



UNIVERSITE * MOHAMED BOUDIAF * DE M'SILA
FACULTE DES SCIENCES ET SCIENCES DE L'INGENIEUR
DEPARTEMENT D'INFORMATIQUE

MEMOIRE

Présenté pour l'obtention du diplôme de :

MAGISTER

Spécialité : **Informatique**

Option : **Informatique industrielle**

Par : **MR. FOUJIL BELHADJ**

Thème

RECONSTRUCTION TRIDIMENSIONNELLE
A PARTIR DE COUPES SERIEES

Application aux Images Médicales

Soutenu publiquement le : ---- / ---/---- devant le jury composé de :

Mr. Abdelkader KHELLADI,

Mr. Samy AIT AOUDIA,

Mr. Mohamed AHMED NACER,

Mr. Mohamed BOUAMAR,

Mr. Rossafi MAHDJOUBI,

Professeur – USTHB

Maître de Conférences - INI

Professeur – USTHB

Maître de. Conférences – Univ. M'sila

Chargé de cours – Univ. de M'sila

Président

Rapporteur

Examineur

Examineur

Invité

à ma famille ...

REMERCIEMENTS

Je tiens à remercier tout d'abord mon encadreur Mr. Ait Aoudia Samy de m'avoir proposé un tel intéressant sujet, m'ouvrant ainsi les portes sur un domaine de recherche assez vivant et pour les facilités qu'il m'a offertes.

Je remercie aussi Mr. Boudrah Ibrahim pour les efforts qu'il a fournis pour le succès de cette première promotion. J'avoue sincèrement de son plaisir, sans oublier bien sur Mr. Mahdjoubi Rossafi et l'ensemble de mes enseignants chacun par son nom.

Que les membres du jury Mr. Khelladi, Mr. Ahmed Nacer, Mr. Bouamar et Mr. Mahdjoubi trouvent ici mes vifs remerciements d'avoir accepté évaluer ce travail et pour le temps qu'ils ont consacré pour la lecture du mémoire.

Aussi, que Mme Josiane Zerubia, Mr. Eric Maire et Mr. Alain Dieterlen soient vivement remerciés de m'avoir aidé que ce soit par la documentation que Mme Zerubia m'a envoyée ou par le temps consacré par Mr Maire et Dieterlen pour répondre à mes e-mails.

J'adresse aussi mes vifs remerciements à mes collègues de travail et à tous les enseignants du Centre Universitaire de Bordj Bou Arréridj, en particulier le Professeur Nacer Eddine Chellali et Mr. Samir Akrouf.

Je n'omettrai pas de remercier mes collègues de la promotion chacun par son nom.

Que toute personne m'a aidé trouve ici mes vifs remerciements ...

RESUME

La représentation des objets 3D par un ensemble de coupes sériées 2D est de plus en plus utilisée dans de nombreux domaines en particulier dans le domaine médical. Ainsi, la nature échantillonnée des images médicales 3D, consistant en une suite discrètes de coupes 2D, ne reflète pas en réalité le vrai aspect tridimensionnel de l'objet, elle en donne une vue restreinte et partielle. L'analyse de ces coupes est prohibitive consommant beaucoup de temps du praticien pour localiser manuellement la région d'intérêt à travers toutes les coupes, de plus il est amené à reconstruire mentalement une vue 3D de l'organe. Cette vue est nécessairement subjective et erronée.

L'objectif du présent travail est de remonter à une reproduction de l'objet initial connaissant ses coupes tomographiques 2D en reconstruisant un modèle 3D permettant d'assimiler l'ensemble de ses propriétés et comportements. Plusieurs étapes sont nécessaires avant l'obtention de cette représentation 3D dont la segmentation, la génération du modèle 3D et la visualisation sont les principales.

La théorie des champs aléatoires de Markov se voit assez prête pour répondre aux contraintes de segmentation imposées par la nature des organes humains et les imperfections liées au matériel d'acquisition. Une version semi-supervisée de l'algorithme des K-Means est proposée. Quant à la deuxième étape, l'algorithme des Marching Cubes est un choix de référence.

L'aspect anisotropique, caractérisant généralement les images médicales 3D, limite les performances du processus de reconstruction. Dans ce travail, nous avons proposé une nouvelle technique d'interpolation intercoupe permettant la récupération de l'information 3D perdue et de résoudre ainsi le problème de reconstruction de coupes anisotropiques.

MOTS CLES : Reconstruction 3D, Coupes Sériées, Modélisation 3D, Champs Aléatoires de Markov, Algorithmes d'Optimisation, Interpolation Intercoupe, K-Means, Segmentation, Imagerie Médicale, Champs de Markov Gaussiens.

ABSTRACT

Cross sections are increasingly used in many fields to represent 3D objects particularly in medical imaging. Thus, 3D sampled images don't reflect the real three-dimensional aspect of the object; they give simply a limited and partial view. The analysis and manipulation of such data are prohibitive and pratician's time consuming to delineate manually the region of interest all over the sections. In addition to that, he has to mentally reconstruct a 3D view of the organ, such reconstruction is certainly subjective and wrong.

In this work, we are dealing with the reproduction of the initial object knowing its 2D cross sections by the reconstruction of a 3D model that can reflect the maximum of its properties and comportments. Several steps are necessary before obtaining such 3D representation: segmentation, 3D model generation and the visualization are the principal ones.

The Markov Random Fields theory seems to be ready to handle the segmentation constraints imposed by the nature oh the human organs and the imperfections inherent to the equipments used. A semi-supervised version of the K-Means algorithm is proposed. In the second step, the Marching Cubes algorithm is proposed to be the best choice.

The 3D Medical images are generally anisotropic limiting the success of the reconstruction process. In this work, we have proposed a new interslice interpolation technique that can recover the missing data and enhance the reconstruction process results.

KEY WORDS : 3D Reconstruction, Serial Cross Sections, 3D Modeling , Markov Random Fields, Optimization Algorithms, Interslice Interpolation, K-Means, Segmentation, Medical Imaging, Gaussian Markov Random Fields.

TABLE DES MATIERES

Introduction Générale.....	1
CHAPITRE I : Le Problème de la Reconstruction 3D à Partir de Coupes Sériées.....	8
<i>I.1 Définitions.....</i>	<i>8</i>
I.1.1 L'imagerie tridimensionnelle.....	9
I.1.2 La Modélisation Tridimensionnelle.....	9
I.1.3 La reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées.....	9
I.1.3.1 Utilité et nécessité d'obtenir un modèle tridimensionnel.....	10
<i>I.2 Position du problème.....</i>	<i>11</i>
<i>I.3 L'imagerie médicale & la Reconstruction 3D à partir de coupes sériées.....</i>	<i>12</i>
I.3.1 Aperçu historique.....	12
I.3.2 Etat de l'art des méthodes de reconstruction 3D à partir de coupes 2D.....	14
I.3.2.1 Reconstruction surfacique.....	14
I.3.2.2 Reconstruction volumique.....	14
<i>I.4 Applications de la reconstruction 3D.....</i>	<i>14</i>
I.4.1 Applications industrielles et scientifiques.....	14
I.4.2 Applications Médicales.....	15
<i>I.5 Système Général de Reconstruction Tridimensionnelle à partir de Coupes Sériées.....</i>	<i>17</i>
I.5.1 Etape d'acquisition.....	17
I.5.2 Etape de Prétraitements et Recalage.....	17
I.5.3 Etape de Segmentation.....	19
I.5.4 Etape de Modélisation.....	19
I.5.5 Etape de Visualisation.....	19
<i>I.6 Conclusion.....</i>	<i>20</i>
CHAPITRE II : Acquisition des Images Médicales 3D.....	21
<i>II.1 Saisie volumique des objets 3D.....</i>	<i>21</i>
<i>II.2 Les modalités d'acquisition des images médicales.....</i>	<i>22</i>
II.2.1 Principe d'un système informatisé d'imagerie médicale.....	22
II.2.2 La Tomodensitométrie Axiale (Computed Tomographie - CT).....	23
II.2.3 L'imagerie par résonance magnétique (IRM).....	25
II.2.4 L'Imagerie par Ultrasons.....	26
II.2.4.1 Production et réception des Ultrasons.....	26
II.2.4.2 Interactions des Ultrasons avec la matière.....	26
II.2.5 L'imagerie scintigraphique.....	28
<i>II.3 Conclusion.....</i>	<i>29</i>

CHAPITRE III : Segmentation Des Images Medicales 3D 30

III.1 Généralités sur la segmentation des images médicales.....30

- III.1.1 Définition de la segmentation..... 31
- III.1.2 Quelques difficultés liées à la segmentation des images médicales 31
 - III.1.2.1 Le problème d'effet du volume partiel..... 32
 - III.1.2.2 Le problème d'étiquetage 32
 - III.1.2.3 Interaction manuelle et Performances..... 33
 - III.1.2.4 Validation des résultats..... 33

III.2 État de l'art sur les méthodes de segmentation des images médicales33

- III.2.1 L'approche Contours..... 35
- III.2.2 Approches Région..... 36

III.3 Les Champs aléatoires de Markov en Analyse d'Images37

- III.3.1 Notion de système de voisinage..... 37
- III.3.2 Notion de cliques associées à un système de voisinage 38
- III.3.3 Définition d'un Champ Aléatoire de Markov 39
- III.3.4 Définition d'un Champ Aléatoire de Gibbs 39
- III.3.5 Equivalence MRF-GRF : Théorème de Hammersley-Clifford 40
- III.3.6 Champs de Markov Prototypes..... 41
 - III.3.6.1 Modèle d'Ising..... 41
 - III.3.6.2 Modèle de Potts 42
 - III.3.6.3 Modèle Markovien Gaussien 42

III.4 Modèle Markovien Caché pour la segmentation d'images 42

- III.4.1 Estimation Bayésienne 43
 - III.4.1.1 Maximum à Posteriori (MAP) 45
 - III.4.1.2 Estimateur du Mode des Marginales a Posteriori (MMP) 46
- III.4.2 Algorithmes de minimisation selon une estimation au sens MAP..... 46
 - III.4.2.1 Les algorithmes stochastiques : Le Recuit Simulé..... 47
 - III.4.2.1.1 Recuit simulé avec dynamique de Métropolis 49
 - III.4.2.1.2 Echantillonneur de Gibbs avec recuit..... 50
 - III.4.2.2 Les algorithmes déterministes : l'ICM 51

III.5 Application des MRF aux images Médicales 3D..... 52

- III.5.1 Modèle de segmentation proposé..... 53
 - III.5.1.1 Incorporation de l'interaction intercoupe globale 55
 - III.5.1.2 Extension du modèle proposé au cas 3D – Interaction 3D locale..... 55

III.6 Processus de Segmentation 56

III.7 Tests & Résultats 58

- III.7.1 Calcul des paramètres du modèle 59
- III.7.2 Initialisation du schéma de régularisation 60
- III.7.3 L'influence du paramètre β 61
- III.7.4 L'influence du Système de voisinage N 64
- III.7.5 L'influence de la température initiale et le coefficient de refroidissement sur les algorithmes Recuit Gibbs et le Recuit Métropolis..... 66
- III.7.6 La convergence du processus de régularisation..... 68
- III.7.7 Critiques du modèle adopté 69
- III.7.8 Segmentation non supervisée : l'algorithme des K-Means 70
 - III.7.8.1 Amélioration de la segmentation : le K-Means avec une moyenne locale 72

<i>III.8 Conclusion</i>	74
-------------------------------	----

CHAPITRE IV : Génération du modèle 3D 76

<i>IV.1. Données du problème</i>	76
IV.1.1. Terminologies.....	77
IV.1.1.1 Topologie simple.....	77
IV.1.1.2 Topologie complexe.....	77
IV.1.1.3 Coupes significatives.....	77
<i>IV.2. Formulation générale du problème</i>	78
IV.1.1. Problème de Mise en correspondance des contours.....	78
IV.1.2. Problème de Prise en compte des embranchements.....	78
IV.1.3. Problème de maillage entre les contours.....	78
<i>IV.3. Etat de l'art</i>	79
IV.3.1. Reconstruction surfacique.....	79
IV.3.1.1. Méthodes optimales.....	79
IV.3.1.2. Méthodes heuristiques.....	80
IV.3.1.3. Avantages & inconvénients des méthodes surfaciques.....	80
IV.3.2. Reconstruction volumique.....	80
IV.3.2.1 L'algorithme des Marching Cubes.....	80
IV.3.2.1 L'algorithme basé sur la triangulation de Delaunay.....	81
IV.3.2.1. Avantages & inconvénients des méthodes volumiques.....	81
IV.3.3. Un algorithme de reconstruction tridimensionnelle efficace ?.....	81
<i>IV.4. Reconstruction basée sur la triangulation de Delaunay</i>	82
IV.4.1. Définitions.....	82
IV.4.1.1. Diagramme de Voronoï & Triangulation de Delaunay.....	82
IV.4.1.2. Propriétés géométriques des diagrammes de Voronoï et de la triangulation de Delaunay.....	83
IV.4.1.3. Généralisation du diagramme de Voronoï.....	83
IV.4.1.4. Inclusion des contours dans la triangulation de Delaunay (contour containment).....	83
IV.4.1.5. Squelette de Voronoï Interne et Externe.....	84
IV.4.1.6. Elimination des triangles obtus.....	85
IV.4.2. Le processus de reconstruction 3D basée sur la triangulation de Delaunay.....	85
IV.4.2.1. Première étape : Triangulation de Delaunay 2D.....	85
IV.4.2.2. Deuxième étape : Mappage 2D à 3D.....	86
IV.4.2.3. Troisième étape : élimination des tétraèdres superflus.....	86
IV.4.3. L'algorithme complet de la reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées basé sur la triangulation de Delaunay.....	87
IV.4.3.1. Le module 2D_DELAUNAY.....	87
IV.4.3.2. Le module ADD_VERTICES.....	88
IV.4.3.3. Le module ADD_VERTICES_INSIDE.....	89
IV.4.3.4. Le module 3D_DELAUNAY(DT1, DT2).....	89
IV.4.3.5. Le module REMOVE_TETRAS(Ψ).....	90
IV.4.4. Complexité de l'algorithme.....	90
<i>IV.5. Reconstruction basée sur l'Algorithme des Marching Cubes (AMC)</i>	90
IV.5.1. Principe.....	90
IV.5.2. Détermination des normales pour un rendu visuel.....	92
IV.5.3. L'algorithme complet de la reconstruction basée sur les Marching Cubes.....	93
<i>IV.6. Tests & Résultats</i>	94
IV.6.1. Segmentation et reconstruction en utilisant l'AMC.....	94

IV.6.2.	Segmentation Markovienne et reconstruction en utilisant l'AMC	97
IV.6.2.	Problème de reconstruction 3D de coupes anisotropiques.....	99
IV.7.	Conclusion.....	100
V.	Chapitre V – Vers une nouvelle Technique d'Interpolation Intercoupes	102
<hr/>		
V.1.	Position du problème	103
V.2.	Principe de l'algorithme d'interpolation.....	103
V.2.1.	Détermination de l'énergie d'attache aux données sources et cibles	105
V.3.	Tests et résultats.....	106
V.3.1.	Applications aux images synthétiques de formes régulières	107
V.3.2.	Applications aux images médicales.....	108
V.3.2.1.	Evaluation des résultats.....	110
V.3.3.	Performance globales de l'algorithme d'interpolation	114
V.4.	Reconstruction 3D des images anisotropiques.....	116
V.5.	Conclusion.....	117
	Conclusion Générale	118

TABLE DES FIGURES

Figure 1 : Passage Objet - Modèle.....	2
Figure 2 : Une collection de modalités d'images prise sur le cerveau humain	3
Figure 3 : L'analyse classique des coupes médicales	4
Figure I-1 : Différentes représentations d'une même séquence de coupes	10
Figure I-2 : Principe d'obtention des coupes sériées.....	11
Figure I-3 : Reconstruction 3D rigide d'un modèle volumique pour un fœtus	13
Figure I-4 : Unes séquences d'images CT du Thorax.....	15
Figure I-5 : Principe du Système de reconstruction tridimensionnelle proposé.....	18
Figure II-1 : Classification des différentes modalités d'imagerie médicale selon le type d'énergie utilisée.....	22
Figure II-2 : Principe général d'un système informatisé d'imagerie	23
Figure II-3 : Principe de la Tomodensitométrie Axiale	24
Figure II-4 : Images radiographiques	25
Figure II-5 : Sacnner IRM : placement de l'antenne tête réceptrice.....	26
Figure II-6 : Coupes cérébrales T1 contenant une lésion tumorale	27
Figure II-7 : Image échographique du cœur et une coupe scintigraphique	29
Figure III-1 : Illustration de l'effet de volume partiel.	32
Figure III-2 : Principales méthodes de segmentation des images médicales.....	34
Figure III-3 : Voisinages bidimensionnels d'ordre 1 et 2 et les cliques associées	38
Figure III-4 : Le couple de champs (X, Y) modélisant le problème de la segmentation d'images ..	43
Figure III-5 : Le principe de l'algorithme de Recuit simulé.....	47
Figure III-6 : Voisinages tridimensionnels d'ordre 1, 2 et 3 et plus	56
Figure III-7 : Architecture du Système de Segmentation Tridimensionnelle proposé	57
Figure III-8 : Génération d'une solution initiale en utilisant l'algorithme du ML	61
Figure III-9 : Résultats de l'ICM et le recuit Gibbs pour différentes valeurs de β	63
Figure III-10 : L'influence du système de voisinage sur la qualité de segmentation	65
Figure III-11 : L'influence de la température initiale T_0 et le coefficient de décroissance τ	67
Figure III-12 : Convergence du processus de régularisation	68
Figure III-13 : Résultats de segmentation de toutes les coupes de la séquence Skull IRM	69
Figure III-14 : Résultats de segmentation du K-Means avec une régularisation markovienne	71
Figure III-15 : Performance des trois algorithmes en terme de temps d'exécution.....	72
Figure III-16 : Résultats de segmentation de la Moyenne Locale	73
Figure IV-1 : Problème de reconstruction tridimensionnelle.....	76
Figure IV-2 : Coupes significatives et non significatives.....	77
Figure IV-3 : Ambiguïtés de reconstruction sont possibles	77
Figure IV-4 : Les différents problèmes posés par le reconstruction tridimensionnelle	78
Figure IV-5 : Triangulation des contours	79
Figure IV-6 : Changement local d'orientation d'une arête.....	79
Figure IV-7 : Diagramme de Voronoï et Triangulation de Delaunay.....	83
Figure IV-8 : Contours containment	84
Figure IV-9 : Elimination des triangles obtus	85
Figure IV-10 : Mappage 2D à 3D.....	86

Figure IV-11 : Des tétraèdres superflus.....	86
Figure IV-12 : Prise en compte des embranchements.....	89
Figure IV-13 : Principe de l'Algorithme des Marching Cubes.....	91
Figure IV-14 : Les différentes configurations possibles d'intersection et les polyèdres correspondants.....	92
Figure IV-15 : Exemple d'intersection	92
Figure IV-16 : Résultats d'application de l'AMC en mode segmentation-reconstruction pour différentes valeurs du seuil et de la taille du cube.....	96
Figure IV-17 : Résultats d'application de l'AMC en mode reconstruction avec une segmentation markovienne.....	97
Figure IV-18 : L'influence de la taille du cube de parcours sur les deux modes de reconstruction.....	98
Figure IV-19 : Reconstruction 3D d'une séquence anisotropique.....	99
Figure V-1 : Le triplet de champs (X, Y, Z) modélisant le problème d'interpolation	103
Figure V-2 : L'étiquette prise par le site s dans r est résultat d'une contribution du voisinage du pixel s de x et du celui de s de y avec une concurrence du voisinage de s dans R	105
Figure V-3 : Résultats de l'algorithme sur des images de formes régulières.....	107
Figure V-4 : Résultats de l'algorithme d'interpolation sur l'image CT PELVIS.....	109
Figure V-5 : Evolution des performances globales en fonction de la taille de la fenêtre de voisinage.....	111
Figure V-7 : Résultats de l'application de l'algorithme sur l'image CT GENOU	113
Figure V-8 : Résultats de l'application de l'algorithme sur l'image CT SKULL	113
Figure V-9 : Evolution du taux d'erreur sur l'ensemble des coupes interpolée de la séquence CT_Pelvis.....	102
Figure V-10 : Reconstruction 3D d'une séquence anisotropique.....	116

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

Introduction

Il est aujourd'hui nécessaire, pour de nombreuses applications, de disposer d'une représentation informatique des objets réels. Les progrès constants des procédés de numérisation et l'importance grandissante de l'outil informatique dans la conception industrielle ou encore dans le calcul scientifique exigent maintenant de disposer aussi de méthodes fiables et efficaces permettant de reconstruire un modèle géométrique à partir de données partielles numérisées sur un objet. Si les outils de conception et de fabrication assistées par ordinateur actuels fournissent des excellents modeleurs permettant de concevoir et de façonner des objets tridimensionnels à partir de modèles numériques prédéfinis avec une précision accrue et une souplesse plus ou moins acceptable, la plupart des applications industrielles, scientifiques et surtout médicales sont confrontés au problème inverse : démarrer d'un objet physique existant défini par certaines propriétés bidimensionnelles et essayer de lui trouver une représentation géométrique, ou un modèle, décrivant sa forme ou sa surface, problème connu sous le nom de reverse engineering (Figure 1). Le problème se complique encore si l'on a à définir un modèle volumique reflétant l'information tridimensionnelle interne encapsulée par les murs de l'objet.

Des coordonnées tridimensionnelles peuvent être obtenues à partir des acquisitions de données bidimensionnelles d'un objet, un principe connu depuis longtemps en traitement d'images; c'est d'ailleurs le principe des méthodes classiques de stéréovision appliquées en vision par ordinateurs s'inspirant du système de perception binoculaire chez l'homme. Cependant, les limitations de ce dernier sont répercutées sur ces méthodes : elles ne permettent de procurer qu'une vision surfacique extérieure de l'objet ne donnant aucune information sur la structure interne. Si l'on souhaite connaître l'objet autrement que par sa surface il est impératif d'y opérer des coupes, réelles ou virtuelles. A ce moment, la reconstruction d'un modèle volumique dépendra largement des procédés d'acquisition des coupes.

Les récents progrès technologiques en matière d'acquisition des images permettent d'envisager la mise au point de nouvelles techniques *non destructives* de diagnostic de l'état interne des organismes évitant, dans la plupart des cas, de nuire à l'objet par la nécessité d'y procéder à des coupes réelles (diagnostic destructif). Qu'il s'agisse du scanner, des caméras, des tomographes, des appareils radio magnétiques ou lasers, tout ces outils permettent aujourd'hui la représentation 3D de nombreux objets naturels. Ces techniques ont révolutionné l'imagerie dans tous les domaines dans la mesure où elles évitent dans la plupart des cas de découper l'objet en tranches afin d'obtenir les coupes, chose qui n'est évidemment pas utilisable dans tous les domaines en particulier en médecine. Cette dernière a pleinement tiré profit de ces nouvelles technologies et, d'ailleurs, grâce à elle qu'on a vu cette explosion technologique.

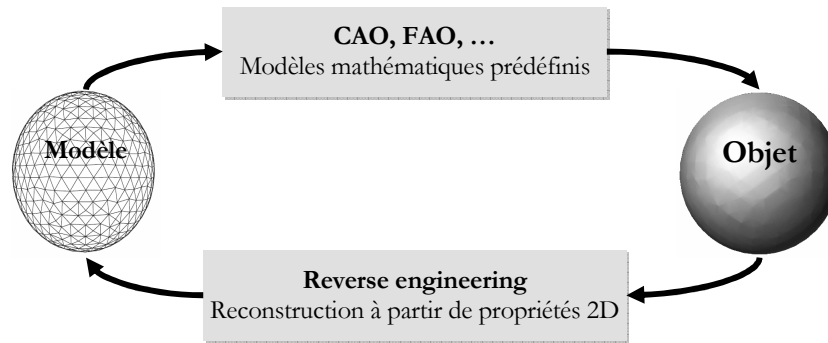


Figure 1 - Passage Objet - Modèle

I. L'Imagerie Médicale Tridimensionnelle

Au début du dernier siècle, l'imagerie médicale s'appuyait pleinement et presque uniquement sur une seule modalité d'acquisition consistant en la radiographie par Rayons-X planaire ou conventionnelle. La mammographie est un exemple typique s'appuyant sur ce mode d'acquisition pour diagnostiquer les différentes pathologies tumorales de la glande mammaire. De sa nature analogique haute résolution, l'imagerie conventionnelle souvent présente ses informations sur un support consistant en un film très sensible à la lumière. Une image radiographique est une accumulation de plusieurs couches de données prises sur des droites perpendiculaires au corps de nature tridimensionnelle mesurant l'intensité résultant de la traversée d'un tissu par un rayon X. A cet effet, l'interprétation de telles images est parfois difficile car le radiologue a besoin de dissocier ce cumul d'ombres pour savoir à quel niveau de l'organe correspond chaque couche de projection. Chose qui n'est plus possible que par des procédures lourdes et parfois inefficaces [LOZA.98].

L'analyse des clichés radiographiques standards a longtemps joué un rôle important dans le diagnostic médical, toutefois l'information bidimensionnelle résultante de cette technique d'imagerie s'est avérée insuffisante pour l'examen de nombreuses pathologies. L'idée de trouver un autre moyen pour récupérer l'information 3D perdue est sans doute prometteuse et importante.

Les progrès réalisés au niveau des méthodes et matériels informatiques, la maîtrise encore avancée du processus physique de formation de l'image et la nécessité d'obtenir des images de qualité supérieure et de quantité suffisante ont permis d'envisager de nouvelles modalités d'acquisitions 3D, voire des séquences temporelles d'images 3D, non destructives ouvrant ainsi de nouveaux horizons pratiques dans toutes les spécialités médicales.

Vite entrée dans la routine de la pratique clinique des médecins, l'imagerie médicale 3D est devenue un secteur de haute technologie et d'innovation. Elle apporte des informations de plus en plus complètes, précises avec des méthodes moins invasives que d'autres examens. Elle devient alors un outil essentiel pour le diagnostic et elle permettra d'adapter la thérapeutique en fonction de la nature de la pathologie envisagée. Bien que l'imagerie conventionnelle, à rayons X ou échographique 2D, soit encore installée dans la plupart de nos hôpitaux, pour son faible coût d'acquisition et sa haute qualité analogique, elle perd sa signification clinique comme étant un outil de diagnostic clinique et thérapeutique. Elle tend à être remplacée par les nouvelles modalités d'acquisition tridimensionnelles et multidimensionnelles qui tendent à se banaliser [DHAW.03, MONT.99]. Qu'il s'agisse de la tomographie à rayons X ou scanner (CT), l'imagerie par résonance magnétique (IRM), l'imagerie ultrasonore ou échographique (US), l'imagerie de médecine nucléaire ou scintigraphie ou bien la microscopie confocale, la plupart de ces outils permettent de voir au travers des corps et d'acquérir des images 3D décrivant la structure interne des organes (Figure 2). Les données issues de ces techniques, et même encore des techniques destructives,

consistent, dans la plupart du temps, en un ensemble de points structurés en coupes bidimensionnelles reflétant une certaine propriété du corps 3D.

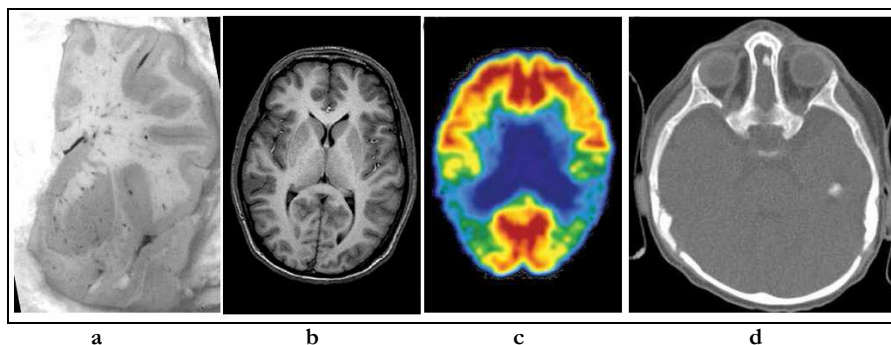


Figure 2 - Une collection de modalités d'images prise sur le cerveau humain

a) section réelle b) Image IRM c) image PET d) image CT

Déduire de ces données un modèle surfacique ou volumique décrivant l'information externe ou interne de l'objet est actuellement une problématique de recherche assez vivante motivée par plusieurs facteurs, entre autres:

- L'incapacité de l'imagerie 2D de fournir une compréhension suffisante de la complexité des structures de nature 3D.
- La prolifération des applications requérant des modèles d'objets tridimensionnels réels.
- La population des environnements virtuels pour but de planification et simulation (applications militaires, astronomiques, microbiologique, médicales, ...).
- La nécessité de création de bibliothèques digitales tridimensionnelles des organes. (Visible Human Project,...).

Ce type de problèmes est reconnu en traitement d'images par le *problème de la reconstruction tridimensionnelle des objets*.

II. Problématique et motivations

Le volume des images médicales produites dans le monde est en constante augmentation. Des millions d'images médicales tridimensionnelles (3-D) sont produites chaque année pour établir un diagnostic ou contrôler une action thérapeutique. Elles fournissent des informations sur la forme et le fonctionnement des organes du corps humain. Malheureusement, ces informations sont extrêmement difficiles à exploiter de manière quantitative et objective [AYACHE.98]. En effet, de l'héritage des images 2D, les images 3D sont souvent produites comme une succession de coupes bidimensionnelles. Bien qu'elles soient de nature numérique, elles sont reproduites sur un support analogique pour être examinées manuellement par le praticien (Figure 3)

Cette méthode classique d'analyse bidimensionnelle, et manuelle, présente plusieurs limitations:

- Le praticien est confronté, devant son négatoscope, à analyser une succession de coupes bidimensionnelles, une par une. Cette opération est économiquement infaisable voire impossible dès que le nombre de coupes dépasse une dizaine (Figure 3). [ALHOUN.99]
- L'interprétation des images médicales nécessite d'isoler ou segmenter les structures de l'image pour repérer les régions d'intérêt. Le praticien doit répéter cette opération pour chaque coupe.

- Il est amené aussi à empiler mentalement les structures issues de l'étape de segmentation pour reconstruire une représentation approchée du volume de l'organe observée. Cette reconstruction est nécessairement subjective et qualitative.
- Le traitement manuel coupe par coupe conduit à une perte d'informations, puisque la 3ème dimension est absente et non prise en compte. Ainsi, l'information 3D, si chèrement acquise, est souvent réduite à une information 2D.
- Le volume n'est pas échantillonné de la même fréquence dans les trois axes, et l'information intercoupe est laissée à l'imagination de l'analyste.
- Elle ne permet pas une évaluation quantitatives exactes des dimensions des organes (volumes, superficies, distances, ...).
- Limitée aux experts et elle n'est pas à la portée des néophytes (étudiants) et n'est pas adéquate à un aspect pédagogique.

Il s'avère que le potentiel des techniques d'analyse d'images 3D n'est pas exploité à son juste niveau, en particulier dans nos hôpitaux. Certes, les producteurs des appareils d'acquisition, tels que les scanners, mettent à la disposition de leurs clients des outils standards de traitement d'images. Pour des solutions plus avancées, il faut prévoir tout un budget et être en dépendance totale du constructeur¹.

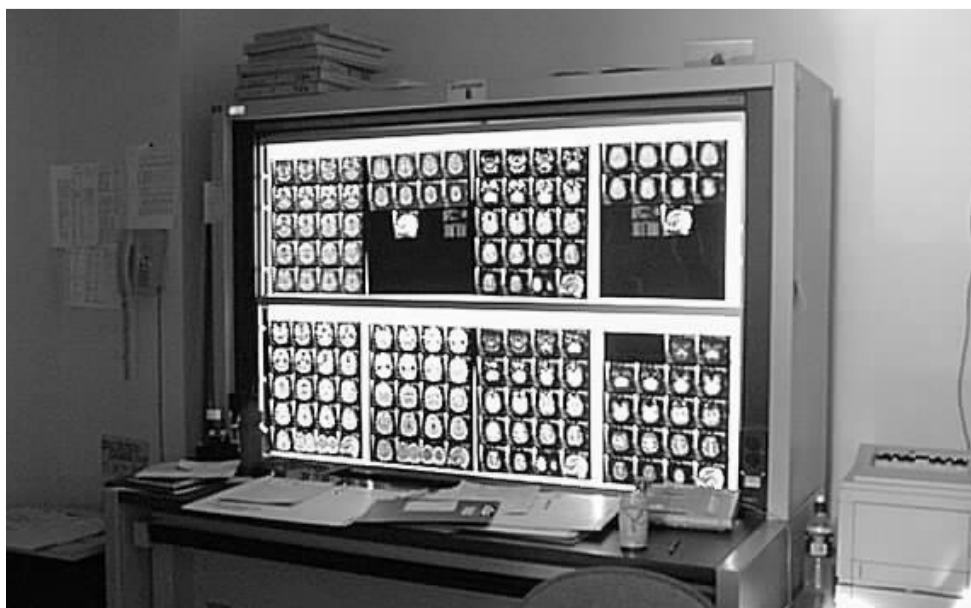


Figure 3 – L'analyse classique des coupes médicales
Un négatoscope sur lequel on a placé plusieurs clichés.

III. Objectifs du présent travail

L'idée d'envisager les problèmes précités et de développer des solutions pour arriver à une aide au diagnostic médical basée sur *une segmentation* puis une *reconstruction automatique d'informations volumiques à partir de coupes bidimensionnelles* s'avère très intéressante et prometteuse dans le sens où elle permet de créer un modèle 3D des structures anatomiques donnant la possibilité d'aller au-delà du simple besoin de visualisation à des applications de planification et simulation chirurgicales plus complexes. Le présent travail se veut être une première étape pour atteindre cet objectif que l'on

¹ En 1999, des solutions logicielles complètes coûtaient de 50.000\$ à 150.000\$ [UDUPA.99]

caractérise comme étant global. Il vise à fournir un modèle 3D numérique d'un objet 3D décrit en terme de coupes 2D.

En fait, ce problème s'intègre dans un cadre plus général dont l'énoncé est le suivant : étant donné un objet 3D quelconque dont on connaît uniquement quelques informations partielles (données échantillonnées), comment arrive t-on à une représentation approximative de l'objet initiale ?

Par conséquent, notre point de vue au problème de la reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées ne se limite pas à un problème de segmentation suivi par une visualisation de l'organe par un simple empilement des structures segmentées. Nous le regardons plutôt comme étant un problème inverse au problème de reconstruction d'objets à partir de modèles numériques largement utilisé en CAO et FAO. C'est principalement un problème de modélisation 3D d'objets réels consistant en un *pipeline* de sous problèmes dont la segmentation, la modélisation et la visualisation constituent les principaux maillons.

Ce point de vue présente beaucoup d'avantages, la génération d'un modèle numérique 3D décrivant l'organe d'intérêt permet d'ouvrir de nouveaux horizons en matière de planification thérapeutique et de simulation de gestes chirurgicales. Les grands projets de modélisation du corps humains lancés par des établissements universitaires tels que le Visible Human Project¹ sont des preuves de tel intérêt. Cependant, ce point de vue invoque un traitement plus ou moins délicat surtout lorsque l'objet présente une forme complexe. Les organes humains sont des exemples typiques de telle complexité.

Plusieurs méthodes sont proposées dans la littérature permettant de reconstruire un modèle 3D à partir de données structurées en coupes 2D, elles peuvent être regroupées en deux grandes approches : approche volumique et approche surfacique. L'algorithme des Marching Cubes proposé par [LORENS.89] et l'algorithme à base de la triangulation de Delaunay proposé par [BG.92] sont des références dans ce domaine.

Sans doute, l'étape la plus délicate dans le processus de reconstruction, et dans tous processus d'analyse d'images, est la segmentation. Elle permet de passer d'une image *muette* à une représentation *parlante en terme d'objets* constituant le volume d'intérêt. Le nombre de méthodes de segmentation proposées dans la littérature est assez grand au point qu'il crée un problème de choix de méthode dans un contexte donné.

De leur nature discrète dans la troisième dimension, les images médicales 3D consistent en une séquence d'images 2D échantillonnées à partir d'un organe 3D *homogène*. De cet effet, elles présentent une interaction spatiale très observable que ce soit au niveau d'une même coupe ou au niveau intercoupes. Aussi, ces images présentent un état de textures compliqué reflétant un aspect aléatoire des motifs qui les génèrent. De plus, les systèmes d'acquisition, par leur diversité, introduisent un phénomène de dégradation aussi observable sur les images acquises. Sous ces contraintes, le processus de segmentation doit formuler un algorithme capable de modéliser ces trois constatations assez précieuses. La théorie des Champs Aléatoires de Markov (MRF) s'impose comme choix puissant pour formuler ces contraintes.

De plus, les coupes constituant la séquence 3D sont généralement largement espacées entre elles suite à des restrictions techniques qui sont liées généralement au matériel utilisé et parfois à des contraintes de temps ou à des contraintes de minimisation de radiations délivrées aux patients. Il en résulte que la distance inter pixels selon les axes X et Y (résolutions 2D) est largement supérieure à la distance intercoupes selon la troisième dimension Z (résolution 3D) donnant lieu à une séquence de coupes **anisotropique**. Ce dernier aspect signifie qu'on se contente de quelques coupes représentant l'objet 3D tout en négligeant d'autres. Tous les processus d'analyse d'images 3D, en

¹ The Visible Human Project lancé par The National Library of Medicine http://www.nlm.nih.gov/research/visible/visible_human.html.

particulier la reconstruction 3D, sont sensibles à l'anisotropie des coupes étant donné qu'elle signifie une perte d'informations qui pourrait en être très utiles. Plus que l'anisotropie est forte plus que les résultats sont médiocres en terme de qualité et exactitude. Par conséquent, notre système de reconstruction 3D doit tenir compte du biais lié au manque d'information engendré par la nature échantillonnée des coupes.

Le présent travail, intitulée **RECONSTRUCTION TRIDIMENSIONNELLE A PARTIR DE COUPES SERIEES**, se focalise sur les trois problèmes qui viennent d'être décrits, il se limite aux points suivants :

1. La segmentation des images 3D par une modélisation markovienne appliquée aux images médicale 3D ;
2. La récupération de l'information intercoupes suite à un processus d'échantillonnage anisotropique.
3. La génération d'un modèle 3D du volume résultat de segmentation.

Ceci nous ramène à nous pencher sur les aspects théoriques de chacun des trois problèmes précédents, en particulier :

Pour le premier point nous sommes ramenés à :

- Revoir les méthodes de segmentation appliquées aux images médicales 2d et 3D.
- Présenter en détail la théorie des champs aléatoires de Markov appliquée pour la segmentation des images médicales 3D.

Pour le deuxième point nous sommes ramenés à :

- Revoir les méthodes d'interpolation intercoupes.
- Proposer une nouvelle technique d'interpolation intercoupe.

Pour le troisième point nous sommes ramenés aussi à :

- Survoler les méthodes de reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes 2D.
- Présenter en détail les principes de l'algorithme des Marching Cubes et celui de [BOISS.88] basé sur la Triangulation de Delaunay.

Les autres étapes du système de reconstruction, en particulier les prétraitements et le recalage des coupes, sortent du cadre de ce travail. Par conséquent, les données de notre système sont supposées être prétraitées et recalées.

Les objectifs *pratiques* assignés par notre travail sont au nombre de deux :

1. Fournir un outil logiciel permettant la segmentation automatique des images médicales tomographiques.
2. Cet outil doit être capable de reconstruire automatiquement l'information volumique inhérente à l'organe d'intérêt.

II.1. Organisation du travail

Le présent mémoire est organisé comme suit:

Dans le premier chapitre, nous allons introduire le problème de la reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées dans son cadre général, donner un état de l'art sur le domaine et proposer un système général de reconstruction tridimensionnelle comme outil efficace et méthodique pour entamer le problème. Ce système consiste en un pipeline d'opérations fondamentales, au nombre de six, visant chacune à résoudre un sous problème particulier à savoir

l'acquisition des coupes, leurs prétraitements et recalage, la segmentation et l'extraction de contours, la modélisation ou la génération de l'information volumique et enfin la visualisation.

Le deuxième chapitre présente la première étape : L'acquisition des coupes sériées. Nous présenterons d'abord le principe général d'un système informatisé d'imagerie médicale puis nous donnons une synthèse sur les principales modalités d'acquisition des images médicales 3D à savoir : la Tomodensitométrie (CT), l'IRM, l'US et les méthodes de médecine nucléaire. Du fait de l'utilisation des images CT dans le volet pratique de notre travail, une attention toute particulière sera mise sur les bases physiques de la première technique.

L'étape de segmentation fait l'objet du troisième chapitre. Nous définissons ce qu'on entend par la segmentation, évoquons quelques difficultés de segmentation liées aux images médicales, donnons un état de l'art sur les différentes méthodes de segmentation et présentons la théorie des Champs Aléatoires de Markov appliquée pour la segmentation des images médicales 3D.

Le quatrième chapitre survole les méthodes de reconstruction tridimensionnelle à partir de données structurées en coupes bidimensionnelles. Ces méthodes se divisent en deux grandes approches : surfaciques et volumiques ; nous donnons le principe de chaque approche puis nous détaillons deux algorithmes assez intéressants de l'approche volumique : l'algorithme des Marching Cubes proposé par [LORENS.89] et celui de [BOISS.88] basé sur la Triangulation de Delaunay.

Le dernier chapitre entame le problème des coupes anisotropiques. Nous donnons très brièvement un aperçu sur les deux approches d'interpolation intercoupes à savoir : *approche basée scène* et *approche basée objet*. Puis nous proposons une nouvelle technique d'interpolation intercoupes basée objet s'appuyant sur la théorie des champs aléatoires de Markov.

Nous terminons notre travail par une conclusion et quelques perspectives d'extension.

Chapitre -I-

Le Problème de la Reconstruction 3D à Partir de Coupes Sériées

L'évolution technologique des procédés d'imagerie a engendré de nouvelles problématiques de recherche. Contrairement aux outils classiques, les systèmes d'acquisition 3D actuels dépendent étroitement des outils informatiques très puissants pour la génération d'images 3D à partir des données brutes provenant des signaux sources des capteurs. L'information 3D présentée consiste simplement en un ensemble de coupes bidimensionnelles, plus ou moins espacées, échantillonnées généralement le long de la troisième dimension de l'objet d'étude.

En imagerie médicale, ces coupes reflètent une propriété physique de l'organe étudié, que ce soit le taux d'absorption des rayons-X dans le cas de la tomodensitométrie (CT), la densité des protons dans l'IRM ou la réponse à une certaine impulsion de fréquences particulières. C'est le *moyen non destructif* utilisé par l'imagerie médicale pour accéder à la structure interne des corps. Un autre moyen *destructif* largement utilisé, en fait, en microbiologie consistant en la découpe réelle de l'organe en un ensemble de tranches, en utilisant par exemple une ultramicrotomie, puis photographiées, après avoir éventuellement agrandies, par un microscope.

Dans les deux cas de figures, les images obtenues en tant que telles ne reflètent pas en réalité le vrai aspect tridimensionnel de l'objet, elles en donnent une vue restreinte et partielle. Bien qu'elles permettent une meilleure compréhension de la structure spatiale interne des objets, l'interprétation pratique des différentes images 2D est une tâche difficile et fastidieuse et doit tenir compte du biais lié au manque d'information engendré par la nature échantillonnée des coupes.

Donc l'imagerie médicale, en particulier 3D, est devant un problème très délicat : comment créer un modèle 3D d'un organe connaissant ses projections tomographiques 2D. Pour résoudre ce problème, et afin de pallier au manque d'informations, de nouvelles techniques de reconstruction tridimensionnelle ont été introduites pour obtenir un modèle volumique représentant l'information tridimensionnelle cachée dans les coupes. Ce modèle devrait permettre, en plus de l'extraction et la visualisation de l'organe d'intérêt, la possibilité d'y opérer des mesures quantitatives et qualitatives.

Ce chapitre entame le problème de la Reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées. Nous y essayons de définir le problème, présenter un état de l'art sur ses applications en particulier en imagerie médicale et introduire un système général de reconstruction tridimensionnelle comme outil méthodique pour l'entamer.

I.1 Définitions

Le problème de la reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées peut être vu comme étant un cas particulier d'un problème fondamental plus général étudié de longue date dans des

domaines différents posant la problématique suivante : *Comment représenter correctement un phénomène global simplement à partir d'observations partielles ?*

Sous une formulation plus théorique, le problème évoqué précédemment est aussi un objet d'étude important pour les maths. Dans le cadre mathématique, il s'agit de reconstruire exactement, ou au moins d'approcher, un objet mathématique (par exemple une fonction) à partir d'un échantillon, provenant de cet objet. C'est la définition de l'interpolation [DONNEL.01].

La reconstruction tridimensionnelle est un problème commun à plusieurs applications. Outre le domaine médicale et microbiologique, elle est principalement posée en vision par ordinateur (robotique) pour la reconstruction de scènes à partir de plusieurs vues prises par des caméras, en CFAO où l'objet est construit à partir de plusieurs modèles numériques prédéfinis, en imagerie satellitaire où l'on a à construire des cartes 3D à partir d'un ensemble d'images 2D.

Une définition précise et détaillée du terme est un petit peu difficile parce qu'elle invoque la connaissance du domaine d'application et le but convoité de la reconstruction. Avant de rentrer dans les détails, il s'avère très utile de définir ce qu'on entend par l'imagerie et la modélisation 3D.

I.1.1 L'imagerie tridimensionnelle

L'imagerie 3D est le terme général donné au processus de traitement, de visualisation et d'analyse des images tridimensionnelles. Ces dernières sont souvent présentées sous forme de séquences d'images bidimensionnelles prises par une procédure d'échantillonnage ou de discrétisation de l'objet initial. De cet effet, ce processus consiste dans la plupart du temps en une séquence d'étapes 2D [ROBB.00].

Ces images 2D séparées ne fournissent pas une information 3D exacte de l'objet. Dans la pratique, le praticien est ramené à les rassembler et construire *mentalement* une allure tridimensionnelle approchée pour arriver à une appréhension de l'objet. Une telle reconstruction mentale est sans doute difficile, fastidieuse et erronée.

I.1.2 La Modélisation Tridimensionnelle

La modélisation 3D consiste à développer une représentation, généralement numérique, décrivant l'ensemble de propriétés (ou quelques unes) d'un objet ou d'un phénomène donné. Ces propriétés peuvent être structurelles concernant la forme ou fonctionnelles concernant le comportement de l'objet. Lorsqu'il s'agit d'une modélisation tridimensionnelle, c'est aux propriétés qui définissent l'objet dans l'espace 3D qu'on s'intéresse. L'équivalence entre un objet et son modèle dépend du degré de représentation de ce dernier des propriétés pertinentes exhibées par l'objet d'étude.

I.1.3 La Reconstruction Tridimensionnelle à Partir de Coupes Sériées

A priori, le problème de la reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées peut être décrit comme étant le problème de *rebâtir* une information volumique inhérente à un objet connaissant ses fragments bidimensionnels.

Serr. et col. dans [SERRE.02] ont défini le terme comme étant un outil informatique effectuant *l'empilement* des *contours* d'un même organe permettant aux anatomistes une première et *rapide visualisation* pour procéder à des corrections offrant ainsi une première *validation anatomique* en 3D.

Une autre définition, donnée par le Médical Web Encyclopédie¹, déclare: la reconstruction volumique est le *processus de visualisation 3D* des images volumiques généralement présentée sous forme d'images bidimensionnelles contiguës.

¹ Site web : http://www.amershamhealth.com/medcyclopaedia/medical/volume/volumetric_reconstruction.asp

A notre avis, ces deux définitions, et bien d'autres [BROWN.96, CODY.02] similaires, s'avèrent incomplètes dans la mesure où elles limitent la reconstruction à des fins de visualisation par des outils assez simples tels que l'empilement des contours.

1.1.3.1 Utilité et nécessité d'obtenir un modèle tridimensionnel

Si dans quelques applications seule une visualisation est entreprise, dans la plupart des autres une *analyse* et une *description* de l'objet sont nécessaires afin de mieux appréhender la structure tridimensionnelle de l'objet et donc mieux comprendre et maîtriser son comportement dans le milieu de son fonctionnement, dans la mesure où cet objet constituera une donnée pour un processus de description, de modélisation ou d'analyse de phénomènes plus complexes (un organe dans le corps, une pièce dans une machine, ...).

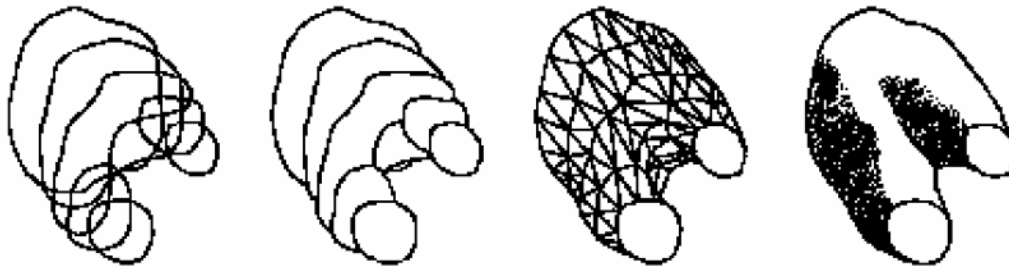


Figure I-1 : Différentes représentations d'une même séquence de coupes (Extrait de ROLLAND.91)

Par conséquent le problème doit être vu comme étant un problème de *modélisation tridimensionnelle* des objets connaissant leurs coupes bidimensionnelles avant qu'il soit un problème d'une simple visualisation.

Bien que la littérature concernant la reconstruction tridimensionnelle des images médicales tende presque vers la première vue [SERRE.02, BROWN.96, UDUPA.99, CODY.02], plusieurs d'autres travaux insistent sur l'utilité et la nécessité d'obtenir un modèle numérique 3D [ROLLAND.91, BARILLOT.99, BOISS.88, GEIGER.93, AYACHE.98, LEBRAS.04, ...]

Ainsi la reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées peut être définie comme étant une fonction de transfert Φ ayant en entrée un flux de données bidimensionnelles consistant en un ensemble de point $P_i(x,y)$ dans R^3 structuré en un ensemble de plans 2D de coupes C_i^1 , et comme sortie une fonction numérique Ψ définissant le modèle décrivant les, ou quelques, propriétés de l'objet.

$$\Phi = \Psi(P_i(x, y)), \quad x, y \in I \quad i = 1..N$$

Mathématiquement parlé, Φ est un opérateur d'interpolation inverse à l'opérateur de discrétisation originalement appliqué par le capteur pour obtenir les coupes bidimensionnelles.

Il est à signaler aussi que certains auteurs, de tendance médicale, [CODY.02, BROWN.96] évitent l'utilisation du terme *reconstruction* pour désigner le processus qui vient d'être décrit. *Dianna D.* dans [CODY.96] déclare « Le terme *reconstruction* est souvent utilisé quoiqu'il soit inexact dans ce contexte. Le processus de reconstruction, principalement en tomographie CT, réfère à une procédure spécifique qui convertit les données brutes projetées (signal) en une coupe bidimensionnelle » l'auteur propose d'utiliser plutôt le terme '*reformatage*' (reformatting) : « le reformatage procède tout

¹ - Nous nous limitons ici au cas des images médicales TDM ou IRM où l'ensemble des points est structuré en un ensemble de plans 2D, ce qui constitue un cas particulier du problème général où l'ensemble de points sont éparpillés aléatoirement dans l'espace.

