THÈSE

présentée à

l'Université Louis Pasteur de Strasbourg - Ecole Doctorale SPI
Laboratoire des Sciences de l'Image, de l'Informatique et de la Télédétection
UMR 7005 CNRS/ULP

par

M. Benoît NAEGEL

pour obtenir le grade de

DOCTEUR DE L'UNIVERSITÉ LOUIS PASTEUR
DISCIPLINE : INFORMATIQUE

SEGMENTATION DES ORGANES DE L'ABDOMEN PAR DES CRITÈRES TOPOLOGIQUES ET MORPHOLOGIQUES.

---

soutenue publiquement le 15 octobre 2004
devant le jury composé de :

M. Christian Ronse, Directeur de Thèse,
Professeur à l'Université Louis Pasteur, Strasbourg

M. Luc Soler, Co-directeur de Thèse
Directeur de recherche à l'Institut de Recherche contre les Cancers de l'Appareil Digestif (IRCAD), Strasbourg

M. Pierre Soille, Rapporteur Externe
Scientific officer, EC-JRC, Ispra, Italie

M. Angel Osorio, Rapporteur Externe
Directeur de recherche CNRS, LIMSI, Université Paris Sud, Orsay

M. Jean-Paul Armspach, Rapporteur Interne
Ingénieur de recherche (Docteur d'Etat) à l'Université Louis Pasteur, IPB, Strasbourg

M. Michel De Mathelin, Examinateur
Professeur à l'Université Louis Pasteur, Strasbourg

À mes parents,

Remerciements

Je remercie mon directeur de thèse, Christian Ronse, pour sa disponibilité et son soutien tout au long de ce travail.

Un grand merci également à Luc Soler, mon co-directeur, et à Jacques Marescaux, président de l'IRCAD, pour m'avoir permis de travailler dans des conditions idéales.

J'exprime toute ma reconnaissance à Pierre Soille, dont les critiques constructives me furent très précieuses. Merci également aux autres membres du jury : Angel Osorio, Jean-Paul Armspach et Michel De Mathelin, qui ont accepté de juger mon travail.

Merci à tous les collègues de l'équipe Virtuals, pour avoir su maintenir une bonne ambiance pendant ces années. En particulier un grand merci à Jean-Baptiste Fasquel, pour ses nombreux conseils avisés qui m'ont été très précieux pour achever ce travail. Grand merci à Vincent Agnus, pour ses compétences en morphologie mathématique, ainsi qu'à mon collègue thésard et voisin de bureau Julien Lamy, pour sa précieuse aide technique.

Je remercie la Région Alsace pour avoir financé une partie de ce travail.

Un immense merci à l'équipe du CNRS (Conservatoire National de Région de Strasbourg !) pour m'avoir accepté dans la classe d'improvisation musicale, et m'avoir permis indirectement de puiser l'énergie pour terminer ce mémoire. En particulier merci aux "profs" : Bernard Struber, Benjamin Moussay et tous les autres, immenses savants de la musique.

Merci à tous mes amis, musiciens et autres : Olivier, compagnon de rando et cycliste intrépide, Fred, grand ami, et Fabienne, Anne et Vincent (Juliette, et ... Giboulée !!!) amis poètes qui aiment les chansons et le folk, Philippe et Delphine, compagnons chanteurs, Céline, la joueuse de vielle à roue, Marc, le guitariste, Jean, le batteur qui m'a accompagné lors du concours du Conservatoire, les membres de notre trio de choc, Alain, le batteur "qui ne tape pas fort" et Jean-François, le contrebassiste (rare de nos jours !).

Enfin, je remercie mes parents pour m'avoir permis d'étudier pendant toutes ces années dans des conditions optimales.

Toute mon affection va à Kellen, ma compagne, pour son soutien et pour m'avoir poussé à continuer jusqu'au bout.

Table des matières

Introduction **1**

I Images **5**

1 Imagerie médicale **7**

1.1 Méthodes d'acquisition 7

1.2 Radiographie et imagerie TomoDensitoMétrique (TDM) 8

1.2.1 Radiographie 8

1.2.2 Image scanner ou image TDM 8

1.3 Échographie 2D et 3D 9

1.4 Procédés utilisant la résonance magnétique nucléaire (IRM et SRM) 9

1.4.1 L'IRM 9

1.4.2 La spectroscopie par résonance magnétique 10

1.5 Imagerie nucléaire ou scintigraphique 10

1.6 Tomographie par émission de positons (ou positrons) 10

2 Analyse des images à traiter et des structures à segmenter **13**

2.1 Définition des attributs quantitatifs 13

2.1.1 Attributs photométriques 13

2.1.2 Attributs texturaux 14

2.1.3 Attributs morphologiques 14

2.1.4 Localisation d'une structure 22

2.1.5 Mesure de similarité entre deux structures 22

2.2 Données médicales sur les structures à segmenter 23

2.2.1 La peau 23

2.2.2 La graisse 23

2.2.3 Les muscles 23

2.2.4 Les structures osseuses 23

2.2.5 Le diaphragme 24

2.2.6 Les organes 24
2.3 Images TDM de la région abdominale 32
2.3.1 Acquisition des images 34
2.3.2 Taille des images 34
2.3.3 Dimension des voxels 36
2.3.4 Échelle d'intensité des images 36
2.3.5 Artefacts présents sur les images 36
2.3.6 Structures visibles 38
2.4 Étude quantitative des structures anatomiques de l'abdomen 40
2.4.1 Définition des attributs 40
2.4.2 Application aux organes 41
2.5 Conclusion 46

II Segmentation 53

3 Segmentation d'images 55
3.1 Segmentation d'images : état de l'art 55
3.1.1 Approche par contours 55
3.1.2 Approche par régions 57
3.2 Application à l'imagerie médicale 58
3.3 Approche choisie 59

4 Morphologie mathématique 61
4.1 Structure de base en morphologie mathématique 61
4.2 Opérateurs basiques 62
4.2.1 Morphologie binaire 62
4.2.2 Morphologie à niveaux de gris 62
4.3 Transformée en tout-ou-rien 64
4.3.1 Images binaires 64
4.3.2 Images en niveaux de gris 64
4.4 Filtres morphologiques 72
4.4.1 Filtres alternés séquentiels 72
4.4.2 Opérateurs connexes 73
4.5 Segmentation morphologique 84
4.5.1 La ligne de partage des eaux 85
4.5.2 Recherche de marqueurs 85
4.5.3 Imposition des marqueurs dans l'image 87

4.6 Segmentation hiérarchique 87
4.6.1 Segmentation hiérarchique de Beucher 89
4.6.2 Forêts de recouvrement (minimum spanning forests) 89
4.6.3 Inondations du relief et hiérarchie utilisant une distance ultramétrique 90
4.7 Algorithmes 90
4.7.1 Reconstruction géodésique en niveaux de gris 90
4.7.2 Ouverture d'aire 93
4.7.3 Ouverture volumique 94
4.7.4 Ligne de partage des eaux 94

III Méthodes proposées 97

5 Segmentation morphologique : étude du problème 99
5.1 Segmentation morphologique : travaux existants 99
5.2 Données nécessaires à la segmentation morphologique 100
5.2.1 Image 100
5.2.2 Filtrage de l'image 105
5.2.3 Marqueurs 106
5.3 Segmentation sans connaissance ajoutée 108
5.3.1 Filtrage des minima 110
5.3.2 Algorithmes de fusions de régions 113
5.3.3 Conclusion 124
5.4 Segmentation partielle utilisant la ligne de partage des eaux mosaïque 124
5.4.1 Segmentation du foie 127
5.4.2 Segmentation de la rate 127
5.4.3 Segmentation des reins 127
5.4.4 Discussion 128
5.5 Segmentation semi-automatique à partir de l'image mosaïque 128
5.6 Conclusion 130

6 Segmentation morphologique par recherche de marqueurs 131
6.1 Protocole de segmentation 132
6.1.1 Réduction de l'image à une zone d'intérêt 132
6.1.2 Recherche du marqueur interne 132
6.1.3 Ligne de partage des eaux sur histogramme 132
6.1.4 Seuillage de l'image et détection de composantes connexes 133
6.1.5 Problèmes inhérents à l'algorithme de ligne de partage des eaux . . . 134

6.1.6 Amincissement homotopique 134
6.1.7 Recherche du marqueur externe 134
6.1.8 Ligne de partage des eaux 134
6.1.9 Recadrage de l'image 134
6.2 Segmentation du foie 136
6.2.1 Détermination de la région d'intérêt 136
6.2.2 Détermination du marqueur interne 136
6.2.3 Détection des lésions 137
6.2.4 Conservation de la composante connexe principale 138
6.2.5 Détermination du marqueur externe 138
6.2.6 Ligne de partage des eaux 138
6.3 Segmentation de la rate 138
6.3.1 Détermination de la région d'intérêt 138
6.3.2 Détermination du marqueur interne 142
6.3.3 Détermination du marqueur externe 147
6.3.4 Ligne de partage des eaux 147
6.4 Segmentation des reins 147
6.4.1 Détermination de la région d'intérêt des reins 151
6.4.2 Détermination du marqueur interne 151
6.4.3 Détermination du marqueur externe 151
6.4.4 Ligne de partage des eaux 155
6.5 Conclusion 155

7 Segmentation des réseaux vasculaires 159
7.1 Les réseaux vasculaires de l'abdomen 159
7.1.1 Anatomie et variation de structures vasculaires caractéristiques 159
7.1.2 Caractéristiques des structures vasculaires 161
7.2 Segmentation du réseau porte du foie 162
7.2.1 Méthodes existantes 162
7.2.2 Segmentation par croissance de région 162
7.2.3 Discussion 163
7.3 Automatisation du calcul de la graine : première méthode 164
7.3.1 Choix de la méthode de détection 164
7.3.2 Morphologie de la veine porte 164
7.3.3 Étude de la forme moyenne de l'entrée de la veine porte dans le foie . 164
7.3.4 Choix des éléments structurants 164
7.3.5 Variations anatomiques 166

7.3.6 Variations de la taille 166
7.3.7 Niveau de gris des éléments structurants 166
7.3.8 Assouplissement des contraintes 167
7.3.9 Application de la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris . . . 168
7.3.10 Élimination des faux-positifs 168
7.3.11 Résultats de la détection automatique de la veine porte dans le foie . 169
7.4 Automatisation du calcul de la graine : seconde méthode 169
7.4.1 Principe de la méthode 170
7.4.2 Prétraitement de l'image 170
7.4.3 Détection de la veine mésentérique supérieure (VMS) 170
7.4.4 Détection de l'entrée de la veine porte dans le foie (EVP) 173
7.4.5 Combinaison des deux résultats 173
7.4.6 Discussion 176
7.5 Critères de propagation experimentés 176
7.5.1 Propagation par seuillage simple 176
7.5.2 Orientation de la propagation 179
7.5.3 Conclusion sur la méthode 180
7.5.4 Seuillage adaptatif 180
7.5.5 Critère de contraste 182
7.6 Filtrage de l'image 184
7.6.1 Filtrage "anisotrope" 184
7.6.2 Fitrage médian 184
7.6.3 Application de top-hats 189
7.7 Perspectives : segmentation concurrente des réseaux vasculaires de l'abdomen 189
7.7.1 Détection des points caractéristiques des différents réseaux vasculaires 189
7.7.2 Perspectives 192
7.8 Conclusion 192

IV Validation **195**

8 Méthode d'évaluation des résultats **197**
8.1 Méthodes d'évaluation existantes 197
8.2 Méthode d'évaluation employée 198
8.2.1 Définition des paramètres de comparaison 198
8.2.2 Définition de la distance entre deux segmentations 199
8.2.3 Limites de la méthode de validation 201

9 Évaluation des résultats **203**
9.1 Évaluation des résultats de la méthode semi-automatique 203
9.1.1 Évaluation de la segmentation du foie 203
9.1.2 Évaluation de la segmentation de la rate 208
9.1.3 Évaluation de la segmentation des reins 208
9.1.4 Conclusion sur la méthode semi-automatique 208
9.2 Évaluation des résultats de la méthode automatique 209
9.2.1 Évaluation de la segmentation du foie 209
9.2.2 Évaluation de la segmentation de la rate 211
9.2.3 Résultats de la segmentation du rein droit 214
9.2.4 Résultats de la segmentation du rein gauche 216
9.3 Conclusion 217

Conclusion générale **221**

A Illustration des résultats obtenus **227**

Annexe **227**

Bibliographie **231**

Introduction

Motivations

L'imagerie médicale a entraîné une révolution dans le domaine de la médecine en offrant la possibilité de "voir" l'intérieur du corps humain : avant cela, le seul moyen d'acquérir des informations sur les organes ou autres structures "cachées" était la dissection. Depuis leur apparition, au milieu du vingtième siècle, les imageurs n'ont pas cessé de se perfectionner en terme de qualité d'image et de précision. Ils fournissent une quantité d'information de plus en plus volumineuse : cela nécessite donc de plus en plus de temps pour la traiter. Les divers praticiens, en effet, ont de plus en plus de coupes à analyser, qu'ils étudient en général une par une. Leur temps d'analyse étant très limité, il peut être intéressant d'automatiser certaines tâches d'analyse.

