa capacité à extraire la dent dans sa totalité (couronne et racine) et à dissocier correctement les racines des structures osseuses contrairement aux autres méthodes de croissance de région. Etude réalisée avec le logiciel CROC « Croissance de Région pour l'Odontologie Chirurgicale » spécifiquement développé pour la Faculté d'Odontologie de Lyon [C1, Congrès de la Société Francophone de Chirurgie Buccale'97].

2. ACTIVITÉS DE RECHERCHE POST-DOCTORALES

2.1 Contexte et vue d'ensemble

Depuis mon arrivée à CREATIS, en tant qu'ATER puis Maître de Conférences, ma recherche a eu pour objectif de développer de nouveaux algorithmes pour permettre ou faciliter l'analyse des données issues de l'imagerie du vivant. Par imagerie du vivant, j'entends l'ensemble des images médicales et biomédicales fournies par les différents systèmes d'acquisition : imageur par résonance magnétique, scanner X, échographe, caméra TEP, micro-tomographie par rayonnement synchrotron SRμCT, etc. J'aurais pu choisir de me spécialiser sur une modalité ou une application médicale particulière et développer des traitements ad-hoc, mais en tant que chercheur en traitement d'image, ce sont les aspects méthodologiques et génériques que j'ai voulu privilégier. J'ai orienté ma recherche sur des techniques capables de prendre en compte le caractère multidimensionnel et hétérogène des données. Mes actions de recherche s'articulent autour de trois axes : la fusion de données, le filtrage et la segmentation. Dans le cadre de la fusion, je me suis intéressée plus particulièrement à la théorie de Dempster Shafer ou théorie de l'évidence pour : i) développer un système modulaire d'aide au diagnostic et ii) améliorer les performances d'un système de détection de tumeurs. J'ai ensuite exploré le filtrage Mean Shift qui opère dans l'espace des caractéristiques via des paramètres d'échelle adaptés à chaque dimension, deux contributions

ont été réalisées dans le cadre de la thèse de Thomas Grenier (Grenier, décembre 2005). Enfin, j'ai poursuivi mes développements méthodologiques en segmentation, opération fondamentale et préalable à toute analyse quantitative, qui constitue l'axe majeur de ma recherche et s'apparente comme le fil rouge de mes travaux au cours de ces dernières années. Je me suis plus particulièrement focalisée sur la technique par croissance de région et j'ai cherché à résoudre ses problèmes de convergence et d'optimisation. Cette étude ne pouvait se faire sans apporter de cadres formels pour décrire le processus. Deux formalismes ont été proposés suite aux avancées apportées par les thèses de T. Grenier et J.L. Rose (Rose, décembre 2008) : i) le premier s'appuie sur les outils fournis par l'estimation non paramétrique par noyau et l'espace des caractéristiques et ii) le second repose sur une approche variationnelle. La description de la croissance de région comme un processus itératif de minimisation d'énergie a élargi considérablement les potentialités de l'algorithme. Une avancée majeure est la possibilité de prendre en compte de l'a priori de forme via la fonctionnelle d'énergie pilotant l'évolution de la région. Cette voie a été explorée dans le cadre de la thèse d'A. Pacureau en cotutelle avec l'université de Bucarest (Pacureau, janvier 2012) afin d'extraire un réseau de fines structures tubulaires présent dans le tissu osseux à l'échelle cellulaire, à partir d'images sub-micrométriques SR μ CT.

2.2 Fusion de données par la théorie de Dempster Shafer

Cette action de recherche est détaillée au Chapitre II de ce mémoire.

La fusion de données est une solution pour prendre en compte dans un processus décisionnel un ensemble d'informations provenant de sources différentes et de nature hétérogène. Je me suis intéressée à la fusion par la théorie de Dempster Shafer pour son aptitude à gérer l'incertitude qu'un utilisateur peut avoir sur les hypothèses et son ignorance s'il ne peut se prononcer sur une hypothèse en particulier. Nous avons développé un système modulaire de fusion afin de construire des architectures de fusion « à la carte ». Une architecture de fusion est définie par un ensemble de modules réalisant la conversion numérique/symbolique des paramètres d'entrée et la combinaison deux à deux des variables symboliques suivant des règles spécifiées par un expert. Le système a été appliqué pour estimer la viabilité myocardique à partir de données issues des imageries IRM et TEP [C6, conf. FIMH'01], [C5, conf. ISIF'01], [C4, conf. GRETS'01]. Dans une seconde contribution, nous avons introduit une approche floue dans la théorie de l'évidence afin d'améliorer les performances d'un système d'un système d'aide à la décision en cas de conflit entre deux classificateurs. Ce travail a été conduit dans le cadre d'un projet de Master I pour perfectionner un système d'aide à la détection de tumeurs à partir d'images TEP simulées [C24, conf. SPIE Medical Imaging'11].

2.3 Filtrage Mean Shift

Cette action de recherche est détaillée au Chapitre III de ce mémoire.

Dans le cadre de la thèse de T. Grenier (soutenue en déc. 2005), nous avons étudié un espace multidimensionnel particulier appelé espace des caractéristiques capable de représenter l'ensemble des paramètres numériques scalaires ou vectoriels associé à un élément de cet espace (e.g. coordonnées, spatiales, niveau de gris, paramètres issus de l'imagerie ultrasonore ou IRM, etc.). Pour analyser les données dans cet espace, rechercher des classes sans a priori, il est nécessaire de mettre

en œuvre des techniques d'estimation de densité de probabilité non paramétrique par noyau multivariable. Le filtrage des données repose sur une recherche de modes, i.e. maxima locaux de la densité sous-jacente, obtenus itérativement par une procédure Mean Shift qui converge sur les zéros du gradient de la densité. Le filtrage consiste à attribuer à un élément la valeur du mode vers lequel il a convergé. Nous avons défini deux nouveaux filtres Mean Shift : i) un filtre Mean Shift avec des paramètres d'échelle adaptatifs capable de prendre en compte la résolution spatiale d'un système d'acquisition [C8, conf. EUSIPCO'05], [C10, conf. GRETSI'05], et ii) un filtre multiparamétrique hybride combinant des approches « non-blurring » et « blurring » de la procédure Mean Shift [C9, EUSIPCO'05], [C11, conf. GRETSI'05], [C12, conf. ICIP'06]. Ces deux filtres ont été appliqués à des images ultrasonores simulées. Ils ont permis respectivement de corriger l'effet de variation de résolution spatiale latérale de la sonde sur des algorithmes de classification et réaliser le filtrage simultané d'un ensemble de paramètres issus du signal RF.

2.4 Evaluation et optimisation de la segmentation

Cette action de recherche est détaillée au Chapitre VI de ce mémoire.

Elle s'inscrit en partie dans la continuité de mes travaux de thèse. Une première phase des travaux vise à optimiser une croissance région paramétrique à l'aide d'une fonction d'évaluation basée sur des critères « contour » ou « région » qui doit être maximisée [C3, conf. ICIP'00], [J4, Pattern Recogn. Letters, 2002.]. Dans une seconde phase, nous avons développé un schéma d'évaluation d'images segmentées pouvant répondre à plusieurs besoins : régler les paramètres d'un algorithme de segmentation pour une application donnée, comparer les performances de plusieurs algorithmes de segmentation, voire même mesurer l'influence des paramètres d'acquisition IRM et des artefacts associés sur le résultat d'une segmentation. Ce schéma s'appuie sur une imagerie de référence fournie par la micro-tomographie par le rayonnement synchrotron [C2, conf. NSS MIC'00], [J3, IEEE Trans Nuclear Sciences, 2002.], [I1, conf. Big Sur Symposium'00], [O1, chapitre de livre 2001]. L'ensemble de ces développements a été appliqué dans le cadre d'une évaluation de l'IRM en tant qu'imagerie quantitative de l'architecture osseuse.

2.5 Formalismes pour la croissance de région

Cette action de recherche est détaillée au Chapitre VII de ce mémoire.

Les objectifs principaux de cette recherche sont d'exprimer la croissance de région dans un cadre formel, établir un socle mathématique capable de décrire les méthodes existantes mais aussi en concevoir de nouvelles et prouver la convergence du processus. Ces travaux ont été amorcés durant la thèse de T. Grenier et menés plus particulièrement dans le cadre de la thèse de J.L. Rose. Les deux formalismes proposés, que je considère comme les résultats majeurs de notre recherche, présente une vision de la croissance de région selon deux points de vue [C26, conf. VISAPP'12], [J7, LNSC in Computer and Information Science, in press 2012]. Le premier formalisme (FSRG) repose sur l'espace des caractéristiques et un voisinage robuste spécial défini à partir de la distance de Mahalanobis et d'une matrice de paramètres d'échelle [C29, conf. ICIP'12]. Le second (VRG) s'appuie sur l'approche variationnelle et décrit la croissance de région comme un processus de minimisation d'énergie [C25, conf. IPTA'12], [C20, conf. EUSIPCO'10], [C16, conf. VISAPP'09]. Ce formalisme est

particulièrement puissant puisqu'il ouvre la croissance de région sur de nouvelles possibilités grâce à la pléthore d'énergies définies dans la littérature. Une avancée majeure est sans doute l'opportunité d'ajouter de l'a priori de forme dans la croissance de région.

2.6 Intégration d'a priori de forme dans la segmentation

Cette action de recherche est détaillée au Chapitre VIII de ce mémoire.

Malgré l'avancée apportée par le formalisme variationnel de la croissance de région qui introduit le processus de minimisation d'énergie au sein même de l'évolution de la région, la croissance de région reste vulnérable aux « fuites » i.e. propagations incorrectes en dehors de l'objet recherché si l'énergie considérée ne tient compte que de l'information des niveaux de gris. Il lui est impossible de dissocier des structures connexes possédant des intensités ou des propriétés statistiques similaires ou de retrouver un objet partiellement obstrué. Afin de résoudre ces problèmes, il est indispensable d'ajouter des contraintes de forme dans le processus de croissance de région.

Notre réflexion a commencé dès le début de la thèse de J.L. Rose en 2005. Avant le formalisme de VRG, d'autres voies ont été explorées pour intégrer une contrainte de forme basées sur des cartes de distances signées et le flux du vecteur gradient [C15, conf. ISBI'08], [C14, conf. ICIP'07]. Avec l'apport du cadre variationnel, la réponse à la problématique consiste « simplement » à définir une énergie capable d'intégrer l'a priori de forme. Nous avons déduit de notre recherche deux types d'énergie : i) la première repose des descripteurs de forme d'un modèle de référence tels que les moments de Chebyshev et ii) la seconde sur des propriétés géométriques particulières de l'objet d'intérêt [C25, conf. IPTA'12], [C17, conf. ICIP'09]. Dans le cadre de la thèse d'A. Pacureanu soutenue en janv. 2012, nous avons défini une énergie pour extraire spécifiquement des structures tubulaires dans une image [C19, conf. ISBI'10]. Nos travaux ont été appliqués dans plusieurs projets en lien avec l'imagerie biomédicale tels que i) des études de phénotypage chez le petit animal, ii) l'extraction du réseau lacuno-canaliculaire du tissu osseux à partir de l'imagerie très haute résolution SR μ CT [C28, conf. SSBA'12], [C23, conf. GRETSI'11], [C22, conf. ISBI'11], [C18, conf. GRETSI'09] et iii) la segmentation de l'arbre pulmonaire chez l'humain dans le cadre de la thèse de J. Prieto commencée en oct. 2010 et de la collaboration avec l'Université de Bogota via le programme ECOS [C33, conf. CLEI'12], [C30, ISBI VESSEL'12 Challenge].

3. PROJET SCIENTIFIQUE A COURT TERME

Je souhaite poursuivre mes travaux sur la segmentation par croissance de région, sur les plans formels et applicatifs. Nous avons établi une première connexion entre le formaliste FSRG et VRG dans [C20, conf. EUSIPCO'10]. Je pense que nous pouvons envisager une fusion des deux formalismes pour profiter à la fois de l'apport des paramètres d'échelle adaptatifs de FSRG et des propriétés de convergence de VRG. Du point de vue applicatif, avec VRG, nous disposons d'une méthode de croissance de région facilement adaptable aux besoins d'une application : il suffit de choisir ou définir l'énergie appropriée à l'objet recherché. Nous avons constaté que le transfert de nos développements méthodologiques pour l'extraction du réseau lacuno-canaliculaire à l'échelle

nanométrique vers la segmentation de l'arbre vasculaire pulmonaire chez l'humain n'a nécessité que des ajustements mineurs. Ce fait souligne la flexibilité de notre méthode.

Néanmoins, mes centres d'intérêt se sont élargis depuis le début de la thèse de J.C. Prieto et ma recherche s'oriente sur l'élaboration d'une nouvelle représentation d'objet, capable de structurer et organiser son contenu informatif par une approche multi-échelle et de faciliter sa manipulation. Cette représentation contrairement aux modèles surfaciques classiquement utilisés en traitement d'image offrira une information structurelle des objets en s'appuyant sur une version sophistiquée du squelette. Notre attention se focalise particulièrement sur les représentations médiales [Pizer, 03] qui présentent de nombreux avantages, comme par exemple de pouvoir représenter par une structure minimale une classe d'objets tout en préservant leur variabilité intrinsèquement liée à l'imagerie du vivant. Elles fournissent un système d'orientation local à l'objet qui permet d'obtenir une description, une mesure et une orientation en n'importe quel point situé à l'intérieur ou à l'extérieur de l'objet. Par ailleurs, ces représentations sont bien adaptées à une description multi-échelle et facilite considérablement la mise en correspondance des objets, étape essentielle à toute étude statistique et élaboration d'un modèle de forme. Munies d'un système de coordonnées relatives à l'objet, elles uniformisent l'accès aux données pour une classe d'objets et simplifient les analyses statistiques ou longitudinales. Disposer d'une telle représentation offrira de nouvelles possibilités en termes d'analyse telles que la prise en compte de mesures ou de déformations locales, la construction d'un modèle moyen, le suivi d'une pathologie ou l'élaboration d'un modèle prédictif.

Une collaboration avec le MIDAG dirigé par S. Pizer (Chapel Hill, Université de Caroline du Nord,) s'est concrétisée en 2012 par un séjour de 6 mois de J.C. Prieto en fin de 2ème année de thèse (06/12 à 12/12) via une bourse Explo'RA doc. Sa mission est double : développer une nouvelle méthode d'analyse pour les représentations médiales et concevoir une représentation médiale du cortex cérébral. Notre objectif prioritaire est de poursuivre cette collaboration et de former une équipe pour travailler plus spécifiquement sur cette thématique.

Un premier axe de recherche pour cette équipe sera de réaliser un modèle numérique réaliste pour les simulateurs d'image disponibles sur la plate-forme VIP (Virtual Image Platform, Projet ANR, CREATIS). En imagerie du vivant, l'accès à la vérité terrain est un problème à part entière. L'évaluation des méthodes, leur comparaison, leur optimisation ne peuvent se faire sans cette connaissance. Actuellement, la principale limitation pour obtenir une imagerie virtuelle réaliste ne provient pas des simulateurs, mais de notre incapacité à leur fournir un objet virtuel fidèle à la réalité. Les représentations médiales sont une solution attrayante pour plusieurs raisons. A partir d'un échantillon représentatif d'une population, il est possible de définir un modèle statistique de forme voire même un modèle évolutif de l'objet d'intérêt. Il devient alors possible de fournir des objets virtuels non pas statiques, mais paramétrables et capables de prendre en compte le degré d'évolution d'une pathologie. Par exemple, dans le cas de l'imagerie cérébrale, il est envisageable de simuler des images IRM correspondant à différents stades d'une maladie neuro-dégénérative telle que la sclérose en plaque ou la maladie d'Alzheimer.

Un autre axe de recherche sera d'utiliser les représentations médiales comme a priori dans les méthodes de segmentation. A la différence des modèles déformables, la difficulté est de faire

par l'organisation d'une journée thématique « Segmentation de structures anatomiques avec intégration d'a priori géométrique » (16/05/2007) et deux présentations [S5, 2010], [S4, 2007].

4.2 Labex PRIMES (depuis 2012)

Je participe au Labex Physique, Radiobiologie, Imagerie, Médicale et Simulation dont le but est le développement de nouveaux concepts et méthodes pour l'exploration, le diagnostic et la thérapie des cancers et des pathologies du vieillissement. J'interviens en particulier dans les groupes de travail WP4 « Traitement de données multi-dimensionnelles » et WP5 « Image et simulation ».

Directeur : Françoise Peyrin, CREATIS. Directeur-Adjoint : D Dauvergne, DR CNRS, IPNL.

4.3 Projets en imagerie osseuse (depuis 2000)

L'application de nos méthodes à l'imagerie osseuse nous a conduits à participer au projet « MICROTOMOS » et aux réflexions menées dans le cadre du GDR CNRS 2237.

- Projet FRM (Fondation pour la Recherche Médicale) **MICROTOMOS**, durée 3 ans (03/2009-03/2012),

Titre : « Three-dimensional Micro- Imaging of bone tissue at the cellular level », Coordonnateur : Françoise Peyrin, CREATIS. « P ».

- GDR CNRS 2237, durée 4 ans (01/2000-01/2003),

Titre : « Imagerie et caractérisation tissulaire appliquées au domaine ostéoarticulaire ;
Coordonnateur : Pr. A. Briguet, Laboratoire de RMN, UMR 5012 CNRS, UCB Lyon.

Liste des publications en lien avec l'imagerie osseuse : 3 journaux, 10 conférences, 1 chapitre de livre.

[J7, jour. Lecture Notes CCIS, 2012], [J4, jour. Pattern Recogn Lett, 2002], [J3, jour. IEEE Trans Nucl Sci, 2002], [C28, conf. SSBA 2012] [C26, conf. VISAPP'12], [C25, conf. IPTA'12], [C23, conf. GRETSI'11] [C22, conf. ISBI'11], [C19, conf. ISBI'10] [C18, conf. GRETSI'09] [C3, conf. ICIP'00] [C2, conf. NSS MIC'00], [I1, conf. Big Sur Symposium, 2000], [O1, livre 2001].

4.4 ESRF, ID19 (depuis 2000)

Collaboration avec le groupe de la ligne ID19 de l'ESRF lors de l'application de nos travaux à la quantification de l'architecture osseuse et l'extraction du réseau lacuno-canaliculaire (thèse d'A. Pacureanu) à partir d'images micro et nano-tomographiques.

4.5 Cermep, Lyon (depuis 2001)

Collaboration avec N. Costes pour le versant acquisition dans le cadre de l'application des travaux de T. Grenier pour segmenter automatiquement des structures osseuses à partir d'exams corps entier de NaF TEP, le traceur NaF à l'ion fluorure-18F permettant de localiser les zones de remaniement osseux [J5, jour. IEEE Trans. Nucl. Sci., 2005]. [C7, conf. NSS MIC'03].

4.6 Plate-forme Animage (2001-2008)

Collaboration avec M. Janier, J.B. Langlois, M. Almadjub et E. Chereul dans le cadre du projet européen **Eumorphia**. Segmentation automatique appliquée à l'imagerie du petit animal pour des applications de phénotypage. Intégration d'a priori de forme pour augmenter la robustesse des traitements. Segmentation de reins de souris [J7, jour. Lecture Notes CCIS, 2012], [C14, ICIP'07], [C17, conf. ICIP'09], [C16, VISAPP'09], [C26, conf. VISAPP'12], [C25, IPTA'12] et segmentation de crâne de souris : [C15, conf. ISBI'08].

- Projet européen **EUMORPHIA** (QLG2-CT-2002-00930), durée 42 mois (10/2002-03/2006).

Titre : «Understanding human molecular physiology and pathology through integrated functional genomics in the mouse model », Coordonnateur : Medical Resarch, UK.

4.7 Laboratoire LRMN, Lyon (2000-2002)

Collaboration avec A. Briguet (LRMN, UMR 5012 CNRS, Université de Lyon 1) lors des travaux sur l'évaluation de l'IRM comme imagerie quantitative de l'architecture osseuse [J3, jour. IEEE Trans Nucl Sci, 2002], [C2, conf. NSS MIC'00].

4.8 LE2I, Université de Bourgogne (2005-2010)

Les travaux en segmentation de J.L. Rose commencés en Master recherche au LE2I (UMR 6306 CNRS, Université de Bourgogne) et poursuivis à CREATIS ont été appliqués pour extraire automatiquement l'aorte à partir d'images IRM, dans le cadre d'une étude clinique portant sur l'influence de l'âge et du sexe sur la distensibilité aortique. Cette collaboration a donné lieu à une publication commune dans la revue Magnétique Résonance Imaging avec le LE2I, le Service de Chirurgie Cardio-Vasculaire de Dijon, Montreal Heart Institute et CREATIS [J6, Magnetic Resonance Imaging, 2010].

4.9 Institut Camille Jordan, Lyon (2005-2008)

Dans le cadre de la thèse de J.L. Rose, nous avons collaboré avec C. Reichert de l'ICJ (UMR 5208, Université de Lyon1) pour les développements mathématiques liés au formalisme variationnel de la croissance de région [C16, conf. VISAPP-09].

4.10 Université de Bucarest, Roumanie (2009-2012)

Dans le cadre de la thèse d'A. Pacureanu en cotutelle avec Bucharest Politehnica University, nous avons travaillé avec le Professeur V. Buzuloiu sur la segmentation des images synchrotron nanotomographiques de réseaux cellulaires [C23, conf. GRETSI'11], [C22, conf. ISBI'11] [C18, conf. GRETSI'09].

4.11 Université de Bogota, Colombie (depuis 2010)

Dans le cadre de sa thèse et du programme franco-colombien ECOS (action C03S02), J.C. Prieto a effectué un séjour de 1 mois à l'université des Andes dans l'équipe de M. Hernández Hoyos pour mettre en œuvre une méthode segmentation basée sur VRG pour extraire l'arbre vasculaire pulmo-

naire. Cette collaboration s'est poursuivie avec notre participation commune au challenge Vessel'12 d'ISBI [C33, conf. CLEI'12], [C30, ISBI VESSEL12].

4.12 NHLI, Imperial College London, UK (depuis 2011)

Notre recherche sur la modélisation multiparamétrique des organes et le codage de la structure interne d'un objet nous a conduits à proposer une nouvelle méthode de synthèse de texture 3D à partir d'images 2D de microscopie confocale. En collaboration avec P. Camelliti du National Heart and Lung Institute (NHLI, Imperial College), ce travail a été appliqué à des coupes confocales de cellules cardiaques pour reconstruire de manière réaliste le tissu myocytaire [C32, conf. VISAPP'12], [C27, conf. TOPIM'12].

4.13 Université de Caroline du Nord, Chapel Hill, USA (depuis 2011)

Dans le cadre de la thèse de J.C. Prieto, nous avons commencé une collaboration avec S. Pizer directeur du MIDAG et instigateur des « m-rep », représentations médiales discrètes qui retiennent particulièrement notre attention, en vue d'étendre le spectre d'applications des m-rep à la simulation d'image. Sous mon impulsion, un premier accord cadre entre l'INSA et l'Université de Caroline du Nord a été signé (janv. 2012) pour formaliser notre rapprochement. Le séjour doctoral de J.C. Prieto d'une durée de 6 mois financé par une bourse de mobilité internationale Explo'RA doc a permis d'initier nos premiers travaux collaboratifs. Cette recherche devrait conduire à des publications communes dans les prochains mois. Au-delà de la thèse de J.C. Prieto, nous souhaitons poursuivre et renforcer la coopération entre le MIDAG et CREATIS par des échanges doctoraux réguliers entre nos deux laboratoires. A terme, nous pourrions envisager d'établir un programme d'échange au niveau Master pour les étudiants de l'INSA et de CPE Lyon et ceux de l'université de Caroline de Nord. En effet, les étudiants de CPE ont actuellement la possibilité de réaliser une année de césure au cours du cycle ingénieur pour effectuer un stage d'un an au MIDAG, ce programme leur permettrait de bénéficier de la formation de l'UNC et d'inscrire cette année dans leur cursus. Les programmes internationaux déjà mis en place par l'INSA et CPE tels que le Master IMESI et le semestre IST nous procurent une base pour accueillir les étudiants de l'UNC.

5. ENCADREMENT DE JEUNES CHERCHEURS

5.1 Encadrement de thèses

- 2010- 13 (80%) J.C. Prieto : « Modélisation volumique et multiparamétrique d'organes ». EEA. INSA Lyon. Directeur de Thèse C. Odet. **[5 conf. int.]**
- 2008-xx (30%) T. Alix : « Segmentation d'image et analyse géométrique pour une étude morphologique tridimensionnelle des sinus de la face et du crâne à partir d'examens tomométriques ». EDISS. UCB. Directeur de thèse F. Cotton **[1 conf. nat.]**
- 2008-12 (30%). A. Joita Pacureau : « Imaging the bone cell network with nanoscale synchrotron computed tomography ». EEA. INSA Lyon. Directeur de thèse F. Peyrin. A. Pacureau

est en Post-Doc à l'Université d'Uppsala - Centre for Image Analysis & SciLifeLab en Suède. **[1 journal, 7 conf. int.]**

- 2005-08 (50%) J.L. Rose : « Croissance de région variationnelle et contraintes géométriques tridimensionnelles pour la segmentation d'image ». EEA. INSA Lyon. Directeur de thèse C. Odet. JL Rose travaille comme ingénieur R&D en imagerie médicale dans la société Orten - Groupe Le-cante, Lyon. **[2 journaux, 6 conf. int.]**
- 2001-05 (50%) T. Grenier : « Apport de l'espace des caractéristiques et des paramètres d'échelle adaptatifs pour le filtrage et la segmentation d'image ». EEA. INSA Lyon. Directeur de thèse G. Gimenez. T. Grenier est Maître de conférences à l'INSA –Lyon, Département Génie Elec-trique. **[2 journaux, 8 conf. int.]**

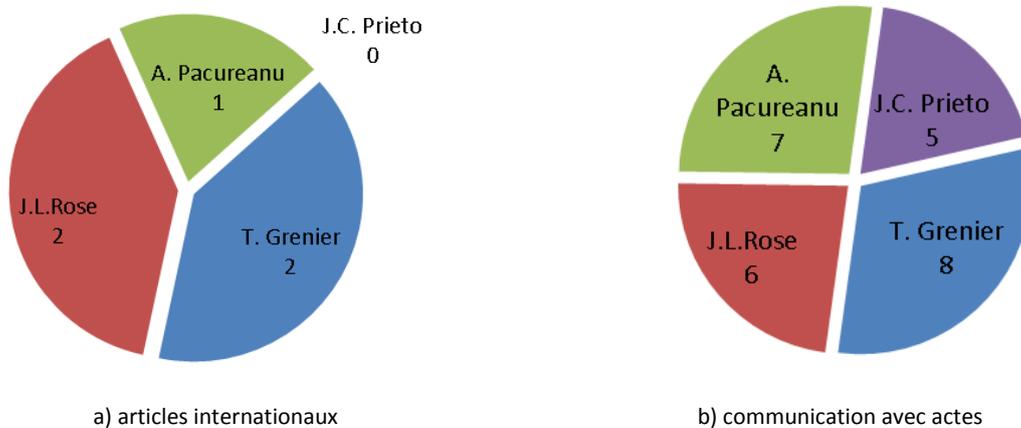


Figure XI. 1: Nombre de publications avec les doctorants EEA.

5.2 Encadrement de DEA et de Master recherche

- 2001 : A. Joly : « Correction des effets de la résolution limitée d'images TEP $H_2^{15}O$ pour l'évaluation de la perfusion myocardique », DEA I&S, INSA Lyon.
- 2001 : S. Suri : « Réalisation de l'interface graphique d'un système modulaire de fusion sous Tcl/Tk », Niveau Master I Informatique, INSA Lyon.
- 2003 : E. Arhazem : « Développement de méthodes de recalage affine entre un volume TEP-F et un modèle anatomique ». DEA I&S, INSA Lyon.
- 2003 : L. Benaissi : « Segmentation d'images IRM in vivo pour l'étude de la micro architecture osseuse ». DEA I&S, INSA Lyon.
- 2004 : A. Maiga : « Segmentation par croissance de région : étude de différentes approches ». DEA I&S, INSA Lyon.
- 2004 : T. Lafuente Hernandez : « Méthode DIRECT pour le recalage affine d'images TEP et un modèle anatomique ». DEA I&S, INSA Lyon.

- 2005 : X. Guillon : « Incorporation d'a priori géométrique dans des méthodes de segmentation par croissance de région ». DEA I&S, INSA Lyon.
- 2009 : A. Yureidini : « Modélisation des organes à l'aide de VOTS ». M2R IS, INSA Lyon.
- 2009 : M. Sanchez : « Segmentation 3D de canalicules à partir d'images de microtomographie très haute résolution ». Projet de recherche étudiante d'échange. Département Télécommunications, INSA Lyon. [C19, conf. ISBI'10].
- 2010 : H. Calbrix : « Segmentation automatique de cavités sinusiennes et de structures osseuses à partir d'examens tomodensitométriques (TDM) pour la morphométrie 3D ». Master 2 Image Pro. UCB Lyon. [C21, conf. CNSCMF'10]
- 2010 : O. Udobata : « System of fusion based on Belief theory ». Master international IMESI, INSA Lyon. [C24, conf. SPIE Medical Imaging'11].
- 2012 : S. Mihaila et A. Hilaire : « Etude de faisabilité pour l'identification par imagerie de l'âge d'un individu en médecine légale », Projet de Fin d'études, Département TC, INSA Lyon. [C31, conf. IPCV'12].

6. ACTIVITE DE REVISIONS ET EVALUATION SCIENTIFIQUE

- Référé pour les revues Pattern Recognition (1), Machine Graphics & Vision (1).
- Chairman pour la conférence VISIGRAP VISAPP en 2012.
- Expertise d'un dossier CIFRE de l'ANRT en 2010.

7. PUBLICATIONS

7.1 Vue d'ensemble

Les figures suivantes synthétisent la typologie et l'évolution de mes publications depuis 1996. A titre d'information, j'ai superposé les naissances de mes garçons et les thèses soutenues dans cette période (Figure XI. 4 et Figure XI. 5).

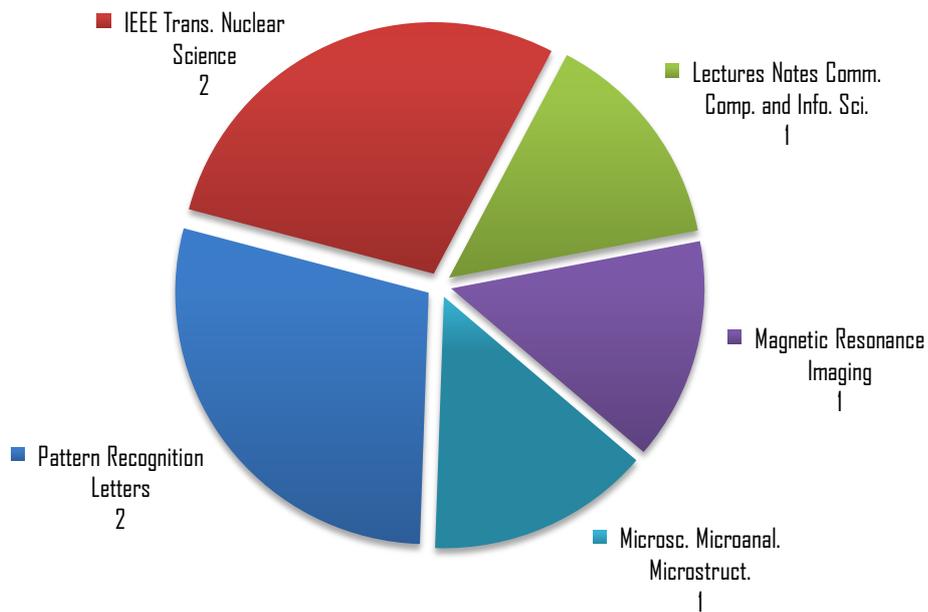


Figure XI. 2: Typologie des 7 revues internationales sur la période 1996-2012.

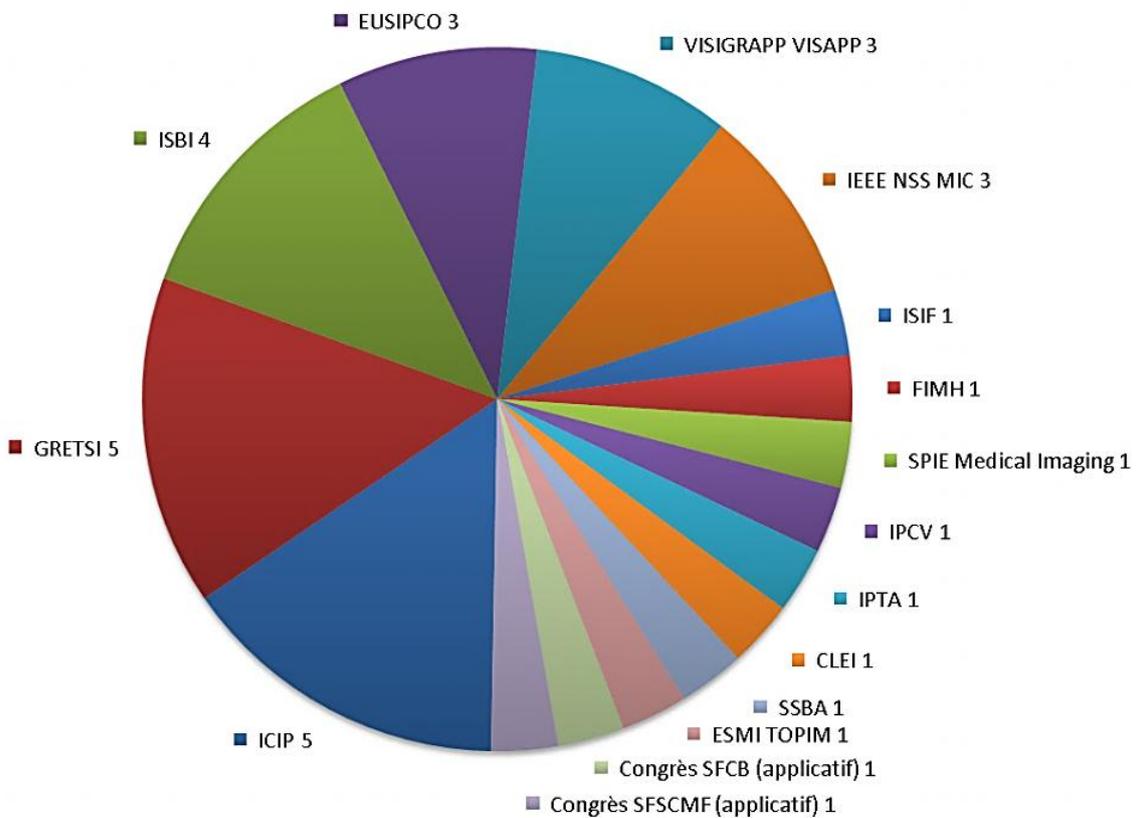


Figure XI. 3: Typologie des 33 communications avec actes sur la période 1996-2012.

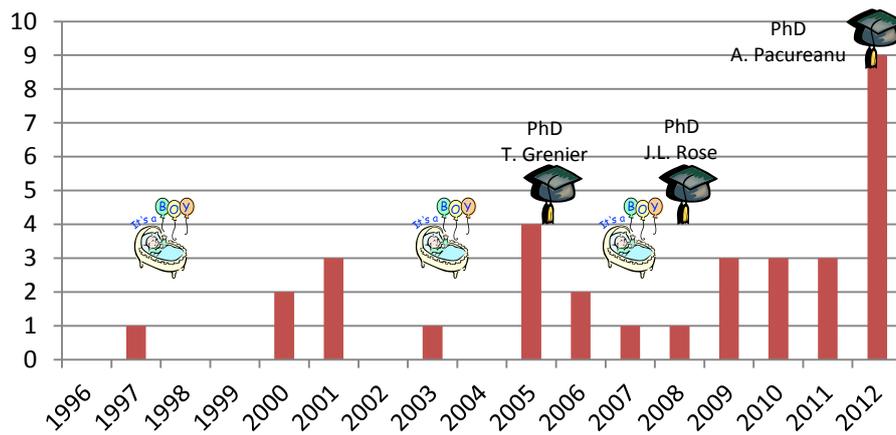


Figure XI. 4: Evolution du nombre de communications avec actes et comité de lecture par année de 1996 à 2012 (total de 33)

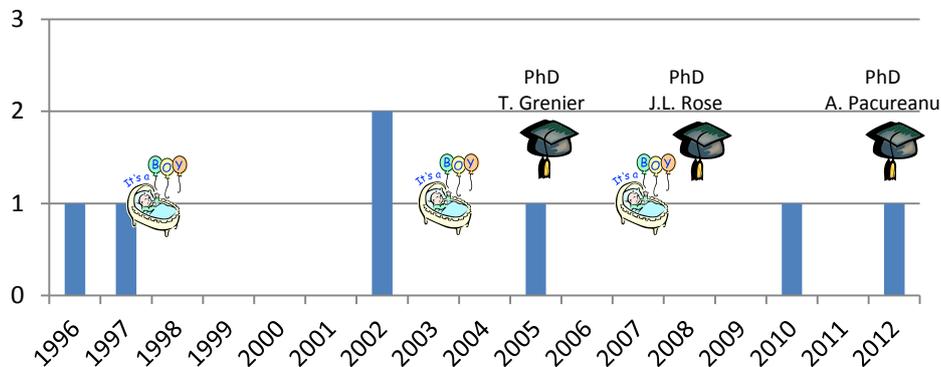


Figure XI. 5: Evolution du nombre d'articles dans des revues internationales par année de 1996 à 2012 (total de 7).

7.2 Publications dans des revues internationales

Sans comité de lecture

[J7] C. Revol-Muller, T. Grenier, J. L. Rose, A. Pacureanu, F. Peyrin, and C. Odet, "Region Growing: When Simplicity Meets Theory. Region growing revisited in feature space and variational framework", Lecture Notes Series of Communications in Computer and Information Science (CCIS), Springer-Verlag, 20 pages, 2012.

*NB : Bien que [J7] ne soit pas référencé dans la base JCR, je voudrais préciser que c'est un article de **20 pages** qui s'appuie sur les travaux de thèse de T. Grenier, J.L.Rose et A. Pacureanu, dans lequel je présente mes deux visions de la croissance de région (cf. Chap.VII : Formalismes pour la croissance de région). Ce papier a été publié dans le journal LNCS CCIS suite à la sélection de [C26, cf. p. 154] comme « **Best Paper** » à la conférence VISAPP'12, communication de 12 pages, qui a été retenue pour une présentation orale de 30 minutes à la session spéciale AIS « Advance in Segmentation ».*

Ce papier peut être consulté dans le recueil de publications situé à la fin de mémoire.

Avec comité de lecture

- [J6] J. L. Rose, A. Lalande, O. Bouchot, E. B. Bourennane, P. M. Walker, P. Ugolini, C. Revol-Muller, R. Cartier, and F. Brunotte, "Influence of age and sex on aortic distensibility assessed by MRI in healthy subjects", *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 28, no. 2, pp. 255 - 263, 2010.
- [J5] T. Grenier, C. Revol-Muller, N. Costes, M. Janier, and G. Gimenez, "Automated seeds location for whole body NaF PET segmentation", *IEEE Trans Nucl Sci*, vol. 52, no. 5, pp. 1401 - 1405, October, 2005.
- [J4] C. Revol-Muller, F. Peyrin, Y. Carillon, and C. Odet, "Automated 3D region growing algorithm based on an assessment function", *Pattern Recogn Lett*, vol. 23, no. 1-3, pp. 137-150, 2002.
- [J3] C. Revol-Muller, H. Benoit-Cattin, Y. Carillon, C. Odet, A. Briguet, and F. Peyrin, "Bone MRI segmentation assessment based on synchrotron radiation computed microtomography", *IEEE Trans Nucl Sci*, vol. 49, no. 1, pp. 220-224, 2002.
- [J2] C. Revol, and M. Jourlin, "A new minimum-variance region growing algorithm for image segmentation", *Pattern Recogn Lett*, vol. 18, pp. 249-258, 1997.
- [J1] M. Jourlin, C. Bertrand, J. L. Coudert, F. Darsonville, P. Gremillet, S. Martinez, J. C. Pinoli, C. Revol, and F. Trunde, "3D imaging applications at the LISA laboratory during the last ten years", *Micr Microanal Microstruct*, vol. 7, 1996.