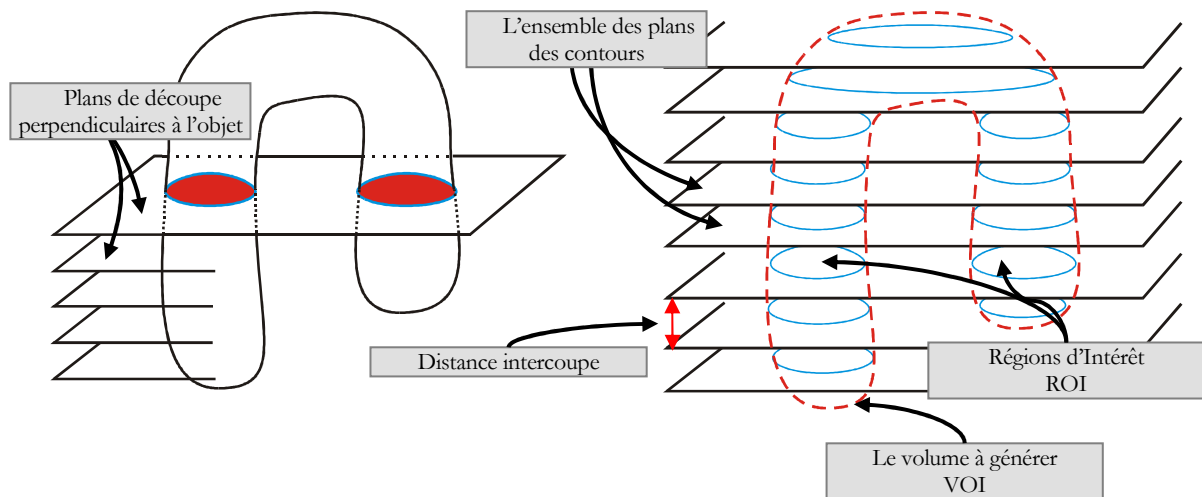


Figure I-2 – Principe d'obtention des coupes sériées

simplement à la visualisation de l'image produite du processus de reconstruction original dans une manière inverse à celle dont elle est originalement acquise » [BROWN.96].

Dans ce mémoire, nous retenons le terme reconstruction pour désigner le processus que nous avons décrit ci-dessus.

I.2 Position du problème

La représentation des objets par un ensemble de coupes sériées 2D est de plus en plus utilisée dans de nombreux domaines et en particulier dans le domaine médical auquel nous nous sommes intéressés le long de ce travail. Les images médicales 3D consistent en une suite discrètes de coupes bidimensionnelles résultant d'un échantillonnage de l'organe d'étude 3D.

Les coupes sont obtenues par l'intersection de l'objet avec une série de plans perpendiculaires à celui-ci. Dans le cas où ces plans sont parallèles on parlera de *coupes (sections) sériées ou parallèles* (serial cross sections) (Figure I-2 et Figure I-4).

Connaissant ces coupes parallèles, le travail demandé est de reconstruire une représentation tridimensionnelle approchée au maximum possible de l'objet initial.

Dans la plupart des applications on ne s'intéresse pas à reconstruire l'objet dans son intégralité mais uniquement à une partie ou un sous volume bien spécifique appelé *Volume d'Intérêt (volume of interest VOI)*. Ce volume d'intérêt est réparti sur l'ensemble de coupes suivant un ensemble de région 2D appelées *Régions d'intérêt (ROI)*.

Le problème peut être posé d'une autre manière plus simple. Etant donné que le VOI est défini intégralement par deux ingrédients :

- Les contours qui délimitent le VOI dans l'espace.
- La texture qui le définit dans un champ de vision.

Ainsi on peut reformuler le problème en se basant uniquement sur les contours exprimés en terme d'images binaires perdant ainsi toute information d'atténuation liée au tissu et ne conservant que celle de forme de l'objet. Le deuxième ingrédient est vu comme étant un problème de plaquage de textures à un volume de données défini par des contours.

En fait, cette manière de poser le problème de la Reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées est duale à la première dans la mesure où l'on peut se basculer facilement entre les deux concepts régions-contours (Figure I-2).

La quasi-totalité de la littérature que nous avons consultée adopte la deuxième formule du problème [BOISS.88, GEIGER.93, JAILLET.99, ROLLAND.91, ...] qui présente d'ailleurs plusieurs avantages :

- Elle ne rien présume sur le procédé d'acquisition, qui diffèrent d'une application à une autre, en dissociant l'étape de numérisation des objets de l'étape de reconstruction.
- Elle sépare le problème de localisation du VOI, qui est un problème de segmentation, du problème de représentation du volume qui est un problème de modélisation 3D. La visualisation étant un problème postérieur aux deux.
- Elle permet de diminuer considérablement la zone de travail lors de traitements ultérieurs et donc de réduire le volume des données à traiter. D'autre part, travaillant sur une région d'intérêt définie par des contours, les traitements sont plus performants car plus ciblés et moins perturbés par des informations pouvant être considérées comme du bruit.

Nous allons principalement mener notre travail dans cette deuxième démarche, en construisant un modèle fondé sur une version segmentée des images initiales qui permet d'assimiler, le modèle, assez d'informations topologiques et structurelles de l'objet.

I.3 L'imagerie médicale & La Reconstruction 3D à partir de coupes sériées

I.3.1 Aperçu historique

En médecine, la reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées n'est pas un problème récent posé par les nouvelles modalités d'acquisition 3D, ses origines reviennent à des siècles avant. En effet, avant la découverte des rayons X en 1895, le seul moyen permettant d'acquérir la structure géométrique interne d'un objet était de procéder à découper celui-ci en plusieurs tranches¹ plus ou moins espacées puis examiner chacune à part. Des techniques de reconstruction 3D fantastiques, malgré qu'elles soient manuelles, avaient eu lieu permettant deux modes différents de reconstruction : *graphique* et *rigide* [CHINGA.97] [LOZA.98]

- ☒ **Reconstruction graphique** : C'est en quelque sorte une reconstruction de contours 3D basée sur un traçage sérié. On procède à tracer les contours des tissus dans une tranche donnée sur un papier transparent (ou une plaque de plastique) en superposant ce dernier sur la tranche. Une fois toutes les tranches sont reportées sur des feuilles transparentes, on empile ces dernières pour avoir une allure tridimensionnelle de l'objet.
- ☒ **Reconstruction rigide** : Ce mode de reconstruction était utilisé pour obtenir en quelque sorte un modèle 3D de l'objet. On utilise dans cette technique des plaquettes de la cire, de bois ou de plastique dont l'épaisseur est identique à celle des coupes. Pour chaque coupe, on procède à un traçage des contours sur une plaquette, ensuite on dessine le détail des structures à l'intérieur de ces contours. Une fois terminée, les plaquettes seront découpées le long des contours, déjà tracés, puis empilées les unes sur les autres pour avoir une représentation 3D.

La Figure I-3 illustre un modèle volumique d'un fœtus obtenu par une reconstruction 3D rigide, l'image -a- en donne une vue surfacique et l'image -b- en donne une vue exploratrice de la structure interne du fœtus.

¹ - Nous utilisons ici le terme tranche pour désigner une coupe sériée réelle obtenue à partir d'une dissection réelle de l'objet

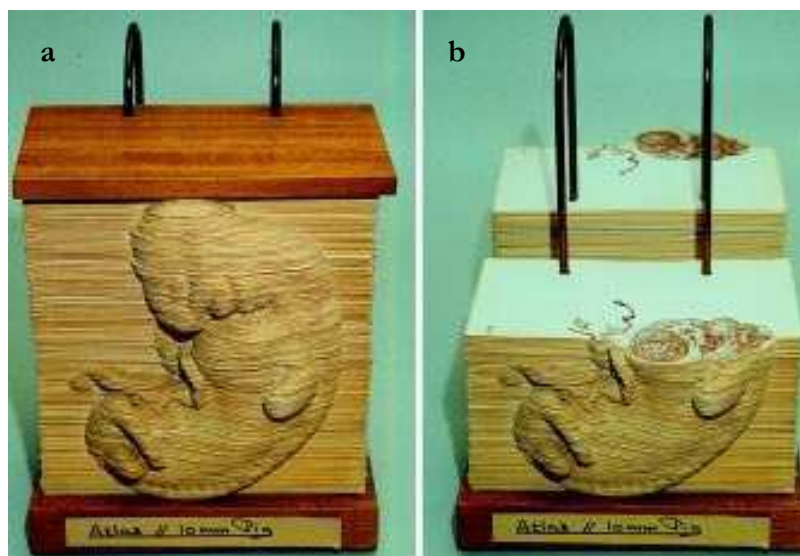


Figure I-3 – Reconstruction 3D rigide d'un modèle volumique pour un fœtus
a) le modèle en mode surfacique b) le modèle en mode exploration [VERB.99]

Malgré l'intérêt qu'elles apportent, ces techniques sont d'utilisation courante difficile car elles sont longues, onéreuses et fastidieuses et nécessitent beaucoup de minutie. Elles présentent souvent des défauts d'exactitude par rapport au modèle original. La visualisation de nouvelles incidences nécessite de nouvelles coupes et de nouvelles reconstructions.

De plus, procéder à faire des coupes dans l'objet n'est pas une tâche toujours possible surtout lorsqu'il s'agit du corps humain. Cet inconvénient a suscité l'investigation de nouvelles techniques permettant de voir au travers des corps sans être obligé de le détruire.

Après la découverte des rayons-X, l'imagerie médicale s'appuyait pleinement sur la radiologie conventionnelle. Des tentatives d'extraction de mesures 3D à partir de plusieurs projections 2D ont été envisagées, la technique de *stéréoscopie* en était le principe de base [BROWN.96]. L'inconvénient majeur que présente la radiologie conventionnelle était un grand obstacle pour obtenir une représentation 3D acceptable des organes [TIGG.02]. A cet effet les travaux de recherche ont été orientés beaucoup plus vers le développement de nouvelles techniques d'imagerie permettant de produire des images 3D des organes humains¹. La 3^{ème} dimension a été effectivement obtenue au début des années 70 donnant naissance à l'imagerie tridimensionnelle. La nature des données 3D acquises à partir de la plupart des modalités, que ce soit la tomodensitométrie CT, la résonance magnétique l'IRM, l'échographie ou l'ultrason US, la microscopie confocale ou le processus de dissection réelle, consistant en une séquence d'images 2D a invoqué un processus supplémentaire de *reconstruction* faisant appel à des techniques informatiques matérielles et logicielles avancées pour extraire l'information volumique encapsulée dans les données bidimensionnelles (Figure I-4).

Cette reconstruction est motivée par le besoin d'une meilleure appréhension de la géométrie interne des organes et aussi une meilleure compréhension de leur fonctionnement. Ceci permet d'apporter des améliorations considérables au processus de diagnostic clinique des images médicales qui, à nos jours et particulièrement au niveau de nos hôpitaux, connaît plusieurs limitations.

¹ On peut consulter [BROWN.96] pour un historique du passage de l'imagerie conventionnelle à l'ère des images 3D

I.3.2 Etat de l'art des méthodes de reconstruction 3D à partir de coupes 2D

A ce stade, plusieurs méthodes de reconstruction tridimensionnelle ont été proposées dans la littérature, elles peuvent être regroupées en deux grandes approches : *reconstruction surfacique* et *reconstruction volumique* [GEIGER.93, JAILLET.99, JAUME.04]. Pour être opérationnelles, ces méthodes nécessitent une étape de segmentation pour extraire le VOI et l'ensemble de ces contours.

I.3.2.1 Reconstruction surfacique

Historiquement, les méthodes de reconstruction surfacique sont les premières qui ont eu apparence [BG.92], le problème de la reconstruction tridimensionnelle consiste alors à bâtir un maillage surfacique entre les contours de deux coupes adjacentes. Ceci est achevé par la connexion des segments des contours dans une coupe donnée par les sommets des contours dans la coupe opposée. Deux catégories de méthodes sont à distinguer : celles qui forment une triangulation optimale en fonction de critères métriques comme l'aire des triangles générés ou le volume englobé et celles qui prennent en compte la pertinence topologique de la triangulation (méthodes heuristiques) [JAILLET.99, BG.92, ROLLAND.91]. Le problème se complique encore lorsque les coupes présentent plus d'un contour (cas d'embranchements). (cf. Chapitre IV)

I.3.2.2 Reconstruction volumique

L'approche volumique est plus ou moins récente, elle considère l'ensemble des contours comme étant une image 3D répartie sur une grille cubique. Son principe est de créer une surface de parallélépipèdes. L'algorithme célèbre des *Marching Cubes* proposé par [LORENS.87] utilise le principe d'iso-surface pour bâtir de telles surfaces. Un autre algorithme basé sur la *triangulation de Delaunay* proposé par [BOIS.88] et amélioré par [Geiger.93]. Un troisième algorithme basé sur la théorie des Eléments Finis [CHOW.98]. D'autres méthodes, telles que les α -*shape*, les *a-shape* sont encore envisageables dans ce contexte. Pour un état de l'art assez complet on peut consulter [DA.02, BOISS.88, NULLA.98]. Ces deux approches seront détaillées dans le chapitre IV

I.4 Applications de la reconstruction 3D

Le champ des applications possibles au problème de la reconstruction est vaste. Dans ce qui suit nous allons en faire un tour rapide et non exhaustif, simplement pour mettre en relief la pression actuelle exercée sur la recherche pour besoin de développer de solutions pratiques et performantes à des problèmes réels posés par les industriels, les militaires et les scientifiques. On peut distinguer deux grands domaines d'applications portant le même intérêt grandissant vis à vis de la modélisation d'objets réels à partir de données numérisées.

D'une part, on peut identifier certaines applications dont les besoins sont de l'ordre de la visualisation d'objets réels, tel le cinéma et plus particulièrement les effets spéciaux, mais aussi l'industrie, en pleine expansion, les jeux vidéos ou encore les applications de réalité virtuelle.

D'autre part, on peut regrouper des applications plus scientifiques dont les besoins sont plus précis et pour lesquelles il est nécessaire d'apporter des garanties sur les modèles reconstruits.

I.4.1 Applications industrielles et scientifiques

Dans de telles applications, on peut évoquer les multiples besoins de l'industrie ayant trait à la conception d'objets, des applications CAO jusqu'au *reverse engineering*. On peut aussi songer aux nombreux domaines concernés par la simulation numérique, utilisant le calcul scientifique afin de modéliser les interactions des objets et de leur milieu : l'industrie aéronautique, automobile, géologique ou encore l'océanographie [VARADY.01, NULLA.98].

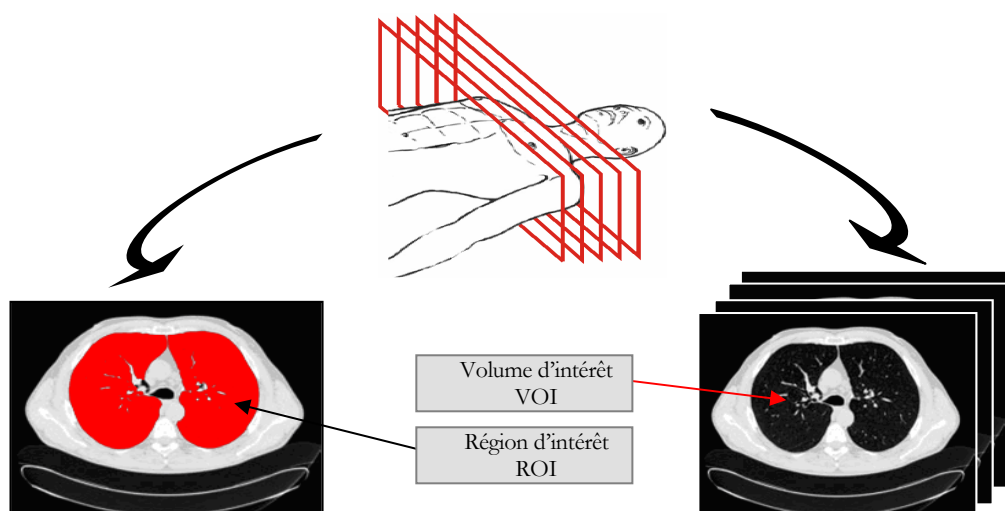


Figure I-4 – Une séquences d'images CT du Thorax, l'extraction du volume d'intérêt consistant en les poumons

De même, l'archéologie où l'on envisage le problème de l'étude des objets extrêmement fragiles, telles les crânes et les squelettes préhistoriques ou encore les momies, la reconstruction 3D de ces objets permet de contourner ce problème [BULL.99, ARCH.97].

On peut songer encore à l'identification des individus à partir de leurs crânes, problématique largement posée en médecine légale¹ [BULL.99]. Sans oublier bien sur les différentes applications médicales (cf. § I.4.2), évoquées à des fins d'aide au diagnostic, de simulation ou de préparation d'interventions chirurgicales.

Évidemment, la diversité de ces domaines d'application a pour conséquence une variété toute aussi grande pour la provenance des données que l'on aura à considérer. De plus, cette variété d'applications a permis d'envisager plusieurs solutions logicielles, la Table I-1 récapitule l'ensemble des caractéristiques principales de quelques logiciels classés parmi les meilleurs dans le domaine permettant la reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées [FIALA.05].

I.4.2 Applications Médicales

A l'aide de l'imagerie médicale, il est possible aujourd'hui, de visualiser l'anatomie interne du patient sans pour autant avoir recours à la chirurgie. Les images obtenues sont des séries de coupes 2D sur lesquelles il n'est pas toujours facile d'interpréter les différents problèmes auxquels sont confrontés les médecins. L'imagerie 3D intervient pour palier à ces problèmes. Elle permet aux médecins, de visualiser son patient en 3D virtuelle. Cela apportera une meilleure représentation de l'anatomie interne dans le but d'optimiser les chances de bons diagnostics.

Plusieurs projets de recherche ont été menés dans ce contexte, on en cite :

1. The Visible Human Project lancé par The National Library of Medicine (http://www.nlm.nih.gov/research/visible/visible_human.html) grâce auquel on dispose d'une numérisation complète du corps d'un homme et une autre d'une femme.
2. The Voxel Man : (<http://www.users.ox.ac.uk/~uzdl0037/voxman.html>),
3. The Digital Anatomist : (<http://www.biostr.washington.edu/slideshows/quickview/title.html>),
4. The Human Brain Mapping: (<http://www.journals.wiley.com/wilcat-bin/ops/ID1/1065-9471/prod>),
5. The Anatomy Browser : (<http://www.spl.harvard.edu>)

¹ - là encore on peut citer le projet d'identification et reconstruction de la célèbre momie Nivertiti.

Logiciel	Lien	Recalage	Montage	Tracie des contours	Mesures	Rendu 3D
3D Doctor	www.ablesw.com	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Amira	www.amiraviz.com	Oui	Non	Oui	Oui	Oui
Bioquant	www.bioquant.com	Non	Oui	Oui	Oui	Oui
NeuroLucida	www.neuroLucida.com	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Reconstruct	www.synapses.bu.edu	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui

Table I-1– Quelques principaux logiciels permettant la reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées

La reconstruction 3D est un apport pour toutes les spécialités médicales. Voyons alors, dans quels cas, cette reconstruction apparaît utile.

Tout d’abord, la reconstruction 3D peut être utilisée pour visualiser en trois dimensions les différents organes du corps humain. En effet, au niveau hépatique par exemple, il est possible de reconstruire le foie en 3D [MONT.99]. Grâce au couplage de la reconstruction et de logiciels informatiques, il est possible de repérer des tumeurs ne mesurant que 3mm (1 cm pour l’analyse classique). Ceci va permettre notamment, un diagnostic plus rapide des tumeurs et donc un traitement qui commencera plus rapidement. Mais aussi, la reconstruction 3D donnera la possibilité d’évaluer plus précisément l’efficacité thérapeutique avec le calcul des volumes tumoraux. Par conséquent, l’imagerie 3D est devenue un outil incontournable dans la lutte contre le Cancer.

Il est possible de reconstruire également, à partir d’images TDM (ou CT), des os, la hanche [LEBRAS.04], la peau, ainsi que la trachée, les voies aériennes et les poumons [FETTITA.00].

D’autre part, la reconstruction 3D est largement utilisée pour la chirurgie. En effet, l’image virtuelle sera utilisée avant l’opération afin d’avoir une anatomie interne équivalente à celle du patient et non plus une anatomie théorique et peu précise. Grâce à l’imagerie et la reconstruction 3D, le chirurgien pourra même simuler son opération avec une résection virtuelle, dans le but de limiter au minimum les risques lors des interventions chirurgicales [DELING.05].

De plus, l’imagerie tridimensionnelle a des applications en chirurgie orthopédique. En effet, outre l’exploration de l’appareil locomoteur à des fins diagnostiques, la reconstruction 3D va permettre d’élaborer des techniques chirurgicales plus sûres. Elle est également utilisée dans l’aide à la chirurgie maxillo-faciale en simulant les actes chirurgicaux et en mettant en évidence les résultats [ALTAN.03].

La reconstruction 3D est également utilisée dans l’imagerie de l’os fœtal. En effet, l’imagerie 2D est insuffisante pour évaluer certaines malformations osseuses (Explorations fines des extrémités osseuses, métaphyses ...) et par conséquent imprécise sur le diagnostic. Outre l’échographie 3D, La tomodensitométrie 3D permet d’obtenir d’excellentes images de l’ensemble des marqueurs osseux. Seul point négatif, l’irradiation. Mais celle-ci apparaît acceptable au vue des résultats [VERB.99].

Pour finir, la reconstruction 3D peut être utilisée pour effectuer une endoscopie virtuelle comme par exemple dans l’étude du colon [MISTRY.98] ou les vois aériennes. En effet, cette technique de reconstruction permet de déceler au préalable d’éventuelles lésions. Deux cas peuvent alors se présenter. Premièrement l’examen est négatif et il n’y a pas de suite donnée. Par contre, si l’examen s’avère positif, une endoscopie « réelle » sera réalisée pour localiser la lésion et une biopsie pourra être réalisée. La reconstruction 3D permet alors d’éviter une endoscopie « réelle » lorsque aucune lésion n’est détectée. Ces deux techniques sont donc complémentaires.

La reconstruction 3D est donc très utile dans diverses applications médicales notamment en donnant la possibilité de simuler certains actes chirurgicaux. Ces applications vont se diversifier de plus en plus avec l'exploitation au maximum des diversités des images médicales et la continuité du développement des méthodes et outils informatiques du point de vue puissance et robustesse.

I.5 Système Général de Reconstruction Tridimensionnelle à partir de Coupes Sériées

La reconstruction tridimensionnelle est classiquement décomposée en plusieurs étapes constituant un pipeline de sous problèmes. Un système de Reconstruction Tridimensionnelle définit le cycle de vie de l'image. En d'autres termes, il décrit l'ensemble des étapes par lesquelles la séquence des coupes médicales passe depuis son acquisition jusqu'à l'obtention de l'information volumique décrivant l'objet d'étude (Figure I-5).

Un tel système doit être capable de faire une acquisition automatique des coupes 2D. Il doit pouvoir ensuite effectuer une segmentation automatique, au maximum possible, du volume d'intérêt. La phase de reconstruction tridimensionnelle de l'objet à partir de l'ensemble de données segmentées doit être aussi assurée de manière totalement automatique. Enfin, il doit permettre une visualisation, au sens large du mot, de l'objet reconstruit.

Le système que nous proposons consiste principalement en six étapes : l'acquisition, les prétraitements, le recalage, la segmentation, la génération du modèle et enfin la visualisation. La deuxième et la troisième étape constituent en quelque sorte des étapes préparatoires pour le processus de reconstruction global, c'est pour cette raison que nous les avons regroupées ensemble pour constituer une seule étape.

I.5.1 Etape d'acquisition

La première étape dans le processus de reconstruction est l'étape d'acquisition des données de base se représentant en un ensemble d'images bidimensionnelles. Cette étape est généralement achevée par le système physique d'acquisition.

Dans le cas où les données représentent des coupes réelles, il s'agit de découper l'objet en tranches afin d'obtenir les coupes. Cette méthode n'est évidemment pas utilisable dans tous les cas. De plus, elle occasionne parfois des distorsions et des perturbations sur la structure même de l'objet ce qui provoque des erreurs lors de la reconstruction. Dans le cas où, par exemple, les coupes sont obtenues par ultramicrotomie, elles ne sont distantes que de quelques dizaines de nanomètres, ainsi le processus mécanique de la découpe provoque nécessairement une déformation de certaines structures de l'objet.

S'il s'agit de coupes virtuelles, l'information captée par le dispositif physique (un scanner CT, IRM ou US) représente une mesure de certaines propriétés physiques du corps.

Le résultat de cette étape est une séquence de d'images 2D, généralement en niveau de gris, constituant les coupes. Signalons ici que les étapes en aval de cette étape dépendent largement de la technique d'acquisition envisagée.

I.5.2 Etape de Prétraitements et Recalage

Lors de l'acquisition, des conditions extérieures peuvent intervenir pour nuire à la bonne qualité de l'image acquise. Les conditions d'éclairage, le taux des signaux parasites, la nature de l'atmosphère (poussière, humidité, ...), la résolution d'échantillonnage du scanner, le calibrage des caméras, ...

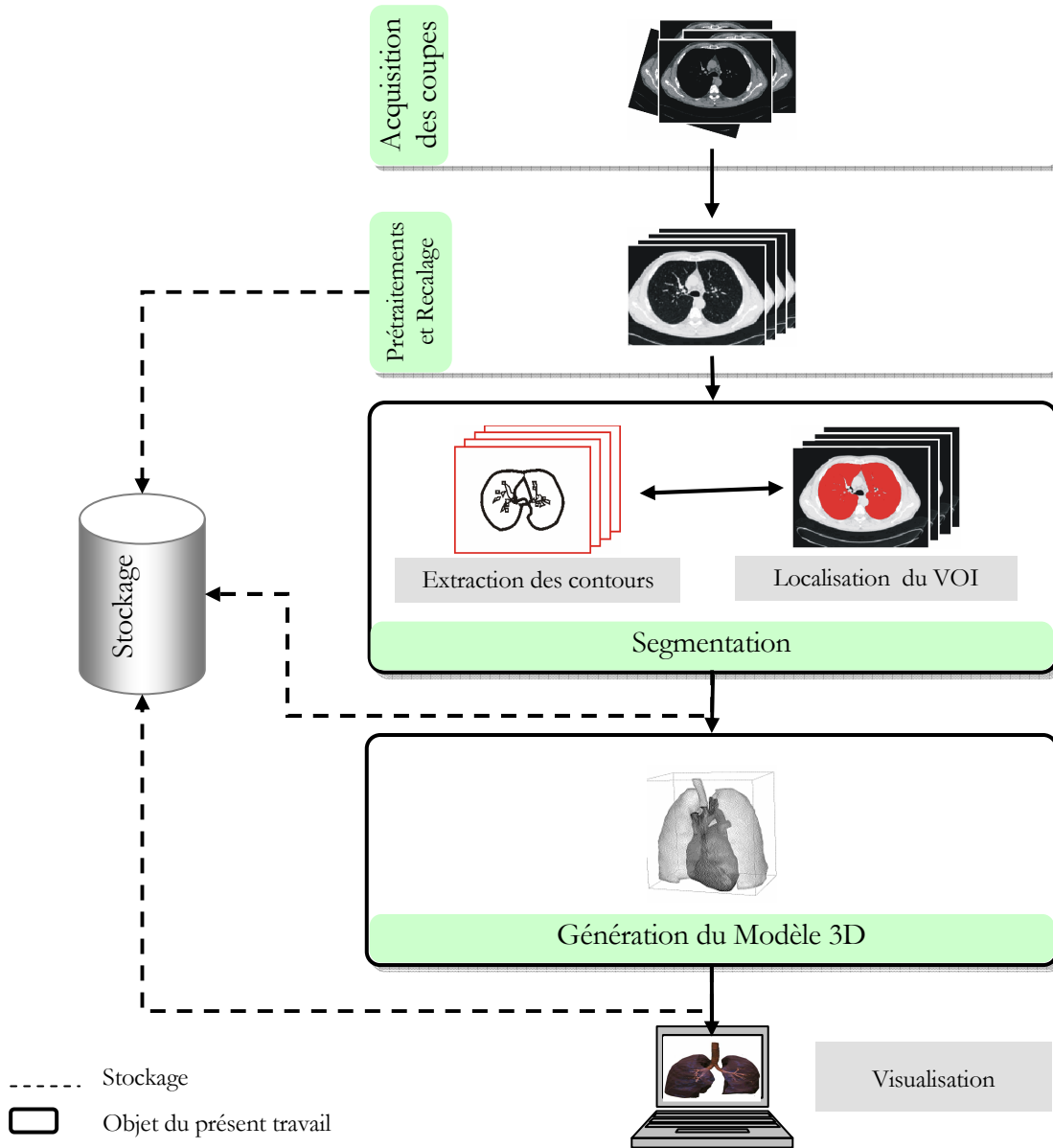


Figure I-5 Principe du Système de reconstruction tridimensionnelle proposé

tout ces phénomènes interviennent pour ajouter à l'information utile d'autres informations futiles constituant ce qu'on appelle en traitement d'images : *le bruit*.

Dans une première phase, le rôle confié à cette étape est d'éliminer d'abord le bruit, idéalement sans toucher à l'information utile, puis procéder à améliorer la qualité de l'image pour faciliter le travail des étapes postérieures. La littérature propose une large gamme de techniques de prétraitements, la modalité d'acquisition et la nature des tissus à analyser déterminent la technique la plus adéquate.

Dans une seconde phase, une étape de recalage des coupes pourrait avoir lieu dont le rôle est de réaligner les coupes dans l'espace de telle sorte qu'elles aient une forme similaire à l'objet initial obéissant à un même repère. En effet, cette opération est nécessaire dans le cas où les conditions d'obtention de la séquence diffèrent d'une coupe à une autre, permettant à quelques unes de subir une rotation ou une déformation quelconque. Ce cas de figure est fréquent dans le cas où les coupes sont acquises après une dissection réelle de l'objet. Dans l'autre cas où la séquence consiste

en des coupes IRM, CT ou US elles sont, en principe, alignées et par conséquent cette étape est omise.

I.5.3 Etape de Segmentation

C'est l'étape la plus délicate dans le processus de reconstruction. Les performances globales du système en dépendent largement. La segmentation est un processus visant à décomposer la séquence d'images en un ensemble de régions - ou classes - homogènes au sens d'un ou plusieurs critères. Son rôle dans le processus de reconstruction est de localiser le volume d'intérêt (VOI) au sein de l'ensemble des coupes (les poumons par exemple dans la Figure I-4, ou une tumeur dans une image cérébrale). Autrement dit, l'ensemble des pixels représentant le même type de tissu, dans une coupe donnée, seront regroupés pour constituer une seule région; ce qui apporte un intérêt majeur au praticien.

Une deuxième tâche confiée à cette étape est l'identification ou l'étiquetage des différents VOI segmentés. En effet, les régions segmentées appartenant à un même type de tissus doivent être ensuite classifiées selon leurs natures anatomiques. Par exemple, on isole le ventricule gauche de celui de droite, ou bien les veines des différentes artères.

Le résultat est une séquence d'images binaires où la valeur binaire de chaque pixel indique son appartenance ou non au VOI. La nature binaire des images obtenues réduit énormément le volume des données à traiter.

Une autre tâche confiée à cette étape est d'extraire, à partir du volume d'intérêt obtenu, l'ensemble des contours qui le délimite le long de la séquence d'images binaires. Là aussi une réduction du volume des données pourra être envisagée. Le résultat final de cette étape est une séquence de plans de contours fermés.

I.5.4 Etape de Modélisation

Cette étape constitue le noyau du processus de reconstruction dans la mesure où elle permet de bâtir l'information tridimensionnelle. Le but de la reconstruction est de fournir une description géométrique de l'objet numérisé en se basant principalement sur le calcul d'un modèle volumique ou surfacique qui sera une approximation de l'ensemble des données. Cette opération est classiquement décomposée en trois étapes [GEIGER.93, JAILLET.98] plus ou moins liées selon la méthode employée :

1. Mise en correspondance des contours
2. Reconstruction de maillage entre les contours
3. Prise en compte des embranchements

Le résultat final de cette étape est un modèle 3D, consistant en un maillage, approximant l'objet initial.

I.5.5 Etape de Visualisation

C'est la dernière étape du processus. La visualisation est le processus de projection du modèle 3d obtenu sur un plan 2D consistant en l'écran par exemple. Cette projection devrait présenter le maximum possible d'informations contenues dans le modèle. Elle doit aussi permettre une navigation ou une exploration de l'information volumique présentée par ce modèle. En sus, elle doit permettre une interaction utilisateur-machine intuitive et souple.

Le processus d'acquisition et de prétraitement des données, la reconstruction proprement dite, et la visualisation doivent, pour le système de reconstruction 3D idéal, réduire les interventions de l'utilisateur au strict minimum.

Signalons que, dans ce travail, nous nous sommes intéressés beaucoup plus par la troisième étape (la segmentation) et la quatrième étape (la génération du modèle 3D). Par conséquent, dans le volet pratique, les coupes constituant les entrées de notre système sont supposées être recalées et prêtes à être segmentées.

I.6 Conclusion

La reconstruction tridimensionnelle d'objets à partir de coupes sériées permet de passer du modèle physique réel préalablement numérisé à un modèle 3D mathématique reflétant, au maximum possible, les propriétés principales de l'objet. *Motivée* principalement par l'incapacité de l'imagerie 2D de fournir une compréhension suffisante de la complexité des objets étudiés et le besoin intense de disposer d'une représentation informatique 3D de nombreux objets réels et encore *facilitée* par le progrès enregistré dans le domaine des procédés d'acquisition 3D. Les applications de la reconstruction 3D se diversifient de plus en plus allant des applications scientifiques aux applications médicales en passant par celles industrielles et militaires.

Dans un contexte médical, il est très important, et bénéfique, de poser le problème de la reconstruction tridimensionnelle comme étant un problème de modélisation 3D; ceci permet d'aller au-delà du simple besoin de visualisation à des applications de planification et simulation chirurgicales. Pour ce faire, nous avons proposé un système général de reconstruction tridimensionnelle automatique se présentant principalement en cinq étapes dont la segmentation et la génération du modèle 3D en constituent les principaux maillons.

Il semble, pour l'instant, que le système est assez difficile à mettre en œuvre. En effet, vu l'état critique du domaine médical et les responsabilités à assumer, l'intervention humaine s'avère encore souvent nécessaire lors des phases de prétraitement des données et la segmentation. Les systèmes d'aide au diagnostic médical d'aujourd'hui sont presque, tous, des systèmes semi-automatiques guidés par l'expertise de l'utilisateur. Malgré cela, Des recherches intenses visant à exploiter l'évolution des architectures des ordinateurs (diminution des temps de traitement, parallélisme, ...) et des techniques de l'intelligence artificielle au niveau des phases de traitement d'images (association des objets des coupes, segmentation, ...) pour intégrer cette expertise d'une manière implicite ou explicite pour permettre à de tels systèmes de passer progressivement à un état purement automatique.

La reconstruction 3D nous permet :

1. de visualiser en 3D et d'étudier la morphologie des organes ;
2. de mesurer avec une précision ses dimensions ;
3. de mieux préciser les rapports avec les autres organes ;
4. de stocker et conserver les images virtuelles obtenues pour des études ultérieures
5. de construire un organe virtuel entier constituant un outil interactif utilisable pour différents usages, dont notamment l'apprentissage de l'anatomie.

Chapitre -II-

Acquisition des Images Médicales 3D

Le besoin intense de reconnaître la structure interne d'un objet tridimensionnel nous a ramené souvent à le découper en un ensemble de tranches plus ou moins espacées. Bien évidemment, cette opération n'est pas toujours faisable dans la mesure où elle nuit à l'objet surtout lorsqu'il s'agit d'un être humain. Le développement des outils d'acquisition 3D a permis de palier à cet inconvénient en permettant une acquisition tridimensionnelle non destructive de l'état interne des objets souvent présentée sous forme de coupes 2D virtuelles. En imagerie médicale on trouve plusieurs modalités permettant une telle acquisition, il s'agit principalement de la tomodensitométrie ou le CT, la résonance magnétique ou l'IRM, l'échographie ou l'US et la microscopie confocale.

Les méthodes de reconstruction des images médicales dépendent étroitement du procédé d'obtention des coupes. Par conséquent, il s'avère très important de comprendre la nature de l'information délivrée par chaque modalité.

Ce chapitre présente, dans un premier temps, le principe général d'un système informatisé d'imagerie médicale. Puis dans un deuxième, une revue de bibliographie se focalisant sur les différentes modalités d'imagerie médicale permettant d'obtenir une modélisation géométrique tridimensionnelle à partir de coupes sériées. Pour chaque modalité d'imagerie, le principe physique permettant d'accéder à l'information sera décrit. Du fait de l'utilisation des images CT dans le volet pratique de notre travail, une attention toute particulière sera mise sur les bases physiques de la tomodensitométrie (CT).

II.1 Saisie volumique des objets 3D

Si l'on souhaite connaître l'objet autrement que par sa surface il est nécessaire d'opérer des coupes dans l'objet à reconstruire. C'est cette méthode qui est généralement employée en médecine et en biologie.

Comme nous venons de le décrire dans le Chapitre I, Ces coupes sont le résultat d'intersection de l'objet avec une série de plans perpendiculaires à lui. Elles peuvent être de nature réelle ou virtuelle et de géométrie sériée, concentrique ou quelconque et être de véritables coupes ou des projections de points de l'objet sur un plan.

Les coupes réelles sont obtenues en découpant physiquement l'objet en un ensemble de tranches, c'est le cas en cytologie où les cellules sont sectionnées par ultra-microtomie.

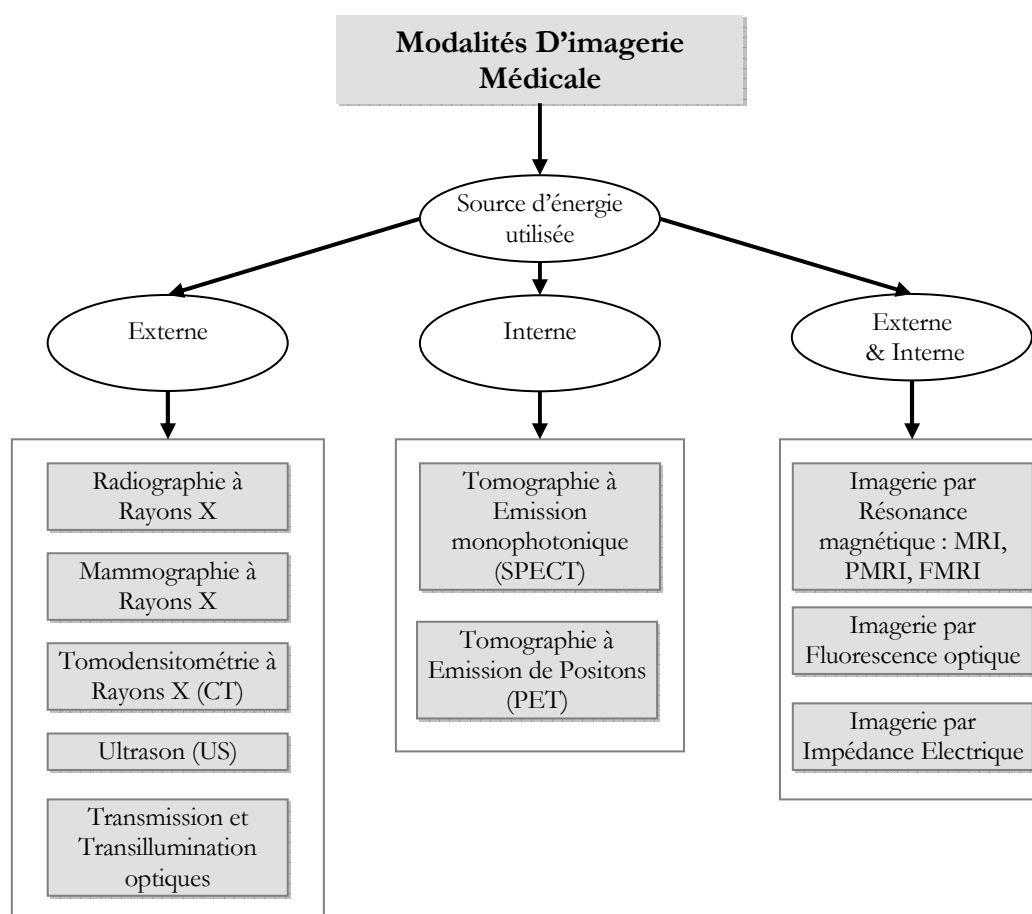


Figure II-1 – Classification des différentes modalités d'imagerie médicale selon le type énergie utilisée

Les coupes virtuelles sont obtenues en mesurant quelques propriétés physiques des différents organes du corps (tissus, os, sang, ...). Que ce soit l'intensité résultant de la traversée d'un tissu par un rayon X dans le cas de la tomodensitométrie (scanner à rayons X), l'énergie délivrée par les noyaux d'hydrogène une fois soumis à des ondes radiofréquences dans un champ magnétique dans le cas de la résonance magnétique ou bien le taux de réflexion à des ondes acoustiques dans le cas de l'échographie ou l'ultrason.

Quant à la géométrie, on parle de coupes sériées dans le cas où les plans de coupes sont parallèles, si elles sont concentriques alors ce sont des coupes radiales. Elles peuvent aussi être de géométrie quelconque dans l'espace comme dans le cas de l'US.

II.2 Les modalités d'acquisition des images médicales¹

II.2.1 Principe d'un système informatisé d'imagerie médicale

Le développement des techniques d'imagerie médicale, en particulier d'imagerie digitale, a profondément modifié la pratique médicale de ces dernières années. La tomodensitométrie axiale (scanner), l'imagerie par résonance magnétique (IRM) ou l'échographie sont des exemples les plus significatifs. De multiples techniques peuvent maintenant bénéficier de procédures d'acquisition digitales comme l'angiographie ou la scintigraphie. La Figure II-1, tirée de [DHAW.03], résume les

¹ Cette section est tirée de plusieurs sources, entre autres : [HAB.99, LEBRAS.04, DHAW.03, DEGO] et d'autres sites web.

différentes techniques en les classant selon la nature de source énergétique utilisée (interne ou externe). Ainsi, les films traditionnels peuvent être remplacés par des supports magnétiques ou des disques optiques numériques ou optomagnétiques et les négatoscopes par des écrans vidéo haute résolution. Les images digitales quant à elles, se prêtent bien à des méthodes de traitement et d'analyse automatique permettant d'en améliorer la qualité et éventuellement d'aider le clinicien à leur interprétation.

Les systèmes d'acquisition actuels obéissent presque tous au principe illustré par la Figure II-2. Dans un premier temps le malade est soumis à une source de génération de rayonnements, ces derniers interagissent avec certaines propriétés physiques des tissus donnant naissance à un signal de sortie capté par un détecteur dédié. Le détecteur a la caractéristique d'être capable de comprendre et d'interpréter le signal de sortie pour extraire l'information emportée par ce signal de sortie concernant l'organe étudié. La masse importante d'informations analogiques captées par le détecteur sera confiée à une unité de traitements pour but de construire une image numérique. Pour ce faire, elle doit être d'abords convertie en une masse de signaux numériques via le convertisseur analogique numérique CAN. Une fois converti, l'unité de traitement intervient pour collecter l'ensemble de ces données numériques et générer l'image digitale après avoir effectué un calcul intense. A ce stade, l'image générée est prête à être analysée par un système d'analyse et de visualisation ou bien archivée par un système d'archivage.

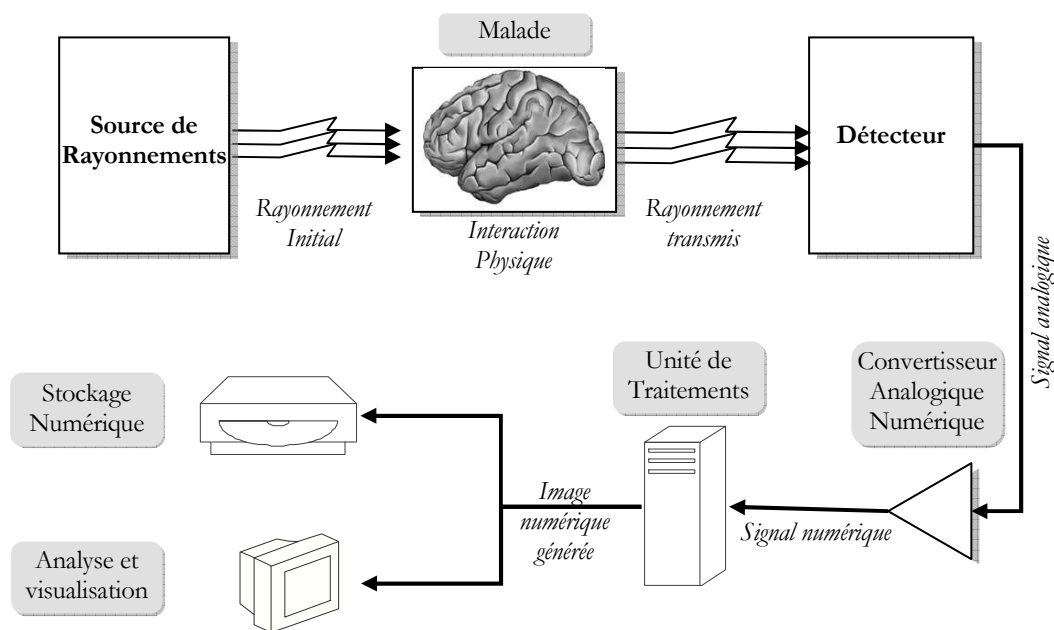


Figure II-2 - Principe général d'un système informatisé d'imagerie

II.2.2 La Tomodensitométrie Axiale (Computed Tomographie - CT)

Principe : La tomodensitométrie est un système d'imagerie mettant en valeur les différences d'atténuation des rayons X dans les différents constituants de l'organisme. Il s'agit, comme la radiologie par rayons X, d'un système d'imagerie par transmission, pour lequel le patient est placé entre une source de rayons X et un détecteur. Cependant, contrairement à la radiographie classique qui explore le corps humain à partir de projections bidimensionnelles, la tomodensitométrie permet d'obtenir des informations volumiques par coupe.

L'appareil est constitué d'un tube à rayons x qui tourne autour de l'objet pendant l'exposition ce qui permet l'acquisition de plusieurs projections à plusieurs angles de vues. Des détecteurs placés autour du cercle permettent de recueillir ces projections qui seront communiquées à un ordinateur,

après avoir été converties en signaux numériques par le CAN (Figure II-3). À base de ces données numériques, l'ordinateur effectue une suite de calculs mathématiques pour arriver à une reconstitution de l'image reflétant la structure étudiée. Ce processus permet d'obtenir une seule coupe «radiographique». Il sera répété autant de fois que le nombre de coupes à générer en faisant déplacer le lit dans le sens axial de l'ouverture du scanner ce qui permet le balayage axial de l'organe étudié. De plus il permet d'acquérir des coupes chevauchées, jointives ou espacées [FETITA.00].

Cette notion de coupes isolées permet d'éviter les difficultés d'interprétation des images conventionnelles dues à la superposition de plusieurs couches de tissus. Ainsi, bien que la résolution des films conventionnels analogique soit supérieure à celle de l'image du scanner, l'utilité clinique de l'information fournie par le scanner peut être supérieure (Figure II-4) [DEGO].

En raison du procédé d'acquisition coupe par coupe, les images scanner présentent une résolution différente dans le plan OXY et sur l'axe OZ. Un volume scanner possède typiquement une définition de l'ordre de 512 x 512 x 128 voxels pour une résolution de 0,5 x 0,5 x 1 millimètres. Elle varie selon les appareils et les régions à explorer. L'image est donc en général anisotrope (Figure II-3).

Il existe également des scanners hélicoïdaux pour lesquels le déplacement de la source se fait simultanément dans le plan OXY tout en déplaçant le lit selon l'axe OZ. Les scanners hélicoïdaux permettent l'acquisition plus rapide du volume de l'image au détriment de la qualité puisqu'une interpolation plus importante est nécessaire à la reconstruction des coupes. Le temps d'acquisition du scanner hélicoïdal d'un volume correspondant à une centaine de plans sur une quinzaine de centimètres est de l'ordre de 30 secondes contre quelques minutes pour les scanners classiques.

En imagerie médicale la capacité d'absorption des rayons X de chaque tissu du corps humain est constante. Il est, dès lors, facile d'identifier chaque tissu en fonction de l'intensité à laquelle il correspond dans l'image. De façon simple, les différents corps traversés sont l'air, la graisse, l'eau et l'os. Ces corps n'ayant pas la même composition atomique, ils répondent différemment aux faisceaux de rayons X: l'air atténue moins que l'os et l'eau plus que la graisse. À la composition atomique des corps, il faut ajouter l'influence de l'épaisseur des organes traversés, créant des zones

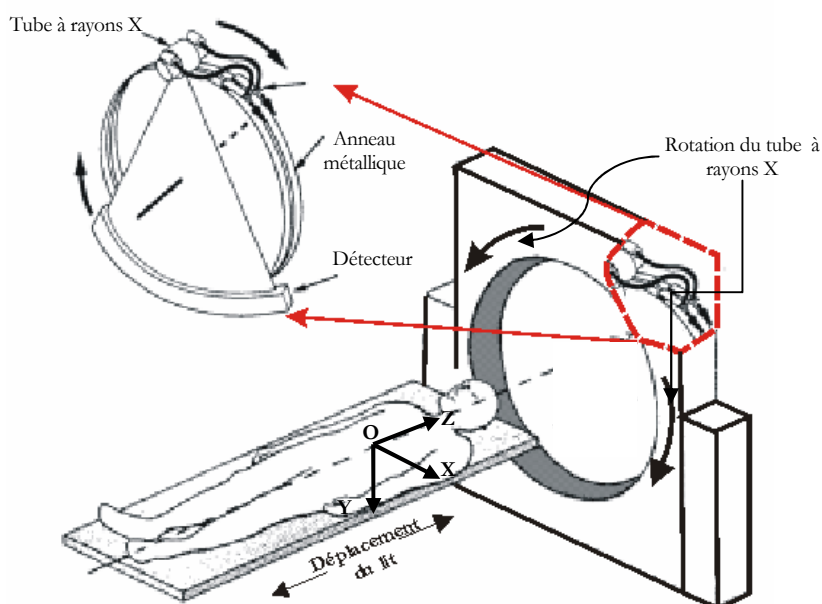


Figure II-3 – Principe de la Tomodensitométrie Axiale

plus ou moins grises sur les acquisitions.

L'échelle absolue des niveaux d'intensité mesurée par un scanner est graduée suivant l'échelle d'absorption de *Hounsfield* (du nom de l'inventeur de l'appareil) allant de '-1000' à '+1000'. Le niveau '-1000' correspond à la densité de l'air, le niveau '0' à celle de l'eau et le niveau '+1000' à celle des Os. Même si les densités s'échelonnent sur 2000 niveaux, ces derniers sont rééchantillonnés au moment de l'affichage par la création de fenêtres de visualisation adaptées à la perception humaine. Cependant plusieurs tissus différents peuvent avoir la même capacité d'absorption des rayons X et de nombreux artefacts (effets de masse etc.) rendent les tissus plus ou moins homogènes. Le problème de la segmentation dans des images scanners est donc loin de se réduire à un seuillage sur l'intensité.