Dans ce contexte, la segmentation d'images médicales a un grand intérêt. Elle permet, de façon automatique, de délimiter des structures internes du patient. Ces structures peuvent être anatomiques (organes) mais aussi pathologiques (lésions). La segmentation automatique de lésions dans une grande base d'images a un intérêt évident : elle permet d'assister le radiologue dans son diagnostic, en détectant éventuellement des lésions oubliées, et également d'accélerer le processus d'analyse. La segmentation automatique de structures anatomiques est également très utile. Utilisée conjointement avec des algorithmes de reconstruction et de visualisation, elle permet d'observer les structures en trois dimensions, d'établir différentes mesures sur ces structures, et d'aider le praticien (radiologue, chirurgien) dans sa représentation mentale de l'image. La segmentation automatique d'images est cependant une tâche difficile, du fait de la variabilité des images. Ce travail de recherche a été mené à l'IRCAD (Institut de Recherche contre les Cancers de l'Appareil Digestif) en collaboration avec le LSIIT (ULP/UMR CNRS 7005), et a été financé en partie par la Région Alsace.

Problématique

Le but de ce travail est d'étudier les principales difficultés liées à la segmentation automatique d'images médicales, et de proposer des méthodes pour les résoudre. Nous appliquerons ces méthodes aux images tomodensitométriques, ou images TDM : les principes généraux restent cependant valables pour les autres techniques d'acquisition (imagerie par résonance magnétique ou IRM, en particulier).

Dans cette étude, nous étudierons les possibilités offertes par la morphologie mathématique. Des outils théoriques très puissants ont été mis au point dans ce domaine, mais ils sont parfois sous-utilisés ou mal compris. Nous montrerons l'usage de certains opérateurs de morphologie mathématique comme la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris, permettant de détecter certaines configurations particulières de points dans une image en niveaux de gris. Nous étudierons également de manière systématique le protocole de segmentation morphologique, et les

différentes possibilités de segmentation qui en découlent.

Les problèmes à résoudre sont nombreux et appartiennent à des domaines variés. Dans le domaine du traitement d'images, de nombreux opérateurs ont été étudiés et développés dans le but de simplifier ou de transformer des images, d'acquérir des informations quantitatives, de détecter certaines configurations de points. En général, cependant, ces opérateurs sont de bas niveau, et ils nécessitent d'être combinés entre eux et adaptés au domaine particulier que l'on souhaite étudier. Les opérateurs de segmentation développés en traitement d'image "classique" sont très généraux, et n'utilisent pas de connaissance à priori sur les objets recherchés. De plus, la définition du terme segmentation employé dans ce domaine est légèrement différente de la définition que nous lui donnons. Dans les ouvrages de traitement d'images, segmenter une image consiste à obtenir une partition de l'image en régions. Les opérateurs de ce domaine partent dans la plupart des cas de l'hypothèse qu'une image est composée d'un objet et d'un fond, et que l'objet peut être isolé par rapport au fond soit en calculant un seuil optimal d'après l'histogramme des intensités de l'image, soit en calculant une carte d'arêtes de l'image. Cette vision, si elle peut s'adapter à un grand nombre de domaines, est cependant très simplificatrice. Nous donnerons, dans ce mémoire, une signification légèrement différente au terme "segmentation" : "segmenter" un organe consistera à le délimiter. Cette définition englobe alors deux étapes : une première étape de segmentation pour partitionner l'image en régions, puis une seconde étape pour détecter la région voulue. Cette dernière phase de détection n'est pas triviale, et indispensable dans tout système de vision par ordinateur. Elle peut emprunter des méthodes appartenant à divers domaines, tels que la reconnaissance de formes ou l'intelligence artificielle.

Problème de la variabilité

Le problème principal posé par la segmentation automatique est de réussir à s'adapter à la variabilité rencontrée au niveau des images médicales. Cette variabilité se situe à plusieurs niveaux :

- Au niveau des images, la quantité de bruit, la localisation du produit de contraste injecté ainsi que le protocole d'acquisition peuvent varier. Ceci nécessite donc de s'adapter à ces différents facteurs. La qualité des images peut être inégale, c'est à dire que certaines images peuvent être plus faciles à traiter que d'autres.
- L'autre niveau de variabilité se situe au niveau anatomique. Divers facteurs morphologiques varient en effet d'une personne à l'autre, ce qui entraîne que les structures anatomique internes ne sont pas identiques chez tout le monde.

Problème du choix des opérateurs

Pour s'adapter à la variabilité des images rencontrées, une chaîne de traitement doit être mise en place. Cette chaîne de traitement va être composée d'un certain nombre d'opérateurs de traitement d'images. Le choix de ces opérateurs et leur enchaînement doit être fait soigneusement. En particulier, le problème qui va se poser va être d'utiliser une chaîne de traitement optimale, comportant le moins possible d'opérateurs redondants. Cette tâche est loin d'être aisée. En effet, si le comportement théorique individuel de ces opérateurs est bien connu, le résultat de leur enchaînement dans un but applicatif est toujours soumis à des erreurs imprévisibles. La difficulté vient donc d'une part du choix de ces opérateurs selon leur comportement théorique et d'autre part de l'observation et de l'expérimentation de la chaîne de traitement sur des cas réels, dans le but de la rendre exploitable en routine clinique.

Problème des paramètres

Cette chaîne de traitement est donc composée d'un certain nombre d'opérateurs. Généralement, la plupart des opérateurs ont besoin de paramètres pour fonctionner. Le problème est donc de choisir au plus juste ces paramètres par rapport au problème donné. Idéalement, ils devraient être calculés directement à partir de l'image d'entrée. Des algorithmes existent dans ce sens, pour rechercher par exemple un seuil optimal sur une image dans le but de séparer un objet du fond. Cette philosophie doit être appliquée à tous les paramètres existant, pour réduire au minimum les paramètres choisis empiriquement Une seconde solution consiste à réduire ces paramètres au minimum et à n'utiliser que des opérateurs n'en nécessitant que peu.

Démarche

La démarche adoptée dans ce travail s'articule autour de quatre grandes parties.

Dans la première partie, intitulée "Images", nous étudions de façon globale les données de notre algorithme de segmentation. Pour cela, nous étudions dans un premier chapitre le contexte de l'imagerie médicale et passons en revue les différentes méthodes d'acquisition d'images existantes. Dans un second chapitre, nous analysons les images à partir desquelles nous allons travailler. Nous étudions également d'un point de vue anatomique les organes contenus dans la zone abdominale, région dans laquelle nous allons nous concentrer. Nous analysons également certains organes de manière quantitative, afin d'obtenir des informations mesurables sur ces structures. Les organes auxquels nous allons nous intéresser sont le foie, les reins et la rate. Comme nous disposons d'une base d'images contenant la segmentation manuelle de ces quatre organes, nous allons l'utiliser pour effectuer certaines mesures. Ces mesures permettent de mettre en valeur certaines caractéristiques variant peu d'un cas à l'autre : elles vont permettre de guider notre méthode de segmentation en y ajoutant une connaissance extérieure.

Dans une seconde partie, intitulée "Segmentation", nous nous intéressons au problème général de la segmentation en traitement d'images. Nous effectuons dans un premier chapitre un état de l'art des opérateurs de segmentation développés en traitement d'images. Dans un second chapitre, nous nous intéressons particulièrement aux opérateurs issus de la morphologie mathématique et montrons leur utilité en imagerie médicale.

Dans une troisième partie, intitulée "Méthodes proposées", nous exposons les méthodes que nous avons mises en oeuvre afin de résoudre notre problème. Le premier chapitre de cette partie expose de façon globale le problème de la segmentation morphologique. En particulier, nous nous intéressons à la simplification en image mosaïque de l'image originale, en calculant les bassins versants de l'image gradient. Nous voyons qu'à partir de cette image nous pouvons segmenter certaines structures en utilisant les attributs des organes calculés dans la première partie. Nous en déduisons deux méthodes de segmentation : l'une entièrement automatique, l'autre semi-automatique. Le second chapitre de cette partie expose une méthode de segmentation automatique pour chaque organe. Cette méthode utilise également la ligne de partage des eaux, mais en utilisant des marqueurs recherchés dans l'image. Dans un troisième chapitre, nous nous intéressons à la segmentation du réseau porte, un des réseaux vasculaires du foie. Pour cela, nous utilisons une méthode en deux étapes. La première étape consiste à détecter automatique dans l'image la partie extra-hépatique de la veine porte, qui correspond à la racine de l'arbre vasculaire porte. Cette détection est effectuée grâce à l'utilisation de la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris. Une fois cette structure détectée, la seconde étape de l'algorithme consiste à segmenter le réseau porte en effectuant une croissance de régions à partir de sa racine. Cette croissance de régions utilise un critère original, fondé sur une tranformée en tout-ou-rien

locale. Enfin, nous présentons dans ce chapitre quelques résultats préliminaires obtenus pour la détection d'autres réseaux vasculaires.

La quatrième partie, intitulée "Validation", est consacrée à l'analyse quantitative des résultats obtenus. Nous étudions dans un premier chapitre la méthode d'évaluation que nous employons, puis nous évaluons les résultats obtenus dans un second chapitre. L'évaluation est effectuée en comparant quantitativement les résultats des segmentations du foie, des reins et de la rate issus de nos méthodes avec les résultats de la segmentation manuelle. Dans le cas de la segmentation automatique, nous calculons également le gain obtenu par l'application de la ligne de partage des eaux par rapport au marqueur initial. Il s'avère que, globalement, l'application de la ligne de partage des eaux améliore la précision des résultats obtenus.

Enfin, nous concluons notre travail en résumant les principales contributions que nous avons apportées dans le domaine de la segmentation d'images médicales : segmentation d'organes et segmentation de réseaux vasculaires.

Première partie

Images

Chapitre 1

Imagerie médicale

L'imagerie médicale a révolutionné la médecine en permettant d'obtenir des informations fiables et objectives sur l'intérieur du corps humain. Elle permet d'établir ou de compléter le diagnostic clinique d'un grand nombre de pathologies. Chaque méthode d'imagerie donne une représentation visuelle différente, qui se fonde sur des caractéristiques physiques ou chimiques particulières. Les différentes méthodes peuvent également être combinées et donner lieu à des images multi-modales.

1.1 Méthodes d'acquisition

Les méthodes d'acquisition existantes peuvent se regrouper en deux grandes classes :

- Les méthodes donnant des informations structurelles ou anatomiques :
  - L'image radiologique et l'image scanner ou TDM (tomodensitométrique) sont obtenues en calculant en chaque volume élémentaire l'atténuation de rayons X.
  - L'échographie utilise des ultrasons et est obtenue en calculant en chaque volume élémentaire une impédance acoustique.
  - L'écho-doppler utilise également des ultrasons, et est utilisée pour obtenir des informations sur la circulation vasculaire.
  - L'IRM est obtenue en calculant en chaque volume élémentaire le temps de relaxation de certains atomes.
- Les méthodes donnant des informations fonctionnelles :
  - L'imagerie nucléaire, qui calcule le rayonnement gamma émis par un traceur radioactif injecté dans l'organisme. On trouve dans cette catégorie la tomographie par émission de positons (TEP, ou PET pour Positron Emission Tomography, en anglais), et la tomographie par émission mono-photonique (TEMP ou SPECT pour Single Photon Emission Computer Tomography, en anglais).
  - L'IRM fonctionnelle, ou IRMf, qui permet de suivre certains aspects du métabolisme ou du fonctionnement des tissus.

Les images médicales peuvent être de dimensions variables :

- 2D : radiographie, coupe individuelle d'image scanner, échographie 2D
- 3D : image TDM, image IRM
- 4D : séquence d'images 3D, échographie 3D. On parle aussi de 3D+t
- 5D : une image 4D d'un objet dynamique dans une gamme de paramètres

Les images les plus utilisées sont cependant les images 2D et 3D. L'acquisition d'images de dimensions supérieures est encore difficile, et fait l'objet de recherches.

Les sections suivantes représentent une synthèse des différentes modalités d'imagerie existantes, et s'appuient en particulier sur les références suivantes, auxquelles on pourra directement se reporter si l'on souhaite plus de détails : dossier de la Fondation Recherche Medicale sur l'imagerie médicale (www.frm.org), [71] et [155].