En cours

« Local optimization of discrete region-based energies for multi-region segmentation », soumis le 26/07/12 au *Journal IEEE Transactions on Image Processing*.

« A variational region growing approach for segmentation of the 3D bone cell network from synchrotron CT data » en cours pour le *Journal Pattern Recognition*.

7.3 Communications dans des conférences nationales et internationales avec actes et comité de lecture

32 communications internationales et 1 communication nationale.

7.3.1 2007-2012

- [C33] J. C. Prieto, C. Pérez Romanello, V. Pérez Romanello, C. Revol-Muller, C. Odet, M. Orkisz, and M. Hernández Hoyos, "Segmentación del árbol vascular pulmonar", *Conferencia Latinoamericana en Informática (CLEI)*, Medellín, Colombia, 6 pages, 10/2012.
- [C32] J. C. Prieto, C. Revol-Muller, F. Peyrin, P. Camelitti, and C. Odet, "3D Texture synthesis for modeling realistic organic tissues", *VISAPP 2012. International Conference on Computer Vision Theory and Applications*, Rome, Italy, pp. 60-65, 02/12, 2012.
- [C31] J. C. Prieto, S. Mihaila, A. Hilaire, L. Fanton, C. Odet, and C. Revol-Muller, "Age estimation from 3D X-ray CT images of human fourth ribs", *Worldcomp'12: 16th International Conference on Image Processing, Computer Vision, & Pattern Recognition IPCV'12*, Las Vegas, Nevada, USA, 2 pages, 2012.

- [C30] J. C. Prieto, C. Revol-Muller, C. Odet, M. Orkisz, and M. Hernández Hoyos, "CreaLungs: a variational region growing method to segment pulmonary vascular trees", ISBI VESSEL12 Challenge, Barcelona, Spain, 2 pages, 05/2012 .
- [C29] C. Revol-Muller, T. Grenier, T. Li, and H. Benoit-Cattin, "Feature Space Region Growing", International Conference on Image Processing, ICIP'12, Orlando, Florida, USA, 4 pages, 2012.
- [C28] A. Pacureanu, M. Langer, C. Revol-Muller, and F. Peyrin, "Imaging of the Bone Cell Network with Nanoscale Synchrotron Radiation Computed Tomography", SSBA 2012, Symposium on Image Analysis, Stockholm, Sweden, 03/2012.
- [C27] J. C. Prieto, C. Revol-Muller, P. Camelitti, and C. Odet, "Modeling 3D realistic organic tissues from 2D digital microscope images", ESMI "Hot Topics in molecular imaging", Topim'12, 4 pages, 2012.
- [C26] C. Revol-Muller, T. Grenier, J. L. Rose, A. Pacureanu, F. Peyrin, and C. Odet, "Region Growing: Adolescence and adulthood ;Two visions of region growing: in feature space and variational framework", VISAPP 2012. International Conference on Computer Vision Theory and Applications, Rome, Italy, pp. 286-297, 02/12, 2012.
- [C25] C. Revol-Muller, J. L. Rose, A. Pacureanu, F. Peyrin, and C. Odet, "Shape Prior in Variational Region Growing", International Conference on Image Processing Theory, Tools and Applications, IPTA'12, 5 pages, 2012.
- [C24] O. Udobata, C. Revol-Muller, and C. Lartizien, "Computer-aided tumor detection stemmed from the fuzzification of the Dempster-Shafer theory", SPIE Medical Imaging 2011: Computer-Aided Diagnosis, , Lake Buena Vista, Florida, United States, 7 pages, Proceedings Vol. 7963 , 03/2011 .
- [C23] A. Pacureanu, M. Langer, P. Dong, C. Revol-Muller, V. Buzuloiu, and F. Peyrin, "Imagerie microscopique 3D du réseau lacuno-canaliculaire dans l'os humain", GRETSI, Bordeaux, 4 pages, 2011.
- [C22] A. Pacureanu, J. Rollet, C. Revol-Muller, V. Buzuloiu, M. Langer, and F. Peyrin, "Segmentation of 3d cellular networks from SR μ CT images", International Symposium on Biomedical Imaging, Chicago, USA, 4 pages, 2011.
- [C21] T. Alix, C. Revol-Muller, Calbrix, H., Boutet, C., Billard, M., Seguin, P., Cotton, F., "Développement volumique et sagittal des sinus frontaux en fonction de l'angle C1/F1 crânio-adapté et de la classe squelettique. Etude à propos de 150 cas", 46e Congrès de la Société Française de Stomatologie et Chirurgie Maxillo-faciale, Paris, 2 pages, 10/2010.(Conférence Nationale).
- [C20] J. L. Rose, T. Grenier, C. Revol-Muller, and C. Odet, "Unifying variational approach and region growing segmentation", 18th European Signal Processing Conference (EUSIPCO-2010), Aalborg, Denmark, pp. 1781-1785, 08/2010.
- [C19] A. Pacureanu, C. Revol-Muller, J. L. Rose, M. Sanchez-Ruiz, and F. Peyrin, "A Vesselness-guided Variational Segmentation of Cellular Networks from 3D Micro-CT", IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI'10), Rotterdam, Netherlands, pp. 912-915, 06/2010 .

[C18] A. Pacureanu, A. Larrue, Z. Peter, C. Revol-Muller, V. Buzuloiu, and F. Peyrin, "Filtrage 3D non-linéaire pour la détection de microstructures biologiques à l'échelle nanométrique", XXIIe Colloque GRETSI - Traitement du Signal et des Images (GRETSI'09), Dijon, France, 4 pages, September, 2009.

[C17] J. L. Rose, C. Revol-Muller, D. Charpigny, and C. Odet, "Shape prior criterion based on Tchebichef moments in variational region growing", IEEE International Conference on Image Processing ICIP'09, Cairo, Egypt, 4 pages, November, 2009.

[C16] J. L. Rose, C. Revol-Muller, C. Reichert, and C. Odet, "Variational region growing", VISAPP-09 International Conference on Computer Vision Theory and Applications, Lisboa, Portugal, 6 pages, February, 2009.

[C15] J. L. Rose, C. Revol-Muller, J. B. Langlois, M. Janier, and C. Odet, "3D region growing integrating adaptive shape prior", Biomedical Imaging: From Nano to Macro, 2008. ISBI 2008. 5th IEEE International Symposium on, Paris, France, pp. 967-970, May 2008.

[C14] J. L. Rose, C. Revol-Muller, M. Almajdub, E. Chereul, and C. Odet, "Shape Prior Integrated in an Automated 3D Region Growing method", IEEE International Conference on Image Processing ICIP'07, San Antonio, USA, pp. 53-56, September, 2007.

7.3.2 2002-2006

[C13] T. Grenier, C. Revol-Muller, N. Costes, M. Janier, and G. Gimenez, "3D Robust Adaptive Region Growing for Segmenting [18F]fluoride Ion PET Images", 2006 NSS MIC, San Diego, USA, pp. 2644-2648, Oct, 2006.

[C12] T. Grenier, C. Revol-Muller, and G. Gimenez, "Hybrid approach for multiparametric mean shift filtering", ICIP'06, Atlanta, USA, pp. 1541-1544, 2006.

[C11] F. Davignon, T. Grenier, C. Revol-Muller, G. Gimenez, and O. Basset, "Lissage et segmentation d'images multi-paramétriques ultrasonores par une approche 'Mean shift'", GRETSI'05, Louvain-La-Neuve, Belgium, pp. 21-24, 2005.

[C10] T. Grenier, C. Revol-Muller, F. Davignon, O. Basset, and G. Gimenez, "'Mean Shift' Adaptatif pour le lissage d'images ultrasonores", GRETSI'05, Louvain-La-Neuve, Belgium, pp. 53-56, 2005.

[C9] T. Grenier, C. Revol-Muller, F. Davignon, O. Basset, and G. Gimenez, "Multiparametric Smoothing Based On Mean Shift Procedure For Ultrasound Data Segmentation", EUSIPCO'05, Antalya, Turkey, pp. Article ID cr1461, 4 pages, 2005.

[C8] T. Grenier, C. Revol-Muller, F. Davignon, O. Basset, and G. Gimenez, "Variable bandwidth Mean Shift for Smoothing ultrasonic images", EUSIPCO'05, Antalya, Turkey, pp. Article ID cr1454, 4 pages, 2005.

[C7] T. Grenier, C. Revol-Muller, N. Costes, M. Janier, and G. Gimenez, "Automated seeds location for whole body NaF PET segmentation", IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record - Nuclear Science Symposium, Medical Imaging Conference, Portland, OR, USA, pp. 2210-2214, 2003.

7.3.3 1993-2001

[C6] C. Revol-Muller, M. Rombaut, and M. Janier, "Dempster-Shafer approach for high level data fusion applied to the assessment of myocardial viability", First International Workshop on Functional Imaging and Modeling of the Heart (FIMH'01), Helsinki, Finland, pp. 104-112, 2001.

[C5] M. Rombaut, C. Revol-Muller, and M. Janier, "Modular fusion system for a computer-aided diagnosis of the myocardial viability", 4ème Conférence Internationale sur la Fusion d'Information, International Society for Information Fusion ISIF, Montréal, Canada, 7-10 August, 5 pages, 2001.

[C4] C. Revol-Muller, M. Rombaut, and M. Janier, "Une architecture de fusion modulaire pour l'assistance au diagnostic médical", GRETSI, Toulouse, France, pp. 140-143, 2001.

[C3] C. Revol-Muller, F. Peyrin, C. Odet, and Y. Carillon, "Automated 3D region growing algorithm governed by an evaluation function", IEEE International Conference on Image Processing ICIP'00, Vancouver, Canada, 4 pages, 2000.

[C2] C. Revol-Muller, H. Benoit-Cattin, Y. Carillon, C. Odet, A. Briguet, and F. Peyrin, "Bone MRI segmentation assessment based on synchrotron radiation computed microtomography", Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference, Lyon, France, pp. 19.7-19.11, 2000.

[C1] C. Revol-Muller, M. Jourlin, T. Fortin, and J. L. Coudert, "Algorithme de segmentation destiné aux images odontologiques tridimensionnelles", 37è Congrès de la Société Francophone de Chirurgie Buccale, Strasbourg, France, 2 pages, 1997.

7.4 Communications invitées

[I1] F. Peyrin, C. Revol-Muller, Y. Carillon, E. Martin-Badosa, S. Nuzzo, A. Bonnassie, and A. Briguet, "Synchrotron radiation Micro-CT : a reference tool for the characterization of bone samples", Bone architecture and the competence of bone, Big Sur Symposium, USA, 16 pages, 2000.

7.5 Chapitre d'ouvrage

[O1] F. Peyrin, C. Revol-Muller, Y. Carillon, S. Nuzzo, A. Bonnassie, and A. Briguet, "Characterization of bone samples from synchrotron radiation microCT : evaluation of the segmentation of microMRI images", Noninvasive assessment of trabecular bone architecture and the competence of bone, pp. 129-142, 2001.

7.6 Communications sans actes

[S6] J. C. Prieto, C. Revol-Muller, and C. Odet, "Modélisation multiparamétrique d'organes basée sur le codage de la structure interne", Journée Sciences Croisées INSA Lyon: Modélisation et Sciences numériques, 2011.

[S5] C. Revol-Muller, T. Grenier, and C. Lartzien, "Architecture de fusion modulaire pour l'assistance au diagnostic médical", Réunion des GDR STIC-SANTÉ Thème B: "Signaux et Images en santé" et GDR ISIS Thème B : "Image et Vision" GDR ISIS, Journée thématique commune : Avancées en fusion de données, 2010.

[S4] C. Odet, J. L. Rose, and C. Revol-Muller, "Synthèse générale des méthodes de segmentation intégrant de l'a priori géométrique ", Réunion des GDR STIC-SANTE Thème B: "Signaux et Images en santé" et GDR ISIS Thème B : "Image et Vision", Journée thématique commune: "Segmentation de structures anatomiques avec intégration d'a priori géométrique", 2007.

[S3] T. Grenier, C. Revol-Muller, N. Costes, M. Janier, and G. Gimenez, "3D robust adaptive region growing for segmenting PET images", 1st Singaporean-French Biomedical Imaging Workshop, 2006, 2006.

[S2] C. Revol-Muller, V. Pachod, and M. Jourlin, "Contrôle de pièces sur convoyeur", Colloque Imagica 93 : Utilisations industrielles de la vision assistée par ordinateur, Lyon, 1993.

[S1] C. Revol-Muller, V. Pachod, and M. Jourlin, "Pilotage d'un convoyeur industriel et contrôle des pièces par vision", Assemblée générale du Comité Scientifique et Technique du Pôle Productique Rhône-Alpes, Annecy, 1993.

7.7 Divers

[D1] C. Revol-Muller and L. Muller, "PDS84 :PIC 16C84 Development System", Revue d'électronique Elektor, 8ème prix au « concours international : microprocesseurs 1997, CD-Rom Elektor: « uP-uC Hard & Software 97-98 », 1997.

Chapitre XII

SYNTHESE DES ACTIVITES D'ENSEIGNEMENT

Dans ce chapitre, je présente une synthèse de mes activités d'enseignement depuis octobre 1993, date du début de ma thèse.

1. ACTIVITES D'ENSEIGNEMENT EN TANT QUE MONITEUR

1993-1996 : Monitorat à Faculté des Sciences J. Monnet à l'Université de Saint Etienne

Charge d'enseignement : 64h eq. TD/an, sous le tutorat de M. Youssef. Ouerdane du LTSI UMR CNRS 5516.

- Travaux pratiques de sciences physiques, DEUG A 1ère année, 52h eq.TD/an.
Electrocinétique. Mesures de résistances : montages amont et aval ; pont de Weastone ; Mesures de FEM et FCEM : méthode d'opposition, étude d'un voltamètre Fe-NaOH; Calculs d'incertitudes.
Electricité. Etablissement et rupture du courant dans un circuit: étude du circuit RC, étude du circuit R, L, C, utilisation de l'oscilloscope.
Optique. Interférences non localisées : biprisme de Fresnel, dispositif interférentiel des fentes d'Young ; diffraction à l'infini par une fente : étalonnage de la largeur d'une fente, caractérisation des fentes Young.

Responsabilité des séances de TP (16 ou 18 étudiants par séance) ; vérification et maintenance du matériel ; encadrement des étudiants, correction des comptes rendus ; élaboration des sujets d'examens pratiques, surveillance et correction des examens.

- Travaux dirigés de thermométrie et de calorimétrie, DEUG B 2ème année, 12h TD/an.
- Participation aux stages pédagogiques du CIES de Lyon (10 jours/an).

1993-1996 : Encadrement de stages de recherche du LISA, Dpt. Electronique et Image de CPE-Lyon

- Stage de 2^{ème} année de cycle ingénieur.
1993 : « Reconnaissance de caractères dactylographiés par réseaux de neurones » (3 mois).
- Projets de fin d'études d'étudiants en 3ème année de cycle ingénieur CPE et participation au jury des soutenances (durée 5 mois).

1994 : « Reconnaissance de forme automatique sur convoyeur industriel sous environnement Windows 3.1 et carte d'acquisition I2S ».

1995 : « Programmation sous Windows de courbes déformables de type snakes ».

1995 : « Etude des paramètres d'acquisition du Morphomètre de l'Hôpital de Cardiologie de Lyon ».

2. ACTIVITÉS D'ENSEIGNEMENT EN TANT QU'ATER

1998-1999 : ATER section G1, Département de Génie Electrique, INSA Lyon.

Responsable de la plate-forme d'électronique : M. Gérard Thouy.

Directeur du département : Pr.Gérard Grange.

Charge d'enseignement : **192h eq. TD** soit 288h TP.

- Travaux pratiques d'électronique, 3^{ème} année GE, 30h de TP (10 séances de 3h).
Montage émetteur commun, amplificateur opérationnel, amplificateur différentiel, diode en commutation, Circuits logiques élémentaires.
- Travaux pratiques d'électronique, 4^{ème} année GE, 240h de TP (60 séances de 4h).
Modulation d'amplitude, contre-réaction, amplificateur Push-Pull, amplificateur à liaisons continues, instrumentation programmable, oscillateurs, micro-processeur 8085.

Encadrement des étudiants durant les séances de travaux pratiques : contrôle continu de leurs connaissances effectué par oral, à raison de 1 ou 2 interrogations par semestre, examen de TP.

- Projets de Réalisation Technique (6 mois).
Réalisation par binôme d'un projet en électronique (6 x 4 séances de 4h). Initiation à la conduite de projet : rédaction du cahier des charges, planification du travail, choix et mise en œuvre de la solution technique.

Proposition et encadrement de 4 projets :

Un synthétiseur d'écho à l'aide d'un microcontrôleur 8051

Système à base 8051. Echantillonnage d'un signal vocal et restitution avec un retard et un volume réglable. Réalisation des chaînes analogiques d'entrée et de sortie (pour le micro, la sortie PWM et le haut-parleur) et programmation du micro-processeur en assembleur.

Un télémètre à ultrason à l'aide d'un microcontrôleur PIC16C84

Mesure d'une distance à partir du temps de propagation d'un signal ultrasonique aller/retour. Système piloté par un microcontrôleur PIC16C84. Affichage sur des afficheurs 7 segments. Evaluation des performances : précision et erreurs systématiques.

Un perroquet électronique :

Réalisation d'une marionnette pouvant soit répéter les dernières paroles de la personne qui l'actionne, soit générer des messages préenregistrés. Mise en œuvre d'un circuit spécialisé utilisé dans les répondeurs « à puce » : l'ISD2560, un système de commande à partir d'un clavier à touche et un microcontrôleur PIC16F84.

Décodeur à infra-rouge

Réalisation d'un système permettant de retrouver un code (provenant d'un TEA5500, encodeur/décodeur utilisé dans les systèmes de télécommandes ; ce composant permet de générer un signal correspondant à un code défini par l'utilisateur ou dans un autre mode de fonctionnement de reconnaître ce code) à partir du signal infra-rouge reçu. Partie analogique : mise en œuvre du récepteur infrarouge. Partie numérique : programmation du microcontrôleur 8051 pour déterminer la valeur du code émis qui est ensuite affiché sur des LEDs.

1999-2000 : ATER section 63, IUT de Valence, Département d'Informatique, Option Informatique des Systèmes Industriel, Université de Grenoble II.

Responsable (2^{ème} année): M. André Lagreze

Responsable (1^{ère} année): M. Philippe Objois

Directeur du département : M. Damien Genthial

Charge d'enseignement : **192h** équivalent TD.

- Travaux pratiques d'informatique des systèmes industriels, 2^{ème} année, 105h de TP.

Etude des réels en assembleur 68000.

Réalisation d'un programme convertissant un nombre réel en un nombre entier signé. Le programme principal est écrit en C et fait appel à des fonctions écrites en assembleur. Etude de l'interfaçage C assembleur et prise en main d'un outil de simulation et de débogage.

Pour des raisons de changement de plate-forme matérielle (abandon d'une carte de développement à base de 68000 pour une carte à base de microcontrôleur 80C515), les TP qui suivent ont été montés et mis en place durant mon contrat d'ATER et ont demandé un investissement particulièrement important (rédaction des sujets de TP, test et mise en œuvre des TP sur la nouvelle plate-forme, équipement des postes de travail)

Etude de la liaison série. Travail en scrutation.

Etude de l'UART NS16550D d'un PC en scrutation sous environnement LINUX. Emission et réception de caractères via la liaison série (RS232). Etude des protocoles hardware RTS/CTS et logiciel Xon/Xoff.

Etude de la liaison série. Travail en interruption.

Etude du mécanisme d'interruption en prenant comme support l'UART NS16C550D d'un PC sous environnement DOS. Réception en interruption de caractères sur un lien série et gestion d'une FIFO circulaire. Mise en place des protocoles hardware et logiciel.

Réseau en Token Ring de cartes à base de microcontrôleur 80C515.

Réalisation d'un réseau de capteurs de température s'appuyant sur une couche physique RS232 (réseau Token Ring). Réseau basé sur une station PC de supervision qui affiche les températures des n postes à intervalle régulier et n stations équipées de cartes à base de microcontrôleur 80C515 qui affichent leur température locale ou une température provenant d'une autre station leur étant destinée et qui envoient leur température sur le réseau lorsqu'une trame vide est reçue ; étude du serveur d'interruption pour la réception et la réémission de la trame.

Fréquence-mètre.

A partir d'une carte à base de microcontrôleur 80C515, réalisation d'un appareil de mesure permettant de connaître la fréquence moyenne ou la fréquence instantanée d'un signal.

Étude et prototypage sur EPLD de la partie récepteur d'un UART.

Réalisation d'un récepteur de liaison série par programmation d'un EPLD (Cypress 374i), spécification en VHDL des différents composants (registre, registre à décalage, automate d'état correspondant à la logique de contrôle, décodeur de l'afficheur 7 segments) et simulation. Programmation du composant et câblage de la carte de développement.

Correction des comptes rendus de TP, rédaction de sujets pour le contrôle TP (2h30, individuel) et correction de l'examen.

- Travaux pratiques d'électronique numérique, 1^{ère} année, 36h de TP.

Études des portes logiques et des technologies, décodeur clavier et décodeur d'un afficheur 7 segments, étude de Microsim (logiciel de saisie de schémas et de simulation).

- Cours assembleur 68000, 1^{ère} année, 4h de cours, 18h de TD, 36h de TP.

Objectifs du cours : lecture de l'assembleur, interaction C/ assembleur.

TD : expressions arithmétiques, comparaisons et tests, appel d'une fonction assembleur à partir d'un programme assembleur, puis d'un programme C.

TP : prise en main de simulateur/debugger, traduction et modification d'un programme C.

Responsabilité du module d'assembleur 68000 (75 étudiants, module de 20h).

Rédaction du sujet d'examen et correction des partiels.

- Encadrement d'un projet de robotique en 2^{ème} année (5 étudiants).

Projet commun avec le Dpt. Télécoms et Réseaux de l'IUT. Réalisation d'un robot à partir d'un scooter pour enfant. Robot commandé par HF depuis un PC fixe par l'intermédiaire d'un joystick et équipé d'une carte PC embarquée équipée de Linux et de deux autres cartes à base de microcontrôleur 80C515. Interface entre la station de commande et les cartes à base de microcontrôleur réalisée par la carte PC. Communication entre la carte PC et les 2 autres cartes par liaison RS232. Carte n°1 dédiée au module de déplacement et carte n°2 au module de positionnement absolu par rapport à 3 balises fixes munies d'émetteurs à ultrasons. Protocole de communication de type BSC pour la transmission des commandes ou des données.

- Suivi de stages en entreprise : visites, jurys.

3. ACTIVITES D'ENSEIGNEMENT EN TANT QUE MAITRE DE CONFERENCES

3.1 Vue d'ensemble

Tableau XII. 1 donne la liste des mes principales activités d'enseignement en 2011-12.

Comme le montre Figure XII. 1c, j'assure 77 % de mes enseignements dans le département Télécommunications de l'INSA Lyon, auquel je suis rattachée. Le reste est dispensé dans les filières internationales IMESI (International Master Embedded Systems & Medical Image, INSA Lyon & CPE) et IST (Information Science & Technology Semester, INSA Lyon) en langue anglaise.

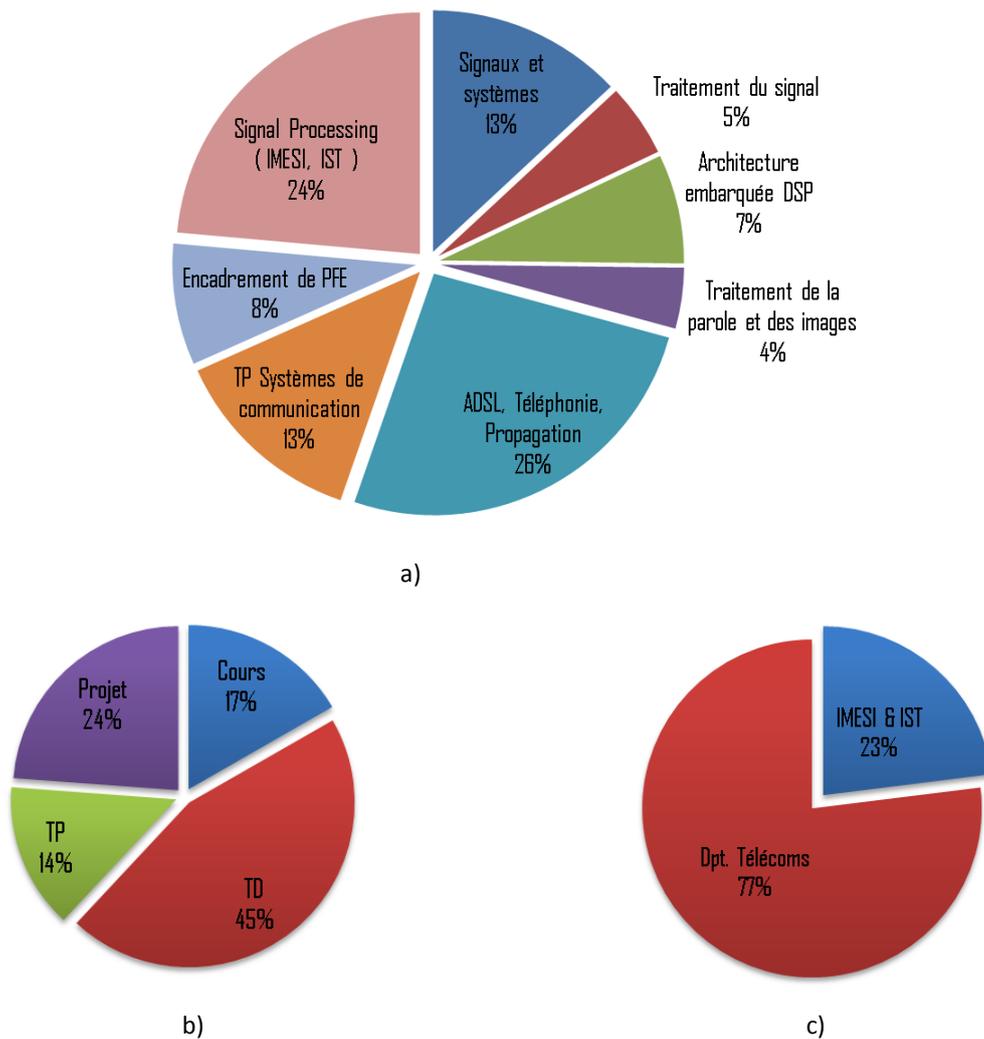


Figure XII. 1: Répartition du temps de face à face pédagogique : a) par thématique d'enseignement ; b) par mode d'enseignement ; c) par filière.

Matières	Etablissements	Année	Heures de face à face	Réalisation de support
Signaux et systèmes	INSA Lyon, Dpt.Télécoms	3 ^{ème}	16h Cours 16h TD	Cours, 8 sujets de TD, Sujets d'examens + rattrapage
Traitement du signal	INSA Lyon, Dpt.Télécoms	3 ^{ème}	12h TD	3 sujets de TD
Architecture embarquée DSP	INSA Lyon, Dpt.Télécoms	3 ^{ème}	8h Cours 10h TD	Cours, 5 sujets de TD
Traitement de la parole et des images	INSA Lyon, Dpt.Télécoms	4 ^{ème}	6h TD 4h TP	
ADSL, Téléphonie, Propagation	INSA Lyon, Dpt.Télécoms	3 ^{ème}	4h TD 32h TD x 2 groupes	
TP Systèmes de communication	INSA Lyon, Dpt.Télécoms	3 ^{ème}	32h	2 sujets de TP sur plate- forme DSP FPGA 2 sujets de TP transmis- sion par fibre optique Sujets d'examens de TP
Suivi de stages en entreprise	INSA Lyon, Dpt.Télécoms	5 ^{ème}	4 étudiants pen- dant 6 mois	
Jury de stage	INSA Lyon, Dpt.Télécoms	5 ^{ème}	10 étudiants	
Encadrement de Projets de Fin d'Etudes	INSA Lyon, Dpt.Télécoms	5 ^{ème}	2 étudiants pen- dant 3 mois	
Jury de PFE	INSA Lyon, Dpt.Télécoms	5 ^{ème}	10 étudiants	
Projet de Formation Tutorée	INSA Lyon, Dpt.Télécoms	3 ^e , 4 ^e , 5 ^e	Entretiens, Bi- lans	
Responsabilité du module MOST (Méthodes et Outils pour le Signal et les Télécoms)	INSA Lyon, Dpt.Télécoms	3 ^{ème}		Coordinatrice du module de 5ECTS : 32h cours, 48h de TD
Jury de stage Master EEAP Image & Système	UCB Lyon	M2	3 étudiants	
Signal Processing	INSA Lyon, Master IMESI	M1	14h cours/TD, 20h projet tuto- ré pendant 5 mois	Cours, 2 sujets de TD, 2 sujets de TP
Signal Processing	INSA Lyon, IST	M1	4h cours/TD, 20h projet tuto- ré pendant 5 mois	Cours

Tableau XII. 1 : Liste de mes principales activités d'enseignement effectuées en 2011-2012.

Mon enseignement est essentiellement tourné vers le traitement du signal. Cette thématique représente près de 42% de mon service en regroupant Signaux et Systèmes, Traitement du Signal et Signal Processing. Avec l'ADSL (26%) et les systèmes de communication (19%), j'atteins plus de 80% de mon service (Figure XII. 1a). Chaque année, j'encadre également 1 à 2 projets de fin d'études d'ingénieur et 1 ou 2 projets tuteurés dans les filières internationales. Mon activité pédagogique se partage entre les cours (17%), les TD (45%), les TP (14%) et les projets (24%) (Figure XII. 1b). Au département Télécommunications, les cours sont donnés en promotion complète avec un effectif de 75 étudiants, alors que les TD et les TP se font en groupe de 25 étudiants. Pour les filières internationales, les effectifs sont généralement inférieurs à 10 étudiants.

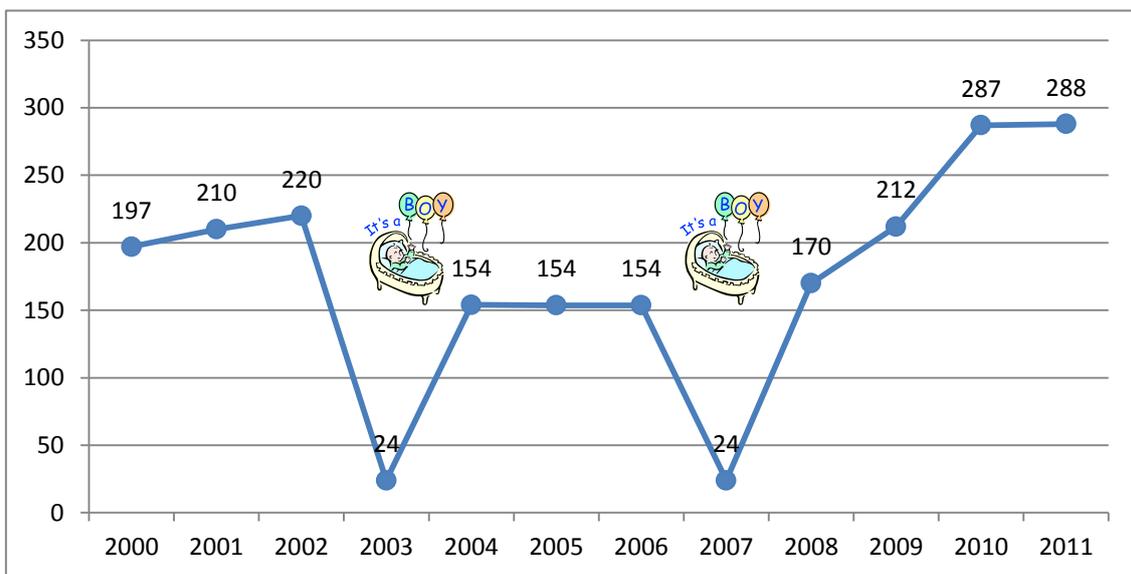


Figure XII. 2: Evolution de ma charge d'enseignement en heures équivalent TD depuis 2000.

Figure XII. 2 représente l'évolution de ma charge d'enseignement depuis mon recrutement en septembre 2000. A cette date, le département Télécommunications accueille sa troisième promotion (création en sept. 1988).

Jusqu'en 2002, mon nombre d'heures est légèrement supérieur à mon obligation statutaire de 192h (d'une quinzaine d'heures en moyenne). Cette période correspond à une phase relativement difficile, où j'ai dû m'approprier un large panel d'enseignements (signaux et systèmes, traitement du signal, architecture et électronique numérique, théorie du codage, propagation filaire, systèmes de communication, TP de transmission, plate-forme DSP etc.) tout en poursuivant les activités de recherche pour lesquelles j'ai été recrutée.

En 2003, mon service s'est interrompu pour raisons médicales, du fait d'une grossesse difficile. En 2007, la réduction de mon service est due à mon congé maternité pour mon 3^{ème} garçon. De 2004 à 2009 inclus, la quotité de mon service passe à 80% : cette période correspond à l'arrivée de mes deux derniers garçons dans un laps de temps de trois ans. En 2008 et 2009, mon service dépasse néanmoins le volume statutaire de 154h eq. TD en raison de mon intervention en IMESI.

Depuis 2010, j'ai repris une activité à temps complet et ma charge avoisine les 290h eq. TD. L'augmentation de mon service est due en partie à ma plus forte implication dans les filières internationales, notamment par l'encadrement de plusieurs projets tuteurés en IMESI et IST.

3.2 Enseignements au département Télécommunications de l'INSA Lyon

Ci-après, je précise les principaux enseignements réalisés au sein du département télécommunications de l'INSA Lyon.

- Depuis 2000 : **Signaux et systèmes**, 3^{ème} année (16 h/an de cours et 16 h/an de TD), Propriétés générales des signaux et des systèmes, systèmes convolutifs, transformées de Fourier, caractérisation d'un système en temps et en fréquence, transformée de Laplace, transformée en Z, échantillonnage, système rétro-actionné à base de PLL. Rédaction des sujets des examens, mise en œuvre de QCM sur la plate-forme pédagogique Moodle. Responsabilité du cours et réalisation d'un nouveau support depuis 2003. Nouveaux TD sur l'échantillonnage et la boucle de phase.
- Depuis 2000 : **Traitement du signal**, 3^{ème} année (12 h/an de TD). Echantillonnage et quantification, signaux aléatoires, filtrage numérique (synthèse de filtres FIR et IIR), introduction au filtrage adaptatif (annulation d'écho, égalisation de canal).
- Depuis 2009 : **Architecture**, 3^{ème} année (8 h/an de cours, 10 h/an de TD, 8h TP). Contraintes des applications temps réel et architectures dédiées (DSP, FPGA). Structures des filtres numériques (formes directes I, II, transposée, SOS, treillis). Implantation des filtres numériques sur une architecture à virgule fixe en C et en assembleur, par buffer linéaire et circulaire et en mode trame (méthodes OLS, OLA). Implantation de filtres FIR et IIR en Matlab et en C sur une carte Lyrtech SFR SDR EVM à base de DSPC64x+. Rédaction d'une séance TP DSP de 8h et de 3 TD machine.
- 2000-2007 : **Théorie du Codage**, 3^{ème} année (8 h/an de TD). Bases de théorie d'information (entropie et capacité de canal, théorèmes codage de source et de canal), codage de source (codeurs Huffman, arithmétique, LZW), codage de canal et codes correcteurs d'erreurs (codes groupes (Hamming), codes cycliques (CRC), codes convolutifs (Vitterbi) .
- Depuis 2000 : **Traitement de la parole et des images**, 4^{ème} année (6 h/an de TD, 4 h/an de TP). Quantifications scalaires et vectorielles, décomposition en sous-bandes, propriétés du signal de parole, codeurs de parole (DPCM, ADPCM, CELP, GSM), codage audio (MP3), acquisition et représentation des images, filtrages d'images, principes de compression d'images, codeurs JPEG et MPEG.
- Depuis 2000 : **ADSL, Téléphonie, Propagation**, 3^{ème} année (32 h/an suivi de projet de groupes de 6 étudiants, 4h/an de TD ADSL). Ce projet vise à mettre en pratique les concepts vus en cours (traitement du signal, codage et modulation et gestion de projet) en réalisant sous Matlab/Simulink la simulation d'une chaîne de transmission (émetteur, canal, récepteur) à partir de la technologie ADSL. Les étudiants doivent également analyser les différents facteurs qui interviennent dans la qualité d'une transmission : modélisation des divers bruits pouvant perturber la transmission, estimation du rapport signal à bruit, construction et adaptation de la table d'allocation des bits, etc.

- Depuis 2000 : **TP systèmes de communication**, 3^{ème} année (32 h/an de TP). Bilan de liaison à partir d'antennes omnidirectionnelles et directives, vérification de l'équation de Friis, simulation d'antennes avec ADS, 4NEC2, transmission par fibre optique, localisation de défauts par réflectométrie, transmission par ligne bifilaire, étude des effets d'adaptation et désadaptation (onde progressive et onde stationnaire), modulations analogique et numérique, implantation de filtres numériques sur un système embarqué à base de DSP et FPGA (plate-forme SFF SDR de Lyrttech), étude d'une chaîne de transmission radio.
- Depuis 2009, coordonnateur du module **Méthodes et Outils pour le Signal et les Télécoms**, 3^{ème} année, 5ECTS : 32 h/an de cours, 48 h/an de TD et 6 enseignants. Module regroupant les cours de signaux et systèmes, probabilités et statistiques, et mathématiques pour le signal.
- Depuis 2000, **Projets de fin d'études ingénieur**, 5^{ème} année (4 mois, 20 h/an de suivi de projet en groupe de deux étudiants). A titre d'exemple, les deux derniers projets que j'ai encadrés s'intitulaient : « Etude de faisabilité : identification par imagerie de l'âge d'un individu pour la médecine légale » [Prieto, 2012a] et « Application Web client/serveur pour l'affichage et le rendu d'images 3D médicales de plusieurs Giga-octets ».

3.3 Enseignements en International Master Embedded Systems & Medical Image Engineering (IMESI), INSA Lyon et CPE-Lyon

- Depuis 2008 : **Signal Processing**, étudiants anglophones en échange international, (14h/an de cours sur un total de 42h/an pour le module SP). Responsabilité du module depuis 2010. Etude d'une chaîne de traitement numérique, échantillonnage, filtrage, interpolation, Transformée de Fourier, TZ, synthèse de filtres FIR et IIR. TD machines sous Matlab: analyse d'un signal DTMF, étude du signal de parole, synthèse de filtres IIR. Encadrement de projet tuteuré (5mois, 20 h/an de suivi). Exemple de projet proposé : « Computer-aided tumor detection stemmed from Dempster-Shafer Theory » [Udobata, 2011].

3.4 Enseignements en Information Science & Technology Semester (IST), INSA Lyon

- Depuis 2010 : **Signal Processing**, étudiants anglophones en échange international, (4h/an de cours sur un total de 20 h/an pour le module SIP). Echantillonnage et filtrage. Encadrement de projet tuteuré (5mois, 20 h/an de suivi). Dernier projet proposé : « Study of deformations applied to 3D single figure M-reps ».