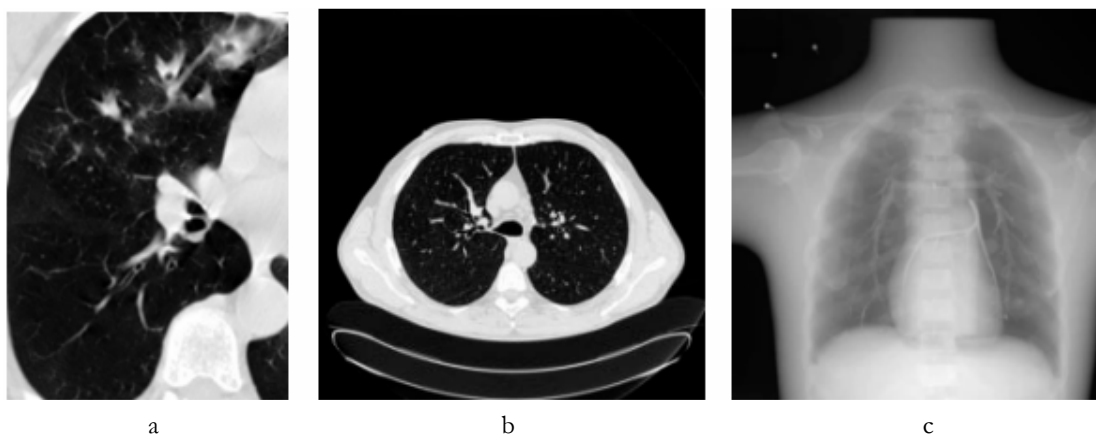


Figure II-4 – Images radiographiques [FETITA.00]

a) Coupe TDM axiale centrée sur le champ pulmonaire droit - b) Coupe TDM axiale, Sélection des deux poumons
- c) Bronchogramme de l'arbre bronchique gauche

II.2.3 L'imagerie par résonance magnétique (IRM)

C'est en 1946 que Bloch et Purcell ont défini le principe physique de la Résonance Magnétique Nucléaire. Ce principe a été initialement appliqué en spectroscopie RMN à l'étude des tissus *in vitro* en (1971).

Principe: L'IRM est basée sur les propriétés magnétiques de certains atomes ayant un nombre impair de protons dans leur noyau (^1H , ^{13}C , ^{17}O , ^{19}F , ^{31}P , ^{23}Na , ^{39}K). Ces protons ont la particularité de tourner sur eux-mêmes (« spin ») créant ainsi un champ magnétique dipolaire. Ils deviennent alors assimilables à de petits aimants définis par leur moment magnétique. Sachant que l'hydrogène a le moment magnétique le plus important et que le corps humain est composé à 70% d'eau (H_2O), l'Imagerie par Résonance Magnétique est souvent appelée imagerie du proton H^+ .

Pour obtenir une image IRM, c'est sur les variations de signaux émis par ces petits aimants que l'on va s'appuyer, les principales étapes d'une séquence simple d'acquisition sont définies ci-dessous :

- Tout d'abord, un puissant champ magnétique B_0 va aligner les moments magnétiques des protons dans la même direction. Cependant si le moment résultant de tous les protons est aligné sur B_0 , les moments magnétiques individuels effectuent un mouvement de précession autour de celui-ci à une fréquence appelée fréquence de Larmor.

- Ensuite, une antenne va émettre brièvement une onde Radiofréquence à la fréquence de Larmor ce qui va faire rentrer les protons en résonance et ainsi perturber l'alignement, modifiant ainsi l'angle des moments magnétiques par rapport à la direction du champ B_0 .
- Enfin, et une fois l'impulsion cesse, les protons tentent à revenir à leur état d'équilibre en dégageant une énergie sous forme de radiofréquences captées par une antenne réceptrice (Figure II-5). La restitution de cette énergie libérée est à l'origine d'un signal de RMN et les informations qui permettent la reconstruction d'une image IRM.

Les informations recueillies sont dépendantes de la densité en proton, du temps de relaxation longitudinal (T_1) et du temps de relaxation transversal (T_2) de la substance organique excitée. Les niveaux de gris qui composeront l'image seront donc principalement définis à partir de ces trois paramètres. Les possibilités d'acquisitions des séquences sont nombreuses et permettent de moduler le type d'informations que l'on souhaite observer.

L'image est donc *multiparamétrique*, les résultats et les paramètres privilégiés varient selon les caractéristiques des séquences.

La Figure II-6 montre une séquence de coupes IRM cérébrales.



Figure II-5 – Scanner IRM : placement de l'antenne tête réceptrice

II.2.4 L'Imagerie par Ultrasons

II.2.4.1 Production et réception des Ultrasons

Les sondes médicales ultrasonores sont constituées de céramiques aux propriétés piézo-électriques ayant la double capacité d'émettre et de recevoir les ultrasons. La piézoélectricité de ces sondes a pour conséquences l'émission d'ultrasons lorsqu'elles sont soumises à une différence de potentiel (déformation de la céramique engendrant une onde de pression) et de recevoir le signal en convertissant les informations ultrasonores en signaux électriques (polarisation de la céramique sous une contrainte mécanique). Néanmoins, lorsque les ultrasons s'appuient sur leurs propriétés de réflexion, les deux fonctions ne se superposent pas, et si la sonde émet pendant environ 2 msec, elle est réceptrice pendant 998 msec. Des images bidimensionnelles sont alors accessibles en balayant avec la sonde la zone d'intérêt de façon à récupérer tous les signaux réfléchis.

II.2.4.2 Interactions des Ultrasons avec la matière

Les ultrasons sont des vibrations mécaniques de la matière (comme tous les sons) à des fréquences inaudibles pour l'oreille humaine ($>20\ 000$ Hz). Les ultrasons se propagent à une vitesse qui sera fonction de la nature du milieu de propagation, indépendamment de la fréquence de l'onde. Comme la lumière en optique, chaque fois qu'un son rencontre une interface, une partie de l'énergie incidente est transmise (elle traverse l'interface) tandis que l'autre partie est réfléchi.

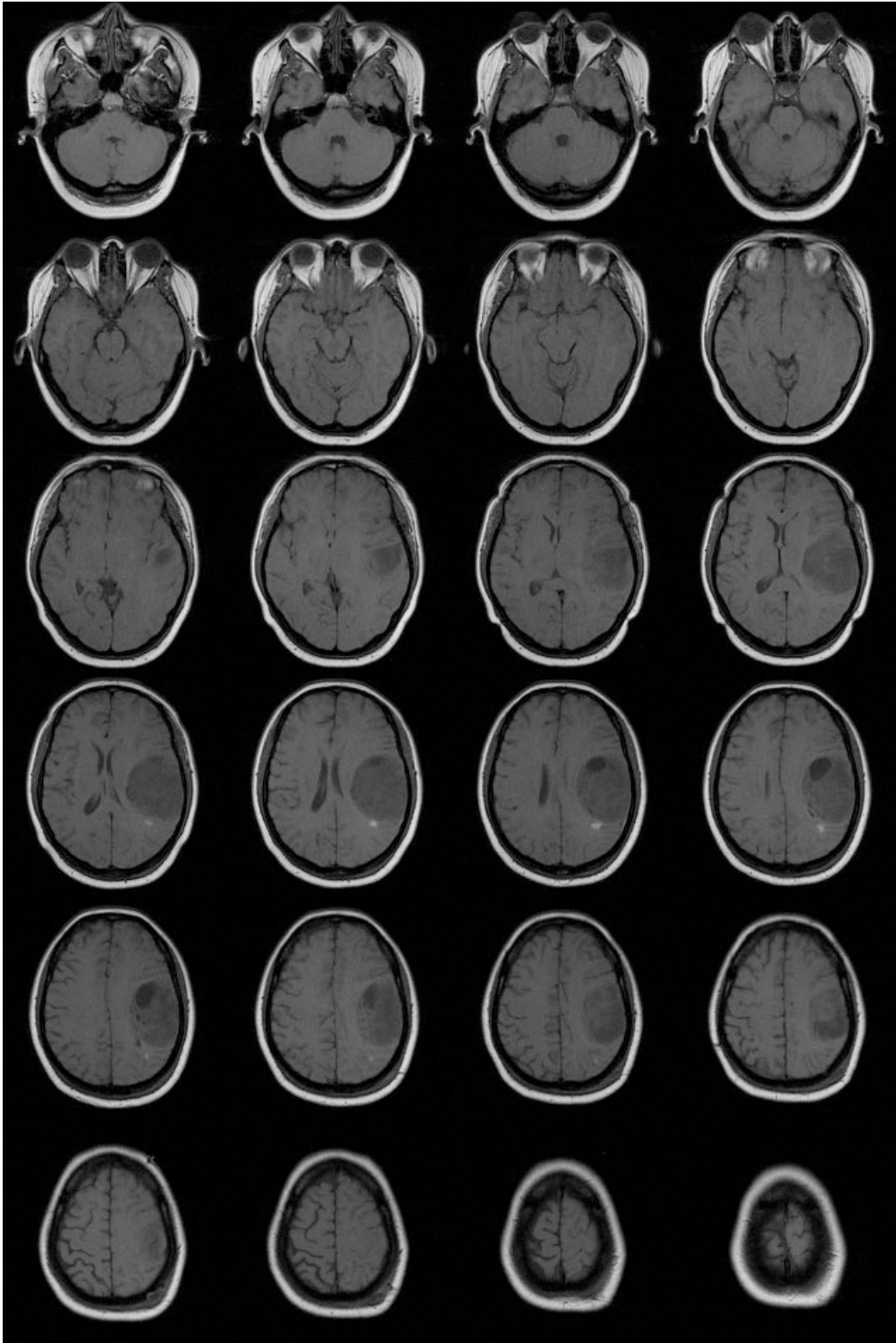


Figure II-6 – Coupes cérébrales T1 contenant une lésion tumorale [d'après SARRUT.00]

Lors de leur passage, les tissus présentent une certaine résistance aux ultrasons. Cette résistance, appelée impédance est fonction du module d'élasticité et de la densité du milieu considéré. L'impédance est différente d'un tissu à l'autre et la limite entre deux tissus constitue une interface génératrice de réflexions de l'onde ultrasonore. Chaque changement d'impédance engendrera une réflexion d'une partie du signal et donc une diminution de l'intensité du signal

incident. Les directions de la transmission et de la réflexion sont fonction de l'angle d'incidence de l'onde sonore.

Pour former une image à partir des ondes réfléchies, les niveaux de gris d'une interface sont nuancés selon leur impédance (Figure II-7):

- Os → Blanc ;
- Tissus mous → Gris ;
- Eau, Sang, vessie → Noir

De plus, l'image bidimensionnelle est construite en se référant au temps que met l'onde à faire le chemin émetteur-interface-récepteur qui est proportionnel à la profondeur de l'interface considérée. Ce codage a été une révolution mais aussi la source d'erreurs : la hauteur du niveau de gris ne traduit pas un tissu caractéristique mais sa structure acoustiquement significative c'est à dire son nombre d'interfaces. Une même image peut correspondre à plusieurs tissus ou le même tissu peut être échographiquement différent selon sa topographie, sa chaleur...

Enfin, concernant la résolution spatiale elle est fonction de deux composantes :

- La résolution axiale décrivant l'aptitude à différencier des détails placés dans l'axe de propagation des ultrasons. Elle est de l'ordre du millimètre et dépend de la longueur d'onde et de la durée de l'impulsion.
- La résolution latérale: c'est l'aptitude à différencier les détails placés dans le plan de coupe perpendiculairement à l'axe de propagation des ultrasons. Elle est moins bonne que la précédente et est liée au diamètre du faisceau (dépendant de la focalisation) et à la densité de récepteurs présents sur la barrette de réception.

Il est cependant à noter qu'il est possible d'utiliser les ultrasons uniquement en mode transmission. C'est le cas lorsque l'on cherche à caractériser le tissu osseux. On se désintéresse alors des ondes réfléchies et l'on place un détecteur de l'autre côté de la structure analysée. L'atténuation est alors caractérisée par la réduction de son amplitude du fait de l'absorption (dépendante de la surface d'échange entre les travées osseuses et la moelle) et de la diffusion (redistribution de l'onde incidente en fonction du nombre d'interfaces ou travées osseuses) de l'onde incidente.

II.2.5 L'imagerie scintigraphique

L'imagerie scintigraphique fait partie des méthodes dites fonctionnelles, car elle permet d'étudier le transport, la distribution, le métabolisme et la durée de vie d'une substance dans l'organisme et de ce fait, le fonctionnement de l'organisme lui-même. C'est une technique d'exploration qui exploite les propriétés radioactives de la matière. Cette technique invasive consiste à injecter au patient une certaine dose de produit radioactif qui se fixe de manière non définitive sur les organes et tissus cibles. Les produits injectés seront différents selon la pathologie et l'organe concerné. L'image scintigraphique est alors une représentation des rayonnements émis par les éléments radioactifs injectés.

Il existe différentes techniques de médecine nucléaire. Elles se différencient par leur mode d'acquisition et l'élément radioactif mesuré. Citons, à titre d'exemple, la Tomoscintigraphie ou SPECT (Single Photon Emission Counter Tomography) qui mesure l'émission des rayonnements et la Tomographie par Émission de Positons (TEP) qui mesure les rayonnements « + ».

Également utilisée pour la détection des lésions cérébrales, l'imagerie scintigraphique peut s'avérer plus efficace que l'imagerie scanographique ou par résonance magnétique notamment dans le cas de tumeurs récurrentes. De plus, elle permet, dans certains cas, de déterminer la bénignité ou la malignité d'une tumeur (Figure II-7).

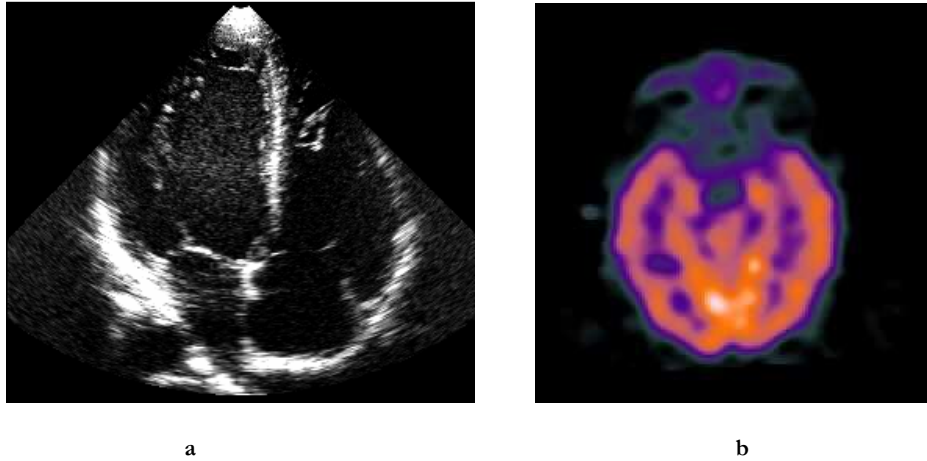


Figure II-7 – a) image échographique du cœur b) Coupe Scintigraphique

II.3 Conclusion

Cette synthèse sur les principes physiques des principaux systèmes d'imagerie médicale couramment utilisés nous permettrait de comprendre la nature de l'information apportée par chaque modalité. En fait, toutes les modalités, malgré leurs diversités, se partagent le même principe du système d'acquisition exploitant la réaction du corps humain à certains événements extérieurs. Elles se différencient principalement de la nature de la propriété physique ou chimique ciblée par chacune et le procédé de mesure mis en œuvre. L'imagerie par Rayons X s'intéresse à la propriété d'absorption des rayons X par le corps, la valeur mesurée consiste à la différence entre la quantité des rayons X délivrée et celle reçue après la traversée du corps. Quant à l'IRM, elle s'appuie sur la quantité importante d'eau formant le corps humain et la propriété physique magnétique du noyau de l'hydrogène. La valeur mesurée consiste en la quantité d'énergie délivrée par le corps suite à sa soumission à un champ magnétique. L'imagerie ultrasonore, quant à elle, exploite la caractéristique de réflexion des ondes sonores par le corps humain. La valeur mesurée consiste en la quantité d'ondes réfléchies par le corps suite à une émission de certaines ondes.

Du procédé d'acquisition de la séquence des coupes va dépendre le processus de reconstruction dans ses étapes postérieures. Les techniques de prétraitement diffèrent d'une modalité à une autre, les méthodes de segmentation sont aussi en dépendance étroite de la technique d'acquisition.

Chapitre -III-

Segmentation des images médicales 3D

Une fois la séquence d'images 2D est prétraitée en utilisant les techniques de prétraitements et d'améliorations adéquates, les distorsions indésirables seraient donc éliminées. Les images sont prêtes à une étape de segmentation. Cette dernière constitue la troisième étape dans le processus de reconstruction défini par le système de reconstruction que nous avons proposé dans le Chapitre II. Sa tâche principale est de localiser le volume d'intérêt dans l'ensemble des coupes acquises et l'isoler du reste de l'image 3D.

La segmentation d'images est un problème crucial dans le traitement numérique des images. Elle est probablement le domaine qui a reçu la plus grande attention de la part de la communauté de traitement des images. En imagerie médicale elle présente plus de difficultés que l'état critique du domaine d'un côté, la nature des images médicales qui diffère d'une modalité à une autre et les causes d'imprécision liées à chacune d'elles d'un autre côté. De cet effet, il n'existe pour le moment aucune méthode de segmentation qui prétend être applicable, avec efficacité, pour tous les types d'images médicales [PHAM.98, PHAM.00, LAKARE.00]. C'est une étape très critique dans le processus de reconstruction conditionnant ainsi ses performances globales.

Les différentes méthodes de segmentation proposées par la littérature en traitement d'images sont également applicables en imagerie médicale 3D soit directement sur chaque coupe 2D, soit par leur extension et adéquation dans la troisième dimension. Leur abondance et diversité nous ramène à les regrouper en deux grandes approches : approche région et approche contours. Toutes les deux sont à leurs tours décomposables en plusieurs catégories selon le mécanisme de fonctionnement de l'algorithme de segmentation. Dans ce mémoire nous nous intéressons beaucoup plus à la première approche.

Dans ce chapitre, nous allons survoler, d'une manière succincte, les différentes méthodes de segmentation après avoir évoqué quelques difficultés liées particulièrement aux images médicales. Nous présentons ensuite quelques éléments sur la théorie des Champs Aléatoires de Markov appliquée pour la segmentation des images médicales 3D comme moyen efficace capable de modéliser les interactions locales et globales exhibées par les tissus des organes. Finalement, nous proposons un système de segmentation markovien et présentons quelques résultats expérimentaux de sa mise en oeuvre.

III.1 Généralités sur la segmentation des images médicales

Loin du problème de reconstruction, la segmentation automatique est un objectif en soi-même en imagerie médicale, elle joue un rôle très vital dans la mesure où elle permet d'extraire des structures

anatomiques spécifiques ou la localisation de certaines pathologies au sein d’une séquence d’images numériques ce qui apporte une amélioration très intéressante au processus de diagnostic médical.

En effet, Les structures segmentées représentent des informations plus proches à la manipulation du praticien que les informations existantes originalement dans la séquence à l’état brut. Ainsi, la segmentation lui permet d’effectuer des mesures quantitatives et qualitatives sur les différentes structures anatomiques. De plus, une meilleure visualisation est entreprise et un suivi beaucoup plus objectif des changement que peuvent subir les structures anatomiques suite à une maladie ou un traitement. La segmentation automatique des images médicales constitue un pas important pour l’établissement d’un système d’aide au diagnostic automatique des images médicales.

III.1.1 Définition de la segmentation

Classiquement, on peut définir la segmentation comme étant une partition de l’image I en un nombre K de sous ensembles R_i , appelés régions, homogènes dans le sens d’un ou plusieurs critères, le niveau de gris ou des propriétés de textures, tels que :

- La segmentation doit être complète. (c’est-à-dire, chaque pixel doit être affecté à une classe).
- Les pixels appartenant à la même région doivent être connectés.
- Les régions doivent être disjointes.

Ces trois conditions peuvent être exprimées mathématiquement comme suit :

$$\left\{ \begin{array}{l} \bigcup_{i=1}^K R_i = I \\ R_i \neq \emptyset \quad \forall i = 1..K \\ R_i \cap R_j = \emptyset \quad \forall i, j \quad i \neq j \end{array} \right.$$

Dans un contexte médical, les régions R_i correspondent aux différentes structures anatomiques constituant les différentes régions d’intérêt.

La détermination automatique du nombre de régions K est une vraie problématique [COUQ95, LAKARE.00]. Souvent, la valeur K est supposée être connue comme étant une information à priori sur les structures anatomiques en investigation.

III.1.2 Quelques difficultés liées à la segmentation des images médicales

La segmentation automatique des images médicales n’est pas une tâche assez facile que l’on croit, ceci est dû principalement aux raisons suivantes :

- La haute complexité et diversité des structures internes des organes du corps humain.
- La nature des images médicales qui diffèrent d’une modalité à une autre implique généralement des traitements et des algorithmes différents.
- L’absence de quelques informations pertinentes telles que la lumière (et l’ombrage qu’elle génère) ou la profondeur généralement rencontrées dans d’autres types d’images empêche d’observer le phénomène de contraste entre les différentes régions.
- Le volume énorme des images médicales allant de quelques Mégabits à des centaines de Mégabits résultant de quelques dizaines à des centaines de coupes.

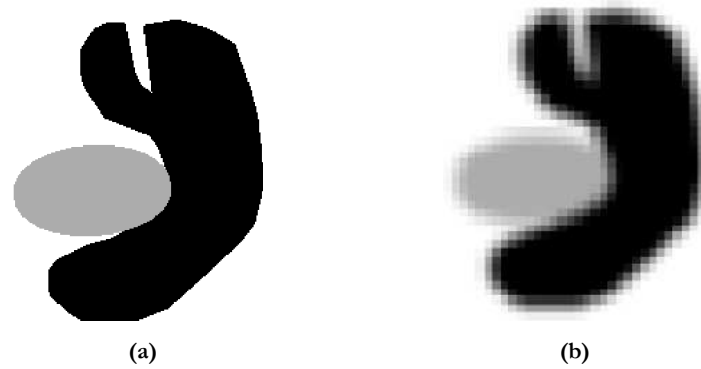


Figure III-1 Illustration de l'effet de volume partiel. (a) Image originale (b) image acquise [PHAM.98]

- Le problème d'effet de volume partiel qui constitue un grand obstacle pour la segmentation des images médicales.

D'autres problèmes peuvent être rencontrés et sont liés principalement à la modalité d'acquisition envisagée. Dans le cas de la tomodensitométrie, Par exemple, on a souvent tendance à minimiser la quantité des rayons X délivrée à un patient pour diminuer le risque de radiation ; par conséquent les images obtenues ne contiennent pas toujours le détail nécessaire à une bonne segmentation automatique [JAUME.04].

III.1.2.1 Le problème d'effet de volume partiel

Parmi les causes d'imprécisions dont la plupart des modalités d'acquisition souffrent nous pouvons citer *l'effet de volume partiel* qui est directement lié à la résolution des images. En effet, Lors d'une acquisition, il est fréquent qu'un voxel s'étale entre une ou plusieurs zones anatomiques. Le voxel ne contient pas alors la représentation d'une structure unique mais un mélange de plusieurs structures. En d'autres termes, plusieurs tissus contribuent en un seul voxel. Les transitions entre régions sont progressives et douces en termes de niveau radiométrique et les frontières entre les différentes régions paraissent floues (Figure III-1). Il devient alors difficile de fournir les vraies frontières entre régions [PHAM.98, PHAM.00, FETITA.00].

Une conséquence de ce phénomène est alors la réduction de la fiabilité des mesures quantitatives prises sur les pixels et intervenant comme données de classification des régions dans un processus de segmentation. La tâche de ce dernier se complique encore et il se comporte mal au niveau des frontières. De manière simple, l'augmentation de la résolution des images lors de l'acquisition diminue l'effet de mélange partiel, mais malheureusement les modalités d'acquisition ne sont pas toutes capables d'acquérir des images hautes résolutions.

III.1.2.2 Le problème d'étiquetage

L'étiquetage est un problème très lié à la segmentation dont le but est d'identifier les régions segmentées. Il consiste en l'affectation d'une étiquette significative à chaque région détectée en faisant une correspondance entre l'index k de la région S_k et la désignation de la structure anatomique correspondante.

En effet, les régions segmentées regroupent tous les pixels appartenant à un même type de tissus. Ces régions doivent ensuite être classifiées selon leurs natures anatomiques. Par exemple, on isole le ventricule gauche de celui de droite, ou bien les vaisseaux des différentes artères. Cette information additionnelle n'est pas incluse dans les données brutes, par conséquent et très souvent, une intervention d'un expert ou d'une information d'un expert, à priori, est nécessaire.

Le processus d'étiquetage procède généralement à calculer pour chaque région détectées dans le processus de segmentation un vecteurs d'attributs, censés être de bonne puissance discriminante, et les comparer avec d'autres existant à priori, base de connaissance. La distance minimale issue de cette comparaison permet de décider de l'étiquette qui sera affectée à chaque région.

III.1.2.3 Interaction manuelle et Performances

Il est difficile de définir d'une manière absolue une 'bonne' segmentation mais sa qualité influe directement sur les résultats obtenus par les traitements situés en aval de l'étape de segmentation. Cette dernière, et dans un contexte critique comme le contexte médical, est largement guidée par l'expertise d'un utilisateur qui doit, éventuellement, intervenir pour corriger des résultats automatiques. Cependant, dans le cas où le volume de données est assez grand, cette intervention s'avère lourde et consomme beaucoup de temps pour le praticien¹.

L'interaction de ce dernier avec un système de segmentation peut aller de la segmentation manuelle complète des structures d'intérêt au sein de toutes les coupes à la segmentation d'une seule coupe et le système utilise ce résultat comme étant une information à priori pour la segmentation des autres coupes (les méthodes de seuillage semi-automatique par exemple).

D'autres méthodes de segmentation automatique nécessitent des paramètres à priori qui doivent être fournis par l'utilisateur pour que leur performance soit acceptable (les méthodes à base de modèles probabilistes prédéfinis, nombre de régions pour les méthodes de classification, ...)

III.1.2.4 Validation des résultats

Afin de mesurer les performances d'un système de segmentation donné, des tests de validation sont nécessaires en comparant les résultats obtenus par rapport à un modèle préétabli de l'organe.

Une approche directe de validation est de comparer une segmentation automatique par rapport à une segmentation manuelle. Etant donné que cette dernière est faite par un expert, elle peut constituer une référence ou un modèle de validation.

Une autre approche basée sur un modèle numérique préexistant de l'organe. La comparaison des résultats d'une segmentation automatique est très consistante si l'on dispose d'une représentation numérique valide de l'objet. Cependant, une telle représentation est loin d'avoir existence. Si elle existe, elle aussi doit être sujet d'une validation.

En général, on a recours à des représentations numériques approchées constituant souvent des résultats de recherches. A ce moment le problème de critères de comparaison s'impose qui devrait toucher, d'un côté, les résultats obtenus et d'un autre côté la méthode utilisée.

III.2 État de l'art sur les méthodes de segmentation des images médicales

La segmentation est invoquée dans la plupart des applications médicales telles que : les diagnostics, la localisation de pathologies, la visualisation des structures anatomiques, l'étude des structures anatomiques, la planification thérapeutiques, la chirurgie assistée par ordinateur et la reconstruction 3D des organes. Pour un état de l'art complet il est préférable de consulter [AYACHE.98, PHAM.98, PHAM.00, LAKARE.00, DONNEL.01]. Ces applications ont touché la plupart des organes humains entre autres : le cerveau, le cœur, le genou, la colonne vertébrale, la hanche, le fémur, la foie, les poumons, l'œil, le pancréas, ...etc

Dans le contexte de la segmentation des images médicales, en particulier 3D, l'intervention de l'analyste est souvent fréquente soit pour un traçage manuel de la totalité de la région d'intérêt, pour

¹ - imaginons, par exemple, une centaine d'images 2D pour lesquelles l'expert doit délimiter le ventricule gauche de celui de droite. Le processus doit se répéter pour chaque malade suite à chaque prise de radios !!

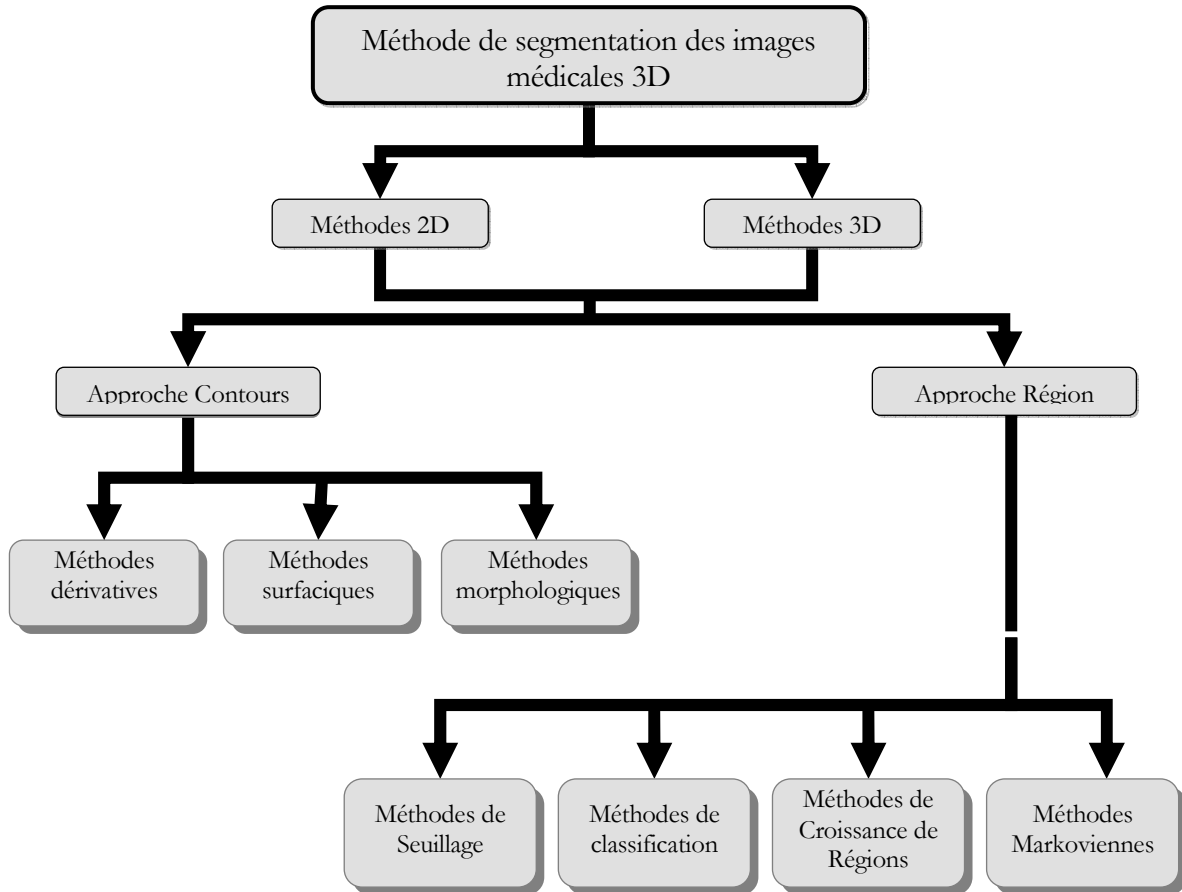


Figure III-2 Principales méthodes de segmentation des images médicales

les méthodes de segmentation manuelle ou semi-automatique, ou bien pour apporter des corrections éventuelles à des résultats d'une segmentation automatique.

Selon la dimensionnalité envisagée pour l'application de l'algorithme de segmentation nous distinguons deux types de méthodes (Figure III-2) :

1. *Les méthodes 2D* : qui visent à détecter les sections du volume d'intérêt (qu'on appelle régions d'intérêt ROI) dans les coupes axiales. Un algorithme de segmentation 2D est appliqué sur chaque coupe séparément sans tenir compte des résultats des autres coupes. Le volume d'intérêt est constitué finalement par l'empilement de l'ensemble des régions détectées au niveau de chaque coupe.

Malgré la rapidité, relative, qu'elle présente, l'inconvénient majeur de cette approche est qu'elle ne prend pas en considération l'interaction spatiale exprimée par les pixels le long de la troisième dimension (des coupes successives), ce qui peut conduire à un volume résultat non homogène. Ce problème peut être contourné en faisant incorporer les résultats de segmentation d'une coupe comme étant une information à priori pour la segmentation des autres coupes. Ceci nous garantit une homogénéité du VOI.

2. *Les méthodes 3D* : qui exploitent l'information d'une acquisition volumique comme étant une grille cubique de voxels pour appliquer des méthodes 3D sur le volume global des données en faisant éventuellement une extension des méthodes 2D dans la troisième dimension. Dans cette catégorie on retrouve aussi les méthodes classiques de reconstruction-visualisation telles que le MiIP, le MaIP et le VR [UDUPA.99].

Quant aux techniques de segmentation, que ce soit 2D ou 3D, proposées dans la littérature, on se trouve aujourd'hui devant un nombre considérable de méthodes qu'il est difficile de classer en dehors du schéma général *régions* versus *contours*. Cette classification est basée sur la façon dont on définit les objets dans une image. La première approche suppose que chaque objet forme un ensemble de pixels homogène selon un critère donné, tandis que la deuxième suppose que l'objet est défini par ses contours qui présentent une certaine variation de niveau de gris lors du passage d'un objet à un autre. D'autres classifications sont aussi bien possibles [LAKARE.00, JOHNS.94, HSIAO.89, FETTA.00, BARILLOT.99]. Selon la nature du problème de segmentation la plupart de ces algorithmes sont spécifiques à un problème particulier ayant une mineure signification pour les autres problèmes.

Il existe d'autres algorithmes, assez solides, se basent sur l'analyse de textures exprimées par l'image en question [BELH.05, GUPTA95, HSIAO89]. La procédure de segmentation s'achève alors en deux étapes : la première s'attaque à extraire des attributs caractérisant les textures présentes, quant à la deuxième elle applique un classificateur, généralement bayésien, sur l'ensemble des attributs extraits pour maximiser une certaine fonction d'appartenance.

Aussi, un algorithme peut être multirésolution, multiparamétrique ou multi-lois. La multirésolution a largement contribué à l'amélioration de la plupart des techniques de traitement d'image. Nous sous-entendons par multi-paramétrique les algorithmes qui utilisent en plus du niveau de gris, d'autres attributs dans le processus de segmentation. Précisons encore que certains algorithmes prennent en compte la corrélation entre les différents attributs utilisés alors que d'autres supposent que les différents attributs sont statistiquement indépendants [BOUKER.00].

Ainsi, une masse assez importante des algorithmes pose le problème de segmentation comme étant un problème d'optimisation d'une fonction caractéristique d'énergie (les MRF, les filtres de Laws, les classificateurs, les méthodes de relaxation, ...) ou de coûts (les méthodes heuristiques). Dans un terme probabiliste, ceci est équivalent à maximiser une fonction de vraisemblance ou une probabilité à priori. Etant donnée une image y , on veut avoir l'image segmentée \hat{x} telle que :

$$\hat{x} = \arg \min_x \psi(x, y)$$

Où Ψ , la fonction d'énergie, dépend de l'image observée y et son image segmentée x . Définir une fonction Ψ appropriée est une difficulté majeure pour une conception d'un algorithme robuste qui pourrait incorporer des informations à priori pour améliorer les performances de la segmentation.

L'avantage de poser le problème de segmentation comme étant un problème d'optimisation est qu'il définit précisément ce qu'on attend de la segmentation. Il est clair que pour des différentes applications on aura besoin de fonctions d'énergie différentes.

Un état de l'art complet sur les différentes méthodes de segmentation des images médicales peut être trouvé dans [PHAM.98, PHAM.00] et en particulier les méthodes 3D dans [LAKARE.00]. Une comparaison de plusieurs techniques de segmentation est donnée dans [COUQ.95].

III.2.1 L'approche Contours

Les méthodes basées contours sont parmi les méthodes les plus classiques en segmentation d'images. Ces méthodes supposent généralement un modèle a priori des discontinuités recherchées et opèrent de manière très localisée. Elles peuvent aussi être classées en plusieurs catégories [COUQ.95], à savoir : les méthodes dérivatives (opérateurs de Sobel, Robert,...), surfaciques (les modèles déformables, Isosurfaces) et morphologiques (Erosion, délataion,...). Les méthodes markoviennes sont aussi envisageables dans ce contexte [GEMAN.84]. Les trois premières classes sont adaptées aux images qui présentent des régions uniformes au sens des niveaux de gris alors que les méthodes markoviennes peuvent être utilisées pour la détection de frontières dans des

images texturées. Généralement ces méthodes fournissent des frontières de régions discontinues nécessitant ainsi une étape de post-traitements afin d'assurer la fermeture des contours.

III.2.2 Approches région

Contrairement aux méthodes contours qui recherchent les dissimilarités, l'approche région recherche plutôt la similarité en fournissant une carte de régions fermées. Cependant la localisation des frontières reste généralement peu précise. Parmi les approches région, on trouve essentiellement quatre types de méthodes :

1. *Les méthodes de seuillage* : Les méthodes les plus classiques en segmentation région sont les méthodes de seuillage. Ces méthodes essaient de trouver une valeur d'intensité, appelé *seuil*, à partir de l'histogramme de l'image pour séparer les différentes régions. Elles son applicables avec efficacité sur des images qui présentent un fort contraste entre les régions [COUQ.95, GONZ.87, FETTA.00]. D'autres techniques de segmentation 3D assez classiques en imagerie médicale telles que le Maximum Intensity Projection (MaIP) et le Minimum Intensity Projection (MiIP) et le Rendu Volumique (VR) [UDUPA.99, FETTA.00] font aussi partie de ce type de méthodes malgré qu'elles aient d'origine un but de visualisation.
2. *Les méthodes de type croissance de régions* : également appelées agrégation de pixels, ces méthodes intègrent implicitement l'information spatiale dans le processus de segmentation. Les régions sont créées les unes après les autres avec pour chaque région, une phase d'initialisation et une phase itérative. La phase d'initialisation est la phase du choix d'un nouveau germe ou *seed point* (point de départ d'une nouvelle région). La phase itérative est la phase d'agrégation des pixels voisins au germe selon un critère d'homogénéité jusqu'à convergence [COUQ.95].
3. *Les méthodes de classification* : les classes sont construites à partir des attributs des pixels. Chaque pixel est affecté à une classe unique. On retrouve la méthode des nuées dynamiques (ou la méthode des k-moyennes). On retrouve également toutes les méthodes de classification floue, les méthodes de classification bayésienne, les méthodes neuronales [JOHNS.94, LAKARE.00]. Les méthodes spatiales utilisant les filtres de Laws peuvent être aussi classées dans cette catégorie [LAWS.82, BELH.05].

La segmentation par les techniques de classification se heurte au problème du choix du nombre de classes (approches non supervisées) et au problème du choix des attributs pertinents pour la description des régions sans ambiguïtés.

4. *Les méthodes statistiques* : lorsque une image présente un aspect de texture aléatoire, on peut la supposer être une réalisation d'un processus stochastique gouverné par des paramètres qui se calculent à partir de l'image en considération. C'est le principe des méthodes à base des champs aléatoires de Markov (MRF) qui est un moyen favorisé pour modéliser les images texturées permettant d'exprimer l'interaction spatiale portée par les pixels. C'est à dire qu'un pixel donné a une forte probabilité d'appartenir à la même classe que ces voisins. L'influence mutuelle des pixels et les textures dans une image donnée est exprimée alors par une distribution conditionnelle [BOUKER.00].

D'autres méthodes ont aussi existence, telles que les méthodes spectrales, les méthodes fractales,...

Les tissus humains présentent un aspect d'interactions très observables soit au niveau du même tissu exprimées par la texture plaquée au tissu, soit au niveau inter-tissu exprimée par la juxtaposition des tissus les uns au voisinage des autres. Par conséquent, une méthode de segmentation efficace doit prendre en considération cette constatation pour formuler un algorithme capable de modéliser cette information spatiale assez précieuse. La théorie des champs aléatoires de Markov se voit **très prêtes** à modéliser cet aspect d'interaction que ce soit intra ou inter-tissus. C'est l'objet des sections suivantes de ce chapitre.

III.3 Les Champs aléatoires de Markov en Analyse d’Images

A vrai dire, La modélisation par les champs aléatoires de Markov (MRF) en elle-même n’est pas une méthode de segmentation mais plutôt un modèle statistique dans lequel on peut intégrer une méthode de segmentation [PHAM.98, PHAM.00, LAKARE.00].

La théorie des (MRF) fournit un outil assez consistant pour modéliser les dépendances contextuelles qu’on peut retrouver dans une image exprimées par les pixels et leurs propriétés spatiales corrélées. Ces contraintes contextuelles sont d’importance majeure pour l’interprétation des informations visuelles apportées par une image donnée. De plus, les MRF sont réputés robustes aux bruits dans une application de traitement de signal [PHAM.98, PHAM.00]

L’épanouissement de la théorie du traitement d’images dans le contexte markovien fait suite à la publication des travaux de Geman et Geman [GEMAN.84]. L’équivalence entre champs de Markov et champs de Gibbs ayant été démontrée par Hamersley et Clifford en 1971. Ces deux travaux ont largement contribué au développement d’une approche probabiliste permettant d’aborder les problèmes inverses mal posés dans un cadre bayésien. Les champs de Markov et les distributions de Gibbs n’ont cessé depuis d’être utilisés pour résoudre les différents problèmes posés en analyse d’images et en vision par ordinateurs. Ceci inclut : restauration et segmentation des images, détection de contours, analyse de textures, reconstruction de surface et de formes. En imagerie médicale 3D, les MRF ont aussi présence [IL.95, Mignot.97, HERLIN.94, VILLAIN.97, JOHNS.94, BOUKER.00].

Dans ce qui suit, nous allons rappeler, brièvement, quelques notions fondamentales de la modélisation markovienne appliquée à des problèmes d’analyse d’images. Et nous présentons, dans la section III.4 un modèle markovien général de segmentation d’images.

III.3.1 Notion de système de voisinage

En analyse d’images, et plus particulièrement dans le cas qui nous intéresse, l’image est représentée par une grille S rectangulaire finie bidimensionnelle de taille $n \times m$ sites. Les sites s de la grille peuvent être désignés par :

- Leurs coordonnées $S = \{(i, j), 0 \leq i \leq m-1, 0 \leq j \leq n-1\}$
- ou par leur numéro d’ordre $S = \{s_1, s_2, \dots, s_M\} \quad M = n \times m$

Les éléments de S sont interprétés, dans le cas d’une image bidimensionnelle, comme les pixels d’une grille régulière en dimension 2 et, par extension dans le cas d’une image tridimensionnelle, comme les voxels d’une grille régulière de dimension 3.

La définition d’une relation $N(S)$ en terme de “plus proches voisins” sur la grille S permet la structuration de cette dernière sous la forme d’un graphe non orienté $G = [S, N(S)]$, où l’ensemble $N(S) = \{N_s(s), s \in S\}$ possède les propriétés suivantes :

$$1. \quad \forall s \in S; \quad s \notin N_s(S) \dots\dots\dots (III-1)$$

$$2. \quad \forall \{s, t\} \subset S; \quad s \in N_t(S) \Leftrightarrow t \in N_s(S) \dots\dots\dots (III-2)$$

La relation $N(S)$ exprime simplement la contrainte de voisinage entre deux sites adjacents. Elle est appelée *système de voisinage*. La signification d’adjacence peut être étendu pour inclure tous les pixels qui sont à l’intérieur d’un cercle de rayon ‘ r ’. Ceci nous définit un système de voisinage d’ordre « r » noté $N^r(S)$ donné par la relation suivante :

$$N^r(S) = \{t \in S / [dist(s, t)]^2 \leq r^2, s \neq t\} \dots\dots\dots (III-3)$$

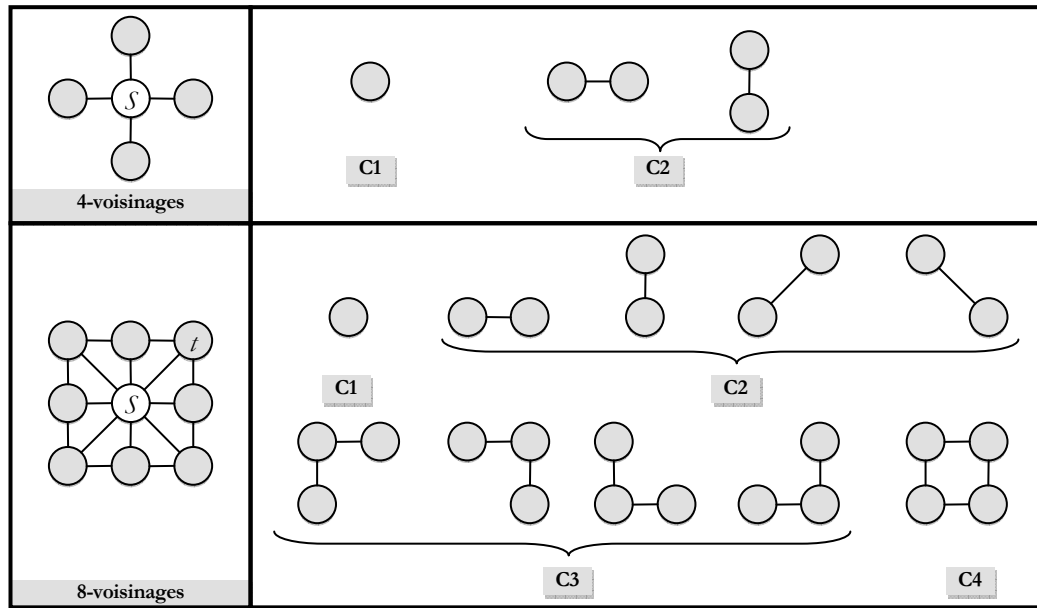


Figure III-3 Voisinages bidimensionnels d'ordre 1 et 2 et les cliques associées d'ordre 1, 2, 3 et 4

Où $dist(s,t)$ signifie l'application d'une certaine distance entre les sites 's' et 't'. Généralement cette distance est euclidienne d'ordre 1 et 2.

III.3.2 Notion de cliques associées à un système de voisinage

La définition d'un système de voisinage $N(S)$ sur une grille S est équivalente à la définition de l'ensemble C dont les éléments ensembles 'c', appelés *cliques*, sont les parties de S vérifiant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \exists s \in S : c = \{s\} \\ \text{ou} \\ \forall \{s,t\} \subset c, t \in N_s(S) \end{array} \right. \dots\dots\dots (III-4)$$

L'ensemble C comporte donc soit un singleton de S , soit un ensemble de sites tous en relation de voisinage les uns des autres. En fonction du système de voisinage utilisé, le système de cliques sera différent et fera intervenir plus ou moins de sites comme illustré sur la Figure III-3. Les systèmes de voisinage les plus couramment utilisés sont ceux d'ordre 1 et 2 définis relativement à la distance euclidienne. Dans cette distance, l'ordre du système de voisinage désigne aussi le nombre de sites appartenant aux cliques. Dans le cas bidimensionnel on parle de système de 4-voisinage et 8-voisinage (Figure III-3).

On peut étendre la notion du système de voisinage aux cas tridimensionnel associé à une grille cubique représentant l'image 3D. On parlera alors de 6-voisinage ou 26-voisinage dans le cas d'un système d'ordres respectifs 1 ou 2.

Notation : dans ce qui suit nous allons retenir les notations suivantes :

- La grille S est de taille $M = n \times m$
- C est l'ensemble de toutes les cliques. $c \subset C$ est une clique.
- Une réalisation d'un champ aléatoire X est appelée *une configuration* est notée x telle que $X = x = \{x_1, x_2, \dots, x_M\}$.

- La probabilité pour que la variable aléatoire X_i prenne la valeur x_i , i.e. $P(X_i = x_i)$, est notée $P(x_i)$
- La probabilité jointe du champ aléatoire $P(X = x) = P(X_1 = x_1, X_2 = x_2, \dots, X_m = x_m)$ est notée $P(x)$
- L'espace de toutes les configurations possibles est noté $\Omega = \prod_{s \in S} \Lambda$.

III.3.3 Définition d'un Champ Aléatoire de Markov

Soit $X = \{X_1, X_2, \dots, X_m\}$ une famille de variables aléatoires définies sur la grille S . chaque variable X_i prend valeurs x_i dans un ensemble fini $\Lambda = \{1, 2, \dots, K\}$. La famille X est appelée un *champ aléatoire*.

X est un champ aléatoire de Markov défini sur la grille S et relativement au système de voisinage $N(S)$ (ou un champ markovien sur un graphe $G(S, N(S))$) si et seulement si les deux conditions suivantes sont vérifiées :

1. $\forall x \in \Omega, P(x) > 0$ III-5
2. $\forall s \in S, \forall x \in \Omega, P(X_s = x_s / X_t = x_t, t \neq s) = P(X_s = x_s / X_t = x_t, t \in N_s(S))$... (III-6)

La deuxième condition, également appelée propriété de « markoviennité », indique que le comportement de la variable aléatoire exprimé par un site est entièrement déterminé par les réalisations des variables aléatoires voisines définies par le système de voisinage. Ainsi dans la pratique, l'introduction des MRFs permet la modélisation d'un ensemble de variables aléatoires dont les interactions mutuelles résultent uniquement de la combinaison d'interactions locales. Quant à la première condition, elle est assumée pour des raisons techniques et pratiquement elle est satisfaite. Il est clair que l'intérêt porté au champ de Markov réside essentiellement dans la notion de localité (voisinage) sur laquelle il porte. Cependant la formulation (6) ne permet pas d'avoir une expression simple de la distribution jointe. L'introduction des champs aléatoires de Gibbs et le théorème d'Hammersley-Clifford permettent d'en avoir une formulation explicite.

III.3.4 Définition d'un Champ Aléatoire de Gibbs

Un champ aléatoire X est un *champs de Gibbs (GRF)* sur la grille S et relativement au système de voisinage $N(S)$ (ou un GRF sur $G(S, N(S))$) si et seulement si ses configurations obéissent à une *distribution de Gibbs* définie par la relation suivante¹ :

$$\forall x \in \Omega, P(x) = \frac{1}{Z} \exp\left\{-\frac{1}{T} Y(x)\right\} \dots \dots \dots (III-7)$$

$$\text{Avec } Z = \sum_{x \in \Omega} \exp\left\{-\frac{1}{T} Y(x)\right\} \dots \dots \dots (III-8)$$

- Z est une constante de normalisation appelée *fonction de partition*.
- T est une constante appelée *température* qui, généralement, égale à 1 sauf si l'on spécifie le contraire.
- La fonction $U(x)$ est appelée la *fonction d'énergie* du champ de Gibbs définie sur Ω , pour la configuration x , par la formule suivante :

¹ En fait, la distribution de Gibbs correspond à une valeur de $T=1$. La formule (7) est une distribution de Boltzmann avec $K=1$ [KATO.94]

$$U(x) = \sum_{c \in C} V_c(x) \dots\dots\dots (III-9)$$

$U(x)$ est défini Comme étant une somme de potentiels sur l'ensemble de toutes les cliques du graphe $G[S, N(S)]$. A priori, la fonction $V_c(x)$ peut être tout à fait quelconque, mais, elle ne doit dépendre que des éléments s appartenant à la clique c .

Les interactions locales entre les propriétés (niveaux de gris par exemple) des sites voisins à un site s , au sens du système de voisinage sur lequel est défini le MRF, peuvent alors s'exprimer comme un potentiel de clique. Soit c une clique, on lui associe le potentiel U_c dont la valeur dépend des niveaux de gris (ou d'autres propriétés) des pixels constituant la clique. L'énergie locale en un site est définie comme la somme des potentiels de toutes les cliques auxquelles il appartient :

$$U_s = \sum_{c \in C, s \in c} V_c(s)$$

En poursuivant ce raisonnement, on peut définir l'énergie globale de l'image comme la somme des potentiels de toutes les cliques donnée par la formule (9)

Remarques

- Un champ X , soit de Markov ou de Gibbs, est dit **homogène** si les fonctions de potentiels $V_c(x)$ sont indépendantes de la position des cliques et il est **isotrope** si elles sont indépendantes de leur orientation.
- $P(x)$ mesure la probabilité d'occurrence d'une configuration particulière x , les configurations les plus probables sont celles ayant une faible énergie.
- La température T contrôle l'acuité de la distribution. Lorsque la température augmente les configurations tendent à avoir des distributions égales. Au voisinage d'une température nulle, la distribution se concentre autour des minima de l'énergie globale.