1.2 Radiographie et imagerie TomoDensitoMétrique (TDM)

Ces modalités s'appuient sur le principe physique des rayons X. Ce sont des ondes électromagnétiques qui ont la propriété d'être atténuées différemment selon le type de substances qu'elles traversent, y compris les liquides et les gaz. En traversant le corps humain, les rayons X sont atténués différemment selon la densité électronique des structures rencontrées. Les structure hypodenses (comme les poumons qui contiennent de l'air) atténuent peu les rayons X et apparaissent donc sombres. A l'inverse, les structures denses telles que les os absorbent les rayons X et apparaissent très claires.

1.2.1 Radiographie

La radiographie, qui est la première technique d'imagerie médicale, née à la fin du 19e siècle grâce aux travaux de Wilhelm Conrad Röntgen, un physicien allemand, utilise ce principe. Dans le cas de la technique radiographique traditionnelle, les rayons résiduels (ceux qui traversent le corps) provoquent le noircissement d'un film placé derrière la table de radiographie. Cette modalité permet d'obtenir des clichés en deux dimensions des structures osseuses et articulaires : elle est notamment utilisée en orthopédie, en rhumatologie et en orthodontie où elle permet d'étudier les traumatismes osseux (fractures), les déformations du squelette ou les implantations dentaires. Chez la femme, la radiographie du sein (mammographie) est devenue un examen systématique de prévention du cancer du sein.

1.2.2 Image scanner ou image TDM

Le principe du scanner a été mis au point en 1972 par les radiologues britanniques Allan McCornack et Godfrey N.Hounsfield qui ont reçu le prix Nobel 1979 pour leur découverte. Ce dernier a également laissé son nom à l'unité de l'échelle des intensités obtenues par l'image scanner : l'unité Hounsfield. A la différence de l'image radiographique qui est en deux dimensions, le scanner permet d'obtenir une représentation volumique de la zone étudiée, comme si elle était "découpée en tranches", ce qui explique son autre nom : "tomographie", *tomein* signifiant "couper" en grec. Avec la technologie du scanner, le film radiographique est remplacé par des détecteurs électroniques qui permettent une numérisation des données et donc un traitement informatique. Des rayons sont envoyés dans différentes directions, dont l'atténuation est mesurée par ces détecteurs.

Il existe plusieurs types de scanners :

- le scanner incrémental : la table du scanographe se déplace de façon discontinue entre chaque acquisition ; chaque image est donc acquise lorsque la table est immobile. Le patient effectue une apnée entre chaque acquisition.
- le scanner hélicoïdal : le déplacement de la table est continu, et l'acquisition est réalisée tout au long du déplacement. L'image globale est ensuite reconstruite par interpolation. Le patient effectue une apnée pendant toute la durée de l'acquisition.

L'image obtenue est une image 3D en niveaux de gris dont les intensités s'échelonnent de -1000 à +1000 unités Hounsfield (HU), la valeur 0 correspondant à la densité de l'eau, -1000

à l'air et +1000 aux os. L'examen peut être complété par l'injection d'un produit de contraste hydrosoluble à base de métaux lourds, opaque aux rayons X, qui permet de mettre en valeur certaines structures.

L'image scanner, cependant, n'est pas sans danger pour le patient, comme toutes les techniques d'imagerie utilisant les rayons X. Quand ces rayons traversent le corps humain, toutes les cellules traversées sont irradiées. Cette irradiation est irréversible : la dose accumulée s'ajoute tout au long de la vie au fur à mesure des acquisitions. Cette irradiation des cellules peut provoquer, même à faible dose, une modification de leur ADN, ce qui peut engendrer des mutations et donc des cancers.

Aujourd'hui, l'image scanner est la technique d'imagerie 3D la plus utilisée.

1.3 Échographie 2D et 3D

L'échographie s'appuie sur le principe physique des ultrasons : ce sont des ondes sonores de très hautes fréquences imperceptibles à l'oreille humaine. Ces ondes sont absorbées ou réfléchies par les substances qu'elles rencontrent. Les liquides, par exemples, les absorbent toutes. La sonde échographique émet des ultrasons en direction d'un objet solide à atteindre : le temps qu'ils mettent à revenir à la sonde, l'écho, est fonction de la distance à laquelle se trouve l'objet. La mesure de l'écho est analysée par un ordinateur et restituée en temps réel sur l'écran sous forme de points plus ou moins noirs. Les points noirs représentent une zone ayant un faible écho, ou zone anéchogène. Les points blancs représentent un écho dont l'intensité est variable suivant l'impédance acoustique du tissu rencontré. Cette image est obtenue par réflexion, et non par transmission comme l'image radiographique.

Cette technique, peu coûteuse, permet d'explorer tous les organes solides. Le tube digestif, les os et les gaz ne lui sont en revanche pas accessibles. Cette technique peut être utilisable aussi bien en pré-opératoire qu'en per-opératoire. Elle ne présente que peu de danger pour le patient. L'inconvénient est qu'elle ne fournit qu'une image 2D, et seul le mouvement de l'appareil permet une appréhension volumique des objets.

L'échographie volumique tente de pallier à ce problème. Elle consiste à balayer un volume d'intérêt par un plan de coupe 2D. Une matrice volumique cohérente est ensuite reconstruite à partir des plans. L'acquisition du volume peut se faire soit à partir des sondes classiques, soit à partir de sondes volumiques. Dans le cas des sondes classiques, le balayage se fait manuellement : il doit donc être fait de manière suffisamment lente et régulière. Les sondes volumiques résolvent le problème de l'acquisition manuelle en réalisant automatiquement un balayage de la zone d'intérêt.

1.4 Procédés utilisant la résonance magnétique nucléaire (IRM et SRM)

1.4.1 L'IRM

L'IRM exploite la résonance magnétique nucléaire (RMN). Ce principe a été mis en évidence en 1945 par Félix BLOCH et Edward PURCELL, ce qui leur valut l'attribution du prix Nobel de physique en 1952. Les premiers développements en imagerie datent du début des années 70. Paul Lauterbur et Peter Mansfield ont obtenu le prix Nobel de médecine en 2003 pour leurs découvertes novatrices dans ce domaine. Les premières images exploitables chez l'homme ont été réalisées en 1979. Aujourd'hui l'IRM est devenue une technique majeure de l'imagerie médicale moderne. De plus, contrairement à l'image scanner, elle semble être, dans l'état des connaissances actuelles,

sans danger pour le patient. Le principe de l'image IRM repose sur l'interaction d'un champ magnétique et d'une radiofréquence sur l'orientation des spins des atomes d'hydrogènes (protons). Le champ magnétique créé par un aimant permet d'orienter tous les spins des protons dans une même direction. Ceux-ci sont ensuite écartés de cette direction grâce à l'énergie donnée par une radiofréquence générée par une antenne. Une fois que cette émission d'énergie s'interrompt, les protons vont reprendre leur position d'équilibre dans le champ magnétique, provoquant une émission d'énergie. C'est pendant ce retour à l'équilibre, ou relaxation, que le signal de résonance magnétique est mesuré. L'énergie redistribuée peut-être décomposée suivant un axe parallèle au champ magnétique (relaxation longitudinale ou T1) ou un axe perpendiculaire (relaxation transversale ou T2). On obtient donc deux images T1 et T2, présentant des contrastes différents. L'IRM anatomique permet de visualiser la structure anatomique de tout volume du corps, en particulier des "tissus mous" tels que le cerveau, la moelle épinière, les viscères, les muscles ou les tendons : elle repose sur l'aimantation des atomes d'hydrogène, présents partout où il y a de l'eau (soit 80% du poids corporel). L'IRM permet aussi de suivre l'activité d'un organe tel que le cerveau, à travers l'afflux de sang oxygéné dans certaines de ses zones (IRM fonctionnelle). Contrairement à l'image scanner, l'image IRM permet de mieux définir la nature des lésions observées. Elle est notamment utilisée en neurologie pour diagnostiquer la sclérose en plaques, la maladie d'Alzheimer et l'épilepsie. Son principal inconvénient est son coût encore relativement élevé et le faible nombre d'imageurs disponibles en France (moins de 200 appareils sur l'ensemble du territoire en l'an 2000). Actuellement cependant la France rattrape son retard : 370 appareils sont installés, et 59 supplémentaires sont prévus d'ici fin 2007.

1.4.2 La spectroscopie par résonance magnétique

La spectroscopie par résonance magnétique permet d'obtenir *in vivo* des informations d'ordre biochimique : elle permet d'analyser le métabolisme des cellules qui composent les tissus. Ses applications principales concernent l'étude du métabolisme musculaire et l'étude du métabolisme cérébral. Elle est utilisée pour établir des diagnostics plus précis que l'IRM traditionnelle. Avec cette technique on peut par exemple établir si une tumeur est bénigne ou maligne, selon son profil chimique. La spectroscopie est utilisée également chez les patients atteints de sclérose en plaques, de maladies musculaires et d'épilepsie. Cette technique fait encore l'objet de recherches.

1.5 Imagerie nucléaire ou scintigraphique

L'imagerie scintigraphique utilise une petite quantité de radioactivité pour réaliser des images. Le principe est d'injecter dans le patient un traceur radioactif. L'exploration scintigraphique va alors déterminer la distribution de ce traceur dans l'organisme, pour éventuellement déceler des zones d'hyperfixation (qui traduit la présence d'une inflammation ou d'une tumeur) et d'hypofixation (en général qui traduit une dévascularisation). Un large éventail d'atomes radioactifs est disponible, et pour chaque traceur on connaît les principaux sites de concentration. On choisit alors le traceur en fonction de l'organe exploré et de la pathologie suspectée.

1.6 Tomographie par émission de positons (ou positrons)

Le principe de cette technique est de faire réagir des éléments émetteurs de positons, produits dans un cyclotron, avec les électrons du tissu biologique. L'énergie lumineuse émise par la réaction entre les positons et les électrons est détectable par une caméra à positons. La tomographie par

émission de positons (TEP) ne donne pas d'image anatomique mais renseigne sur la biochimie des organes. Elle fournit des informations sur le fonctionnement des tissus normaux et pathologiques. Elle permet d'étudier le fonctionnement biochimique d'un organe, tel que le cerveau, le coeur ou les poumons, en donnant des informations spécifiques sur le métabolisme de ses tissus : flux et volume sanguin, consommation cellulaire du glucose. Les cellules cancéreuses par exemple consomment plus de glucose que les cellules bénignes. On peut donc repérer avec cette technique d'éventuels "points chauds". Cette technique est très peu répandue en France : seuls 5 appareils à visée médicale sont installés, ceci s'expliquant par le faible nombre de cyclotrons implantés. En effet, la proximité d'un cyclotron est indispensable, car les produits utilisés pour la TEP n'ont qu'une durée de vie de quelques heures.

Chapitre 2

Analyse des images à traiter et des structures à segmenter

Dans ce chapitre, nous allons analyser les organes présents dans l'abdomen. Pour cela, nous allons effectuer une étude des organes d'un point de vue anatomique, puis nous allons essayer de quantifier certaines caractéristiques de ces structures. Nous verrons que les attributs calculables sont de trois types différents : photométriques, texturaux et morphologiques. Enfin, nous nous placerons dans le cadre de l'imagerie TDM et verrons les particularités et les spécificités des images tomodensitométriques. Nous terminerons ce chapitre par une analyse quantitative de quatre structures présentes dans les images TDM : le foie, la rate et les reins. Cette étude va nous permettre de mettre en valeur certaines caractéristiques invariantes, et d'utiliser ces caractéristiques par la suite pour segmenter ces structures.

2.1 Définition des attributs quantitatifs

Dans cette section, nous allons étudier les différents attributs caractérisant une structure au sein d'une image. Nous nous plaçons dans le cas discret : nous considérons une image comme un ensemble de points possédant un niveau de gris et une structure comme un sous-ensemble connexe de points de l'image.

Les attributs décrivant une structure dans une image sont généralement regroupés selon trois types [122] :

- les attributs photométriques ;
- les attributs texturaux ;
- les attributs morphologiques.

2.1.1 Attributs photométriques

Les attributs photométriques sont les caractéristiques d'une structure se rapportant à la couleur et à la luminance, c'est à dire l'ensemble des attributs qui ont trait à l'impact de la lumière sur la structure. Chaque structure est composée de points possédant une intensité variable dépendant du protocole d'acquisition de l'image. Les attributs photométriques d'une structure sont donc fondamentaux. En général, cependant, ils sont insuffisants pour caractériser complètement une structure.

2.1.2 Attributs texturaux

Les attributs texturaux d'une structure correspondent à des mesures de certains arrangements spatiaux de points à niveaux de gris [17]. Il n'existe pas de définition plus précise de la texture d'une structure. Hawkins [58] définit une texture selon trois paramètres :

1. un certain ordre est répété dans la région ;
2. cet ordre consiste en un arrangement non-aléatoire d'éléments ;
3. les éléments sont des entités à peu près uniformes possédant approximativement les mêmes dimensions au sein de la structure.