Chapitre XIII

RESPONSABILITES COLLECTIVES ET ADMINISTRATIVES

Dans ce chapitre, je présente une synthèse de mes responsabilités collectives et administratives que j'ai exercées depuis septembre 2000.

1. RESPONSABILITES AU SEIN DE CREATIS

- Depuis 2011 : Représentant **élu au conseil d'unité** de CREATIS chargé en particulier de transmettre au conseil d'unité les préoccupations du personnel du collège B
- 2001-07 : Organisation des séminaires hebdomadaires. Mise à jour du programme sur l'intranet de CREATIS.

2. RESPONSABILITES AU SEIN DU DEPARTEMENT TELECOMMUNICATIONS DE L'INSA LYON

- Depuis 2011 : Membre **élu du conseil du département** Télécommunications de l'INSA Lyon pour le collège B.
- 2000-2004 : Responsable des relations avec les entreprises partenaires du département Télécommunications de l'INSA Lyon et de la collecte de la taxe d'apprentissage.
- 2000-2003 : Responsable du projet : « Vitrine Télécom », espace de démonstrateurs interactifs de matériel télécom professionnel pour le Département Télécommunications et le département Génie Electrique dans le cadre du projet régional « Les outils télécoms et le travail coopératif à distance ».
- 2001 : Responsable du projet de développement d'une application WEB de gestion des partenaires industriels pour le département Télécommunications.

Conclusion générale

Dans ce document, j'ai présenté mes principales contributions en fusion, filtrage et segmentation pour prendre en compte l'information multidimensionnelle et hétérogène issue de l'imagerie médicale. Une vue synthétique de ces développements associés à leur fondements méthodologiques et leur rayonnement vers diverses collaborations et applications est donnée dans la figure ci-dessous.

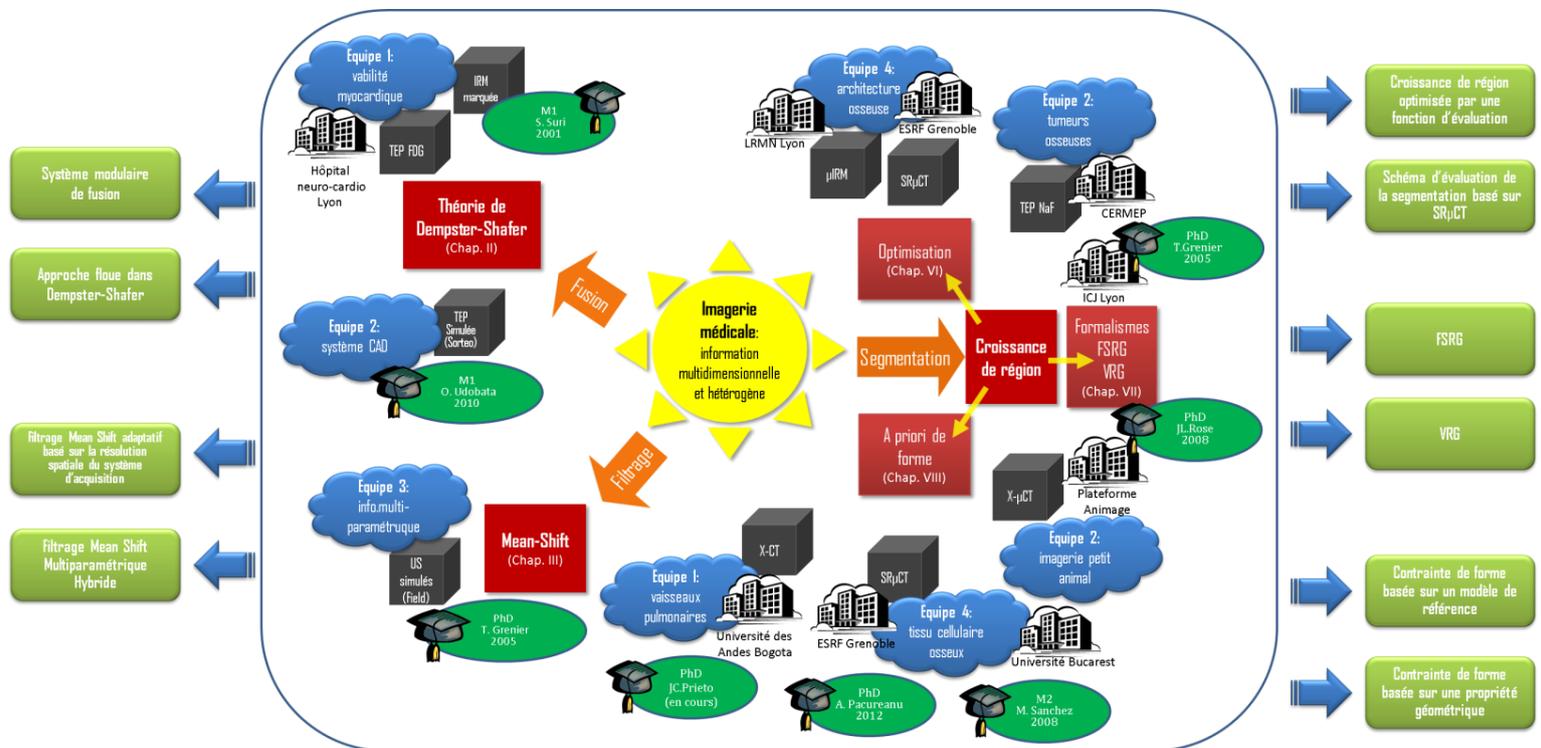


Figure 2: Synthèse de l'ensemble des contributions présentées dans ce mémoire.

Je ne reviendrai pas sur le bilan et les perspectives de ces trois thématiques de recherche que j'ai déjà exposés dans les conclusions des Parties 1 et 2 et qui sont consultables respectivement en p. 73 et p. 131.

Je préfère me focaliser sur les nouvelles perspectives que je souhaite donner à ma recherche. Cette réflexion a commencé avec la thèse de J.C. Prieto dont le but est la modélisation multiparamétrique et multi-échelle des organes, puis a mûri en ce début d'année 2012 à l'occasion d'un projet ANR dans la thématique « Modèles numériques » que j'ai rédigé. Ce projet n'a néanmoins pas été déposé par manque de temps : la partie budgétaire entre les différents partenaires n'ayant pas été finalisée. Dans ce projet, je proposais de développer une représentation médiale, multi-échelle et multiparamétrique à deux visées applicatives : i) une application médicale pour étudier la sclérose en plaque suivant les aspects tissulaire, vasculaire et neuronale à partir de l'imagerie IRM anatomo-fonctionnelle et ii) une application technique destinée à réaliser des simulations IRM réalistes des maladies neuro-dégénératives.

Je suis convaincue de l'intérêt d'une telle représentation pour explorer et analyser les données issues de l'imagerie médicale. Proposées par S. Pizer [Pizer, 03], les représentations médiales contrairement aux modèles surfaciques classiquement utilisés en traitement d'image offrent une information structurelle des objets en s'appuyant sur une version sophistiquée du squelette. Un de leurs avantages est de représenter par la même structure une classe d'objets tout en préservant sa variabilité. Ces représentations permettent de s'orienter relativement à l'objet, de faire des mesures locales et de mettre facilement en correspondance les différentes instances d'un objet. L'ensemble de ces propriétés font des représentations médiales un outil de choix pour les analyses statistiques comme par exemple l'établissement d'un modèle statistique de forme.

Une collaboration avec S. Pizer, directeur du MIDAG (Chapel Hill, Université de Caroline du Nord,) s'est concrétisée en 2012 par la signature d'un accord cadre entre l'INSA et l'UNC, par le séjour doctoral de 6 mois de J.C. Prieto et par ma visite au MIDAG en octobre. Nos intérêts sont convergents pour développer un modèle numérique réaliste dédié à la simulation d'image. Ce projet est une réponse aux besoins que j'ai souvent mentionnés au cours de ce mémoire de disposer de la vérité terrain et d'images simulées proches des images réelles.

La principale limitation pour obtenir une imagerie virtuelle aussi complexe que l'imagerie réelle réside dans notre incapacité à fournir aux simulateurs un objet virtuel réaliste. Le modèle que nous envisageons de mettre en œuvre reposera sur les modèles statistiques issus des représentations médiales : la simulation ne s'appuiera plus sur un modèle statique, mais sur un modèle évolutif capable de prendre en compte le degré d'évolution d'une pathologie. La simulation d'images IRM associée à différents stades d'une maladie neuro-dégénérative telle que la sclérose en plaque ou la maladie d'Alzheimer, deviendra possible.

Cet enjeu est considérable dans le domaine des essais cliniques contrôlé par les autorités réglementaires telles que la FDA (Food Drug Administration) ou la EMA (European Medicines Agency), puisque de telles simulations permettront de valider la pertinence, la robustesse et la précision de certaines mesures réalisées à partir de l'imagerie et de les faire reconnaître en tant que bio-marqueurs de la maladie ... Une solution pour la standardisation des bio-marqueurs par imagerie qui serait la bienvenue.

Références bibliographiques

Ci-après sont listées toutes les références citées dans le document. Les références en « gras » sont des références personnelles. L'ensemble de mes publications personnelles est donné Chapitre XI §7, p. 150.

- Abd-Elmoniem, K. Z., Youssef, A.-B. M., and Kadah, Y. M., "Real time speckle reduction and coherence enhancement in ultrasound imaging via nonlinear anisotropic diffusion," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 49, pp. 997-1014, September 2002 2002.
- Adams, R. and Bischof, L., "Seeded region growing," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 16, pp. 641-647, 1994.
- Ashton, E. A. and Parker, K. J., "Multiple resolution bayesian segmentation of ultrasound imaging," *Ultrasonic Imaging*, vol. 17, pp. 291-304, 1995.
- Aubert, G., Baudour, A., and Blanc-Feraud, L., "Détection et complétion de filaments : Une approche variationnelle et vectorielle," in *GRETSI, Groupe d'Etudes du Traitement du Signal et des Images*, Troyes, France., pp. 821-823, 2007.
- Barash, D., "A fundamental relationship between bilateral filtering, adaptive smoothing, and the nonlinear diffusion equation," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 24, pp. 844-847, Jun 2002.
- Barash, D. and Comaniciu, D., "A common framework for nonlinear diffusion, adaptive smoothing, bilateral filtering and mean shift," *Image and Vision Computing*, vol. 22, pp. 73-81, 2004.
- Behloul, F., Janier, M., Croisille, P., Poirier, C., Boudraa, A., Unterreiner, R., Mason, J., and Revel, D., "Mri-pet data fusion using soft computing for the automatic assessment of myocardial viability," in *Computers in cardiology 1998, vol 25*. vol. 25, pp. 29-32, 1998.
- Benoit-Cattin, H., Collewet, G., Belaroussi, B., Saint-Jalmes, H., and Odet, C., "The simri project : A versatile and interactive mri simulator," *J Magn Reson Imaging*, vol. 173, pp. 97-115, 2005.
- Beuf, O., Follet, H., Seurin, M. J., Rumelhart, C., Peyrin, F., and Briguët, A., "Trabecular structure assessment using high resolution mri and synchrotron radiation microtomography in calcaneus samples," in *International Society of Magnetic Resonance in Medicine Scientific Meeting Some City, Some Country*, 2002.

- Boukerroui, D., Basset, O., Baskurt, A., and Gimenez, G., "A multiparametric and multiresolution segmentation algorithm of 3-d ultrasound data," *IEEE Trans. on Ultrasonics, Ferroelectrics, and Frequency Control*, vol. 48, pp. 64-77, 2001.
- Boukerroui, D., Basset, O., Noble, A., and Baskurt, A., "Segmentation of ultrasound images - multiresolution 2d and 3d algorithm based on global and local statistics," *Pattern Recognition Letters*, vol. 24, pp. 779-790, 2003.
- Boykov, Y. Y. and Jolly, M. P., "Interactive graph cuts for optimal boundary and region segmentation of objects in n-d images," in *8th IEEE International Conference on Computer Vision, Vol I, Proceedings*, pp. 105-112, 2001.
- Caselles, V., Kimmel, R., and Sapiro, G., "Geodesic active contours," *International Journal of Computer Vision*, vol. 22, pp. 61-79, Feb-Mar 1997.
- Chan, T. and Zhu, W., "Level set based shape prior segmentation," in *Proceedings - 2005 IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, CVPR 2005, San Diego, CA, United States*, pp. 1164-1170, 2005.
- Chan, T. F. and Vese, L. A., "Active contours without edges," *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 10, pp. 266-277, 2001.
- Cheng, Y., "Mean shift, mode seeking, and clustering " *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.* , vol. 17 pp. 790-799 1995
- Cheng, Y. Z., "Mean shift, mode seeking, and clustering," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 17, pp. 790-799, Aug 1995.
- Chuang, C. H. and Lie, W. N., "Region growing based on extended gradient vector flow field model for multiple objects segmentation," in *IEEE International Conference on Image Processing, Thessaloniki*, pp. 74-77, 2001.
- Comaniciu, D. and Meer, P., "Robust analysis of feature spaces: Color image segmentation," in *Proceedings of the 1997 IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, Jun 17-19 1997, San Juan, PR, USA*, pp. 750-755, 1997.
- Comaniciu, D. and Meer, P., "Distribution free decomposition of multivariate data," *Pattern Analysis & Applications*, vol. 2, pp. 22-30, 1999/04// 1999a.
- Comaniciu, D. and Meer, P., "Mean shift: A robust approach toward feature space analysis," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 24, pp. 603-619, 2002.
- Comaniciu, D. and Meer, P., "Mean shift analysis and applications," in *Proceedings of the 1999 7th IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV'99), Sep 20-Sep 27 1999, Kerkyra, Greece*, pp. 1197-1203, 1999b.
- Comaniciu, D., Ramesh, V., and Meer, P., "The variable bandwidth mean shift and data-driven scale selection," in *8th International Conference on Computer Vision, Jul 9-12 2001, Vancouver, BC*, pp. 438-445, 2001.
- Cremers, D., Sochen, N., and Schnörr, C., "Towards recognition-based variational segmentation using shape priors and dynamic labeling," *Scale Space Methods in Computer Vision*, vol. 2695/2003, pp. 388-400, 2003.
- Davignon, F., Grenier, T., **Revol-Muller, C.**, Gimenez, G., and Basset, O., "Lissage et segmentation d'images multi-paramétriques ultrasonores par une approche 'mean shift'," in *GRETSI'05 Louvain-La-Neuve, Belgium*, 2005.

- Dehmeshki, J., Ye, X., and Costello, J., "Shape based region growing using derivatives of 3d medical images: Application to semi-automated detection of pulmonary nodules," in *IEEE International Conference on Image Processing*, Barcelona, Spain, pp. 1085-1088, 2003.
- Dempster, A., "A generalization of bayesian inference," *Journal of the Royal Statistical Society*, vol. 30 %6, pp. 205-247, 1968.
- Fan, J., Yau, D. K. Y., Elmagarmid, A. K., and Aref, W. G., "Automatic image segmentation by integrating color-edge extraction and seeded region growing," *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 10, pp. 1454-1466, 2001.
- Fashing, M. and Tomasi, C., "Mean shift is a bound optimization," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 27, pp. 471-474, 2005.
- Foulonneau, A., Charbonnier, P., and Heitz, F., "Affine-invariant geometric shape priors for region-based active contours," *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, vol. 28, pp. 1352-1357, 2006.
- Frangi, A. F., Niessen, W. J., Vincken, K. L., and Viergever, M. A., "Multiscale vessel enhancement filtering," in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - Miccai'98*. vol. 1496, pp. 130-137, 1998.
- Freedman, D. and Zhang, T., "Active contours for tracking distributions," *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 13, pp. 518-526, 2004.
- Fukunaga, K. and Hostetler, L. D., "Estimation of gradient of a density-function, with applications in pattern-recognition," *IEEE Transactions on Information Theory*, vol. 21, pp. 32-40, 1975 1975.
- Gastaud, M., Barlaud, M., and Aubert, G., "Combining shape prior and statistical features for active contour segmentation," *Circuits and Systems for Video Technology, IEEE Transactions on*, vol. 14, pp. 726-734, 2004.
- Glatard, T., Marion, A., Benoit-Cattin, H., Camarasu-Pop, S., Clarysse, P., Ferreira da Silva, R., Forestier, G., Gibaud, B., Lartizien, C., Liebgott, H., Moulin, K., and Friboulet, D., "Multi-modality image simulation with the virtual imaging platform: Illustration on cardiac mri and echography," in *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)* Barcelona, Spain, pp. 98-101, 2012.
- Grenier, T., "Apport de l'espace des caractéristiques et des paramètres d'échelle adaptatifs pour le filtrage et la segmentation d'image," in *Ecole doctorale EEA Lyon: Institut National des Sciences Appliquées de Lyon*, 2005a.
- Grenier, T., **Revol-Muller, C.**, Costes, N., Janier, M., and Gimenez, G., "Automated seeds location for whole body naf pet segmentation," *IEEE Trans Nucl Sci*, vol. 52, pp. 1401 - 1405, October 2005b.
- Grenier, T., **Revol-Muller, C.**, Costes, N., Janier, M., and Gimenez, G., "3d robust adaptive region growing for segmenting [18f] fluoride ion pet images," in *IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record*, San Diego, CA, United States, pp. 2644-2648, 2006a.
- Grenier, T., **Revol-Muller, C.**, Davignon, F., Basset, O., and Gimenez, G., "'Mean shift' adaptatif pour le lissage d'images ultrasonores," in *GRETSI'05 Louvain-La-Neuve*, Belgium, 2005c.
- Grenier, T., **Revol-Muller, C.**, Davignon, F., Basset, O., and Gimenez, G., "Multiparametric smoothing based on mean shift procedure for ultrasound data segmentation," in *EUSIPCO'05 Antalya*, Turkey, 2005d.
- Grenier, T., **Revol-Muller, C.**, Davignon, F., Basset, O., and Gimenez, G., "Variable bandwidth mean shift for smoothing ultrasonic images," in *EUSIPCO'05 Antalya*, Turkey, 2005e.

- Grenier, T., **Revol-Muller, C.**, and Gimenez, G., "Hybrid approach for multiparametric mean shift filtering," in *Proceedings international conference on image processing, vols 1-7*, pp. 1541-1544, 2006b.
- Jehan-Besson, S., Barland, M., and Aubert, G., "Dream2s: Deformable regions driven by an eulerian accurate minimization method for image and video segmentation," *International Journal of Computer Vision*, vol. 53, pp. 45-70, 2003.
- Jensen, J. A. and Munk, P., "Computer phantoms for simulation ultrasound b-mode and cfl images," in *23rd Acoust. Imag. Symp.*, Boston, MA, 1997.
- Jourlin, M., Bertrand, C., Coudert, J. L., Darsonville, F., Gremillet, P., Martinez, S., Pinoli, J. C., **Revol-Muller, C.**, and Trunde, F., "3d imaging applications at the lisa laboratory during the last ten years," *Microscopy Microanalysis Microstructures*, vol. 7, 1996.
- Jourlin, M. and Pinoli, J. C., "A model for logarithmic image-processing," *Journal of Microscopy-Oxford*, vol. 149, pp. 21-35, Jan 1988.
- Kapur, J. N., Sahoo, P. K., and Wong, A. K. C., "A new method for gray-level picture thresholding using the entropy of the histogram," *Computer Vision Graphics and Image Processing*, vol. 29, pp. 273-285, 1985.
- Kass, M., Witkin, A., and Terzopoulos, D., "Snakes: Active contour models," in *Proceedings - First International Conference on Computer Vision.*, London, Engl, pp. 259-268, 1987.
- Lartzien, C., Tomei, S., Le Pogam, A., Marache-Francisco, S., and Visvikis, D., "Impact of partial volume correction in whole-body pet imaging : A computer-aided detection study," in *IEEE Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference*, San Diego, CA, pp. 3214 - 3217 2009.
- Lee, H., Grosse, R., Ranganath, R., and Ng, A. Y., "Unsupervised learning of hierarchical representations with convolutional deep belief networks," *Communications of the Acm*, vol. 54, pp. 95-103, Oct 2011.
- Li, T., "Contributions au filtrage mean shift et à la segmentation. Application à l'ischémie cérébrale en imagerie irm," in *Ecole doctorale EEA Lyon Villeurbanne: Institut National des Sciences Appliquées de Lyon*, 2012.
- Li, T., Camarasu-Pop, S., Glatard, T., Grenier, T., and Benoit-Cattin, H., "Optimization of mean-shift scale parameters on the egee grid," in *Studies in health technology and informatics, Proceedings of Healthgrid 2010*. vol. 159, pp. 203-214, 2010.
- Li, T., Grenier, T., and Benoit-Cattin, H., "Color space influence on mean shift filtering," in *Proceedings - International Conference on Image Processing, ICIP Brussels, Belgium*, pp. 1469 - 1472, 2011.
- Liang, C. Q., Zhang, Y., Shi, P., and Hu, Z. G., "Learning very fast decision tree from uncertain data streams with positive and unlabeled samples," *Information sciences*, vol. 213, pp. 50-67, Dec 2012.
- Lin, Z., Jin, J., and Talbot, H., "Unseeded region growing for 3d image segmentation," *ACM International Conference Proceeding Series, 2000*, 2000.
- Lopez-Vallverdu, J. A., Riano, D., and Bohada, J. A., "Improving medical decision trees by combining relevant health-care criteria," *Expert Systems with Applications*, vol. 39, pp. 11782-11791, Oct 2012.

- Malladi, R., Sethian, J. A., and Vemuri, B. C., "Shape modeling with front propagation: A level set approach," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 17, pp. 158-175, 1995.
- Mehnert, A. and Jackway, P., "Improved seeded region growing algorithm," *Pattern Recognition Letters*, vol. 18, pp. 1065-1071, 1997.
- Mohamed, A. R., Dahl, G. E., and Hinton, G., "Acoustic modeling using deep belief networks," *IEEE Transactions on Audio Speech and Language Processing*, vol. 20, pp. 14-22, Jan 2012.
- Mohamed, A. R., Sainath, T. N., Dahl, G., Ramabhadran, B., Hinton, G. E., Picheny, M. A., and lee, "Deep belief networks using discriminative features for phone recognition," in *2011 IEEE international conference on acoustics, speech, and signal processing*, pp. 5060-5063, 2011.
- Mukundan, R., Ong, S. H., and Lee, P. A., "Image analysis by tchebichef moments," *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 10, pp. 1357-1364, 2001.
- Mukundan, R. and Ramakrishnan, K. R., *Moments functions in image analysis - theory and applications*. River Edge, NJ: World Scientific, 1998.
- Muller, C.**, Rombaut, M., and Janier, M., "Une architecture de fusion modulaire pour l'assistance au diagnostic medical," in *GRETSI*, Toulouse, France, pp. 140-143, 2001.
- Mumford, D. and Shah, J., "Optimal approximation by piecewise smooth functions and associated variational problems," *Communications on Pure and Applied Mathematics*, vol. 42, pp. 577-684, 1989.
- Nikiforov, A. V., Suslov, S. K., and V.B. U., *Classical orthogonal polynomials of a discrete variable*. Berlin: Springer, 1991.
- Odgaard, A. and Gundersen, H. J. G., "Quantification of connectivity in cancellous bone, with special emphasis on 3-d reconstructions," *Bone*, vol. 14, pp. 173-182, Mar-Apr 1993.
- Olabarriaga, S. D. and Smeulders, A. W. M., "Interaction in the segmentation of medical images: A survey," *Medical Image Analysis*, vol. 5, pp. 127-142, Jun 2001.
- Otsu, N., "Threshold selection method from gray-level histograms," *IEEE Transactions on Systems Man and Cybernetics*, vol. 9, pp. 62-66, 1979.
- Pacureanu, A., "Imaging the bone cell network with nanoscale synchrotron computed tomography," Institut National des Sciences Appliquées de Lyon 2012a.
- Pacureanu, A., Langer, M., Dong, P., **Revol-Muller, C.**, Buzuloiu, V., and Peyrin, F., "Imagerie microscopique 3d du réseau lacuno-canaliculaire dans l'os humain," in *GRETSI*, Bordeaux, 2011a.
- Pacureanu, A., Langer, M., **Revol-Muller, C.**, and Peyrin, F., "Imaging of the bone cell network with nanoscale synchrotron radiation computed tomography," in *SSBA 2012, Symposium on Image Analysis* Stockholm, Sweden, 2012b.
- Pacureanu, A., Larrue, A., Peter, Z., **Revol-Muller, C.**, Buzuloiu, V., and Peyrin, F., "Filtrage 3d non-linéaire pour la détection de microstructures biologiques à l'échelle nanométrique," in *XXIIe Colloque GRETSI - Traitement du Signal et des Images (GRETSI'09)*, Dijon, France, 2009.
- Pacureanu, A., **Revol-Muller, C.**, Rose, J. L., Sanchez-Ruiz, M., and Peyrin, F., "A vesselness-guided variational segmentation of cellular networks from 3d micro-ct," in *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro*, Rotterdam, Netherlands, pp. 912 - 915, 2010.

- Pacureanu, A., Rollet, J., **Revol-Muller, C.**, Buzuloiu, V., Langer, M., and Peyrin, F., "Segmentation of 3d cellular networks from sr-micro-ct images " in *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro*, Chicago, IL,USA, pp. 1970 - 1973 2011b.
- Paragios, N. and Deriche, R., "Geodesic active regions: A new framework to deal with frame partition problems in computer vision," *Journal of Visual Communication and Image Representation*, vol. 13, pp. 249-268, 2002.
- Paragios, N. and Deriche, R., "Geodesic active regions and level set methods for motion estimation and tracking," *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 97, pp. 259-282, 2005.
- Pei, S.-C. and Lin, C.-N., "Image normalization for pattern recognition," *Image and Vision Computing*, vol. 13, pp. 711-723, December 1995.
- Perona, P. and Malik, J., "Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion," *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, vol. 12, pp. 629-639, 1990.
- Peyrin, F., **Revol-Muller, C.**, Carillon, Y., Martin-Badosa, E., Nuzzo, S., Bonnassie, A., and Briguet, A., "Synchrotron radiation micro-ct : A reference tool for the characterization of bone samples," Big Sur Symposium, USA, 2000.
- Peyrin, F., Salome, M., Cloetens, P., Laval-Jeantet, A. M., Ritman, E., and Ruegsegger, P., "Micro-ct examinations of trabecular bone samples at different resolutions: 14, 7 and 2 micron level," *Technology and health care : official journal of the European Society for Engineering and Medicine*, vol. 6, pp. 391-401, 1998-Dec 1998.
- Prieto, J. C., Mihaila, S., Hilaire, A., Fanton, L., Odet, C., and **Revol-Muller, C.**, "Age estimation from 3d x-ray ct images of human fourth ribs," in *Worldcomp'12: 16th International Conference on Image Processing, Computer Vision, & Pattern Recognition IPCV'12* Las Vegas, Nevada, USA, 2012a.
- Prieto, J. C., Pérez Romanello, C., Pérez Romanello, V., **Revol-Muller, C.**, Odet, C., Orkisz, M., and Hernández Hoyos, M., "Segmentación del árbol vascular pulmonar," in *Conferencia Latinoamericana en Informática (CLEI)* Medellín, Colombia, 2012b.
- Prieto, J. C., **Revol-Muller, C.**, Odet, C., Orkisz, M., and Hernández Hoyos, M., "Crealungs: A variational region growing method to segment pulmonary vascular trees," in *ISBI VESSEL12 Challenge* Barcelona, Spain, 2012c.
- Reilhac, A., Batan, G., Michel, C., Grova, C., Tohka, J., Collins, D. L., Costes, N., and Evans, A. C., "Pet-sorteo: Validation and development of database of simulated pet volumes," *IEEE Transactions on Nuclear Science*, vol. 52, pp. 1321-1328, Oct 2005.
- Revol-Muller, C.**, Benoit-Cattin, H., Carillon, Y., Odet, C., Briguet, A., and Peyrin, F., "Bone mri segmentation assessment based on synchrotron radiation computed microtomography," in *Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference* Lyon, France, 2000a.
- Revol-Muller, C.**, Benoit-Cattin, H., Carillon, Y., Odet, C., Briguet, A., and Peyrin, F., "Bone mri segmentation assessment based on synchrotron radiation computed microtomography," *IEEE Transactions on Nuclear Science*, vol. 49, pp. 220-224, Feb 2002a.
- Revol-Muller, C.**, Grenier, T., Li, T., and Benoit-Cattin, H., "Feature space region growing," in *International Conference on Image Processing, ICIP'12* Orlando, Florida, USA, p. in press, 2012a.
- Revol-Muller, C.**, Grenier, T., Rose, J. L., Pacureanu, A., Peyrin, F., and Odet, C., "Region growing: Adolescence and adulthood ;two visions of region growing: In feature space and variational

- framework," in *VISAPP 2012. International Conference on Computer Vision Theory and Applications* Rome, Italy, pp. 286-297, 2012b.
- Revol-Muller, C.**, Grenier, T., Rose, J. L., Pacureanu, A., Peyrin, F., and Odet, C., "Region growing: When simplicity meets theory. Region growing revisited in feature space and variational framework," *Lecture Notes Series of Communications in Computer and Information Science (CCIS)*, Springer-Verlag, p. in press, 2012c.
- Revol-Muller, C.**, Peyrin, F., Carrillon, Y., and Odet, C., "Automated 3d region growing algorithm based on an assessment function," *Pattern Recognition Letters*, vol. 23, pp. 137-150, Jan 2002b.
- Revol-Muller, C.**, Peyrin, F., Odet, C., and Carillon, Y., "Automated 3d region growing algorithm governed by an evaluation function," in *2000 international conference on image processing, vol iii, proceedings*, pp. 440-443, 2000b.
- Revol-Muller, C.**, Rombaut, M., and Janier, M., "Dempster-shafer approach for high level data fusion applied to the assessment of myocardial viability," in *First International Workshop on Functional Imaging and Modeling of the Heart (FIMH'01)* Helsinki, Finland, 2001.
- Revol-Muller, C.**, Rose, J. L., Pacureanu, A., Peyrin, F., and Odet, C., "Shape prior in variational region growing," in *International Conference on Image Processing Theory, Tools and Applications, IPTA'12* Istanbul, Turquie, p. in press, 2012d.
- Revol, C.**, "Méthodes de segmentation bidimensionnelles et tridimensionnelles appliquées à l'imagerie odontologique et biomédicale," Université Jean Monnet de Saint Etienne, 1996.
- Revol, C.** and Jourlin, M., "New minimum variance region growing algorithm for image segmentation," *Pattern Recognition Letters*, vol. 18, pp. 249-258, 1997.
- Rombaut, M., **Muller, C.**, and Janier, M., "Modular fusion system for a computer-aided diagnosis of the miocardial viability," in *4ème Conférence Internationale sur la Fusion d'Information, International Society for Information Fusion ISIF* Montréal, Canada, 2001.
- Rose, J. L., "Croissance de région variationnelle et contraintes géométriques tridimensionnelles pour la segmentation d'image," Institut National des Sciences Appliquées de Lyon, 2008a.
- Rose, J. L., Grenier, T., **Revol-Muller, C.**, and Odet, C., "Unifying variational approach and region growing segmentation," in *18th European Signal Processing Conference (EUSIPCO-2010)*, Aalborg, Denmark, pp. 1781-1785, 2010.
- Rose, J. L., **Revol-Muller, C.**, Almajdub, M., Chereul, E., and Odet, C., "Shape prior integrated in an automated 3d region growing method," in *2007 ieee international conference on image processing, vols 1-7*, pp. 53-56, 2007.
- Rose, J. L., **Revol-Muller, C.**, Charpigny, D., and Odet, C., "Shape prior criterion based on tchebichef moments in variational region growing," in *IEEE International Conference on Image Processing ICIP'09*, Cairo, Egypt, pp. 1077-1080, 2009a.
- Rose, J. L., **Revol-Muller, C.**, Langlois, J. B., Janier, M., and Odet, C., "3d region growing integrating adaptive shape prior," in *2008 ieee international symposium on biomedical imaging: From nano to macro, vols 1-4*, pp. 967-970, 2008b.
- Rose, J. L., **Revol-Muller, C.**, Reichert, C., and Odet, C., "Variational region growing," in *VISAPP - In Conjunction with VISIGRAPP 2009*, pp. 166-171, 2009b.
- Rother, C., Kolmogorov, V., and Blake, A., ""Grabcut" - interactive foreground extraction using iterated graph cuts," *Acm Transactions on Graphics*, vol. 23, pp. 309-314, Aug 2004.

- Salome, M., Peyrin, F., Cloetens, P., Odet, C., Laval-Jeantet, A. M., Baruchel, J., and Spanne, P., "A synchrotron radiation microtomography system for the analysis of trabecular bone samples," *Medical Physics*, vol. 26, pp. 2194-2204, Oct 1999.
- Sandberg, K. and Brega, M., "Segmentation of thin structures in electron micrographs using orientation fields," *Journal of Structural Biology*, vol. 157, pp. 403-415, Feb 2007.
- Sato, Y., Nakajima, S., Shiraga, N., Atsumi, H., Yoshida, S., Koller, T., Gerig, G., and Kikinis, R., "Three-dimensional multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images," *Medical Image Analysis*, vol. 2, pp. 143-168, 1998.
- Sentz, K. and S., F., "Combination of evidence in dempster-shafer theory.," Thomas J. Watson School of Engineering and Applied Science, Binghamton University, New-York, USA 2002.
- Shafer, G., *A mathematical theory of evidence* vol. 2702: Princeton University Press, 1976.
- Sheather, S. J. and Jones, M. C., "A reliable data-based bandwidth selection method for kernel estimation," *J.R. Statist. Soc. B*, vol. 53(3), pp. 683-690, 1991.
- Silverman, B. W., *Density estimation for statistiques and data analysis*, Chapman and Hall ed. vol. 26. London, 1986.
- Simmons, C. A. and Hipp, J. A., "Method-based differences in the automated analysis of the three-dimensional morphology of trabecular bone," *Journal of Bone and Mineral Research*, vol. 12, pp. 942-947, Jun 1997.
- Smets, P., "What is dempster-shafer's model?." vol. 6 Bruxelles: IRIDIA-Université Libre de Bruxelles, 1991.
- Tomei, S., Marache-Francisco, S., Odet, C., and Lartizien, C., "Automatic detection of active nodules in 3d pet oncology imaging using the hotelling observer and the support vector machines: A comparison study," in *2008 ieee nuclear science symposium and medical imaging conference*, pp. 4580-4585, 2009.
- Tomei, S., Reilhac, A., Visvikis, D., Boussion, N., Odet, C., Giammarile, F., and Lartizien, C., "Oncopet_db: A freely distributed database of realistic simulated whole body 18f-fdg pet images for oncology," *IEEE Transactions on Nuclear Science*, vol. 57, pp. 246-255, Feb 2010 2010.
- Udobata, O., **Revol-Muller, C.**, and Lartizien, C., "Computer-aided tumor detection stemmed from the fuzzification of the dempster-shafer theory," in *SPIE Medical Imaging 2011: Computer-Aided Diagnosis*, Lake Buena Vista, Florida, United States, 2011.
- Wand, M. P. and Jones, M. C., *Kernel smoothing*, Chapman and Hall ed. vol. 60. London, 1995.
- Weickert, J., "Coherence-enhancing diffusion filtering," *International Journal of Computer Vision*, vol. 31, pp. 111-127, Apr 1999.
- Xu, C. and Prince, J. L., "Generalized gradient vector flow external forces for active contours," *Signal Processing*, vol. 71, pp. 131-139, 1998.
- Yongjian Yu and Acton, S. T., "Speckle reducing anisotropic diffusion," *IEEE Transaction on Image Processing*, vol. 11, pp. 1260-1270, November 2002 2002.
- Yu, D. and Frincke, D., "Alert confidence fusion in intrusion detection systems with extended dempster-shafer theory," in *Proceedings of the 43rd annual southeast regional conference*, New York, NY, USA, pp. 142-147, 2005.

- Zhu, S. C. and Yuille, A., "Region competition: Unifying snakes, region growing, and bayes/mdl for multiband image segmentation," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 18, pp. 884-900, 1996.
- Zucker, S. W., "Region growing: Childhood and adolescence," *Computer Graphics and Image Processing*, vol. 5, pp. 382-399, 1976.

Annexe

A.1 Optimisation de l'estimation par noyau de données monodimensionnelles

La similarité de l'estimation \hat{f} avec la vraie densité f dépend de plusieurs facteurs comme la valeur paramètre d'échelle h et la fonction noyau K .

La minimisation de l'Erreur Quadratique Moyenne Intégrée (EQMI) (A.1) entre l'estimation et la densité conduit à la détermination du facteur d'échelle optimal h_{opt} (A.2) et du noyau optimal K_e (A.3) appelé « noyau d'Epanechnikov ».

$$\begin{aligned}
 EQMI(\hat{f}(x)) &= E \left[\int_{-\infty}^{+\infty} (\hat{f}(x) - f(x))^2 dx \right] \\
 &= \int_{-\infty}^{+\infty} \left(E[\hat{f}(x)] - f(x) \right)^2 dx + \int_{-\infty}^{+\infty} \left(E \left[(\hat{f}(x) - E[\hat{f}(x)])^2 \right] \right) dx \quad (A.1) \\
 &= \int_{-\infty}^{+\infty} \left(\text{biais}[\hat{f}(x)] \right)^2 dx + \int_{-\infty}^{+\infty} \text{var}[\hat{f}(x)] dx
 \end{aligned}$$

$$h_{opt} = \left[\frac{R(K)}{n\mu_2^2(K)R(f'')} \right]^{1/5} \quad (A.2)$$

$$K_e(x) = \begin{cases} \frac{3}{4}(1-x^2) & |x| < 1 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (A.3)$$

avec : $\int K(x).dx = 1$, $\int x.K(x).dx = 0$ et $\mu_2(K) = \int x^2.K(x).dx \neq 0 < \infty$

et $R(g) = \int g^2(x).dx$

A.2 Optimisation de l'estimation par noyau de données multidimensionnelles

Comme pour l'estimation monodimensionnelle, l'EQMI permet d'évaluer la qualité de l'estimation et de déterminer des paramètres optimaux pour \mathbf{H} et K [Wand, 1995].

En se plaçant dans le cas très particulier où $\mathbf{H} = h^2 \mathbf{I}$, il est possible de trouver la valeur optimale de h au sens de l'EQMI multidimensionnelle :

$$h_{opt} = \left[\frac{d.R(K)}{n.\mu_2^2(K).\int(\nabla^2 f(\mathbf{x}))^2 d\mathbf{x}} \right]^{1/(d+4)} \quad (\text{A.4})$$

Le noyau optimum obtenu à partir de h_{opt} est le noyau d'Epanechnikov multivariable s'exprimant soit sous la forme de produit de noyaux K_e^P , soit sous la forme de noyau sphérique K_e^S :

$$K_e^P(\mathbf{x}) = \begin{cases} \left(\frac{3}{4}\right)^d \prod_{i=1}^d (1-x_i^2) & \text{si } |x_i| < 1 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (\text{A.5})$$

$$K_e^S(\mathbf{x}) = \begin{cases} \left(\frac{1}{2}\right) v_d^{-1} (d+2)(1-\mathbf{x}^T \mathbf{x}) & \text{si } |\mathbf{x}^T \mathbf{x}| \leq 1 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

avec $v_d = \frac{2\pi^{d/2}}{d\Gamma(d/2)}$ volume de l'hyper-sphère unité de dimension d et $\Gamma(x) = \int_0^\infty e^{-t} t^{x-1} dt$.