III.3.5 Equivalence MRF-GRF : Théorème de Hammersley-Clifford

Un champ de Markov est caractérisé par sa propriété locale « markoviennité » alors qu'un champ de Gibbs est caractérisé par sa propriété globale (distribution de Gibbs). Le théorème de Hammersley-Clifford établit l'équivalence entre champs de Gibbs et champs de Markov vérifiant la propriété de positivité :

Théorème : un champ aléatoire sur l'ensemble fini de sites S relativement au système de voisinage $N(S)$ est un champ de Markov vérifiant la propriété de positivité si et seulement si c'est un champ de Gibbs sur S relatif à $N(S)$.

La modélisation markovienne prend toute sa puissance grâce à ce théorème. L'équivalence champ de Markov/Gibbs permet d'avoir une formule explicite de la distribution jointe et donc une description globale du modèle. Grâce aux potentiels il est possible de spécifier les dépendances spatiales locales du champ de Markov. Selon les modèles, cf. § III.3.6, les potentiels sont plus ou moins complexes, ce qui influe sur la richesse des caractérisations locales possibles, mais aussi sur la facilité à manipuler le modèle.

Les probabilités conditionnelles locales pour un champ de Markov X s'expriment donc à l'aide des potentiels associés aux cliques contenant le site s comme suit :

$$P(X_s = x_s / X_t = x_t, t \neq s) = \frac{P(X_s = x_s, X_t = x_t, t \neq s)}{P(X_t = x_t, t \neq s)} = \frac{P(X = x)}{P(X_t = x_t, t \neq s)}$$

Or $P(X = x) = \frac{1}{Z} \exp\left\{-\frac{1}{T} \sum_{c \in C} V_c(x)\right\}$ d'après (7),(8) et (9) on aura :

$$P(X_s = x_s / X_t = x_t, t \neq s) = \frac{\exp\left\{-\frac{1}{T} \sum_{c \in C, s \in c} V_c(x)\right\}}{\sum_{l \in \Lambda} \exp\left\{-\frac{1}{T} \sum_{c \in C, s \in c} V_c(x^{s,l})\right\}} \dots\dots\dots (III-10)$$

Avec $x^{s,l}$ étant la configuration qui coïncide avec x sur $S - \{s\}$ et valant l au site s .

La relation (10) obtenue, qui ne fait intervenir que les potentiels des cliques contenant le site s , traduit explicitement la propriété de markoviennité, est très importante. Puisqu'il n'est pas possible, partant d'une configuration x , d'accéder à sa probabilité à cause de la constante de normalisation, autant il est possible de calculer en chaque site la probabilité conditionnelle locale. Cette expression sera la base de la totalité des algorithmes de simulation des champs markoviens, en particulier l'Echantillonneur de Gibbs, que nous allons voir par la suite dans la section III.4.1

III.3.6 Champs de Markov Prototypes

Les prototypes de Champs markoviens les plus répandus sont les modèles d'Ising, de Potts ainsi que les modèles Gaussiens. L'intérêt des modèles d'Ising (resp. de Potts) dans le domaine de l'image réside dans leur utilisation eu segmentation contextuelle d'images en deux (resp. plus de deux) classes. Le modèle Gaussien intervient également en physique statistique, mais Son intérêt est surtout importante en traitement d'images par son utilisation eu modélisation de textures et par la facilité des calculs qu'il procure. Ces champs sont définis par leur voisinage et leurs fonctions de potentiels.

III.3.6.1 Modèle d'Ising

Ce modèle est le plus ancien (1925) et a été développé lors de l'étude du ferro-magnétisme en physique statistique. L'espace des descripteurs est celui des états des spins, i.e $\Lambda = \{1, -1\}$ (les x_s appartiennent à un espace binaire), et le voisinage est souvent le 4-voisinage dans un espace bidimensionnel (ou 6-voisinage dans espace tridimensionnel) . Les potentiels sont des potentiels en tout ou rien :

$$U_{c=\langle s,t \rangle} = -\beta x_s x_t = \begin{cases} -\beta & \text{si } x_s = x_t \\ \beta & \text{si } x_s \neq x_t \end{cases}$$

Les potentiels des cliques d'ordre 1 (clique constituée par un seul spin) sont de la forme $-B x_s$. L'énergie totale s'écrira alors :

$$U(x) = - \sum_{c=\langle s,t \rangle \in C} \beta x_s x_t - \sum_{s \in S} B x_s$$

β est la constante de couplage entre sites voisins et B représente un champ magnétique externe. Lorsque β est positif, les configurations les plus probables (i.e. d'énergies plus faibles) sont celles pour lesquelles les spins sont de même signe, alors que dans le cas de β négatif, au contraire, on favorisera l'alternance de spins de signes opposés. La valeur (signe et valeur absolue) de β conditionne donc la régularité du modèle d'Ising. Quant au champ magnétique externe relatif au potentiel d'ordre 1, il favorise a priori par son signe un spin ou un autre.

III.3.6.2 Modèle de Potts

Il s'agit d'une extension du modèle d'Ising pour un espace K-aire, i.e. $\mathcal{A} = \{1, 2, \dots, K\}$ (les x_s appartiennent à un espace K-aire). Il peut s'agir de plusieurs niveaux de gris, mais plus souvent pour ce modèle, d'étiquettes pouvant représenter une classification de l'image par régions homogènes. Le voisinage considéré est 4- ou 8-voisinage et les potentiels sont comme précédemment en tout ou rien mais définis seulement pour les cliques d'ordre 2 :

$$U_{c=\langle s,t \rangle} = -\beta \cdot \delta(x_s - x_t) = \begin{cases} -\beta & \text{si } x_s = x_t \\ \beta & \text{si } x_s \neq x_t \end{cases}$$

Lorsque β est positif, les configurations les plus probables correspondent à des sites voisins de même niveau de gris ou descripteur, ce qui donne des réalisations constituées par de larges zones homogènes. La taille de ces régions est gouvernée par la valeur de β .

Il est possible de définir des modèles utilisant des pondérations β différentes en fonction des directions des cliques, et de privilégier ainsi certaines directions. Ce modèle permet également de prendre en compte différentes relations entre les régions. On peut par exemple définir des pondérations $\beta(x_s, x_t)$ pour x_s, x_t dans \mathcal{A} . Par exemple dans le cas de segmentation des images mammographiques, il est très rare que la région tumorale soit voisine de la région constituant le fond du cliché doc la configuration tumeur/fond est moins probable que d'autres configurations d'où le rôle de la pondération.

III.3.6.3 Modèle Markovien Gaussien

Ce modèle est réservé au champ observé (images en niveaux de gris à segmenter par exemple) et ne convient pas bien aux champs d'étiquettes. Le voisinage est 4 ou 8-connexe et l'énergie est de la forme :

$$U(x) = \beta \sum_{c=\langle s,t \rangle} (x_s - x_t)^2 + \alpha \sum_{s \in S} (x_s - \mu_s)^2$$

Le premier terme correspondant aux cliques d'ordre 2 est un terme de régularisation, qui favorise les faibles différences de niveaux de gris entre sites voisins pour $\beta > 0$. Le second terme peut correspondre à un terme d'attache aux données dans le cas où l'on possède une image de données échantillons. Le rapport $\frac{\alpha}{\beta}$ pondère les influences respectives de l'attache aux données et de la régularisation, et les valeurs absolues des paramètres caractérisent le caractère plus ou moins piqué ou équiréparti au contraire de la distribution.

III.4 Modèle Markovien Caché pour la segmentation d'images

Un modèle assez parfait de segmentation d'image est de voir l'image à segmenter, appelée *l'observation* et notée y , comme étant une réalisation d'un champ aléatoire de Markov $Y = \{Y_s\}_{s \in S}$ défini sur une grille S , relativement à un système de voisinage $N(S)$. Les variables aléatoires $\{Y_s\}_{s \in S}$ prennent leurs valeurs dans l'ensemble des niveaux de gris $\mathcal{A}_{obs} = [0..255]^1$. Le champ aléatoire de Markov Y représente le champ de répartition des niveaux de gris à l'ensemble de pixels S . L'ensemble de toutes les configurations possibles pour Y est noté Ω_{obs} .

L'image segmentée, quant à elle, est vue aussi comme étant une réalisation d'un autre champ aléatoire de Markov X , défini sur la même lattice que Y , représentant le champ de répartition des

¹ - Dans le cas général, Y_s prend ses valeurs dans un ensemble de propriétés calculées à partir des niveaux de gris [BELH.05]

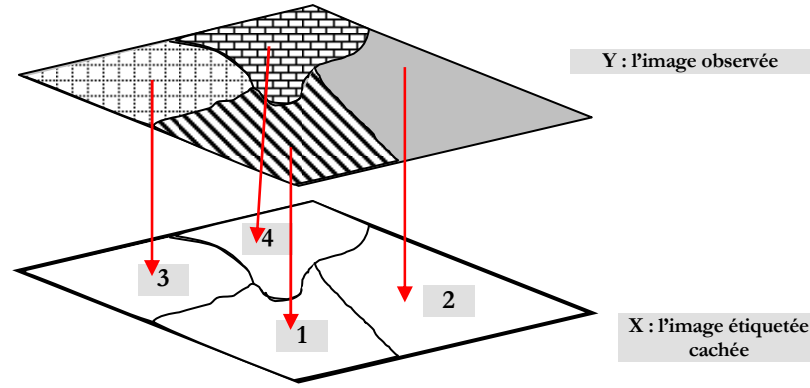


Figure III-4 le couple de champs (X, Y) modélisant le problème de la segmentation d'images

régions sur l'ensemble des pixels S ; il prend valeurs dans un ensemble d'étiquettes $\Lambda = \{1, 2, \dots, K\}$ représentant les K classes ou régions homogènes en niveau de gris (ou suivant une propriété donnée) dans l'image. L'ensemble de toutes les configurations possibles pour X est noté Ω .

Ainsi, l'image I , objet d'étude, est représentée par un couple de champs aléatoires $I = (X, Y)$ tels que le champ $X = \{X_s\}_{s \in S}$ est appelé *le champ des étiquettes* et $Y = \{Y_s\}_{s \in S}$ est appelé *le champ des observations*.

Le contexte de segmentation d'images est celui d'un problème à données incomplètes : en chaque site i de l'ensemble S sont associées deux informations de types différents, l'une observée exprimée par la variable aléatoire Y_i dont les valeurs appartiennent à l'ensemble des propriétés des pixels (niveaux de gris par exemple), l'autre manquante ou *cachée* exprimée par la variable aléatoire X_i dont les valeurs appartiennent à l'ensemble des étiquettes Λ . On parle dans ce contexte (la segmentation) de *champ de Markov cachée* (HMRF) pour X , ou de données incomplètes puisque y n'est pas une réalisation de X (le cas de la restauration).

Etant donnée une réalisation quelconque x de X , sa probabilité d'occurrence est donnée par la distribution de Gibbs (eq. 7)

$$P(X = x) = \frac{1}{Z} \exp \left\{ -\frac{1}{T} \sum_{c \in C} V_c(x) \right\}$$

Le calcul direct de cette probabilité est hors question parce que Z est pratiquement incalculable sur l'ensemble de toutes les configurations possibles Ω . La segmentation a donc pour objectif d'inverser le processus et de remonter à une réalisation x de X à partir de l'observation des données y représentant l'image en considération. Dans un terme probabiliste ceci revient à déterminer une réalisation de $(X = x / Y = y)$ estimant la solution recherchée exacte \hat{x} .

III.4.1 Estimation Bayésienne

La théorie statistique bayésienne est particulièrement bien adaptée aux problèmes d'estimation pour lesquels l'*a priori* $P(x)$, traduisant les propriétés pertinentes de la classe des solutions recherchées, et la fonction de vraisemblance $P(X | Y)$, modélisant le processus de dégradation conduisant aux observations, sont connus.

Soit x la solution recherchée (exacte), son estimée est \hat{x} optimale au sens bayésien. Alors l'estimateur est donné par la fonction de décision Δ suivante :

$$\begin{aligned} \Delta &: \Omega_{obs} \longrightarrow \Omega \\ y &\longrightarrow \Delta(y) = \hat{x} \end{aligned} \dots\dots\dots (III-11)$$

Le risque de Bayes correspondant est donné par :

$$c(P(x), \Delta) = E[C(x, \Delta(x))] \dots\dots\dots (III-12)$$

Où $C(x, \Delta(x))$ est la fonction coût représentant le coût de remplacer x par $\Delta(x)$.

\hat{x} est donc la configuration qui minimise le risque de Bayes, défini comme étant l'espérance conditionnelle aux observations de la fonction de coût. En d'autres termes :

$$\hat{x} = \underset{x \in \Omega}{\arg \min} \int C(x, x') P(X = x' / Y = y) dx \dots\dots\dots (III-13)$$

En appliquant la règle de Bayes :

$$P(X = x / Y = y) = \frac{P(Y = y / X = x) P(X = x)}{P(Y = y)} \dots\dots\dots (III-14)$$

Comme y est une réalisation du champ d'observation indépendante de la réalisation x , elle est connue et par conséquent $P(Y=y)$ est une constante, d'où (14) est équivalente à :

$$P(X = x / Y = y) \propto [P(Y = y / X = x) P(X = x)] \dots\dots\dots (III-15)$$

Expression dans laquelle il s'agit d'analyser chacun des termes $P(Y = y / X = x)$ et $P(X = x)$.

Le premier terme $P(Y = y / X = x)$ traduit donc la probabilité de réalisation d'une configuration donnée connaissant son étiquetage (i.e. connaissant la classe de chaque pixel). Il décrit la dépendance des niveaux de gris de l'ensemble des étiquettes.

On peut montrer que la probabilité à posteriori définit aussi un champ markovien (cf. §III.5.1) ayant, sous certaines conditions, la fonction d'énergie suivante :

$$U(x, y) = -\ln \prod_{s \in S} P(y_s / x_s) + \frac{1}{T} \sum_{c \in C} V_c(x) \dots\dots\dots III-16)$$

La relation (15) devient :

$$P(X = x / Y = y) \propto \frac{1}{Z} \exp(-U(x, y)) \dots\dots\dots (III-17)$$

Par conséquent, on constate que la distribution a posteriori est une distribution de Gibbs et que le champ X conditionnellement à Y est également un champ de Markov (théorème de Hammersley-Clifford) ayant $U(x, y)$ comme fonction d'énergie.

Comme Z est une constante n'influant pas sur le processus de minimisation, la relation (13) est équivalente à minimiser :

$$\hat{x} = \underset{x \in \Omega}{\arg \min} \int C(x, x') \exp[-U(x, y)] dx' \dots\dots\dots (III-18)$$

Cette modélisation nous ramène à l'estimation bayésienne suivante : nous cherchons l'estimation du champ des étiquettes par la minimisation de la fonction d'énergie à $U(y/x)$ qui est, dans la plupart du temps, non « convexe » ayant de nombreux minima locaux. Malheureusement, c'est un problème très dur au point de vue calcul. Le nombre de configurations possibles sur Ω s'explode d'une manière combinatoire. Par exemple, dans le cas d'une image à 256 niveaux de gris où S présente M sites égale à 300x300 pixels, on est devant un nombre de termes égale à

$256^{300 \times 300}$ termes !! Une évaluation directe est prohibitive voire impossible même dans le cas d'un problème plus réduit.

La fonction de coût $C(x, x')$, mesurant l'écart entre la solution recherchée x (vraie) et son estimée \hat{x} , est généralement laissée à l'appréciation de l'utilisateur, cependant quelques fonctions, très populaires, définissent les estimateurs les plus répandus dans la littérature que nous détaillerons ci-dessous : l'estimateur au sens du maximum a posteriori (MAP) et l'estimateur des modes des marginales a posteriori (MMP). D'autres estimateurs existent, notamment l'estimateur du Champ Moyen (MF) [PEYR.01, KATO.94], l'estimateur de la moyenne a posteriori (MP) et l'estimateur TPM.

Dans les paragraphes suivants, nous présentons les deux estimateurs bayésiens les plus répandus : le MAP et le MPM.

III.4.1.1 Maximum à Posteriori (MAP)

Le MAP est l'estimateur le plus utilisé en traitement d'images [KATO.94]. Il est associé à la fonction de coût suivante :

$$C_{MAP}(x, x') = 1 - \delta(x - x') \dots\dots\dots (III-19)$$

δ représente le symbole de Kronecker.

Cette fonction de coût pénalise de la même façon toutes les configurations de x' , différentes de la solution recherchée x . Autrement dit, elle pénalise de façon identique une erreur sur un site et une erreur sur plusieurs sites [BOUKER.00].

D'après (13), (18) et (19) l'estimateur MAP du champ d'étiquettes est donné par :

$$\begin{aligned} \hat{x}_{MAP} &= \arg \max_{x \in \Omega} P(X = x / Y = y) \\ &= \arg \max_{x \in \Omega} \{P(Y = y / X = x)P(X = x)\} = \arg \max_{x \in \Omega} \{exp(-U(x, y))\} \end{aligned}$$

Et d'après (16) on peut écrire :

$$\begin{aligned} \hat{x}_{MAP} &= \arg \max_{x \in \Omega} \left\{ \frac{1}{Z} \exp \left[- \left(- \ln \prod_{s \in S} P(y_s / x_s) + \frac{1}{T} \sum_{c \in C} V_c(x) \right) \right] \right\} \\ &= \arg \max_{x \in \Omega} \left\{ \frac{1}{Z} \exp \left[- \left(\sum_{s \in S} \left(- \ln \frac{P(y_s / x_s)}{V(x_s, y_s)} \right) + \frac{1}{T} \sum_{c \in C} V_c(x) \right) \right] \right\} \\ \hat{x}_{MAP} &= \arg \min_{x \in \Omega} \left\{ \sum_{s \in S} V(x_s, y_s) + \frac{1}{T} \sum_{c \in C} V_c(x) \right\} \dots\dots\dots (III-20) \end{aligned}$$

L'estimation au sens du MAP revient donc à maximiser la densité de probabilité *à posteriori*, est équivalente à la minimisation d'une fonction d'énergie $U(X)$ reposant sur :

- a) $U_1(x, y)$: appelé **terme d'attache aux données** qui modélise la vraisemblance de la solution par rapport aux observations ; donc nécessitant la connaissance ou la modélisation de tous les phénomènes de dégradation de l'objet original durant le processus d'acquisition (modélisation du bruit).

b) $U_2(x)$: appelé **terme d'énergie à priori** qui caractérise et modélise le champ d'étiquette que l'on recherche. En spécifiant d'un *a priori* sur la solution recherchée.

Comme nous l'avons précédé, cette fonction est non convexe présentant plusieurs minima locaux. Par conséquent, une évaluation directe est hors question. A ce stade, plusieurs algorithmes de recherche de minimum global sont proposés par la littérature tels que les *algorithmes stochastiques de type recuit simulé* ou *déterministes* tels que L'ICM. Dans le cas du problème de segmentation, la configuration MAP-ICM est la plus répandue. Notons enfin que l'estimateur MAP se réduit à l'estimateur du maximum de vraisemblance *ML (Maximum Likelihood)* quand la loi de probabilité $P(x)$ est uniforme [BOUKER.00, BLOCH.05]

III.4.1.2 Estimateur du Mode des Marginales a Posteriori (MMP)

Cet estimateur est associé à la fonction de coût suivante :

$$C_{MAP}(x, x') = \sum_{s \in S} 1 - \delta(x_s - x'_s) \dots \dots \dots (III-21)$$

Cette fonction est moins restrictive que celle du MAP puisqu'elle pénalise la configuration x en fonction du nombre de sites mal classés dans le cas d'un problème de segmentation.

L'estimateur MPM du champ d'étiquettes est donné par :

$$\hat{x}_{MAP} = \underset{x_s}{\arg \max} \{P(X = x_s / Y = y), s \in S\} \dots \dots \dots (III-22)$$

La configuration optimale est atteinte lorsque toutes les lois marginales en chaque site sont maximisées. L'optimisation de ce critère se fait généralement par des techniques de Monte Carlo. Le MMP est bien adapté aux tâches de segmentation car il minimise le nombre de pixels mal classés. En revanche, pour des contraintes de temps de calcul, une approximation du critère est recherchée par des algorithmes déterministes, l'estimateur MAP est souvent préféré.

III.4.2 Algorithmes de minimisation selon une estimation au sens MAP

L'estimation au sens du MAP associée à une modélisation markovienne nous conduit toujours à un problème de minimisation d'une fonction d'énergie. Ainsi le problème d'estimation devient un problème d'optimisation difficile à cause de la non convexité de la fonction d'énergie présentant de nombreux minima locaux. De ce fait, il est nécessaire de faire appel à des algorithmes itératifs pour tenter d'approcher un minimum global. On en trouve deux types:

- *Les algorithmes stochastiques* : tels que le recuit simulé, les seuls possédant des propriétés de convergence en un temps infini vers un minimum global et indépendamment de la configuration initiale.
 - Recuit avec Dynamique de Metropolis;
 - Echantillonneur de Gibbs avec Recuit;
- *Les algorithmes déterministes* : convergeant vers un minimum local qui dépend de la configuration initiale.
 - Modes Conditionnels Itérés (ICM = Iterated Conditional Modes);
 - Non-Convexité Graduelle (GNC = Graduated Non-Convexity);
 - Recuit en Champ Moyen (MFA = Mean Field Annealing).

Les algorithmes génétiques sont aussi utilisés dans le contexte stochastique. Les algorithmes stochastiques sont réputés être très gourmands en temps de calcul, ceci malgré les récents progrès concernant les techniques d'accélération et de parallélisation. C'est pour cette raison que des

algorithmes alternatifs déterministes ont été développés. Ces derniers sont plus rapides, mais peuvent rester piégés dans un minimum local de l'énergie MAP [GRAVA.03]. Dans ce qui suit, nous allons présenter les deux algorithmes le recuit simulé et l'ICM du fait qu'ils sont très utilisés. Le principe de GNC et MFA peut être trouvé dans [GRAVA.03, KATO.94, PEYR.01]

III.4.2.1 Les algorithmes stochastiques : Le Recuit Simulé (SA - Simulated Annealing)

Les algorithmes stochastiques d'optimisation (minimisation) sont basés sur une analogie avec le procédé de recuit, utilisé par exemple en métallurgie et en verrerie. Pour obtenir la cristallisation la plus parfaite possible (correspondant à un état moléculaire le plus ordonné possible), on porte le matériau à une très haute température, puis on le laisse se refroidir très lentement. L'application du recuit en traitement des images considère que la grille des pixels représente les atomes du matériau et les niveaux de gris leurs états possibles.

Le recuit simulé fait partie d'une classe d'algorithmes de relaxation stochastique de type Monte-Carlo, qui s'appuient sur une recherche partiellement aléatoire dans l'espace des solutions. A chaque pas de l'algorithme, la solution précédente est vue comme une perturbation aléatoire. Par rapport aux algorithmes déterministes itératifs basés sur la minimisation du gradient, lesquels évoluent selon la direction de décroissance de la fonction à minimiser, le recuit simulé permet l'exploration de telles solutions dont certaines peuvent s'éloigner temporairement du minimum, pour éviter la convergence vers un minimum local. La probabilité d'accepter une croissance de la fonction à minimiser est contrôlée par le paramètre de température T.

La distribution de Gibbs avec paramètre de température s'écrit comme suit (équations 7 et 8)

$$\forall x \in \Omega, P(X = x) = \frac{1}{Z} \exp\left\{-\frac{1}{T} Y(x)\right\} \text{ Avec } Z = \sum_{x \in \Omega} \exp\left\{-\frac{1}{T} Y(x)\right\} \text{ et } T > 0.$$

Notons $P(X=x)$ dans ce contexte par $P_T(X=x)$

Il est intéressant d'étudier le comportement de cette distribution pour des valeurs extrêmes du paramètre de température (Figure III-5).

- $T \longrightarrow \infty$: On a $\exp\left\{-\frac{Y(x)}{T}\right\} \longrightarrow 1$ et comme $\sum_{x \in \Omega} P_{T \rightarrow \infty}(X = x) = 1$,

$$\text{On obtient : } P_{T \rightarrow \infty}(X = x) \longrightarrow \frac{1}{\text{card}(\Omega)}$$

Donc P_T converge vers la probabilité uniforme sur Ω , i.e. pour une température infinie tous les états sont équiprobables.

- $T \longrightarrow 0$:

Notons U^* l'énergie minimale et Ω^* l'ensemble des configurations atteignant l'énergie minimale. $\Omega^* = \{x_1, x_2, \dots, x_k\}$ tels que x_1, x_2, \dots, x_k sont les minima globaux de l'énergie. On peut écrire :

$$P_{T \rightarrow 0}(X = x) = \frac{\exp\left(-\frac{U(x)}{T}\right)}{\sum_y \exp\left(-\frac{U(y)}{T}\right)} = \frac{\exp\left(-\frac{U(x)-U^*}{T}\right)}{\sum_y \exp\left(-\frac{U(y)-U^*}{T}\right)} = \frac{\exp\left(-\frac{U(x)-U^*}{T}\right)}{\sum_{y \in \Omega^*} \exp\left(-\frac{U(y)-U^*}{T}\right) + \sum_{y \in \Omega^*} 1}$$

Donc :

- Si $x \notin \Omega^*$, x n'est pas un minimum global de l'énergie, on a $U(x) - U^* > 0$ et $\exp\left\{-\frac{U(x) - U^*}{T}\right\} \longrightarrow 0$ pour $T \longrightarrow 0$.
- Si $x \in \Omega^*$, on a $P_{T \rightarrow 0}(x_1) = P_{T \rightarrow 0}(x_2) = \dots = P_{T \rightarrow 0}(x_k) = \frac{1}{k}$ (il y a une somme finie de termes qui tendent vers 0 au dénominateur).

Ce qui signifie que lorsque la température est nulle $P_{T \rightarrow 0}$ est uniformément distribuée sur les minima globaux de l'énergie, i.e. sur les configurations les plus probables. C'est ce résultat qui est à la base de l'algorithme de **recuit simulé** décrit par l'Algorithme III-1.

Algorithme III-1 : Algorithme de Recuit Simulé

- **Initialisation**
 - $T = T_0$, Choix d'une température initiale T_0 suffisamment élevée.
 - Choix d'une configuration initiale $x(0)$ quelconque
 - **Répéter**
 - Calculer la nouvelle configuration (Etat) $x(n+1)$ du système
 - Diminuer la température selon la loi de refroidissement ($T_{n+1} = f(T_n)$)
- Jusqu'à** atteindre une température T_{min} "basse" qui garantit la convergence vers un minimum.

La convergence de cet algorithme est strictement liée à la loi de refroidissement. En effet, La décroissance logarithmique de la température $T(n) > \frac{\tau}{\log(1+n)}$ proposée par [GEMAN.84] est un rythme très lent ; en pratique des décroissances géométriques, $T(n+1) = \tau T(n)$, sont utilisées, souvent sans dégradation notable des résultats obtenus. La valeur de la constante ' τ ' intervenant dans la décroissance dépend de la variation énergétique globale maximale sur l'espace des configurations [BOUKER.00].

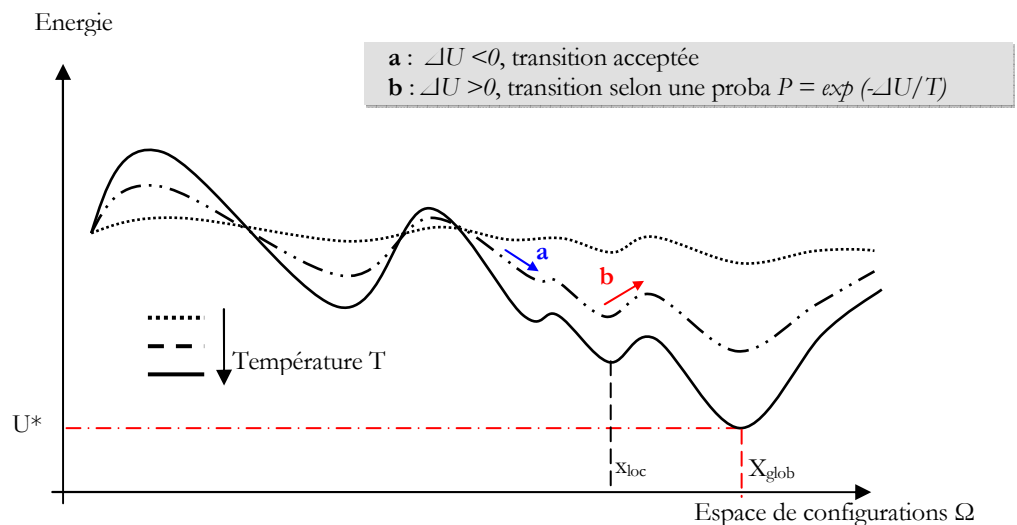


Figure III-5 Le principe de l'algorithme de Recuit simulé
L'accentuation des minima suite à la décroissance de la température

La Figure III-5 montre l'évolution énergétique au fur et à mesure de la décroissance en température. Au départ, toutes les configurations sont équiprobables puis les minima énergétiques apparaissent et s'accroissent.

Nous décrivons dans ce qui suit les deux algorithmes, les plus célèbres, qui permettent de calculer un nouvel état du système à une température donnée: *le recuit simulé avec dynamique de Metropolis (DM)* et *l'échantillonneur de Gibbs avec recuit (Gibbs Sampler)*.

III.4.2.1.1 *Recuit simulé avec dynamique de Metropolis DM* [grava.03]

Dans le cas de la dynamique de Metropolis (qui est la plus proche du processus physique du recuit), la variation de température est assez lente pour qu'on puisse considérer qu'à une température donnée, le système a le temps d'évoluer jusqu'à un état le plus ordonné possible qui correspond au point d'équilibre thermique à cette température. Cet équilibre est caractérisé par le fait que la probabilité pour que le système se trouve dans une configuration x est:

$$P(x) = \frac{1}{Z} \exp(-\beta \cdot U(x)) \dots \dots \dots (III-23)$$

La constante β est telle que $\beta = \frac{1}{kT}$; où T est la température absolue du système et k la constante de Boltzmann.

A chaque pas de l'algorithme on génère une nouvelle solution candidate (une perturbation), d'une manière aléatoire. Si cette solution conduit à une décroissance de l'énergie $\Delta U < 0$, due à la perturbation, la solution est acceptée. Sinon, la solution est acceptée en conformité avec une

Algorithme III-2 : Algorithme Recuit Simulé avec Dynamique de Metropolis

1. **Initialiser** $n=0$ et $T = T_{max}$ On choisit de manière aléatoire la configuration initiale $x(0)$,
2. **Générer** aléatoirement une nouvelle perturbation $x(n+1)$) partir de $x(n)$:
 - choisir un site s
 - tirer aléatoirement une étiquette x_s dans Λ selon une loi uniforme
3. **Calculer** $\Delta U = U(x(n+1)) - U(x(n))$;
4. **Calculer la probabilité** $p = \begin{cases} \exp(-\Delta U / T) & , \text{si } \Delta U > 0 \\ 1 & , \text{si } \Delta U \leq 0 \end{cases}$
5. **Si** $p = 1$, on accepte la perturbation.
 - Sinon**, on tire aléatoirement un nombre r , avec une distribution uniforme entre 0 et 1.
 - Si** $r \leq p$, on accepte la perturbation : $x(n+1) = x(0)$
 - Sinon** $x(n+1) = x(n)$;
6. **Incrémenter** n
 - Si** $n < N_{max}$ Où N_{max} est prédéfini, revenir en 2;
7. **Initialiser:** $n = 0$ et $x(0) = x(N_{max})$.
 - On réduit T en conformité avec la loi de refroidissement.
 - **Si** $T > T_{min}$ aller en 2.
 - Sinon**, Arrêt.

distribution exponentielle de probabilité (p) telle que :

$$p = \begin{cases} \exp(-\Delta U / T) & , \text{si } \Delta U > 0 \\ 1 & , \text{si } \Delta U \leq 0 \end{cases}$$

Si la température est grande, la probabilité d'accepter une configuration augmentant l'énergie est plus grande que dans le cas où la température serait faible.

Une description de l'algorithme de recuit simulé utilisant la dynamique de Metropolis donnée par l'algorithme III.2.

Parce que les perturbations sont générées d'une manière aléatoire, l'algorithme nécessite un grand nombre d'itérations pour converger quand l'espace des états est grand. Le fait d'accepter des configurations d'énergie supérieures permet d'éviter le problème des minima locaux de l'énergie U.

III.4.2.1.2 *Echantillonneur de Gibbs avec recuit*

Dans le cas de l'Echantillonneur de Gibbs avec recuit, proposé par [GEMAN.84], l'analogie avec le processus physique de recuit est moins directe, parce que même si l'algorithme est de type recuit, donné par l'algorithme III.1 ci-dessus, on ne laisse pas forcément le système se stabiliser à chaque température¹.

Au lieu de générer les perturbations d'une manière aléatoire et de décider après si elles sont acceptées ou pas, le cas du DM, les perturbations sont plutôt générées en conformité avec des fonctions de densité de probabilité conditionnelles locales, qui dérivent d'une distribution de Gibbs. Le nouvel état du système est calculé de la façon suivante: on modifie la valeur d'un pixel s , en lui affectant la valeur x_s , qui dépend des valeurs des voisins de s et d'une variable aléatoire ayant une distribution quelconque souvent uniforme [BLOCH.05]. Les sites sont explorés de façon cyclique.

Algorithme III-3 : Echantillonneur de Gibbs avec recuit [BLOCH.05]

1. **Initialiser** $n=0$ et $T = T_{max}$ une température assez élevée.
On choisit de manière aléatoire la configuration initiale $x(0)$,
2. **Examiner** chaque site pour perturber sa valeur correspondante. La perturbation $x(n+1)$ est calculée à partir de $x(n)$ de la manière suivante:
 - a) **Pour** chaque site s , on calcule sa probabilité conditionnelle locale d'avoir une étiquette x_s en fonction des valeurs actuelles de ses voisins telle que :

$$P(X_s = x_s / X_t = x_t, t \in N_s(S)) = \frac{\exp\left\{-\frac{1}{T} \sum_{c \in C, s \in C} V_c(x)\right\}}{\sum_{l \in A} \exp\left\{-\frac{1}{T} \sum_{c \in C, s \in C} V_c(x^{s,l})\right\}}$$

- b) **Mettre à jour** le site s en effectuant un tirage selon la loi $P(X_s = x_s / N_s(S))$
3. On réduit T en conformité avec la loi de refroidissement.
- **Si** $T > T_{min}$ aller en 2.

¹ C'est la principale différence entre le recuit Gibbs et le recuit Métropolis.

La description du principe de l'échantillonneur de Gibbs avec recuit est donnée par l'algorithme III.3

III.4.2.2 Les algorithmes déterministes : l'ICM « Iterated Conditional Modes »

L'algorithme ICM est un schéma de relaxation déterministe dérivé des algorithmes de recuit simulé, en prenant une température **constamment nulle**. Ainsi les remontées d'énergie ne sont plus possibles et la transition d'une configuration à une autre, d'énergie inférieure, se fait d'une façon déterministe. La minimisation atteindra donc un minimum local, qui ne dépend que de la configuration initiale et du schéma de visite des sites, en un temps fini.

L'algorithme ICM maximise les probabilités conditionnelles locales en chaque site séquentiellement. D'une manière itérative, cet algorithme modifie à chaque étape les valeurs x_s de l'ensemble des sites de l'image. Mais à la différence des algorithmes stochastiques de type recuit la modification d'une valeur se fait ici de façon déterministe.

On construit donc, partant d'une configuration initiale $x(0)$, une suite d'images $x(n)$, convergeant vers une approximation du MAP \hat{x} recherché. Si $x(n)$ est la configuration courante, alors la valeur du pixel s est remplacée par l'un des modes de la distribution conditionnelle locale donnée par l'équation (10) connaissant les valeurs des pixels t voisins de s , d'où le nom de l'ICM (Iterated Conditional Modes = Modes Conditionnels Itérés) donné à cet algorithme.

De l'expression des distributions conditionnelles locales (équation 10) et si on considère la fonction d'énergie (équation 20), on déduit que l'étiquette retenue minimise sur Λ l'énergie locale suivante :

$$U_s(x^{s,t}, y_s) = \sum_{c \in C, s \in C} V_c(x^{s,t}) + U_s(x_s, y_s) \dots \dots \dots \text{(III-24)}$$

La description du principe général de l'algorithme ICM est donnée par l'algorithme III.4

Bien que cet algorithme converge en un temps fini, on peut le doter d'un critère d'arrêt reposant par exemple sur le nombre de sites ayant changé de configuration lors d'une ou deux visites complètes de S .

On peut distinguer trois types de stratégie de visite [BOUKER.00] :

- (i) le balayage selon un ordre prédéfini ;
- (ii) le balayage aléatoire ;
- (iii) le balayage proposé par Chou & Brown sous le nom d'optimisation HCF (pour *Highest Confidence First*) [GARF.92, BOUKER.00].

On montre que l'énergie globale de la configuration x diminue à chaque itération [GARF.92, BLOCH.05]. Cet algorithme, contrairement au recuit simulé, est très rapide (une dizaine de balayages

Algorithme III-4 : Algorithme ICM
<ul style="list-style-type: none"> • <i>Initialisation</i> : $x(0)$ • <i>Calculer</i> $x(n+1)$ à partir de $x(n)$ <ul style="list-style-type: none"> (1) <i>On balaie l'ensemble des sites</i> s (selon une stratégie de visite de site) $x_s(n+1) = \arg \min_{x \in \Omega} U_s(x^{s,t}(n), y_s)$ $n = n + 1$ (2) <i>Retour en (1) jusqu'à réalisation d'un critère d'arrêt.</i>

permettent d'arriver à convergence) et peu coûteux en temps de calcul puisqu'il ne nécessite que le calcul des énergies conditionnelles locales. En contrepartie, ses performances dépendent très fortement de l'initialisation puisqu'il converge vers un minimum local. L'ICM s'apparente à un recuit simulé gelé à température nulle ($T=0$), et peut donc rester bloqué dans le minimum énergétique local le plus proche de l'initialisation. Le recuit simulé, au contraire, grâce au paramètre de température et aux remontées en énergie qu'il autorise, permet d'accéder au minimum global (Figure III-5).

III.5 Application des MRF aux images Médicales 3D

De leur nature discrète dans la troisième dimension, les images médicales 3D consistent en une séquence d'images 2D échantillonnées à partir d'un organe 3D homogène. De cet effet, elles présentent une interaction spatiale très observable que ce soit au niveau d'une même coupe ou au niveau intercoupes. De plus, ces images présentent un état de textures compliqué reflétant un aspect aléatoire des motifs qui les génèrent. Ces deux importantes constatations favorisent notre choix de modélisation markovienne des images médicales.

Avant de proposer le modèle que nous allons mettre en oeuvre, quelques ingrédients doivent être préparés pour pouvoir parler d'une modélisation markovienne.

R.D.Paget dans [PAGET.99] a signalé qu'une modélisation markovienne d'une image doit assumer premièrement que l'image en question, consistant en un ensemble de textures homogènes, peut être représentée par un MRF. De plus, deux autres éléments, au moins, sont nécessaires pour créer un bon modèle markovien d'une image texturée :

1. **Etablissement du modèle mathématique** : c'est le processus qui définit la forme mathématique du modèle et établit les paramètres qui le gouvernent. A ce stade on répond aux questions suivantes :
 - a. Quel système de voisinage doit on mettre en oeuvre ?
 - b. Quel ensemble de cliques doit-on choisir ? Le modèle est il isotrope ? homogène ?
 - c. Quelle fonction doit on associer à une clique donnée ?...etc.
2. **Estimation des paramètres** : c'est le processus qui permet d'évaluer les paramètres du modèle pour choisir la combinaison qui permet de représenter au mieux possible l'image en considération. C'est un problème assez délicat !

Conformément au §III.2, l'application des MRF pour la segmentation de telles images s'effectuent généralement de deux modèles différents :

1. Segmentation bidimensionnelle de chaque coupe suivant le schéma décrit auparavant sans tenir compte des autres coupes.
2. Extension du modèle de Markov, décrit ci-avant, au cas 3D pour définir un modèle de Markov 3D.

Il est évident que l'avantage de la première approche réside dans sa vitesse, relative, cependant le motif principal évoquant l'application des MRF est ignoré en négligeant l'interaction spatiale assez solide que présente les coupes entre elles. Chose qui influe négativement sur les résultats de segmentation.

III.5.1 Modèle de segmentation proposé

Nous avons vu que le problème de segmentation d'une image observée Y se réduit à la recherche de l'étiquetage \hat{x} qui minimise la probabilité à posteriori $P(X = x/Y = y)$.

En supposant que l'indépendance des sites les uns par rapport aux autres et que le niveau de gris y_s en un site s ne dépend que de l'étiquette x_s en ce site (bruit non corrélé)¹, on aura :

$$P(Y = y / X = x) = \prod_{s \in S} P(Y_s = y_s / X_s = x_s) \dots\dots\dots (III-25)$$

Cette écriture n'est plus valable lorsqu'il y a une convolution par la fonction de transfert du système d'acquisition, mais on peut montrer que le champ a posteriori reste markovien dans le cas général de bruits [BOUKER.00, KATO.94, PEYR.01]. Montrons le sous la supposition précédente.

En effet, Le champs X est un MRF, sa distribution jointe est Gibbsienne donnée par :

$$P(X = x) = \frac{1}{Z} \exp\left\{-\frac{1}{T} \sum_{c \in C} V_c(x)\right\} \dots\dots\dots (III-26)$$

D'où (15) est équivalente à :

$$\begin{aligned} P(X = x / Y = y) &\propto \left(\prod_{s \in S} P(y_s / x_s) \right) \left(\frac{1}{Z} \exp\left\{-\frac{1}{T} \sum_{c \in C} V_c(x)\right\} \right) \\ &\propto \left(\exp\left[\ln\left(\prod_{s \in S} P(y_s / x_s) \right) \right] \right) \left(\frac{1}{Z} \exp\left\{-\frac{1}{T} \sum_{c \in C} V_c(x)\right\} \right) \\ &\propto \left(\frac{1}{Z} \exp\left[-\left(-\ln \prod_{s \in S} P(y_s / x_s) + \frac{1}{T} \sum_{c \in C} V_c(x) \right) \right] \right) \\ &\propto \left(\frac{1}{Z} \exp\left[-\left(\underbrace{-\sum_{s \in S} \ln P(y_s / x_s)}_{U1(x,y)} + \underbrace{\frac{1}{T} \sum_{c \in C} V_c(x)}_{U2(x)} \right) \right] \right) \dots\dots\dots (III-27) \end{aligned}$$

Où $P(y_s / x_s) = P(Y_s = y_s / X_s = x_s)$

C'est la formule donnée par la relation (III-16) démontrant que le champ à posteriori est markovien de fonction d'énergie : $U(x / y) = U_1(x, Y) + U_2(x)$. L'étiquetage recherché \hat{x} est celui qui minimise l'énergie globale $U(x / y)$.

La somme $\sum_{s \in S}$ dans le terme U1 est équivalente à $\sum_{s \in C1}$ où $C1$ indique la clique d'ordre 1. En fait, le terme U1 représente le cumul de l'énergie *des cliques d'ordre 1 (les singletons)*. Cette énergie reflète la possibilité de modéliser les étiquettes sans tenir compte de l'aspect contextuel du pixel en considération, au contraire elle est utilisée pour l'étiquetage des pixels indépendamment de leurs voisinages.

Si l'on suppose que la probabilité $P(y_s / x_s)$ est Gaussienne, autrement dit la variable aléatoire Y_s que le pixel s ait la valeur, niveau de gris, y_s sachant que son étiquette est λ , ou il appartient à la classe, x_s , suit une loi normale, une forte justification est donnée dans [MIGNOT.97]. Ainsi chaque classe $\lambda \in \Lambda = \{1, 2, \dots, K\}$ est représentée par sa moyenne μ_λ , éventuellement son vecteur-moyennes, et sa variance σ_λ , éventuellement sa matrice de covariances.

¹ Ceci veut dire que le bruit au niveau d'un pixel est indépendant du bruit au niveau d'un autre pixel.

De plus, Le champ des étiquettes est supposé markovien associé à un modèle de Potts , décrit dans le section III.3.6.2, qui vise à obtenir des zones homogènes compactes sur l'image segmentée. C'est un modèle largement utilisé en traitement d'images réputé pour sa simplicité et sa rapidité. Ainsi, la fonction d'énergie sera définie par ses deux termes suivants :

$$U_1(x = \lambda, Y) = \sum_{s \in S} \left(\frac{(y_s - \mu_\lambda)^2}{2\sigma_\lambda^2} + \ln(\sigma_\lambda \sqrt{2\pi}) \right) \dots\dots\dots (III-28)$$

$$U_2(x = \lambda) = \sum_{c \in C} V_2(x_c)$$

Remarquons que le terme U_1 impose sur le pixel s d'avoir des statistiques proches de celles de la classes λ sinon il sera exclu. (Si le terme U_2 n'intervient pas pour confirmer cette affectation).

Et si le champs X , supposé markovien, est isotrope et homogène sur des cliques non nulles uniquement pour l'ordre 2 sur un système bidimensionnel de 4 ou 8- voisinages, le terme U_2 devient :

$$V_2(x_c) = V_{\{s,r\}}(x_s, x_r) = \begin{cases} -\beta & \text{si } x_s = x_r \\ +\beta & \text{si } x_s \neq x_r \end{cases} \dots\dots\dots (III-29)$$

Le paramètre β est un facteur contrôlant l'homogénéité des régions¹. S'il est augmenté les régions résultats deviennent plus homogènes.

Ainsi, le modèle que nous avons présenté est défini complètement par un vecteur, noté Θ , de $2K+1$ paramètres tel que :

$$\Theta = \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \\ \mathbf{M} \\ v_{2K} \\ v_{2K+1} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mu_1 \\ \mu_2 \\ \mathbf{M} \\ \mu_K \\ \sigma_1 \\ \mathbf{M} \\ \sigma_K \\ \beta \end{pmatrix} \dots\dots\dots (III-30)$$

Dans le cas où le système de voisinage est *non isotrope*, le paramètre β n'est pas absolu mais dépend de la direction de la clique en question : $\beta_{(x_s, x_t)} \neq \beta_{(x_t, x_s)}$ pour désigner que l'influence du voisinage $V(x_s, x_t)$ est différent de l'influence inverse $V(x_t, x_s)$. De plus, si le système est *non homogène*, les paramètres $\beta_{(x_s, x_t)}$ dépendent de la position des pixels en question dans la grille ; ils s'écrivent alors $\beta_{(s,t, X_s, X_t)}$.

Dans tous les cas, le vecteur Θ regroupe l'ensemble de tous les paramètres du modèle dont le nombre augmente ou diminue selon la complexité du système de voisinage mis en œuvre.

Si les paramètres sont supposés être connus, à partir d'échantillons, alors on dit que le processus de segmentation est *supervisé*. Sinon on est dans le cas *non supervisé* et les paramètres doivent être estimés pendant le processus de segmentation.

¹ En fait cette formule suppose que la surface $X(x)$ est plate, par conséquent sa dérivée $X(x_{i+l}) - X(x_i) = 0$. (cf. [LI.95])

Dans le cas supervisé, un échantillon d'apprentissage représentant chaque classe doit être fourni pour pouvoir calculer les paramètres du modèle Gaussien : les moyennes (μ_λ) et les variance (σ_λ).

$$\forall \lambda \in \Lambda: \begin{cases} \mu_\lambda = \frac{1}{|S_\lambda|} \sum_{s \in S_\lambda} y_s \\ \sigma_\lambda = \frac{1}{|S_\lambda|} \sum_{s \in S_\lambda} (y_s - \mu_\lambda)^2 \end{cases} \dots\dots\dots (III-31)$$

Avec S_λ est l'ensemble des pixels appartenant à l'ensemble d'apprentissage de la classe λ . Quant au paramètre β il se calcule d'une manière empirique !

Dans le cas où l'on ne dispose pas d'échantillons représentatif des différentes classes, cas non supervisé, on peut avoir recours à des algorithmes d'estimation des paramètres tels que : *k-Means algorithm* (cf. §III.7.8) ou *the Expectation Maximization algorithm* (EM) [PEYR.01, BLOCH.05].

III.5.1.1 Incorporation de l'interaction intercoupe globale

Jusqu'ici, nous avons établi la formulation mathématique du modèle, défini la fonction associée à l'ensemble de cliques sur un système de voisinage bidimensionnel (4 ou 8 voisinage) ainsi que l'ensemble des paramètres commandant le modèle (le vecteur Θ). Le modèle est prêt à fonctionner une fois on définit aussi l'algorithme MAP qui minimise l'énergie globale et arriver à une réalisation acceptable, au sens MAP, de x .

- **Problème**: Le problème qui se pose maintenant réside au niveau du système de voisinage que nous avons défini comme étant bidimensionnel. Ce dernier agit uniquement sur un contexte local se limitant sur la coupe courante indépendamment des coupes voisines. Ceci conduit à un volume résultat non homogène exhibant des incohérences topologiques observables dans la troisième dimension.

- **Solution proposée**: La majorité des algorithmes de minimisation démarre d'une initialisation $X(0)$, le travail de l'algorithme alors est de faire converger cette initialisation vers une solution optimale au sens MAP. Une solution évidente pour incorporer l'information spatiale intercoupes présente dans les coupes 3D dans le système de segmentation est d'initialiser le processus de segmentation de la coupe i par la solution trouvée pour la coupe $i-1$.

La solution que nous venons de proposer suppose une continuité logique des coupes, i.e. coupes significatives (cf. IV.2.1) et traite l'interaction globale des coupes entre elles et non plus l'interaction locale exprimée par les pixels d'une coupe avec leurs homologues dans les coupes voisines.

III.5.1.2 Extension du modèle proposé au cas 3D – Interaction 3D locale

L'interaction locale des pixels, dans les images médicales 3D, est très évidentes résultant de la nature des coupes elles même. L'organe 3D d'origine est un objet homogène où ces tissus expriment une relation spatiale logique. L'échantillonnage de cet organe, suivant la troisième dimension, a engendré les coupes 2D objet de notre système de segmentation ; par conséquent la supposition d'une interaction spatiale locale des pixels est logique et justifiée.

Une manière d'intégrer cette information d'interaction 3D locale et d'étendre le système de voisinage défini ci-dessus pour qu'il agisse sur un contexte élargi à la troisième dimension (cf. Figure III-6). Les cliques intervenant alors pour le calcul de l'énergie locale, et par conséquent globale, se complique de plus en plus le voisinage est étendu.

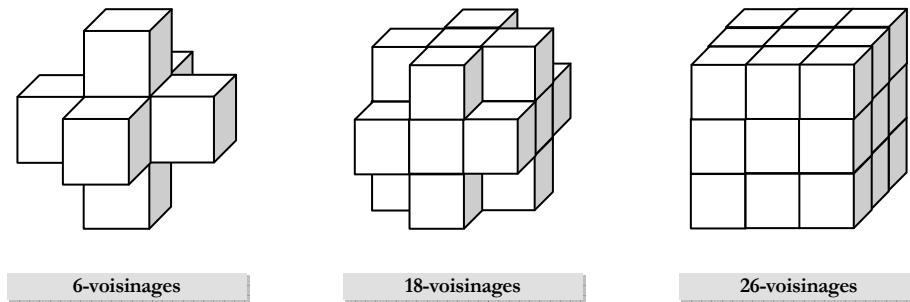


Figure III-6 Voisinages tridimensionnels d'ordre 1, 2 et 3 et plus

III.6 Processus de Segmentation

Le système de segmentation proposé dont l'architecture est présentée par la Figure III-7, il met en œuvre la théorie des Champs Aléatoires de Markov pour segmenter une séquence 3D d'images médicales consistant en N coupes bidimensionnelles en un ensemble de K régions chacune. Il procède à une segmentation itérative (coupe par coupe) en prenant en considération l'interaction spatiale *globale* des coupes entre elles et locale exprimée par les pixels voisins.