Cette description cependant n'apporte aucun moyen pour quantifier une texture. Mesurer la texture d'un objet est donc une tâche complexe, tant les attributs d'une texture sont nombreux. Veut-on mesurer sa finesse, sa période de répétition, le motif sous-jacent ? Dans [17], deux types de texture sont distinguées : les textures aléatoires, dues à du bruit (ce qui est le cas dans les images médicales), et les textures-motifs, qui sont constitituées d'un certain motif qui se répetent précisément. Cependant le terme de texture aléatoire, dans le cas de bruit, entre en contradiction avec la deuxième propriété de Hawkins. On parlera donc plutôt de texture "artificielle" et de texture "naturelle". Les mesures effectuées habituellement sur les textures sont de deux types :

- des mesures d'amplitude ou d'intensité, qui correspondent à la force de la texture. Les mesures utilisées sont donc habituellement l'écart-type (ou la variance). Cette mesure cependant ne donne aucune information spatiale sur la texture ;
- Des mesures décrivant l'arrangement spatial de la texture. Plusieurs méthodes existent pour quantifier cet aspect ; parmi celles-ci, on peut citer les techniques consistant à calculer des matrices de co-occurence, correspondant à l'histogramme de second ordre de la structure.

Différentes méthodes pour caractériser les textures sont évoquées dans [166].

2.1.3 Attributs morphologiques

Les attributs morphologiques décrivent la forme d'un objet. La forme d'un objet est une caractéristique très importante : en effet on peut reconnaître la plupart des objets par leur forme uniquement, ce qui n'est pas le cas si on ne connaît que leurs attributs photométriques ou leur texture. C'est pourquoi nous pensons que les attributs morphologiques sont, des trois attributs détaillés précédemment, les plus significatifs pour caractériser une structure.

La forme d'un objet est caractérisée par deux aspects fondamentaux :

- ses attributs topologiques ;
- ses attributs géométriques.

Attributs topologiques

Les attributs topologiques d'un objet sont des attributs qui sont invariants par des transformations "élastiques" [122] : un objet composé de matière élastique subissant n'importe quelle déformation verra sa topologie inchangée, à condition bien entendu que la matière ne se déchire pas et ne fusionne pas en deux endroits différents.

A deux dimensions, le nombre d'Euler, ou genre d'un objet, est calculé pour un objet à partir des deux attributs :

$$E = O - H,$$

où O est le nombre de composantes connexes de l'objet, et H le nombre de trous de l'objet.

Pour un objet tridimensionnel émerge le concept de *cavité*, l'équivalent du trou 2D : dans les deux cas, le complémentaire de l'image est formé de plusieurs composantes connexes. Ce qu'on appelle un *trou* 3D est un tunnel creusé dans l'objet : il ne crée pas de composantes connexes supplémentaires dans le complément.

Le genre 3D d'un objet est alors défini par la formule d'Euler-Poincaré :

$$E = O - H + C,$$

où O est le nombre de composantes connexes de l'objet, H le nombre de trous 3D, et C le nombre de cavités de l'objet.

Le genre d'un objet est topologiquement invariant. Cette information permet donc d'obtenir une description de la topologie de l'objet.

Attributs géométriques

Pour obtenir des mesures quantitatives sur la forme d'un objet, comme sa longueur, sa surface ou son élongation, on utilise la notion de géométrie. Pour cela on va doter l'espace d'une métrique, et plonger l'objet dans cet espace. La géométrie d'un objet est donc intimement liée à la notion de distance. A l'inverse de la topologie, la géométrie d'un objet n'est pas invariante par les déformations décrites précedemment.

Pour étudier les attributs géométriques d'un objet il faut donc considérer l'image comme un espace géométrique. Pour cela il faut lui associer une métrique. Toute fonction d associant un réel positif à tout (x, y) et vérifiant :

1. $d(x, y) \geq 0$ et $d(x, y) = 0$ si et seulement si $x = y$,
2. $d(x, y) = d(y, x)$,
3. $d(x, z) + d(z, y) \geq d(x, y)$,

est une métrique.

Dans le cas d'images discrètes, on utilise en général la distance L_p. Pour deux points x, y, la distance L_p est définie par :

$$L_p(x, y) = (\sum_{i=0}^{k} |x_i - y_i|^p)^{1/p}$$

Les distances les plus employées sont :

– la distance L_1, aussi appelée distance *city-block* ou distance de Manhattan :

$$L_1(x, y) = |y_1 - x_1| + |y_2 - x_2| + \ldots + |y_n - x_n|$$

– la distance L_2 ou distance Euclidienne :

$$L_2(x, y) = \sqrt{(y_1 - x_1)^2 + (y_2 - x_2)^2 + \ldots + (y_n - x_n)^2}$$

– la distance L_∞ ou distance de l'échiquier :

$$L_\infty(x, y) = max\{|y_1 - x_1|, |y_2 - x_2|, \ldots, |y_n - x_n|\}$$

Les attributs géométriques d'une structure permettent de calculer des descripteurs de forme associés. Le calcul et la recherche de descripteurs de forme pertinents pour caractériser une structure est un domaine de recherche très vaste. De plus, cela reste un problème non résolu. Utilisé en reconnaissance d'objets, un descripteur de forme doit être invariant entre deux structures

similaires, c'est à dire peu sensible aux rotations et aux translations de la structure. Concernant l'homothétie, un descripteur de forme peut être sensible ou pas à cette transformation, selon le but recherché. Un descripteur de forme invariant par homothétie d'une structure sera donc indépendant de la taille de la structure, et ne prendra en compte que sa forme. Une étape de normalisation est en générale effectuée pour cela.

A ces transformations géométriques, on peut également ajouter qu'un descripteur de forme devrait avoir une faible sensibilité aux "petites" variations de l'objet, dues au bruit ou à des transformations élastiques (un organe qui se déforme par exemple). Ceci représente la principale difficulté pour élaborer des descripteurs de forme efficaces.

L'intérêt des descripteurs de forme en reconnaissance d'objets est également leur pouvoir discriminant. Ainsi, deux structures très différentes devraient avoir des caractéristiques très éloignées.

Dans [193], Zhang et Lu effectuent une classification des descripteurs de forme selon deux grandes classes de méthode : celles fondées sur le contour d'un objet, et les autres fondées sur la totalité de la région de l'objet. Chaque classe est divisée en deux, regroupant d'un côté les approches structurelles, et de l'autre les approches globales. Les approches structurelles regroupent les méthodes reposant sur la simplification spatiale de l'objet. Généralement, l'objet est découpé en primitives. Ces approches permettent en général de reconstruire approximativement l'objet à partir de sa description. Les approches globales regroupent les méthodes calculant un ou plusieurs attributs, qui sont stockés dans un vecteur de caractéristiques, composant la "signature numérique" de l'objet. Ces approches ne permettent généralement pas de reconstruire l'objet. Parmi ces méthodes, nous nous intéresserons essentiellement aux méthodes globales, permettant de quantifier certaines propriétés de forme des objets. La reconnaissance d'objets est ainsi simplifiée : on peut calculer un taux de similarité entre objets en calculant la distance entre leur vecteur de caractéristiques.

Dans [119], Peura propose d'utiliser des méthodes simples basées sur des propriétés visibles à l'oeil (telles que l'élongation ou la compacité), plutôt que des méthodes sophistiquées, reposant sur des propriétés trop abstraites ou complexes (et donc invisibles à l'oeil nu).

Approche contour

L'approche contour consiste à caractériser la forme d'un objet en prenant en compte uniquement les points de son contour. Les méthodes structurelles consistent à approximer ou simplifier le contour d'un objet. Parmi ces approches, on peut citer la décomposition polygonale, ou la décomposition en courbes [193]. D'autres approches consistent à coder le contour d'un objet en utilisant un alphabet composé de primitives, ou en codant uniquement l'orientation du déplacement du contour (chain codes). En 3D cependant, ces dernières approches sont très difficiles à mettre en oeuvre. Parmi les méthodes globales, on peut citer celles utilisant l'aire de l'objet (dans le cas d'un objet 3D) ou le périmètre (dans le cas d'un objet 2D).

Périmètre ou surface

A partir du contour d'un objet, nous pouvons calculer sa surface dans le cas d'un objet 3D, ou son périmètre dans le cas d'un objet 2D. Pour estimer la surface d'un objet, on peut compter le nombre de points de son bord. Cependant, à cause de la discrétisation, cette méthode donne une forte erreur (voir tableau 2.1) sur l'estimation de la surface réelle. En 2D, différentes méthodes existent pour se rapprocher du périmètre réel. Une de ces méthodes consiste à suivre le bord de l'objet, et à détecter la configuration du voisinage local [122]. L'extension de cette méthode en 3D

TAB. 2.1 – *Erreur d'estimation de la surface d'une sphère de rayon croissant*

Rayon de la sphère	Aire réelle	Aire estimée	Erreur (en %)
1	12,5664	6	52,2535
2	50,2655	26	48,2746
10	1256,64	978	22,1732
30	11309,7	9194	18,7072

n'est pas triviale : il faudrait, comme en 2D, établir une liste de configurations clés, puis calculer le lien entre ces configurations basiques et la réalité. Une autre approche consiste à effectuer une polyhédrisation de l'objet, qui consiste à obtenir une représentation géométrique d'un objet voxel. Ce type d'approches a été étudié dans [116, 181]. Ceci cependant dépasse le cadre de notre travail. Devant la forte erreur rencontrée en estimant la surface du bord d'un objet en comptant les points de son bord, nous n'utiliserons pas d'attributs selon ce critère.

Concept de circularité ou compacité

A partir du calcul du périmètre P et de l'aire A d'un objet en deux dimensions, on exprime généralement une mesure de circularité ou compacité de la façon suivante :

$$C_0 = \frac{4\pi A}{(P)^2},$$

Pour un disque parfait, C_0 est égal à 1. Tous les autres objets ont un rapport inférieur à 1 et d'autant plus faible que leur forme est éloignée de celle d'un disque.

Nous pouvons étendre ce rapport dans le cas d'un objet tridimensionnel de surface S et de volume V :

$$C_0^{3D} = \frac{36\pi V^2}{S^3}$$

Cette formule donne 1 dans le cas où V et S représentent respectivement le volume et la surface d'une sphère parfaite. En utilisant une approximation de la surface de l'objet, la valeur obtenue n'est toutefois pas réellement significative, dans le sens où elle ne permet pas de distinguer un cylindre d'une sphère, ayant tous les deux une caractéristique C_0^{3D} d'environ $0,3$.

Une autre méthode peut être utilisée pour caractériser l'aspect sphérique d'un objet 3D en utilisant les points de son contour. Il s'agit de calculer la variance pondérée de la distance entre les points du bort de l'objet et son centre de masse [119].

Soit un objet de centre de masse $c(c_x, c_y, c_z)$. Le rayon moyen se calcule ainsi :

$$D_{moy} = \frac{\sum_{i \in bord} d(i,c)}{N}$$

La variance pondérée est obtenue en calculant :

$$D_{var} = \frac{\sum_{i \in bord} (d(i,c) - D_{moy})^2}{N D_{moy}^2},$$

où $d(x,y)$ représente la distance entre le point x et y et N est le nombre de points du bord.

Pour une sphère parfaite, D_{var} sera donc égale à 0. Plus la forme d'un objet est éloignée d'une sphère, plus cette mesure est grande.

TAB. 2.2 – *Erreur d'estimation du volume d'une sphère de rayon croissant*

Rayon de la sphère	Volume réel	Volume estimé	Erreur (en %)
1	4,18879	7	67,1127
2	33,5103	33	1,52288
3	113,097	123	8,75588
4	268,083	257	4,13401
5	523,599	515	1,64225
10	4188,79	4169	0,472456
15	14137,2	14147	0,0695547
20	33510,3	33401	0,326233
30	113097	113081	0,0144438

Approche région

L'approche région consiste à prendre en compte tous les points de l'objet pour caractériser sa forme. Parmi les méthodes structurelles, permettant d'obtenir une représentation simplifiée de la forme d'un objet, on peut citer les méthodes calculant l'enveloppe convexe d'un objet, ou les méthodes calculant un squelette de l'objet. Parmi les attributs calculés en utilisant une méthode globale, on peut citer en premier lieu le volume d'une structure.

Volume

Le volume d'un objet discret peut être estimé comme le nombre de points le composant. Dans le cas d'objets en niveaux de gris, le volume est égal à la somme des points le composant pondérés par leur valeur d'intensité. L' approximation entre le volume estimé de la structure et le volume réel est relativement bonne, d'autant meilleure que le volume estimé est grand. Le tableau 2.2 montre l'erreur d'estimation du volume par cette méthode pour une sphère de rayon croissant. On constate que l'erreur est inférieure à 1% à partir d'une sphère de rayon 10.

Nous nous appuierons donc sur cette approximation pour calculer le volume d'un objet.