En supposant que f est une gaussienne réduite et en utilisant K_e^S , la valeur de h_{opt} devient h_e :

$$h_e = \left(8v_d^{-1} n^{-1} (d+4) (2\sqrt{\pi})^d \right)^{\frac{1}{d+4}} \quad (\text{A.6})$$

Le noyau gaussien est cependant souvent utilisé car c'est le seul noyau dont les expressions en produit de noyaux et noyau sphérique sont identiques. Pour ce noyau gaussien, et toujours dans l'hypothèse que f est une gaussienne réduite, h_{opt} notée h_g est égal à :

$$h_g = \left(\frac{4}{n.(d+2)} \right)^{\frac{1}{d+4}} \quad (\text{A.7})$$

A.3 Gradient de la densité et ses racines

La localisation des maxima locaux d'une fonction de densité peut se faire par la détermination des zéros de son gradient.

Pour estimer le gradient de la densité de probabilité $f(\mathbf{x})$, il suffit de calculer le gradient de l'estimation $\hat{f}(\mathbf{x})$:

$$\hat{\nabla}f(\mathbf{x}) \equiv \nabla\hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \nabla K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) \quad (\text{A.8})$$

L'expression (A.8) montre que l'estimation du gradient de la densité s'obtient également par une estimation non paramétrique par noyau avec comme noyau le gradient de $K_{\mathbf{H}}$.

1. Cas d'un noyau sphérique

Le gradient d'un noyau sphérique $K_{\mathbf{H}}$ présenté dans l'équation (III.5) p. 48 s'écrit :

$$\nabla K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}) = |\mathbf{H}|^{-1/2} \nabla K(\mathbf{H}^{-1/2} \mathbf{x}) \quad (\text{A.9})$$

On fait l'hypothèse que K a pour profil la fonction k tel que :

$$K(\mathbf{x}) = C_{k,d} \cdot k(\mathbf{x}^T \mathbf{x}) \quad (\text{A.10})$$

Le gradient de l'estimation est alors égal à :

$$\nabla\hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{2C_{k,d} \mathbf{H}^{-1}}{n |\mathbf{H}|^{1/2}} \sum_{i=1}^n (\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) k' \left((\mathbf{x} - \mathbf{x}_i)^T \mathbf{H}^{-1} (\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) \right) \quad (\text{A.11})$$

En posant $g(x) = -k'(x)$ et en réécrivant (A.11) pour faire apparaître l'expression d'un vecteur, on obtient finalement :

$$\nabla\hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{2C_{k,d} \mathbf{H}^{-1}}{n |\mathbf{H}|^{1/2}} \sum_{i=1}^n g \left(d_M^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}) \right) \left[\frac{\sum_{i=1}^n g \left(d_M^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}) \right) \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^n g \left(d_M^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}) \right)} - \mathbf{x} \right] \quad (\text{A.12})$$

où $d_M^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H})$ représente le carré de la distance de Mahalanobis (III.12).

Le but est de trouver les valeurs de \mathbf{x} qui annulent (A.12), ou de manière équivalente, qui annulent le vecteur entre crochets. Ce vecteur proportionnel au gradient de l'estimation est appelé vecteur « Mean Shift ([Fukunaga, 1975], [Cheng, 1995], [Comaniciu, 1997], [Fashing, 2005]).

2. Cas d'un produit de noyaux

Le gradient d'un noyau sphérique $K_{\mathbf{H}}$ présenté dans l'équation (III.10) p. 49 est un vecteur à d dimensions décomposé en c composantes dont la $j^{\text{ième}}$ composante s'écrit :

$$\nabla K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}) = 2 \cdot |\mathbf{H}|^{-1/2} \cdot \left(\prod_{i=1}^c C_{k_i, d_i} \right) k_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}) \left\{ \begin{array}{c} \vdots \\ \frac{\mathbf{H}_j^{-1} \cdot \mathbf{x}_j \cdot k_j'(\mathbf{x}_j^T \mathbf{H}_j^{-1} \mathbf{x}_j)}{k_j(\mathbf{x}_j^T \mathbf{H}_j^{-1} \mathbf{x}_j)} \\ \vdots \end{array} \right\} \quad j \in [1; c] \quad (\text{A.13})$$

avec :

$$k_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}) = \prod_{j=1}^c k_j(\mathbf{x}_j^T \mathbf{H}_j^{-1} \mathbf{x}_j) \quad (\text{A.14})$$

Le gradient de l'estimation est dans ce cas égal à :

$$\nabla \hat{f}(\mathbf{x}) = 2 \cdot \frac{\left(\prod_{i=1}^c C_{k_i, d_i} \right)}{n \cdot |\mathbf{H}|^{1/2}} \left\{ \begin{array}{c} \vdots \\ \mathbf{H}_j^{-1} \sum_{i=1}^n N(\mathbf{x}_j, \mathbf{x}_{i,j}, k_{\mathbf{H}}) \left[\frac{\sum_{i=1}^n N(\mathbf{x}_j, \mathbf{x}_{i,j}, k_{\mathbf{H}}) \cdot \mathbf{x}_{i,j}}{\sum_{i=1}^n N(\mathbf{x}_j, \mathbf{x}_{i,j}, k_{\mathbf{H}})} - \mathbf{x}_j \right] \\ \vdots \end{array} \right\} \quad j \in [1; c] \quad (\text{A.15})$$

avec :

$$N(\mathbf{x}_j, \mathbf{x}_{i,j}, k_{\mathbf{H}}) = k_{\mathbf{H}}(\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) \frac{g_j(d^2(\mathbf{x}_j, \mathbf{x}_{i,j}, \mathbf{H}_j))}{k_j(d^2(\mathbf{x}_j, \mathbf{x}_{i,j}, \mathbf{H}_j))} \quad (\text{A.16})$$

Par conséquent, le vecteur gradient s'annule au point \mathbf{X} si :

$$\mathbf{x}_j = \frac{\sum_{i=1}^n N(\mathbf{x}_j, \mathbf{x}_{i,j}, k_{\mathbf{H}}) \cdot \mathbf{x}_{i,j}}{\sum_{i=1}^n N(\mathbf{x}_j, \mathbf{x}_{i,j}, k_{\mathbf{H}})} \quad \text{pour tout } j \in [1; c] \quad (\text{A.17})$$

Remarquons que seul le produit de noyaux Gaussiens permet d'écrire le gradient du produit des profils comme étant égal au produit des dérivées des profils e.g. $(k_s k_r)' = k_s' k_r'$. Ce détail est souvent omis dans la littérature, la forme générale du gradient dans le cas du produit de noyaux n'ayant jamais été explicitement donnée.

Recueil de publications

Je propose dans ce recueil quelques publications issues de ma bibliographie, sur lesquelles s'appuie ce mémoire.

Articles dans des revues internationales

[J7] **C. Revol-Muller**, T. Grenier, J. L. Rose, A. Pacureanu, F. Peyrin, and C. Odet, "Region Growing: When Simplicity Meets Theory. Region growing revisited in feature space and variational framework", *Lecture Notes Series of Communications in Computer and Information Science (CCIS)*, Springer-Verlag, pp. in press, 2012.

NB : Bien que [J7] ne soit pas référencé dans la base JCR, je voudrais préciser que c'est un article de 20 pages qui repose sur les travaux de thèse de T. Grenier, J.L.Rose et A. Pacureanu, dans lequel je présente mes deux visions de la croissance de région (cf. Chap.VII : Formalismes pour la croissance de région). Ce papier a été publié dans le journal LNCS CCIS suite à la sélection de [C26, cf. p. 154] comme « Best Paper » à la conférence VISAPP'12, communication de 12 pages, qui a été retenue pour une présentation orale de 30 minutes à la session spéciale AIS « Advances in Segmentation ».

[J4] **C. Revol-Muller**, F. Peyrin, Y. Carillon, and C. Odet, "Automated 3D region growing algorithm based on an assessment function", *Pattern Recogn Lett*, vol. 23, no. 1-3, pp. 137-150, 2002.

[J3] **C. Revol-Muller**, H. Benoit-Cattin, Y. Carillon, C. Odet, A. Briguet, and F. Peyrin, "Bone MRI segmentation assessment based on synchrotron radiation computed microtomography", *IEEE Trans Nucl Sci*, vol. 49, no. 1, pp. 220-224, 2002.

Communications internationales avec acte et comité de lecture

[C20] J. L. Rose, T. Grenier, **C. Revol-Muller**, and C. Odet, "Unifying variational approach and region growing segmentation", *18th European Signal Processing Conference (EUSIPCO-2010)*, Aalborg, Denmark, pp. 1781-1785, 08/2010.

[C19] A. Pacureanu, **C. Revol-Muller**, J. L. Rose, M. Sanchez-Ruiz, and F. Peyrin, "A Vesselness-guided Variational Segmentation of Cellular Networks from 3D Micro-CT", *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI'10)*, Rotterdam, Netherlands, pp. 912-915, 06/2010.

[C12] T. Grenier, **C. Revol-Muller**, and G. Gimenez, "Hybrid approach for multiparametric mean shift filtering", *ICIP'06*, Atlanta, USA, pp. 1541-1544, 2006.

Region Growing: When Simplicity Meets Theory

Region growing revisited in feature space and variational framework

Chantal Revol-Muller¹, Thomas Grenier¹, Jean-Loïc Rose¹, Alexandra Pacureanu^{1,2},
Françoise Peyrin^{1,2} and Christophe Odet¹

¹CREATIS, CNRS UMR 5220, Inserm U1044, Univ. de Lyon 1, INSA-Lyon,
7 Av. Jean Capelle 69621, Lyon, France

²ESRF, BP 220, 38043 Grenoble Cedex, France

{muller, grenier, rose, odet}@creatis.insa-lyon.fr,
{joitapac, peyrin@esrf.fr}

Abstract. Region growing is one of the most intuitive techniques for image segmentation. Starting from one or more seeds, it seeks to extract meaningful objects by iteratively aggregating surrounding pixels. Starting from this simple description, we propose to show how region growing technique can be elevated to the same rank as more recent and sophisticated methods. Two formalisms are presented to describe the process. The first one derived from non-parametric estimation relies upon feature space and kernel functions. The second one is issued from a variational framework, describing the region evolution as a process which minimizes an energy functional. It thus proves the convergence of the process and takes advantage of the huge amount of work already done on energy functionals. In the last part, we illustrate the interest of both formalisms in the context of life imaging. Three segmentation applications are considered using various modalities such as whole body PET imaging, small animal μ CT imaging and experimental Synchrotron Radiation μ CT imaging. We will thus demonstrate that region growing has reached this last decade a maturation that offers many perspectives of applications to the method.

Keywords: Region growing, Feature space, Scale parameters, Variational approach, Shape prior energy, Vesselness.

1 Introduction

Life imaging by means of many modalities (X-ray Computed Tomography, Magnetic Resonance Imaging (MRI), Ultrasounds, Positron Emission Tomography (PET), etc.) allows a three-dimensional exploration of the anatomical structures with an increasing precision and provides the doctors or biologists with a huge amount of data to analyze. In order to leverage these high-tech imaging systems, it is of the utmost importance to have efficient software to automatically extract the objects of interest. This process called "image segmentation" is fundamental, since it determines the quality of the ulterior study, in terms of accuracy of measurements and quantitative

analysis carried out on the explored anatomical structures. Image segmentation is a strenuous problem, especially in life imaging, due to complexity of the anatomical objects, weak spatial resolution, special nature of the physical processes involved in the formation of the images as well as presence of noise and specific artifacts according to the imaging modalities and the imaged structures (artifacts of movement, physical artifacts of interface, inhomogeneity of the background...).

Since the first definition of segmentation given by Zucker in “Region Growing: Childhood and Adolescence” [1], many techniques have been proposed in literature to solve the problem : region growing [2-6], snakes and active contours [7-10] , level sets [11,12], graph cuts [13,14], etc. Among region-based approaches, region growing is often used in semi-interactive segmentation software. This technique is appreciated by the users for its simple, flexible and intuitive use. Generally, it consists in extracting a region of interest by aggregating all the neighboring pixels considered as homogeneous, starting from an initial set of seeds created manually [15] or automatically [16,17]. The criterion of homogeneity is evaluated from the grey levels of the region (statistical moments, parameters of texture, Bayesian approaches). However, the main disadvantage of region growing is to be badly affected by unwanted spread or leak outside the sought object since the process cannot distinguish connected structures with similar intensities or statistic properties. In order to solve problems due to objects connectivity, the integration of geometrical constraints during the growth is essential. Whereas some techniques are well suitable to take into account shape prior [18-21], region growing in its original description is not supported by a mathematical framework that could help it to do so, and thus sparse solutions are mainly ad-hoc [22,23].

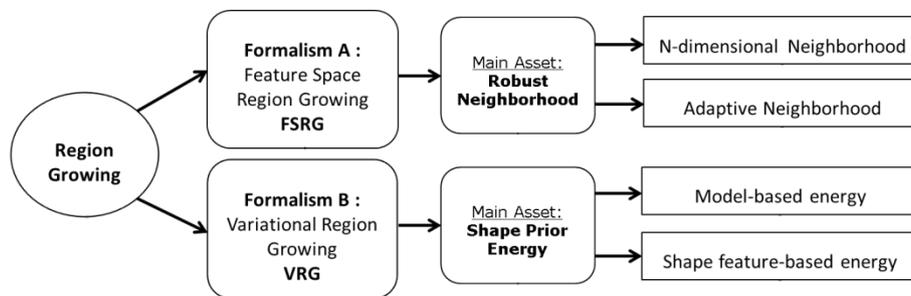


Fig. 1. : Two formalisms of region growing process

In this paper, we propose to underpin region growing by means of two formalisms (see Fig. 1). The first formalism is feature space oriented. It allows to process whatever kind of data (e.g. grey levels, physical parameters, spatial coordinates). Its major advantage is to define a robust neighborhood i.e a set of points belonging to the targeted population without considering outliers. Furthermore, this approach allows to describe adaptive approach since the neighborhood can be locally adjusted to the variation of the underlying probability density of data. We will demonstrate the interest of this approach by describing a multidimensional and an adaptive region growing.

The second formalism describes region growing in a variational framework. The region growing is viewed as an iterative and convergent process driven by an energy minimization. This formalism is especially useful to take into account whatever kind of energy based on different types of information e.g. contour, region or shape. We will illustrate this approach by detailing two solutions for integrating shape prior in region growing via: i) a model-based energy and ii) a feature shape energy. In Section 4, we show that region growing can be successfully used in the context of experimental life imaging. We present segmentation results in a wide range of applications starting from NaF PET images, small animal CT-imaging and also SR μ CT imaging. We will thus demonstrate that by means of these two formalisms, region growing can be easily designed to positively meet the needs of the applications.

2 Formalism A: Feature Space Region Growing (FSRG)

In this formalism, region growing aims to segment points that belong to a multidimensional space called feature space. We call this approach FSRG. The number of features used to describe a point determines the dimension of this space. This approach is especially useful in the context of medical imaging, where data to process comes from multimodality imaging techniques such as PET-CT devices or from maps of physical parameters such as ρ , T1, T2 in MRI or echogenicity, elasticity, diffusors density in ultrasound imaging. In FSRG, region growing seeks to group similar points together by using techniques stemmed from non-parametric density estimation based on kernel function. After some definition reminders, we set up the principle of FSRG.

2.1 Definitions

Region. A region R (resp. \bar{R}) is the set of the segmented (resp. non-segmented) points of a d -dimensional space \mathbb{R}^d . As region growing is an iterative process, the content of a region at an iteration t is noted $R^{[t]}$. The initial region $R^{[0]}$ is usually called the set of seeds.

FSRG formalism derives from the framework of non-parametric density estimation based on kernel function (for further details, see [24]) which consists in reconstructing the underlying density \hat{f} of multidimensional data $(\mathbf{x}_i \in \mathbb{R}^d, i = 1..n)$ by means of $K_{\mathbf{H}}$ a multivariate kernel function normalized by \mathbf{H} a matrix of scaled parameters as reminds in (1):

$$\hat{f}(\mathbf{x}; \mathbf{H}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) \quad (1)$$

Kernel. In FSRG, K also denotes a kernel function but with weaker constraints than in (1) (especially, no normalization requirement):

$$K(\mathbf{x}) : \begin{cases} \mathbb{R}^d \rightarrow [0,1] \\ K(\vec{0}) = \text{Max}(K(\mathbf{x})) \\ K(\vec{\infty}) \rightarrow 0 \end{cases} \quad (2)$$

For convenience, a profile k can be associated to K a radially symmetric kernel :

$$K(\mathbf{x}) = k(\mathbf{x}^T \mathbf{x}) \quad (3)$$

In particular, the special profile k_{rect} will be used :

$$k_{rect}(u) = \begin{cases} 1 & \text{if } |u| \leq 1 \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad u \in \mathbb{R}^+ \quad (4)$$

In our case, u corresponds to a squared distance between two points in the feature space such as:

$$d_M^2(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{H}) = (\mathbf{x} - \mathbf{y})^T \mathbf{H}^{-1} (\mathbf{x} - \mathbf{y}) \quad (5)$$

also called the Mahalanobis distance, where \mathbf{H} the matrix of scaled parameters, is symmetric and positive-definite. If \mathbf{H} is chosen diagonal, the computed distance is called the normalized Euclidian distance.

The points $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^d$ can be separated in c sub-vectors \mathbf{x}_j associated to their c features ($j \in [1, c]$). The matrix \mathbf{H} can similarly be decomposed in c submatrices \mathbf{H}_j :

$$\mathbf{H} = \begin{bmatrix} \mathbf{H}_1 & & 0 \\ & \ddots & \\ 0 & & \mathbf{H}_c \end{bmatrix} \quad (6)$$

Then, a multivariate kernel built from a product of spherical kernels can be expressed as a product of one-dimensional kernels K_j :

$$K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}) = \prod_{j=1}^c K_j \left(\left(\mathbf{x}_j^T (\mathbf{H}_j)^{-1} \mathbf{x}_j \right)^{1/2} \right) \quad (7)$$

$$K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x}) = \prod_{j=1}^c k_j \left(\left(\mathbf{x}_j^T (\mathbf{H}_j)^{-1} \mathbf{x}_j \right) \right)$$

By convention, s (resp. r) index will represent spatial (resp. range) feature.

Robust neighborhood. We call $N(\mathbf{y})$ the robust neighborhood of a point \mathbf{y} , the set of points that contains all those, which satisfy a special condition and lets apart the outliers.

$$N(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{H}) \right) = 1 \right\} \quad (8)$$

where X is a subset of \mathbb{R}^d such as: $X \subset \mathbb{R}^d$.

This writing is powerful since it allows to deal with data represented in a feature space through a distance associated to each feature. Moreover, similarly to non-parametric estimation, the scale parameters can be adapted to each point of the space by means of a local matrix $\mathbf{H}_{|\mathbf{y}}$. For instance, in case of spatial and range features, the adaptive robust neighborhood $N(\mathbf{y})$ can be written as a product of profiles with adaptive scale parameters:

$$N(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_s, \mathbf{y}_s, \mathbf{H}_{s|\mathbf{y}}) \right) \cdot k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_r, \mathbf{y}_r, \mathbf{H}_{r|\mathbf{y}}) \right) = 1 \right\} \quad (9)$$

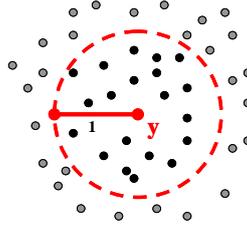


Fig. 2. : Robust neighborhood $N(\mathbf{y})$ represented by the set of black points

2.2 Principle of FSRG

Iterative process. Region growing is an iterative process that aims to agglomerate new points to an existing region while a special condition is checked. The set of new points at each iteration will be denoted $B^{[t]}$ since this set is spatially included in a narrow band around the current region $R^{[t]}$. Starting from an initial region $R^{[0]}$, the evolution process can be described by (10) :

$$R^{[t+1]} = R^{[t]} \cup B^{[t]} \quad (10)$$

This step is repeated until convergence, i.e. the current region does not evolve anymore: $R^{[t+1]} = R^{[t]}$.

Narrow band $B^{[t]}$. The set $B^{[t]}$ is tightly related to the notion of robust neighborhood previously defined in section 2.1. It can be defined as the set of points $\{\mathbf{y}\}$,

which do not belong to $R^{[l]}$, but whose robust neighborhood $N(\mathbf{y})$ contains at least a point of $R^{[l]}$.

$$B^{[l]} = \left\{ \mathbf{y} \in \bar{R}^{[l]} \mid N(\mathbf{y}) \cap R^{[l]} \neq \emptyset \right\} \quad (11)$$

It can be noted that the selection of the new points and the behavior of the region growing rely entirely upon the robust neighborhood $N(\mathbf{y})$.

In the next section, we take advantage of the open formalism of FSRG to describe two kinds of region growing: i) a multidimensional region growing and ii) a locally adaptive region growing.

2.3 Two illustrations of FSRG

In the following, the definition of the narrow band $B^{[l]}$ (11) and the principle of evolution (10) stay identical; the methods differ only by their specific robust neighborhood.

Multidimensional region growing (MRG). The description of a multidimensional region growing as mentioned in [25] is straightforward with FSRG. The multivariate kernel used in the robust neighborhood can process both spatial and range features of the set X .

$$N(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_s, \mathbf{y}_s, \mathbf{H}_s) \right) \cdot k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_r, \mathbf{y}_r, \mathbf{H}_r) \right) = 1 \right\} \quad (12)$$

$N(\mathbf{y})$ contains the points spatially close to \mathbf{y} and with a range feature similar to \mathbf{y}_r . The maximum extents are controlled by the matrices \mathbf{H}_s and \mathbf{H}_r .

Adaptive region growing (ARG). In [6], the authors present a Robust Adaptive Region Growing (Road RG) which can be rewritten within FSRG framework. This method integrates local information about the average grey levels of near points belonging to $R^{[l]}$ and the average norm of the gradient in some vicinity of the tested point (see Fig. 3).

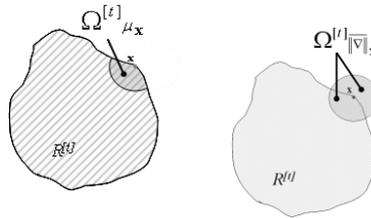


Fig. 3. Local information used in Road RG

Thus, the robust neighborhood can take the following form:

$$N(\mathbf{y}) = \left\{ \mathbf{x} \in X \mid k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_s, \mathbf{y}_s, \mathbf{H}_s) \right) \cdot k_{rect} \left(d^2(\mathbf{x}_r, \mathbf{y}_r, \mathbf{H}_{r|\mathbf{y}}) \right) = 1 \right\} \quad (13)$$

The scale parameters in matrix \mathbf{H}_s are constant for the spatial features but those of the matrix $\mathbf{H}_{r|\mathbf{y}}$ for the range features are adapted to each point \mathbf{y} . In the context of RoAd RG, the range feature is one-dimensional, so $\mathbf{H}_{r|\mathbf{y}}$ is simply a scalar value updated for each point \mathbf{y} . This value can be easily determined from the adaptive range of the tolerate variation presented in the paper.

To sum up, FSRG is a useful formalism which unifies many region growing approaches previously presented in the literature. Furthermore, the description in feature space widens the possibilities of region growing which is not restricted anymore to a segmentation method dedicated to grey level images. The robust neighborhood grounded on kernel density estimation leverages the technique and offers many advantages such as the ability to describe adaptive approach by means of scale parameters. In the next section, we present a second formalism for region growing which profits from the powerful variational framework.

3 Formalism B: Variational Region Growing (VRG)

Variational Region Growing formalism (VRG) describes the region growing as an optimization process that aims to minimize some functional called energy, by analogy with many physics phenomena. It relies upon the hypothesis that for an energy judiciously chosen, the segmented region corresponds to pixels that minimizes the energy. This approach is widely used in many segmentation techniques e.g. Bayesian segmentation, active contours, level sets, graph-cuts, but so far, not fully capitalized by region growing [2,26,27,6,23]. It was only in 2009 that VRG was firstly described in literature by [28,29].

3.1 Definitions

Region representation. The evolving region is represented by a characteristic function $\Phi_{\mathbf{x}}$ defined as:

$$\Phi_{\mathbf{x}} = \Phi(\mathbf{x}) = \begin{cases} 1, & \text{if } \mathbf{x} \in \Omega_{in} \\ 0, & \text{if } \mathbf{x} \in \Omega_{out} \end{cases} \quad (14)$$

where $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^d$ is an element of the image domain Ω , Ω_{in} the subset representing the segmented region in Ω and $\Omega_{out} = \Omega \setminus \Omega_{in}$ the absolute complement of Ω_{in} representing the background.

The initial region ($t = 0$) is described by the characteristic function Φ^0 :

$$\Phi^0 = \{\mathbf{x} \in \Omega \mid \Phi(\mathbf{x}, t=0) = 1\} \quad (15)$$

ε -Neighborhood. The ε -neighborhood of a point \mathbf{u} of the metric space Ω is the set of all points close to \mathbf{u} in accordance with Euclidian distance:

$$N_\varepsilon(\mathbf{u}) = \{v \in \Omega \mid \|v - \mathbf{u}\| \leq \varepsilon\} \quad (16)$$

The outer (resp. inner) boundary δ_ε^+ (resp. δ_ε^-) of Ω_{in} is defined as follows:

$$\begin{aligned} \delta_\varepsilon^+ &= \{v \in \Omega_{out} \mid \exists u \in \Omega_{in}, v \in N_\varepsilon(u)\} \\ \delta_\varepsilon^- &= \{v \in \Omega_{in} \mid \exists u \in \Omega_{out}, v \in N_\varepsilon(u)\} \end{aligned} \quad (17)$$

The union of inner and outer boundaries can also be noted δ_ε^\pm .

3.2 Principle of VRG

VRG aims to achieve the desired image partition by switching the discrete function Φ_x , in order to minimize an energy functional which models the structure to detect. Of course, this energy functional must be correctly designed in such a way that its minimum corresponds to the solution of the segmentation i.e. the sought object.

Segmentation by variational approach. In a variational approach, the segmentation is expressed as an optimization process:

$$\Phi^* = \arg \min_{\Phi} J(\Phi) \quad (18)$$

where Φ^* is the optimal partition of image obtained by minimizing the energy $J(\Phi)$.

In order to iteratively find the solution, an artificial time-variable t is introduced, thus allowing to relate $\Delta_t \Phi$ the time-dependent variation of Φ with $\Delta J(\tilde{\Phi})$ the estimated variation of the energy for $\tilde{\Phi}$ a small alteration of Φ as follows:

$$\Delta_t \Phi + F(\Phi, \Delta J(\tilde{\Phi})) = 0 \quad (19)$$

where F is a functional controlling the region evolution.

Equation of evolution. In VRG, the evolution of the region is a discrete process in both spatial and time domains because elements of Ω are sampled on a grid and iterations depend on a discrete-time variable n .

In this case, the aim of F is to induce the switch of Φ values, each time that yields a reduction of the energy i.e. $\Delta J(\tilde{\Phi}) < 0$. Thus, F can be expressed as a function of $\Delta J(\tilde{\Phi})$ and $c(\Phi)$ the switch state command expressed in (22), as follows:

$$F(\Phi, \Delta J(\tilde{\Phi})) = -c(\Phi) \cdot H(-\Delta J(\tilde{\Phi})) \quad (20)$$

where H stands for the one-dimensional Heaviside function:

$$H(z) = \begin{cases} 0 & \text{if } z < 0 \\ 1 & \text{if } z \geq 0 \end{cases} \quad (21)$$

The command $c(\Phi)$ leads to the switch of $\Phi_{\mathbf{x}}$ at a point \mathbf{x} by means of the next operation:

$$c(\Phi_{\mathbf{x}}) = 1 - 2\Phi_{\mathbf{x}} \quad (22)$$

From (19) and (20) the evolution of the region can be written as:

$$\Delta_t \Phi - c(\Phi) \cdot H(-\Delta J(\tilde{\Phi})) = 0 \quad (23)$$

The equation (23) is solved iteratively by numerical methods starting from Φ^0 . We note Φ^n the region function at iteration n . The values of the function Φ at the iteration $n+1$ are evaluated at each point as follows:

$$\Phi_{\mathbf{x}}^{n+1} = \Phi_{\mathbf{x}}^n + c(\Phi_{\mathbf{x}}^n) \cdot H(-\Delta J(\tilde{\Phi}_{\mathbf{x}}^n)) \quad (24)$$

Depending on the sign of $\Delta J(\tilde{\Phi}_{\mathbf{x}}^n)$, the value of $\Phi_{\mathbf{x}}^{n+1}$ is switched or remains unchanged. The evolution stops when Φ^n does not encounter any modification at the assessed points.

Vicinity to assess. In VRG, at each iteration, only a limited set of voxels are evaluated for possible aggregation. These voxels are selected by defining a vicinity which surrounds the boundary of the segmented region. The width of this vicinity depends on the size of the ε -neighborhood (16) used to defined the outer and inner boundaries (17). The aim of this vicinity is similar to the narrow band used in level sets. Most of the time, only the outer boundary is considered for the evolution of the region. However, if the inner boundary is included in the vicinity, that means that points belonging previously to the evolving region can be tested at the next iteration and possibly ejected. The vicinity is taken into account in the equation of evolution (24) by replacing $c(\Phi_{\mathbf{x}}^n)$ by $c_{\varepsilon}(\Phi_{\mathbf{x}}^n)$:

$$c_{\varepsilon}(\Phi_{\mathbf{x}}^n) = \begin{cases} c(\Phi_{\mathbf{x}}^n) & \text{if } \mathbf{x} \in \delta_{\varepsilon}^{\pm} \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (25)$$

Energy variation. Since the evolution of the region depends on the energy variation $\Delta J(\tilde{\Phi}_x^n)$, it is of interest to find out a common expression of this variation for a wide class of energies. Among the plethora of energies proposed in the literature, we restrict the study on region-based energies. In [30], the author presents a general expression of a region-based energy obtained from a “region-independent” descriptor k_x as:

$$J(\Omega_{in}) = \int_{\Omega_{in}} k_x d\mathbf{x} \quad (26)$$

In our discrete case, the expression of the energy becomes:

$$J(\Phi^n) = \sum_{\mathbf{x} \in \Omega} k_x \Phi_x^n \quad (27)$$

Given the energy $J(\Phi^n)$ at the iteration n , we evaluate the energy $J(\tilde{\Phi}^n)$ that would result from the state switch of a candidate voxel \mathbf{v} . The assessed state switch of \mathbf{v} is defined by:

$$\tilde{\Phi}_v^n = 1 - \Phi_v^n \quad (28)$$

Thus:
$$\tilde{\Phi}_x^n = \Phi_x^n \quad \text{for all } \mathbf{x} \neq \mathbf{v} \quad (29)$$

From the relations (27), (28), (29) the evaluated energy can be then written as:

$$J(\tilde{\Phi}^n) = k_v \cdot \tilde{\Phi}_v^n + \sum_{\mathbf{x} \neq \mathbf{v}, \mathbf{x} \in \Omega} k_x \cdot \Phi_x^n \quad (30)$$

$$J(\tilde{\Phi}^n) = k_v \cdot (1 - \Phi_v^n) - k_v \cdot \Phi_v^n + k_v \cdot \Phi_v^n + \underbrace{\sum_{\mathbf{x} \neq \mathbf{v}} k_x \cdot \Phi_x^n}_{J(\Phi^n)} \quad (31)$$

Therefore, the energy variation $\Delta J(\tilde{\Phi}_v^n)$, associated to a single voxel \mathbf{v} have the following formulation:

$$\Delta J(\tilde{\Phi}_v^n) = (1 - 2\Phi_v^n) \cdot k_v \quad (32)$$

This expression for the evolution of the energy functional is valid for any region-independent descriptor k_v .

Example of region-based energy. In [31], the authors propose a region-based energy based on the average grey level calculated inside and outside the segmented region:

$$J_I(\Phi_x) = \lambda_{int} \sum_{\mathbf{x}} |f(\mathbf{x}) - \mu_{in}|^2 \Phi_x + \lambda_{ext} \sum_{\mathbf{x}} |f(\mathbf{x}) - \mu_{out}|^2 (1 - \Phi_x) \quad (33)$$

where μ_{in} (resp. μ_{out}) is the average intensity in Ω_{in} (resp. Ω_{out}) and $f(\mathbf{x})$ the intensity value of the pixel \mathbf{x} .

According to (32), the variation of this energy expresses as following:

$$\Delta J_I(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n) = (1 - 2\Phi_{\mathbf{v}}^n) \left[|f(\mathbf{v}) - \mu_{in}|^2 - |f(\mathbf{v}) - \mu_{out}|^2 \right] \quad (34)$$

To sum up the section 3.2, VRG formalism describes region growing as an iterative process that converges towards a minimum of energy. VRG is a powerful formalism since it allows to deal with whatever kind of energies. The next section presents two solutions to constrain region growing by shape prior from: i) a model-based energy and ii) a feature shape energy.

3.3 Integration of shape prior

Model-based energy. The definition of a model-based energy is conceivable when a reference shape is available. This approach was successfully implemented by [32,20]. It consists in describing the shape by descriptors such as Legendre or Chebyshev moments. Then, a shape distance based on these descriptors must be carefully defined in order to compare the shape of the evolving region with the one of the reference object. The shape energy governing the region growing is tightly related to this distance. In the following, we briefly remind the approach proposed by [32] that relies on a shape energy based on Chebyshev moments.

Chebyshev moments. The Chebyshev moments of order $p+q$ of a binary image of size $N \times N$ defined by a characteristic function $\Phi_{\mathbf{x}}$ are expressed using the scaled orthogonal Chebyshev polynomials $t_{p,N}(\cdot)$, as follows:

$$T_{pq} = C_{pq} \cdot \sum_{\mathbf{x} \in \Omega} t_{p,N}(x_1) t_{q,N}(x_2) \Phi_{\mathbf{x}} \quad p, q = 0, 1, 2, \dots, \eta-1 \quad \eta \leq N \quad (35)$$

where the p -th order Chebyshev polynomial is given by:

$$t_{p,N}(x_1) = \frac{p!}{N^p} \sum_{k=0}^p (-1)^{p-k} \binom{N-1-k}{p-k} \binom{p+k}{p} \binom{x_1}{k} \quad (36)$$

These moments are made invariant by using an affine transformation T^{aff} [33] such as $\mathbf{u} = T^{\text{aff}} \mathbf{x}$, thus allowing shape alignment during the segmentation:

$$V_{pq} = C_{pq} \cdot \sum_{\mathbf{x} \in \Omega} t_{p,N}(u_1) t_{q,N}(u_2) \Phi_{\mathbf{x}} \quad \text{with } \mathbf{u} = [u_1, u_2] \quad (37)$$

Shape prior energy. The shape prior energy is based on the weighted Frobenius distance. It measures the difference between the set of moments describing the inside of the evolving region Φ^n and the set of moments of the reference object.

$$J_{prior}(\Phi^n) = \sum_{p,q}^{p,q < \eta} H_{pq}(\sigma)^2 \cdot (T_{pq}(\Phi^n) - T_{pq}^{ref})^2 \quad (38)$$

where H_{pq} is a weighting positive function used to adapt the criterion to the Chebyshev moment hierarchy:

$$H_{pq}(\sigma) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} \exp\left(-\frac{(p+q)^2}{2\sigma^2}\right) \quad (39)$$

Variation of the shape prior energy. The principle used to determine the variation of energy $\Delta J(\tilde{\Phi}_v^n)$ is the same as 3.2. The variation at the voxel \mathbf{v} is given by the following equation:

$$\Delta J_{prior}(\tilde{\Phi}_v^n) = (1 - 2\Phi_v^n) \cdot \sum_{p,q}^{p,q < \eta} H_{pq}(\sigma) \cdot (2T_{pq}^n R_v + (1 - 2\Phi_v^n) R_v^2 - 2T_{pq}^{ref} R_v) \quad (40)$$

where $R_v = C_{pq} t_{p,N}(u_1) t_{q,N}(u_2)$.

Depending on the sign of $\Delta J(\tilde{\Phi}_v^n)$ value, the region function Φ^n will evolve by aggregating or rejecting a point belonging to the vicinity of Φ^n .

Total energy. In order to define a process of segmentation that depends on both grey levels of the image and shape prior given by the reference model, a mixed energy $J_T(\Phi_x)$ must be introduced in VRG:

$$J_T(\Phi_x) = J_I(\Phi_x) + \alpha \cdot J_{prior}(\Phi_x) \quad (41)$$

with $J_I(\Phi_x)$ the energy of Chan and Vese presented in (33) and $J_{prior}(\Phi_x)$ the shape prior-energy defined in (38). The hyper-parameter α balances the influence of shape prior and image data.

The variation of the total energy at the voxel \mathbf{v} will take into account the variation of each energy:

$$\Delta J_T(\tilde{\Phi}_v^n) = \Delta J_I(\tilde{\Phi}_v^n) + \alpha \cdot \Delta J_{prior}(\tilde{\Phi}_v^n) \quad (42)$$

In the next section, another kind of shape prior energy is proposed. This energy derives from special shape features of the sought structure.

Energy based on shape features. The energy based on a shape feature is defined by a functional, which takes into account some information on the geometry of the structure to detect. For instance, the structure of the object can be mainly tubular. Such an energy is presented in [34], the authors propose to introduce vesselness information in the energy functional in order to improve the spread of the region growing into tubu-

lar structures. The vesselness information is obtained by a special filtering based on Hessian matrix [35,36], which yields a probability map of the tubular-like structures in the image. The filter can be tuned to enhance tubular features of a particular size. The energy functional $J_{FS}(\Phi_{\mathbf{x}})$ combines $f(\mathbf{x})$ the intensity information in the original image and $v(\mathbf{x})$ the vesselness information obtained from Sato or Frangi filtered image. Each term of the energy is weighted by the likelihood that the current element belongs to a tubular structure, which is given by the value of $v(\mathbf{x})$.

$$J_{FS}(\Phi_{\mathbf{x}}) = J_f(\Phi_{\mathbf{x}}) + J_v(\Phi_{\mathbf{x}}) \quad (43)$$

Where:

$$J_v(\Phi_{\mathbf{x}}) = \sum_{\mathbf{x}} v(\mathbf{x}) |v(\mathbf{x}) - \mu_{v_{in}}|^2 \Phi_{\mathbf{x}} + \sum_{\mathbf{x}} v(\mathbf{x}) |v(\mathbf{x}) - \mu_{v_{out}}|^2 (1 - \Phi_{\mathbf{x}}) \quad (44)$$

$$J_f(\Phi_{\mathbf{x}}) = \sum_{\mathbf{x}} (1 - v(\mathbf{x})) |f(\mathbf{x}) - \mu_{f_{in}}|^2 \Phi_{\mathbf{x}} + \sum_{\mathbf{x}} (1 - v(\mathbf{x})) |f(\mathbf{x}) - \mu_{f_{out}}|^2 (1 - \Phi_{\mathbf{x}}) \quad (45)$$

with $v(\mathbf{x})$ the vesselness similarity measure at the voxel \mathbf{x} and $\mu_{v_{in}}, \mu_{v_{out}}$ (respectively $\mu_{f_{in}}, \mu_{f_{out}}$) the average grey levels of the domains Ω_{in} and Ω_{out} in the filtered image $v(\mathbf{x})$ (respectively in the original image $f(\mathbf{x})$).