A l'entrée du système, la séquence d'images envisage deux chemins selon le but convoité de l'opération :

Cas d'apprentissage : la séquence d'images empruntera le chemin en pointillés pour constituer une entrée de type échantillons pour le module d'**APPRENTISSAGE**. Le rôle assumé par ce dernier est de calculer les paramètres du modèle gaussien adopté par le système pour décrire la distribution des niveaux de gris sur les observations conditionnées par leur étiquetage (champ d'attache aux données - Y/X). Les statistiques calculées seront stockées dans un fichier de paramètres.

Cas de Segmentation : la segmentation de la séquence s'achève en quatre étapes :

1- *Initialisation* : le système **INITIALISE** le modèle markovien de segmentation en définissant le système de voisinage adéquat avec son ensemble de cliques et leurs fonctions d'évaluation. La deuxième tâche assumée par le module d'initialisation et de formuler la fonction énergie à minimiser, ceci implique la définition du vecteur Θ . Il sera chargé à partir de la base des paramètres.

2- *Régularisation Markovienne -Recherche de la solution optimale* : l'étape précédente a complètement défini le modèle. La recherche d'une solution implique deux ingrédients : choix de l'algorithme d'optimisation confié au module **ALGORITHMES D'OPTIMISATION**, et la génération d'une solution initiale $X(0)$ confiée au module **GENERATION D'UNE SOLUTION INITIALE**. La mise en action de l'algorithme d'optimisation sur une coupe n lance le processus de régularisation markovienne pour aboutir finalement, après un certain temps, à la solution optimale estimée \hat{x} représentant la coupe n en sa version segmentée. Cette dernière peut constituer, à son tour, une entrée de type échantillons pour le module d'**APPRENTISSAGE** en vue de renforcer les paramètres du modèle de segmentation précalculés¹.

¹ Pour se placer de plus en plus dans les conditions de la loi des grands nombres.

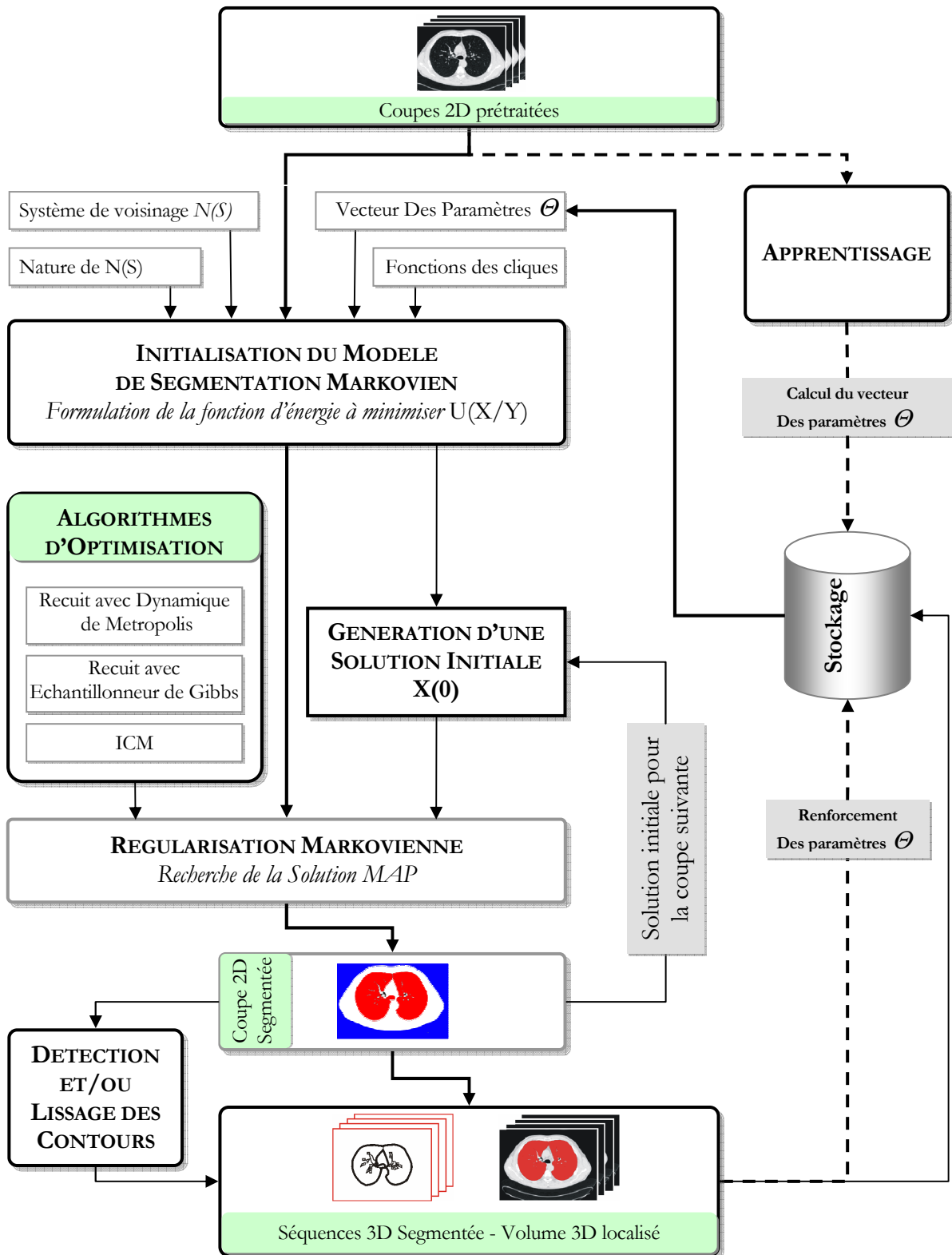


Figure III-7 Architecture du Système de Segmentation Tridimensionnelle proposé

3- *Détection et/ou Lissage des contours* : cette étape convertit la coupe segmentée en une image parlante en terme de contours (image binaire). Les contours généralement obtenus ne sont pas lisses, ils ont une forme brisée (en escalier), une étape de lissage est alors indispensable pour bien préparer le volume, coupe par coupe, à l'étape de Reconstruction du modèle 3D (chapitre IV).

4- *Itération* : cette étape ne fait qu'à avancer le système pour entamer la coupe suivante (n+1). En initialisant, éventuellement, l'étape 2 par la solution obtenue X(n).

Une fois l'ensemble de toutes les coupes est épuisé, le volume 3D est localisé le long de la séquence ; chaque coupe contient une version échantillonnée segmentée du volume. Ce volume constituera une donnée pour le processus de génération du modèle 3D détaillé dans le chapitre suivant (chapitre IV).

III.7 Tests & Résultats

Le système de segmentation qui vient d'être proposé a été implémenté en langage C++ sous l'environnement Borland Builder C++ 6.0 pour la plateforme Microsoft Windows. Si le choix du langage C++ est justifié, sans doute, le choix de l'environnement nécessite une justification. La souplesse offerte par Borland Builder du point de vue construction et manipulation de l'environnement visuelle est encore meilleure que le Visual C++, même dans la version « .Net » de ce dernier. L'inconvénient du Builder, à notre connaissance, est qu'il n'est pas beaucoup utilisé par la communauté scientifique. C'est pour cette raison que l'architecture du noyau du système a été construite indépendamment de tout appel à des fonctions de visualisation de la VCL et implémenté sous forme de **Classes** facilement migrables vers tout autre environnement visuel (y compris xWindow).

Les trois algorithmes d'optimisation sont implémentés pour un modèle de Potts isotrope et homogène défini sur un système de voisinage de 2D de 4V, 8V et 3D de 6V. Les fonctions potentielles sont définies pour l'ordre 2 par une fonction en tout ou rien.

Quant aux échantillons de tests, nous avons choisi différentes modalités d'images médicales contenant chacune une série de coupes. Le Tableau III-1 les images 3D impliquées dans les tests et leurs statistiques par régions résume quelques caractéristiques des différentes images 3D impliquées dans le test.

L'objectif des tests suivants est de mettre en relief la robustesse de l'approche markovienne dans un contexte de segmentation des images texturées en étudiant l'influence des différents paramètres du modèle adopté pour sortir finalement du meilleur jeu de paramètres correspondant à une segmentation de qualité acceptable pour chaque modalité d'images. Les principaux paramètres critiques du système sont les suivants :

1. Le paramètre d'homogénéité β : la croissance en valeur de ce paramètre pénalise les régions de petites tailles et favorise l'homogénéité des grandes régions
2. Le type de voisinage mis en action : limité au 4V, 6V ou 8V. Logiquement, plus que le voisinage impliqué est grand, plus que les régions obtenues sont plus homogènes.
3. Les paramètres de l'algorithme du recuit simulé : la température initiale et le coefficient de décroissance de la température. Tous les deux ont aussi influence sur le temps de convergence du système vers une configuration stable.
4. Le critère d'arrêt : le processus de régularisation peut s'arrêter pour plusieurs critères, on en cite : le nombre d'itérations, une valeur de température T_{\min} à atteindre ou lorsque la variation de l'énergie entre deux itérations successives est inférieur à un certain paramètre Epsilon prédéfini.

Et fortement sur, la qualité de la segmentation dépend largement de l'algorithme de régularisation utilisé variant entre l'ICM et les algorithmes de type recuit : échantillonneur de Gibbs et la Dynamique de Métropolis.

La stratégie de tests que nous allons appliquer consiste à comparer les trois algorithmes l'ICM, l'échantillonneur de Gibbs et la dynamique de Métropolis en faisant varier le paramètre dont on veut étudier l'influence, le temps où tous les autres paramètres sont fixés.

Les tests ont été mis en oeuvre sur un PC Pentium IV monoprocesseur de 2.8 GHZ et de 256 MO de RAM.

III.7.1 Calcul des paramètres du modèle

Pour que le système soit opérationnel, une étape d'apprentissage est nécessaire pour calculer les paramètres du modèle Gaussien adopté pour la description des classes, le vecteur θ , (cf. III.5.1). Le Tableau III-1 résume, pour chaque image 3D impliquée dans le test, le nombre de régions prises en considération et la moyenne et la variance pour chacune.

Tableau III-1 les images 3D impliquées dans les tests et leurs statistiques par régions							
Séquence	Modalité	Nombre de coupes	Taille L x H pixels	Nombre de classes	Paramètres des classes		Temps d'initialisation
					Moyenne	Variance	
a	IRM-T1	24	160x160	3	68.1741935483871	531.180409295873	46 ms
					200.169117647059	230.390516868512	
					2.02021403091558	6.40268295062359	
b	TEP	24	128x128	3	205.497333333333	432.983326222221	31 ms
					119.208333333333	152.515625	
					62.3897202342225	31.7993217824988	
c	CT	100	171x193	3	5.09371884346959	136.93638128486	32 ms
					117.112576064909	54.2479757168309	
					83.0239898989899	12.5208891312111	
d	CT	55	128x128	3	202.721428571429	957.058112244898	47 ms
					64.4437984496124	379.254593323718	
					0.00	0.00	
e	CT	379x305	379x305	3	81.9774774774775	115.034027270514	187 ms
					0.00	0.00	
					44.5323206205559	13.8960142010164	
f	IRM	58	256x256	4	62.6412698412698	22.2602015621063	187 ms
					0.263681202536601	3.12439690831107	
					16.2009419152276	98.8356035083999	
					88.2692307692308	396.068540433925	
G	Image synthétique	1	128x128	5	174.354146341463	645.341200577874	110 ms
					100.552796052632	534.553462576825	
					165.682723833544	530.043598129281	
					131.036764705882	1497.98130651399	
					109.33873015873	5130.89859521295	
H	IRM Cérébrale	1	317x316	4	203.61	190.13	188 ms
					0.00	0.00	
					129.15	129.65	
					64.52	117.33	

III.7.2 Initialisation du schéma de régularisation

Les algorithmes d'optimisation, décrits dans le § III.4.2, démarrent tous d'une solution initiales et la font converger par un processus de régularisation vers une solution optimale. Dans ce qui suit nous allons présenter une techniques utilisée par Z.Kato dans [KATO.94] pour générer une solution initiale faisant appel à l'algorithme du *Pseudo de Vraisemblance* (*Pseudo Likelihood*).

Pseudo de Vraisemblance: dans [KATO.94], segmentation des images SPOT, l'auteur propose d'utiliser l'algorithme d'Estimation par Pseudo de vraisemblance (**PV**) pour générer la solution initiale. Cet algorithme présuppose que les statistiques des différentes régions sont connues. Il affecte à un pixel s donné, partant de sa valeur de niveau de gris x_s , l'étiquette qui maximise sa probabilité suivant la loi de Gauss (cf. Algorithme 5).

Etant donné que la distribution des classes est supposée gaussienne, les pixels seront classés suivant leurs statistiques proches de chaque région.

Algorithme III-5 : Initialisation suivant l'algorithme de PV

Entrées : Y = Image à niveaux de gris ; K = nombre de régions ; $\Theta = (\lambda_i, \delta_i)_{i=1..k}$ vecteur moyennes et variances

Sorties : **imageEtiqInit** : image étiquetée initiale

Pour chaque pixel s de S

$P_{max} = 1$; **imageEtiqInit** (s) = 1 ;

Pour chaque étiquette λ de 2 à K

$$P = \frac{1}{\sqrt{2\pi\delta_\lambda^2}} \exp\left(\frac{-(y_s - \mu_\lambda)^2}{2\delta_\lambda^2}\right)$$

Si ($P > P_{max}$) $P_{max} = P$; **imageEtiqInit** (s) = λ ;

FPour

FPour

La Figure III-8 présente les résultats d'application de cet algorithme sur quelques images médicales et une image synthétique. Le Tableau III-1 en donne quelques statistiques concernant la taille, le nombre de classes envisagées et le temps consommé par l'algorithme d'initialisation pour chaque image.

On remarque bien que les différentes initialisations sont bonnes et proches de l'image segmentée à laquelle on veut aboutir, ceci veut dire que la supposition d'une distribution gaussienne est assez proche de la réalité. L'exception est un petit peu élevée pour la coupe CT_GENOU1 (coupe 'C') et elle est plus élevée pour l'image synthétique. De plus l'initialisation est sensible aux bruits (coupes a, e, f). Le processus de régularisation markovienne a la charge de corriger les pixels mal affectés (Figure III-8-a- et III-8-b).

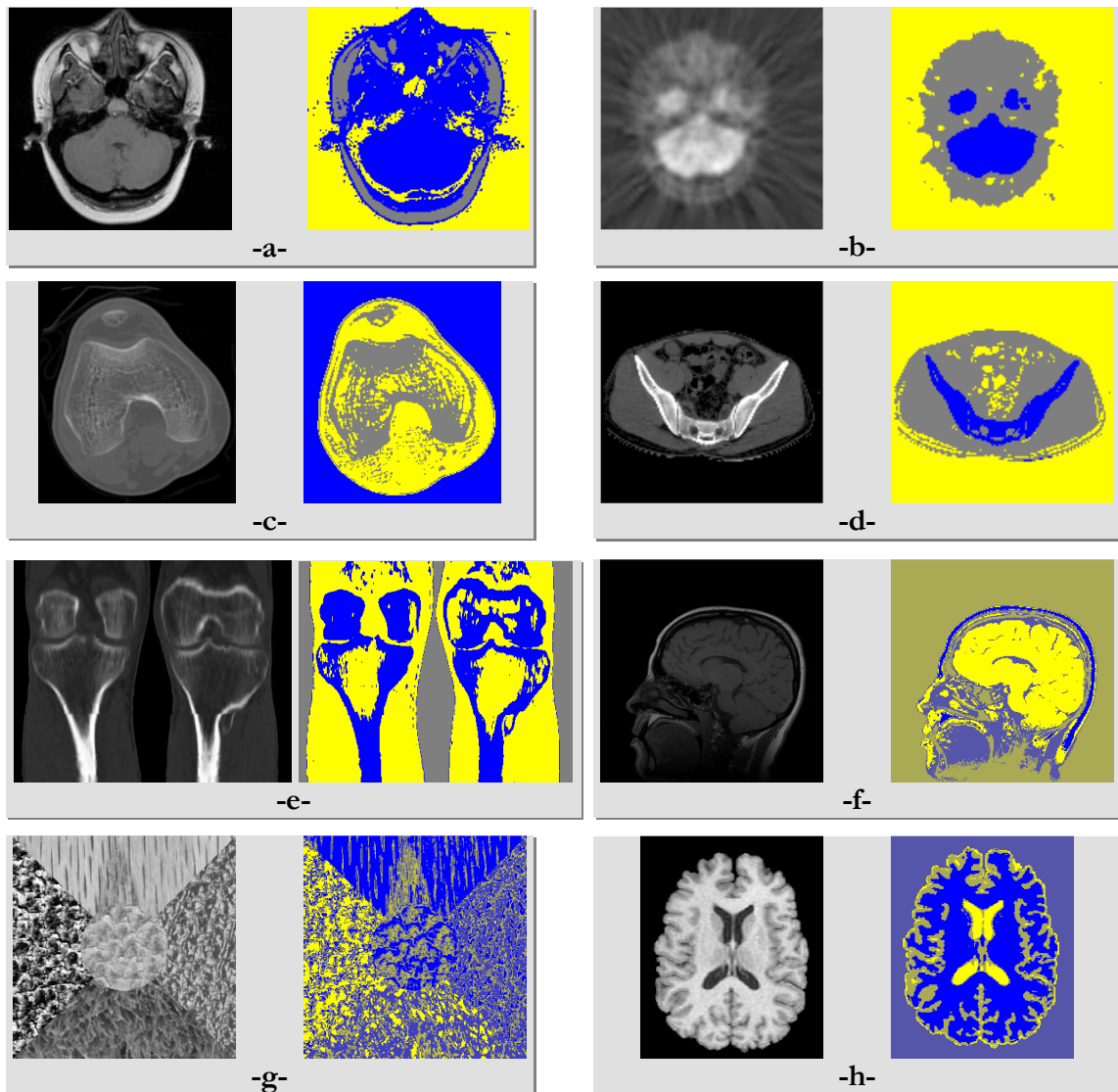


Figure III-8 Génération d'une solution initiale en utilisant l'algorithme du ML

(a) coupe IRM cérébrale (b) coupe TEP cérébrale (c) coupe CT Bassin (d) coupe CT genou1
 (e) coupe CT genou2 (f) Coupe IRM Cérébrale Sagittale (g) image de synthèse (h) image IRM Cérébrale

III.7.3 L'influence du paramètre β

Nous avons déjà souligné que le rôle du paramètre β est d'homogénéiser, au sens de lissage, les régions segmentées. Il soutient, lorsqu'il subit une croissance en valeurs, la construction de larges surfaces en renforçant les contraintes de voisinage pénalisant ainsi les petites régions. *Z. Kato* dans [KATO.94] a porté que la valeur de 0,98 donne des résultats satisfaisant pour des images SPOT. *Dj. Boukerroui* dans [BOUKER.00] a étudié son choix sur la valeur de 0,5 pour des images échographiques.

Les Figure III-9 présentent quelques résultats de segmentation pour différentes valeurs de β . Trois principales remarques sont à tirer :

1. L'effet de lissage obtenu par les valeurs croissantes de β . Les petites régions, parasites pour $\beta = 0$, disparaissent de plus en plus β s'accroît donnant lieu à des formes plus propres et des contours plus francs mais malheureusement le détails des différentes régions de plus en plus disparaissent .
2. lorsque l'image présente des régions à textures uniforme, le cas des images CT, le résultat de l'ICM et très comparable à celui du Recuit-Gibbs. Mais dès que la texture présente un aspect textuel non uniforme le résultat du Recuit est nettement supérieur de l'ICM (Figure III-9 –g-).

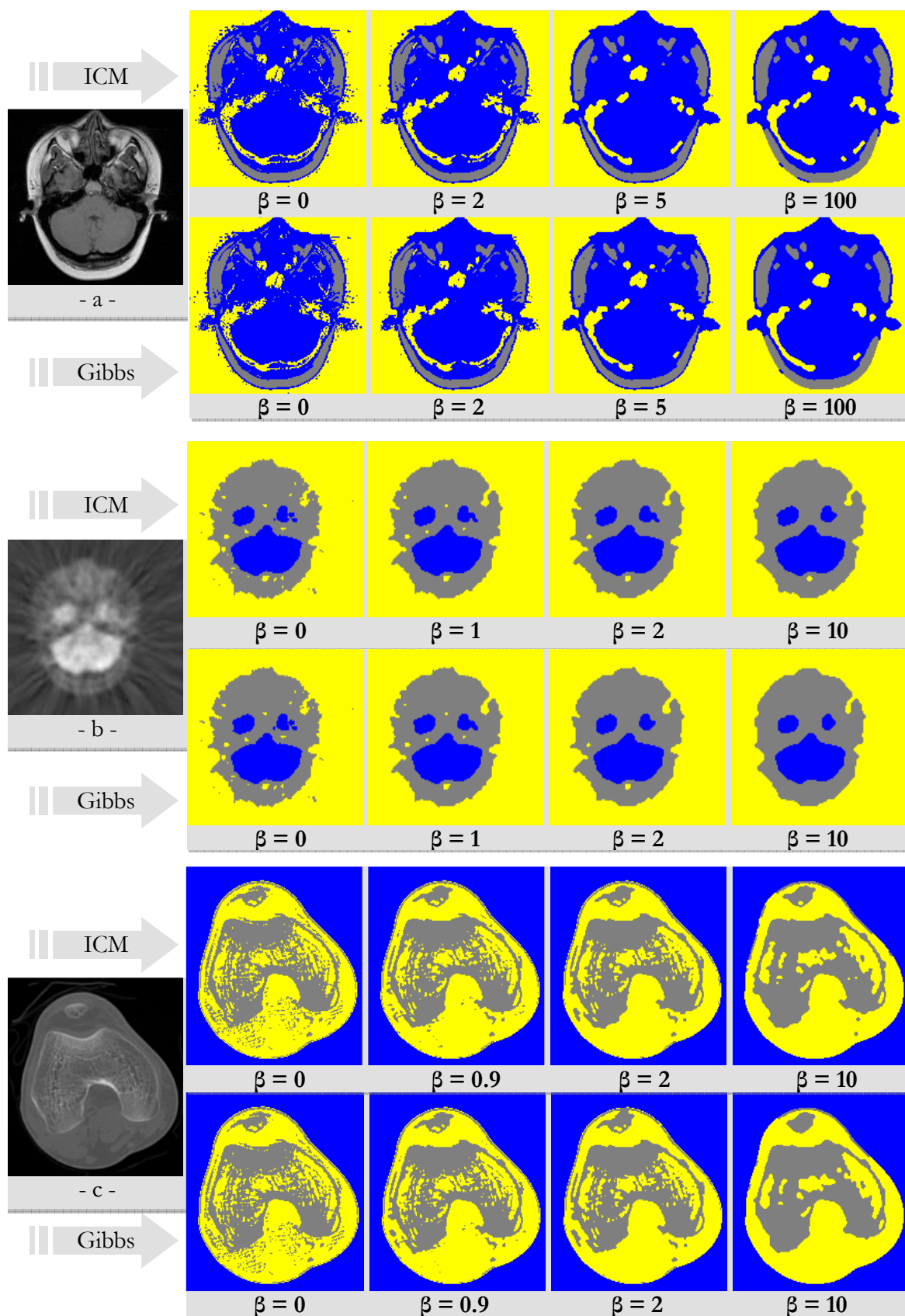


Figure III-9 -a- Résultats segmentation en utilisant l'ICM et le recuit Gibbs pour différentes valeurs de β

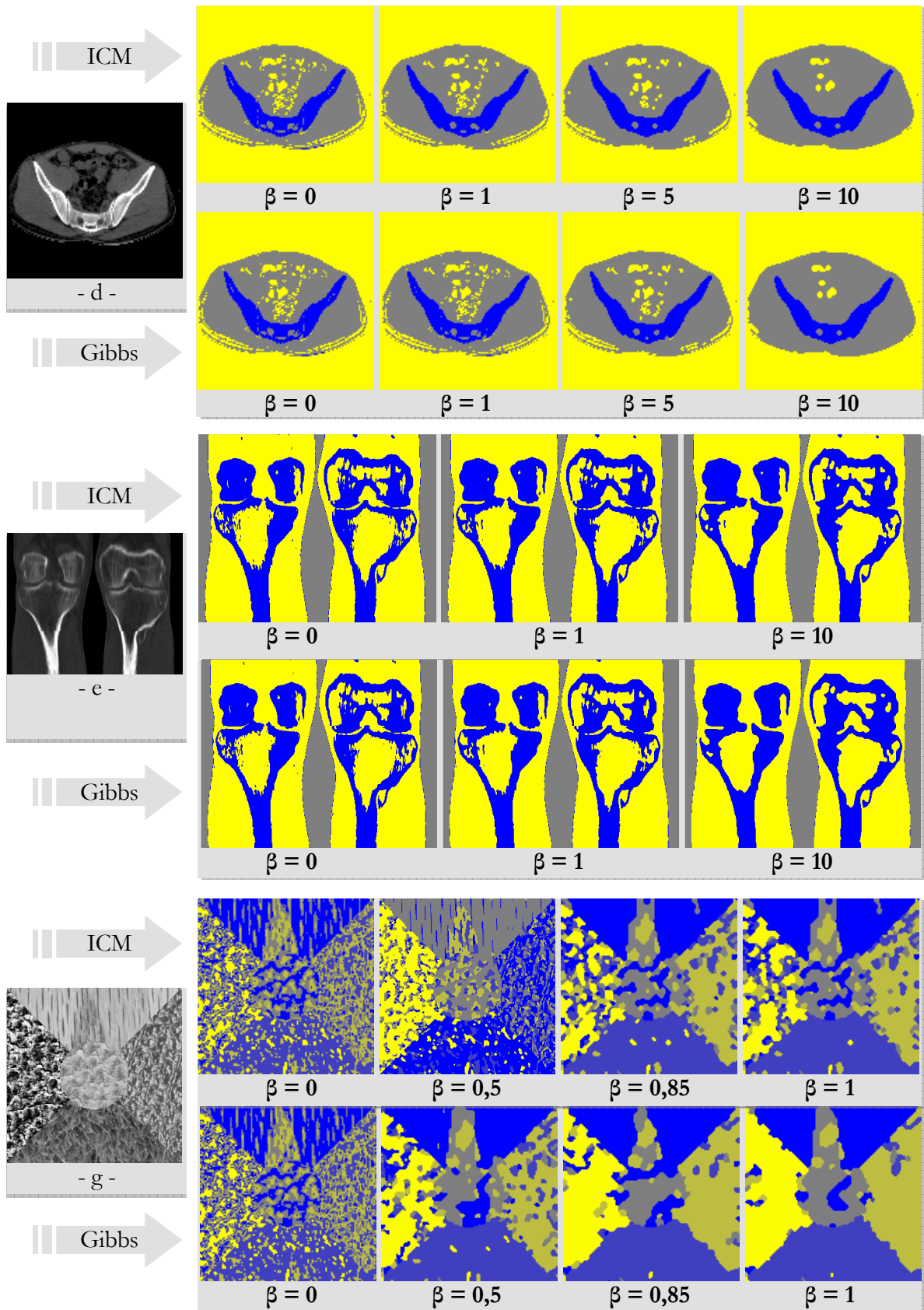


Figure III-9 –b- Résultats segmentation en utilisant l'ICM et le recuit Gibbs pour différentes valeurs de β

3. la valeur de $\beta = 1$ correspond à des résultats acceptables pour toutes les images.
4. on peut dire que l'augmentation de la valeur de β joue un rôle de filtrage antibruit. Le cas de l'image IRM T2 (l'image -a-) souffre de trop de bruit au passage du fond noir vers la zone blanche. Mais toujours au détriment des petites zones qui peuvent être utiles.

III.7.4 L'influence du Système de voisinage N

La propriété de markoviennité, introduite par la relation III.6, est définie en terme des pixels voisins à un pixel donné selon une relation de voisinage. L'affectation de ce pixel à une classe ne peut être effectuée qu'après **concertation** de ses voisins.

La relation de voisinage est généralement définie en terme de distance euclidienne caractérisée par son ordre dont les plu utilisées sont celle d'ordre 2 et 3 donnant lieu à un système de voisinage de 4-connexité (4V) et 8-connexité (8V) (Figure III-3 Voisinages bidimensionnels d'ordre 1 et 2 et les cliques associées d'ordre 1, 2, 3 et 4).

Le système de voisinage est lié aussi à la forme et la direction de liaison entre un pixel et ses voisins. Cette liaison donne naissance à la notion de cliques. On parle souvent de cliques d'ordre 1, 2 et 3 (Figure III-3 Voisinages bidimensionnels d'ordre 1 et 2 et les cliques associées d'ordre 1, 2, 3 et 4).

Dans ce qui suit nous allons discuter l'influence de l'ordre des cliques sur la qualité de segmentation. Nous nous limitons aux cas bidimensionnel de 4V et 8V puis tridimensionnel de 6V. Le potentiel est défini sur les cliques selon le modèle de Potts.

La Figure III-10 résume les différents résultats obtenus en appliquant l'algorithme du Recuit-Gibbs sur les images (a, b, c, d, e, f et g) pour des valeur de voisinage 4V et 8V.

La supériorité du **voisinage 8V** est assez claire, et aussi logique, mais au prix d'un temps de calcul plus important.

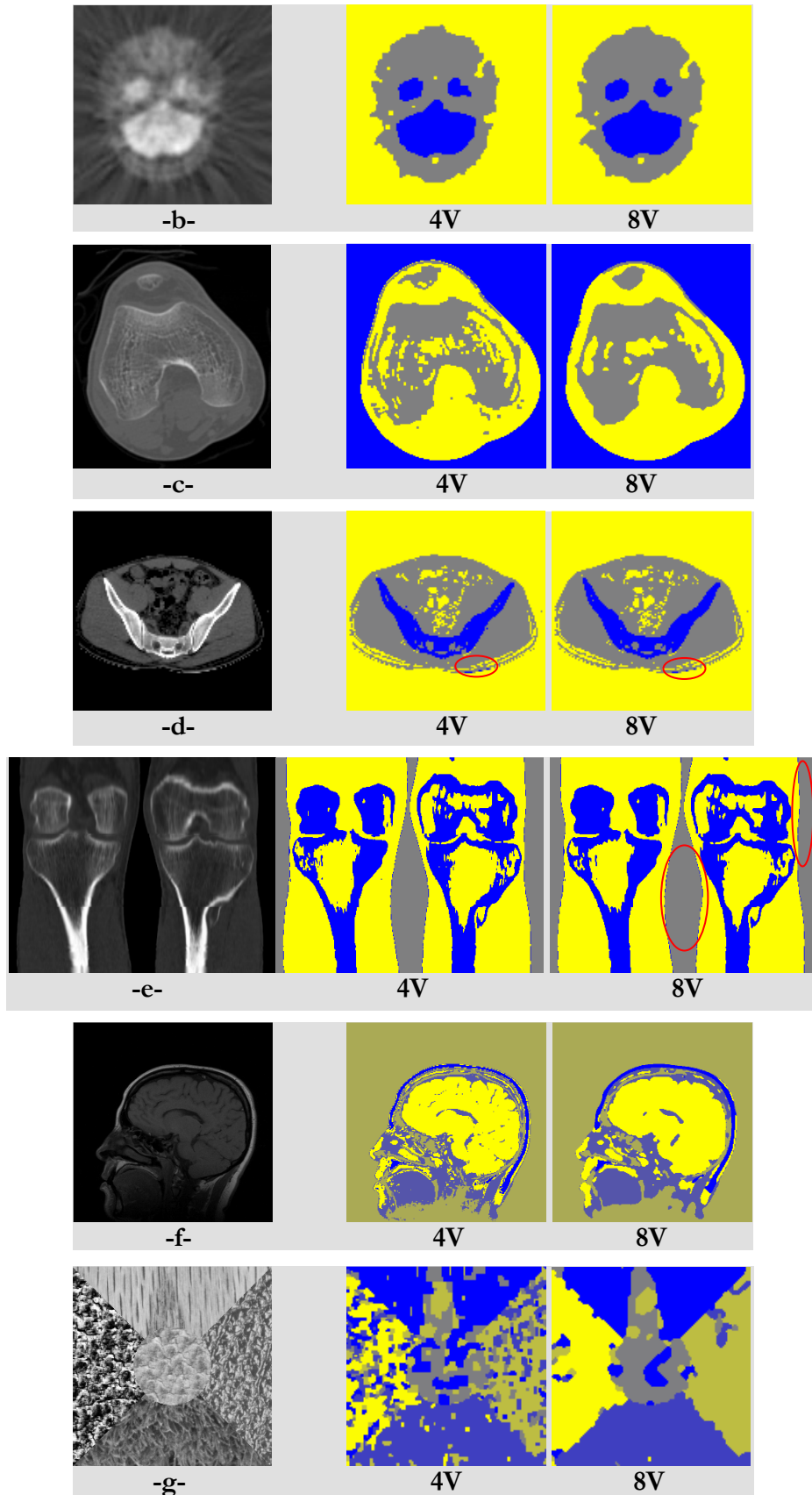


Figure III-10 l'influence du système de voisinage sur la qualité de segmentation.
 [Recuit – Gibbs pour (a) $\beta = 2$, (b) $\beta = 5$ (c) $\beta = 10$ (d, e, f, g) $\beta = 1$]

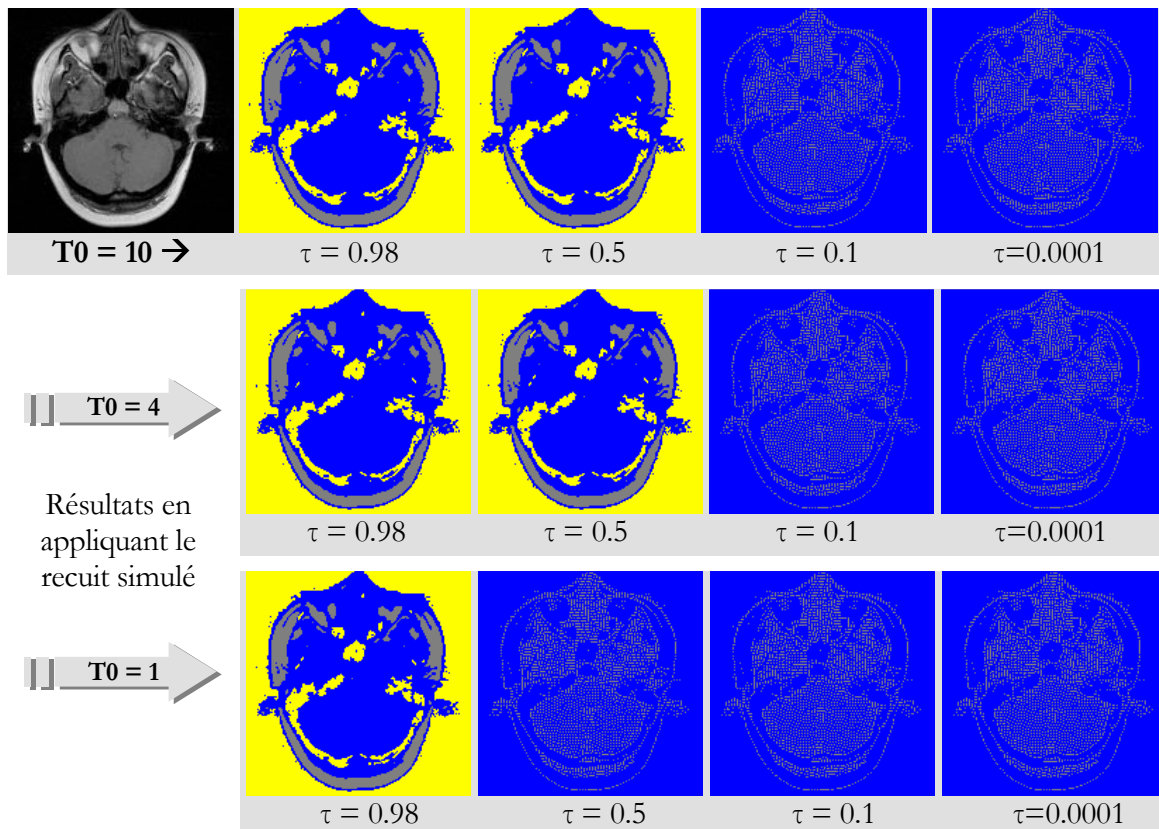
III.7.5 L'influence de la température initiale et le coefficient de refroidissement sur les algorithmes Recuit Gibbs et le Recuit Métropolis

Le principe de l'algorithme de recuit simulé est de faire élever le système à une haute température, configuration totalement instable, et de faire décroître la température à un rythme très lent pour que le système dissipe son énergie au même rythme lent de la température. La différence principale entre le recuit Métropolis et le recuit Gibbs est que le premier ne passe à la configuration suivante qu'après la stabilisation du système sur la configuration courante.

La Figure III-11 résume les différents résultats obtenus en appliquant les algorithmes du Recuit-Gibbs et celui de la dynamique de Métropolis sur quelques images pour différentes valeurs de la température initiale T_0 et le coefficient de décroissance. Les quatre remarques suivantes peuvent être décelées :

1. Les deux algorithmes répondent bien pour les valeurs élevées de la température (typiquement pour des valeurs > 0.75).
2. Le recuit Gibbs est sensible à la température initiale et il est beaucoup plus sensible au coefficient de décroissance. Quant au recuit-Métropolis, il tourne autour de l'initialisation lorsque ces deux paramètres décroissent en valeurs.
3. Lorsque la température est basses alors que le coefficient de décroissance est rapide ($\tau \leq 0.5$) la convergence, pour le Recuit-Gibbs, n'est pas atteinte et l'image segmentée est monochrome.
4. La paire $(T_0, \tau) = (4, 0.98)$ s'avère donner de bon résultats tant sur la qualité que sur le temps consommé.

→ L'ICM, étant un cas particulier de recuit à une température constamment nulle, il est indépendant de ces paramètres.



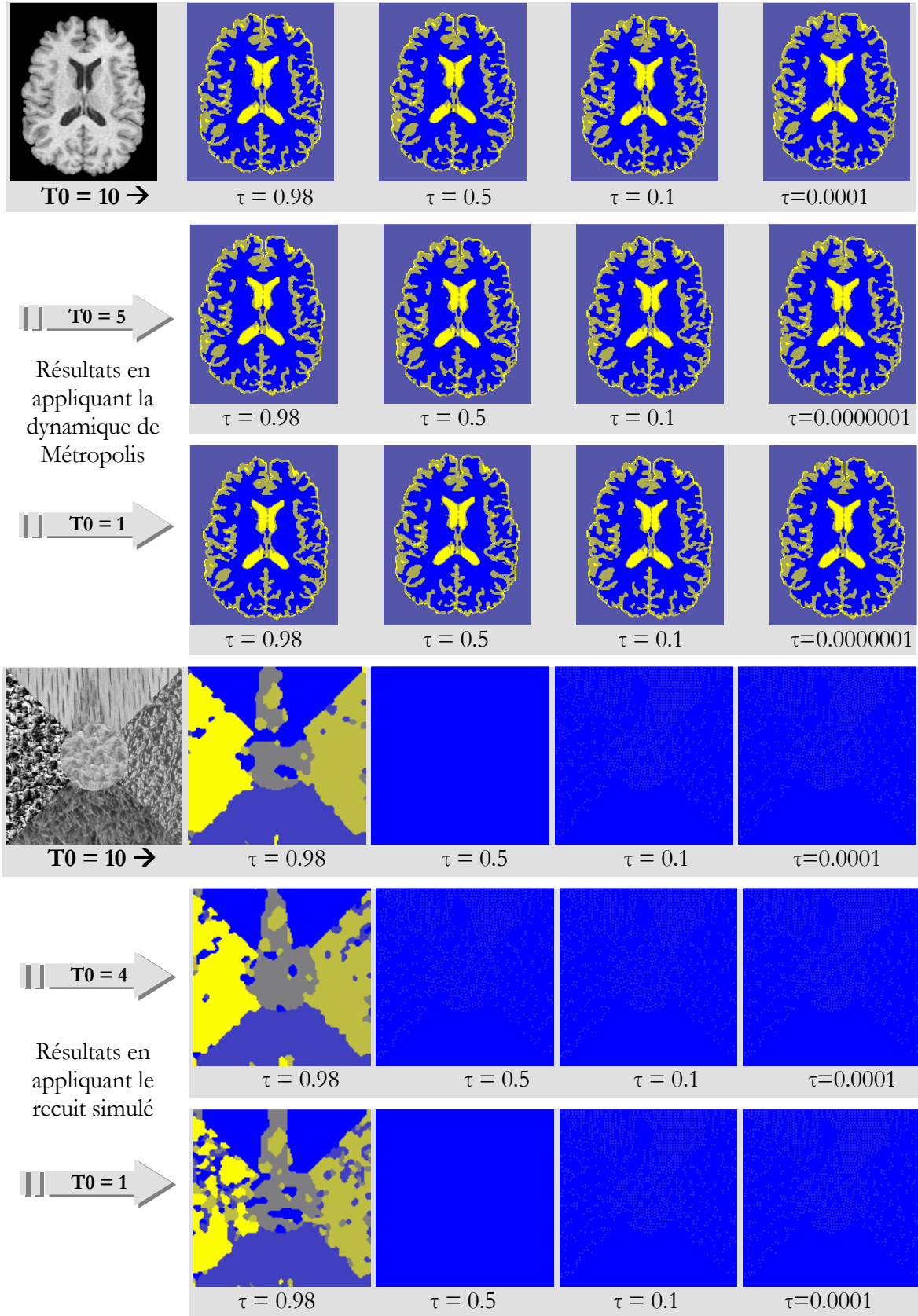


Figure III-11 l'influence de la température initiale T_0 et le coefficient de décroissance τ .

III.7.6 La convergence du processus de régularisation

Le dernier paramètre que nous allons étudier est le critère d'arrêt du processus de régularisation et sa relation avec la qualité des résultats et le temps consommé pour se converger. Plusieurs critères d'arrêt peuvent être mis en œuvre :

- Le nombre d'itérations effectuées (une itération est un parcours complet de toute l'image).
- La décroissance de la température jusqu'à arriver à une valeur T_{min} .
- le taux de changement de l'énergie.

Nous avons implémenté le dernier critère, le processus de régularisation s'arrête si le taux de changement de l'énergie entre deux itérations successives est inférieur à un certain ξ défini à priori. Le Tableau III-2 et la Figure III-12 résument quelques statistiques concernant la segmentation complète de chaque image 3D (a, b, c, d, e, f).

Tableau III-2 les images impliqués dans les tests et leur temps d'exécution							
Séquence	Nombre de coupes	Taille d'une coupe L x H pixels	Nombre de classes	Initialisation	Segmentation $\beta = 1, T_0 = 4, \tau = 0.98$		
					Algorithme	Nb itérations/coupe	Temps Total de segmentation (secondes)
a	24	160x160	3	46 ms	ICM	3	9,015
					Gibbs	6	39,905
					Métropolis	4	5,953
b	24	128x128	3	31 ms	ICM	2	3,874
					Gibbs	3	12,095
					Métropolis	2	2,233
c	100	171x193	3	32 ms	ICM	9	85,763
					Gibbs	49	717,634
					Métropolis	5	44,015
d	55	128x128	3	47 ms	ICM	2	11,049
					Gibbs	4	15,438
					Métropolis	2	7,080
e	223	379x305	3	187 ms	ICM	2	542,877
					Gibbs	92	6.746,642
					Métropolis	2	378,519
f	227	179x256	4	110 ms	ICM	3	160,814
					Gibbs	32	958,984
					Métropolis	3	95,980

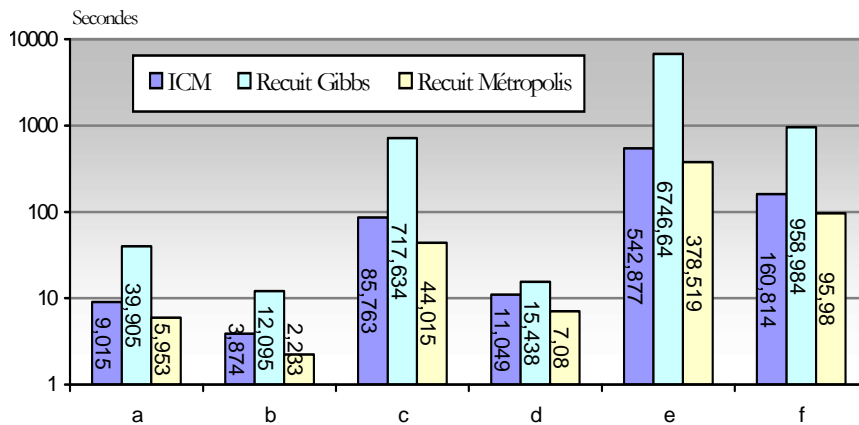


Figure III-12 – Convergence du processus de régularisation

Le Recuit-Gibbs est très gourmand en terme de temps d'exécution

L'appétit du Recuit-Gibbs en temps de calcul est assez clair.

Signalons aussi que d'autres paramètres ont également influence sur le temps d'exécution, en particulier le type du système du voisinage impliqué dans le processus de segmentation, variant entre (4-V, 6-V et 8V). Pratiquement, le 8-V consomme le double de temps d'exécution de 4V pour le ICM et le trois tiers pour le Recuit-Gibbs.

III.7.7 Critiques du modèle adopté

Le modèle de segmentation qui vient d'être décrit, dans sa globalité, a donné des résultats acceptables surtout lorsque l'image présente des textures homogènes. Cependant, il présente quelques limitations :

1. Le modèle adopte une segmentation supervisée pour établir les paramètres du modèle Gaussien, ceci présume qu'on dispose toujours d'échantillons de chaque classe pour les apprendre. L'étape d'apprentissage est en fait très délicate, il faut bien choisir les échantillons de telle sorte qu'ils représentent avec exactitude les classes. Mais, pratiquement, il est difficile de le faire surtout lorsque les classes présentent des textures proches entre elles en terme de

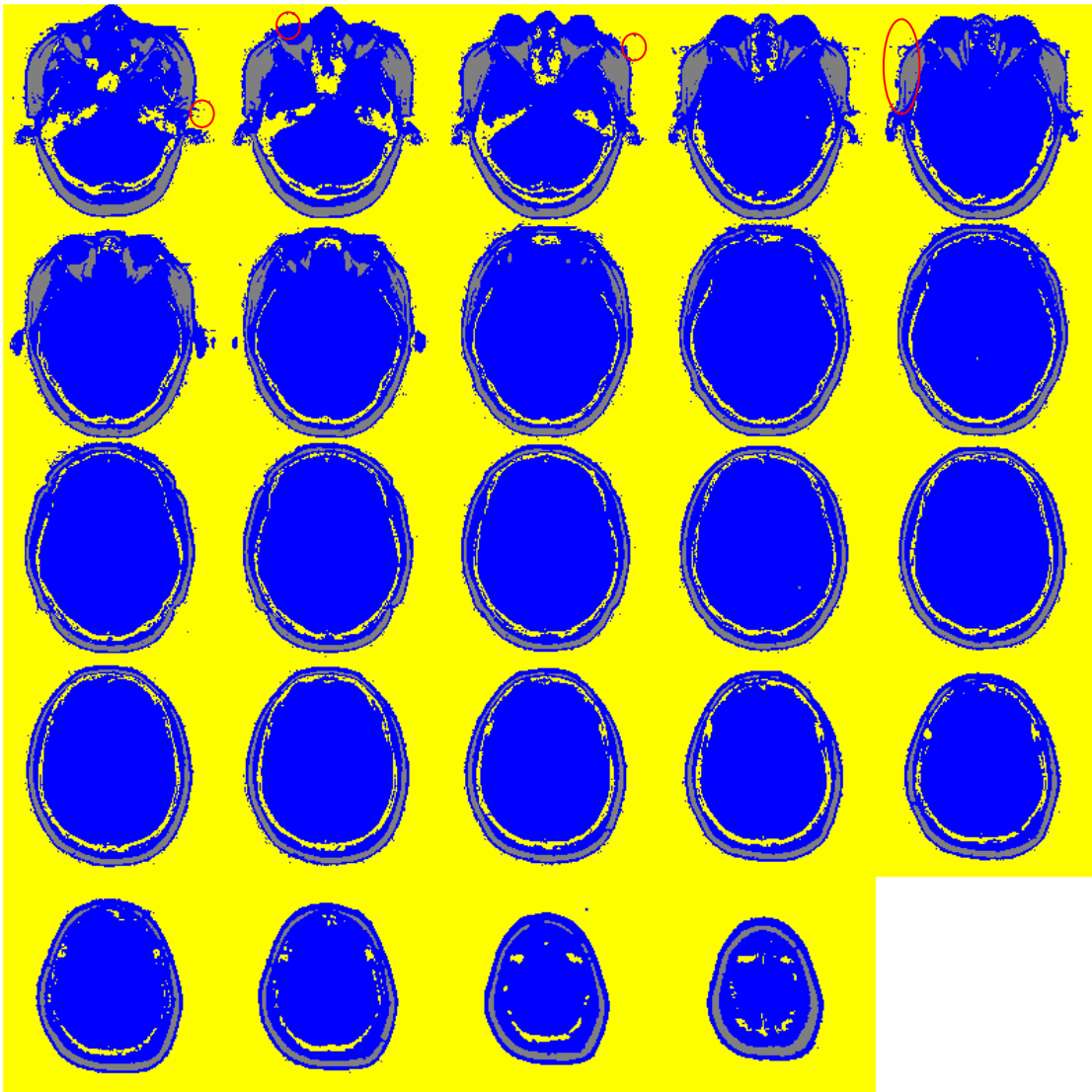


Figure III-13 résultats de segmentation de toutes les coupes de la séquence Skull IRM
[Recuit – Gibbs pour nombre de classes =3, Voisinage = 8V, $\beta = 1$, $T_0 = 4$, $\tau = 0.98$ et epsilon = 0.00001]

statistiques.

2. L'apparition de quelques petites régions parasites (marquées sous forme d'ellipses rouges sur toutes les images en particulier Figure III-13) ayant un effet indésirable sur le modèle 3D reconstruit. Ce problème peut être réglé en faisant augmenter la valeur du paramètre β , mais malheureusement l'augmentation de ce paramètre en valeur condamne aussi bien les parasites que les petites régions utiles appartenant à la ROI.

Pour régler ces deux problèmes, nous allons présenter dans la section suivante un algorithme de segmentation non supervisé largement utilisé en analyse d'images : *l'algorithme des K-Means* en le faisant incorporer dans une régularisation markovienne.

III.7.8 Segmentation non supervisée : l'algorithme des K-Means

Cet algorithme vise à regrouper les pixels en k régions distinctes; k étant fixé au préalable. Il se base sur les niveaux de gris des pixels. On affecte aléatoirement chaque pixel à une région et on itère comme suit: les centres des différentes régions sont recalculés et chaque pixel est de nouveau affecté à une région en fonction du centre le plus proche. La convergence est atteinte lorsque les centres sont fixes [PHAM.00, LAKARE.00].