Moments

Les moments d'un objet, concept issu de la physique, permettent de décrire la répartition spatiale des points composant un objet par rapport à son centre de masse ou barycentre. L'ensemble des moments d'un objet tridimensionnel est décrit par :

$$\mu_{ijk} = \int_{-\infty}^{\infty}\int_{-\infty}^{\infty}\int_{-\infty}^{\infty} f(x,y,z)x^i y^j z^k dxdydz,$$

où $f(x,y,z)$ représente l'objet. La forme d'un objet est entièrement décrite par l'ensemble infini de ses moments géométriques, et inversement. Pour plus de détails sur la théorie des moments le lecteur peut se réferer à [162].

Pour une image 3D $I(x,y,z)$, on définit les moments centrés μ_{pqr}, en $G(x_c,y_c,z_c)$ à l'ordre $(p+q+r) \in \mathbb{N}^3$ par :

$$\mu_{pqr} = \sum_x \sum_y \sum_z [(x-x_c)^p (y-y_c)^q (z-z_c)^r I(x,y,z)]$$

On considère qu'un objet est binaire, c'est à dire que ses points n'ont que deux valeurs : 0 ou 1.

On peut calculer le centre de masse $G(x_c, y_c, z_c)$ de la structure :

$$x_c = \frac{\mu_{100}}{\mu_{000}}, y_c = \frac{\mu_{010}}{\mu_{000}}, z_c = \frac{\mu_{001}}{\mu_{000}}$$

Les moments centrés en G sont donc :

Ordre 0 : μ_{000} =Masse ou volume de l'objet : nombre de voxels de la structure N.

Ordre 1 : $\mu_{100} = \mu_{010} = \mu_{001} = 0$

Ordre 2 : $\mu_{200} = \sum_x \sum_y \sum_z (x - x_c)^2 I(x, y, z)$

$\mu_{020} = \sum_x \sum_y \sum_z (y - y_c)^2 I(x, y, z)$

$\mu_{002} = \sum_x \sum_y \sum_z (z - z_c)^2 I(x, y, z)$

$\mu_{110} = \sum_x \sum_y \sum_z (x - x_c)(y - y_c) I(x, y, z)$

$\mu_{101} = \sum_x \sum_y \sum_z (x - x_c)(z - z_c) I(x, y, z)$

$\mu_{011} = \sum_x \sum_y \sum_z (y - y_c)(z - z_c) I(x, y, z)$

A partir de ces moments, la matrice d'inertie de l'objet est définie par :

$$M_I = \begin{pmatrix} \mu_{200} & \mu_{110} & \mu_{101} \\ \mu_{110} & \mu_{020} & \mu_{011} \\ \mu_{101} & \mu_{011} & \mu_{002} \end{pmatrix}$$

Le calcul des vecteurs propres de la matrice d'inertie permet de connaître l'orientation des axes principaux de la structure (voir Fig 2.1). De plus, les valeurs propres λ_1, λ_2, λ_3 de la matrice d'inertie donnent une information sur le rayon de ces axes. Dans [155], Soler calcule à partir de ces valeurs les trois rayons a,b,c d'un ellipsoïde centré sur la structure et de même volume :

$$a = \sqrt{\frac{5\lambda_1}{\mu_{000}}}, b = \sqrt{\frac{5\lambda_2}{\mu_{000}}}, c = \sqrt{\frac{5\lambda_3}{\mu_{000}}}$$

Hu [64], en utilisant des combinaisons linéaires de moments, a dérivé un ensemble de moments invariants. Ces moments invariants sont aussi appelés moments géométriques, car ils ont la propriété d'être invariants par translation, par homothétie et par rotation. Cet ensemble de moments géométriques a été très utilisé en reconnaissance d'objets. Le calcul de moments invariants pour caractériser une structure engendre cependant plusieurs problèmes. Le premier est la grande sensibilité des moments d'ordre supérieur, qui sont donc difficilement utilisables avec des objets ayant des variations de forme, ou variant à cause du bruit. Le second est la complexité engendrée : les valeurs obtenues n'ont pas vraiment de sens physique, et il devient impossible de savoir exactement ce qui est calculé.

L'utilisation des moments invariants ne semble donc pas adaptée dans notre application, où les structures peuvent varier grandement d'une image à l'autre. Dans notre travail, nous allons utiliser les moments d'un objet pour :

- Calculer le volume d'un objet ;
- Calculer le centre de masse, ou barycentre de l'objet ;
- Calculer la matrice d'inertie associée à l'objet, et en déduire les trois vecteurs propres et les trois valeurs propres, définissant les trois axes principaux de la structure.

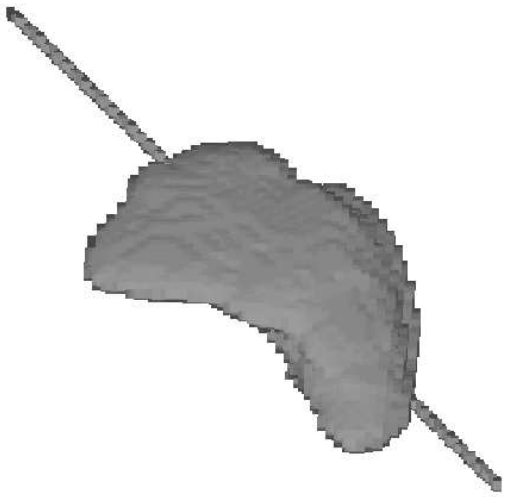


FIG. 2.1 – *Visualisation en 3D de l'axe principal d'une structure (ici une rate)*

Elongation

En connaissant les rayons a, b, c des axes d'inertie d'une structure, nous pouvons calculer son élongation, rapport entre le petit axe et le grand axe de la structure :

$$ELONG = \frac{c}{a}$$

Ce rapport vaut 1 dans le cas d'objets dont la répartition des points ne privilégie aucune direction particulière (cube ou sphère par exemple) et diminue à mesure que l'élongation de l'objet augmente.

Boîtes englobantes

A partir des axes d'inertie d'une structure, nous pouvons également calculer la boîte englobante orientée objet, c'est à dire la plus petite boîte englobante contenant l'objet. La boîte englobante orientée image est la plus petite boîte englobant l'objet et dont les faces sont parallèles aux bords de l'image. A partir de ces deux boîtes englobantes, un certain nombre de descripteurs ont été mis au point par le Stanford Research Institute ([122], page 607).

Nous allons retenir comme descripteurs les dimensions de la boîte englobante orientée objet, ainsi que le rapport entre le volume de la structure et le volume de la boîte englobante.

Orientation de la structure

Nous avons vu précedemment comment, à partir des moments d'inertie, calculer les axes principaux de l'orientation d'une structure. En fait, seul l'axe principal Axe_1 correspondant à la plus grande valeur propre de la matrice d'inertie est important : les deux autres axes lui sont orthogonaux. Nous avons vu que l'axe principal Axe_1 caractérise la direction "pointée" par la structure. En 3D, deux angles permettent de caractériser la direction de cet axe. Soit $V(V_x, V_y, V_z)$ le vecteur propre correspondant à la plus grande valeur propre (donc le vecteur correspondant à l'axe principal de la structure). Nous définissons :

$$\begin{cases} \psi = arctan(\frac{-V_y}{V_x}) & si\ V_x \neq 0 \\ \psi = \frac{\pi}{2} & si\ V_x = 0, -V_y > 0 \\ \psi = -\frac{\pi}{2} & si\ V_x = 0, -V_y < 0 \end{cases}$$

$$\begin{cases} \phi = arctan(\frac{-V_z}{V_x}) & si\ V_x \neq 0 \\ \phi = \frac{\pi}{2} & si\ V_x = 0, -V_x > 0 \\ \phi = -\frac{\pi}{2} & si\ V_x = 0, -V_x < 0 \end{cases}$$

Le calcul de ces deux angles permet donc de connaître l'orientation de la structure étudiée.

De nombreux autres descripteurs ont été mis au point pour obtenir une mesure globale sur la géométrie d'un objet. Beaucoup cependant sont redondants, dans le sens où ils décrivent en utilisant des calculs différents des concepts similaires.

Parmi les descripteurs utilisés, on peut encore citer, en vrac :

– la longueur et la largeur moyenne d'une structure [122] :

$$L_A = \frac{P_0}{2}$$

$$W_A = \frac{2A_0}{P_0},$$

où P_0 représente le périmètre d'une structure, et A_0 son aire.

On peut citer également les descripteurs de forme donnés par Russ [131] :

– facteur de forme :

$$F_0 = \frac{4\pi * A_0}{\sqrt{P_0}}$$

– circularité :

$$R_0 = \frac{4 * A_0}{\pi * \sqrt{Major\ axis}}$$

– compacité :

$$Comp_0 = \frac{sqrt\frac{4}{\pi} * A_0}{Major\ axis}$$

– élongation :

$$E_0 = \frac{Major\ axis}{Minor\ axis},$$

où P_0 représente le périmètre d'une structure, A_0 son aire et $Major\ axis$ et $Minor\ axis$ représentent respectivement la plus grande et la plus petite valeur propre de la matrice d'inertie associée à la structure.

2.1.4 Localisation d'une structure

Nous avons à présent passé en revue les trois types d'attributs intrinsèques à une structure. Dans certaines applications, une structure peut encore être caractérisée par sa position dans l'image : dans le cas d'images médicales, le protocole d'acquisition est en général le même d'un patient à l'autre. Les structures anatomiques possèdent donc dans ce cas la même position relative d'une image à l'autre. Cet attribut peut donc être intéressant pour caractériser une structure donnée dans une image : nous l'utiliserons en calculant le barycentre de la structure.

2.1.5 Mesure de similarité entre deux structures

Le calcul de ces descripteurs de forme va nous permettre de mesurer des taux de similarité entre structures. Ceci est très utile en détection d'objets. A partir d'une structure de référence, détecter un objet dans une image segmentée va donc consister à choisir l'objet le plus similaire à la structure de référence. Plusieurs approches existent pour comparer deux objets : on peut comparer leur forme, ou comparer leurs vecteurs de caractéristiques.

Comparaison géométrique

Une méthode pour comparer deux objets selon leur géométrie est décrite dans [108]. Le principe est d'obtenir pour chaque structure une structure de référence. Les structures de références forment donc une sorte d'atlas. Pour détecter une structure donnée dans une base donnée, le principe est de mettre la structure testée en correspondance avec la structure de référence, et de calculer une distance entre les deux . Plusieurs problèmes se posent. Le premier problème porte en anglais le nom de “pose estimation”, qu'on peut traduire en français par “estimation du placement”. Ce problème consiste à mettre deux objets en relation de façon à les aligner au maximum. Pour cela, on les aligne en général selon leurs axes principaux, c'est à dire les vecteurs propres issus des matrices d'inertie des structures. Cela cependant n'est pas suffisant pour aligner correctement les objets : plusieurs placements sont testés, et celui minimisant la distance entre la structure testée et la structure de référence est conservé [108].

Une démarche similaire, consistant à établir les variations statistiques observées pour une structure dans une base de tests, est utilisée dans [25]. Ces méthodes utilisent les modèles d'apparence actifs (Active Appearence Models en anglais) et les modèles de forme actifs (Active Shape Models en anglais). Ces méthodes rejoignent en fait le domaine des modèles déformables. Ces approches semblent prometteuses, nous n'avons cependant pas eu le temps de les mettre en oeuvre.

Comparaison des vecteurs de caractéristiques

C'est cette approche que nous avons choisie d'utiliser pour sa simplicité. Un vecteur de caractéristiques, de préférence invariantes pour un même objet, est associé à chaque structure. Une mesure de similarité entre deux structures peut donc être obtenue en calculant une distance entre leurs vecteurs de caractéristiques associés. Pour cela, on choisit en général la distance L_p. Dans notre application, nous avons choisi d'utiliser la distance L_2.

2.2 Données médicales sur les structures à segmenter

Nous allons maintenant étudier les structures présentes dans l'abdomen d'un point de vue anatomique. Pour cela, nous nous appuyons essentiellement sur les références, disponibles sur Internet :
http ://www.medecine-et-sante.com/anatomie.html
http ://www.med.univ-rennes1.fr/etud/uro/anatomie.html
http ://kowid.free.fr/pharmako/immuno/index.htm
http ://frankpaillard.chez.tiscali.fr/infirmier_DIG_ANATOMIE.htm
http ://www.univ-brest.fr/S_Commun/Biblio/ANATOMIE/Web_anat/index.htm

2.2.1 La peau

Au niveau de l'abdomen, l'épaisseur de la peau est en moyenne de 14mm chez l'homme, et de 23mm chez la femme. On peut considérer que la peau constitue la frontière entre l'intérieur du patient et l'air extérieur : c'est une hypothèse permettant de segmenter la peau de manière relativement efficace et peu coûteuse en temps de calcul.

2.2.2 La graisse

La graisse est toujours présente, en quantité variable : son épaisseur peut grandement varier.