The variation of the energy functional at the voxel \mathbf{v} expresses as follows:

$$\Delta J_{FS}(\tilde{\Phi}_{\mathbf{v}}^n) = (1 - 2\Phi_{\mathbf{v}}^n) (k_v(J_v) + k_v(J_f)) \quad (46)$$

Where:
$$k_v(J_v) = v(\mathbf{v}) \left(|v(\mathbf{v}) - \mu_{v_{in}}|^2 - |v(\mathbf{v}) - \mu_{v_{out}}|^2 \right) \quad (47)$$

$$k_v(J_f) = (1 - v(\mathbf{v})) \left(|f(\mathbf{v}) - \mu_{f_{in}}|^2 - |f(\mathbf{v}) - \mu_{f_{out}}|^2 \right) \quad (48)$$

$v(\mathbf{v}) \in [0, 1]$ can be seen as a measure of the probability of the voxel \mathbf{v} to be part of a tube-like structure. During the segmentation evolution, when a tested voxel belongs to a tubular structure $v(\mathbf{v})$ is close to 1, therefore, the term $k_v(J_v)$ in the equation (46) is preponderant. If the considered voxel is part of the background or of non-tubular structure, $v(\mathbf{v})$ is close to 0 and the term $k_v(J_f)$ becomes preponderant, hence the intensity in the original image is taken into account. As we will see in the section 4.3, this energy permits to detect both lacunae and canaliculi and, by propagation on the line enhancement provided by Sato's filter, it makes possible to reconnect parts of the same canaliculus.

4 Applications to medical and biomedical imaging

In this section, we illustrate the use of region growing in the context of life imaging. Three region growing methods derived from FSRG and VRG formalisms were applied to segment images from various modalities such as whole body PET images, small animal μ CT images and SR μ CT images of lacuno-canicular network.

4.1 FSRG ARG: whole body PET images of bone activity

[^{18}F]fluoride ion PET images. Fig. 4a displays an example of a whole body [^{18}F]fluoride ion PET study, obtained with a standard protocol of [^{18}F]fluoride ion PET acquisition described in [37]. The dimensions of the volume are 128x128x349 pixels and the grey levels are coded in short format (16 bits). The intensity values are proportional to the tracer uptake. Through the plots of two profiles, Fig. 4d and Fig. 4e highlight the high variations of the intensity and the strong inhomogeneity of the tracer uptake due to bone metabolism. The white line and curve used for the profiles were drawn on the same slice located in the skull (Fig. 4b and Fig. 4c).

Results. In this application, the aim is to segment the skull and the spinal column in whole body [^{18}F]fluoride ion PET studies. The adaptive region growing ARG described in 2.3 was chosen to perform this segmentation due to its ability to adapt to the local inhomogeneity of the signal by means of its local scale parameter.

ARG was compared to a non-adaptive region growing method NARG, thus defined: tested voxels are agglomerated if their grey levels belong to a predetermined range of variation around the mean grey level of the evolving region. In both methods, the initial seeds were automatically set up by a procedure described in [37].

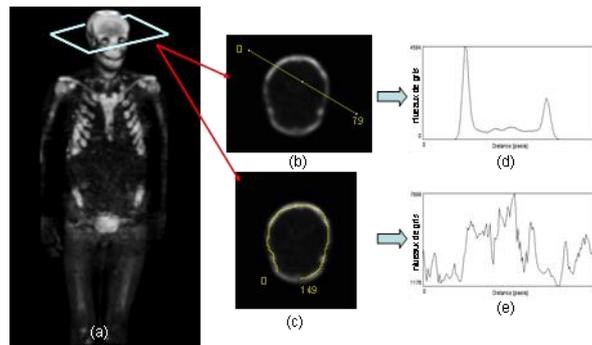


Fig. 4. (a) Whole body [^{18}F]fluoride ion PET image; (b), (c) the same slices in the skull; (d), (e) two profiles of intensity

Fig. 5c and Fig. 5d display the results of the segmentation with NARG and ARG. For both methods, tuning parameters were experimentally adjusted. In the skull, ARG leads to a better segmentation than NARG, since the evolving region has successfully

spread over the whole structure despite the high variations of the intensities. That demonstrates the improvements provided by the use of the adaptive parameters.

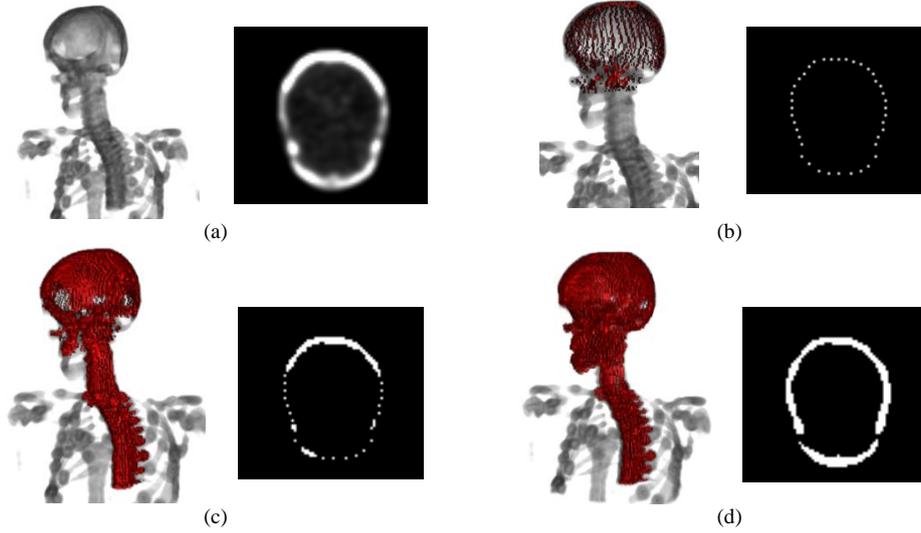


Fig. 5. Segmentation of [18F]fluoride ion PET image: a) original data, b) initial seeds, c) NARG results, d) ARG results. For each subfigure, 3D representation is given on the left and a slice located in the skull is given on the right

4.2 VRG-model-based energy: application to μ CT images of mice kidney

VRG driven by a model-based energy was applied to segment three dimensional micro-CT scans of mice kidney [32]. The framework of the application is the phenotyping of mice kidneys. The 3D reference model was obtained by a previous manual segmentation of a reference volume. The method was tested on a random input volume. Slices of x-plane and y-plane are shown in Fig. 6a and Fig. 6d.

We compare the results of VRG with and without shape prior i.e using $J_T(\Phi_x)$ or only $J_I(\Phi_x)$. Fig. 6b, Fig. 6e and Fig. 7a show the resulting segmentation without shape prior ($\alpha=0$). The segmentation fails to segment the kidney due to strong inhomogeneities in the image. Moreover, the final contour spreads through the leaking points induced by an artifact. Fig. 6c, Fig. 6f and Fig. 7b illustrate VRG results with shape prior constraint. The parameter σ stepping in $J_{prior}(\Phi_x)$ was set to 1.5. This value was not chosen too low in order to take into account enough information about the reference model. The hyper-parameter α was fixed to 200 and achieves a good compromise between $J_{prior}(\Phi_x)$ and $J_I(\Phi_x)$ since the kidney surface has been recovered more accurately and without any leakage.

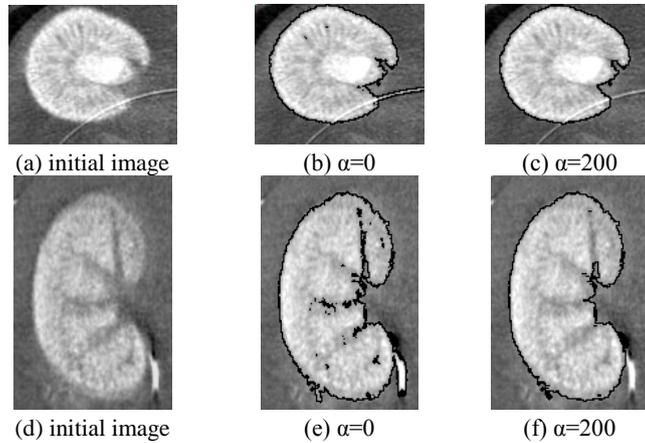


Fig. 6. μ -CT image segmentation: (a,d) slices of the input volume; (b, e) segmentation result without shape prior; (c, f) segmentation result with the model-based shape prior

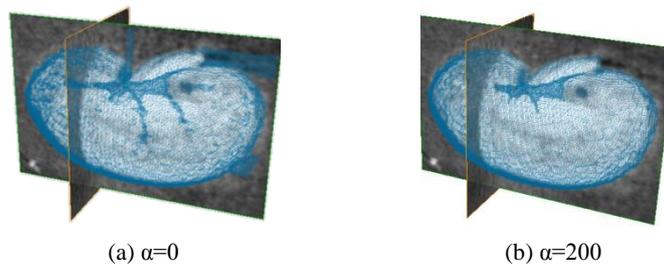


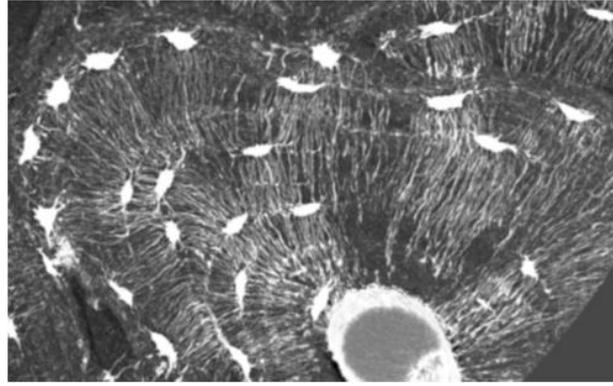
Fig. 7. Segmentation results: a) without shape prior; b) with model-based shape prior

4.3 VRG-feature shape energy: application to SR μ CT images of canaliculi network

VRG driven by a feature shape energy was applied to segment experimental data obtained with very high resolution SR- μ CT at ESRF, representing 3D images of the lacuno-canalicular structure in human femur bone tissue. For the sample presented in Fig. 8a, the acquisition resolution was $0.28\mu\text{m}$, the energy was set at 20.5keV and 2000 projections were taken with a counting time of 0.8 seconds. The osteocyte cell network is essentially composed of ellipsoidal objects interconnected through tubular structures. The main difficulty in segmenting this formation arises from the slender canaliculi, the linear features occupying only a few voxels in diameter.

The vesselness map was created by applying Sato's filter on the original image. This process enhances 3D curvilinear structures in the filtered image. The seeds for the initialization of the region growing were obtained by thresholding the vesselness map. The parameters used for the vesselness filter were determined from a previous study based on a phantom. Fig. 8 displays the results obtained for a $800 \times 500 \times 100$

sub-volume extracted from a $(2048)^3$ volume. Fig. 8a shows a Maximum Intensity Projection of the original sub-volume. In Fig. 8b, VRG has efficiently yielded the first segmentation results of the lacuno-canalicular system in 3D from SR- μ CT. Moreover, a quantitative study carried on synthetic data mimicking lacunae interconnected by canaliculi showed that VRG driven by the shape feature energy $J_{FS}(\Phi_x)$ over performs VRG only driven by $J_I(\Phi_x)$, since it can detect correct tubular structures at a rate 20% higher and lead to better connection of the caniculi network [34].



(a)



(b)

Fig. 8. Volume of interest showing the lacuno-canalicular system in a human femur bone sample (image width $\sim 224 \mu\text{m}$): a) Maximum Intensity Projection of the original (inverted) volume; b) Isosurface of the segmentation obtained with VRG and the feature shape energy

$$J_{FS}(\Phi_x)$$

5 Conclusion

We have presented two visions of region growing. The first one can easily deal with multidimensional data in the feature space and specify locally adaptive segmentation.

The second one leverages the powerful mathematical tools of variational framework. One major advantage is to bring convergence properties through the minimization of the energy functional. Various approaches derived from both formalisms have been successfully applied to life imaging, yielding quite satisfying results while enabling simple initializations, intuitive interactions and easy understanding of tuning parameters by users. To our knowledge, these two formalisms should encompass the entire spectrum of region growing approaches.

Acknowledgements. The authors thank the Animage department of the CERMEP (Lyon, France) for supplying [18F]fluoride ion PET images and micro-CT scans of mice kidney, Pr. M Lafage-Proust (Inserm U890, St Etienne, France) for providing the bones samples and the ESRF ID19 group for help during data acquisition. This work was conducted in the framework of the LabEX PRIMES “Physics Radiobiology Medical Imaging and Simulation”.

References

1. Zucker, S.W.: Region growing: Childhood and adolescence. *Computer Graphics and Image Processing* **5**(3), 382-399 (1976).
2. Adams, R., Bischof, L.: Seeded region growing. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* **16**(6), 641-647 (1994).
3. Mehnert, A., Jackway, P.: Improved seeded region growing algorithm. *Pattern Recognition Letters* **18**(10), 1065-1071 (1997).
4. Revol, C., Jourlin, M.: New minimum variance region growing algorithm for image segmentation. *Pattern Recognition Letters* **18**(3), 249-258 (1997).
5. Chuang, C.H., Lie, W.N.: Region growing based on extended gradient vector flow field model for multiple objects segmentation. In: *IEEE International Conference on Image Processing, Thessaloniki 2001*, pp. 74-77. Institute of Electrical and Electronics Engineers Computer Society (2001)
6. Grenier, T., Revol-Muller, C., Costes, N., Janier, M., Gimenez, G.: 3D robust adaptive region growing for segmenting [18F] fluoride ion PET images. In: *IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record, San Diego, CA, United States 2007*, pp. 2644-2648. Institute of Electrical and Electronics Engineers Inc., Piscataway, NJ 08855-1331, United States (2007)
7. Kass, M., Witkin, A., Terzopoulos, D.: Snakes: active contour models. In: *Proceedings - First International Conference on Computer Vision., London, Engl 1987*, pp. 259-268. IEEE, New York, NY, USA (1987)
8. Xu, C., Prince, J.L.: Generalized gradient vector flow external forces for active contours. *Signal Processing* **71**(2), 131-139 (1998).
9. Paragios, N., Deriche, R.: Geodesic active regions: A new framework to deal with frame partition problems in computer vision. *Journal of Visual Communication and Image Representation* **13**(1-2), 249-268 (2002).
10. Freedman, D., Zhang, T.: Active contours for tracking distributions. *IEEE Transactions on Image Processing* **13**(4), 518-526 (2004).

11. Malladi, R., Sethian, J.A., Vemuri, B.C.: Shape modeling with front propagation: a level set approach. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* **17**(2), 158-175 (1995).
12. Paragios, N., Deriche, R.: Geodesic active regions and level set methods for motion estimation and tracking. *Computer Vision and Image Understanding* **97**(3), 259-282 (2005).
13. Boykov, Y.Y., Jolly, M.P.: Interactive graph cuts for optimal boundary and region segmentation of objects in N-D images. In: 8th IEEE International Conference on Computer Vision, Vol I, Proceedings 2001, pp. 105-112 (2001)
14. Rother, C., Kolmogorov, V., Blake, A.: "GrabCut" - Interactive foreground extraction using iterated graph cuts. *Acm Transactions on Graphics* **23**(3), 309-314 (2004).
15. Olabarriaga, S.D., Smeulders, A.W.M.: Interaction in the segmentation of medical images: A survey. *Medical Image Analysis* **5**(2), 127-142 (2001).
16. Fan, J., Yau, D.K.Y., Elmagarmid, A.K., Aref, W.G.: Automatic image segmentation by integrating color-edge extraction and seeded region growing. *IEEE Transactions on Image Processing* **10**(10), 1454-1466 (2001).
17. Lin, Z., Jin, J., Talbot, H.: Unseeded region growing for 3D image segmentation. *ACM International Conference Proceeding Series* (2000).
18. Chan, T., Zhu, W.: Level set based shape prior segmentation. In: Proceedings - 2005 IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, CVPR 2005, San Diego, CA, United States 2005, pp. 1164-1170. Institute of Electrical and Electronics Engineers Computer Society, Piscataway, NJ 08855-1331, United States (2005)
19. Cremers, D., Sochen, N., Schnörr, C.: Towards recognition-based variational segmentation using shape priors and dynamic labeling. *Scale Space Methods in Computer Vision* **2695/2003**, 388-400 (2003).
20. Foulonneau, A., Charbonnier, P., Heitz, F.: Affine-invariant geometric shape priors for region-based active contours. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on* **28**(8), 1352-1357 (2006).
21. Gastaud, M., Barlaud, M., Aubert, G.: Combining shape prior and statistical features for active contour segmentation. *Circuits and Systems for Video Technology, IEEE Transactions on* **14**(5), 726-734 (2004).
22. Dehmeshki, J., Ye, X., Costello, J.: Shape based region growing using derivatives of 3D medical images: Application to semi-automated detection of pulmonary nodules. In: IEEE International Conference on Image Processing, Barcelona, Spain 2003, pp. 1085-1088. Institute of Electrical and Electronics Engineers Computer Society (2003)
23. Rose, J.L., Revol-Muller, C., Almajdub, M., Chereul, E., Odet, C.: Shape Prior Integrated in an Automated 3D Region Growing method. In: IEEE International Conference on Image Processing ICIP'07. pp. 53-56. San Antonio, USA, (2007)
24. Silverman, B.W.: *Density Estimation for Statistics and Data Analysis*, vol. 26, Chapman and Hall ed. Monographs on Statistics and Applied Probability, London (1986)

25. Comaniciu, D., Meer, P.: Mean shift: A robust approach toward feature space analysis. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* **24**(5), 603-619 (2002).
26. Zhu, S.C., Yuille, A.: Region competition: unifying snakes, region growing, and Bayes/MDL for multiband image segmentation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* **18**(9), 884-900 (1996).
27. Revol-Muller, C., Peyrin, F., Carrillon, Y., Odet, C.: Automated 3D region growing algorithm based on an assessment function. *Pattern Recognition Letters* **23**(1-3), 137-150 (2002).
28. Rose, J.L., Revol-Muller, C., Reichert, C., Odet, C.: Variational region growing. In: *VISAPP-09 International Conference on Computer Vision Theory and Applications*, Lisboa, Portugal, February 2009, pp. 166-171 (2009)
29. Rose, J.L., Grenier, T., Revol-Muller, C., Odet, C.: Unifying variational approach and region growing segmentation. In: *18th European Signal Processing Conference (EUSIPCO-2010)*, Aalborg, Denmark, 08/2010 2010, pp. 1781-1785 (2010)
30. Jehan-Besson, S., Barland, M., Aubert, G.: DREAM2S: Deformable regions driven by an Eulerian accurate minimization method for image and video segmentation. *International Journal of Computer Vision* **53**(1), 45-70 (2003).
31. Chan, T.F., Vese, L.A.: Active contours without edges. *IEEE Transactions on Image Processing* **10**(2), 266-277 (2001).
32. Rose, J.L., Revol-Muller, C., Charpigny, D., Odet, C.: Shape prior criterion based on Tchebichef moments in variational region growing. In: *IEEE International Conference on Image Processing ICIP'09*, Cairo, Egypt, November 2009, pp. 1077-1080 (2009)
33. Pei, S.-C., Lin, C.-N.: Image normalization for pattern recognition. *Image and Vision Computing* **13**(10), 711-723 (1995).
34. Pacureanu, A., Revol-Muller, C., Rose, J.L., Sanchez-Ruiz, M., Peyrin, F.: A Vesselness-guided Variational Segmentation of Cellular Networks from 3D Micro-CT. In: *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro*, Rotterdam, Netherlands, 06/2010 2010, pp. 912 - 915 (2010)
35. Sato, Y., Nakajima, S., Shiraga, N., Atsumi, H., Yoshida, S., Koller, T., Gerig, G., Kikinis, R.: Three-Dimensional Multi-Scale Line Filter for Segmentation and Visualization of Curvilinear Structures in Medical Images. *Medical Image Analysis* **2**(2), 143-168 (1998).
36. Frangi, A.F., Niessen, W.J., Vincken, K.L., Viergever, M.A.: Multiscale vessel enhancement filtering. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - Miccai'98* (1998).
37. Grenier, T., Revol-Muller, C., Costes, N., Janier, M., Gimenez, G.: Automated seeds location for whole body NaF PET segmentation. *IEEE Trans. Nuc. Sci.* **52**(5), 1401-1405 (2005).



ELSEVIER

Pattern Recognition Letters 23 (2002) 137–150

Pattern Recognition
Letters

www.elsevier.com/locate/patrec

Automated 3D region growing algorithm based on an assessment function

Chantal Revol-Muller ^{a,*}, Françoise Peyrin ^{a,b}, Yannick Carrillon ^c,
Christophe Odet ^a

^a *CREATIS, UMR CNRS 5515, INSA, Bât. Blaise Pascal, 7 avenue Jean Capelle, 69621 Villeurbanne Cedex, France*

^b *ESRF, BP 220, 38043 Grenoble Cedex, France*

^c *Labo RMN, UMR CNRS 5012, 69622 Villeurbanne Cedex, France*

Received 11 August 2000; received in revised form 2 April 2001

Abstract

A new region growing algorithm is proposed for the automated segmentation of three-dimensional images. No initial parameters such as the homogeneity threshold or the seeds location have to be adjusted. The principle of our method is to build a region growing sequence by increasing the maximal homogeneity threshold from a very small value to a large one. On each segmented region, a 3D parameter that has been validated on a test image assesses the segmentation quality. This set of values called *assessment function* is used to determine of the optimal homogeneity criterion. Our algorithm was tested on 3D MR images for the segmentation of trabecular bone samples in order to quantify osteoporosis. A comparison to automated and manual thresholding showed that our algorithm performs better. Its main advantages are to eliminate isolated points due to the noise and to preserve connectivity of the bone structure. © 2002 Elsevier Science B.V. All rights reserved.

Keywords: Image segmentation; Region growing; Homogeneity criterion; 3D MR imaging

1. Introduction

Image segmentation is an important research area in image processing, especially in medical applications. With developments in X-ray computed tomography (CT) and magnetic resonance imaging (MRI), acquisitions of 3D images are possible and allow internal investigation of the human body. However, to be an effective support to diagnosis or quantitative analysis, these images must previously be processed to extract relevant parts of the anatomy. This segmentation is a very important step, which determines the accuracy of all the subsequent processes. In this technique, image characteristics are used jointly to a homogeneity criterion to form regions.

* Corresponding author. Tel.: +33-472-43-8569; fax: +33-472-43-8526.

E-mail address: chantal.muller@creatis.insa-lyon.fr (C. Revol-Muller).

Many authors have been interested in the region growing technique: Zucker (1976) was the first to publish an exhaustive list of existing methods and Haralick and Shapiro (1985) a few years later proposed classifying them according to the linkage schemes of the pixels. The simplest region growing method consists in merging two neighboring pixels P_x and P_y if their gray levels $f(P_x)$ and $f(P_y)$ are not too distant. More precisely, $|f(P_x) - f(P_y)| \leq \alpha$, where α is a fixed threshold. This method is attractive due to its simplicity, but the choice of α necessitates knowledge about the gray levels of the processed image to obtain good results. Moreover, it can lead to a chaining effect especially for image with low contrast shape boundaries or images with a lighting shift. This method may be improved by addition of a condition to the merging of neighboring pixels (Sivewright and Elliot, 1994; Sekigushi and Sano, 1994). A pixel P_x will merge to an adjacent pixel P_y of the homogeneous region growing if the difference between their gray levels $f(P_x)$ and $f(P_y)$ is small and if $f(P_x)$ belongs to some gray level range. This idea is expressed by the following equation: $|f(P_x) - f(P_y)| \leq \alpha$ and $|f(P_x) - f(P_0)| \leq \beta$, where P_0 is the starting point of the region growing. However, this method is highly dependent on the choices of α and β and when their values are too large, leaks to outside the region to segment are generated. Moreover, resulting segmented regions are connected. Thus, an object made of many non-connected components will not be segmented without having put an initial seed in each non-connected component.

In a previous work by Revol and Jourlin (1997) a new method was presented where pixel assignments to the region growing are reconsidered on each step, by a process which minimizes variance through special dilations. The region created by an initial seed may be non-connected and possibly does not contain this seed. Nevertheless, the resulting segmentation always depends on a tuning homogeneity threshold.

In many systems, the adjustment of initial parameters leads to a non-reproducibility of the results, which is an impediment to their use in some medical applications, where quantitative parameters must be calculated from segmentation. In the present paper, we propose a new automated region growing algorithm (ARG) to segment three-dimensional images. No initial parameter such as the maximal homogeneity threshold value or the location of the seeds have to be adjusted. The principle is to build a sequence of region growing by increasing the maximal homogeneity threshold from a very small value to a large one and to use an *assessment function* to determine the best region growing in the sequence.

Our segmentation method is detailed in the next section. In Section 3, assessment functions based on boundary or region approach are proposed and tested on an artificial image. In Section 4, results of applying our method to 3D MR images for three-dimensional trabecular bones segmentation are analyzed and compared with an automated and a manual thresholding.

2. The segmentation method

2.1. Context

In the following, we will use the term pixel even if it can be applied to a voxel. Our algorithm can be implemented in 2D as well as in 3D, only the neighborhood is changed (see Fig. 1). As we deal with images

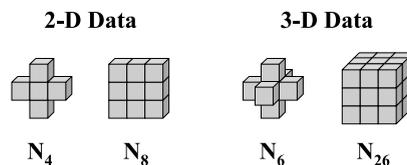


Fig. 1. Neighborhoods for 2D or 3D implementation.

in which an object or region is characterized by pixels of similar value, we choose σ the standard deviation of the region histogram as the homogeneity criterion.

2.2. Overview

As explained in the previous section, the segmented region with region growing techniques depends heavily on the choice of a maximal homogeneity threshold σ_{\max} . In interactive systems, this value is set experimentally by a trial-and-error based adjustment (Adams and Bischof, 1994). In automated systems, threshold determination is more problematic. It may be evaluated from neighboring pixels of initial seeds. Practically, because of local inhomogeneities and a weak signal-to-noise ratio in MR images (Antoniadis et al., 1998), either too much or too little of the target region is segmented. Indeed, difficulties to determine optimal threshold at the start of the region growing process usually stem from a lack of knowledge on the region to segment.

In our method, the segmented region does not depend on the initial choice of σ_{\max} . Fig. 2 and the flowchart in Fig. 3 show how an object is segmented. In the first step, a parametrical region growing algorithm segments the original image for each value of σ_{\max} included within a given interval (see Section 2.3.2). The resulting set of segmented regions arranged in ascending order with respect to σ_{\max} will be called the *region growing sequence*. A very under-segmented region corresponding to σ_0 , the smallest value of σ_{\max} , is the first element of the sequence and a very over-segmented region corresponding to σ_m , the largest value of σ_{\max} , is the final one. In the second step, a 3D parameter, which assesses the quality of the segmentation, is calculated on each element of the sequence. These values depending on σ_{\max} have been called $f_a(\sigma_{\max})$ assessment function (see Section 3). The third step consists in the determination of the threshold σ_{opt} , associated to the optimal segmentation in the sequence, by means of $f_a(\sigma_{\max})$. In the present method, resolution of the problem is reduced to a maximum function detection.

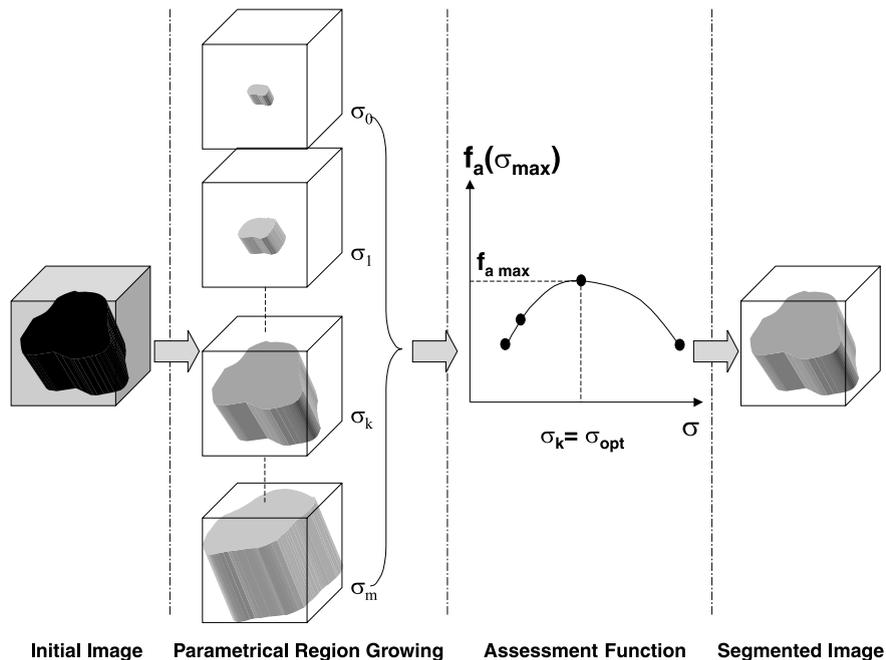


Fig. 2. Principle of the method.

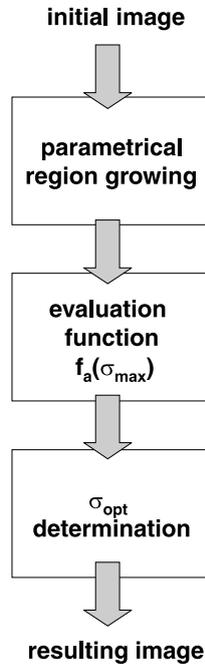


Fig. 3. Flowchart of the proposed method.

2.3. Description of ARG

2.3.1. Definitions

- A region R is said to be homogeneous, if $\sigma \leq \sigma_{\max}$, where σ_{\max} is a given homogeneity threshold.
- Dilation transformation (Serra, 1982): consider a region R and a neighborhood N . The set D of mesh points obtained by binary dilation of R by N is, by definition, the locus of the centers of translates of N which intersects R . This set is denoted by $D = R \oplus N$. In other words: $D = \{x \in R \mid (N + x) \cap R \neq \emptyset\}$.
- Erosion transformation (Serra, 1982): the set E of mesh points obtained by binary erosion of R by N is, by definition, the locus of the centers of translates of N included in R . This set is denoted by $E = R \ominus N$. In other words: $E = \{x \in R \mid (N + x) \subset R\}$.
- *Contraction* (Revol and Jourlin, 1997): a k -contraction of a region R is obtained by removing all the pixels which belong to k -extreme non-void bins of the histogram of R , with k the number of bins on the left-hand side and the right-hand side of the histogram. In this paper, we use a particular case of this definition where all the removed pixels belong to the same side of the histogram. We call it a k -left-contraction or a k -right-contraction.
- $RG(\sigma_{\max}, \{S_1, \dots, S_n\})$: resulting region growing segmentation obtained with σ_{\max} and $\{S_1, \dots, S_n\}$ initial set of seeds. For simplicity, it will be noted $R(\sigma_{\max})$ in the following.

2.3.2. Initialization of the seeds and the σ_{\max} range

When the object to segment is compact, region growing may start with only one seed. But when its shape is more complex, in order to increase algorithm speed, it may be necessary to start region growing with many seeds. Automated seeds initialization have both advantages: (i) to suppress a tedious work to the user and (ii) to ensure the reproducibility of segmentation results since the seeds location is always the same. In the context of our application, we deal with images with bimodal histogram. Seeds initialization may be solved

by a rough segmentation such as an automated thresholding (Otsu, 1979) followed by a 3D binary erosion (Serra, 1982). The morphological operation ensures that the set of seeds is included in the object to segment. Nonetheless, in the case of images with multi-modal histogram, another procedure should be considered.

Initialization of σ_{\max} range is obtained from the N_s initial seeds S_i and their neighboring pixels (see Fig. 1). For each seed S_i and its neighboring pixels, the standard deviation of gray levels σ_{S_i} is calculated. Let σ_{mean} be the mean value of σ_{S_i} :

$$\sigma_{\text{mean}} = \frac{\sum_{i=0}^{N_s} \sigma_{S_i}}{N_s}, \quad (1)$$

where σ_{mean} is taken as middle value of the threshold range, σ_0 is the minimum of the range is fixed to $(1 - \beta)\sigma_{\text{mean}}$ and σ_m the maximum of the range to $(1 + \beta)\sigma_{\text{mean}}$. In our application, σ_{\max} range will be obtained with $\beta = 0.5$ (see Section 3.4). The increment step $\Delta\sigma$ for σ_{\max} may be fixed by a user, it will be given as a percentage of σ_{mean} . By default, it will be equal to 5%.

2.3.3. Region growing process

The region growing process, which has been implemented, derives from a previous work (Revol and Jourlin, 1997) and has been chosen for its ability to segment *non-connected* regions. In this method, some pixels, which belonged to the homogeneous region R at a certain step, can later be eliminated. This property limits the chaining effect of classical region growing and yields to a better spread of the region growing when the structure to segment is complex.

For the needs of our application, this algorithm has been developed for 3D images with bimodal histogram. When the object to segment is darker than the background, the *right-contraction* is used and the *left-contraction* otherwise:

At each step, a homogeneous region R_n is dilated by a neighborhood N , yielding a region D_{n+1} which may or may not be homogeneous.

If region D_{n+1} is homogeneous (with respect to σ_{\max}), D_{n+1} replaces R_n and we proceed to the next step.

If D_{n+1} is not homogeneous, it is reduced by a right- or left-contraction process, which narrows its histogram dynamic range, yielding a homogeneous region, called C which replaces region R_n and we proceed to the next step.

The algorithm stops when region R_n can no longer be increased.

The pseudo language description for the region growing process is as follows:

```

n ← 1;
R0 ← ∅ ;
R1 ← {S1, ..., Sn}
while (Rn ≠ Rn-1)
  Dn+1 ← Rn ⊕ N (dilation)
  if (σDn+1 ≤ σmax)
    Rn+1 ← Dn+1
    n ← n + 1
  else
    k ← 0
    do
      k ← k + 1
      C ← k-left contraction of Dn+1 or k-right contraction of Dn+1
    while (σC > σmax)
    Rn+1 ← C
    n ← n + 1
RG(σmax, {S1, ..., Sn}) ← Rn.

```

2.3.4. ARG algorithm

On the first iteration, $\{S_1, \dots, S_n\}$ and the σ_{\max} range are initialized as described in Section 2.3.2. The region growing process segments the original image with $\{S_1, \dots, S_n\}$ and σ_{\max} equal to σ_0 , yielding a segmented region $RG(\sigma_{\max}, \{S_1, \dots, S_n\})$. At each step, the resulting segmentation is assessed by $f_a(\sigma_{\max})$, the previous homogeneous region $RG(\sigma_{\max}, \{S_1, \dots, S_n\})$ replaces $\{S_1, \dots, S_n\}$, σ_{\max} is increased by $\Delta\sigma$ and the region growing process proceeds to a new segmentation. The algorithm stops when σ_{opt} associated to the best segmentation in the region growing sequence is determined by means of $f_a(\sigma_{\max})$. The resolution of the problem is equivalent to a maximum function detection (see Section 3).

3. Assessment function

3.1. Principle

The aim of $f_a(\sigma_{\max})$ is to assess the segmentation quality of each element in the region growing sequence, in order to detect the optimal homogeneity threshold σ_{opt} for the region growing process. If this problem was equivalent to determine the optimal threshold σ_{opt} at the start of process, we would have made no progress. But it is not the case. In our method, information from segmented regions is used to determine σ_{opt} , whereas at the start of the process, sparse information on the target region makes this choice difficult. In this paper, segmentation assessment is made by two approaches: by boundary or by region. In the first case, the best segmentation corresponds to regions whose boundaries present the strongest edge, in the second case, it corresponds to the most homogeneous regions in the original image.

3.2. Boundary approach

In the following, the term of *boundary* $B_{R(\sigma_{\max})}$ will be used for the set of points defined by mathematical morphology as $R(\sigma_{\max}) \ominus E$, where $E = R(\sigma_{\max}) \ominus N$, i.e set of mesh points obtained by binary erosion of $R(\sigma_{\max})$ by N . Two neighboring pixels located on both sides of the boundary as shown in Fig. 4 will be called *transition couple*.

Kohler (1981) proposed an automatic threshold method based on the following heuristic: the more contrasted the boundaries are, the more likely they are to correspond to real discontinuities in the image (note that this heuristic is not true in strong contrasted textured images context). As a consequence, optimal threshold is determined when boundaries associated to this threshold correspond to the strongest contrast. In our application, we generalize Kohler's approach and we propose three definitions of $f_a(\sigma_{\max})$ which estimates the quality of segmented region boundaries.

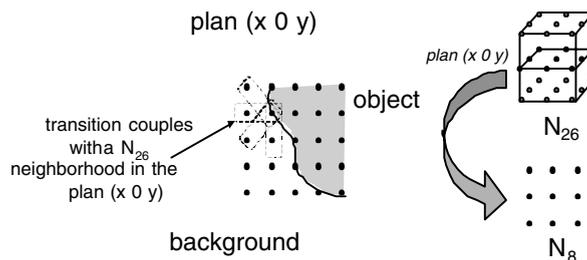


Fig. 4. Transition couples.

$w_1(\sigma_{\max})$ based on logarithmic image processing (LIP) contrast. Jourlin and Pinoli (1989) introduced a new mathematical model called logarithmic image processing (LIP) model, particularly well adapted to logarithmic images like X-Ray images. In this context, they define the LIP contrast between two pixels as follows:

$$c_f(x, y) = \frac{|f(x) - f(y)|}{1 - \frac{\min(f(x) - f(y))}{M}} \quad (2)$$

with f the gray level function and M the lowest value 2^n strictly superior to the gray levels range (for instance, $M = 256$ if pixels are coded in 8 bits).

We define $w_1(\sigma_{\max})$ sum of LIP contrasts of all transition couples (see Fig. 4) of $B_{R(\sigma_{\max})}$, normalized by N_{tc} total number of transition couples:

$$w_1(\sigma_{\max}) = \frac{\sum_{x \in B_{R(\sigma_{\max})}} \sum_{\substack{y \in N_x \\ y \notin R(\sigma_{\max})}} c_f(x, y)}{N_{tc}}. \quad (3)$$

$w_2(\sigma_{\max})$ based on standard deviation. For each pixel x of $B_{R(\sigma_{\max})}$, the standard deviation, denoted $\xi(x)$, of x and its neighboring pixels (see Fig. 1) not belonging to the segmented region $R(\sigma_{\max})$, is calculated. Let n be the number of neighbors.

We define $w_2(\sigma_{\max})$ as the sum of all $\xi(x)$, normalized by $\text{Card}\{B_{R(\sigma_{\max})}\}$, the total number of pixels belonging to $B_{R(\sigma_{\max})}$:

$$w_2(\sigma_{\max}) = \frac{\sum_{x \in B_{R(\sigma_{\max})}} \xi(x)}{\text{Card}\{B_{R(\sigma_{\max})}\}}, \quad (4)$$

$$\text{with } \xi(x) = \sqrt{\frac{\sum_{\substack{y \in N_x \\ y \notin R(\sigma_{\max})}} (f(y) - m)^2}{n}} \text{ where } m = \frac{f(x) + \sum_{\substack{y \in N_x \\ y \notin R(\sigma_{\max})}} f(y)}{n + 1}.$$

$w_3(\sigma_{\max})$ based on transition levels. We define $w_3(\sigma_{\max})$ sum of transition levels of all transition couples (see Fig. 4) normalized by N_{tc} :

$$w_3(\sigma_{\max}) = \frac{\sum_{x \in B_{R(\sigma_{\max})}} \sum_{\substack{y \in N_x \\ y \notin R(\sigma_{\max})}} |f(x) - f(y)|}{N_{tc}}. \quad (5)$$

3.3. Region approach

We propose three alternate choices of $f_a(\sigma_{\max})$ based on region criteria.

$S(\sigma_{\max})$ based on entropy. Several authors (Pun, 1981; Kapur et al., 1985) used entropy for image thresholding. This method consists in maximizing the resulting image entropy in order to maximize contrasts between clusters.