En terme de minimisation, les pixels S sont répartis en K régions à chaque itération. Notons (C_1, C_2, \dots, C_k) l'ensemble des centres des K régions. Leurs valeurs sont recalculées par moyennage de celles des pixels de la classe. Un pixel S se voit affecter la classe j si sa distance par rapport à y_j est minimale par rapport à toutes les autres classes. Ceci peut se formaliser de la manière suivante: Chacun des pixels est attribué à une classe grâce à la fonction

$$f : \{x_1, \dots, x_n\} \longrightarrow \{1, \dots, k\} \dots\dots\dots (III-32)$$

$$x_i \longrightarrow f(x_i)$$

On obtient des classes compactes en minimisant l'expression suivante :

$$J = \sum_{i=1}^n \|x_i - C_{f(x_i)}\|^2 \quad \text{avec } C_i \in [0..256] \dots\dots\dots (III-33)$$

Pour f fixée, J est minimum lorsque les centres (C_1, C_2, \dots, C_k) correspondent respectivement aux barycentres des classes $f^{-1}(1), f^{-1}(2), \dots, f^{-1}(K)$.

Algorithme III-6 : Principe de l'algorithme des K-Means

Entrées : $Y =$ Image à niveaux de gris ; $K =$ nombre de régions ;

Sorties : $X :$ image segmentée

1. **Affecter** aléatoirement chaque pixel de Y à une des K classes

2. **Recalculer** les centres de chacune des K classes :

$$C_i = \left(\sum_{x \in f^{-1}(i)} x \right) / \text{card}(f^{-1}(i))$$

3. **Réaffecter** chaque pixel à la classe dont le centre est le plus proche :

$$f(x_i) = \arg \min_{l \in 1..k} \|x_i - C_l\|$$

4. **Répéter** les étapes 2 et 3 Jusqu'à ce que la convergence soit atteinte (barycentres fixes).

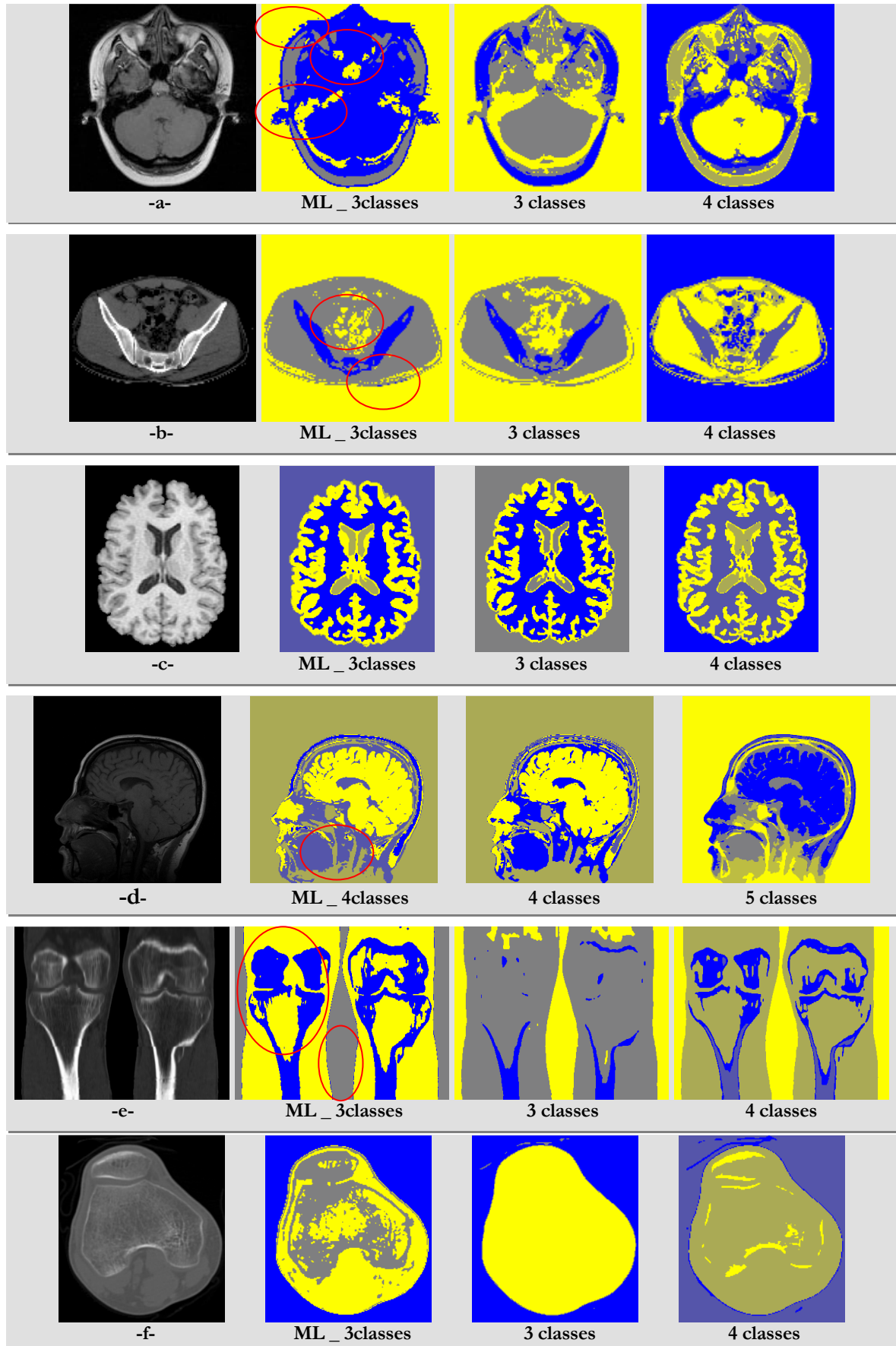


Figure III-14 résultats de segmentation du K-Means avec une régularisation markovienne (ICM)

Nous allons incorporer cet algorithme dans une régularisation markovienne. Le terme régularisateur gardera le modèle de Potts défini sur une politique en tout ou rien. Quant au terme d'énergie d'attache aux données, pour le couple y_s/x_s , il aura comme valeur la distance $\|y_s - C_{x_s}\|$.

La Figure III-14 présente quelques résultats d'application de l'algorithme sur des images médicales. Les remarques suivantes peuvent être décelées :

1. Les résultats des K-Means sont nettement supérieurs en qualité par rapport à ceux du ML. Les régions sont plus homogènes et les contours sont plus francs. Les parasites sont presque disparus
2. Plus que le nombre de classes est grand plus que les détails des régions apparaissent et la qualité est meilleure.
3. l'algorithme des K-Means a échoué dans les cas 'e' et 'f' devant le ML où il a excellé.
4. En terme de temps d'exécution, le K-Means est gourmand comparé au ML (cf. Figure III-15).

III.7.8.1 Amélioration de la segmentation : le K-Means avec une moyenne locale

Nous proposons dans ce qui suit une version semi supervisée combinée des deux modèles précédents. L'inconvénient de l'algorithme précédent est que la décision prise au niveau d'un pixel donné porte sur sa valeur en niveau de gris uniquement par rapport aux moyennes globales des régions en ignorant son voisinage. Pour améliorer le comportement du modèle de segmentation précédent, le processus d'affectation doit avoir un pouvoir de décision assez consistant. Cette amélioration consiste à impliquer le voisinage du pixel en considération. Ainsi, un pixel donné se voit attribuer une étiquette selon **une moyenne locale** sur une fenêtre de taille $n*m$ pixels l'entourant.

Les Figure III-15 et Figure III-16 présente le résultat de segmentation de quelques images médicales en appliquant cet algorithme vis-à-vis des deux algorithmes précédents. De cette figure on peut dire :

1. L'algorithme des moyennes locales a pu surpasser l'échec du K-Means dans les cas -e- et -f-. Il a pu aussi surpasser l'inconvénient du ML empêchant l'apparition des petites régions parasites.
2. Là où les trois algorithmes connaissent succès, le K-Means excelle en qualité.
3. Le ML est meilleur en terme de temps d'exécution, le temps où l'algorithme des Moyennes locales est très gourmand le K-Means se contente d'être entre les deux (cf. Figure III-15).
4. les valeurs croissantes du voisinage condamnent l'apparition les petites régions (effet de lissage).
5. Pratiquement un voisinage de taille 3x3, voire de 5x5, permet de donner des résultats acceptables en qualité.

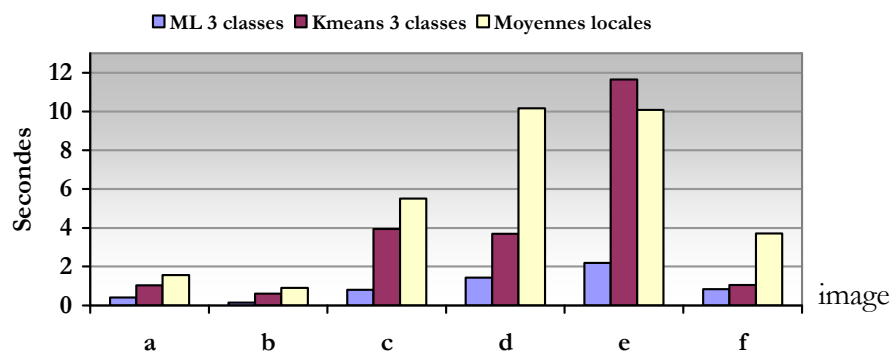


Figure III-15 – Performance des trois algorithmes en terme de temps d'exécution

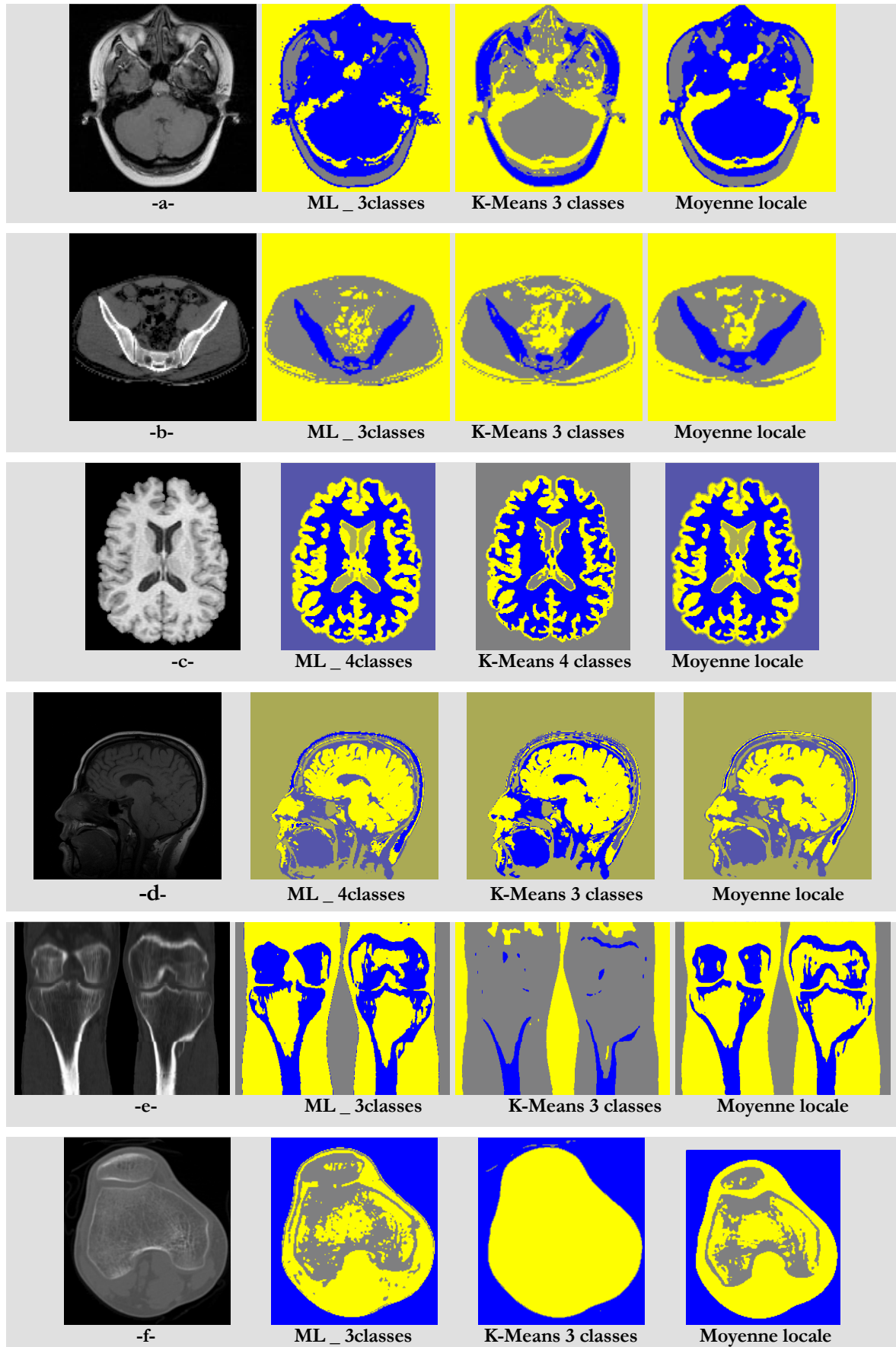


Figure III-16 résultats de segmentation de la Moyenne locale

III.8 Conclusion

En analyse d'images, la segmentation est l'opération la plus délicate, elle est invoquée presque dans toutes les applications traitant une image. Elle permet de passer d'une image muette à une image parlante en terme d'objets. Dans un contexte médical, ce passage se heurte encore à d'autres problèmes dus principalement à l'état critique du domaine d'un côté et à la nature des images médicales par leurs volume gigantesque et leur variantes modalités d'un deuxième et de la complexité des tissus humains d'un troisième côté. Ce qui justifie l'intervention fréquente du praticien ou de son expertise.

Aujourd'hui, on se retrouve devant un nombre considérable de méthodes de segmentation qu'il est difficile de classer en dehors du schéma général régions versus frontières. Cette classification est basée sur la façon dont on définit les objets dans une image. La plupart de ces méthodes, d'origine bidimensionnelles, sont étendus au cas tridimensionnel pour s'adapter à une segmentation 3D.

La nature des tissus humains présente un aspect d'interactions très observable soit au niveau du même tissu exprimée par la texture plaquée à lui, soit au niveau inter-tissus exprimée par la juxtaposition de ces derniers les uns au voisinage des autres. En fait, l'organe 3D d'origine est un objet homogène où ces tissus expriment une continuité spatiale logique. L'échantillonnage de cet organe, suivant la troisième dimension, a engendré les coupes 2D objets de notre système de segmentation. Par conséquent la supposition d'une interaction spatiale locale et globale des pixels trouve bien ses arguments.

Cette constatation oblige le processus de segmentation de formuler un algorithme capable de modéliser cette information de continuité spatiale '*discrète*'. La théorie des Champs Aléatoires de Markov se voit très prête à modéliser cet aspect d'interaction que ce soit intra ou inter-tissus.

La modélisation markovienne du problème de la segmentation suppose que l'image à segmenter et l'image segmentée sont des réalisations de deux champs aléatoires de Markov X et Y gouvernés, chacun, par une distribution Gibbsienne. Cette modélisation nous ramène à un contexte à données incomplètes où chaque pixel présente deux informations distinctes : l'une observée se représentant en son niveau de gris, ou autres propriétés, et l'autre cachée consistant en son étiquette qu'on cherche. Le théorème de Hammersley-Clifford, malgré sa grande utilité, ne permet pas d'accéder directement à la probabilité d'une configuration donnée x de X vue que la constante Z est incalculable. La segmentation a donc pour objectif d'inverser le processus et de remonter à une réalisation x de X à partir de l'observation des données y

Nous nous ramenons ainsi à l'estimation Bayésienne suivante : nous cherchons l'estimation MAP du champs d'étiquettes en minimisant une fonction d'énergie, souvent, non convexe ayant nombreux minima locaux dont l'évaluation directe est pratiquement impossible. Nous avons recours donc à des algorithmes de recherche de minimum global ou algorithmes d'optimisation.

Deux classes d'algorithmes sont proposés : les algorithmes stochastiques de type recuit simulé garantissant la convergence théorique vers le minimum global (qualité) mais sont réputés de leurs temps de calcul assez élevé (efficacité). Leurs principes s'appuient sur le calcul de la probabilité locale d'un site sachant son voisinage pour simuler des réalisations du champ de Markov associé. La convergence est atteinte en faisant abaisser lentement un paramètre appelé température pour arriver à une stabilité du système. Deux algorithmes de cette classe sont très utilisés : le recuit avec dynamique de Métropolies et l'échantillonneur de Gibbs. La deuxième classe est dite déterministe, elle est dérivée de la première classe en faisant geler la température à une valeur constamment nulle. De cet effet la convergence vers un minimum global n'est pas garanti (qualité) et l'algorithme peut rester piéger dans un minimum local dépendant de la configuration initiale. Leur avantage est que leur convergence ne nécessite que quelques dizaines d'itérations réduisant considérablement le temps de calcul (efficacité). L'algorithme des Modes Conditionnels Itérés l'ICM est le plus répandu

dans cette classe, il cherche à maximiser les probabilités conditionnelles locales en chaque site séquentiellement.

Quant au volet applicatif de cette partie, nous avons tout d'abord présenté un modèle de segmentation basée sur une supposition gaussienne des régions à segmenter. Nous nous sommes placés dans un cadre supervisé pour établir les différents paramètres de ce modèle. Les trois algorithmes d'optimisation ont été implémentés. Les résultats obtenus sont dans leur globalité acceptables, surtout lorsque l'image présente des textures homogènes, tout en confirmant la supériorité du recuit sur les autres algorithmes en terme de qualité mais ses performances en terme de temps d'exécution en font un cible de critiques. L'aspect supervisé du modèle d'un côté et son comportement vis-à-vis les petites régions parasites d'un autre côté font les deux points faibles du modèle.

Pour palier aux inconvénients du modèle précédent, nous avons fait appel à l'algorithme des K-Means que nous avons incorporé dans une régularisation markovienne. L'avantage majeur de ce dernier qu'il est un algorithme non supervisé permettant l'estimation des statistiques des différentes classes. Les résultats obtenus sont nettement supérieurs en qualité par rapport aux précédents mais au prix d'un temps beaucoup plus supérieur. De plus, le K-Means a totalement échoué dans deux cas de tests, pour des images CT. Cet échec est dû au fait que les statistiques des différentes régions sont proches et la politique de décision d'affectation du K-Means s'appuie uniquement sur la valeur du niveau de gris du pixel en cours.

Nous avons proposé une solution qui combine entre les deux algorithmes précédents. L'idée est de se placer dans un cadre semi supervisé pour établir les moyennes des différentes régions. La décision d'affectation d'un pixel donné porte sur un voisinage locale suivant une fenêtre de taille fixe. Ainsi un pixel donné se voit affecter la région dont la moyenne est la plus proche par rapport à un moyennage sur ce contexte de voisinage. Les résultats obtenus sont satisfaisants par rapport aux deux modèles précédents. L'algorithme a pu récupérer ce qui a perdu le K-Means mais au détriment, là encore, d'un temps de calcul nettement plus supérieur.

Finalement, une modélisation markovienne sous une estimation Bayésienne pour le problème de segmentation peut être résumée comme suit [LI.95]:

1. Position du problème de segmentation comme étant un problème de recherche d'une réalisation d'un Champ Aléatoire de Markov (la paire X, Y).
2. Etablissement de la fonction d'énergie à posteriori pour définir la solution MAP à atteindre.
3. Recherche de la solution MAP.

Le processus d'établissement de l'énergie à posteriori peut être résumé dans les quatre points suivants :

2. Définir un système de voisinage et le type de l'ensemble de cliques associés.
3. Définir les (la) fonctions potentiels à priori associées aux cliques pour former la fonction énergie $U(x)$. généralement on fait appel à l'un des modèles présentées dans III.3.6.
4. Définir la fonction (l'énergie de vraisemblance) d'Attache aux données $U(Y/X)$. elle set liée à la nature de l'image à segmenter et généralement supposée Gaussienne.
5. Ajouter $U(x)$ à $U(Y/X)$ pour former $U(X/Y)$.
6. Définir les paramètres des modèles adoptés dans (2) et (3).

La recherche de la solution MAP fait appel à l'un des algorithmes d'optimisation précités.

Chapitre -IV-

Génération du modèle 3D

Les étapes précédentes ont permis de localiser et d'extraire le volume d'intérêt le long de toutes les coupes ; transformant ainsi le volume de données initial en une suite d'images binaires représentant les contours du VOI au niveau de chaque coupe. La quatrième étape consiste alors à générer le modèle 3D à partir des de cette séquence de coupes.

Cette technique, par le biais de laquelle le modèle 3D de quelques organes est construit à partir de coupes 2D, permet une meilleure compréhension de la structure spatiale des organes et ouvre le chemin pour de nouvelles applications encore plus intéressantes telles que la planification et la simulation chirurgicales et même la substitution de quelques organes en disfonctionnement par d'autres artificielles (prothèses).

Dans ce chapitre nous allons présenter les principales méthodes de reconstruction du modèle 3D à partir des contours 2D. Nous étudions principalement le célèbre algorithme de *marching cubes* de [LORENS.87] et la méthode à base de la triangulation de Delaunay de [BOISS.88, BG.92, GEIGER.93].

IV.1. Données du problème

A l'issue de l'étape de segmentation, l'objet 3D initial est transformé en un ensemble de contours structurés sous forme d'une suite de **plans sériés ou parallèles** définissant le volume d'intérêt VOI. L'objectif attendu de la reconstruction tridimensionnelle est de fournir une description géométrique de l'objet initial en se basant principalement sur le calcul d'un modèle numérique qui

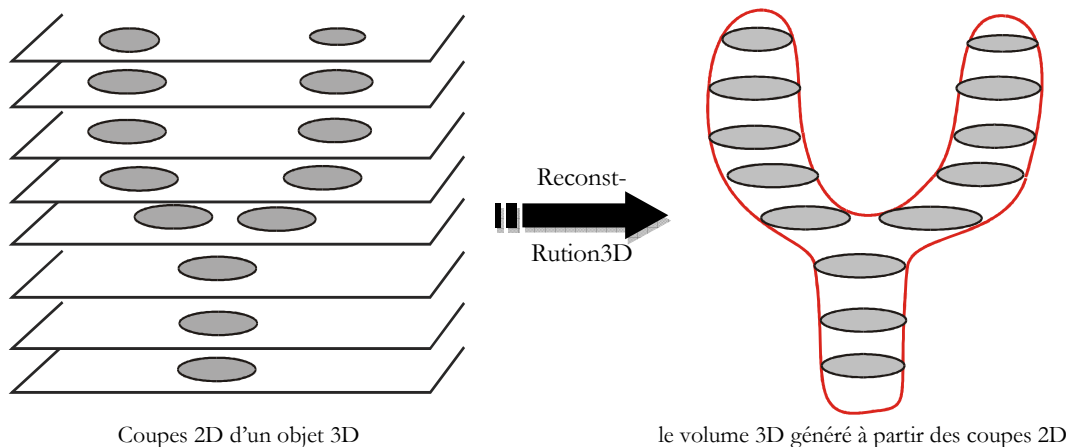


Figure IV-1 : Problème de reconstruction tridimensionnelle

sera une approximation du VOI initial (cf. Figure IV-1).

IV.1.1. Terminologies

Après la phase de segmentation, un contour est souvent représenté par une ligne brisée qui est une approximation linéaire par morceaux du contour réel continu. Plusieurs contours peuvent avoir existence au niveau d'une même coupe pouvant appartenir à un ou à différents objets. Par la suite, nous retenons les terminologies suivantes :

- **Topologie simple** : Pour désigner le cas où les données sont disposées en sections successives ne comportant qu'un seul contour. Par exemple, les trois premiers plans (du bas) de la Figure IV-1 sont des sections de topologie simple.

- **Topologie complexe** : on parlera d'une topologie complexe dès qu'une des sections, au moins, comporte plus d'un contour. Les cinq derniers plans de la Figure IV-1 (du bas) sont des sections de topologie complexe. Mais l'objet tout entier envisagé dans cette figure forme une topologie complexe.

Cette distinction est basée en fait sur le degré de complexité du problème de reconstruction qui s'élève dans le cas de topologie complexe.

- **Coupes significatives** : les coupes, doivent être significatives de l'objet à reconstruire. En effet, il faut que l'évolution de la forme dans l'intercoupe soit directement conditionnée par les deux coupes données (une certaine continuité doit exister entre deux coupes successives) (Figure IV-2).

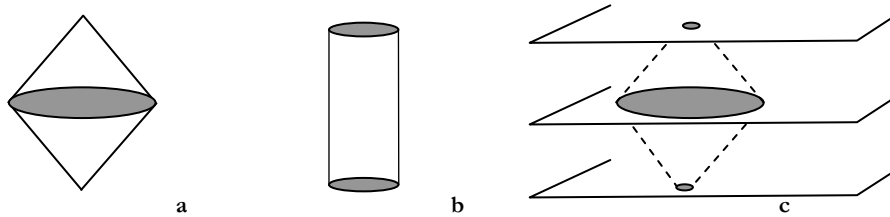


Figure IV-2 : (a) Objet 3D initial (b) coupes non significatives (c) coupes significatives

- **Coupes similaires** : Les coupes doivent être assez similaires les unes des autres, pour permettre de savoir facilement quel est l'objet à reconstruire et pour qu'il ne subsiste que le moins d'ambiguïtés possibles. Les différentes coupes doivent permettre de deviner le volume qu'elles représentent tant au niveau du volume manquant qu'au niveau des associations entre les objets de deux coupes successives (problème de mise en correspondance des contours, cf. § IV.2). La Figure IV-3 représente différentes topologies possibles à partir du même jeu simple de contours et illustre toute la difficulté du problème. Si les sections sont suffisamment denses, les coupes sont alors

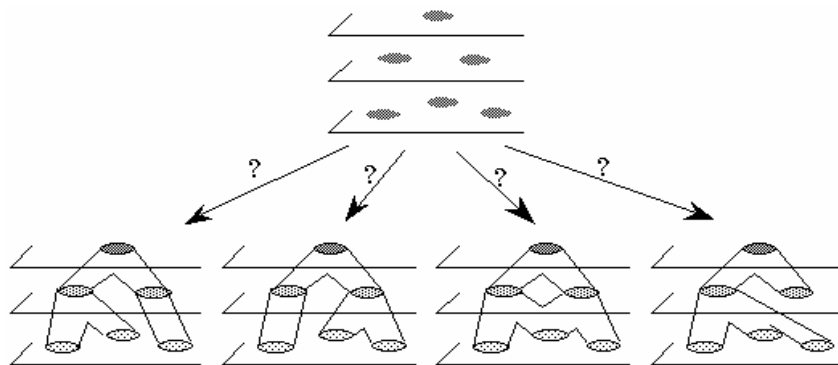


Figure IV-3 : Dans certains cas des ambiguïtés sont possibles (Extrait de [ROLLAND.91])

pratiquement similaires ; sinon, il est assez difficile de lever les ambiguïtés. Dans de tels cas, une intervention humaine ou une information à priori sont de grande utilité.

Les données du problème sont donc des images binaires représentant l'ensemble des contours éparpillés sur un ensemble de coupes parallèles (section ou slices) significatives et recalées de l'objet à reconstruire et sont, au maximum possible, similaires.

IV.2. Formulation Générale du Problème

Loin du problème de segmentation, le problème de reconstruction tridimensionnelle dans son cadre général, peut être formulé comme suit : Un ou plusieurs objets 3D sont coupés par un nombre fini de plans parallèles. Toute notre information concernant les objets consiste en leurs résultats d'intersection (Figure IV-1). C'est à dire que nous connaissons uniquement la forme de l'objet au niveau de chaque plan. Chaque intersection peut être représentée par un nombre fini de contours orientés et fermés généralement approximatés par des polygones fermés.

Le but est de connecter ces coupes de contours d'une manière à obtenir un modèle tridimensionnel approximatif de l'objet initial, le meilleur qu'il soit. Ce modèle doit contenir assez d'informations topologiques et structurelles pour définir précisément la forme 3D. Cette opération est classiquement décomposée en trois sous problèmes plus ou moins liés selon la méthode employée :

Problème de Mise en correspondance des contours : Ce problème apparaît dès qu'une section contient plusieurs contours. Étant donné un contour dans une section donnée, à quel contour doit on le lier (faire correspondre) dans la section adjacente. (Figure IV-4 : a). Ce problème est appelé par [GEIGER.93] problème de connexion globale.

Problème de Prise en compte des embranchements : que doit on faire lorsque les sections à mettre en correspondance comportent un nombre différent de contours ? Lorsque un contour contient un trou ou une concavité que le contour correspondant n'a pas ? (Figure IV-4 : b)

Problème de maillage entre les contours : étant donnée une paire de contours à connecter, quels sont les sommets et les arêtes qu'on doit lier pour générer des triangles ? (Figure IV-4 : c)

Les deux derniers problèmes sont appelés par [GEIGER.93] problème de connexion locale. Certaines méthodes prennent en considération les trois sous problèmes, alors qu'il y en a d'autres qui traitent partiellement le problème en se limitant à un ou deux sous problèmes. Pour un détail assez complet sur les trois sous problèmes, on peut consulter [JAILLET.99, DANCE.97, NULLA.98].

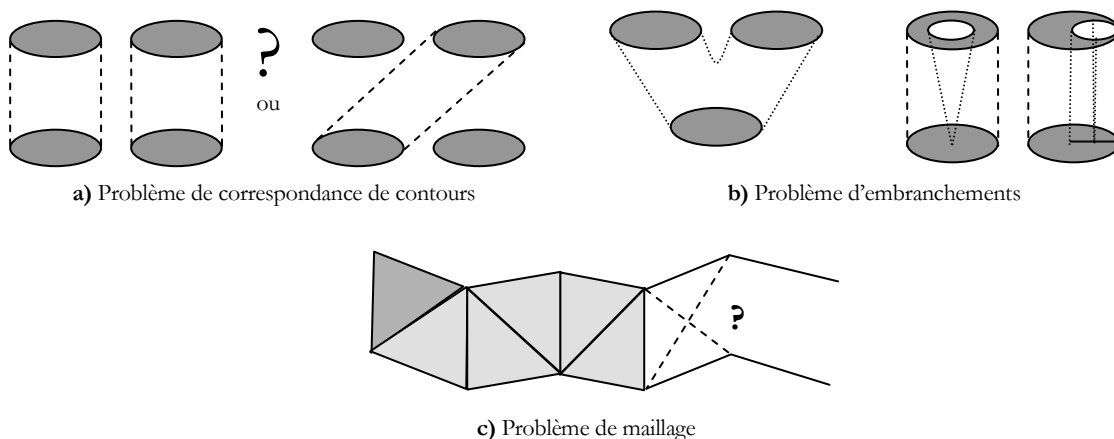


Figure IV-4 : Les différents problèmes posés par la reconstruction tridimensionnelle

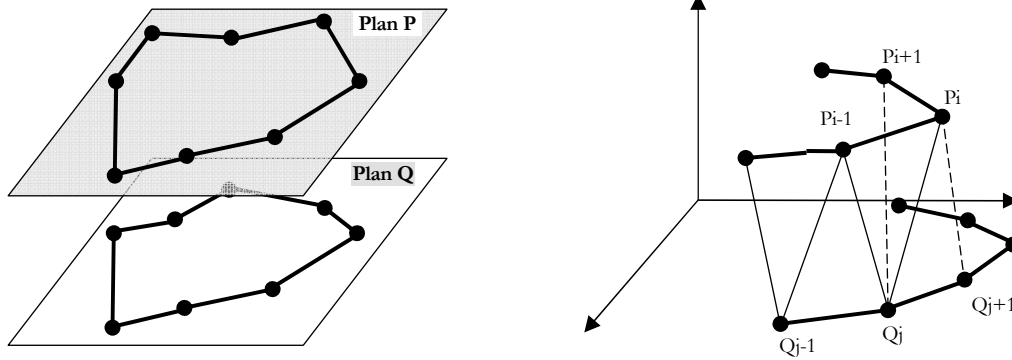


Figure IV-5 : Triangulation des contours (extrait de ROLLAND.91)

IV.3. Etat de l'art

Le besoin intense de trouver des solutions automatiques au problème de reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées a permis d'envisager plusieurs méthodes, elles peuvent être regroupées en deux grandes approches : *reconstruction surfacique* et *reconstruction volumique* [JAILLET.99, GEIGER.93, DANCE.97].

IV.3.1. Reconstruction surfacique

Historiquement, les méthodes de reconstruction surfacique étaient les premières à avoir apparence [BG.92]. Le problème de la reconstruction tridimensionnelle consiste alors à bâtir un maillage surfacique entre les contours de deux coupes adjacentes puis les concaténer en série pour arriver au modèle final de l'objet 3D. Ceci est achevé par la connexion des segments des contours dans une coupe donnée par les sommets des contours dans la coupe opposée. Les premières méthodes évitent le cas de topologies complexes et s'intéresse à des topologies simples [ARCHIP.02]. Ainsi, tout l'effort des méthodes est concentré sur le troisième sous problème : la génération d'une surface définie par un ensemble de maillage triangulaire. (cf. Figure IV-5) Deux catégories de méthodes sont à distinguer :

IV.3.1.1. Méthodes optimales

Ces méthodes essayent de former une triangulation optimale en fonction de critères métriques qu'elles définissent.

En effet dans de telles méthodes, le problème de maillage surfacique est basé sur un maillon triangulaire dont deux sommets forment deux point consécutifs d'un même contour et le troisième est un point dans le contour opposé. La construction de tel maillage est équivalente à chercher un chemin dans un graphe orienté. Si l'on associe un poids à l'ensemble des arcs de ce graphe, l'algorithme classique du plus court chemin produira le maillage optimal.

A ce stade, plusieurs types de poids sont envisageables tel que l'aire du triangle généré, le volume englobé ou la taille de l'arête générée [JAILLET.99, DANCE.97].

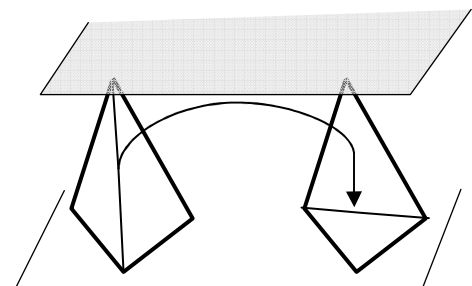


Figure IV-6 : changement local d'orientation d'une arête

IV.3.1.2. Méthodes heuristiques

A cause du coût des méthodes d'optimisation des algorithmes qui cherchent un maillage optimale, des heuristiques simples à mettre en oeuvre ont été proposés. Ces algorithmes ont un coût linéaire mais produisent, la plupart du temps, des résultats assez décevants.

Par exemple, le critère le plus simple est celui de la longueur de l'arête générée. Il est utilisé pour choisir à chaque étape entre les deux arêtes possibles (Figure IV-4 : c). Pour obtenir de meilleurs résultats, les distances peuvent être normalisées. Cependant la méthode échoue dans des cas courants. Une amélioration a été proposée consistant à modifier l'orientation de l'arête commune entre deux triangles lors d'une phase d'optimisation locale (Figure IV-6) [JAILLET.99, BG.92, ROLLAND.91, DANCE.97].

IV.3.1.3. Avantages & inconvénients des méthodes surfaciques

Les méthodes surfaciques présentent les avantages suivants :

- ☺ Ces méthodes sont souvent rapides
- ☺ Réduction de données envisageable suite à l'utilisation de données bidimensionnelles
- ☺ La représentation 2D générée, suite au maillage triangulaire utilisé, permet une visualisation rapide et un rendu 3d de qualité de l'objet.
- ☺ Les contours peuvent être traités (réduction de sommets, interpolation, ...)
- ☺ La fonction du coût permettant plusieurs critères différents rend ces méthodes applicables sur une large gamme de problèmes.
- ☺ Pas de traitements additionnels pour adapter la surface une fois générée.

Cependant, elles présentent les inconvénients suivants :

- ☹ Plusieurs méthodes sont limitées aux cas de topologies simples. Il n'y a pas de prise en compte du problème d'embranchements.
- ☹ La plupart de ces méthodes considèrent la triangulation comme étant le résultat final
- ☹ Les scènes réelles présentent une topologie assez complexe, multiples branchements, multiples trous, ... de telles méthodes s'appuyant sur un maillage basé sur les lignes de contours, bien évidemment, ne pourront pas s'adapter à de telles complexes scènes.
- ☹ Le maillage n'est pas adéquat dans le cas où deux contours diffèrent largement de formes ou de positions

Dernièrement, de nouvelles méthodes ont apparu faisant appel aux modèles déformables et les surfaces paramétriques [JAILLET.99, ARCHIP.02], leur inconvénient majeur est qu'elles sont lentes pour qu'elles soient incorporées dans des applications (cliniques) en temps réel.

IV.3.2. Reconstruction volumique

L'approche volumique est plus ou moins récente, elle considère l'ensemble des contours comme étant une image 3D répartie sur une grille cubique dont le maillon élémentaire est le *voxel*. Un voxel est l'extension spatiale d'un pixel. Le principe est de créer une surface consistant en un maillage de parallélépipèdes le long du VOI puis la *sculpter* pour qu'elle s'adapte à la *topologie* des données. Deux algorithmes sont assez célèbres dans cette approche :

L'algorithme des Marching Cubes proposé par [LORENS.87] utilisant le principe d'iso-surface pour bâtir de telles surfaces.

L'algorithme basé sur la triangulation de Delaunay proposé par [BOISS.88] et amélioré par [GEIGER.92] dont le principe est de subdiviser les régions d'intérêt 2D en un ensemble de triangles, en appliquant la triangulation de Delaunay, qui seront ensuite étendus en un ensemble de tétraèdres entre les contours de deux sections adjacentes. Ainsi le volume de l'objet est construit.

D'autres méthodes, telles que les éléments finis [CHOW.98], les α -shape, les a -shape sont encore envisageables dans ce contexte. Pour un état de l'art assez complet on peut consulter [DA.02, NULLA.98]

IV.3.2.1. Avantages & inconvénients des méthodes volumiques

Les méthodes volumiques présentent les avantages suivants :

- ☺ La simplicité du critère d'optimalité (heuristique) consistant en la condition « le plus proche voisin » au sens géométrique (geometric closeness).

Cependant, elles présentent les inconvénients suivants :

- ☹ Le grand volume de données à manipuler ;
- ☹ Les surfaces générées ne sont pas assez simples pour le rendu ;
- ☹ La nature anisotrope des données implique une étape d'interpolation pour éviter des formes déformées.

IV.3.3. Un algorithme de reconstruction tridimensionnelle efficace ?

Une condition assez intuitive qu'un algorithme de reconstruction tridimensionnelle doit satisfaire est que si l'on coupe l'objet reconstruit suivant les plans de coupes originaux on obtiendra les contours originaux (qu'on a appelés les ROI).

Dance dans [ARCHIP.02] a indiqué quelques autres conditions qu'un *bon* algorithme de reconstruction tridimensionnelle devrait satisfaire :

- Un algorithme doit être invariant vis-à-vis la rotation et la mise à l'échelle des données ;
- Il doit préserver la convexité : si les régions sont convexes au niveau des différentes sections alors le résultat de reconstruction doit être aussi convexe ;
- Il doit être auto-consistant (*self-consistent*) : une reconstruction faite à partir de coupes interpolées doit être identique à celle obtenue à partir des coupes initiales ;
- Il doit être impartial (*fair*) : la reconstruction doit être la même si la subdivision des sections en un ensemble de régions internes et externes par rapport à l'objet est remplacée par son complément.

Ces critères sont dans de nombreux cas exclusifs, dans d'autres cas ils peuvent avoir difficilement existence surtout lorsqu'il s'agit d'un maillage triangulaire.

Suite à un problème donné, Quelle méthode doit on adopter ? Pour répondre à cette question, plusieurs d'autres ingrédients du problème doivent être déterminés tels que :

- La taille de l'objet et L'espacement entre les différentes sections
- Le type de tissus
- L'objectif attendu de la reconstruction (simple visualisation, simulation, ...)
- Autres informations dépendant de la nature du problème...etc.

IV.4. Reconstruction basée sur la triangulation de Delaunay

La reconstruction d'un modèle 3D à partir de coupes sériées basée sur la Triangulation de Delaunay (TD) a été introduite dans les années 80 par J.D. Boissonnat [BOISS.88] puis améliorée par [BG.92] pour qu'elle soit validée par [GEIGER.93] sur la reconstruction du cerveau humain avec des résultats très satisfaisant quantitativement et qualitativement.

Etant une méthode volumique, elle présente les avantages précités et de plus elle est présentée comme étant une méthode rapide, robuste ayant des résultats accrus [CHOW.98, ROLLAND.91].

Cette méthode adopte une approche différente du maillage. Elle construit une TD tridimensionnelle entre les points des contours adjacents. La première étape est une triangulation 2D contrainte de chaque contour. Dans la deuxième étape, le diagramme de Voronoï associé est utilisé pour construire un ensemble de tétraèdres entre les contours. Les tétraèdres qui se trouvent à l'extérieur des contours sont supprimés. Cette méthode est employée pour chaque paire de contours consécutifs, qu'ils forment un embranchement ou non. Les faces externes forment la surface de visualisation, alors que la structure polyédrique interne peut être utilisée pour d'autres applications, comme pour la simulation de mouvement.

Mais, avant de s'émerger dans les détails, la définition du Diagramme de Voronoï et la Triangulation de Delaunay nécessitent une brève discussion.

IV.4.1. Définitions ¹

IV.4.1.1. Diagramme de Voronoï & Triangulation de Delaunay

Etant donné un ensemble S de N sites $S = \{p_i \in E^2, i = [1..N]\}$ de telle sorte que tout quatre points n'appartiennent pas à un même cercle. Nous définissons les concepts suivants :

- La *Cellule de Voronoï* (CV) associée au site p_i , notée $V(p_i)$, l'ensemble des points de E^2 les plus proche de p_i que tous les autres points de S .

- Le *Diagramme de Voronoï* (DV) de l'ensemble S , noté $V(S)$ est tout simplement l'union de tous les cellules de Voronoï associées à tous les points p_i de S . Le DV peut être vu comme étant une subdivision du plan en N régions polygonales convexes qui sont les CV. $V(S) = \bigcup_{p_i \in S} V(p_i)$

- *Arête de Voronoï* : un côté quelconque d'une cellule de Voronoï est appelé *Arête de Voronoï*.

- *Sommets de Voronoï* : le point commun entre trois arêtes est appelé *Sommet de Voronoï*.

- La *Triangulation de Delaunay* (TD) associée à S est le diagramme dual au DV obtenu par le traçage d'un segment entre chaque paire de sites dont les CV associées se partagent une arête (Figure IV-7).

Les applications du diagramme de Voronoï et la triangulation de Delaunay sont assez diverses [BERTIN.94], dans le cas de l'analyse d'images on en cite :

- Représentation d'images en régions de Voronoï,
- Squelettisation d'objets polyédriques,
- Segmentation d'images,
- Reconstruction de formes.

¹ - Pour plus de détails concernant les éléments théoriques de diagramme de Voronoï et la triangulation de Delaunay, on peut consulter [BERTIN.94], [NULLA.98] [BOISS.88] et [GEIGER93]

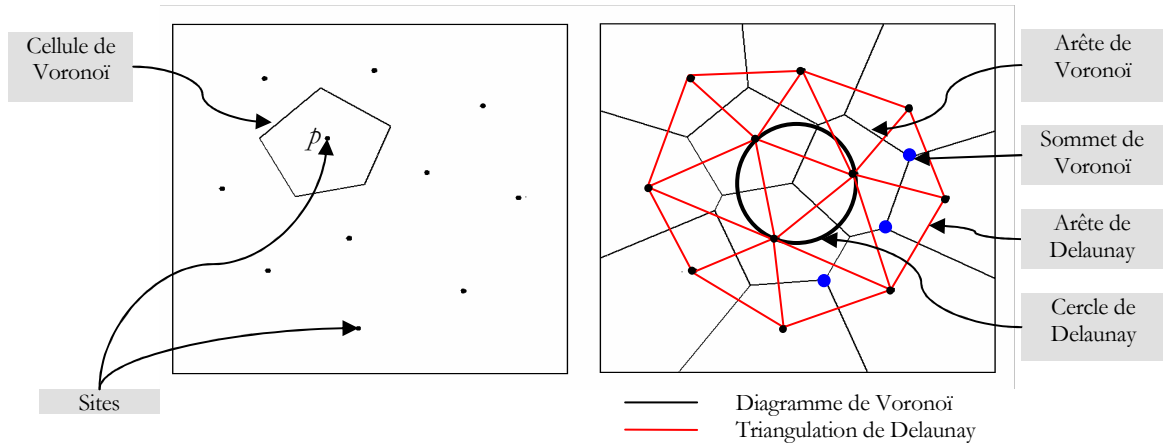


Figure IV-7 : Diagramme de Voronoï et Triangulation de Delaunay

IV.4.1.2. Propriétés géométriques des diagrammes de Voronoï et de la triangulation de Delaunay

Le DV et la TD associés à un ensemble de sites S définissent quelques propriétés géométriques très intéressantes, on en cite :

1. Le nombre de triangles dans la TD est au maximum $2N-5$;
2. Un sommet de Voronoï est équidistant de trois sites ;
3. Un sommet de Voronoï définit un triangle de Delaunay et c'est le centre du cercle passant par ces trois sommets ;
4. Chaque arête de Voronoï correspond à une arête de Delaunay.
5. Les contours de la TD sont appelés l'*enveloppe convexe* des sites de S ;
6. La TD maximise le minimum angle pour chaque triangle ;
7. La TD est définie comme étant la seule triangulation à cercles vides, c'est-à-dire que trois points forment un triangle de Delaunay si et seulement si le cercle (cercle de Delaunay) passant par ces trois points ne contient aucun autre point ;
8. La TD et le DV peuvent être étendus à un ensemble de sites dans l'espace (3D).

IV.4.1.3. Généralisation du diagramme de Voronoï

Plusieurs généralisations du diagramme de Voronoï sont envisageables, dont les principales sont :

Diagramme de Voronoï de Segments (Edge Voronoï Diagram) : l'ensemble des sites ne sont plus des points dans le plan E^2 mais sont plutôt des segments de droites dans le plan.

Diagramme de Voronoï de Régions (Region Voronoï Diagram) : de même l'ensemble des sites ne sont plus des points dans le plan E^2 mais sont plutôt des régions de simples polygones.

Dans les deux cas, DVS ou DVR, le diagramme de Voronoï est construit d'un ensemble de courbes d'arêtes de segments droits ou de segment paraboliques.

IV.4.1.4. Inclusion des contours dans la triangulation de Delaunay (contour containment)

Les données de notre problème consistent en un ensemble de contours approximés par des simples polygones fermés (cf. § IV.1). L'application de la TD aux sommets de ces polygones ne garantit pas que les différents segments des contours constituent des arêtes dans cette triangulation (Figure

IV-8 :). Or notre objectif est d'avoir une construction qui vérifie la condition intuitive du § IV.3.3, notre triangulation doit satisfaire, par conséquent, la condition suivante :

Suite à une triangulation de Delaunay donnée, tous les segments des contours doivent constituer des arêtes de Delaunay

L'algorithme suivant, **Algorithme IV-1**, apporte une solution assez simple à ce problème. Il est démontré que cet algorithme converge vers une TD qui satisfait la condition précitée [GEIGER.93]. Signalons que la forme des contours ne change pas puisque les nouveaux sites sont insérés à l'intérieur de leurs segments.

Algorithme IV-1 : Contours Containment

Entrées : ensemble S des sommets des polygones (contours)

Sorties : ensemble S élargi de points pour que le polygone_contours soit inclus dans la TD(S)

1. Calculer la TD(S)
2. **Si** il y a des segments de contours n'appartenant pas à TD (S) alors
3. **Pour** de tels segments de contours « g » faire
4. - Ajouter un nouveau point « p » au milieu de g
5. - $S \leftarrow S \cup \{p\}$
6. **Fpour**
7. aller à -1-

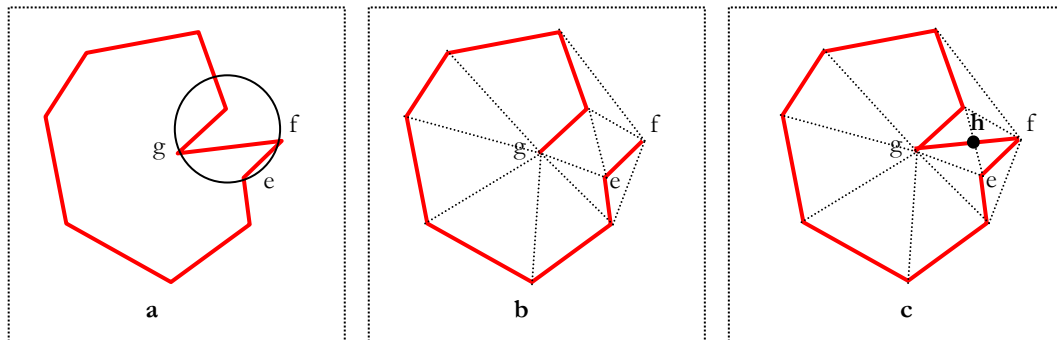


Figure IV-8 : Contour containment. (a) le triangle e, f, g ne peut faire partie d'une TD. (b) la TD associée aux sommets des contours ; les segments du contour coïncidant avec les arêtes de la TD sont en rouge. (c) le segment $[fg]$ est inclus dans la TD après l'insertion du point « h » au milieu de $[fg]$

IV.4.1.5. Squelette de Voronoï Interne et Externe

Une fois l'inclusion de contours a été faite, on peut diviser la TD en deux groupes : les triangles internes se situant à l'intérieur des contours et ceux se situant à l'extérieur.

On appelle *un Squelette de Voronoï Interne (SVI)* l'ensemble des arêtes de $V(S)$ qui sont duaux, chacun, à une arête interne de Delaunay (c.à.d une arête partagée par deux triangles internes de Delaunay)(Figure IV-9).

De même, on définit *un Squelette de Voronoï Externe (SVEI)* l'ensemble des arêtes de $V(S)$ qui sont duaux, chacun, à une arête externe de Delaunay (c.à.d une arête partagée par deux triangles externes de Delaunay) (Figure IV-9).

On définit aussi *sommet de Voronoï interne*, respectivement *externe*, un sommet de Voronoï dual à un triangle de Delaunay interne, respectivement externe.

La caractéristique principale, qui nous sera après utile, est que le SVI représente le polygone contours suite à une triangulation. Mais rien ne garantie que ce SVI se situe à l'intérieur du polygone contours (Figure IV-9)

Si de tel cas se présente, on doit encore apporter des améliorations à la TD faite.

IV.4.1.6. *Elimination des triangles obtus*

Pour garantir que le SVI se situe à l'intérieur du polygone contours (et que le SVE se situe à l'extérieur du polygone contours) on ajoute de nouveaux sommets aux segments de contours appartenant à tous triangle de Delaunay obtus.

Pour chaque segment de contours, on examine l'angle opposé des deux triangles auquel il appartient. Si un est supérieur à 90° alors il correspond à un sommet de Voronoï se situant à l'extérieur du triangle (les points *a*, *b*- dans la Figure IV-9). Dans ce cas, un nouveau point (sommet), résultat de la projection orthogonale du sommet opposé au segment sur ce segment de contours, est ajouté. Ceci va diviser le triangle obtus en deux triangles droits. La TD doit être mise à jour.

Ceci n'élimine pas tous les triangles obtus de la TD, mais il garantie que le SVI obtenu se situe à l'intérieur du polygone contours.