2.2.3 Les muscles

Les muscles sont toujours présents, en particulier les muscles intercostaux, qui relient les côtes. Des structures musculaires sont également présentes derrière la colonne vertébrale.

2.2.4 Les structures osseuses

Les os constituent la charpente du corps humain. La colonne vertébrale est constituée de 7 vertèbres cervicales dénommées $C1$ à $C7$ en partant du haut de la colonne, puis de 12 vertèbres thoraciques (ou dorsales) $T1$ à $T12$ (ou $D1$ à $D12$), et enfin de 5 vertèbres lombaires $L1$ à $L5$ (voir Fig 2.4). On peut également citer les 5 vertèbres sacrées, qui sont soudées, et 3 à

4 vertèbres coccygiènes, également soudées. L'homme possède douze paire de côtes, qui sont articulées à l'arrière avec les vertèbres thoraciques correspondantes, et à l'avant avec le sternum par l'intermédiaire des cartilages costaux (voir Fig 2.2 et 2.3). Les 6 premières côtes s'articulent à des endroits différents du sternum, tandis que les côtes 7 à 10 sont reliées au sternum par un même cartilage costal. Enfin, les côtes 11 à 12 ne sont pas reliées au sternum, et sont dites flottantes. En anatomie, les vertèbres constituent des repères fixes pour localiser les structures anatomiques : en effet, la localisation ainsi que le nombre de vertèbres ne varie pas d'une personne à l'autre.

Les vertèbres sont des structures relativement complexes. Elles sont constituées d'un corps vertébral, derrière lequel se situe le foramen ou canal vertébral, ainsi que le processus transverse et le processus épineux (voir Fig 2.5).

2.2.5 Le diaphragme

Le diaphragme est un muscle très large et mince séparant le thorax de l'abdomen. Sa fonction est essentielle, car elle permet aux poumons de se remplir et de se vider d'air.

2.2.6 Les organes

Nous avons vu les principales structures globales toujours présentes dans l'abdomen. Nous allons à présent passer en revue les différents organes présents dans l'abdomen. Certains organes peuvent être absents chez certains patients, à cause d'une ablation par exemple. De même, chez une minorité de personnes (moins de une sur dix mille) peut exister une dextrocardie, c'est à dire une formation du coeur vers la droite, qui peut être accompagnée d'une inversion des viscères abdominaux. Cette inversion peut être partielle ou totale. Ces phénomènes, rares (moins pour les ablations), constituent cependant une source de variabilité.

Les poumons

Les poumons ont la forme d'un demi cône tronqué coupé en deux par le sommet supérieur. Les dimensions des poumons sont environ :

- 25 cm de hauteur.
- 15 cm de profondeur.
- 10 cm de largeur (7cm pour le gauche).

Le poumon est recouvert par le feuillet viscéral de la plèvre.

Le pancréas

Le pancréas est un organe situé profondément dans l'abdomen, derrière l'estomac, devant et au dessus des reins. Il est formé d'une tête enchâssée dans le duodénum (partie du tube digestif qui fait suite à l'estomac et qui a une forme d'anneau), d'un corps et d'une queue. La queue du pancréas, située derrière l'estomac, au contact de la rate, est celle qui contient les zones fabriquant l'insuline. Le pancréas a un rôle essentiel dans la digestion car il sécrète un bon nombre des sucs (ou enzymes) nécessaires à la transformation des aliments en substances simples. Mais le rôle du pancréas est de sécréter des hormones, c'est à dire des substances fabriquées par la glande et déversées directement dans le sang. L'insuline est la principale hormone sécrétée par le pancréas. Son importance est vitale car c'est la seule substance capable de faire baisser le taux de sucre dans le sang.

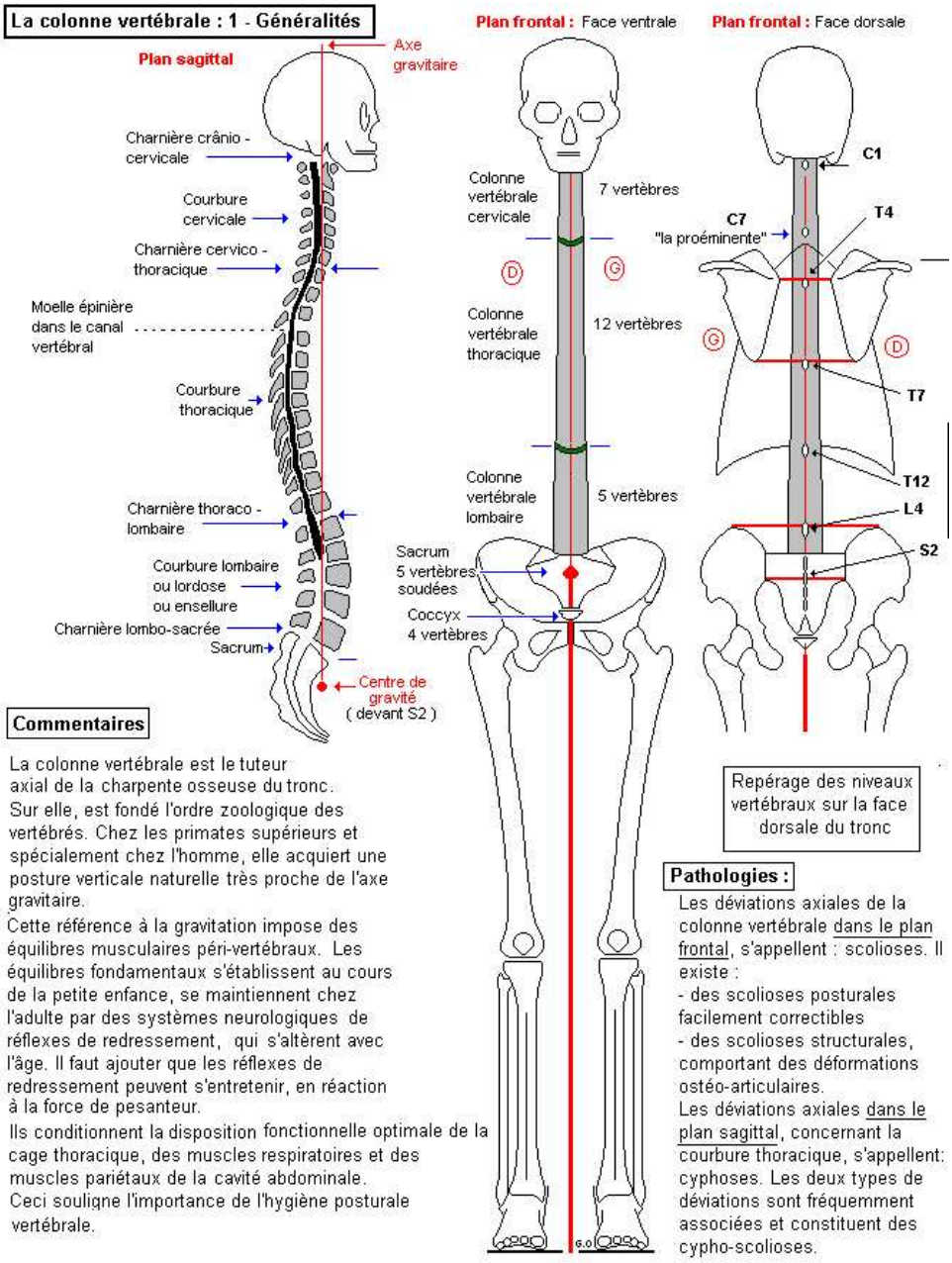


FIG. 2.2 – *Colonne vertébrale : généralités* (source : www.anatomie-humaine.com)

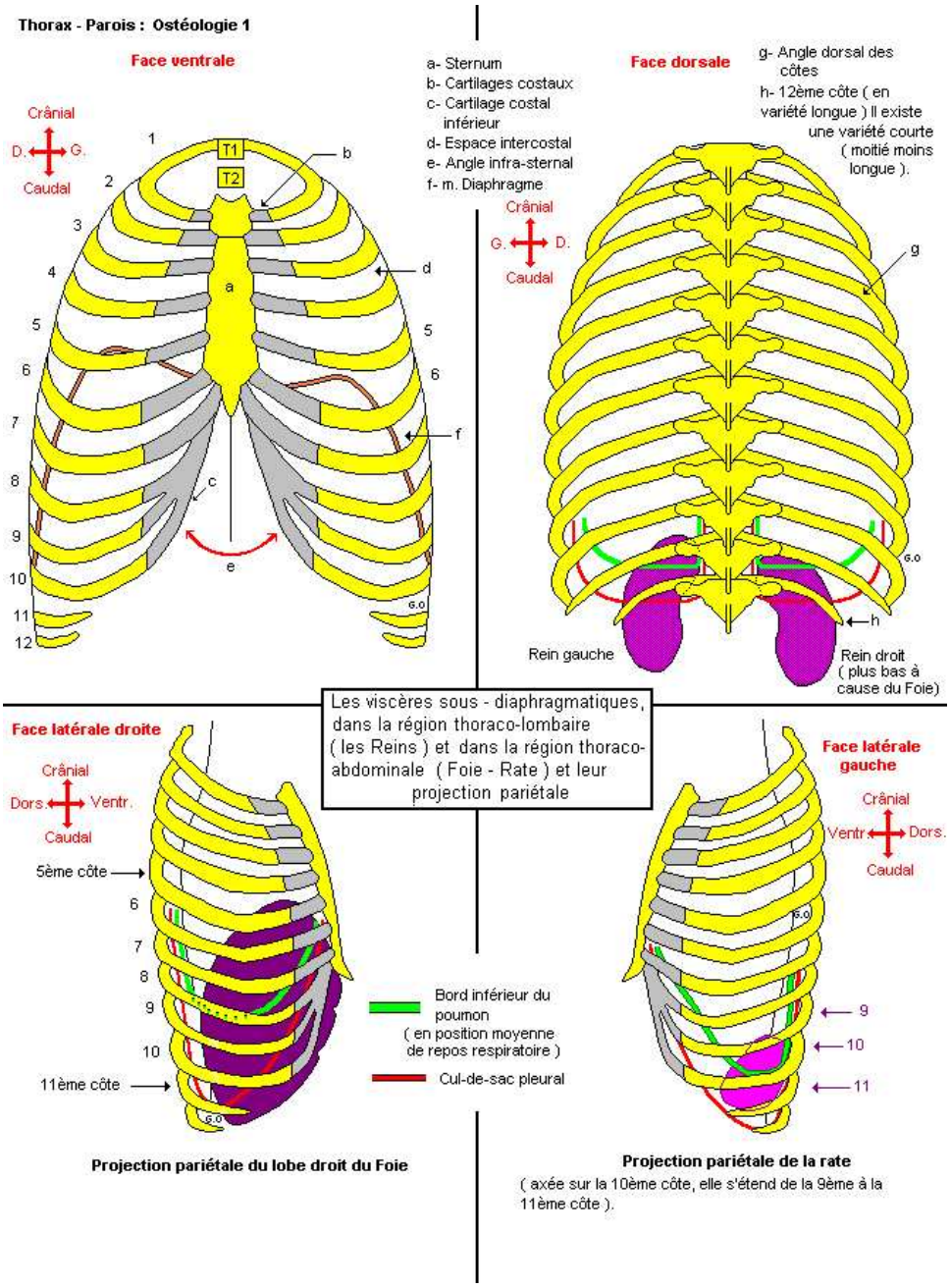


FIG. 2.3 – *Parois du thorax* (source : www.anatomie-humaine.com)