Let $\bar{R}(\sigma_{\max})$ be the complement region of $R(\sigma_{\max})$. We define $S(\sigma_{\max})$ sum of $S_R(\sigma_{\max})$ and $S_{\bar{R}}(\sigma_{\max})$ (see Appendix A):

$$S(\sigma_{\max}) = -\frac{1}{\text{Card}\{R(\sigma_{\max})\}} \sum_{i=0}^{ng} H_R[i] \ln(H_R[i]) - \frac{1}{\text{Card}\{\bar{R}(\sigma_{\max})\}} \sum_{i=0}^{ng} H_{\bar{R}}[i] \ln(H_{\bar{R}}[i]) \\ + \ln(\text{Card}\{R(\sigma_{\max})\} \cdot \text{Card}\{\bar{R}(\sigma_{\max})\}) \text{ with } H_R \text{ and } H_{\bar{R}} \text{ histograms of } R(\sigma_{\max}) \text{ and } \bar{R}(\sigma_{\max}). \quad (6)$$

$V(\sigma_{\max})$ based on inter-cluster variance. Otsu (1979) implemented a threshold technique based on factorial discriminating analysis, which consists in finding the best separation between clusters. This problem is equivalent to maximizing the inter-cluster variance.

We define $V(\sigma_{\max})$ sum of $V_R(\sigma_{\max})$ and $V_{\bar{R}}(\sigma_{\max})$:

$$V(\sigma) = \frac{(\sum_{x \in R} f(x))^2}{\text{Card}\{R(\sigma)\}} + \frac{(\sum_{x \in \bar{R}} f(x))^2}{\text{Card}\{\bar{R}(\sigma)_{ht}\}}. \quad (7)$$

$\text{Inv}D_{\text{GL}}(\sigma_{\max})$ based on a distance to the gray level function. Labouré (1987) proposed to threshold an image by approximating the gray level function by a stair function constructed from the mean clusters. Threshold determination consists in the detection of the minimal distance between the gray level function and the stair function.

Let $D_{\text{GL}}(\sigma_{\max})$ be the distance between the gray level function of the original image and the means M_R and $M_{\bar{R}}$:

$$D_{\text{GL}}(\sigma_{\max}) = \sqrt{\sum_{x \in R(\sigma_{\max})} (f(x) - M_R)^2 + \sum_{x \in \bar{R}(\sigma_{\max})} (f(x) - M_{\bar{R}})^2}, \quad \text{Inv}D_{\text{GL}}(\sigma) = \frac{1}{D_{\text{GL}}(\sigma_{\max})}. \quad (8)$$

When $D_{\text{GL}}(\sigma_{\max})$ is minimized, the resulting segmented image best fits the original image. To be coherent with the previous functions, inverse of $D_{\text{GL}}(\sigma_{\max})$ noted $\text{Inv}D_{\text{GL}}(\sigma_{\max})$ will be used. If $D_{\text{GL}}(\sigma_{\max})$ is null, $\text{Inv}D_{\text{GL}}(\sigma_{\max})$ will be put to the maximal numeric value.

For each previous expressions of $f_a(\sigma_{\max})$, σ_{opt} will be determined by detecting the value that maximizes this function.

3.4. Test on an artificial image

A test image was used to study the behavior of the proposed assessment functions. This image is composed of a dark grid (gray level = 25) in a light background (gray level = 70) (see Fig. 5(a)) with an added Gaussian noise with a mean equal to 0 and a standard deviation of 10 (see Fig 5(b)). These properties were chosen to be representative of our application. This study was made in 2D for simplicity and because dimensionality does not change the behavior of assessment functions. Results are thus transposable in 3D. To measure segmentation accuracy, we define a coefficient

$$\alpha = \frac{n_{\text{common}}}{n_{\text{grid}}} \frac{n_{\text{common}}}{n_{\text{segmented grid}}},$$

with n_{common} number of common pixels between the segmented grid and the original one, n_{grid} number of pixels in the original grid and $n_{\text{segmented grid}}$ number of pixels in the segmented grid. $\alpha = 1$ when the segmented grid corresponds exactly with the original one.

Fig. 6 compares the normalized assessment functions to α . α is maximized for $\sigma = \sigma_x$. Since w_1, w_2, w_3 having the same behavior, we only displayed w_3 for more clearness. As w_1, w_2, w_3 , V and $\text{Inv}D_{\text{GL}}$ are maximized for a value close to σ_x , they can be used as $f_a(\sigma_{\max})$. S is maximized for a value of $\sigma \neq \sigma_x$, thus it cannot be approved as an acceptable assessment function for this type of image. In Fig. 5(c), optimal segmentation is obtained with $\sigma_x = 9.9$. In Fig. 5(d), w_1, w_2, w_3 have led to the comparable segmentation with $\sigma_{\text{opt}} = 9.6$. In Fig. 5(e), V and $\text{Inv}D_{\text{GL}}$ have given similar results with $\sigma_{\text{opt}} = 10.2$. In Fig. 5(f), S fails in finding $\sigma_{\text{opt}} = 18.75$.

We may notice in Fig. 6 that w_3 is increasing on each extremities with low and high values of σ_{\max} . It is explained by the presence of isolated points that have a very high transition boundary. To avoid these perturbations, the variation of σ_{\max} has been limited to the range described in Section 2.3. In our

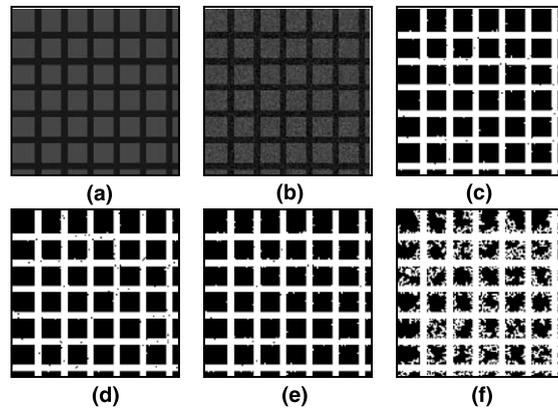


Fig. 5. (a) Original image; (b) original image with Gaussian noise; (c) optimal segmented region with $\alpha = \alpha_{\max}$; optimal regions: (d) according w_1, w_2, w_3 ; (e) according to V and $\text{Inv}D_{\text{GL}}$; (f) according to S .

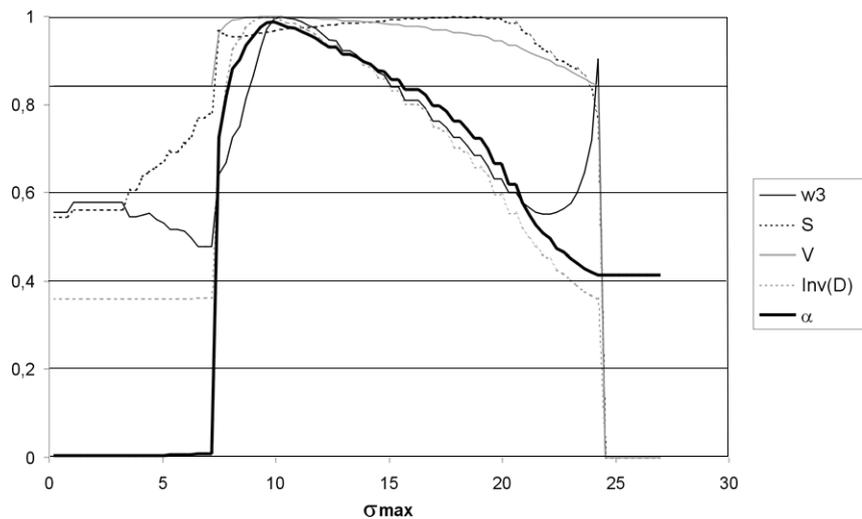


Fig. 6. Coefficient α and normalized assessment functions calculated from $w_1, w_2, w_3, S, V, \text{Inv}D_{\text{GL}}$ as a function of σ_{\max} .

application, these non-significant parts are suppressed by choosing $\beta = 0.5$. Besides, it is possible to keep a large range of variation for σ_{\max} because images have bimodal histogram that implies the presence of only one maximum. In the case of multi-modal histogram, the evaluation functions may present local maxima. The value of β should be adjusted to restrict the variation of σ_{\max} .

4. Results and evaluation

4.1. Application on bone MR images

The ARG algorithm was applied to 3D MR images of human calcaneus bone samples in order to quantify osteoporosis. Osteoporosis is a bone fragility disease leading to spontaneous bone fractures. It has

been shown that trabecular bone, which can be described as a three-dimensional and anisotropic interconnected network of rods and plates of calcified tissue, plays an important role in bone strength. 3D micro-MRI techniques with a high spatial resolution are attractive for the analysis of three-dimensional bone architecture and have already been investigated by different authors (Chung et al., 1995; Majumdar et al. (1998)). Many quantitative parameters of trabecular bone architecture may be calculated to assess the degree of osteoporosis. However, the accuracy of this quantification is highly dependent on the segmentation step that separates bone from the marrow.

Image acquisition was performed using a 2 T Oxford magnet, with gradient strength up to 50 mT/m associated to a SMIS console on 10 mm × 10 mm × 10 mm calcaneus samples placed in a custom made solenoidal radiofrequency coil (Beuf et al., 1999). The sequence employed was a fast 3D large-angle ($\alpha = 110^\circ$) spin-echo sequence with TR = 200 ms and TE = 10 ms. A cubic voxel size of 78 μm was chosen to get a 1 cm field of view. The image size is 128³.

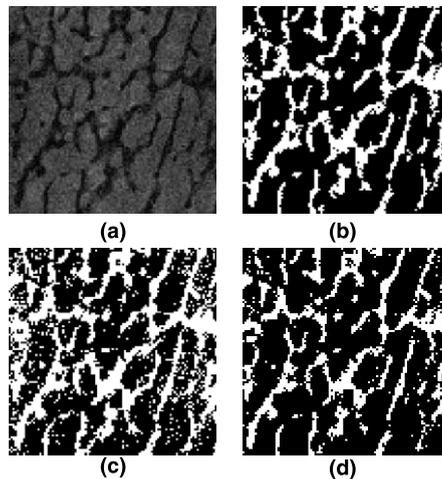


Fig. 7. (a) Slice of the original 3D MR image; slices segmented: (b) by ARG; (c) by an automated thresholding; (d) by a manual thresholding.

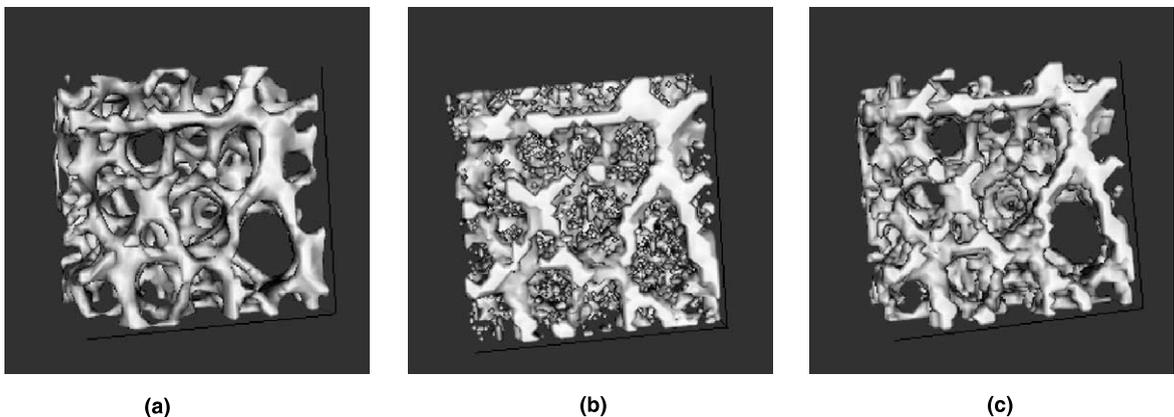


Fig. 8. (a) Reference image provided by SR μCT (ESRF) 80 μm ; (b) 3D MR image segmented by an automated thresholding; (c) same image segmented by ARG.

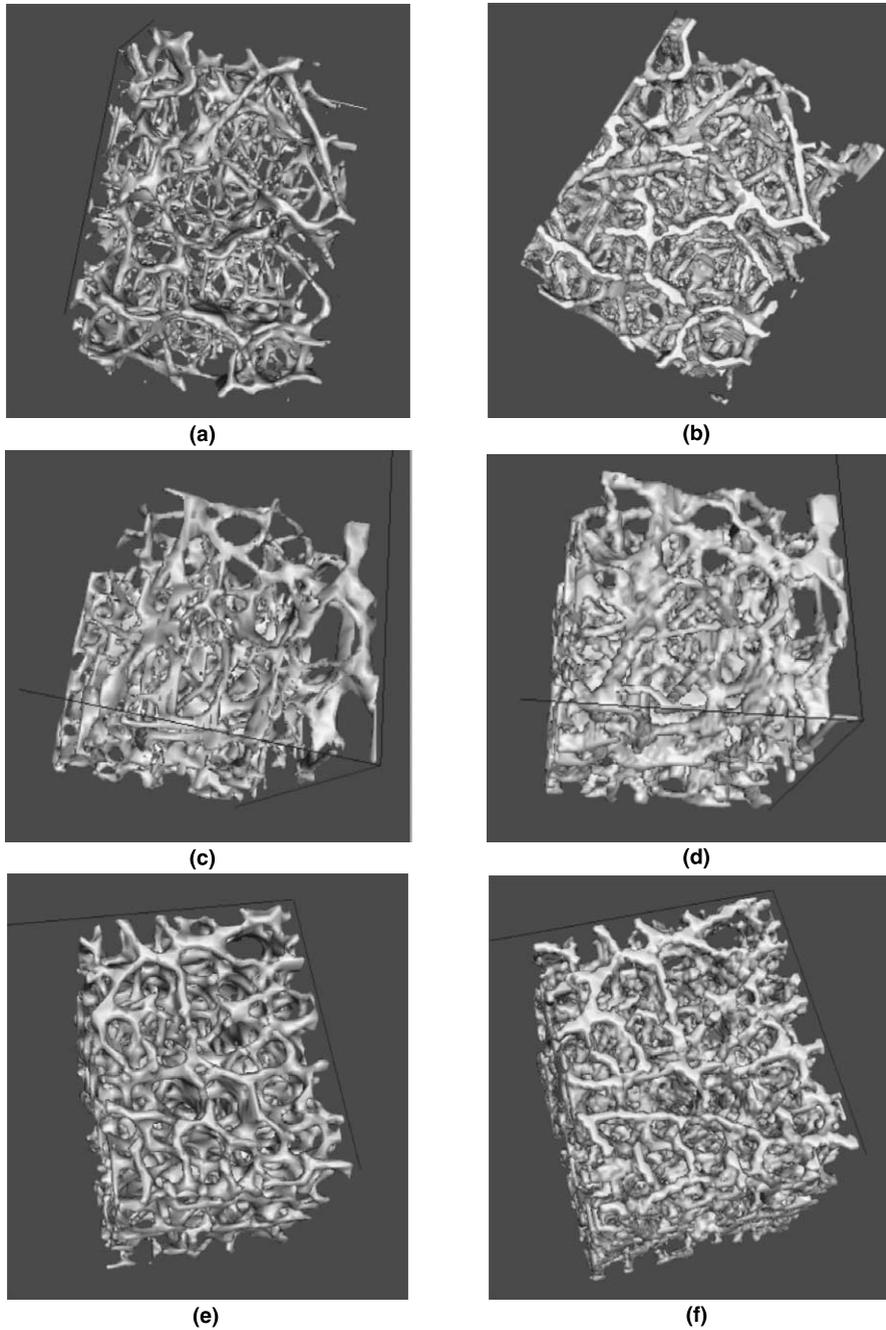


Fig. 9. (a), (c) and (e) Reference images provided by SR μ CT (ESRF) 80 μ m; (b), (d) and (f) 3D MR images segmented by ARG.

4.2. Results

We compare the ARG algorithm with an automated thresholding based on the maximization of the inter-cluster variance (Otsu, 1979) and a manual thresholding made by a medical expert. In the following

results, a N_{26} -neighborhood was used and w_3 was chosen as $f_a(\sigma_{\max})$ (w_1, w_2 lead to same results). A boundary criterion was preferred to a region criterion because MR images have rather well-contrasted boundaries and inhomogeneous regions. Figs. 7 and 8 show that ARG is more efficient than the automated or the manual thresholding. In Figs. 7(c), (d) and 8(b), automated and manual thresholding produce a lot of isolated points. Figs. 7(b) and 8(c) show the efficiency of the ARG algorithm since it enables to separate the bone from the marrow without leaving isolated points and in keeping the connectivity of the structure.

4.3. Evaluation

In order to evaluate the ARG algorithm, human calcaneus samples were imaged by both the MRI technique and by a 3D high resolution synchrotron radiation computed microtomography (SR μ CT) system developed at the European Synchrotron source (ESRF) (Salome-Pateyron et al., 1999). SR μ CT provides 3D images with a cubic voxel size of 10 μm . The high resolution of 3D SR μ CT allows to get accurate rendering of bone architecture. Due to high contrast and low noise level, a trivial segmentation may be performed by simple thresholding. These images may be used as reference images to evaluate the results of the ARG algorithm obtained on MR images.

Figs. 8 and 9 show that segmentations obtained by ARG applied to MR images are very close to the segmented SR μ CT reference images after under-sampling to 80 μm . The structure of the trabecular bone is similar, just a thickening of the bone can be observed in the MR images.

5. Conclusion

A new region growing algorithm enabling automated 3D segmentation was described. The segmentation is obtained in approximately 7 min on a Personal Computer Pentium 350 MHz with an initial image of $90 \times 90 \times 90$ pixels, without any optimization. The optimal segmentation is determined from an assessment function validated on a test image. The application of the method to 3D MR images demonstrated that ARG preserves the connectivity of bone structure and eliminates isolated points better than an automated or a manual thresholding. The quality of ARG was evaluated by comparing the results to reference SR μ CT images acquired at higher spatial resolution. In another work, we proved the accuracy of the ARG segmentation by computing quantitative parameters of bone architecture and comparing them to those computed from the SR μ CT reference images. To perform this assessment, the bone samples were acquired both from SR μ CT and MRI devices. This comparison showed a strong correlation between the parameters (Revol-Muller et al., 2000).

In this paper, the principle of using an assessment function was applied to images with a bimodal histogram. The adaptation of the techniques to images with multi-modal histogram will be considered in future works.

Acknowledgements

This work is in the scope of the scientific topics of the PRC-GdR ISIS and GDR 2237 research groups of the French National Center for Scientific Research CNRS. The authors are grateful to Pr. André Briguet of the NMR Laboratory of CPE in Lyon, France for providing 3D MR images. They also thank Dr. Olivier Beuf for the acquisition of MR images.

Appendix A

In this Appendix, we derive the expression of the entropy given in Eq. (6) of the paper.

$$S(\sigma_{\max}) = - \sum_{i=0}^{ng} p_{i_R} \ln p_{i_R} - \sum_{i=0}^{ng} p_{i_{\bar{R}}} \ln p_{i_{\bar{R}}}$$

$$\text{with } p_{i_R} = \frac{H_R[i]}{\text{Card}\{R(\sigma_{\max})\}} \quad \text{and} \quad p_{i_{\bar{R}}} = \frac{H_{\bar{R}}[i]}{\text{Card}\{\bar{R}(\sigma_{\max})\}}$$

with H_R and $H_{\bar{R}}$ histograms of $R(\sigma_{\max})$ and $\bar{R}(\sigma_{\max})$

$$\begin{aligned} S(\sigma_{\max}) &= - \frac{1}{\text{Card}\{R(\sigma_{\max})\}} \sum_{i=0}^{ng} H_R[i] \ln(H_R[i]) - \frac{1}{\text{Card}\{\bar{R}(\sigma_{\max})\}} \sum_{i=0}^{ng} H_{\bar{R}}[i] \ln(H_{\bar{R}}[i]) \\ &\quad + \frac{1}{\text{Card}\{R(\sigma_{\max})\}} \sum_{i=0}^{ng} H_R[i] \ln(\text{Card}\{R(\sigma_{\max})\}) + \frac{1}{\text{Card}\{\bar{R}(\sigma_{\max})\}} \sum_{i=0}^{ng} H_{\bar{R}}[i] \ln(\text{Card}\{\bar{R}(\sigma_{\max})\}) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} S(\sigma_{\max}) &= - \frac{1}{\text{Card}\{R(\sigma_{\max})\}} \sum_{i=0}^{ng} H_R[i] \ln(H_R[i]) - \frac{1}{\text{Card}\{\bar{R}(\sigma_{\max})\}} \sum_{i=0}^{ng} H_{\bar{R}}[i] \ln(H_{\bar{R}}[i]) \\ &\quad + \ln(\text{Card}\{R(\sigma_{\max})\}) + \ln(\text{Card}\{\bar{R}(\sigma_{\max})\}) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} S(\sigma_{\max}) &= - \frac{1}{\text{Card}\{R(\sigma_{\max})\}} \sum_{i=0}^{ng} H_R[i] \ln(H_R[i]) - \frac{1}{\text{Card}\{\bar{R}(\sigma_{\max})\}} \sum_{i=0}^{ng} H_{\bar{R}}[i] \ln(H_{\bar{R}}[i]) \\ &\quad + \ln(\text{Card}\{R(\sigma_{\max})\} \cdot \text{Card}\{\bar{R}(\sigma_{\max})\}). \end{aligned}$$

References

- Adams, R., Bischof, L., 1994. Seeded region growing. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.* 16 (6), 641–647.
- Antoniadis, T., Scarpelli, J.P., Ruaud, J.P., Gonord, P., Guillot, G., 1998. Bone labeling on micro-magnetic resonance images. *Med. Image Anal.* 3 (2), 119–128.
- Beuf, O., Seurin, M.J., Carrillon, Y., Briguet, A., 1999. High resolution NMR imaging of the trabecular bone structure at 2T. In: *ESMRMB'99, 16th Annual Meeting, Seville*, p. 201.
- Chung, F.W., Wehrli, F.W., Williams, J.L., Wehrli, S.L., 1995. Three-dimensional nuclear magnetic resonance microimaging of trabecular bone. *J. Bone Mineral Res.* 10 (10), 1452–1461.
- Haralick, R.M., Shapiro, L.G., 1985. SURVEY: image segmentation techniques. *Comput. Vision Graphics Image Process.* 29, 100–132.
- Jourlin, M., Pinoli, J.C., Zeboudj, R., 1989. Contrast definition and contour detection for logarithmic images. *J. Microsc.* 156, 33–40.
- Kapur, J.N., Sahoo, P.K., Wong, A.K.C., 1985. A new method for gray level picture thresholding using entropy of the histogram. *Comput. Vision Graphics Image Process.* 29, 273–285.
- Kohler, R., 1981. A segmentation system based on thresholding. *Comput. Vision Graphics and Image Process.* 15, 319–338.
- Labouré, M.J., 1987. Feasibility of a thresholding electronic board. Plane objects distortion by morphological transformations. Ph.D., University of St Etienne, France.
- Majumdar, S., Kothari, M., Augat, P., Newitt, D., Link, T., Lin, J., Lang, T., Lku, Y., Genant, H., 1998. High resolution magnetic resonance imaging: three-dimensional trabecular bone architecture and biomechanical properties. *Bone* 22 (5), 445–454.
- Otsu, N., 1979. A threshold selection method from gray level histograms. *IEEE Trans. Systems Man Cybernet.* 9, 62–66.
- Pun, T., 1981. Entropic thresholding: a new approach. *Comput. Vision Graphics Image Process.* 16, 210–239.
- Revol, C., Jourlin, M., 1997. A new minimum variance region growing algorithm for image segmentation. *Pattern Recognition Lett.* 18, 249–258.

- Revol-Muller, C., Benoit-Cattin, H., Carillon, Y., Odet, C., Briguët, A., Peyrin, F., 2000. Bone MRI segmentation assessment based on synchrotron radiation computed microtomography, In: Proc. of IEEE Nucl. Sci. Symp. Medical Imaging Conf. (NSS-MIC00), Lyon.
- Salome-Pateyron, M., Peyrin, F., Odet, C., Laval-Jeantet, A.M., Cloetens, P., Baruchel, B., Spanne, P., 1999. A synchrotron radiation microtomography system for the analysis of trabecular bone samples. *Med. Phys.* 26 (10), 2194–2204.
- Sekigushi, H., Sano, K., 1994. Interactive 3-dimensional segmentation method based on region growing method. *Syst. Comput. Jpn.* 25 (1), 88–97.
- Serra, J., 1982. *Image Analysis and Mathematical Morphology*. Academic Press, New York.
- Sivewright, G.J., Elliot, P.J., 1994. Interactive region and volume growing for segmenting volumes en MR and CT images. *Med. Inform.* 19 (1), 71–80.
- Zucker, S.W., 1976. Region growing: childhood and adolescence. *Comput. Graphics Image Process.* 5, 382–399.

Bone MRI Segmentation Assessment Based On Synchrotron Radiation Computed Microtomography

C. Revol-Muller¹, H. Benoit-Cattin¹, Y. Carillon¹, C. Odet¹, A. Briguet³, F. Peyrin^{1,2}

¹CREATIS, UMR CNRS 5515, INSA 502, 69621 Villeurbanne Cedex, France

²ESRF, BP 220, 38043 Grenoble Cedex, France

³Labo RMN, UPRESA CNRS 5012, 69622 Villeurbanne Cedex, France, UCB Lyon I

Abstract

In this paper, we propose an original scheme to assess the efficiency of segmentation algorithms requested to quantify bone architecture from 3D micro MRI techniques. Our scheme takes advantage of the high quality images provided by Synchrotron Radiation Computed MicroTomography (SR μ CT). To perform this assessment, calcaneus samples were acquired both from SR μ CT and MRI devices. The segmentation process is evaluated by comparing morphometric and topologic parameters computed from the SR μ CT reference images and those computed from the MRI segmented images. Both an adaptive thresholding algorithm and a region growing algorithm are tested within this framework.

I. INTRODUCTION

Osteoporosis is a bone fragility disease leading to spontaneous bone fractures and characterized by a bone mass reduction and a bone structure deterioration.

Since the quality of bone is determined by its properties in terms of mass, architecture and composition, bone mineral density, currently used for clinical diagnostic, is not sufficient. The challenge is to achieve *in vivo* an efficient quantification of bone architecture.

3D Synchrotron Radiation Computed Micro-Tomography (SR μ CT) provides 3D high resolution images (10 μ m) and was used to assess bone architecture. For this purpose, image analysis techniques were used to extract quantitative architecture parameters after segmentation of bone from background using simple thresholding. Nevertheless, SR μ CT is not usable *in vivo* because of problems related to dose delivery.

In this context, 3D micro MRI techniques are currently investigated in view of clinical study of bone architecture. Quantitative bone architecture parameters are usually calculated after trabecular bone segmentation. Since MR images may present local inhomogeneities and a weak signal to noise ratio, the segmentation task which extracts trabeculae from the marrow is not trivial [1]. Moreover, it determines the accuracy of the bone architecture quantification and thus, the potential of MRI in the context of osteoporosis diagnosis.

In this paper, we propose the use of SR μ CT imaging to assess the accuracy of 3D MRI segmentation techniques. First,

we recall the main features of the SR μ CT system and the μ MRI imaging system, both used in this work. Then, we present the principle of our assessment method and the bone architecture parameters retained to perform the evaluation. Section IV describes the two automated segmentation techniques respectively based on simple thresholding and region growing, which will be evaluated. Finally, results of the assessment method are discussed in Section V.

II. IMAGING SYSTEMS

Currently, two modalities are essentially available for the analysis of bone micro-architecture: x-ray μ CT (Micro-Computerized Tomography) and MRI (Magnetic Resonance Imaging). Due to the typical dimensions of trabeculae, specific μ CT or MRI devices had to be developed. For *in vivo* imaging, an in-slice spatial resolution around 100–150 μ m is typically achievable with both modalities [2], [3]. But because of the problem of dose delivery, the use of x-ray μ CT might not be considerably improved. On the contrary, due to the fact that it is not destructive, μ MRI (Micro-MRI) is rather promising [4].

For *in vitro* imaging, much higher spatial resolutions are attainable at this time. The use of x-rays generated from synchrotron sources permits to reach spatial resolution of 1 μ m. These images obtained by Synchrotron Radiation μ CT (SR μ CT) present unique characteristics in terms of spatial and density resolution and signal to noise ratio [5]. Such images give accurate information regarding the architecture of trabeculae. In that respect SR μ CT may be used as a reference tool for the analysis of bone samples and for the calibration of methods usable in clinical routine.

A. SR μ CT imaging system

A SR μ CT system was developed on beam-line ID19 at the European Synchrotron Radiation Facility (ESRF) in Grenoble [6]. The tomographic acquisition system is based on a truly 3D parallel x-ray beam geometry, and directly provides 3D images with an isotropic voxel size. Data are recorded on a 2D detector, based on a x-ray converter screen coupled to optics and to a CCD camera optimized for rapid acquisition. Since the beam is parallel, it is possible to use exact 3D-reconstruction algorithms simply based on filtered back projection and to avoid the approximations due to the use of

cone-beams. In addition, due to the characteristics of the synchrotron source, the x-ray beam used for tomographic acquisition is a monochromatic beam, which may be selected in the range [8-80 KeV].

The quality of the SR μ CT images is largely related to the properties of the x-ray beam extracted from the synchrotron beam. Reaching very high spatial resolution requires both a high-resolution detector and a high flux x-ray source to keep reasonable acquisition times. Since the brilliance of synchrotron source is several order of magnitudes higher than that of laboratory x-ray sources, it is possible to get images at high spatial resolution in limited acquisition time without decreasing the signal to noise ratio. Concerning the detector, configurations with pixel sizes of 10 μ m, 6.7 μ m, 1.8 and 0.8 μ m are implemented. A pixel size of 10 μ m was shown to be a good compromise between resolution and sample size. In addition, since the beam is monochromatic, beam-hardening artifacts are avoided and tomographic reconstruction yields accurate 3D maps of the linear attenuation coefficient within bone samples.

After imaging, 3D-bone architecture may be quantified by extracting relevant parameters from the binary images of bone structure. As the histogram of the image at 10 μ m is clearly distributed into two classes (bone and background), these binary images may be easily obtained by thresholding the SR μ CT images (see Figure 1).

B. μ MRI system

Experiments were performed with a specific 3D μ MRI method developed in the UMR CNRS- 5012, Lyon, France [7]. It uses a 2T Oxford magnet, and a heavily T1-weighted 3D spin-echo sequence. The bone samples are disposed within a customized coil. A cubic voxel size of 78 micrometers corresponding to an acquisition time of 6 hours and a 1 cm field of view was employed. The 3D images are reconstructed using a 3D Fourier Transform algorithm. The MRI images represent the marrow content of the samples. Thus the contrast is inverted compared to SR μ CT. Furthermore, unlike the histograms of SR μ CT images, the bone and background classes are clearly overlapping, making the segmentation difficult. For this purpose, we present in Section IV two automated 3D-segmentation methods and their validation with respect to SR μ CT.

III. ASSESSMENT METHOD

A. Principle

Figure 1 presents the proposed assessment scheme. The basic idea is to compare bone architecture parameters (see III.B) computed on SR μ CT images to those computed from 3D MR images segmented with the algorithm to evaluate.

Twelve calcaneus bone samples (1 cm diameter) were excavated from deceased human along the medio-lateral

direction. They were imaged both with μ MRI at 78 μ m and SR μ CT at 10.13 μ m. A region of interest was extracted from each μ MRI image to eliminate artifacts at the borders of the image, leading to a mean field of view around 8 mm x 8 mm x 8 mm. The settings of the SR μ CT image acquisition were: energy = 20 KeV; voxel size = 10.13 μ m; projection size = 1024 x 1024; 900 projections. The 3D reconstructed images were limited to a 660 x 660 x 660 region of interest, providing a field of view of 6.6 mm x 6.6 mm x 6.6 mm.

The reference bone architecture parameters were then computed from the 10 μ m segmented SR μ CT images (see Figure 1). At this step, we apply the segmentation algorithm to be assessed to the 3D MR images and then we compute the bone architecture parameters from these segmented images. Finally these results are correlated to those obtained from the SR μ CT images.

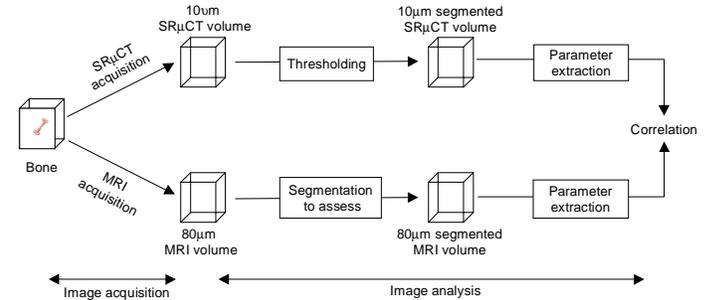


Figure 1: Overview of the assessment method.

B. Bone architecture parameters

Morphologic and topological architecture parameters similar to those used in histomorphometry, were computed from the segmented images. A 3D MIL (Mean Intercept Length) method based on a three-dimensional version of the directed secant algorithm was used [8]. The following parameters were obtained : Partial Bone Volume (BV/TV), Bone Surface to Bone Volume ratio (BS/BV), Trabecular Thickness (Tb. Th), Trabecular Number (Tb. N) and Trabecular Separation (Tb. Sp) as well as 3D anisotropy degrees. The connectivity, which is defined as the number of branches that may be removed without changing the topology of the structure, is often quantified by using the Euler-Poincaré number. If the bone network is connected and does not contain cavities, the Euler number is equal to one minus the connectivity. The Euler number was implemented following the method described in [9] and was normalized by the total volume.

IV. SEGMENTATION METHODS

In order to validate the use of SR μ CT as a reference tool for assessment of bone MRI segmentation, two methods were tested in this paper. The first one is an Automated Thresholding (ATH) algorithm based on the maximization of

the inter-cluster variance which was chosen for simplicity. The second one is an Automated Region Growing (ARG) algorithm.

A. ATH segmentation

Simple thresholding is widely spread on medical systems because it only depends on the gray levels of the images. Images are binarized by comparing their gray level function to a determined threshold. The main problem with such technique is the choice of the threshold(s). An automated technique was proposed by Otsu [10]. It is based on factorial discriminating analysis and finds the best separation between clusters. The corresponding thresholds (k_1, \dots, k_{p-1}) are obtained when clusters are the most distant from each others (inter-cluster maximization) and the most concentrated around their centers (intra-cluster minimization).

Let f be the 3D image, H its histogram, M its mean, N the total number of voxels, and ng the maximal gray level. Let p be the number of clusters (i.e. segmentation classes), and M_j and N_j be respectively the mean and the number of voxels in each cluster j . From Huyghens theorem, the total variance of the image V_t , is the sum of the inter-cluster variance V_{inter} (k_1, \dots, k_{p-1}) and the intra-cluster variance V_{intra} (k_1, \dots, k_{p-1}):

$$V_t = \sum_{i=0}^{ng} (i - M)^2 \frac{H(i)}{N} \quad (1)$$

$$V_{inter}(k_1, \dots, k_{p-1}) = \sum_{j=1}^p \frac{N_j}{N} (M_j - M)^2 = \frac{1}{N} \left(\sum_{j=1}^p N_j M_j^2 - N M^2 \right) \quad (2)$$

$$V_{intra}(k_1, \dots, k_{p-1}) = \sum_{j=1}^p \sum_{i=k_{j-1}+1}^{k_j} (i - M_j)^2 \frac{H(i)}{N}$$

As V_t is independent of k_1, \dots, k_{p-1} , maximizing $V_{inter}(k_1, \dots, k_{p-1})$ is equivalent to minimize $V_{intra}(k_1, \dots, k_{p-1})$.

Thus, (k_1, \dots, k_{p-1}) are determined by maximizing $\sum_{j=1}^p N_j M_j^2$.

In this application, histograms are bimodal, thus the problem is reduced to find two clusters and only one threshold.

B. ARG segmentation

Region growing techniques [11] seem attractive for bone segmentation due to their ability to spread in the trabecular bone architecture described as a three dimensional and anisotropic interconnected network of rods and plates. The region growing algorithm which has been implemented derives from a previous work [12]. The method is directly working in 3D space. It begins with a seed location and attempts to merge neighboring voxels until no more voxels can be added to it. However, since the merging process is governed by a homogeneity criterion, the segmentation result is highly dependent on the choice of a homogeneity threshold

σ . ARG method proposes to determine automatically the “optimal homogeneity threshold” by the mean of an *evaluation function*. This *evaluation function* is properly defined to quantify the quality of the segmented region, its highest value corresponding to the best segmentation. The optimal threshold σ_{opt} is obtained by maximizing this function.

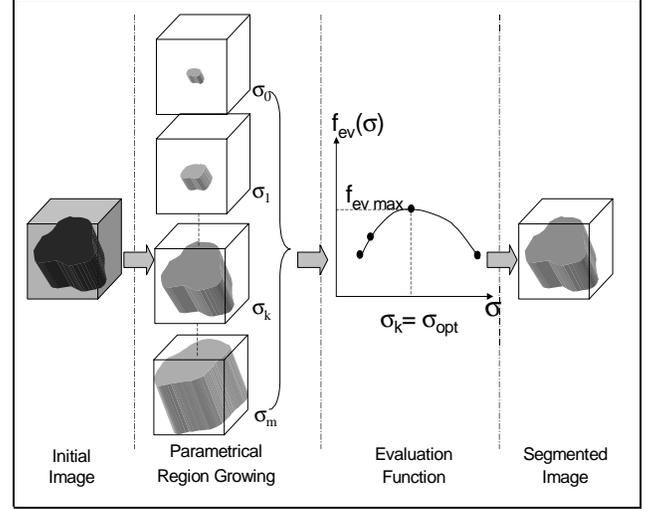


Figure 2: Principle of segmentation method.

The principle of the method is schematized on Figure 2. A sequence of segmented regions is obtained by increasing σ , homogeneity criterion based on standard deviation, from σ_0 to σ_m . During the first iteration, seeds and the range of σ are automatically initialized. Seeds initialization is performed by an automated thresholding followed by a 3D binary erosion. The range of σ is deduced from the standard deviation of the initial seeds and their 3D-neighborhoods. The region growing algorithm segments the original image with the initial seeds and $\sigma = \sigma_0$, yielding a homogeneous region $R(\sigma)$. At each iteration, the homogeneous region $R(\sigma)$ replaces the seeds, σ is increased by $\Delta\sigma$ and the region growing algorithm proceeds to a new segmentation. For each σ , $f_{ev}(\sigma)$ evaluates the quality of the segmented region. By definition, the best segmentation corresponds to the optimal threshold σ_{opt} .

The quality of the segmentation may be evaluated either from a boundary or a region criterion and different *evaluation functions* were proposed [13]. In this work, we chose an *evaluation function* $f_{ev}(\sigma)$ based on a boundary criteria, whose behavior was validated on a synthetic test image.

Let $R(\sigma)$ be the segmented region for a given σ , and $B_{R(\sigma)}$ its boundary defined according a mathematical morphology approach. Let x , be a voxel, and V_x its neighborhood. Two neighboring voxels located on both sides of the boundary are called a *transition couple*. The *evaluation function* $f_{ev}(\sigma)$ was defined as the sum of transition levels of all transition couples normalized by the total number of transition couples N_t :

$$f_{ev}(\sigma) = \frac{1}{N_t} \sum_{x \in B_R(\sigma)} \sum_{\substack{y \in V_x \\ y \notin R(\sigma)}} |f(x) - f(y)| \quad (3)$$

V. RESULTS AND DISCUSSION

To implement our assessment scheme (see Figure 1), a particular care is needed during the acquisition step. First, the same bone samples are acquired by both μ MRI and SR μ CT systems. We recall that the following results are obtained over twelve calcaneus samples. Secondly, the two fields of view have to be registered in order to work on the same portion of the bone sample.