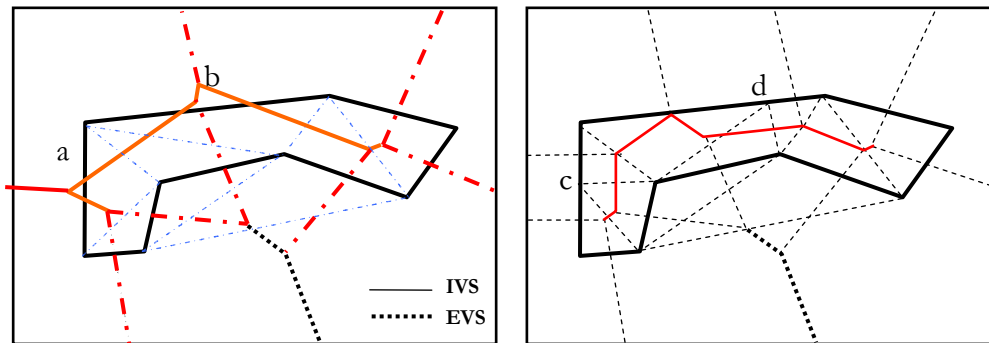


Figure IV-9 : Elimination des triangles obtus en rajoutant deux points

IV.4.2. Le processus de reconstruction 3D basée sur la triangulation de Delaunay

Le processus de reconstruction consiste à bâtir, d'une manière récursive, un volume délimité par deux plans adjacents. Par conséquent, dans la suite nous réduisons le problème de reconstruction de l'enveloppe convexe à déterminer un volume entre deux plans adjacents.

L'algorithme de reconstruction s'achève en trois étapes : la première étape consiste à calculer une triangulation de Delaunay bidimensionnelle des contours pour les deux plans. La deuxième étape établit un mappage 3D entre ces deux TD en sculptant une représentation par facettes (tétraèdres) connectant les deux sections ; et enfin la troisième étape élimine les tétraèdres superflus pour générer l'enveloppe convexe approximative de l'objet 3D réel.

IV.4.2.1. *Première étape : Triangulation de Delaunay 2D*

Les polygones contours des deux plans sont divisés en un ensemble de triangles par le calcul de la triangulation de Delaunay appliquées aux sommets des polygones-contours. Si nécessaire, d'autres sommets sont à rajouter pour satisfaire la condition d'inclusion des contours et supprimer les triangles obtus (Figure IV-10). Ainsi, nous obtiendrons deux triangulations : celle du premier plan P_1 notée t_1 et celle du deuxième plan notée t_2 .

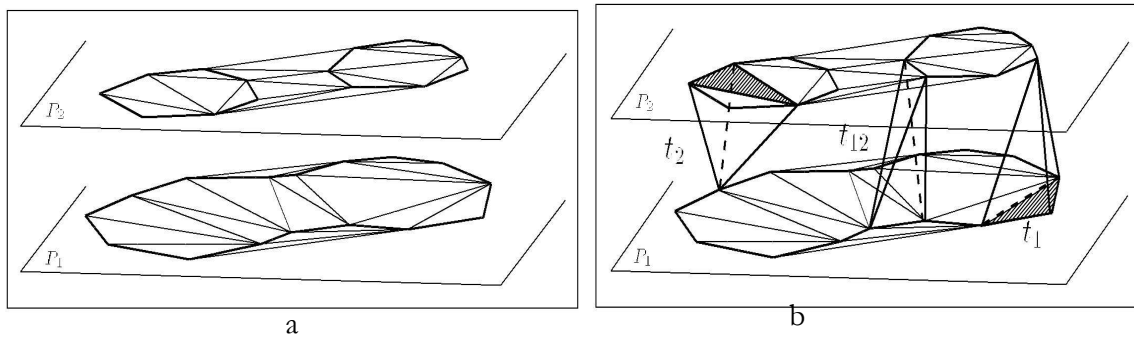


Figure IV-10 : (a) triangulation de Delaunay dans deux plans adjacents. (b) mappage 2D à 3D : extension des triangles à des tétraèdres connectant les deux sections (extrait de [GEIGER.93])

IV.4.2.2. Deuxième étape : Mappage 2D à 3D

Suite aux triangulations calculées dans l'étape précédente, les triangles, dans deux plans adjacents, sont étendus à des tétraèdres connectant les deux sections. Cette extension n'est que la triangulation de Delaunay 3D associée aux sommets des contours de ces deux plans.

Si l'on considère deux plans adjacents P_1 et P_2 , alors pour chaque triangle t de P_1 on cherche un sommet v du contours de P_2 qui est le plus proche au centre du cercle passant par les trois sommets de t . on connectera alors t avec v pour former un tétraèdre. On répète la même chose pour les triangles de P_2 avec les sommets de P_1 . À la fin nous obtenons une triangulation 3D liant les deux triangulation t_1 et t_2 constituée d'un ensemble de tétraèdres. Ces derniers sont de deux types : tétraèdres de type t_1 ayant une face dans t_1 et d'autres de type t_2 ayant une face dans t_2 (Figure IV-10). Un troisième type de tétraèdres appelé de type t_{12} ayant un côté dans P_1 et un autre dans P_2 , rencontré généralement là où il s'agit d'un embranchement. Il peut être obtenu en calculant l'intersection de la projection orthogonale du diagramme de Voronoï de P_2 sur le diagramme de Voronoï de P_1 . A chaque point d'intersection entre une arête de V_1 et une autre de V_2 on rajoute un sommet. L'ensemble de ces sommets représente les tétraèdres de type t_{12} qui seront construits en liant les deux arêtes de Delaunay duaux aux deux arêtes de Voronoï en intersection.

B. Geiger dans [GEIGER.93] confirme que la triangulation obtenue, liant les deux plans, n'est que la triangulation de Delaunay 3D de l'ensemble des sommets dans les deux plans P_1 et P_2 . Ainsi la surface 3D obtenue n'est que l'enveloppe convexe encapsulant le volume à générer !

IV.4.2.3. Troisième étape : élimination des tétraèdres superflus

Afin d'améliorer la forme de l'enveloppe convexe obtenue, nous avons à éliminer deux types de tétraèdres (Figure IV-11) :

- les tétraèdres ayant un côté dans P_1 ou P_2 à l'extérieur de des contours ;
- ceux contribuant à des connexions non solides.

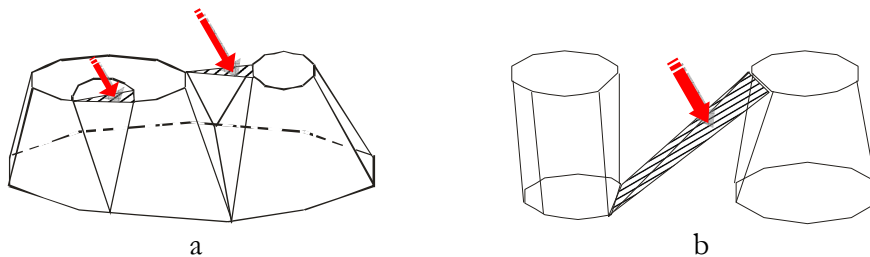


Figure IV-11 : des tétraèdres superflus
(a) tétraèdre hors contours (b) contribution à une connexion non solide

IV.4.3. L'algorithme complet de la reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées basé sur la triangulation de Delaunay

L'algorithme que nous allons présenter est celui présenté par [Geiger 93] dans sa version finale.

Algorithme IV-2 : DELAUNAY RECONSTRUCTION

o **INPUT**: A number of contours on parallel cross—sections

o **OUTPUT**: A 3D polygonal reconstruction

<p>For $i = 0$ to number of cross-sections</p> <ul style="list-style-type: none"> ◇ $S_i =$ set of vertices \in Plane$_i$; ◇ $C_i =$ the contour edges \in Plane$_i$; ◇ $DT_i = 2D_DELAUNAY(S_i)$ ◇ ADD_VERTICES(DT_i, C_i) 	<p><i>Pour chaque plan, on calcule sa TD bidimensionnelle associée à l'ensemble des sommets des contours de telle sorte que cette TD respecte les deux conditions du contour contenant et les triangles obtus.</i></p>
<p>For $i = 0$ to number of cross-sections</p> <ul style="list-style-type: none"> ◇ $C_i =$ the contour edges \in Plane$_i$; ◇ ADD_VERTICES_INSIDE(DT_i) ◇ ADD_VERTICES(DT_i, C_i) 	<p><i>Ajouter de nouveaux sommets pour prendre en considération le cas des embranchements</i></p>
<p>For $i = 0$ to number of cross-sections -1</p> <ul style="list-style-type: none"> ◇ $\Psi = 3D_DELAUNAY(DT_i, DT_{i+1})$ ◇ REMOVE_TETRAS(Ψ) ◇ OUTPUT(tetrahedra, surface triangles) 	<p><i>Calculer la TD 3d entre deux sections adjacentes tout en éliminant les tétraèdres superflus. Générer l'enveloppe convexe finale.</i></p>

IV.4.3.1. Le module 2D_DELAUNAY

Pour la construction de la triangulation de Delaunay 2D, plusieurs méthodes sont proposées dans la littérature dont les principales sont les *méthodes globales* et les *méthodes incrémentales*. Pour le premier type le nombre de sommets doit être connu à priori contrairement au deuxième qui construit la TD d'une manière dynamique [BERTIN.94]. Dans ce qui suit nous présentons un algorithme incrémentale connu sous le nom de algorithme de Green & Sibson [BERTIN.94, GEIGER.93]

Algorithme IV-3 : 2D_DELAUNAY (S)

Algorithme de Green & Sibson pour la reconstruction de la Triangulation de Delaunay 2D

o **INPUT** : $S =$ a set of vertices in a plane

o **OUTPUT** : The Delaunay triangulation of S

Initialize DT

For $i = 0$ **to** number of vertices **INSERT_VERTEX**(DT, vertex $_i$)

Algorithme IV-4 : INSERT_VERTEX(DT, v)

o **INPUT**: DT = a 2D Delaunay triangulation, $v =$ vertex to add

o **OUTPUT**: The Delaunay triangulation with v contained

- ◇ Find triangle $t \in DT$ containing v
- ◇ Find the set of triangles T whose circumcircle contains v
- ◇ Delete T from DT and add new triangles

IV.4.3.2. Le module *ADD_VERTICES*

A ce stade, pour but d'avoir une enveloppe convexe assez proche de la forme réelle de l'objet 3D, dans les § IV.4.1.4 et IV.4.1.6 nous avons évoqué deux conditions : la première, appelée contours containment, insistant sur le fait que les segments des contours doivent faire partie de leur triangulation de Delaunay, le rajout de nouveaux sommets a permis de résoudre le problème. Quant à la deuxième condition, elle insiste sur le fait que le SVI soit à l'intérieur de son polygone contour (ou le SVE soit à l'extérieur) ceci est garanti par l'élimination des triangles obtus en rajoutant d'autres, encore, d'autres sommets.

Le fait de rajouter des sommets pour satisfaire une condition peut nuire à la deuxième. Par conséquent la solution doit alterner entre la résolution de ces deux problèmes jusqu'à arriver à une configuration invariante. Mais rien ne prouve que l'alternance converge !

L'algorithme suivant, proposé par [GEIGER.93], limite le nombre d'appels successifs en avantageant la condition du contour containment.

Algorithme IV-7 : <i>ADD_VERTICES</i> (DT, C)	
o	INPUT : DT = a 2D Delaunay triangulation, C = ensemble de segments de contours
o	OUTPUT : a 2D Delaunay triangulation that satisfies conditions 1 and 2
◇	CONSTRAIN_SEGMENTS (DT,C)
◇	DELETE_OBTUSE (DT,C)
◇	CONSTRAIN_SEGMENTS (DT,C)
Algorithme IV-7 : <i>CONSTRAIN_SEGMENTS</i> (DT,C)	
o	INPUT : DT = a 2D Delaunay triangulation, C = ensemble de segments de contours
o	OUTPUT : a 2D Delaunay triangulation that satisfies conditions 1 : contour containment
	$M = \emptyset$
	For all contour segment $[ab] \in C$ not in DT
◇	Let v the point in the middle of $[ab]$
◇	$M = M \cup \{v\}$
◇	Delete $[ab]$ from C and add $[av]$, $[vb]$ to C
For	all points $v \in M$ INSERT_VERTEX (DT, v)
If	$M \neq \emptyset$ CONSTRAIN_SEGMENTS (DT,C)
Algorithme IV-7 : <i>DELETE_OBTUSE</i> (DT,C)	
o	INPUT : DT = a 2D Delaunay triangulation, C = ensemble de segments de contours
o	OUTPUT : a 2D Delaunay triangulation that satisfies conditions 2 : not obtuse triangles
	$M = \emptyset$
	For all contour segment $[ab] \in C$
◇	Get the two triangles that share $[ab]$ as an edge
◇	If one of the angles opposed to $[ab]$ is $> \pi/2$
◇	Let v be the orthogonal projection of the opposed vertex onto $[ab]$
◇	$M = M \cup \{v\}$
◇	Delete $[ab]$ from C and add $[av]$, $[vb]$ to C
For	all points $v \in M$ INSERT_VERTEX (DT, v)
If	$M \neq \emptyset$ DELETE_OBTUSE (DT,C)

IV.4.3.3. Le module *ADD_VERTICES_INSIDE*

Jusqu'ici, on n'a pas encore pris en considération le cas où l'objet présente un embranchement, voire plusieurs. Pour ce faire, de nouveaux *sommets internes* doivent être rajoutés pour produire un rendu réaliste. (Figure IV-12)

La projection orthogonale du SVE du plan P1, ou de P2 suivant la direction de l'embranchement, permet de déterminer les sommets internes à rajouter. C'est le rôle de l'algorithme suivant.

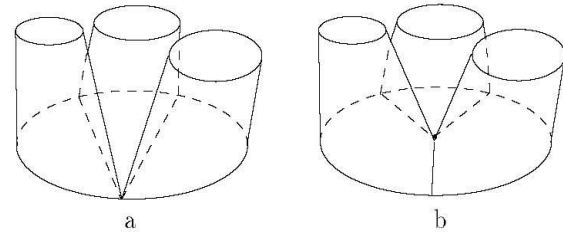


Figure IV-12 : prise en compte des embranchements.

- (a) solution sans les sommets internes
- (b) solution en rajoutant les sommets internes

Puisque de nouveaux sommets viennent d'être rajoutés, les deux conditions précédentes peuvent être violées ce qui justifie l'appel à la fonction *ADD_VERTICES* dans l'Algorithme IV-2.

Algorithme IV-8 : *ADD_VERTICES_INSIDE*(DT, C)

- o **INPUT**: DT = a 2D Delaunay triangulation
- o **OUTPUT** : a 2D Delaunay triangulation where vertices have been inserted inside contours

```

M = ∅
For each adjacent cross-section A
    ◊ For each Voronoï node v on the external Voronoï Skeleton of A
    ◊ If the projection of v onto DT is inside a contour      M = M U {v}
For all points v ∈ M      INSERT_VERTEX(DT, v)
    
```

IV.4.3.4. Le module *3D_DELAUNAY*(DT1, DT2)

Ce module calcule la triangulation de Delaunay tridimensionnelle entre deux plans adjacents.

Algorithme IV-9 : *3D_DELAUNAY*(DT1, DT2)

- o **INPUT**: DT1 ,DT2 = two 2D Delaunay triangulations in adjacent planes
- o **OUTPUT** : a 3D Delaunay triangulation of the vertices ∈ (DT1 U DT2)

```

For each triangle t ∈ DT1
    ◊ Let v be the vertex ∈ DT2 which is closest to the circuncenter of t
    ◊ Connect t with v to a tetrahedra of type t1
For each triangle t ∈ DT2
    ◊ Let v be the vertex ∈ DT1 which is closest to the circuncenter of t
    ◊ Connect t with v to a tetrahedra of type t2
Let Ψ be the orthogonal projection of the Voronoï diagrams of DT1 and DT2
For each intersection of two Voronoï edges ∈ Ψ
    ◊ Connect the two corresponding Delaunay edges to a tetrahedra t12
Output(Ψ)
    
```

IV.4.3.5. Le module REMOVE_TETRAS(Ψ)

La représentation par facettes obtenues, Ψ , nécessite encore un raffinement : l'élimination des tétraèdres superflus.

Algorithme IV-10 : REMOVE_TETRAS (Ψ)

- o **INPUT**: Ψ = Intersection graph representing a 3D Delaunay triangulation of two adjacent planes
- o **OUTPUT** : Ψ with external tetrahedra and non solid connections removed

```

For each node  $\in \Psi$ 
   $\diamond$  Let  $t$  be the tetrahedron represented by that node
   $\diamond$  If one of the edges of  $t$  lying in one plane is outside of a contour
     $\diamond$  Delete  $t$  from  $\Psi$ 
For each  $t_{12}$  node  $\in \Psi$ 
   $\diamond$  If the node is not 1-solid or is not 2-solid
     $\diamond$  Delete the node from  $\Psi$ 
For each  $t_1(t_2)$  node  $\in \Psi$ 
   $\diamond$  If connected component of  $t_1(t_2)$  does not contain a  $t_{12}$  node
     $\diamond$  Delete the node from  $\Psi$ 

```

Soit deux arêtes de Voronoï a_1 et a_2 appartenant respectivement à P_1 et P_2 . Un noeud de t_{12} est appelé *1-solid* s'il est connecté à travers a_1 à, au moins, à un noeud de t_2 correspondant à une extrémité de a_1 . De même, un noeud de t_{12} est appelé *2-solid* s'il est connecté à travers a_2 à, au moins, à un noeud de t_2 correspondant à une extrémité de a_2 .

IV.4.4. Complexité de l'algorithme

La complexité de l'algorithme, dans le pire des cas, est $O(N^2)$. Avec N le nombre de sommets dans tous les contours de tous les plans.

IV.5. Reconstruction 3D et l'Algorithme des Marching Cubes (AMC)

Cet algorithme a été proposé par *W.E. Lorensen et al.* Suite à sa publication [LORENS.87]. Il s'agit d'une technique de reconstruction de surface 3D à partir d'un volume discret 3D. La surface produite étant représentée sous forme de facettes triangulaires générée à partir d'une valeur d'intensité appelée *seuil* séparant les voxels ayant des valeurs d'intensités supérieures au seuil de ceux ayant des valeurs inférieures. On parle alors de *reconstruction d'isosurface*.

IV.5.1. Principe

Étant une méthode volumique, cet algorithme considère l'ensemble des contours¹ comme étant une image 3D répartie sur une grille cubique dont le maillon élémentaire est le *voxel*.

L'algorithme, dans sa version originale, s'achève en deux étapes : la première étape consiste à définir la valeur d'isosurface, par interaction de l'utilisateur ou suite à une information à priori, puis établir un maillage triangulaire pour construire l'enveloppe convexe ou le « mesh » 3D de l'objet. Quant à la deuxième, elle calcule les vecteurs normaux pour chaque facette pour but d'un rendu de visualisation ultérieure.

¹ Il est peut être plus judicieux de parler ici de régions binaires que de contours.

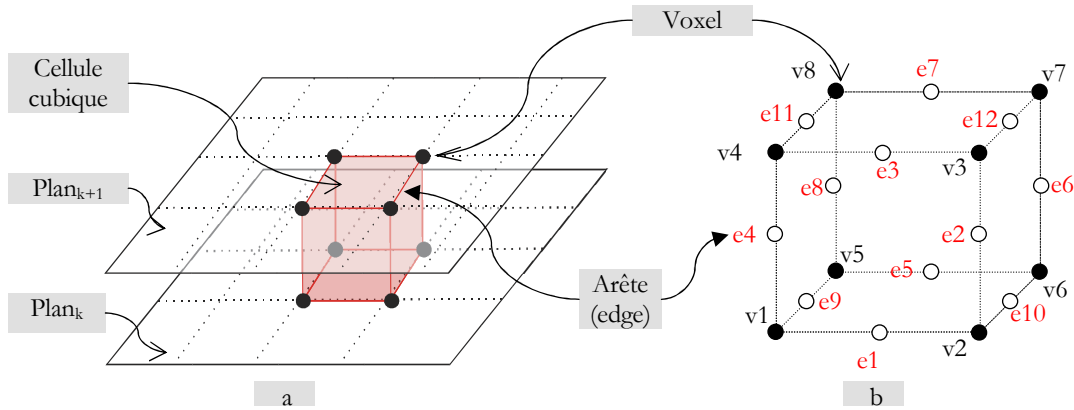


Figure IV-13 : principe de l'Algorithme des Marching Cubes
 (a) la décomposition en un ensemble de cellule cubique (b) Indexation des voxels et des arêtes

Le fait de définir un isosurface revient à appliquer une segmentation par seuillage sur l'ensemble des données pour extraire le VOI. Par conséquent l'AMC est un algorithme de segmentation-reconstruction en même temps.

Le principe de l'Algorithme des Marching Cubes (l'AMC) est de diviser la grille 3D en cellules cubiques dont 4 sommets sont constitués par des voxels contigus appartenant à une section et les autres 4 sommets appartiennent à une section adjacente (Figure IV-13 :a). Le cube est aussi formé de 12 arêtes sur lesquelles se trouveront les sommets du mesh formant la future surface.

L'algorithme procédera alors à déterminer l'intersection de la surface de l'objet avec chaque cellule cubique. En effet, en répondant à la question : quelle est la position d'un cube donné par rapport à l'objet 3D ? Trois réponses sont possibles :

1. Le cube est entièrement à l'intérieur de l'objet ;
2. Le cube est entièrement à l'extérieur de l'objet ;
3. Quelques sommets du cube sont à l'intérieur et le reste est à l'extérieur.

Si les deux premiers cas sont triviaux, ne donnant aucune information pour la construction du mesh, le troisième cas est intéressant dans la mesure où il permet de déterminer l'intersection de l'objet avec les arêtes des cubes et par conséquent une possibilité de reconstruire le maillage.

Pour indiquer l'état d'un sommet par rapport à la surface de l'objet, on lui affecte « 1 » comme valeur pour signaler que ce sommet se situe à l'intérieur de (ou sur) la surface. Le sommet aura la valeur « 0 » dans le cas contraire. L'objet donc intersecte les arêtes du cube ayant un sommet à '0' et l'autre à '1'.

S'appuyant sur cette supposition on pourra déterminer la topologie de la surface à l'intérieur du cube. Comme ce dernier est constitué de 8 sommets chacun pouvant avoir deux états : '0' ou '1', on aura au total 256 possibilités d'intersection qui peuvent être réduites à 15 en éliminant les configurations identiques suite à une rotation ou à une symétrie près (Figure IV-14)[LORENS.87].

La construction du mesh par triangulation dépend de la valeur prise par chaque sommet du cube donc par la configuration qu'il représente. Chaque sommet du cube est numéroté de v_1 à v_8 et à chaque arête (edge) est affecté un numéro de e_1 à e_{12} . (Figure IV-14 : b) Par ailleurs, un index ($index = v_8v_7v_6v_5v_4v_3v_2v_1$) de huit bits est créé en se basant sur l'état des sommets ($v_i=1 \rightarrow$ le sommet est à l'intérieur de la surface, 0 sinon) permettant de représenter toutes les configurations d'intersection possibles. L'ensemble de ces configurations a été répertorié par les concepteurs de l'algorithme en deux tableaux. Le premier tableau, intitulé « *EdgeArray* » permet de déterminer quels côtés la surface traverse. Le second tableau, intitulé « *FaceArray* » permet de déterminer quels points faut il relier

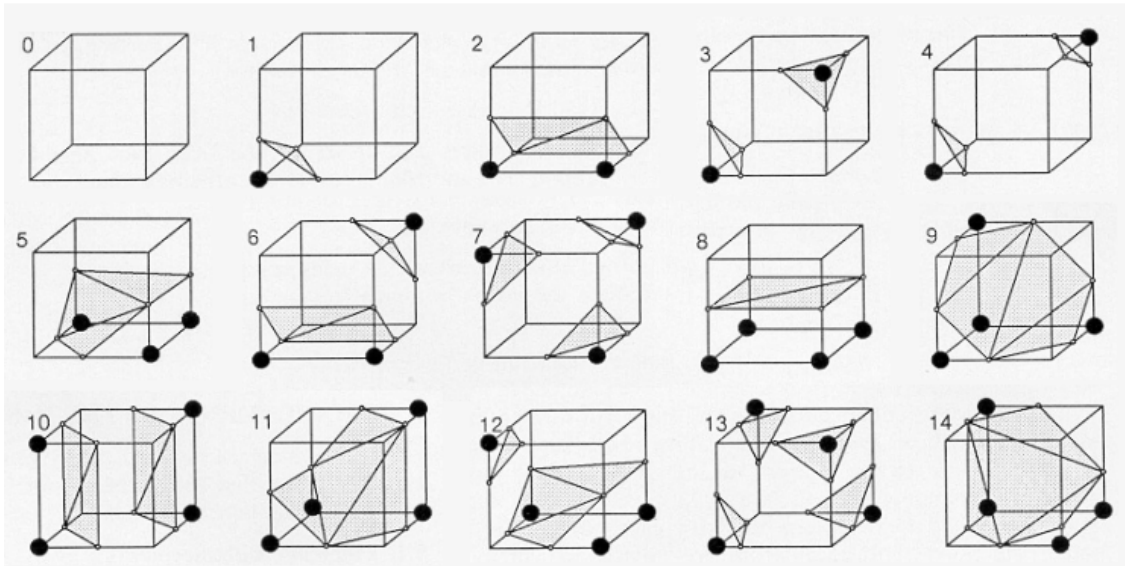


Figure IV-14 : les différentes configurations possibles d'intersection et les polyèdres correspondants [extrait de LORENS.87]

pour tracer le bon polygone. L'index généré, suite à une configuration donnée, sert comme entrée dans l'un des deux tableaux précédents.

La démarche est simple, suite à une intersection donnée, chaque position de l'index (soit la $i^{\text{ème}}$), est mise à 1 ou à 0 suivant l'état du sommet correspondant (la valeur de v_i). On obtient ainsi une valeur de 8 bits qui constitue une entrée dans EdgeArray permettant de déterminer toutes les arêtes impliquées dans l'intersection. Cette valeur constitue également une entrée dans la table FaceArray permettant de déterminer quels triangles tracer, cette entrée donne une liste de points, se situant sur les arêtes (points en blanc dans la Figure IV-14 : b), qui doivent être groupés trois par trois, pour constituer de tels triangles.

Si, par exemple, (cf. Figure IV-15), le sommet v_3 se situe à l'extérieur de la surface de l'objet et tous les autres sommets sont à l'intérieur alors on créera une facette qui coupe le cube en trois arêtes : e_1 , e_4 et e_9 . Les **positions exacte** des points d'intersection formant les sommets du triangle généré dépendent de la relation entre la valeur du seuil et celles associées aux sommets : v_1 - v_2 , v_1 - v_4 et v_1 - v_5

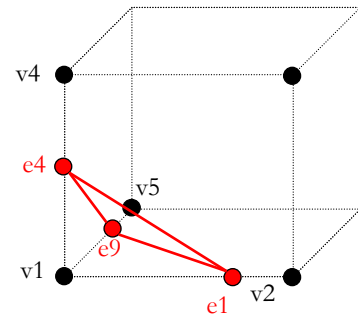


Figure IV-15 : exemple d'intersection

IV.5.2. Détermination des normales pour un rendu visuel

La dernière étape de l'algorithme (ACM) est de calculer la normale à la surface dans chaque sommet de la triangulation. Cette étape n'est pas indispensable dans la reconstruction d'une forme mais lorsque le but convoité de la reconstruction se limite à une visualisation de l'objet par une méthode de rendu classique avec ombrage, le calcul de ces normales s'avère indispensable !

Pour ce faire nous allons calculer le vecteur gradient qui est orthogonale à la surface dans le point en considération.

$$\overrightarrow{\text{grad}}(F)(x, y, z) = \left(\frac{\partial F}{\partial x}(x, y, z), \frac{\partial F}{\partial y}(x, y, z), \frac{\partial F}{\partial z}(x, y, z) \right)$$

Ces dérivées partielles sont approximées au niveau de chaque sommet du cube par les relations suivantes :

$$\frac{\partial F}{\partial x}(x, y, z) = \frac{F(x+1, y, z) - F(x-1, y, z)}{2}$$

$$\frac{\partial F}{\partial y}(x, y, z) = \frac{F(x, y+1, z) - F(x, y-1, z)}{2}$$

$$\frac{\partial F}{\partial z}(x, y, z) = \frac{F(x, y, z+1) - F(x, y, z-1)}{2}$$

Remarquons que le calcul des huit normales correspondant aux huit sommets du cube invoque quatre coupes consécutives.

IV.5.3. L'algorithme complet de la reconstruction basée sur les Marching Cubes

L'algorithme des Marching cubes peut être décrit comme suit :

Algorithme IV-11 : Marching Cubes

- o **ENTREES**: une séquence de **K coupes** bidimensionnelles éventuellement binaires
- o **SORTIES** : un tableau contenant l'ensemble des sommets des triangles constituant le maillage triangulaire du volume reconstruit.

- Définir la taille du cube : **TailleCube(tCubeX, tCubeY, tCubeZ)**
- Déterminer le nombre de cubes dans la direction X d'une coupe : **nbCubesX**
- Déterminer le nombre de cubes dans la direction Y d'une coupe : **nbCubesY**
- Déterminer le nombre de cubes dans la direction Z de la séquence : **nbCubesZ**
- Définir la valeur isosurface : **Seuil**
- Définir les tables **EdgeArray** et **FaceArray**
- **Mesh []** : tableau qui va contenir les sommets des triangles constituant le maillage
- **Pour** $k=1$ à **nbCubesZ**
 - ◊ **Pour** $j=1$ à **nbCubesY**
 - **Pour** $i=1$ à **nbCubesX**
 - **Index** = Calculer l'index correspondant au huit sommet du Cube(i,j,k).
 - **ListeArrêtes** = Extraire la liste des arrêtes correspondantes à Index depuis la table **EdgeArray**.
 - **Pour** chaque arrête dans **ListeArrêtes**
 - Déterminer le point d'intersection de l'arrête avec la surface en calculant ces coordonnées par une méthode d'interpolation adéquate
 - En utilisant l'index comme entrée dans la table **FaceArray**, grouper ces points d'intersection pour générer les triangles.
 - Insérer ces points formant les triangles dans la table **Mesh**, suivant le sens des aiguilles de la montre par exemple.
 - Calculer les normales correspondant à chaque point d'intersection.
 - **FinPour_i**
 - ◊ **FinPour_j**
- **FinPour_k**

Remarques

1. Nous avons présenté l'algorithme sans faire référence aux valeurs d'isosurfaces, en fait dans notre cas il y a deux valeurs distinctes : '1' pour désigner la présence d'un contour (qui est orienté d'une manière qu'on puisse savoir si la surface qu'il représente se situe à son intérieur ou à son extérieur) et la valeur '0' pour indiquer l'absence de contours.
2. les trois sous problèmes évoqués dans le § IV.2 se résolvent dans cet algorithme dans un contexte local au cube de parcours.
3. Puisque le principe de l'AMC repose sur une segmentation par seuillage classique, la qualité du modèle 3D généré en dépend largement. Malheureusement, la technique du seuillage classique n'est pas adéquate pour segmenter des images texturées (cf. Figure IV-17).
4. La construction du mesh, qui devrait être approximatif au maximum possible de l'objet 3D initial, dépend de plusieurs facteurs :
 - Le degré d'échantillonnage initial de l'objet : exprimée par la résolution des images dans les trois dimensions ; plus que la résolution est forte plus que le modèle obtenu converge vers une représentation réelle de l'objet initial.
 - La résolution cellulaire de l'algorithme : exprimée par le nombre de cubes générés dans l'espace des données dans les trois dimensions (tailles des arêtes des cubes), ce facteur a un effet inverse sur la qualité du mesh.
 - La qualité de l'interpolation utilisée pour la génération des triangles liant les points d'intersection : si nous connaissons, par exemple, l'intensité au niveau de deux sommets du cube de la Figure IV-15 et nous connaissons aussi que la variation de l'intensité entre ces points est linéaire, on pourra utiliser une interpolation linéaire pour avoir exactement les coordonnées des points d'intersection et leurs valeurs intensité.
5. La version 2D de l'AMC, appelée *Marching squares*, peut être implémentée pour approximer des contours, suite à une segmentation, par des polygones.

IV.6. Tests & Résultats

Les tests suivants mettent en œuvre uniquement l'algorithme des MC, la méthode de B&G n'est pas implémentée. Ils portent sur deux volets de segmentation : le premier volet procède à une reconstruction 3D directe en utilisant l'AMC. Quant au deuxième il fait appel à une segmentation markovienne (cf. Chapitre III).

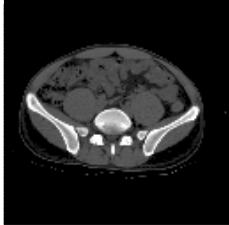
IV.6.1. Segmentation et reconstruction en utilisant l'AMC

La stratégie de test adoptée porte sur les deux paramètres critiques de l'AMC : le seuil d'isosurface et la taille du cube de parcours. La Figure IV-16 présente les résultats d'application de l'AMC en mode segmentation-reconstruction sur quelques images médicales.

Deux remarques peuvent être décelées directement :

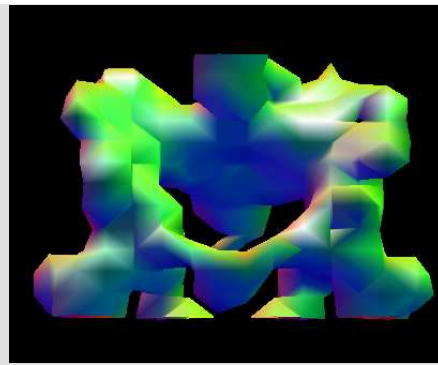
1. La qualité de la segmentation n'est pas nette, des petites régions sont superflues et d'autres absentes.
2. la qualité du mesh 3D obtenu est très bonne en terme de lissage.
3. le nombre de points générés, et par conséquent le nombre de triangles formant le maillage 3D, est en dépendance directe de la taille du cube de parcours. Le temps d'exécution pris par l'algorithme en est aussi (cf. Figure IV-18).

- (1) seuil = 105,
Cube = (8, 8,8)
- (2) seuil = 105,
Cube = (5, 5,5)

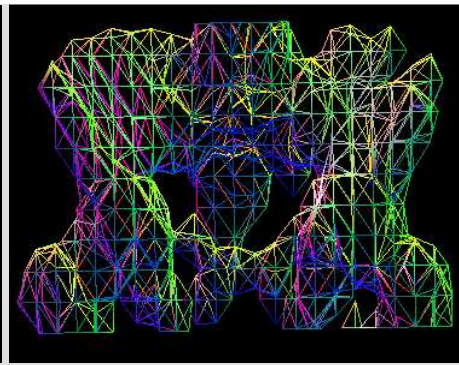


- CT pelvis -
coupe_9

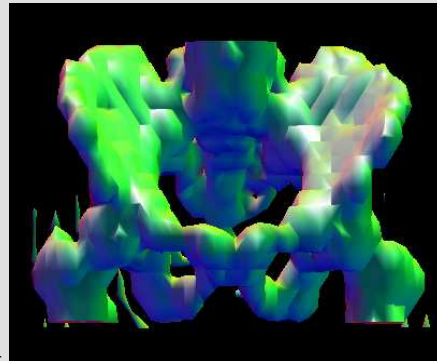
- (3) seuil = 105,
Cube = (3, 3,3)
- (4) seuil = 105,
Cube = (1, 1,1)



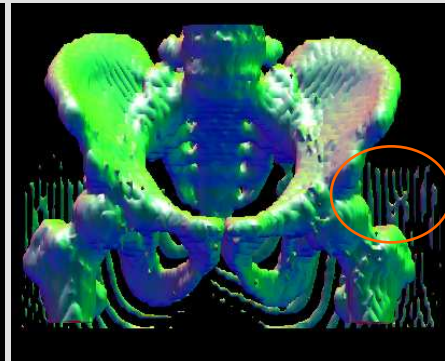
-1-



-2-

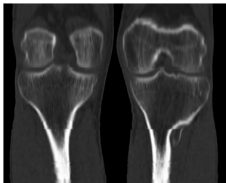


-3-

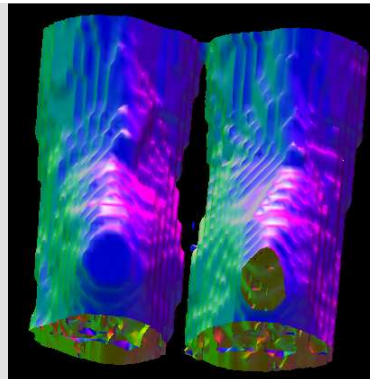


-4-

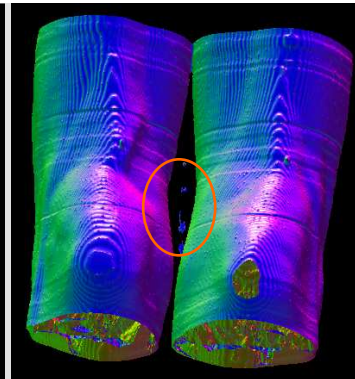
- (5) seuil = 30,
Cube = (6, 6,6)
- (6) seuil = 30,
Cube = (1, 2,2)



- e -

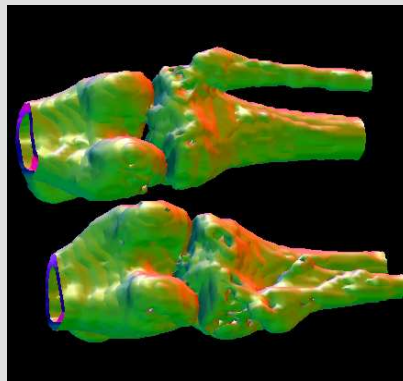


-5-

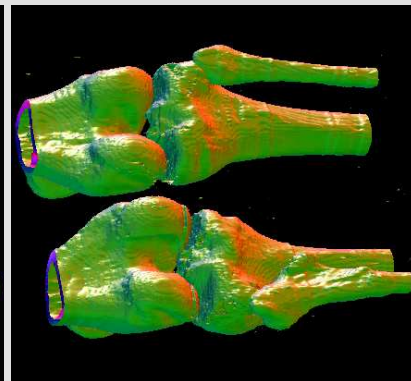


-6-

- (7) seuil = 57,
Cube = (6, 6,6)
- (8) seuil = 57,
Cube = (1, 2,2)

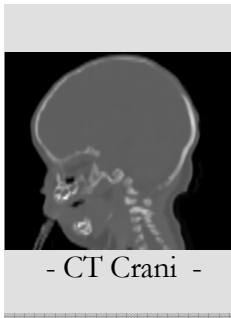


-7-

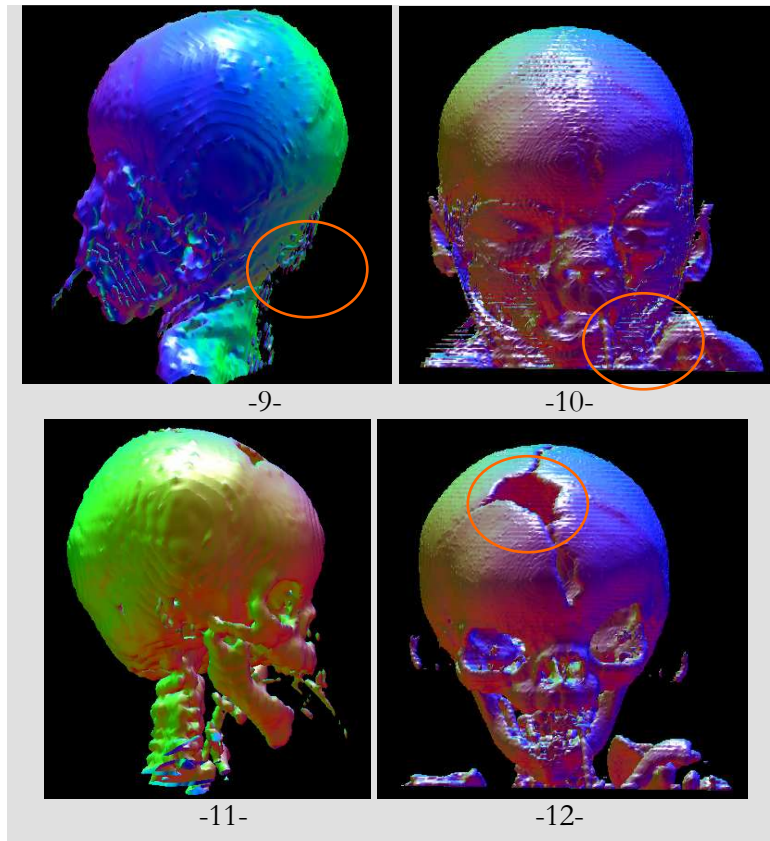


-8-

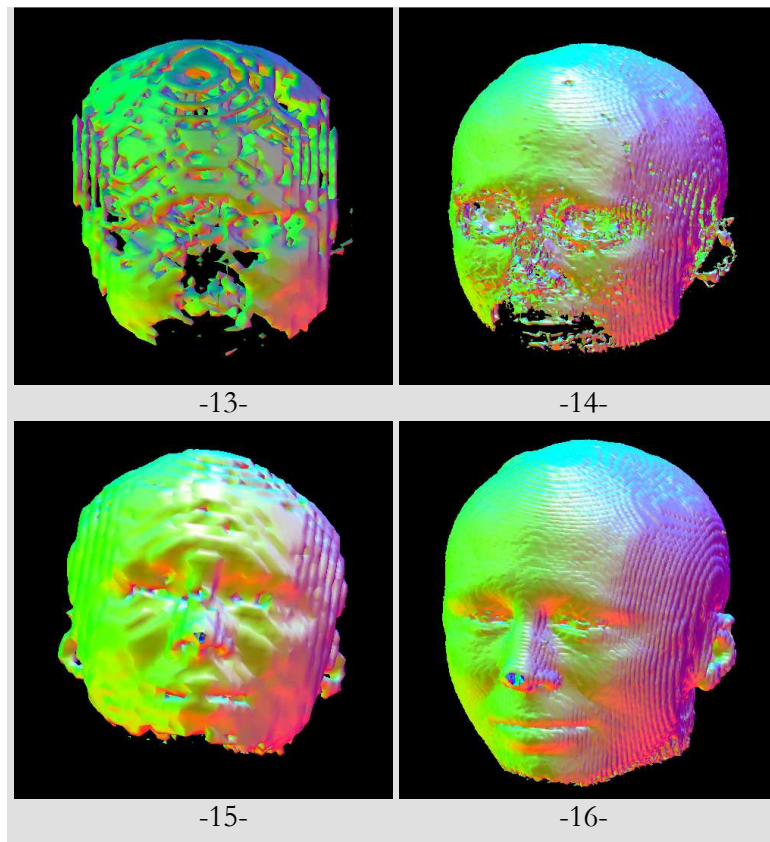
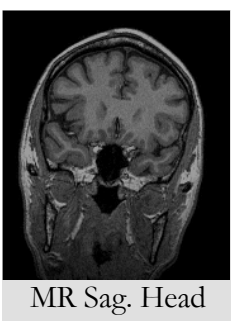
- (9) seuil = 91,
Cube = (8, 8,8)
- (10) seuil = 91,
Cube = (5, 5,5)



- (11) seuil = 101,
Cube = (3, 3,3)
- (12) seuil = 105,
Cube = (1, 1,1)



- (13) seuil = 11,
Cube = (6, 6,6)
- (14) seuil = 11,
Cube = (1, 2,2)



- (15) seuil = 46,
Cube = (6, 6,6)
- (16) seuil = 46,
Cube = (1, 2,2)

Figure IV-16 : Résultats d'application de l'AMC en mode segmentation-reconstruction pour différentes valeurs du seuil et de la taille du cube

IV.6.2. Segmentation Markovienne et reconstruction en utilisant l'AMC

La même stratégie de test est adoptée. La Figure IV-17 présente les résultats de segmentation markovienne et reconstruction en utilisant l'AMC de quelques images médicales.

On remarque bien que les résultats sont nettement supérieurs, en terme de qualité, par rapport à ceux obtenus par l'AMC uniquement. Les petites régions parasites sont presque toutes disparues et les trous existant ont été presque comblés.

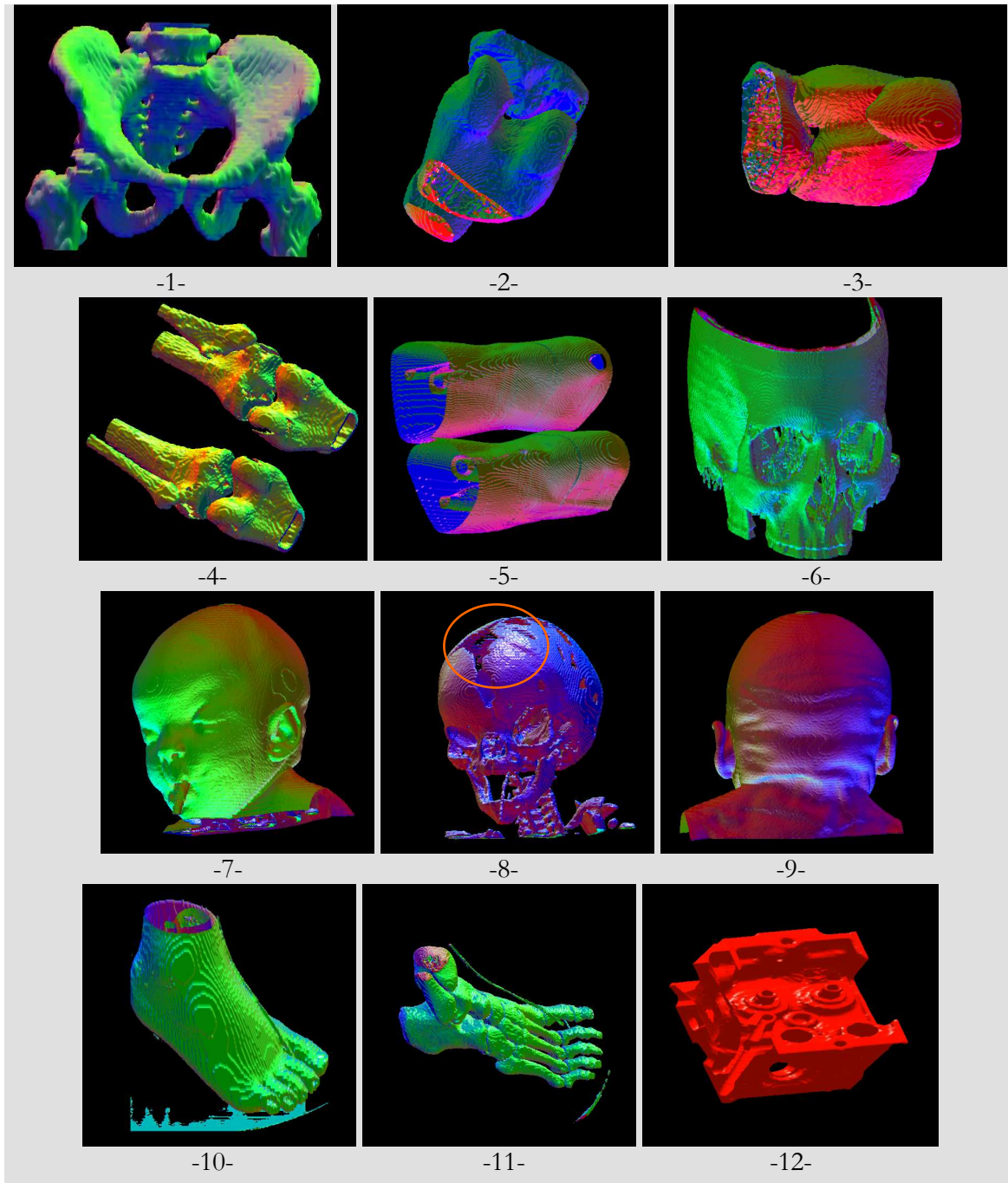


Figure IV-17 : Résultats d'application de l'AMC en mode reconstruction avec une segmentation markovienne
Pour une taille du cube = (1,1,1)

Une étude comparative en terme de l'influence de la taille du cube de parcours sur le nombre des triangles générés et aussi sur le temps total d'exécution de l'algorithme est portée sur la Figure IV-18.

L' étude porte sur la séquence CT-Skull (Figure IV-17-6) de taille de 256x256x203 et de résolution de 1x1x1. La segmentation a été faite en utilisant l'algorithme du Moyenne loacle (cf. Chapitre III, § III.7.8.1) qui a pris un temps de 138 972 Milli secondes (2 minutes, 18 secondes et 972 milliseondes).

Les commentaires suivants peuvent être décelés :

1. Le nombre de triangles générés suite à une segmentation markovienne est relativement faible par rapport à l'AMC ce qui justifie l'absence des petites régions parasites et la nêteté de modèle reconstruit (dans le cas markovien).
2. Le temps d'exécution générés suite à une segmentation markovienne est aussi relativement faible par rapport à l'AMC, mais il faut lui ajouter le temps pris par la segmentation ce qui rend le deuxième mode de reconstruction (segmentation markovienne et reconstruction AMC) un peu lourd en terme de temps d'exécution.

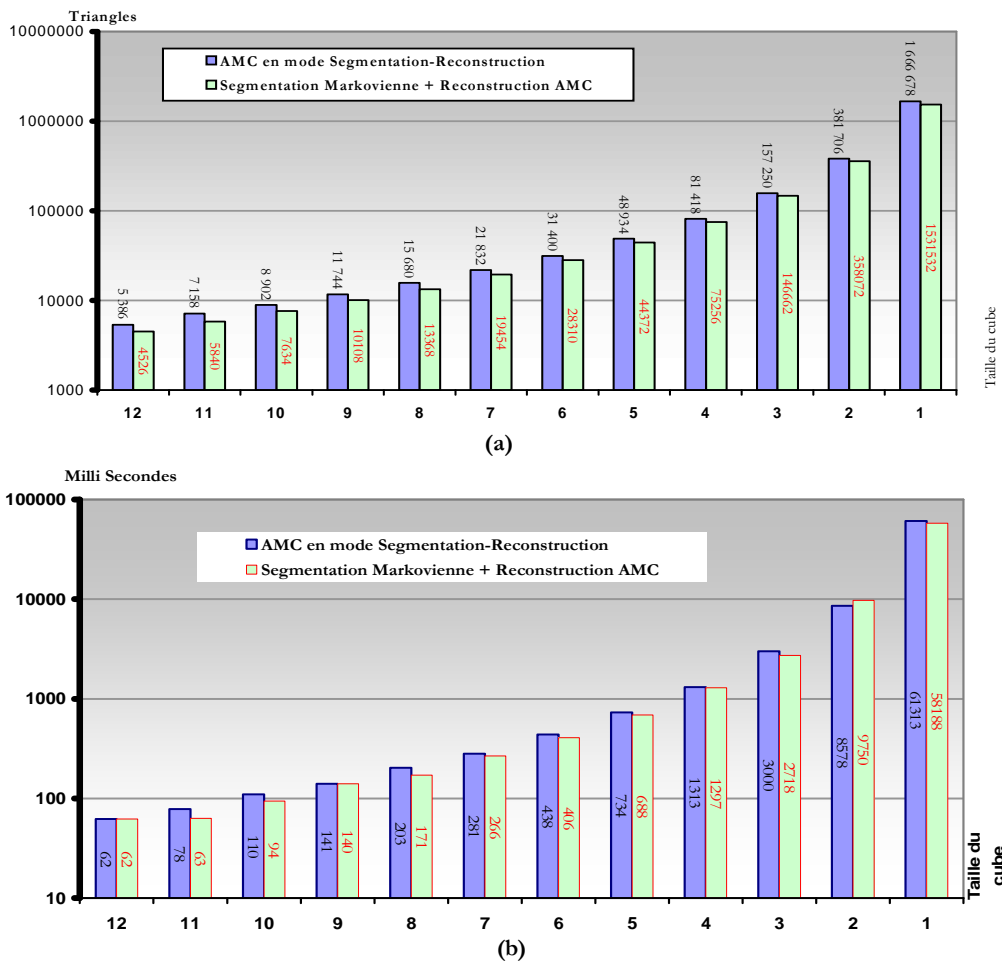


Figure IV-18 : l'influence de la taille du cube de parcours sur les deux modes de reconstruction

- (a) Le développement du nombre de triangles générés en fonction de la taille du cube de parcours
 (b) Le temps de calcul consommé en fonction de la taille du cube de parcours

IV.6.3. Problème de reconstruction 3D de coupes anisotropiques

En comparant les résultats présentés par la Figure IV-17, on constate directement que tous les objets reconstruits exhibent un aspect de lissage acceptable. Dans la Figure IV-19 on a porté le résultat de reconstruction de la séquence CT_SKULL (de 24 coupes correspondant à une résolution de 1.25 x 1.25 x 4 mm). Les objets reconstruits (la tête et le crâne) présentent une forme en escalier ayant un mauvais lissage. Ce problème est dû en fait à la faible résolution de la séquence selon la troisième dimension.