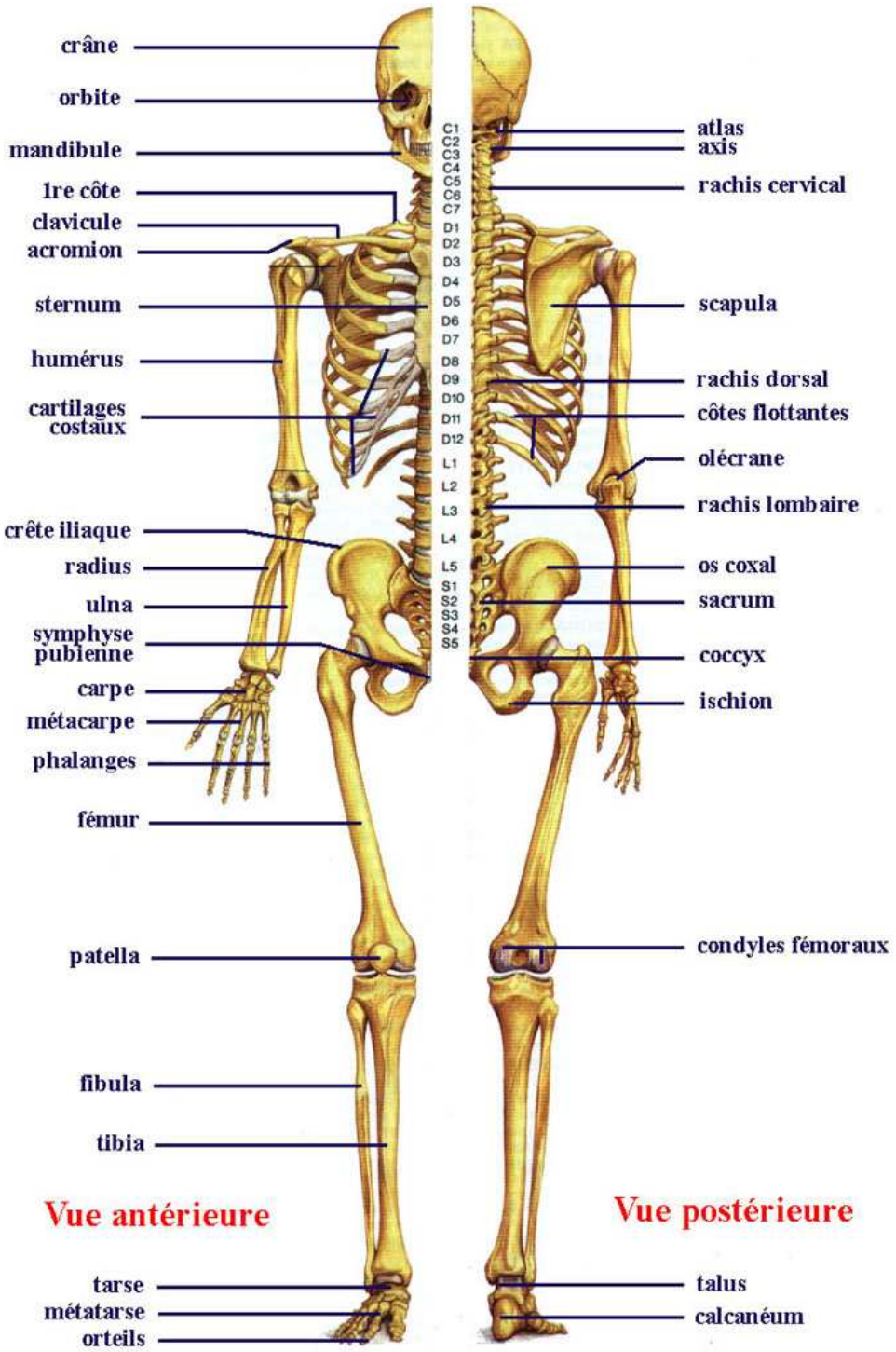


FIG. 2.4 – *Squelette humain et localisation des différentes vertèbres* (source : www.anatomie-humaine.com)

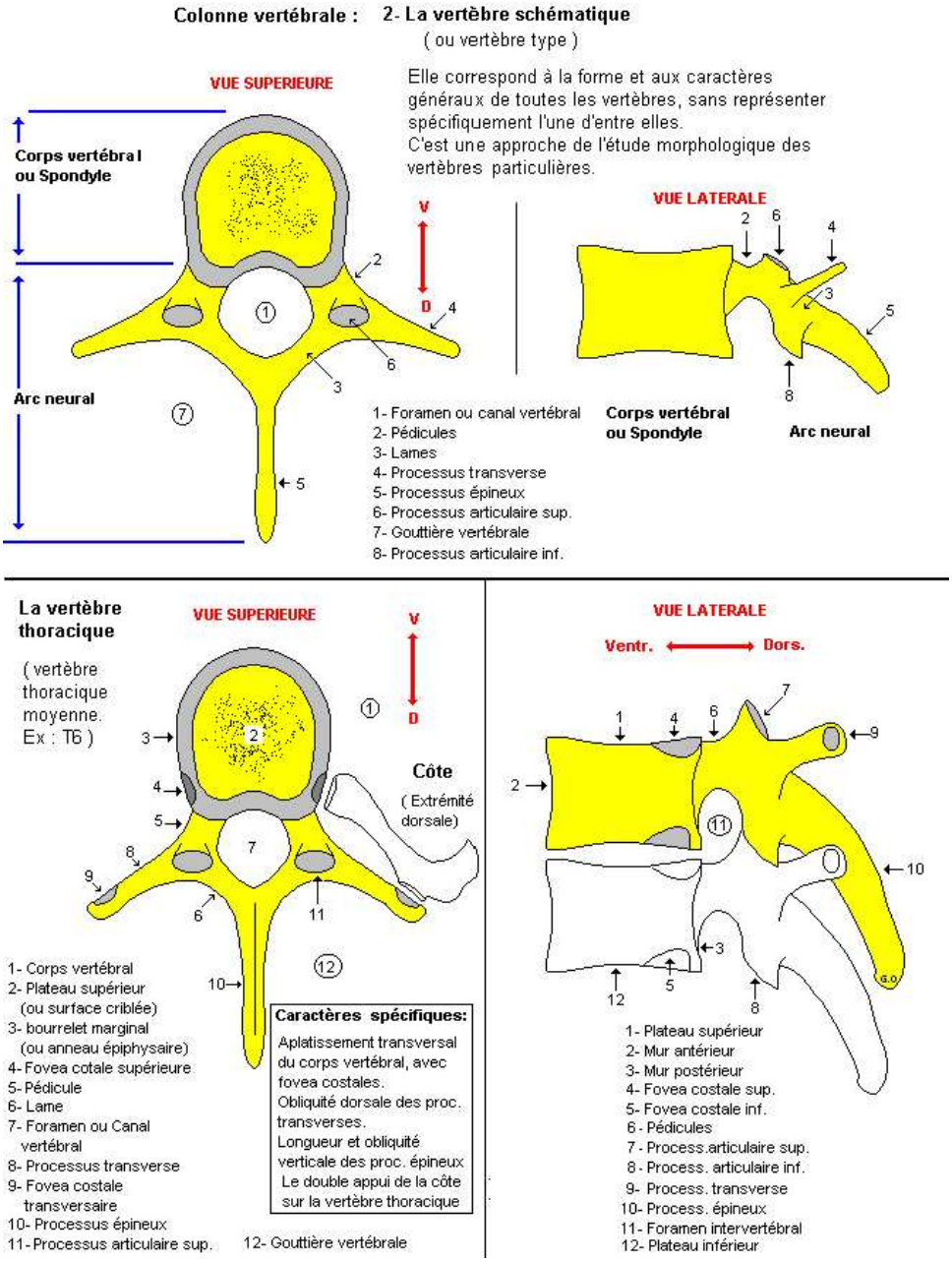


FIG. 2.5 – *Structure d'une vertèbre.* (source : www.anatomie-humaine.com)

L'estomac

L'estomac est un organe dont la fonction est de digérer les aliments absorbés. C'est une poche située entre l'oesophage et le duodénum, en forme de J, d'une contenance de un litre à un litre et demi. Il mesure 25 cm de haut et de 10 à 12 cm de largeur. C'est dans l'estomac que sont sécrétés les acides et beaucoup d'enzymes qui décomposeront la nourriture en particules ou en molécules aussi petites que possible.

Les reins

Les reins ont la forme d'un haricot à hile interne, au niveau duquel cheminent les vaisseaux rénaux (artère et veine), et le bassinet qui se poursuit vers le bas par l'uretère. Chaque rein est entouré de tissu cellulo-graisseux et est situé, avec la glande surrénale, dans un sac fibreux ; l'ensemble constitue la loge rénale. Par l'intermédiaire de cette loge le rein est en rapport :

- En haut avec le diaphragme, dont le rein est séparé par la glande surrénale.
- En arrière de haut en bas avec la partie postéro-inférieure du thorax (dont le sac pleural, les 11ème et 12ème côtes) qui se poursuit par la paroi lombaire en bas (muscle psoas).
- A droite avec la veine cave inférieure dont le rein est séparé par les vaisseaux génitaux et à gauche avec l'aorte dont le rein est séparé par les vaisseaux génitaux
- En avant, à droite, la loge rénale est en rapport par l'intermédiaire du péritoine avec, de haut en bas, la face postérieure du foie, le bloc duodéno-pancréatique, l'angle colique supérieur droit. A gauche, la loge rénale est en rapport, par l'intermédiaire du péritoine, avec de haut en bas la rate et la queue du pancréas, l'angle colique gauche.

Le rein mesure environ 12 cm en hauteur ($3,5$ vertèbres), 6 cm en largeur et 3 cm en épaisseur. Son poids est d'environ 150g. Les reins se situent de part et d'autre de la colonne vertébrale, entre la 11ème vertèbre thoracique et la 3ème vertèbre lombaire. Le rein droit est plus bas que le gauche, car abaissé par le foie. Ils sont vascularisés par l'artère rénale qui naît de l'aorte, et par la veine rénale qui se jette dans la veine cave. Les reins sont des filtres régulateurs de l'organisme. Ils sont à l'origine de la fabrication de l'urine, un gros transporteur de déchets chimiques, qui est acheminée en permanence par les uretères vers un lieu de stockage : la vessie. Ils assurent aussi une sécrétion endocrine : la rénine (participant à la régulation de la tension artérielle), l'érythropoïétine (stimulant la fabrication des globules rouges), et des prostaglandines.

La rate

La rate a la forme d'un croissant, allongé verticalement. Elle est située sous la coupole du diaphragme, en avant du rein gauche, à gauche de la colonne vertébrale. La rate est vascularisée par l'artère et la veine splénique. Ses dimensions, très variables, sont de l'ordre de 12 cm en hauteur, 8 cm en largeur et 4 cm en épaisseur. Son poids est d'environ 150g.

La rate n'a aucun rôle digestif : c'est un organe lymphoïde qui intervient dans les phénomènes immunitaires et dans la destruction des globules rouges.

Le coeur

Le coeur est un muscle creux à commande involontaire. Il est composé de plusieurs cavités :

- Les oreillettes gauches et droites.
- Les ventricules gauche et droit.

Le coeur est entouré du péricarde, presque toujours adhérant au myocarde. Il entoure aussi les 2 veines caves et les 4 veines pulmonaires, l'aorte et les artères coronaires. Le coeur est posé

sur le centre tendineux du diaphragme. Il est lié par des ligaments à ce centre tendineux et au sternum. Notre coeur droit reçoit le sang en provenance du corps et le pousse vers les poumons. Notre coeur gauche reçoit le sang venant des poumons et le propulse vers l'ensemble du corps. Les oreillettes servent de salles d'attente pour le sang qui arrive. Les ventricules sont les chambres de propulsion. Elles ont une paroi épaisse et puissante : $0,5$ cm d'épaisseur pour le ventricule droit qui envoie le sang à courte distance dans les poumons et $1,5$ cm pour le ventricule gauche car il doit propulser le sang dans tout l'organisme. Notre coeur propulse chaque jour 7000 litres de sang.

L'intestin grêle

L'intestin grêle est un segment du tube digestif qui relie l'estomac au côlon. Il mesure environ 7m. Il est composé du duodénum et du junjuno-iléon.

Le côlon

Long d'environ 130 cm, le côlon est la partie la plus volumineuse du gros intestin. Il est divisé en quatre parties :

- le côlon ascendant, long d'environ 15 cm, qui commence à la valvule iléo-cæcale, c'est-à-dire à la fin de l'intestin grêle, et remonte jusqu'à l'angle splénique, ou angle colique droit ;
- le côlon transverse, long d'environ 50 cm, la partie la plus mobile, s'étendant de l'angle colique droit à l'angle colique gauche (ou angle splénique) ;
- le côlon descendant, environ 25 cm, descend de l'angle colique gauche à l'entrée de la cavité pelvienne ;
- le côlon sigmoïde, d'environ 40 cm — cette longueur varie d'une personne à l'autre — allant de l'entrée de la cavité pelvienne jusqu'au milieu du sacrum.

Le côlon a trois grandes fonctions dans le système digestif :

- Il ré-absorbe les liquides, ce qui permet de concentrer les matières fécales. Chaque jour, environ 1,5 L d'eau pénètre dans le côlon, mais les selles en contiennent seulement entre 100 mL et 200 mL.
- Il entrepose et régule l'évacuation des selles. Le mouvement du côlon est très lent par rapport à celui de l'intestin grêle : il faut aux matières fécales entre 48 h et 72 h pour passer du cæcum au rectum. Ce mouvement est créé par les contractions du côlon, servant à la fois à brasser son contenu et à propulser les matières fécales vers le cæcum.
- Il digère et absorbe les aliments qui n'ont pas encore été digérés. La lumière du côlon est l'endroit du sysème digestif où on trouve le plus de bactéries, servant par exemple à digérer certains sucres. Ces bactéries sont en grande partie responsables de la production de gaz coliques.