Using our assessment scheme, μ MRI-ATH and μ MRI-ARG segmented images can be evaluated qualitatively but also quantitatively by comparing them to the SR μ CT images. Figure 3-a illustrates a slice extracted from the 78 μ m μ MRI image of a calcaneus sample. Figure 3-b shows the corresponding slice of the same sample through a 10 μ m SR μ CT image. Although there is some similarity between both images, the comparison is arduous because of the difference of resolution and the slightly different reconstructed region of interest. Figure 3-c,d show the segmentations of the μ IRM slice presented in Figure 3-a, obtained with both methods. *ATH* is obviously noisier than *ARG*.

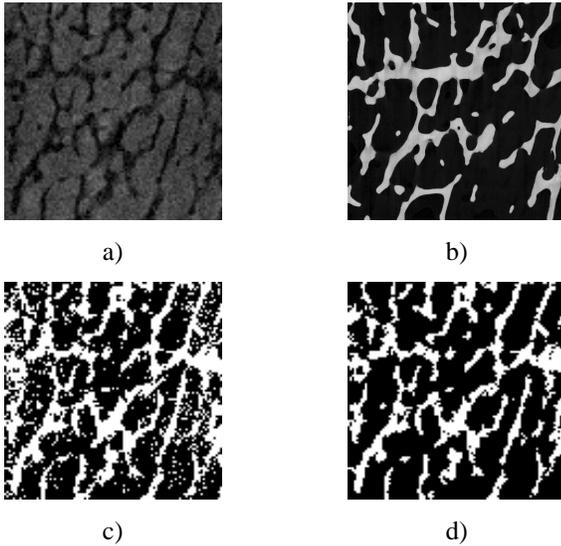


Figure 3 : Calcaneus sample: a) 78 μ m μ MRI. b) 10 μ m SR μ CT corresponding slice. μ MRI slice segmented by : c) *ATH*, d) *ARG*

Comparing qualitative features such as the similarity of bone surfaces, the preservation of trabecular connectivity and noise perturbation from a visual point of view, gives a first evaluation of the segmentation methods. For this purpose, SR μ CT images are subsampled to obtain the same resolution as the μ MRI images of 80 μ m. Figure 4-a,b present a reference SR μ CT image at the resolutions of 20 μ m and 80 μ m (for clarity, only a 3.2 mm x 3.2 mm x 3.2 mm sub-volume is presented). We can see that *ARG* is more efficient than *ATH*.

In Figure 4-c, *ATH* produces a lot of isolated points. On the contrary, *ARG* (see Figure 4-d) separates the bone from the marrow while keeping the connectivity of the structure without leaving isolated points.

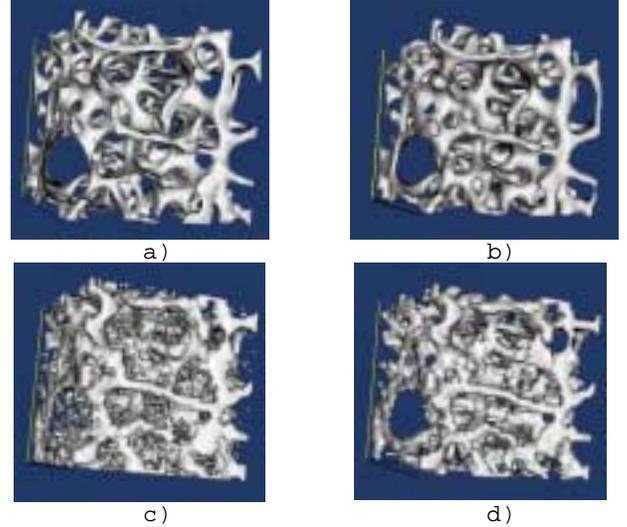


Figure 4: a) SR μ CT image, resolution 20 μ m ; b) SR μ CT image, resolution 80 μ m ; c) μ MRI image, *ATH* method ; d) μ MRI image, *ARG* method.

Nonetheless, the quantitative assessment, by its ability to give an impartial measurement of the segmentation accuracy, is the most interesting. In order to appreciate the differences in quantification between μ MRI and SR μ CT, the architecture parameters were computed from both types of images. The comparison was performed with the r^2 correlation coefficients between the architecture parameters computed from μ MRI images segmented by both methods, and the SR μ CT images at 10 μ m. All parameters are better estimated from the μ MRI-*ARG* segmented images. Table 1 shows that the correlation coefficients of μ MRI-*ARG* segmented images are respectively 0.89, 0.65, 0.61 for BV/TV, BS/BV, Tb. Th and are higher than those obtained with *ATH*. The Euler Number correlation is also highest with the μ MRI-*ARG* segmented images. This result is particularly interesting since it means that the region growing method preserves the connectivity of the structure, which is not the case with *ATH* algorithm.

Table 1: Correlation between μ MRI and SR μ CT at 10 μ m with the two segmentation methods over the 12 bone samples.

10 μ m	BV/TV	BS/BV	Tb. Th	Euler
<i>ARG</i>	0.89	0.65	0.61	0.41
<i>ATH</i>	0.66	0.26	0.18	0.26

Figure 5 shows BV/TV found respectively, from the SR μ CT images, the μ MRI-*ARG* segmented images, and the μ MRI-*ATH* segmented images. It may be seen that although

the BV/TV is over-estimated with both methods from the μ MRI images, the estimation is closest when using ARG. High variations on the BV/TV among the twelve μ MRI-ATH segmented images underline the non robustness of this method in this application. This can be explained by the partial volume effect of μ MRI images, badly taken into account by ATH.

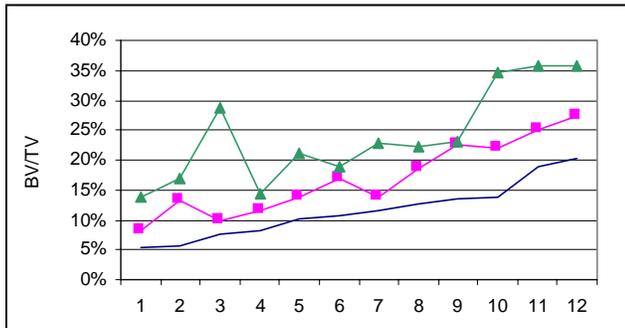


Figure 5: Comparison of BV/TV from SR μ CT, ATH and ARG. Continuous line: SR μ CT images. Square marks: μ MRI-ARG segmented images. Triangular marks: μ MRI-ATH segmented images.

VI. CONCLUSION

SR μ CT provides highly spatially resolved density images of bone samples, and it may be particularly exploited to evaluate emerging clinical techniques such as MRI and ultrasound. MRI is particularly attractive since it is potentially usable in vivo as a direct 3D imaging modality. However the quantification of MRI images is still challenging and relies on accurate segmentation. The evaluation of segmentation methods is always difficult when the ideal image is unknown. In this paper, we present a framework based on reference SR μ CT images to evaluate segmentation techniques associated to MR bone images. Once the accuracy of the segmentation algorithm is proved, our evaluation scheme based on SR μ CT would be helpful to improve the MR image acquisition.

VII. ACKNOWLEDGEMENT

This work is in the scope of the scientific topics of the PRC-GdR ISIS research group of the French National Center for Scientific Research CNRS. The authors acknowledge INSERM U403 and LMSO, INSA Lyon, for collecting and preparing bone samples. They thank the ID19 group from ESRF, Grenoble for their participation to the experiments. They are also grateful to Dr. Olivier Beuf for the acquisition of μ MRI images.

VIII. REFERENCES

- [1] T. Antoniadis, J.P. Scarpelli, J.P. Ruaud, P. Gonord, and G. Guillot, "Bone labeling on micro-magnetic resonance images," *Medical Image Analysis*, vol. 3, n° 2, pp. 119-128, 1998.
- [2] S. Majumdar, M. Kothari, P. Augat, D. Newitt, T. Link, J. Lin, T. Lang, Y. Lku, and H. Genant, "High resolution Magnetic Resonance Imaging: three-dimensional trabecular bone architecture and biomechanical properties," *Bone*, vol. 22, n° 5, pp. 445-454, 1998.
- [3] P. R uegsegger, B. Koller, and R. Muller, "A microtomographic system for the nondestructive evaluation of bone architecture," *Calcified Tissues International*, vol. 58, pp. 24-29, 1996.
- [4] F.W. Chung, F.W. Wehrli, J.L. Williams, and S.L. Wehrli, "Three-dimensional nuclear magnetic resonance microimaging of trabecular bone," *Journal of Bone and Mineral Research*, vol. 10, pp. 1452-1461, 1995.
- [5] K. Engelke, W. Graeff, L. Meiss, M. Hahn, and G. Delling "High spatial resolution imaging of bone mineral using computed microtomography : comparison with microradiography and undecalcified histologic sections," *Investigative Radiology*, vol. 28, n° 4, pp. 341-349, 1993.
- [6] M. Salome, F. Peyrin, P. Cloetens, C. Odet, A.M. Laval-Jeantet, B. Baruchel, and P. Spanne, "A synchrotron radiation microtomography system for the analysis of trabecular bone samples," *Med. Phys.*, vol. 26, n°10, pp. 2194-2204, 1999.
- [7] O. Beuf, MJ. Seurin, Y. Carrillon, and A. Briguet, "High resolution NMR imaging of the trabecular bone structure at 2T," *ESMRMB 99, 16th annual meeting*, Seville, Spain, pp. 201, 1999.
- [8] J.A. Hipp and C.A. Simmons, "Method-based differences in the automated analysis of the three-dimensional morphology of trabecular bone", *Journal of Bone and Mineral Research*, vol. 12, n° 6, pp. 942-947, 1997.
- [9] A. Odgaard, and H. J. G. Gundersen, "Quantification of connectivity in cancellous bone, with special emphasis on 3D reconstructions," *Bone*, vol. 14, pp. 173-182, 1993.
- [10] N. Otsu, "A threshold selection method from gray level histograms," *IEEE Trans. Syst. Man. Cybern.*, vol. 9, pp. 62-66, 1979.
- [11] R. Adams and L. Bischof, "Seeded region growing," *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 16, n° 6, pp. 641-647, 1994.
- [12] C. Revol, and M. Jourlin, "A new minimum variance region growing algorithm for image segmentation," *Pattern Recognition Letters*, vol. 18, pp. 249-258, 1997.
- [13] C. Revol-Muller, F. Peyrin, C. Odet, and Y. Carillon, "Automated 3D region growing algorithm governed by an evaluation function", *IEEE 2000 International Conference on Image Processing (ICIP 00)*, n° 1603, 2000.

UNIFYING VARIATIONAL APPROACH AND REGION GROWING SEGMENTATION

Jean-Loïc Rose^a, Thomas Grenier^b, Chantal Revol-Muller^b, Christophe Odet^b

^aLIRIS, CNRS UMR5205
Université Lyon 2
69676 Bron cedex, France

^bCREATIS, CNRS UMR5220, Inserm U630
Université de Lyon, INSA de Lyon
69621 Villeurbanne, France
phone: + (33)4 72 43 81 91, fax: + (33)4 72 43 63 12
web: www.creatis.insa-lyon.fr

ABSTRACT

Region growing is one of the most popular image segmentation methods. The algorithm for region growing is easily understandable but criticized for its lack of theoretical background. In order to overcome this weakness, we propose to describe region growing in a new framework using a variational approach that we called *Variational Region Growing* (VRG). Variational approach is commonly used in image segmentation methods such as active contours or level sets, but is rather original in the context of region growing. It relies on an evolution equation derived from an energy minimization, that drives the evolving region towards the targeted solution. Here, the energy minimization and the VRG robustness to the initial seeds location are performed on gray-level and color images.

Index Terms— Segmentation, region growing, variational approach, region-based energy

1. INTRODUCTION

Since its introduction by Zucker [1], the region growing method has become a popular algorithm for 2D and 3D segmentation. In this approach, a homogeneous region is presumed to correspond to a semantic object. Starting from a seed, manually or automatically located, the iterative process of region growing extracts a region of interest by merging all pixels satisfying an aggregation criterion and located in the neighborhood of the region. At each step, candidate pixels neighboring the evolving region, or already belonging to it, are tested. The algorithm converges when no more pixels are added to the evolving region during an iteration.

In classical region growing methods, aggregation criterion can be categorized into two groups. In the first group, the criterion governs the growth of a single region. This criterion measures either a similarity between a candidate pixel and another pixel or the homogeneity of the whole resulting segmented region [2]. Such a criterion requires the use of an arbitrary threshold value to fix the minimum value of homogeneity. This method is attractive due to its simplicity, but the choice of the threshold requires further knowledge about the grey-level distribution to avoid trial and error adjustment. In the second group, the criterion governs a competitive growth between several regions. This kind of region growing called *seeded region growing* was introduced by Adams and Bischof [3] in 1994. At each iteration, the most similar pixel compared to mean intensity of a region is looked up in the set of all candidate pixels and merged. This

method is free from tuning parameters [4]. More elaborated merging criteria based on statistics were also proposed [5, 6].

The originality of this work is to apply the region growing process to solve an energy minimization arising from segmentation problems. Through a discrete variational approach, we formalize the iterative algorithm of region growing, and we set out a theoretical framework for the definition of the aggregation criterion. Our *Variational Region Growing* (VRG) describes a generic framework which relies on a region-based energy minimization. The major relevance of this framework is its ability to deal with whatever kind of aggregation criterion, provided that can be converted in a minimization energy problem.

2. DEFINITIONS

Let us start by introducing some definitions and notations further used in our framework.

2.1 Region representation

In our formalism, the evolving region is represented by a characteristic function $\phi_{\mathbf{x}}$ defined by:

$$\phi_{\mathbf{x}} = \phi(\mathbf{x}) = \begin{cases} 1 & \text{if } \mathbf{x} \in \Omega_{in} \\ 0 & \text{if } \mathbf{x} \in \Omega_{out} \end{cases} \quad (1)$$

where \mathbf{x} is a \mathbb{R}^d element of the image domain Ω , Ω_{in} the segmented region in Ω and Ω_{out} the background, defined as the absolute complement of Ω_{in} : $\Omega_{out} = \Omega \setminus \Omega_{in}$. The initial region ($t = 0$) is described by the characteristic function ϕ^0 :

$$\{\mathbf{x} \in \Omega \mid \phi(\mathbf{x}, t = 0) = 1\} \quad (2)$$

2.2 Neighborhood definition

In a metric space Ω , the neighborhood of a given point \mathbf{u} is defined by the set of all points close to \mathbf{u} according to the euclidian distance. We define the ε -neighborhood of a point \mathbf{u} as the set:

$$N_{\varepsilon}(\mathbf{u}) = \{\mathbf{v} \in \Omega \mid \|\mathbf{v} - \mathbf{u}\| \leq \varepsilon\} \quad (3)$$

In the 2D-image domain, the well-known N_4 and N_8 neighborhoods are obtained with respectively $\varepsilon = 1$ and $\varepsilon = \sqrt{2}$.

Let us note $\partial_{\varepsilon}^{+}$ the outer boundary of $\Omega_{in} \subset \Omega$ defined as follows:

$$\partial_{\varepsilon}^{+} = \{\mathbf{v} \in \Omega_{out} \mid \exists \mathbf{u} \in \Omega_{in}, \mathbf{v} \in N_{\varepsilon}(\mathbf{u})\} \quad (4)$$

In the same way, let us note $\partial_{\varepsilon}^{-}$ the inner boundary of Ω_{in} defined as follows:

$$\partial_{\varepsilon}^{-} = \{ \mathbf{v} \in \Omega_{in} \mid \exists \mathbf{u} \in \Omega_{out}, \mathbf{v} \in N_{\varepsilon}(\mathbf{u}) \} \quad (5)$$

We also note $\partial_{\varepsilon}^{\pm}$ the union of the inner and outer boundaries.

3. VARIATIONAL REGION GROWING APPROACH

The aim of this paper is to describe the region growing segmentation as an energy minimization process. We particularly focus on variational models. Variational models, and functional analysis in general, belong to mathematical theories closely related to physics such as propagation equations or conservation laws. Variational models are linked to optimization problems and are frequently used for solving image segmentation such as active contours and level sets [7].

3.1 Variational approach in segmentation

In a variational approach, image segmentation can be formulated by the following expression:

$$\phi^* = \arg \min_{\phi} J(\phi) \quad (6)$$

where ϕ^* is an optimal solution of an energy minimization process and leads to the best segmentation according to the considered energy $J(\cdot)$. A way to compute the optimal solution is to define the variation of ϕ called $\Delta_t \phi$ by introducing an artificial time-variable t and to estimate iteratively the energy variation $\Delta J(\cdot)$ for a small variation of ϕ noted $\tilde{\phi}$:

$$\Delta_t \phi + F(\phi, \Delta J(\tilde{\phi})) = 0 \quad (7)$$

where F is a functional that governs the region evolution.

In our approach, this functional depends on a special function $c(\phi)$ (explained below) and the energy variation $\Delta J(\tilde{\phi})$. Starting from ϕ^0 , ϕ is updated at each time by solving iteratively equation (8), over the whole the domain Ω , until a steady state solution is reached.

$$\Delta_t \phi - c(\phi) \cdot H(-\Delta J(\tilde{\phi})) = 0 \quad (8)$$

H is the one-dimensional Heaviside function defined as follows:

$$H(z) = \begin{cases} 0 & \text{if } z < 0 \\ 1 & \text{if } z \geq 0 \end{cases} \quad (9)$$

The Heaviside function activates the function $c(\phi)$ when the estimated energy variation $\Delta J(\tilde{\phi})$ is negative, and inhibits it otherwise. The function $c(\phi)$ is defined in order to induce the switch of ϕ values, so it is equal to $(1 - 2\phi)$. For clearness sake, $c(\phi)$ is represented in figure 1 in the case of a mono-dimensional space Ω . More details are given in the next subsection.

In our discrete framework, the continuous-time variable t is replaced by a discrete-time variable n . Therefore, ϕ^n represents the current values of ϕ . At the next iteration, ϕ^{n+1} the update of ϕ^n consists in determining the new values of ϕ for each grid points \mathbf{x} . Let us note $\phi_{\mathbf{x}}^n$ the value of ϕ^n at point \mathbf{x} . Equation (8) is iteratively solved by numerical methods making ϕ evolve jointly to the segmented region. The evolution of the region function ϕ is given by the following equation:

$$\phi^{n+1} = \phi^n + c(\phi^n) \cdot H(-\Delta J(\tilde{\phi}^n)), \quad (10)$$

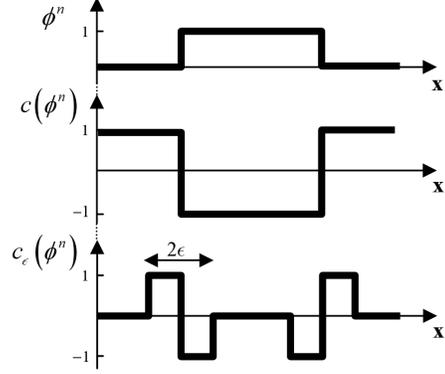


Fig. 1. The characteristic function ϕ^n (also called region function), the function $c(\phi^n)$ and the cut-off function $c_{\varepsilon}(\phi^n)$ are plotted with a solid line in the case of a mono-dimensional domain Ω .

At a specific point \mathbf{x} of Ω , it can be also written:

$$\phi_{\mathbf{x}}^{n+1} = \phi_{\mathbf{x}}^n + c(\phi_{\mathbf{x}}^n) \cdot H(-\Delta J(\tilde{\phi}_{\mathbf{x}}^n)), \quad (11)$$

where the sign of $\Delta J(\tilde{\phi}_{\mathbf{x}}^n)$ indicates whether the value $\phi_{\mathbf{x}}$ has to be switched or not.

3.2 Adaptation for region growing method

In this section, we focus on the VRG algorithm implementation. Previously, we defined $\Delta J(\tilde{\phi}^n)$ for each point \mathbf{x} of Ω . In the particular case of region growing, the set of candidate points for the state switch is restricted to a neighborhood around the boundary of the evolving region. The size of neighborhood where the region can evolve, is parameterized by ε value (see equation (3)). That leads us up to propose a cut-off function $c_{\varepsilon}(\phi^n)$ defining a spatial bandwidth for the candidates points by:

$$c_{\varepsilon}(\phi_{\mathbf{x}}^n) = \begin{cases} 1 - 2\phi_{\mathbf{x}}^n & \text{if } \mathbf{x} \in \partial_{\varepsilon}^{\pm} \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (12)$$

where $c_{\varepsilon}(\phi_{\mathbf{x}}^n)$ depends on ε -value as shown in figure 1. The aim of c_{ε} is similar to the narrow band used in level sets. Note that in most of region growing methods, only the outer boundary $\partial_{\varepsilon}^{+}$ is considered for the evolution of the region.

3.3 Energy variation

VRG recovers an object of interest by means of a discrete function ϕ that switches according to the minimization of an energy J . In the literature, many region-based energies were introduced into the variational framework. Jehan-Besson [8] gives a general definition of a region-based energy computed from a "region-independent" descriptor $k_{\mathbf{x}}$ as:

$$J(\Omega_{in}) = \int_{\Omega_{in}} k_{\mathbf{x}} d\mathbf{x} \quad (13)$$

In our framework, we express the previous energy by:

$$J(\phi^n) = \sum_{\mathbf{x} \in \Omega} k_{\mathbf{x}} \cdot \phi_{\mathbf{x}}^n \quad (14)$$

Starting from this energy, we evaluate $J(\tilde{\phi}^n)$ the energy that would result from the state switch of a candidate pixel \mathbf{v} . We define the assessed state switch $\tilde{\phi}_{\mathbf{v}}^n$ of a pixel by:

$$\tilde{\phi}_{\mathbf{v}}^n = 1 - \phi_{\mathbf{v}}^n, \quad (15)$$

thus,

$$\tilde{\phi}_{\mathbf{x}}^n = \phi_{\mathbf{x}}^n \text{ if } \mathbf{x} \neq \mathbf{v}. \quad (16)$$

From equation (14), the energy of $\tilde{\phi}^n$ can be expressed as:

$$J(\tilde{\phi}^n) = \sum_{\mathbf{x} \in \Omega} k_{\mathbf{x}} \cdot \tilde{\phi}_{\mathbf{x}}^n \quad (17)$$

Using equations (15) and (16), we can also write:

$$J(\tilde{\phi}^n) = k_{\mathbf{v}} \cdot \tilde{\phi}_{\mathbf{v}}^n + \sum_{\mathbf{x} \neq \mathbf{v}, \mathbf{x} \in \Omega} k_{\mathbf{x}} \cdot \phi_{\mathbf{x}}^n \quad (18)$$

$$J(\tilde{\phi}^n) = k_{\mathbf{v}} \cdot (1 - \phi_{\mathbf{v}}^n) - k_{\mathbf{v}} \cdot \phi_{\mathbf{v}}^n + k_{\mathbf{v}} \cdot \phi_{\mathbf{v}}^n + \underbrace{\sum_{\mathbf{x} \neq \mathbf{v}} k_{\mathbf{x}} \cdot \phi_{\mathbf{x}}^n}_{J(\phi^n)} \quad (19)$$

The energy variation $\Delta J(\tilde{\phi}^n)$ resulting from promoting a single point at position \mathbf{v} is obtained by identification and is defined by:

$$\Delta J(\tilde{\phi}_{\mathbf{v}}^n) = (1 - 2\phi_{\mathbf{v}}^n) \cdot k_{\mathbf{v}} \quad (20)$$

Note that this variation of energy is defined whatever the region-independent descriptor used.

4. APPLICATION

Here, we present our algorithm to solve energy minimization through a region growing process. And then we apply it to image segmentation using the probability distribution separation energy introduced by Paragios [7].

4.1 Variational region growing algorithm

The outline of our algorithm is presented in few steps:

Step 1. Initialization. Construct the initial partition ϕ^0 (see eq. (2)). This partition corresponds to the initial seeds.

Step 2. Compute the set $\partial_{\epsilon}^{\pm}$ of candidate points for the switch state (inner and outer boundaries of Ω_{in}).

Step 3. Evolution. Switch ϕ -value of each point \mathbf{v} in $\partial_{\epsilon}^{\pm}$, if $\Delta J(\tilde{\phi}_{\mathbf{v}}^n)$ the energy variation is negative.

Step 4. Repeat the step 2, until the energy variation remains unchanged (i.e. no more points are switched).

4.2 Probability distribution separation energy

To illustrate our variational method, we use it to Paragios image segmentation model [7]. We consider a more complex energy that looks simple means and compares the full probability distributions of the foreground and background. We show that its incorporation into our framework is simple.

Consider $p_{in}(I_{\mathbf{x}})$ and $p_{out}(I_{\mathbf{x}})$ be the two estimated probability density functions at pixel \mathbf{x} computed from the global inner Ω_{in} and the outer region Ω_{out} of a partitioned image $I_{\mathbf{x}}$ using Parzen window. Parzen window method is a non-parametric kernel density estimation. This estimation is asymptotically unbiased, uniformly consistent in probability, and consistent in the mean-square sense.



Fig. 2. Segmentations of the LEOPARD color image. (a) Shows the initialization (white circle region); (b) shows contour of segmentation using probability distribution separation in our variational approach.

The kernel density estimator $p_{in}(I_{\mathbf{x}})$ of the interior region image intensities ($I_{\mathbf{x}} \in R^d$) at point \mathbf{x} is given by:

$$p_{in}(I_{\mathbf{x}})_{\mathbf{H}} = \frac{1}{|\Omega_{in}|} \sum_{\mathbf{i} \in \Omega_{in}} K_{\mathbf{H}}(I_{\mathbf{x}} - I_{\mathbf{i}}) \quad (21)$$

where $|\Omega_{in}|$ is the cardinality of set Ω_{in} , \mathbf{H} is a $d \times d$ symmetric positive definite matrix called the bandwidth matrix,

$$K_{\mathbf{H}}(I_{\mathbf{x}}) = |\mathbf{H}|^{-1/2} K\left(\mathbf{H}^{-1/2} I_{\mathbf{x}}\right) \quad (22)$$

and K is a d -variate kernel function satisfying:

$$\int K(\mathbf{z}) d\mathbf{z} = 1 \quad (23)$$

Conditions on the multivariate kernel K and bandwidth matrix \mathbf{H} to guarantee the asymptotic unbiasedness, the mean-square consistency and the uniform consistency of the estimator can be found in [9]. In the following of the paper, we use the Gaussian kernel K_G which satisfies the previous conditions:

$$K_G\left(\mathbf{H}^{-1/2} I_{\mathbf{x}}\right) = (2\pi)^{-d/2} \cdot \exp\left(-\frac{1}{2} I_{\mathbf{x}}^T \mathbf{H}^{-1} I_{\mathbf{x}}\right) \quad (24)$$

Paragios et al. shows that the maximization of the posterior probability is equivalent to the minimization of the corresponding $[-\log(\cdot)]$ function. In our work, this energy is defined by:

$$J(\phi^n) = - \sum_{\mathbf{x}} \log(p_{in}(I_{\mathbf{x}})) \cdot \phi_{\mathbf{x}} - \sum_{\mathbf{x}} \log(p_{out}(I_{\mathbf{x}})) \cdot (1 - \phi_{\mathbf{x}}) \quad (25)$$

With equation 20, we obtain the energy variation of $J(\phi_{\mathbf{x}})$:

$$\Delta J(\tilde{\phi}_{\mathbf{v}}^n) = (1 - 2\phi_{\mathbf{v}}^n) \cdot [\log(p_{out}(I_{\mathbf{v}})) - \log(p_{in}(I_{\mathbf{v}}))] \quad (26)$$

where $p_{in}(I_{\mathbf{v}})$ and $p_{out}(I_{\mathbf{v}})$ are updated at each iteration.

5. EXPERIMENTS

In order to demonstrate the strengths and limitations of our method, we performed several experiments. First, we compare VRG with a classic region growing approach. We continue with a study of the effects of segmentation initialization. Finally, we examine the convergence properties of the proposed method. For all experiments, the VRG parameters are set to constant values: $\mathbf{H} = 2.25 \mathbf{I}$, (\mathbf{I} is the identity matrix), and $\epsilon = 1$.

5.1 Comparison with a classic region growing approach

In the previous section, we have described how to integrate region-based energies in our variational region growing. Here, we demonstrate the improvements offered by our algorithm. We propose to compare the variational region growing with a classic region growing approach driven by a homogeneity criterion. Lots of homogeneity criteria were implemented in region growing. These can be classified as local or global criteria depending on the spatial extent where measurements are computed. Difference between grey levels, statistic properties of the evolving region such as mean or variance are well-known features used to assess homogeneity criteria [2], [10]. The purpose of the following experiments is to demonstrate that using energy minimization instead of a simple homogeneity criterion can improve significantly the region growing segmentation.

We compare VRG with a classic region growing algorithm called *Global Mean Region Growing* (GMRG) cited in [10]. In GMRG, the candidate pixels are aggregated to the growing region if their grey levels are included in a range specified by the mean of the grey level distribution of the evolving region and a tolerated variation specified by the standard deviation of this distribution. This approach implicitly assumes that the grey level distribution of the target region can be modeled by a Normal law. The criterion adapted to the inside region Ω_{in} is expressed by the following equation:

$$|I_x - \mu_{\Omega_{in}}| \leq \alpha \cdot \sigma_{\Omega_{in}} \quad (27)$$

where α is a tuning parameter.

In figure 3, we compare the performance of VRG guided by Paragios region-based energy described in section 4.2 with GMRG driven by the previous homogeneity criterion. Notice that the classic approach only extracts the brightest parts of the image while our approach converges to meaningful object boundaries. For both images, α value is manually adjusted in order to get the best results. In the MUSHROOM image [11], the main object and the inhomogeneous background are associated with multimodal distributions of their color components (R,G,B). Lighting variations and complex textures induce both smooth and quick changes onto these components. In the BRAIN image, the VRG is initialized from two small ellipses pointing out a single initial region. Starting from this initial region (chosen to be inside the object), the variational region growing evolves iteratively by testing candidate points specified by ∂_{ϵ}^+ until convergence.

5.2 Sensitivity to Initialization

A major advantage of VRG is a lower sensitivity to initialization. This characteristic comes from the use of global region-based functional. Indeed, global region-based energy analyses the whole image, whereas classic methods based on homogeneity criterion only use features of the evolving region and are consequently more sensitive to initialization.

The experiment in figure 4 shows multimodal image in which the leopard was segmented with several different initializations. In this experiment, the analysis of density distribution of regions (inside and outside region) allows the segmentation technique to accurately separate this structure from the rest of the image. With various initialization, our variational approach converges to the same segmentation.

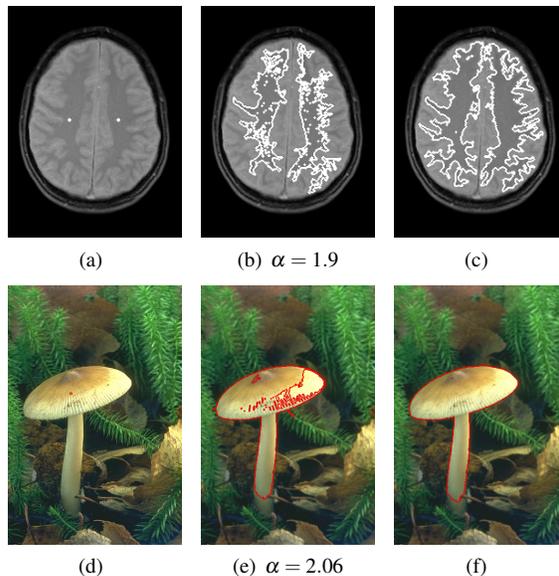


Fig. 3. Segmentations of a gray-level image (BRAIN) and a color image (MUSHROOM). (a, d) show the same initialization for VRG and GMRG; (b, e) and (c, f) show contours of segmentation using GMRG and VRG, respectively.

5.3 Convergence and properties

Finally, we examine the convergence and properties of our variational region growing. Figure 5 displays the results for different initial conditions. The white contours delineate segmented regions. In figure 5(c), the same result is obtained from two different initialization given by figures 5(a), 5(b).

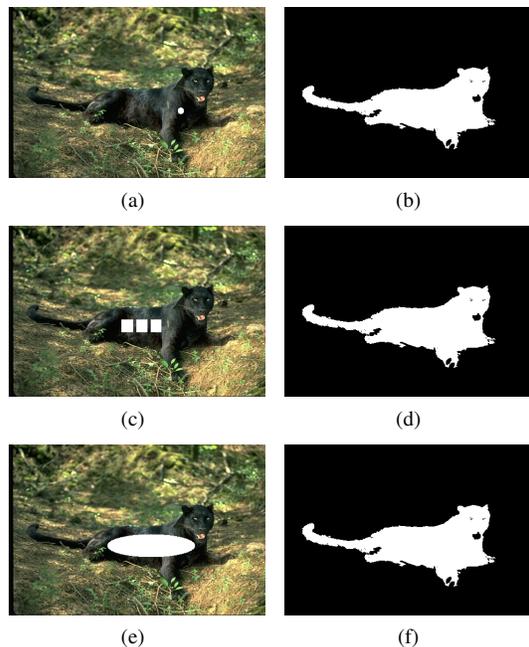


Fig. 4. Segmentations of the LEOPARD color image. (a, c, e) show different initializations; (b, d, f) show corresponding segmentations using our variational approach.

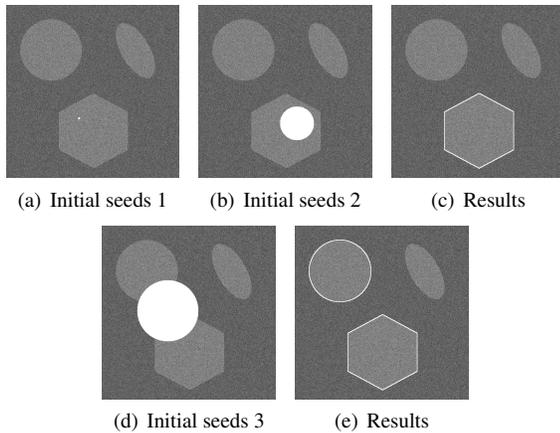


Fig. 5. Three different initial regions (seeds) (a,b,d) and the corresponding segmentation results (c,e).

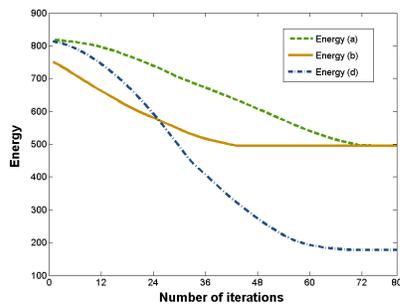


Fig. 6. Three different initial conditions and the corresponding energy versus iterations.

Thus, different initial seeds, provided that they were inside the same region of interest, converge to the same result. In the same way, figure 5(e) displays the segmentation result obtained with seeds of figure 5(d). Thanks to the use of $\partial_{\varepsilon}^{-}$, some pixels belonging first to the evolving region, can be rejected during the next iterations, enabling the segmentation of non-connected objects. These examples illustrate the ability of VRG to converge towards the desired object, while enabling free changes of topology during the growing. In figure 6, we plot the energy values versus iterations for each initialization. These evolution curves point out the energy minimization which occurs during the iterative process of the region growing. In the three cases, our variational method detects a local minimum of energy. This intended characteristic comes from the spatial restriction imposed by the algorithm to the evolution of the region at each iteration.

6. CONCLUSION

In this work, we propose an original framework based on variational region growing (VRG) for image segmentation. Describing region growing segmentation approaches with the proposed variational framework, we show that region growing algorithms lead to an energy minimization. Our framework is based on the discrete region-based energy variation and allows one to readily take into account energy in the segmentation. An evolution equation of the region is determined from a functional that depends on the variation of

the energy and a special cut-off function allowing both the selection of the candidate pixels and the state switch of these pixels during the segmentation process. We choose as criterion the maximization of the posterior probability, and we compare our approach with a classical region growing criteria. VRG gives more accurate results than classical approach on both gray-level and color images. Finally, we assess the influence of the initial seeds on the segmented results and on the minimization of the energy. We show that the resulting segmentation is robust to the position of the initial seeds for a given region as the seed initialization lead the same minimum of energy and then to the same segmented region.

REFERENCES

- [1] S. W. Zucker, "Region growing: Childhood and adolescence.," *Computer Graphics and Image Processing*, vol. 5, no. 3, pp. 382–399, 1976.
- [2] C. Revol-Muller, F. Peyrin, Y. Carrillon, and C. Odet, "Automated 3d region growing algorithm based on an assessment function," *Pattern Recognition Letters*, vol. 23, no. 1-3, pp. 137–150, 2002.
- [3] R. Adams and L. Bischof, "Seeded region growing," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 16, no. 6, pp. 641–647, 1994.
- [4] A. Mehnert and P. Jackway, "Improved seeded region growing algorithm," *Pattern Recognition Letters*, vol. 18, no. 10, pp. 1065–1071, 1997, TY - JOUR U1 - 98024077100 Compilation and indexing terms, Copyright 2004 Elsevier Engineering Information, Inc. U2 - Seeded region growing algorithms.
- [5] S. C. Zhu and A. Yuille, "Region competition: unifying snakes, region growing, and bayes/mdl for multiband image segmentation," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 18, no. 9, pp. 884–900, 1996.
- [6] R. Nock and F. Nielsen, "Statistical region merging," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 26, pp. 1452–1458, 2004.
- [7] N. Paragios and R. Deriche, "Geodesic active regions and level set methods for motion estimation and tracking," *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 97, no. 3, pp. 259 – 282, 2005.
- [8] S. Jehan-Besson, M. Barland, and G. Aubert, "Dream2s: Deformable regions driven by an eulerian accurate minimization method for image and video segmentation," *International Journal of Computer Vision*, vol. 53, no. 1, pp. 45–70, 2003.
- [9] K. Fukunaga and L. D. Hostetler, "Estimation of the gradient of a density function with applications in pattern recognition.," *IEEE Transaction on Information Theory*, vol. 21, no. 1, pp. 32–40, 1975.
- [10] T. Grenier, C. Revol-Muller, N. Costes, M. Janier, and G. Gimenez, "3d robust adaptive region growing for segmenting [18f]fluoride ion pet images," in *2006 NSS MIC*, San Diego, USA, Oct 2006, pp. 2644–2648.
- [11] D. Martin, C. Fowlkes, D. Tal, and J. Malik, "A database of human segmented natural images and its application to evaluating segmentation algorithms and measuring ecological statistics," in *Proc. 8th Int'l Conf. Computer Vision*, July 2001, vol. 2, pp. 416–423.

A VESSELNESS-GUIDED VARIATIONAL SEGMENTATION OF CELLULAR NETWORKS FROM 3D MICRO-CT

Alexandra Pacureanu^{1,2}, Chantal Revol-Muller¹, Jean-Loïc Rose¹, Maria Sanchez Ruiz¹,
Françoise Peyrin^{1,2}

¹ CREATIS-LRMN, INSA-Lyon; Inserm, U630; CNRS, UMR5220;
Université de Lyon; Université Lyon 1 ; F-69621, Lyon, France
² ESRF, Imaging Group, 38043 Grenoble Cedex

ABSTRACT

Advances in imaging techniques yield to non-destructive 3D visualization of biological tissue at a sub-cellular scale. As a consequence, new demands emerge to segment complex structures. For instance, Synchrotron Radiation Micro-CT, makes it possible to image the osteocyte syncytium porosity in bone tissue. This structure contains a dense network of thin slender channels interconnecting the cells. Their size (~300-600 nanometers in diameter), is close to the acquisition system resolution (280nm) which makes their detection difficult. In this work is proposed a variational region growing segmentation method adapted for cellular networks. To control the evolution of the segmentation through tubular structures a vesselness map is introduced in the expression of the functional to minimize. The method is tested on synthetic images and applied to experimental data.

Index Terms—3D image segmentation, vesselness, variational method, region growing, X-rays - μ CT.