Connu en imagerie médicale sous le nom d'*anisotropie de coupes*, ce problème a un effet négatif sur la continuité de l'objet le long des différentes coupes dans la mesure où il cause une perte d'informations selon l'axe de la faible résolution. Cette discontinuité exclue l'hypothèse de coupes significatives lancée au début de ce chapitre influant directement sur la qualité du modèle reconstruit qui s'éloigne de l'objet réel de plus en plus l'anisotropie des coupes est forte. On entend par le terme de qualité ici est la quantité d'informations apportée par le modèle par rapport à l'objet réel. Autrement dit le pourcentage de représentation du modèle reconstruit de l'ensemble des caractéristiques et fonctions de l'objet réel.

Dans le chapitre suivant, nous allons entamer ce problème et nous essayons de lui apporter une solution en proposant une technique d'interpolation intecoupes pour récupérer l'information perdue suite à un échantillonnage anisotrope.

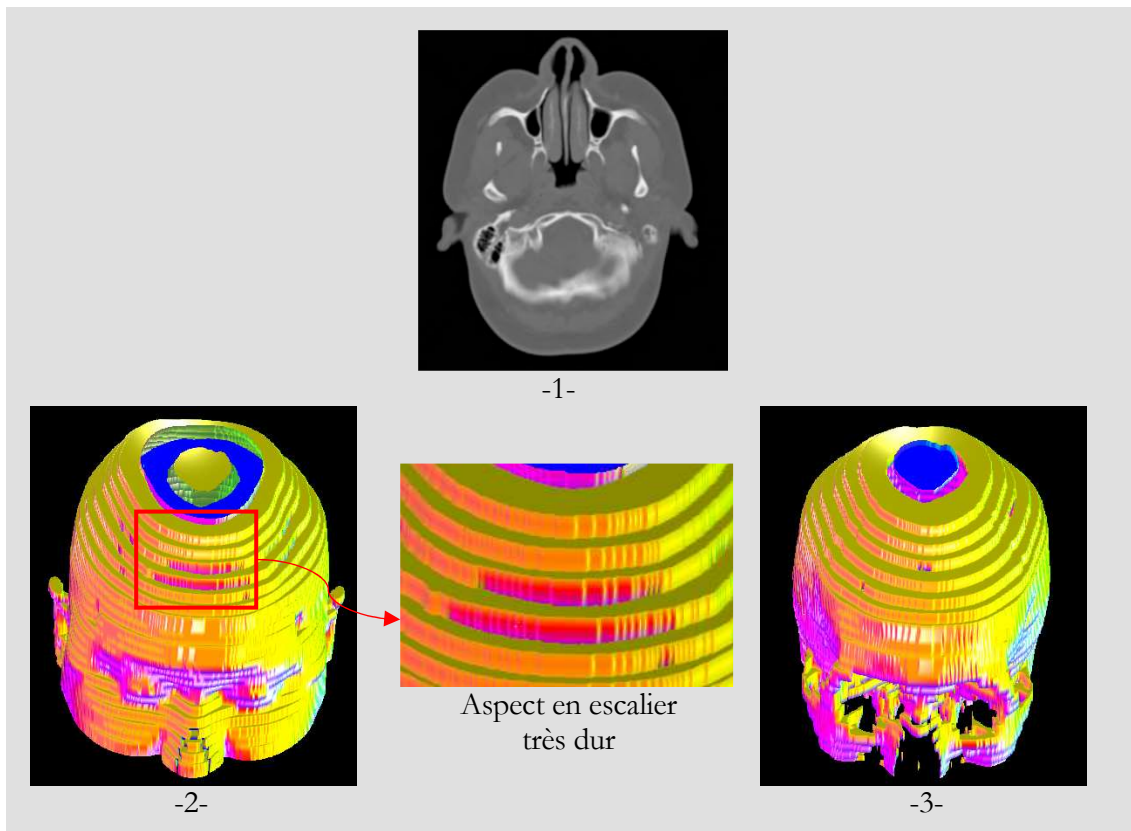


Figure IV-19– Reconstruction 3D d'une séquence anisotrope

L'image CT SKULL (taille : 300 x 332 x 24 – taille du voxel : 1.25x1.25x4mm)

IV.7. Conclusion

La reconstruction 3D à partir de coupes sériées est de plus en plus invoquée dans tous les domaines en particulier en vision par ordinateur, génération d'images et en imagerie médicale. Son objectif est d'obtenir une représentation surfacique ou volumique d'un objet 3D à partir d'images *voxels* segmentées. Cette représentation n'est qu'une substitution de l'objet d'intérêt par un modèle 3D reflétant toutes ses caractéristiques principales, que ce soit de forme ou du comportement. Un tel modèle présente plusieurs intérêts, il permet la compréhension de la structure de l'objet en question et facilite sa manipulation et analyse automatiques.

Le problème de reconstruction traitant toutes les coupes peut être réduit à un problème de reconstruction d'un maillage entre deux coupes successives se décomposant en trois sous problèmes plus ou moins liés selon le domaine envisagé : le premier sous problème est la mise en correspondance entre les différents fragments de l'objet situé dans deux coupes successives. Le deuxième est la prise en compte des embranchements, ces derniers peuvent être définis comme étant la contribution d'une coupe par deux fragments correspondant à un fragment proposé par la coupe adjacente. Le troisième sous problème est la reconstruction du maillage, généralement triangulaire, entre les deux coupes.

Le besoin intense de trouver des solutions automatiques au problème de reconstruction tridimensionnelle à partir de coupes sériées a permis d'envisager plusieurs méthodes, elles peuvent être regroupées en deux grandes approches : reconstruction surfacique et reconstruction volumique.

Le principe de la première approche consiste à bâtir un maillage surfacique entre les contours de deux coupes adjacentes en connectant des segments des contours dans une coupe donnée par les sommets des contours dans la coupe opposée tout en respectant une condition souvent l'optimalité d'un critère métrique. La recherche d'une solution optimale généralement nécessite des calculs assez lourds et un temps considérable, des méthodes heuristiques ont été proposées pour arriver à une solution acceptable en un temps raisonnable.

La deuxième approche démarre de la nature des coupes consistant en une image 3D de voxels. Le principe alors est de créer une surface consistant en un maillage de parallélépipèdes le long du VOI puis la sculpter pour qu'elle s'adapte à la topologie des données. Deux méthodes sont assez célèbres dans cette approche : la méthode très connue des *Marching Cubes* ou celles à partir de contours planaires en utilisant la triangulation de Delaunay.

Dans ce travail, nous nous étions beaucoup plus intéressés par l'algorithme des *Marching Cubes* (AMC) dont le principe est de subdiviser la grille 3D en un ensemble de cellules cubiques et essayer de résoudre les trois sous problèmes évoqués précédemment dans un contexte local au cube.

Concernant le volet applicatif de notre travail, nous avons implémenté l'algorithme des *Marching Cubes*. Dans un premier temps nous avons appliqué l'AMC en mode segmentation reconstruction (appliquer directement l'algorithme à la séquence 3D sans une segmentation préalable). Les résultats obtenus sont dans leur globalité acceptables en terme de qualité de lissage mais la qualité du maillage généré n'est pas nette suite à l'apparition de petites régions parasites, d'autres régions sont disparus donnant naissance à des petits trous. Ces inconvénients sont résultats de la stratégie de segmentation adoptée par l'AMC consistant en un simple seuillage qui n'est plus adéquat dans un contexte d'images texturées.

Pour palier aux inconvénients précités, la segmentation ne doit pas être laissée à l'AMC elle est plutôt confiée à un processus de segmentation markovienne dont le résultat fera un point d'entrée de l'AMC pour procéder à une étape de génération du modèle 3D. Les résultats obtenus sont comparés à ceux du premier mode. La paire (segmentation markovienne, reconstruction AMC)

excelle en terme de netteté de qualité du modèle 3D généré. Cependant les performances en terme de temps d'exécution dépendent largement de l'étape de segmentation.

Le dernier point entamé dans cette section et le problème de l'anisotropie des séquences 3D. L'influence de telles séquences sur la qualité du modèle reconstruit est négative suite à la discontinuité dans la troisième dimension que la séquence présente. Cette discontinuité exclue l'hypothèse de coupes significatives lancée au début de ce chapitre influant directement sur la qualité du modèle reconstruit qui s'éloigne de l'objet réel de plus en plus l'anisotropie des coupes est forte.

Ce problème fera l'objet du chapitre suivant dans lequel nous proposons une technique permettant la récupération de l'information inter coupe perdue suite à un échantillonnage anisotrope.

Conclusion

Les récents progrès technologiques en matière d'acquisition des images 3D ont permis d'envisager la mise au point de nouvelles techniques *non destructives* de diagnostic de l'état interne des corps. Cependant, l'information 3D présentée consiste simplement en une séquence de coupes bidimensionnelles ne reflétant pas en réalité le vrai aspect tridimensionnel de l'objet, elles en donnent une vue restreinte et partielle. Bien qu'elles permettent une meilleure compréhension de la structure spatiale interne des objets, l'interprétation pratique des différentes images 2D est une tâche difficile et fastidieuse et doit tenir compte du biais liée au manque d'information engendré par la nature échantillonnée des coupes.

Dans ce travail, nous nous sommes intéressés par la problématique de reproduction de l'information 3D à partir de ces données bidimensionnelles pour construire un modèle 3D se rapprochant de l'objet initial dans ses propriétés et comportements. Problème, largement évoqué dans des applications militaires, industrielles, scientifiques et surtout médicales, connu sous la nomination de reconstruction 3D à partir de coupes sériées.

Notre point de vue au problème ne s'est pas limité à un problème de segmentation suivi par une visualisation de l'organe par un simple empilement des structures segmentées, mais plutôt elle l'intègre dans un cadre plus général dont l'énoncé est comment arrive-t-on à reconstruire un phénomène en connaissant quelques informations partielles ?

Nous avons proposé un système général de reconstruction 3D à partir de coupes sériées dont les principaux maillons sont la segmentation, la génération du modèle 3D et la visualisation.

Le volet segmentation constitue la pierre angulaire du processus de reconstruction étant donné que ses performances en dépendent largement. L'interaction spatiale inter- et intra-tissus présentée par les images médicales, l'état de textures compliqué exhibé et le phénomène de dégradation introduit par les systèmes d'acquisition sur les images acquises constituent des contraintes à prendre en considération par le système pour formuler son algorithme de segmentation. Nous avons fait appel à la théorie des champs aléatoires de Markov comme un cadre dans le quel s'intègre notre algorithme de segmentation.

Dans un premier temps nous avons adopté le modèle gaussien pour représenter le champ d'attache aux données observées. Les résultats dans leur globalité étaient acceptables, cependant deux problèmes ont limité ce succès : le premier est la nature supervisée du modèle évoquant à chaque fois un échantillon sur chaque classe du cas d'étude ; le deuxième est l'apparition de petites régions parasites dans les résultats segmentés.

Dans un deuxième temps nous avons fait appel à un algorithme non supervisé largement utilisé en segmentation d'images : le K-Means. Incorporé dans une régularisation markovienne, le K-Means a donné des résultats plus satisfaisants que le premier modèle mais au détriment d'un

temps de calcul double voire même triple. De plus le K-Means a totalement échoué dans des cas où l'image présente des textures proches en statistiques.

Démarrant des inconvénients des deux modèles, nous avons proposé une version semi-supervisée du K-Means combinant entre les deux. L'idée est que l'affectation d'un pixel donné se base sur sa moyenne locale. L'application de cet algorithme a pu récupérer l'échec du K-Means et a donné de meilleurs résultats mais au prix d'un temps nettement supérieur au K-Means.

Le problème dans son volet génération du modèle 3D est très lié aux résultats de segmentation. Nous avons appliqué l'algorithme célèbre des Marching Cubes. Les résultats étaient très satisfaisants. Cependant, le problème de l'anisotropie des coupes a limité ce succès.

Comme solution, nous avons proposé une nouvelle technique d'interpolation intercoupes basée sur les champs aléatoires de Markov. Cette technique s'intègre dans l'approche d'interpolation basée objet, cependant elle se diffère de la plupart des méthodes de cette approche, étant donné que ces dernières démarrent d'une version contours (binaire) des images ; le temps ou notre technique démarre de la version région segmentée de la séquence. Les résultats d'application de cette technique sont satisfaisants en performance. Sa validation a permis d'établir une erreur sur les pixels mal classés de 4.37%. Taux très acceptable comparé à une interpolation linéaire.

L'application de cette technique pour reconstruire des coupes anisotropiques a donné des résultats assez bons.

Comme résultats principaux du présent travail, une version semi-supervisée du K-Means et une nouvelle technique d'interpolation intercoupes. Nous ne prétendons pas que nous avons résolu le problème de segmentation des images médicales. La validation des résultats obtenus reste encore pendue vue qu'on n'a pas pu avoir une base de données d'images médicales présegmentées pour qu'elle soit une référence de validation. Nous sommes aussi convaincus qu'aucune méthode n'est prête pour qu'elle soit efficace pour tous les types d'images.

Le travail se voit ouvert à plusieurs extensions dont les principales sont les suivantes :

1. Compléter le système de reconstruction proposé en étudiant les étapes omises dans ce travail à savoir : l'étape de recalage, dans le cas de tranches 2D, l'étape de prétraitements et l'étape de visualisation (au sens large du terme).
2. Etudier le processus de segmentation markovienne hiérarchique pour chaque modalité d'imagerie en l'implémentant sur une architecture multiprocesseurs.
3. Optimiser le maillage 3D généré par l'algorithme des Marching Cubes ;
4. Réfléchir à un format objet de modèle 3D permettant d'intégrer et de décrire toutes les propriétés et tous les comportements de l'objet initial.

Code	Titre	FICHER
Art01	Herve Delingette and Nicholas Ayache. Hepatic surgical simulation <i>Communications of the ACM, February 2005/Vol. 48, No. 2 ;31-36</i>	DELING.05
Art02	T. Serre, C. Brunet, S. Bidal, M. Behr, S.-E. Ghannouchi, L. Chabert, F. Durand, C. Cavallero et J. Bonnoit. L'homme assis : acquisition géométrique et reconstruction 3D. <i>Journal of Clinical Anatomy - Volume 24, Numéro 6, 2002</i>	SERRE.02
Art03	Iain M. Brown - Malcolm J. Herbert, Knowledge-Based Geological Visualisation Using AVS. <i>Proceedings of GIG conference on Geological Visualisation - the Intelligent Picture. British Geological Survey, October 1996</i>	BROWN.96
Art04	R. Van Tiggelen, Historical Article In Search For The Third Dimension: From Radiostereoscopy To Three-Dimensional Imaging. <i>JBR-BTR, 2002, 85: 266-270.</i>	TIGG.02
Art05	S. Lozanoff and D. Moody. A brief review of computerized 3D reconstruction of anatomical structures. <i>Internal report, University of Alberta - 1998</i>	LOZA.98
Art06	FONS J. VERBEEK, KIRSTIE A. LAWSON and JONATHAN B.L. BARD. Developmental bioinformatics : linking genetic data to virtual embryos <i>Int. J. Dev. Biol. 43 : 761-771 -1999</i>	VERB.99
Art07	KARL. HEINZ HOEHNE, ROBERT L. DELAPAZ, RALPH BERNSTEIN, and ROBERT C. TAYLOR. Surface Display and Reformatting for the 3D Analysis of CT Data. <i>Invest Radiol - 1987; 22:658-664.</i>	HOEH.87

Art008		Richard A. Robb. Three-Dimensional Visualization in Medicine and Biology . <i>Book Chapter in: Handbook of Medical Imaging: Processing and Analysis, Chapter 42, pp. 685-712, 2000.</i>	ROBB.00
Art009		Tamás Várady, Reverse Engineering Shapes . <i>ERCIM news</i> , Number 44 - January 2001	VÁRADY.01
Art010		MATTHIAS HARDERS and GÁBOR SZÉKELY, Enhancing Human Computer Interaction in Medical Segmentation . <i>Proceedings of the IEEE, vol. 91, N°. 9, Sept. 2003</i>	HARD.03

Th001		Stéphane Nullans, Reconstruction Géométrique de formes : Application à la géologie. <i>Thèse de doctorat, Université de Nice-Sophia Antipolis - 1998</i>	NULLA.98
Th002		Construction d'un maillage 3D évolutif et scalable pour le codage vidéo Raphaèle BALTER <i>Thèse de doctorat, Université de Rennes 1 - 2005</i>	BALT.05
Th003		Johan MONTAGANAT, Modèles déformable pour la segmentation et la modélisation de données 3D et 4D. <i>Thèse de doctorat, Université de Nice-Sophia Antipolis - 1999</i>	MONT.99
Th004		David SARRUT, Recalage multimodal et plateforme d'imagerie médicale à accès à distance. <i>Thèse de doctorat, Université Lumière LYON 2 - 2000</i>	SARRUT.00
Th005		GARY CHINGA, Three-dimensional reconstruction of plant cells exposed to different gravity conditions. <i>Norwegian University of Science and Technology - 1997</i>	CHINGA.97
Th006		Catalin Iulian FETTA, Analyse morphofonctionnelle des voies aériennes en TDM spiralee volumique. <i>Thèse de doctorat, Université RENE DESCARTES - PARIS V - 2000</i>	FETTA.00
Th009		Brian Gerard Johnston. Three-dimensional multispectral stochastic image segmentation; <i>Thèse Master en Sciences - University of British Columbia - January 1994</i>	JOHNS.94
Th010		Lauren O'Donnell. Semi-Automatic Medical Image Segmentation, <i>master thesis, Massachusetts Institute Of Technology - October 2001</i>	DONNEL.01
Th011		Djamal BOUKERROUI. Segmentation bayésienne d'images par une approche markovienne multirésolution. Application à l'imagerie échocardiographique et échographique 2D et 3D du sein. <i>Thèse de doctorat, Institut National des Sciences Appliquées de Lyon - 2000</i>	BOUKER.00
Th012		Zoltano KATO. Modélisation markovienne multirésolution en vision par ordinateur. Application à la segmentation d'images SPOT. <i>Thèse de doctorat INRIA Sophia Antipolis – dec. 1994</i>	KATO.94

Th013		Approximation de type Champ Moyen des modèles de champ de Markov pour la segmentation de données spatiales NTAHALIE PEYRARD <i>Thèse de doctorat DE L'UNIVERSITE Joseph FOURIER - 2001</i>	PEYR.01
Th014		Segmentation automatique des structures cérébrales s'appuyant sur des connaissances explicites Alain PITIOT <i>Thèse de doctorat, Ecole des mines de Paris – Nov. 2003</i>	PITIOT.03
Th015		CHAMPS DE MARKOV EN TRAITEMENT D'IMAGES ET MODELES DE LA PHYSIQUE STATISTIQUE : APPLICATIONS EN RELAXATION D'IMAGES DE CLASSIFICATION Marc SIGELLE Thèse de doctorat 1 - Ecole Nationale Supérieure des télécommunications -1993	SIGEL.93
Th016		Compensation de mouvement par réseaux de neuronaux cellulaires. Application en imagerie médicale Christian GRAVA <i>Thèse de doctorat, Ecole doctorale des sciences de l'ingénieur Lyon – Déc. 2003</i>	GRAVA.03
Th017		Segmentation Markovienne Distribuée et Coopérative des Tissus et Structures présents dans des IRM Cérébrales Benoît SCHERRER Mémoire de Master 2 – Université Joseph Fourier de Grenoble, Juin 2005	SCHER.05
Th018		Etienne Bertin , Diagrammes de Voronoï 2D et 3D : applications en analyse d'images. <i>Thèse de doctorat de l'Université de Joseph FOURIER – Grenoble I - 1994</i>	BERTIN.94
Th019		Rupert D. Paget, Nonparametric Markov Random Field Models for Natural Texture Images. <i>PhD thesis - The University of Queensland - February 1999.</i>	PAGET.99
Th020		Tran Kai Frank DA. L'Interpolation de Formes <i>Thèse de doctorat, Université de Nice – Sophia Antipolis - 2002</i>	DA.02

Imp001	Jean Daniel Boissonnat and Bernhard Geiger. Three Dimensional Reconstruction of Complex Shapes Based on the Delaunay Triangulation. <i>Research report N° 1697 , INRIA-Sophia Antipolis - 1992</i>	BG.92
Imp002	Arish ALI, Medical Visualization Using Java 3D. <i>Master thesis, University of Massachusetts Amherst – Sept. 1999</i>	ARISH.99
imp004	Neculai Archip and Robert Rohling, 3D volumetric reconstruction of organs. <i>Technical report N° UBC-ECE-TR 001 – University of British Columbia – November 2002</i>	ARCHIP.02
Imp005	B. Geiger, Three Dimensiona modelling of human organs and its application to diagnosis and surgical planning. <i>INRIA Rapports de Recherche, No. 2105, 1993. disponible sur : http://www.inria.fr/RRRT/publications-eng.html</i>	GEIGER.93
Imp006	Cyrus J. Mistry, Two Dimensional assembly of images and three dimensional reconstruction of prostate structure to examine disease progression. <i>Master thesis; Johns Hopkins University, Baltimore 1998</i>	MISTRY.98
Imp007	Altan O. and Dogan S., 3D MODELLING OF HUMAN FACE AND BRAIN BY USING CT, MR AND DIGITAL IMAGES FOR FINDING ABNORMALITIES. <i>Optical 3D Measurement Techniques VI, Zurich, Switzerland, Vol. I, pp. 148-155. - 2003</i>	ALTAN.03
Imp008	SEELING CHOW. Finite Element Decomposition of the Human Neocortex. <i>Master Thesis - Office of Graduate Studies of Texas A&M University - 1998</i>	CHOW.98
Imp009	Yann Evrard , Julien Mouchel and Damien Strainchamps IMAGERIE 3D EN TOMODENSITOMETRIE Université de Technologie de Compiègne - 2004 http://www.utc.fr/~farges/master_mts/2004-2005/projets/reconstruction3d	YANN.04
Imp010	D. L. Pham, C. Xu, and J. L. Prince. A Survey of Current Methods In Medical Image Segmentation. <i>Technical report, Johns Hopkins</i>	[PHAM.98,

		<i>University, Baltimore, Jan. 1998.</i>	PHAM.00]
		D. L. Pham, C. Xu, and J. L. Prince. Current Methods in Medical Image Segmentation. <i>Annual Review of Biomedical Engineering</i> , 2, 2000.	
Imp011		Sarang Lakare. 3D segmentation techniques for medical volumes. <i>Technical report, State University of New York, Dec. 14, 2000</i>	LAKARE.00
Imp012		C.R. Dance and R. W. Prager. Delaunay reconstruction from multiaxial planar cross-sections. <i>Research report N° CUED/F-INFENEG /TR 273 - 1997</i>	DANCE.97
Rad001		Jayaram K. Udupa Three dimensional visualization and analysis methodologies : a current perspective; <i>radiographics 1999 ; 19 : 783-806</i>	UDUPA.99
Rad002		Paul S. Alhoun, Brian S. Kuszyk, David G. Heath, Jennifer C arley, Elliot K Fishman. Three dimensional volume rendering of spiral CT data : theorie and method; <i>radiographics 1999 ; 19 : 745-764</i>	ALHOUN.99
Rad003		Dianna D. Cody. AAPM/RSNA Physics Tutorial for Residents: Topics in CT Image Processing in CT1 ; <i>radiographics 2002 ; 22 : 1255-1268</i>	CODY.02

Liv001	Atam P. Dhawan, MEDICAL IMAGE ANALYSIS . ISBN 0-471-45131-2 <i>The Institute of Electrical and Electronics Engineers - 2003</i>	DHAW.03
Liv002	Patrice DEGOULET, Marius FIESCHI. Traitement de l'information médicale : Méthodes et applications hospitalières . Disponible sur : www.cybermed.jussieu.fr/broussais/informed/livres/traitinfo/fic/introd.html	DEGO
Liv003	Ross Kinderman, J.Laurie Snell. Contemporary random fields and their applications - <i>American Mathematical Society 1982</i>	KIND.82
Liv005	Stan Z. Li, Modeling Image Analysis Problems Using MRFs Microsoft Research – China - 1995	LI.95
Liv004	I. Bloch, Y. Gousseau, H. Maître, D. Matignon, B. Pesquet-Popescu, F. Schmitt, M. Sigelle, F. Tupin. Le traitement des images - tome 1 - <i>Polycopié du cours ANIM Département TSI – Télécom – Paris, version 5.0 - 11 septembre 2005</i>	BLOCH.05
Liv005	Radu HORAUD, Olivier MONGA. Vision par Ordinateur: Outils fondamentaux , Editions Hermès.	
Ref003	Reconstruct : a free editor for serial section microscopy J. C. FIALA <i>Journal of Microscopy, Vol. 218, Pt 1 April 2005, pp. 52–61</i>	FIALA.05
Ref005	Bases Physiques et Techniques en Imagerie Médicale Dr. Paul Barthez – TDM - IRM - Année 2002-03 – D1	
Seg003	H. D. Li, M. Kallergi, L.P. Clarke, V.K. Jain, and R. A. Clark Markov Random Field for Tumor Detection , <i>IEEE transactions on medical imaging, vol. 14, no. 3: 565-576, september 1995</i>	LI.95
Seg004	M. Mignotte, J. Meunier, J.-P. Soucy, C. Janicki. Segmentation and Classification of Brain Spect Images Using 3D Markov Random Field and Density Mixture Estimations. 1997	MIGNOT.97

	I.L. Herlin, D. Béréziat, G. Giraudon, C. Nguyen, C. Graffigne Segmentation of echocardiographic images with Markov random fields. <i>Rapport de recherche N° 2424 - 1994</i>	HERLIN.94
Rest001	Nicolas Villain, Yves Goussard, Stéphane Brette, Jérôme Idier. Computed Tomography Image Restoration Using Convex-Potential 3D Markov Random Fields; <i>Proceedings - 19th International Conference - IEEE/EMBS; pages 561 – 564- Chicago, IL, USA - Oct. 30 - Nov. 2, 1997</i>	VILLAIN.97

	J.P. Couquerz. Analyse d'images : filtrage et segmentation 1995	COUQ.95
	J. J. Toumazet. Traitement de l'image sur micro-ordinateur <i>Editions Sybex - 1987</i>	TOUM.88
	F Belhadj. Analyse de textures et relaxation probabiliste pour la détection de masses cancéreuses en mammographie. <i>Congrès international en informatique appliquée, Centre Universitaire de Bordj Bou Arréridj - 2005</i>	BELH.05
	W. Habboub, F. Belhadj. Etude des méthodes d'analyse de textures et implémentation de la méthode spatiale pour la détection de masses cancéreuses en mammographie. <i>Mémoire d'ingénieur, Institut National d'Informatique – Alger - 1999</i>	HAB.99
GUPTA95	R. Gupta, P.E. Undrill. The use of texture analysis to delineate suspicious masses in mammography. <i>Phys-Med-Biol. May 1995; 40 5: 835-855</i>	GUPTA95
	J.Y. Hsiao, A. A. Sawchuck. Supervised Texture Image segmentation using feature smoothing and probabilistic relaxation technique, IEEE transaction on pattern analysis and machine intelligence, vol N° 12, Décembre 1989	HSIAO88
	Nicholas Ayache. L'analyse automatique des images médicales : état de l'art et perspectives. <i>Rapport de recherche N° 3364-projet EPIDAURE – INRIA – Février 1998.</i>	AYACHE.98
	Luc Soler, N. Ayache, S. Nicolau, X. Pennec, C. Forest, H. Delingette, Jacques Marescaux. Traitement d'images médicales pour la planification, la simulation et l'aide intra-opératoire des actes chirurgicaux. <i>Rapport technique- projet EPIDAURE – INRIA - 1998.</i>	SOLER.03
	Christian Barillot. Fusion de Données et Imagerie 3D en Médecine Thèse de doctorat, <i>Université de Rennes 1- 1999</i>	BARILLOT.99
	R. C. Gonzalez, R.E. Woods. Digital image processing; <i>Addison-Wesley, 1987</i>	GONZ.87
	Geman S. and Geman D., Stochastic Relaxation, Gibbs Distribution, and the Bayesian Restoration of Images, <i>IEEE Trans. on PAMI, vol. PAMI-6, No. 6, pp.721-741, 1984</i>	GEMAN.84
	K.I. Laws, Textured image segmentation, <i>Ph. D. dissertation, Univ. Southern California, Los Angeles, CA USCIPi Rep. 940 - 1980</i>	LAWS.82
	William E. Lorensen and Harvey E. Cline. Marching cubes: A high resolution 3d surface reconstruction algorithm. <i>Computer</i>	LORENS.87

	<i>Graphics, 21(4), 163-167; July 1987.</i>	
	J. D. Boissonnat, Shape Reconstruction from Planar Cross Sections <i>Computer Vision, Graphics, and Image Processing, Vol. 44, pp. 1-29, 1988.</i>	BOISS.88
	Fabrice Jaillet, Contribution à la reconstruction et à l'animation d'objets déformables définis à partir de données structurées en sections. <i>Thèse de doctorat Université Claude Bernard Lyon 1 – 1999</i>	JAILLET.99
	Franck ROLLAND, Représentation tridimensionnelle et Reconstruction 3D à partir de Coupes 2D. <i>Thèse de doctorat de l'Université Joseph Fourier GRENOBLE I – Septembre 1991</i>	ROLLAND.91
	Anthony LE BRAS, Exploration des Potentialités Du Système Eos™ Pour La Caractérisation Mécanique De Structures Osseuses : Application A L'extrémité Supérieure Du Fémur. <i>Thèse de doctorat de l'Ecole Nationale Supérieure d'Arts et Métiers - 2004</i>	LEBRAS.04
	David William Bullock, Computer Assisted 3D Craniofacial Reconstruction. <i>Master thesis , University of British Columbia – October 1999</i>	BULL.99
	Katrina Marie ARCHER, CRANIOFACIAL RECONSTRUCTION USING HIERARCHICAL B-SPLINE INTERPOLATION, <i>Master thesis , University of British Columbia – October 1997</i>	ARCH.97
	Christiane GRAFFIGNE, Josiane ZERUBIA, Bernard CHALMOND, Segmentation des images. <i>Rapport sur la segmentation du GdR N° 134 TDSI – Nov.1992</i>	GRAF.92
Inter01	Agma J. M. Traina, Afonso H. M. A. Prado, Josiane M. Bueno. 3D Reconstruction of Magnetic Resonance Imaging Using Largely Spaced Slices. <i>Tenth IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems 114-119 ; 1997</i>	AGMA.92
	WEI-CHUNG LIN, CHENG-CHUNG LIANG, AND CHIN-TU CHEN. Dynamic Elastic Interpolation for 3-D Medical Image Reconstruction from Serial Cross Sections. <i>IEEE Transactions On Medical Imaging, Vol. 7, No. 3, P :225-288 - September 1988</i>	LIN.88
	Cheng Chung Liang, Wei Chung Lin, Chin Tu Chen. Intensity Interpolation for Reconstructing 3-D Medical Images from Serial Cross Sections. <i>IEEE Engineering in Medicine and Biology Society. 10 th Annual International Conference - 1988</i>	LIANG.
	James S. Chen and Wei Chung Lin. A new surface interpolation technique for reconstructing 3D objects from serial cross	CHEN.88

	sections. IEEE - 1988	
	Sylvain Jaume, Topology Simplification Algorithm for the Segmentation of Medical Scans. <i>Thèse de doctorat, Université catholique de Louvain, Belgique - 2004</i>	JAUME.04

BIBLIOGRAPHIE

- AGMA.92** AGMA J. M. TRAINA, AFONSO H. M. A. PRADO, JOSIANE M. BUENO. **3D Reconstruction Of Magnetic Resonance Imaging Using Largely Spaced Slices.** *Tenth IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems* 114-119 ; 1997
- ALHOUN.99** PAUL S. ALHOUN, BRIAN S. KUSZYK, DAVID G. HEATH, JENNIFER C ARLEY, ELLIOT K FISHMAN. **Three Dimensional Volume Rendering Of Spiral CT Data : Theorie And Methods;** *radiographics* 1999 ; 19 : 745-764
- ALTAN.03** ALTAN O. AND DOGAN S., **3D Modelling Of Human Face And Brain By Using CT, MR And Digital Images For Finding Abnormalities.** *Optical 3D Measurement Techniques VI, Zurich, Switzerland, Vol. I, pp. 148-155. - 2003*
- ARCH.97** KATRINA MARIE ARCHER, **Craniofacial Reconstruction Using Hierarchical B-Spline Interpolation,** *Master thesis , University of British Columbia – October 1997*
- ARCHIP.02** NECULAI ARCHIP AND ROBERT ROHLING, **3D Volumetric Reconstruction Of Organs.** *Technical report N° UBC-ECE-TR 001 – University of British Columbia – November 2002*
- ARISH.99** ARISH ALI, **Medical Visualization Using Java 3d.** *Master thesis, University of Massachusetts Amherst – Sept. 1999*
- AYACHE.98** NICHOLAS AYACHE. **L'analyse Automatique Des Images Médicales : Etat De L'art Et Perspectives.** *Rapport de recherche N° 3364- projet EPIDAURE – INRIA – Février 1998.*
- BALT.05** RAPHAËLE BALTER, **Construction D'un Maillage 3D Evolutif Et Scalable Pour Le Codage Vidéo.** *Thèse de doctorat, Université de Rennes 1 - 2005*
- BARILLOT.99** CHRISTIAN BARILLOT. **Fusion De Données Et Imagerie 3D En Médecine.** *Thèse de doctorat, Université de Rennes 1- 1999*
- BELH.05** FOUDIL BELHADJ, WESAAM HABBOUB ET SAMIR AKROUF. **Analyse De Textures Et Relaxation Probabiliste Pour La Détection De Masses Cancéreuses En Mammographie.** *Congrès International en Informatique Appliquée, Centre Universitaire de Bordj Bou Arréridj – Novembre 2005.*
- BERTIN.94** ETIENNE BERTIN , **Diagrammes De Voronoï 2D Et 3D : Applications En Analyse D'images.** *Thèse de doctorat de l'Université de Joseph FOURIER – Grenoble I - 1994*
- BG.92** JEAN DANIEL BOISSONNAT AND BERNHARD GEIGER. **Three Dimensional Reconstruction Of Complex Shapes Based On The Delaunay Triangulation.** *Research report N° 1697, INRIA-Sophia Antipolis - 1992*
- BLOCH.05** I. BLOCH, Y. GOUSSEAU, H. MAËTTE, D. MATIGNON, B. PESQUET-POPESCU, F. SCHMITT, M. SIGELLE, F. TUPIN. **Le Traitement Des Images - Tome 1 - Polycopié du cours ANIM Département TSI – Télécom – Paris, version 5.0 - 11 septembre 2005**
- BOISS.88** J. D. BOISSONNAT, **Shape Reconstruction from Planar Cross Sections** *Computer Vision, Graphics, and Image Processing, Vol. 44, pp. 1-29, 1988.*
- BOUKER.00** DJAMAL BOUKERROU. **Segmentation Bayésienne D'images Par Une Approche Markovienne Multirésolution. Application A L'imagerie Echocardiographique et Echographique 2D et 3D Du Sein.** *Thèse de doctorat, Institut National des Sciences Appliquées de Lyon - 2000*
- BROWN.96** IAIN M. BROWN - MALCOLM J. HERBERT, **Knowledge-Based Geological Visualisation Using Avs.** *Proceedings of GIG conference on Geological Visualisation - the Intelligent Picture. British Geological Survey - October 1996*
- BULL.99** DAVID WILLIAM BULLOCK, **Computer Assisted 3d Craniofacial Reconstruction.** *Master thesis , University of British Columbia – October 1999*
- CHEN.88** JAMES S. CHEN AND WEI CHUNG LIN. **A New Surface Interpolation Technique For Reconstructing 3D Objects From Serial Cross Sections.** *IEEE - 1988*
- CHINGA.97** GARY CHINGA, **Three-Dimensional Reconstruction Of Plant Cells Exposed To Different Gravity Conditions.** *Norwegian University of Science and Technology - 1997*

- CHOW.98** SEELING CHOW. **Finite Element Decomposition Of The Human Neocortex.** *Master Thesis - Office of Graduate Studies of Texas A&M University - 1998*
- CODY.02** DIANNA D. CODY. **AAPM/RSNA Physics Tutorial For Residents: Topics In CT Image Processing In CT1 ; radiographics 2002 ; 22 : 1255-1268**
- COUQ.95** J.P. COUQUERZ. **Analyse D'images : Filtrage Et Segmentation.** 1995
- DA.02** TRAN KAI FRANK DA. **L'Interpolation De Formes.** *Thèse de doctorat, Université de Nice – Sophia Antipolis - 2002*
- DANCE.97** C.R. DANCE AND R. W. PRAGER. **Delaunay Reconstruction From Multiaxial Planar Cross-Sections.** *Research report N° cued/f-infeneg /tr 273 - 1997*
- DEGO** PATRICE DEGOULET, MARIUS FIESCHI. **Traitement De L'information Médicale : Méthodes Et Applications Hospitalières.** Disponible sur :
www.cybermed.jussieu.fr\broussais\informed\livres\traitinfo\fic\introd.html
- DELING.05** HERVE DELINGETTE AND NICHOLAS AYACHE. **Hepatic Surgical Simulation.** *Communications of the ACM, February 2005/Vol. 48, No. 2 ;31-36*
- DHAW.03** ATAM P. DHAWAN, **MEDICAL IMAGE ANALYSIS.** ISBN 0-471-45131-2 *The Institute of Electrical and Electronics Engineers - 2003*
- DONNEL.01** LAUREN O'DONNELL. **Semi-Automatic Medical Image Segmentation,** *master thesis , Massachusetts Institute Of Technology - October 2001*
- FETITA.00** CATALIN JULIAN FETITA, **Analyse Morphofonctionnelle Des Voies Aériennes En TDM Spiralee Volumique.** *Thèse de doctorat, Université RENE DESCARTES - PARIS V - 2000*
- FIALA.05** J. C. FIALA, **Reconstruct : A Free Editor For Serial Section Microscopy.** *Journal of Microscopy, Vol. 218, Pt 1 April 2005, pp. 52-61*
- GEIGER.93** B. Geiger, **Three Dimensiona Modelling Of Human Organs And Its Application To Diagnosis And Surgical Planning.** *INRIA Rapports de Recherche, No. 2105, 1993. disponible sur : http://www.inria.fr/RRRT/publications-eng.html*
- GEMAN.84** GEMAN S. AND GEMAN D., **Stochastic Relaxation, Gibbs Distribution, And The Bayesian Restoration Of Images,** *IEEE Trans. on PAMI, vol. PAMI-6, No. 6, pp.721-741, 1984*
- GONZ.87** R. C. GONZALEZ, R.E. WOODS. **Digital Image Processing;** *Addison-Wesley, 1987*
- GRAF.92** CHRISTIANE GRAFFIGNE, JOSIANE ZERUBIA, BERNARD CHALMOND, **Segmentation Des Images.** *Rapport sur la segmentation du GdR N° 134 TDSI – Nov.1992*
- GRAVA.03** CHRISTIAN GRAVA, **Compensation De Mouvement Par Réseaux De Neuronaux Cellulaires. Application En Imagerie Médicale.** *Thèse De Doctorat, Ecole Doctorale Des Sciences De L'ingénieur Lyon – Déc. 2003*
- GUPTA95** R. GUPTA, P.E. UNDRILL. **The Use Of Texture Analysis To Delineate Suspicious Masses In Mammography.** *Phys-Med-Biol. May 1995; 40 5: 835-855*
- HAB.99** WESAM HABBBOUB, FOUJIL BELHADJ. **Etude des Methodes d'Analyse de Textures et Implementation de la Méthode Spatiale pour la Détection de Masses Cancéreuses en Mammographie.** *Mémoire d'ingénieur, Institut National d'Informatique – Alger - 1999*
- HARD.03** MATTHIAS HARDERS AND GÁBOR SZÉKELY, **Enhancing Human Computer Interaction In Medical Segmentation.** *Proceedings of the IEEE, vol. 91, N°. 9, Sept. 2003*
- HERLIN.94** I.L. Herlin, D. Béréziat, G. Giraudon, C. Nguyen, C. Graffigne. **Segmentation Of Echocardiographic Images With Markov Random Fields.** *INRIA - Rapport de recherche N° 2424 - 1994*
- HOEH.87** KARL. HEINZ HOEHNE, ROBERT L. DELAPAZ, RALPH BERNSTEIN, AND ROBERT C. TAYLOR. **Surface Display And Reformatting For The 3D Analysis Of CT Data.** *Invest Radiol - 1987; 22:658-664.*
- HOR.03** RADU HORAUD, OLIVIER MONGA. **Vision Par Ordinateur: Outils Fondamentaux , Editions Hermès - 2003.**
- HSIAO88** J.Y. Hsiao, A. A. Sawchuck. **Supervised Texture Image Segmentation Using Feature Smoothing And Probabilistic Relaxation Technique,** *IEEE transaction on pattern analysis and machine intelligence, vol. N° 12, Décembre 1989*
- JAILLET.99** Fabrice Jaillet, **Contribution A La Reconstruction Et A L'animation D'objets Déformables Définis A Partir De Données Structurées En Sections.** *Thèse de doctorat Université Claude Bernard Lyon 1 – 1999*

- JAUME.04** Sylvain Jaume, **Topology Simplification Algorithm for the Segmentation of Medical Scans.** *Thèse de doctorat, Université catholique de Louvain, Belgique - 2004*
- JOHNS.94** Brian Gerard Johnston. **Three-Dimensional Multispectral Stochastic Image Segmentation;** *Thèse Master en Sciences - University of British Columbia - January 1994*
- KALRA.99** SHOWBHIK KARLA, DILP KRISHNAN AND M.N. CHONG. **A MRF Model Based Scheme for Accurate Detection and Adaptive Interpolation of Missing Data in Highly Corrupted Image Sequences.** *IEEE - 1999*
- KATO.94** Zoltano KATO. **Modélisation Markovienne Multirésolution en Vision par Ordinateur. Application à la Segmentation d'Images SPOT.** *Thèse de doctorat INRIA Sophia Antipolis – Dec. 1994*
- KIND.82** Ross Kinderman, J.Laurie Snell. **Contemporary Random Fields and their Applications** - *American Mathematical Society - 1982*
- KOKA.95** ANIL C. KOKARAM AND SIMON J. GODSILL. **Interpolation of Missing Data in Image Sequences.** *IEER transactions on image processing, Vol 4, N° 11, Nov. 1995 – pp: 1509-1519*
- LAKARE.00** Sarang Lakare. **3D Segmentation Techniques For Medical Volumes.** *Technical report, State University of New York, Dec. 14, 2000*
- LAWS.82** K.I. Laws, **Textured Image Segmentation,** *Ph. D. dissertation, Univ. Southern California, Los Angeles, CA USCPI Rep. 940 - 1980*
- LEBRAS.04** Anthony LE BRAS, **Exploration Des Potentialités Du Système EOS Pour La Caractérisation Mécanique DeS Structures Osseuses : Application A L'extrémité Supérieure du Fémur.** *Thèse de doctorat de l'Ecole Nationale Supérieure d'Arts et Métiers - 2004*
- LEE.02** JIANN-DER LEE, SHU-YEN WAN, AND CHERNG-MIN MA. **Inter-Slice Interpolation of Anisotropic 3-D Images Using Multi-Resolution Contour Correlation.** *Proceeding of SPIE volume 4684, Medical Imaging 2002: Image Processing, May 2002. pp : 1112 - 1122*
- LEE&LIN.02** TONG-YEE LEE AND CHAO-HUNG LIN. **Feature-Guided Shape-Based Image Interpolation.** *IEEE transactions on medical imaging, Vol. 21, N° 12, Déc. 2002*
- LI.95** Stan Z. Li, **Modeling Image Analysis Problems Using MRFs.** *Microsoft Research – China - 1995*
- LIANG.88** Cheng Chung Liang, Wei Chung Lin, Chin Tu Chen. **Intensity Interpolation For Reconstructing 3-D Medical Images From Serial Cross Sections.** *IEEE Engineering in Medicine and Biology Society. 10 th Annual International Conference - 1988*
- LIHD.95** H. D. Li, M. Kallergi, L.P. Clarke, V.K. Jain, and R. A. Clark. **Markov Random Field For Tumor Detection,** *IEEE transactions on medical imaging, vol. 14, no. 3: 565-576, september 1995*
- LIN.88** WEI-CHUNG LIN, CHENG-CHUNG LIANG, AND CHIN-TU CHEN. **Dynamic Elastic Interpolation For 3-D Medical Image Reconstruction From Serial Cross Sections.** *IEEE Transactions On Medical Imaging, Vol. 7, No. 3, P :225-288 - September 1988*
- LORENS.87** WILLIAM E. LORENSEN AND HARVEY E. CLINE. **Marching Cubes: A High Resolution 3d Surface Reconstruction Algorithm.** *Computer Graphics, 21(4), 163-167; July 1987.*
- LOZA.98** S. LOZANOFF AND D. MOODY. **A Brief Review Of Computerized 3D Reconstruction Of Anatomical Structures.** *Internal report, University of Alberta - 1998*
- MIGNOT.97** M. MIGNOTTE, J. MEUNIER, J.-P. SOUCY, C. JANICKI. **Segmentation And Classification Of Brain Spect Images Using 3D Markov Random Field And Density Mixture Estimations.** 1997
- MISTRY.98** CYRUS J. MISTRY, **Two Dimensional Assembly Of Images And Three Dimensional Reconstruction Of Prostate Structure To Examine Disease Progression.** *Master thesis; Johns Hopkins University, Baltimore 1998*
- MONT.99** JOHAN MONTAGANAT, **Modèles Déformable Pour La Segmentation Et La Modélisation De Données 3D Et 4D.** *Thèse de doctorat, Université de Nice-Sophia Antipolis - 1999*
- NULLA.98** STEPHANE NULLANS, **Reconstruction Géométrique De Formes : Application A La Géologie.** *Thèse de doctorat , Université de Nice-Sophia Antipolis - 1998*
- PAGET.99** Rupert D. Paget, **Nonparametric Markov Random Field Models For Natural Texture Images.** *PhD thesis - The University of Queensland - February 1999.*
- PARROT.92** ROB W. PARROT, MARTIN R. STYTZ, PHIL AMBURN, DAVID ROBINSON **Statistically Optimal Interslice Value Interpolation in 3D Medical Imaging: Theory And Implementation.** *Fifth annual IEEE Symposium on Computer Based Medical Systems - 1992*

- PEYR.01** NTAHALIE PEYRARD, **Approximation De Type Champ Moyen Des Modèles De Champ De Markov Pour La Segmentation De Données Spatiales.** *Thèse de doctorat DE L'UNIVERSITE Joseph FOURIER - 2001*
- PHAM.00** D. L. PHAM, C. XU, AND J. L. PRINCE. **Current Methods in Medical Image Segmentation.** *Annual Review of Biomedical Engineering, 2, 2000.*
- PHAM.98** D. L. PHAM, C. XU, AND J. L. PRINCE. **A Survey of Current Methods in Medical Image Segmentation.** *Technical report, Johns Hopkins University, Baltimore, Jan. 1998.*
- PITTIOT.03** ALAIN PITTIOT, **Segmentation Automatique des Structures Cérébrales S'appuyant sur des Connaissances Explicites.** *Thèse de doctorat, Ecole des mines de Paris – Nov. 2003*
- ROBB.00** RICHARD A. ROBB. **Three-Dimensional Visualization In Medicine And Biology.** *Book Chapter in: Handbook of Medical Imaging: Processing and Analysis, Chapter 42, pp. 685-712, 2000.*
- ROLLAND.91** Franck ROLLAND, **Représentation Tridimensionnelle et Reconstruction 3D à partir de Coupes 2D.** *Thèse de doctorat de l'Université Joseph Fourier GRENoble I – Septembre 1991*
- SARRUT.00** DAVID SARRUT, **Recalage Multimodal et Plateforme d'imagerie Médicale à Accès à Distance.** *Thèse de doctorat, Université Lumière LYON 2 - 2000*
- SCHER.05** BENOIT SCHERRER, **Segmentation Markovienne Distribuée et Coopérative des Tissus et Structures Présents dans des IRM Cérébrales.** *Mémoire de Master 2 – Université Joseph Fourier de Grenoble, Juin 2005*
- SERRE.02** T. SERRE, C. BRUNET, S. BIDAL, M. BEHR, S.-E. GHANNOUCHI, L. CHABERT, F. DURAND, C. CAVALLERO ET J. BONNOIT. **L'homme Assis : Acquisition Géométrique et Reconstruction 3D.** *Journal of Clinical Anatomy - Volume 24, Numéro 6, 2002*
- SIGEL.93** MARC SIGELLE, **Champs De Markov en Traitement d'images et Modèles de la Physique Statistique : Applications en Relaxation d'Images De Classification.** *Thèse de Doctorat - Ecole Nationale Supérieure Des Télécommunications -1993*
- SOLER.03** LUC SOLER, N. AYACHE, S. NICOLAU, X. PENNEC, C. FOREST, H. DELINGETTE, JACQUES MARESCAUX. **Traitement D'images Médicales Pour La Planification, La Simulation Et L'aide Intra-Opératoire Des Actes Chirurgicaux.** *Rapport technique- projet EPIDAURE – INRIA - 1998.*
- TIGG.02** R. VAN TIGGELEN, **Historical Article In Search For The Third Dimension: From Radiostereoscopy To Three-Dimensional Imaging.** *JBR–BTR, 2002, 85: 266-270.*
- TOUM.88** J.J. TOUMAZET. **Traitement De L'image Sur Micro-Ordinateur.** *Editions Sybex - 1987*
- UDUPA.99** JAYARAM K. UDUPA **Three Dimensional Visualization And Analysis Methodologies : A Current Perspective;** *radiographics 1999 ; 19 : 783-806*
- VÁRADY.01** TAMÁS VÁRADY, **Reverse Engineering Shapes.** *ERCIM news , Number 44 - January 2001*
- VERB.99** FONS J. VERBEEK, KIRSTIE A. LAWSON AND JONATHAN B.L. BARD. **Developmental bioinformatics : linking genetic data to virtual embryos.** *Int. J. Dev. Biol. 43 : 761-771-1999*
- VILLAIN.97** NICOLAS VILLAIN, YVES GOUSSARD, STKPHANE BRETTE, JE'RDME IDIER. **Computed Tomography Image Restoration Using Convex-Potential 3d Markov Random Fields;** *Proceedings - 19th International Conference - IEEE/EMBS; pages 561 – 564- Chicago, IL, USA - Oct. 30 - Nov. 2, 1997*
- YANN.04** YANN EVRARD, JULIEN MOUCHEL AND DAMIEN STRAINCHAMPS , **Imagerie 3D en Tomodensitométrie.** *Université de Technologie de Compiègne – 2004 - http://www.utc.fr/~farges/master_mts/2004-2005/projets/reconstruction3d*