1. INTRODUCTION

Biological microscopic imaging is receiving increasing interest with advances in instrumentation, detectors and contrast agent. Confocal devices allow the acquisition of 3D images with very high magnification. Recent progress in Synchrotron Radiation Micro-CT (SR- μ CT) opens new opportunities to image biological tissue at sub-micrometric scale in 3D. At the European Synchrotron Radiation Facility (ESRF) is possible to acquire micro-CT images with voxel size up to 0.28 μ m [1][2]. Although imaging at very high resolution with this technique is only emerging, it has potential to overcome some limitations of microscopy.

Cellular structures, composed of cells interconnected via dense channel networks request advanced segmentation methods. In the bone tissue the lacunar-canalicular network is currently subject to intense research, due to its proven essential role in bone remodeling, therefore, in the tissue

quality [3][4][5]. Lacunae hosting the osteocytes are connected via thin canaliculi measuring around 300 to 600 nanometers in diameter.

Recent papers have proposed specific methods to segment filament-like structures in microscopic imaging. In [6], Brega proposed a method exploiting orientation fields to detect 2D thin structures in electron micrographs. In [7], Baudor introduced a method based on vector field to detect and complete filaments tested on a 2D simulated image. However there are still few processing methods so far proposed to automatically segment such images.

In this paper, is addressed the problem of segmenting cellular networks, particularly the bone lacunar-canalicular structure from 3D X-ray micro-CT images. To our knowledge, there has not been segmentation method proposed so far to segment thin structures in micro-CT imaging.

The main difficulties in detecting this kind of structures arise from the size of the tubular structures, which correspond to one or two voxels, determining partial volume effects and sensitivity to noise and low contrast. In addition, the high density of the canaliculi increases the risk to create false junctions or to unify two parallel structures.

This work presents an algorithm of variational segmentation based on region evolution, introducing a shape constraint. The principle consists in evolving a given model in the sense of the minimization of an energy functional which produces the expected segmentation. Compared to contour-based variational segmentation, the region-based approach has the advantage of robustness to noise.

The method is evaluated on simulated images and applied to unique experimental data.

2. VARIATIONAL REGION GROWING APPROACH

The variational region growing (VRG) is a segmentation method recently proposed by Rose [8] [9]. It aims at recovering an object of interest by means of a discrete function ϕ^n (eq.1) that switches according to the

minimization of a region-based energy $J(\phi^n)$, also called criterion. This criterion is designed so that its minimum corresponds to the expected solution.

Let $f(\mathbf{x})$ be a 3D image defined on Ω , a subset of \mathbb{R}^3 . The characteristic function ϕ^n representing the evolving region at the iteration n is defined by:

$$\begin{cases} \phi^n(\mathbf{x}) = 1, & \text{for } \mathbf{x} \in \Omega_{in} \\ \phi^n(\mathbf{x}) = 0, & \text{for } \mathbf{x} \in \Omega_{out} \end{cases} \quad (1)$$

where Ω_{in} is a region of Ω and $\Omega_{out} = \Omega \setminus \Omega_{in}$. At each iteration n , a set of candidate voxels, connected to the segmented region Ω_{in} but not belonging to it, are tested. For a given candidate voxel, the new energy $J(\phi^{n+1})$ resulting from the state switch of the current voxel is evaluated:

$$J(\phi^{n+1}) = J(\phi^n) + \Delta J(\phi^{n+1}) \quad (2)$$

If the incorporation of this new voxel decreases the energy, i.e. if $\Delta J(\phi^{n+1}) < 0$, the voxel is accepted and the characteristic function is updated as

$$\phi^{n+1}(\mathbf{x}) = \frac{1}{2}(1 - \text{sign}(\Delta J(\phi^{n+1}))) \quad (3)$$

Chan and Vese [10] proposed a model of region active contour :

$$J(f) = \lambda_{int} \int_{\Omega_{in}} |f(\mathbf{x}) - \mu_{in}|^2 d\mathbf{x} + \lambda_{ext} \int_{\Omega_{out}} |f(\mathbf{x}) - \mu_{out}|^2 d\mathbf{x} \quad (4)$$

leading to the following expression of the variation of energy:

$$\Delta J_1(\phi^{n+1}) = (1 - 2\phi^n) \left[|f - \mu_{in}|^2 - |f - \mu_{out}|^2 \right] \quad (5)$$

where μ_{in} (respectively μ_{out}) is the average grey level of the domain Ω_{in} (respectively Ω_{out}). For simplicity, the dependency to \mathbf{x} was omitted.

The choice of the energy is essential for the segmentation quality. The previous criterion is based on gray level information and do not use any shape constraint. When it is applied to the segmentation of the lacunar-canalicular system, the method provides a good detection of the lacunae but many canaliculi are missed. To overtake this problem we define a new energy adapted for tubular structures.

3. VESSELNESS-GUIDED VARIATIONAL SEGMENTATION

In this section, we present a new energy expression including prior information on the structures to be detected. Since we are interested in tubular structures, we propose to exploit the vesselness measure proposed by Frangi [11] and Sato [12].

3.1. Vesselness

Vesselness as defined by Frangi [11] provides a robust similarity measure to tubular structure information.

Let $f(\mathbf{x})$ with $\mathbf{x} = (x, y, z)$, be a 3D image. Let $f_{ab}(\mathbf{x}; \sigma)$ be the second derivatives of the smoothed image, at scale σ . Let λ_k be the eigenvalue with the k^{th} smallest magnitude ($|\lambda_1| \leq |\lambda_2| \leq |\lambda_3|$) of the Hessian matrix at voxel \mathbf{x} . A voxel in an ideal tubular structure should be characterized by: $|\lambda_1| \approx 0$; $|\lambda_1| \ll |\lambda_2|$; $\lambda_2 \approx \lambda_3$. For bright structures, λ_2 and λ_3 must have negative values.

Frangi [10] proposed the following definition:

$$v(\mathbf{x}) = \begin{cases} 0 & \text{if } \lambda_2 > 0 \text{ or } \lambda_3 > 0 \\ (1 - \exp(-\frac{R_A^2}{2a^2})) \exp(\frac{R_B^2}{2b^2}) (1 - \exp(-\frac{S^2}{2c^2})) & \end{cases} \quad (6)$$

where :

$$R_A = \frac{|\lambda_2|}{|\lambda_3|}, R_B = \frac{|\lambda_1|}{\sqrt{|\lambda_2\lambda_3|}} \text{ and } S = \sqrt{\lambda_1^2 + \lambda_2^2 + \lambda_3^2} \quad (7)$$

3.2. Proposed method

We propose a 3D segmentation method adapted for cellular networks composed of tubular and ellipsoidal shaped structures. The principle of the method resides in a variational region growing approach, introducing a shape prior information. The vessel enhancement criterion proposed by Frangi is used to create a vesselness map introduced in the expression of the energy controlling the region evolution during segmentation iterations.

We proposed the following functional :

$$J(f, v, \mu_{v_{in}}, \mu_{v_{out}}, \mu_{f_{in}}, \mu_{f_{out}}) = J_1(v) + J_2(f, v) \quad (8)$$

where

$$J_1(v) = \int_{\Omega_{in}} v(\mathbf{x}) |v(\mathbf{x}) - \mu_{v_{in}}|^2 d\mathbf{x} + \int_{\Omega_{out}} v(\mathbf{x}) |v(\mathbf{x}) - \mu_{v_{out}}|^2 d\mathbf{x} \quad (9)$$

$$J_2(f, v) = \int_{\Omega_{in}} (1 - v(\mathbf{x})) |f(\mathbf{x}) - \mu_{f_{in}}|^2 d\mathbf{x} + \int_{\Omega_{out}} (1 - v(\mathbf{x})) |f(\mathbf{x}) - \mu_{f_{out}}|^2 d\mathbf{x} \quad (10)$$

where $v(\mathbf{x})$ is the vesselness measure at the voxel \mathbf{x} and $\mu_{v_{in}}, \mu_{v_{out}}$ (respectively $\mu_{f_{in}}, \mu_{f_{out}}$) are the average grey levels of the domains $\Omega_{in}, \Omega_{out}$ in the vesselness map $v(\mathbf{x})$ (respectively in the original image $f(\mathbf{x})$).

The calculation of the energy variation leads to the following expression :

$$\Delta J(\phi^{n+1}) = (1 - 2\phi^n) [\Delta J_1(v) + \Delta J_2(f, v)] \quad (11)$$

where

$$\Delta J_1(v) = v \left[|v - \mu_{v_{in}}|^2 - |v - \mu_{v_{out}}|^2 \right] \quad (12)$$

$$\Delta J_2(f, v) = (1 - v) \left[|f - \mu_{f_{in}}|^2 - |f - \mu_{f_{out}}|^2 \right] \quad (13)$$

Vesselness measure takes values in the interval [0,1]. During the segmentation evolution, when a tested voxel makes part of a tubular structure, the value of $v(\mathbf{x})$ is close to 1, therefore, the term $\Delta J_1(v)$ in the equation (11), will be used. If the current voxels is part of the background or of a lacunae, $v(\mathbf{x})$ will be close to 0 and the term $\Delta J_2(f, v)$ will be employed, hence the information in the original image will be taken into account. In this way, vesselness is used to eliminate discontinuities in the tubular structures.

To bring an extra improvement to the segmentation method, we make use of the vesselness map also for the initialization of the process. In this way, a thresholded vesselness map is used like the segmentation seed.

4. RESULTS

4.1. Application to simulated images

For the evaluation of the proposed method a phantom simulating lacunae interconnected by canaliculi was synthesized (see Figure 1a)). Structures sizes and grey levels were set to values observed in the experimental data. Thereby, simulated canaliculi have diameters of one to three voxels and a grey level of 150. The lacunae correspond to a 200 grey level value whilst the background to 100. The phantom contains also some discontinuities in the tubular structures. Zero mean Gaussian noise was added, with a standard deviation of 25 (see Figure 1b)), similar to the noise estimated from the real data.

Firstly, segmentation in the manner proposed by Chan and Vese was employed (eq. 4-5) (see Figure 1c)). Subsequently, the vesselness-guided algorithm, proposed here (eq. 8-13), was applied and the result can be seen in Figure 1d). To obtain the vesselness map, we made use of Frangi criterion (eq. (6-7)). using the scale $\sigma=1$ and the parameters $a=0.5$, $b=0.5$, $c=5$. The values for the parameters were obtained experimentally after different evaluations [13].

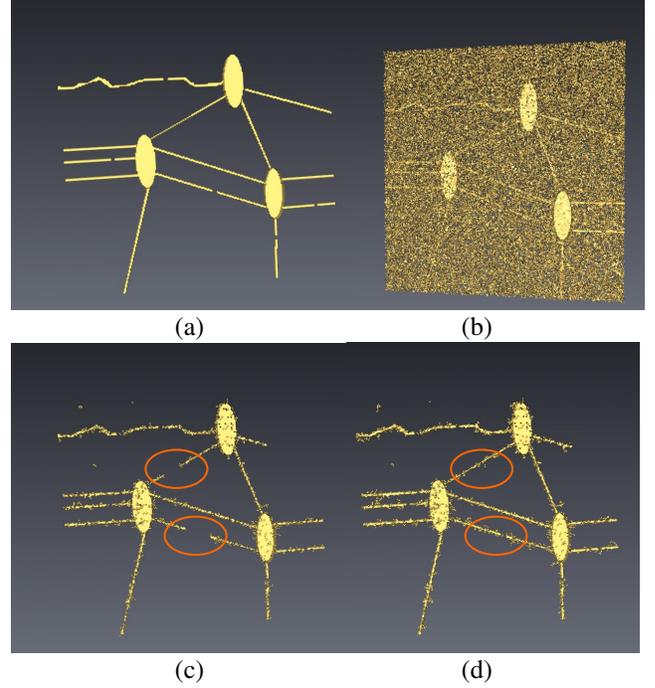


Figure 1: Isosurfaces of the phantom: a) original phantom; b)noisy phantom (Gaussian noise, $\sigma=25$); c) Chan-Vese segmentation d) Vesselness guided VRG.

One can observe that the segmentation result when applying the vesselness-guided evolution is more accurate for the tubular structures, as seen in the highlighted regions from Figure 1 a) and b). Quantitative evaluation of the tubular structures segmentation resulted to 51% good detection using Chan-Vese method and 70% good detection using the vesselness-guided method.

4.2. Application to experimental data

The method was applied to experimental data obtained with very high resolution SR- μ CT at ESRF, representing 3D images of the lacunar-canalicular structure in human femur bone tissue. For the sample presented in this paper, the acquisition resolution was $0.28\mu\text{m}$, the energy was set at 20.5keV and 2000 projections were taken with a counting time of 0.8 seconds.

The seed for the segmentation initialization was obtained from the vesselness map, rescaled from the interval [0,1] to [0, 255], with a threshold set to 70. The parameters used for the vesselness filter were the same with the ones fixed for the phantom.

We show below the results obtained for a $800 \times 500 \times 100$ sub-volume extracted from a $(2048)^3$ volume. Figure 2a) shows a Maximum Intensity Projection of the original sub-volume. Figure 2b) shows the first segmentation results of the canalicular system, in 3D from SR- μ CT.

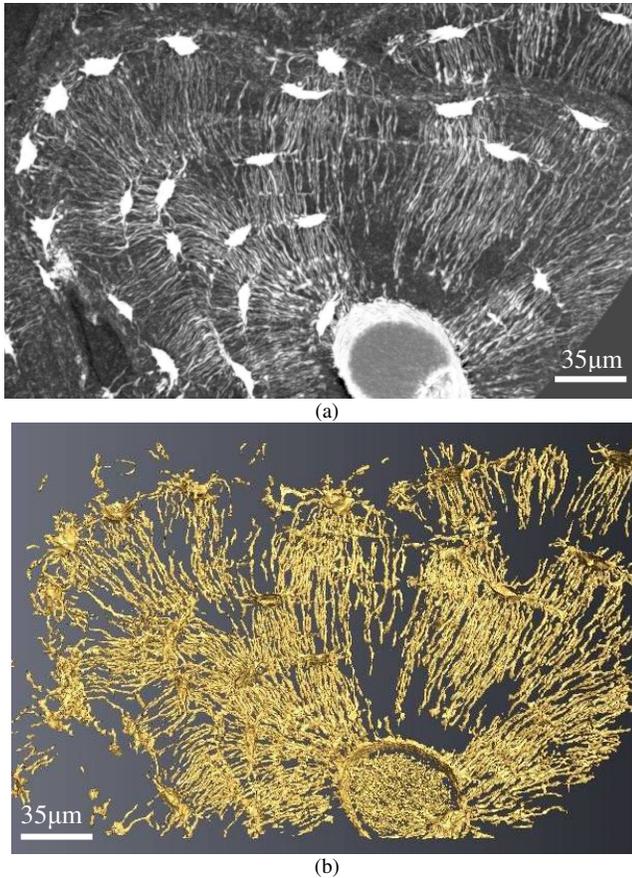


Figure 2: Volume of interest showing the lacuno-canalicular system in a human femur bone sample (image width $\sim 224 \mu\text{m}$): a) Maximum Intensity Projection of the original (inverted) volume b) Isosurface of the segmentation obtained with the proposed method.

5. CONCLUSION

X-ray micro CT opens perspectives for the evaluation of biological tissue at a sub-cellular scale. The advantage is that three-dimensional evaluation becomes possible. However, at this scale, the image quality is limited and specific image processing methods have to be developed to detect sub-micrometric complex structures.

In this work, is proposed a variational region-based segmentation method introducing vesselness as a shape constraint to enable the detection of tubular structures. Introducing the vesselness measure in the expression of the energy to minimize, provides an accurate segmentation of dense networks of tubular structures in noisy images. Renderings of the results of 3D segmentation of the lacunar-canalicular network are presented.

ACKNOWLEDGEMENT

The authors thank the ESRF ID19 group for help during data acquisition and Pr. MH Lafage-Proust (Inserm U890, St-Etienne, France) for providing the bone samples.

6. REFERENCES

- [1] M. Salomé, F. Peyrin, P. Cloetens, C. Odet, A.M. Laval-Jeantet, J. Baruchel, and P. Spanne, "A synchrotron radiation microtomography system for the analysis of trabecular bone samples," *Medical Physics*, vol. 26, Oct. 1999, pp. 2194-2204.
- [2] F. Peyrin, M. Salome, P. Cloetens, A.M. Laval-Jeantet, E. Ritman, and P. Rügsegger, "Micro-CT examinations of trabecular bone samples at different resolutions: 14,7 and 2 micron level," *Technol. Health Care*, vol. 6, 1998, pp. 391-401.
- [3] S.C. Cowin, S. Weinbaum, and Y. Zeng, "A case for bone canaliculi as the anatomical site of strain generated potentials," *Journal of Biomechanics*, vol. 28, Nov. 1995, pp. 1281-97.
- [4] F. Shapiro, "Cortical bone repair. The relationship of the lacunar-canalicular system and intercellular gap junctions to the repair process," *J Bone Joint Surg Am*, vol. 70, Aug. 1988, pp. 1067-1081.
- [5] S. Mishra and M.L. Knothe Tate, "Effect of lacunocanalicular architecture on hydraulic conductance in bone tissue: implications for bone health and evolution," *The Anatomical Record. Part A, Discoveries in Molecular, Cellular, and Evolutionary Biology*, vol. 273, Aug. 2003, pp. 752-62.
- [6] K. Sandberg and M. Brega, "Segmentation of thin structures in electron micrographs using orientation fields," *Journal of Structural Biology*, vol. 157, Feb. 2007, pp. 403-415.
- [7] G. Aubert, A. Baudour, L.Blanc-Feraud, "Détection et complémentation de filaments: une approche variationnelle et vectorielle", *GRETSI*, 2009.
- [8] J. Rose, C. Revol-Muller, C. Odet, and C. Reichert, "Variational region growing," *VISAPP*, vol. 2.
- [9] J. Rose, C. Revol-Muller, J. Langlois, M. Janier, and C. Odet, "3D region growing integrating adaptive shape prior," *Biomedical Imaging: From Nano to Macro, 2008. ISBI 2008. 5th IEEE International Symposium on*, 2008, pp. 967-970.
- [10] T.F. Chan and L.A. Vese, "Active Contours without Edges," *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 10, no. 2, February 2001.
- [11] A. Frangi, W. Niessen, K. Vincken, and M. Viergever, "Multiscale Vessel Enhancement Filtering," *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention — MICCAI'98*, 1998, p. 130.
- [12] Y. Sato, S. Nakajima, N. Shiraga, H. Atsumi, S. Yoshida, T. Koller, G. Gerig, and R. Kikinis, "Three-dimensional multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images," *Medical Image Analysis*, vol. 2, Jun. 1998, pp. 143-168.
- [13] Olabarriaga S.D.[1], Breeuwer M., and Niessen W.J., "Evaluation of Hessian-based filters to enhance the axis of coronary arteries in CT images," *International Congress Series*, vol. 1256, Jun. 2003, pp. 1191-1196.

HYBRID APPROACH FOR MULTIPARAMETRIC MEAN SHIFT FILTERING

Thomas Grenier, Associate Member, IEEE, Chantal Revol-Muller, Gérard Gimenez

CREATIS, UMR CNRS 5515, Inserm U630, Bât. Blaise Pascal, 69621 Villeurbanne, France
{grenier, muller, gimenez}@creatis.insa-lyon.fr

ABSTRACT

In ultrasound imaging, robustness of the diagnosis can be improved by using many images of parameters. In this paper we propose a hybrid approach for improving Multi-Parametric Mean Shift filtering (MPMS). Multi-parametric filtering is really attractive since it works conjointly in the spatial-range domain, taking into account the spatial location of the data as well as the range values of many parameters. Hybrid MPMS is an iterative method that combines two mean shift procedures called nonblurring and blurring. Our method was positively tested on a set of simulated ultrasound data. The results show the superiority of Hybrid MPMS compared to the simple MPMS filtering.

Index Terms— Image processing, adaptive filters.

1. INTRODUCTION

Mean shift is a non parametric estimator of density gradient developed by Fukunaga and Hostetler thirty years ago [1]. Mean shift was recently applied in low level computer vision tasks by Comaniciu and Meer ([2], [3]) and now by many authors ([4], [5], [6],...). Mean shift is an iterative procedure that shifts each data point to the weighted average of data points in its neighborhood. It was proved that this procedure converges to the local modes of data. Mean shift framework is particularly interesting because it can process multidimensional data and take into account all available information. Moreover, it doesn't need prior knowledge about data distribution.

In [7], Cheng analyzes mean shift and proposes a generalization of two possible implementations: i) Fukunaga's initial form, called by Cheng the blurring procedure (indicating the successive blurring of the data set) and explored by [8] and ii) the nonblurring procedure preferred by most of the authors.

In this work, we propose a new approach for MultiParametric Mean Shift (MPMS) presented in [5], called *Hybrid MPMS* which combines nonblurring and blurring approaches.

In section 2, we remind the principle of MPMS filtering, the main equations governing the method and both mentioned procedures. Next, we present Hybrid MPMS in section 3 and we examine the results in section 4.

2. MPMS FILTERING

Mean shift filtering was fully described in [3]. It consists in associating each point \mathbf{x}_i of the input data set X with the closest local mode of the probability density function. Mean shift procedure is based on the well-known kernel estimator derived from the theory of non parametric density estimation. A mode is defined as the maximum of a density function. So, the modes can be located by analyzing the gradient of the local density estimation, especially by seeking the zero values. In this section, we point out the main equations of the method and the principle of MPMS filtering.

2.1. Multivariate kernel density estimation

The mean shift method is based on the kernel density estimation. In MPMS framework, we focus on multidimensional data, where each point $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$ of a data set X is an element of the Euclidian space R^d . \mathbf{x}_i results from the concatenation of c features (i.e. pixel location, gray level, spectral information or any scalar/vector parameter) as expressed in (1). R^d also called *feature space* is the Cartesian product of each subspace R^{d_j} :

$$R^d = R^{d_1} \times \dots \times R^{d_j} \times \dots \times R^{d_c} \text{ with } j=1..c. \\ \mathbf{x}_i = \left(\mathbf{x}_i^{1T}, \mathbf{x}_i^{2T}, \dots, \mathbf{x}_i^{cT} \right)^T \quad (1)$$

The multivariate kernel density estimator at a point $\mathbf{x} \in R^d$ is given in (2), with kernel K (a symmetric, non-negative function centered at zero and integrating to one) and a symmetric, positive definite bandwidth matrix \mathbf{H} . The estimation is computed from n data points $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$.

$$\hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n K_{\mathbf{H}}(\mathbf{x} - \mathbf{x}_i) \quad (2)$$

The bandwidth $d \times d$ matrix \mathbf{H} is often limited to a diagonal matrix. In our method, \mathbf{H} is a block diagonal matrix see (3). Each block matrix \mathbf{H}^j ($j=1..c$) of \mathbf{H} is symmetric, positive definite and corresponds to the scale parameter matrix of the j^{th} feature in the d -dimensional Euclidian space R^d .

$$\mathbf{H} = \begin{bmatrix} \mathbf{H}^1 & 0 & 0 \\ 0 & \ddots & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{H}^c \end{bmatrix} \quad (3)$$

The matrix \mathbf{H} scales the kernel support to be radial symmetric (4).

$$K_{\mathbf{H}}(\mathbf{u}) = (\det[\mathbf{H}])^{-\frac{1}{2}} K\left(\mathbf{H}^{-\frac{1}{2}}\mathbf{u}\right) \quad (4)$$

The optimal kernel for density estimation (2), yielding minimum asymptotic mean integrated square error (AMISE), is the Epanechnikov kernel given in (5) (where c_d is the volume of the unit d -dimensional sphere):

$$K_E(\mathbf{x}) = \begin{cases} \frac{1}{2} c_d^{-1} (d+2) (1 - \mathbf{x}^T \mathbf{x}) & \text{if } \mathbf{x}^T \mathbf{x} < 1 \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (5)$$

In our application, the multivariate kernel K is written as a product of spherical kernels K_j as described by (6), with \mathbf{x}^j the j^{th} feature of $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^d$.

$$K(\mathbf{x}) = \prod_{j=1}^c c_{k_j} K_j(\mathbf{x}^j) \quad (6)$$

Due to its symmetry property, $K_j(\mathbf{x})$ can be replaced by its profile $k_j: [0, \infty) \rightarrow \mathbb{R}$, a monotonically decreasing function:

$$K_j(\mathbf{x}) = c_{k_j,d} k_j(\mathbf{x}^{jT} \mathbf{x}^j) \quad \text{with} \quad \begin{cases} k_j(x) \geq 0 & \text{for } 0 \leq x \leq 1 \\ k_j(x) = 0 & \text{for } x > 1 \end{cases} \quad (7)$$

where $c_{k_j,d}$ is a normalization constant. Equation (2) can be rewritten taking into account (4) and (7), where $d[\mathbf{x}^j, \mathbf{x}_i^j, \mathbf{H}^j]^2 = (\mathbf{x}^j - \mathbf{x}_i^j)^T (\mathbf{H}^j)^{-1} (\mathbf{x}^j - \mathbf{x}_i^j)$ denotes the squared Mahalanobis distance from \mathbf{x}^j to \mathbf{x}_i^j with scale parameter \mathbf{H}^j .

$$\hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{\prod_{j=1}^c c_{k_j,d}}{n} (\det[\mathbf{H}])^{-\frac{1}{2}} \cdot \sum_{i=1}^n \prod_{j=1}^c k_j(d[\mathbf{x}^j, \mathbf{x}_i^j, \mathbf{H}^j]^2) \quad (8)$$

2.2. Density gradient estimator and modes

Using the linearity property of (8), the density gradient estimator is equivalent to the gradient of the density estimator (9).

$$\nabla \hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{\prod_{j=1}^c c_{k_j,d}}{n} (\det[\mathbf{H}])^{-\frac{1}{2}} \cdot \sum_{i=1}^n \nabla \left(\prod_{j=1}^c k_j(d[\mathbf{x}^j, \mathbf{x}_i^j, \mathbf{H}^j]^2) \right) \quad (9)$$

For spherical kernel of simple form $K(\mathbf{x}) = c_k k(\mathbf{x}^T \mathbf{x})$ this expression can be rewritten with $g(x) = -k'(x)$. In (10), we give the expression of the gradient for a spherical kernel. In the case of a multivariate kernel K as given in (6), it is noted that the resulting expression is slightly more complicated, since it brings into play the derivative of a product of spherical kernels.

$$\hat{\nabla} f(\mathbf{x}) = \frac{2c_{k,d} \mathbf{H}^{-1}}{n (\det[\mathbf{H}])^{\frac{1}{2}}} \cdot \left(\sum_{i=1}^n g(d[\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}]^2) \right) \times \left[\left(\sum_{i=1}^n g(d[\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}]^2) \right)^{-1} \cdot \sum_{i=1}^n g(d[\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}]^2) \mathbf{x}_i - \mathbf{x} \right] \quad (10)$$

Modes are points \mathbf{x} where $\hat{\nabla} f(\mathbf{x}) = \vec{0}$. Due to property of K , d and \mathbf{H} , only the last term in bracket of (10) can be equal to the null vector. This term is called the mean shift vector, $M(\mathbf{x})$. It was shown that this vector is an estimator of the normalized gradient of the underlying distribution and can be computed iteratively.

2.3. Mean shift procedures

The mean shift procedure consists in an iterative computation of the mean shift vector M and the translation of the kernel by M . Cheng proposed in [7] a general form that describes two different approaches of the procedure: the blurring and the nonblurring approaches. This general form is given in (11) with X a finite set of data in \mathbb{R}^d , and Z a point of the set Z of \mathbb{R}^d . Notice that m is called the sample mean and it should not be confused with the mean shift vector M .

$$m(\mathbf{z}) = \frac{\sum_{\mathbf{x} \in X} g(d[\mathbf{x}, \mathbf{z}, \mathbf{H}]^2) \mathbf{z}}{\sum_{\mathbf{x} \in X} g(d[\mathbf{x}, \mathbf{z}, \mathbf{H}]^2)} \quad (11)$$

The evolution of Z in the form of iterations $Z \leftarrow m(Z)$ with $m(Z) = \{m(\mathbf{z}) | \mathbf{z} \in Z\}$ until the convergence $m(Z) = Z$, is called the mean shift procedure and noted $\text{MPMS}(Z, K, \mathbf{H})_X$. The subscript “ X ” indicates the set from which estimations are performed.

When $Z = X$ the procedure is called blurring process indicating the successive blurring of the data set from which the estimations are performed. That is the form introduced by Fukunaga [1]. We note it $\text{MPMS}(Z, K, \mathbf{H})_Z$.

In the nonblurring approach, Z and X are different sets (X can initialize Z), and kernel estimation at each iteration is always computed from the same set of input data X .

It was proved by the author that both resulting procedures converge at points where the estimate has zero gradient: $\|m(\mathbf{z}) - \mathbf{z}\| \approx 0 \quad \forall \mathbf{z} \in Z$. The points of convergence, noted \mathbf{z}_{conv} , correspond to the modes of the distribution.

2.4. MPMS filtering

In [5], we proposed a MultiParametric Mean Shift (MPMS) method for filtering multiparametric images. In this framework, data points have many features: their spatial location in the image (called spatial parameters) and the values of the extracted parameters (called range parameters).

MPMS filtering consists in applying the nonblurring mean shift procedure to each data points $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1..n}$ of the multiparametric original image and in assigning to each points $\{\mathbf{z}_i\}_{i=1..n}$ of the filtered image the components of the point of convergence \mathbf{z}_{conv} associated to \mathbf{x}_i .

In the next section, we present an improvement of MPMS called Hybrid MPMS which combines nonblurring and blurring approaches.

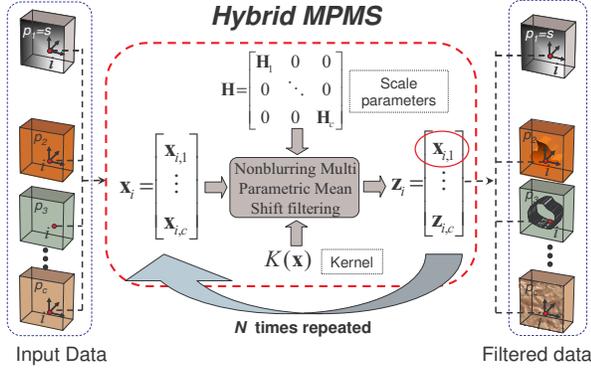


Figure 1: Principle of Hybrid MPMS.

3. THE PROPOSED HYBRID APPROACH

Hybrid MPMS mixes nonblurring and blurring procedures by applying them alternately. It is an iterative method which principle is the following.

At each iteration, a MPMS filtering based on a nonblurring procedure is run. This algorithm converges towards the modes $\{z_i\}$ associated to each $\{x_i\}$ of the input data. Then, the input data $\{x_i\}$ are replaced by the resulting modes $\{z_i\}$ and a new iteration is executed. Thus, the new MPMS filtering is based on a new set of data. This approach is similar to the blurring procedure that estimates iteratively the mean shift vector from the modified points and not from the input data. The entire process is repeated N times.

Let X be the set of input data $\{x_i\}$ and $Z^{[k]}$ be the set of the resulting modes at the k^{th} iteration. We note $MPMS(Z^{[k]}, K, \mathbf{H})_Y$ the MPMS algorithm that filters a set of points $Z^{[k]}$ by using a kernel K , a bandwidth matrix \mathbf{H} and an input data set Y for the gradient density estimation. Our hybrid MPMS method is described as following ($Z^{[0]}=X$):

$$\begin{cases} Y = Z^{[k]} \\ Z^{[k+1]} = MPMS(Z^{[k]}, K, \mathbf{H})_Y \end{cases} \quad (12)$$

The convergence of Hybrid MPMS is ensured since the mean shift procedure results at each iteration in a set $Z^{[k+1]}$ denser than $Z^{[k]}$ (cf. [7]).

For the implementation of the method, we choose to only retain the range components of resulting modes for updating the input data set from which estimations are computed. Thus, the spatial components of input data stay unchanged at the beginning of each iteration. Figure 1 illustrates the principle of our hybrid MPMS method.

4. RESULTS AND DISCUSSION

In this section, we illustrate the evolution of Hybrid MPMS and we compare the results of this method to those obtained by MPMS.

4.1. Illustration of Hybrid MPMS

	Spatial subspace	Range subspace
Initial position		
After one iteration		
After two iterations		
After ten iterations		

Figure 2: Evolution of data in spatial and range subspaces from the initialization to the 10th iteration.

The evolution of the filtered data at the end of each iteration is shown in Figure 2. The input data stem from three parametric images. The resulting Euclidean space used for the representation of these data is a five-dimension space: 2 dimensions for the spatial coordinates of the points and 3 dimensions for the range coordinates tied with the parameters values. So, data components are separate in two features: the spatial (s) and the range (r) features. The multivariate kernel used for the estimation is a product of spherical kernels K_s and K_r in order to process independently each feature. In Figure 2, we show the evolution of each feature in their respective subspaces.

Figure 2 displays the initial input data: their spatial feature corresponds to a uniform grid and their range feature is represented by a scatter plot where data are widely spread.

After the first iteration, we can observe in the range space that data are concentrated in a smaller area. In the spatial space, we can notice the displacement of the points. The grid is not uniform anymore; some areas in black are completely emptied of their pixels. It means that no modes were located in these areas. This information of spatial convergence is removed at the next iteration: the input data are only updated by the range coordinates of the modes and keep their initial spatial coordinates.

At iteration 2, it appears clearly two clusters of data in the range subspace. In the spatial range, we can see that only the pixels located at the boundary of the object have

displaced, elsewhere the grid is stayed uniform (i.e. almost no evolution of the modes in the spatial space). Next, from the second iteration up to the 10th iteration, clusters separation evolves slowly.

4.2. Results

We have tested our approach on multiparametric images computed from ultrasound simulated data [9] and we have assessed the improvements of Hybrid MPMS comparatively to the simple MPMS filtering. Three parameters were chosen: the envelope image A, the estimation of scatterers density $\hat{\alpha}_2$ and a parameter of the Nakagami distribution Ω . More details about the simulation based on Field software and the ultrasonic parameters can be found in [5].

The simple MPMS filtering can be easily obtained from Hybrid MPMS: the number of iterations has just to be fixed to one. So, the first iteration of our algorithm is equivalent to a simple MPMS filtering. We note MPMS^[1] the simple MPMS.

In this framework, we use a kernel K defined as a product of two Epanechnikov kernels. The settings of the diagonal matrix \mathbf{H} are $[10^2, 10^2, 70^2, 70^2, 70^2]$.

Figure 3 displays the three images of parameters used as input data, the results of the filtering obtained by the simple MPMS (i.e. MPMS^[1]) and by Hybrid MPMS after 10 iterations, noted MPMS^[10].

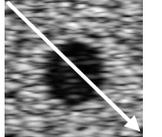
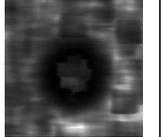
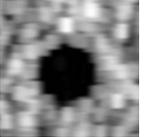
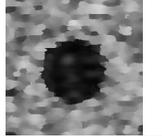
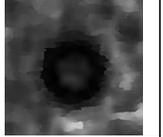
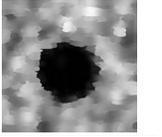
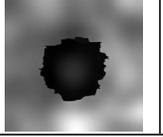
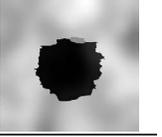
	Parameter A	Parameter $\hat{\alpha}_2$	Parameter Ω
Input data			
MPMS ^[1]			
MPMS ^[10]			

Figure 3: Images of parameters (top), filtered images by simple MPMS (MPMS^[1]) and hybrid MPMS (MPMS^[10]).

Figure 4 plots the intensity profiles along the diagonal line drawn in Figure 3 for each image. The first line shows the intensity profiles of each parameter images. Very high variations can be noticed on the parameter A due to the speckle noise. The second line shows the profiles obtained from the MPMS^[1] filtered images. This filtering tends to emphasize high transitions. The last line underlines the efficiency of Hybrid MPMS. The profiles show that the transitions between two regions are significantly

emphasized whereas the intensity inside the regions is more homogeneous.

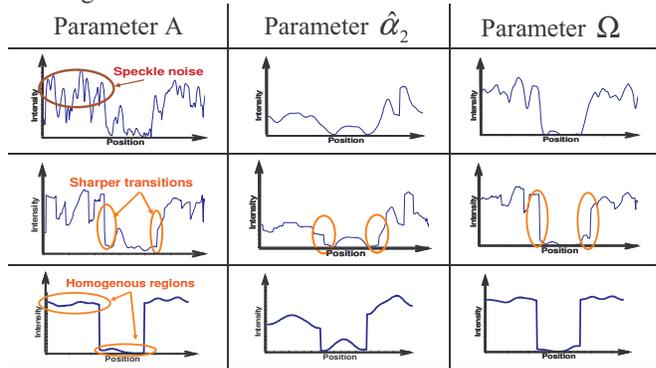


Figure 4: Plot of intensity profiles from images of Figure 3.

5. CONCLUSION

We presented a hybrid approach for multiparametric mean shift filtering. This method derives from MPMS, a multidimensional mean shift filtering previously presented by the authors. Its main property is to combine iteratively nonblurring and blurring mean shift procedures. Hybrid MPMS was positively tested on multiparametric ultrasound images. It appears to be more efficient than a simple MPMS filtering.

6. REFERENCES

- [1] K. Fukunaga and L. D. Hostetler, "Estimation of the gradient of a density function with applications in pattern recognition," *IEEE Transaction on Information Theory*, vol. 21, pp. 32-40, 1975.
- [2] D. Comaniciu and P. Meer, "Mean shift analysis and applications," presented at Proceedings of the 1999 7th IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV'99), Kerkyra, Greece, 1999.
- [3] D. Comaniciu and P. Meer, "Mean shift: A robust approach toward feature space analysis," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 24, pp. 603-619, 2002.
- [4] I. Y.-H. Gu and V. Gui, "Colour image segmentation using adaptive mean shift filters," presented at IEEE International Conference on Image Processing (ICIP), Thessaloniki, Greece, 2001.
- [5] T. Grenier, C. Revol-Muller, F. Davignon, O. Basset, and G. Gimenez, "Multiparametric Smoothing Based On Mean Shift Procedure For Ultrasound Data Segmentation," presented at EUSIPCO'05, Antalya, Turkey, 2005.
- [6] F. Cellier, H. Oriot, and J. M. Nicolas, "Introduction of the Mean Shift Algorithm in SAR Imagery: Application to Shadow Extraction for Building Reconstruction," presented at EARSeI, Porto, Portugal, 2005.
- [7] Y. Cheng, "Mean Shift, Mode Seeking, and Clustering " *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, vol. 17 pp. 790-799 1995
- [8] M. Fashing and C. Tomasi, "Mean shift is a bound optimization," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 27, pp. 471-474, 2005.
- [9] J. A. Jensen and P. Munk, "Computer Fantoms for Simulation Ultrasound B-mode and CFL Images," presented at 23rd Acoust. Imag. Symp., Boston, MA, 1997.

Time flies

*I recall when you were two,
you were so young and cute,
playing was your favorite hobby,
mom was your favorite person,
and you loved to make a mess,
Now when I look at you, I see a grown child,
Oh, how time flies!*

Lauren Craver



My Son

*Oh how the years go by,
Oh how time can certainly fly.
From once just a thought in far away dreams,
now into my arms and in my eyes gleam
the presence of you.
Your laughter and smiles
which go on for miles,
warms my heart and soul.
You're growing up so fast,
as I wish each moment with you to last forever.*

*My little boy will someday be a man
and right by your side I will forever stand.
I will pick up the pieces when you fall,
I will hold your hand and help you stand tall.
And when the day comes when you are on
your own,
never feel that you are alone.
No matter how near or far apart
I am always right there in your heart.
Always remember whatever you go through
that no matter what, I will always love you.*

Amy R. Campbell