Le foie

Le foie est l'organe le plus volumineux de l'organisme. Il mesure en moyenne 28 cm dans le sens transversal, 16 cm de haut et 8 cm d'épaisseur dans la région la plus volumineuse. Son parenchyme (tissu constitué par les cellules hépatiques) pèse plus de 1500 grammes, et peut contenir près d'un kilo supplémentaire de sang. Il est de consistance assez ferme, mais il se laisse facilement déformer par les organes voisins. De ce fait, sa morphologie peut changer considérablement d'une personne à l'autre.

Son aspect extérieur présente trois faces :

- la face supérieure est fixée au diaphragme par le ligament suspenseur du foie.

- la face inférieure est parcourue par trois sillons en forme de H :
  1. le sillon antéro-postérieur droit.
  2. le sillon antéro-postérieur gauche.
  3. le sillon transverse ou hile du foie : c'est la zone où pénètrent les vaisseaux du foie et où sort la voie biliaire principale.
- la face postérieure est plaquée contre la paroi abdominale postérieure et est en contact très étroit avec la veine cave inférieure.

Le rôle du foie est de filtrer et de nettoyer le sang provenant de l'appareil digestif, mais aussi de réguler de nombreuses fonctions physiologiques. Voici un aperçu de ses différentes fonctions :

- il produit la bile, chargée d'éliminer les substances toxiques de l'organisme et facilitant la digestion ;
- il assainit le sang, en métabolisant l'alcool, certaines drogues ou produits chimiques, en neutralisant ou détruisant les substances toxiques ;
- il régularise l'apport énergétique, et maintient constant le taux de glucose dans le sang ;
- il produit de nombreuses protéines essentielles, intervenant dans le transport de certaines substances, de la coagulation du sang et la résistance aux infections ;
- il régularise l'équilibre de nombreuses hormones (sexuelles, thyroïdiennes, surrénaliennes, etc.) ;
- il régularise le cholestérol, l'apport des vitamines et minéraux essentiels ;
- il participe à plus d'une centaine d'autres fonctions spécifiques.

Structure du foie L'unité de base du foie est la cellule hépatique ou hépatocyte. Elle est riche en substance de réserve : le glycogène. Les cellules se regroupent pour former un lobule. Les lobules sont séparés par du tissu conjonctif où cheminent des vaisseaux et des canaux biliaires intra-hépatiques (Fig 2.6).

Vascularisation du foie Le foie est vascularisé par l'artère hépatique, qui assure la circulation nutritionnelle de la glande hépatique et amène l'oxygène indispensable à la vie des hépatocytes, et par la veine porte qui assure la circulation fonctionnelle du foie en apportant des nutriments nécessaires aux hépatocytes qui va les stocker et les transformer. L'artère hépatique se ramifie au niveau du foie jusqu'au centre des lobules. La veine porte se ramifie jusqu'au centre des lobules pour ensuite rejoindre la veine sus-hépatique qui va permettre le retour du sang. Le système veineux sus-hépatique recueille la totalité du sang qui vient du foie et va ensuite se jeter dans la veine cave inférieure de l'oreillette droite. La figure 2.8 illustre la localisation des réseaux porte et sus-hépatique du foie.

Le foie a un pouvoir de régénération très élevé : chez l'homme, le retrait de 75% de la masse cellulaire du foie est comblé en 4 mois. Un chirurgien, lors d'une opération d'une tumeur, peut enlever jusqu'à 75% de la masse hépatique sans risque pour le patient. Ceci offre un véritable espoir de rémission dans le cas de certaines maladies graves.

Localisation du foie Le foie est localisé dans le quadrant supérieur droit de l'abdomen, à droite de l'estomac et au-dessus des intestins. Il s'étend de l'abdomen au thorax. Il est constitué de deux lobes : le lobe droit, le plus volumineux, est séparé du lobe gauche par le ligament falciforme et le ligament rond. Ses organes voisins sont l'estomac, les intestins, le pancréas, la rate et la vésicule biliaire, qui lui est directement rattachée. Au niveau du thorax, le foie est voisin des poumons et du coeur (Fig 2.7).

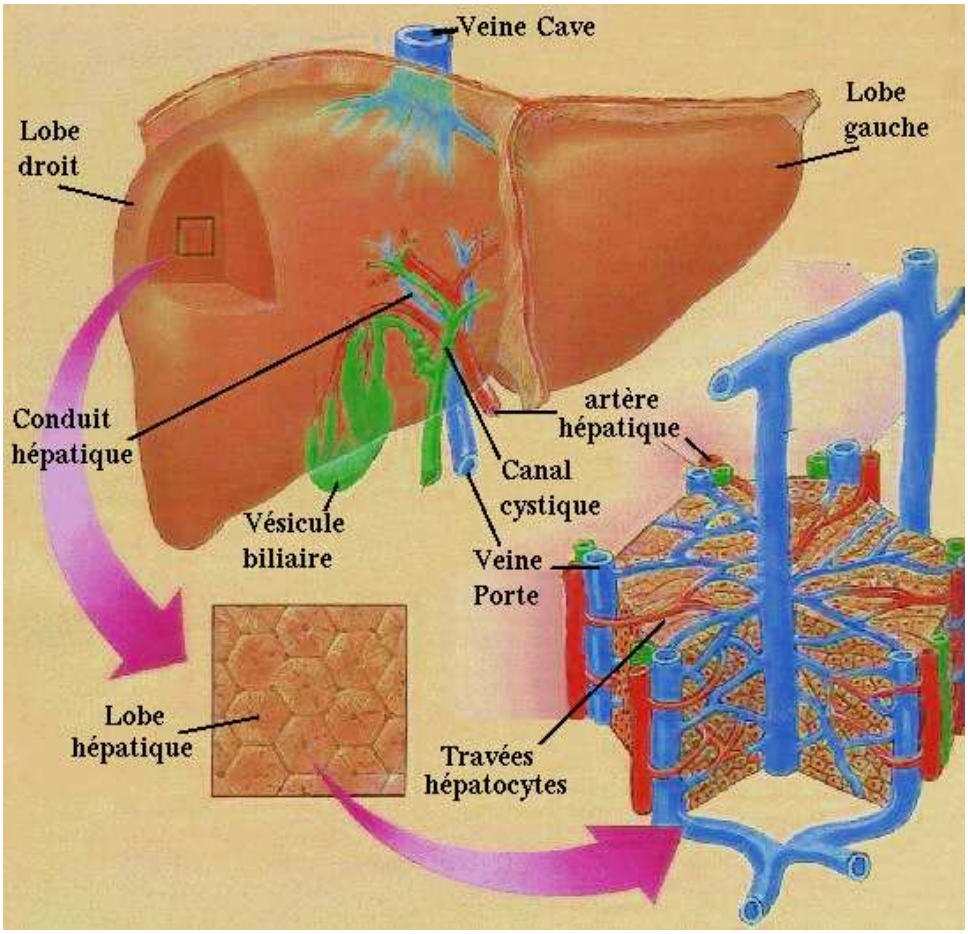


FIG. 2.6 – *Grossissement d'un morceau de parenchyme.*(source : [79])

Lésions du foie Les lésions du foie sont de deux types principaux :

- les métastases internes, de forme nodulaires. Quand leur taille augmente, elles peuvent avoir une forme multilobée ;
- les kystes, également de forme nodulaire, mais beaucoup plus régulière que les métastases.

Les chirurgiens utilisent une délimitation fonctionnelle du foie en segments. Ce découpage repose sur la vascularisation du réseau porte et artériel. Selon Couinaud (un anatomiste dont les travaux sur le foie sont devenus la référence mondiale), le foie est composé de segments indépendants, qui représentent la dispersion des branches de la veine porte (voir Fig 2.8). Le mode de prolifération des cellules cancéreuses suit le sens du courant sanguin ; de ce fait, lorsqu'on observe une lésion dans un segment du foie, on sait que le reste du segment pourra être atteint puisqu'elle suit le flux sanguin de la veine porte. Les chirurgiens préfèrent donc retirer l'ensemble d'un segment infecté, dans le but d'éviter tout risque de résurgence tumorale.

2.3 Images TDM de la région abdominale

Nous avons vu, dans le premier chapitre, les principales méthodes d'acquisition dans le domaine de l'imagerie médicale. Les images auxquelles nous allons nous intéresser dorénavant sont des images TDM de la région abdominale. Nous disposons en effet d'une base d'images de nom-

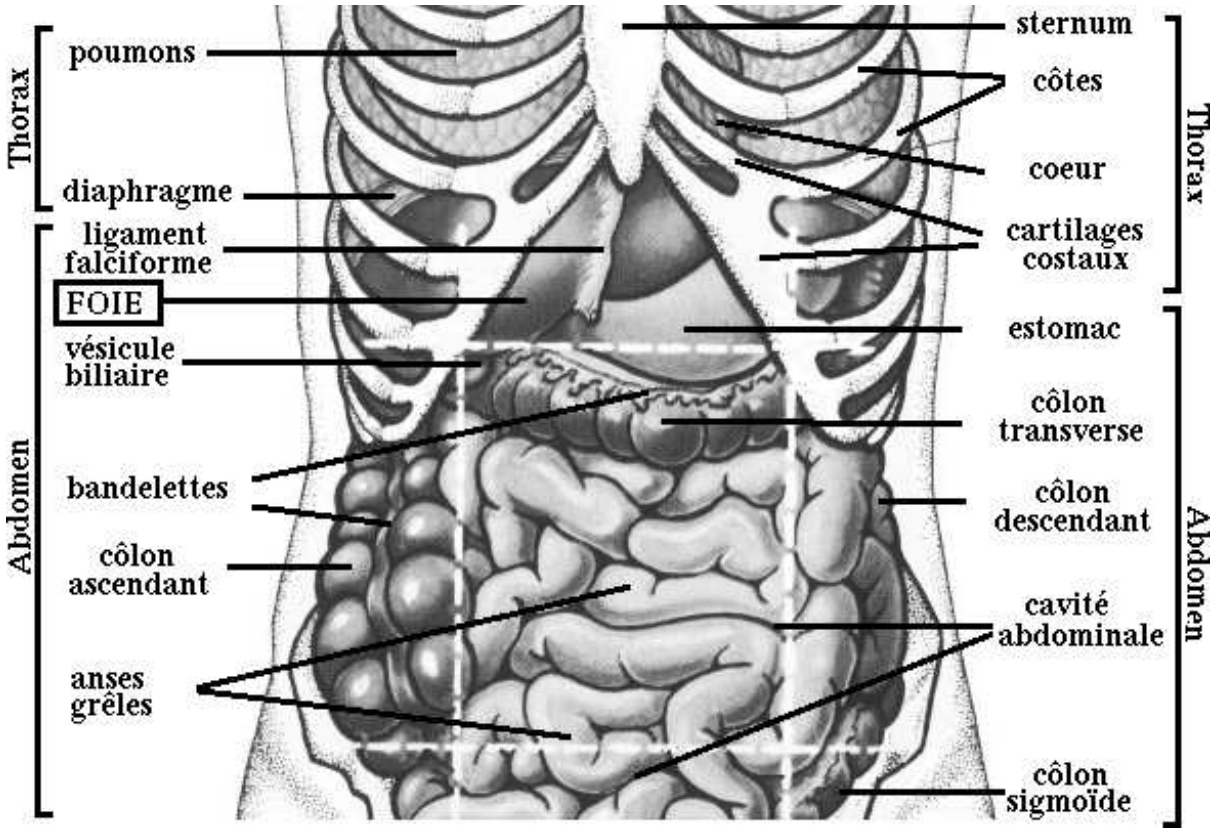


FIG. 2.7 – *Projections et surfaces de contacts des viscères abdominaux et thoraciques en vue antérieure (source : [47])*

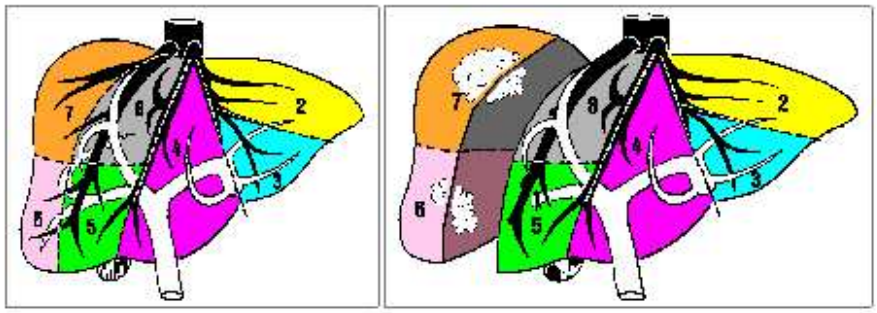


FIG. 2.8 – *Segments anatomiques du foie selon la définition de Couinaud. En blanc : le réseau porte. En noir : le réseau sus-hépatique. (source : [27])*

breux cas cliniques. Nous avons vu que l'imagerie TDM est, avec l'IRM, la technique d'imagerie médicale offrant la plus fine résolution tridimensionnelle. Toutes les structures internes du corps humain sont visibles sur ces images.

2.3.1 Acquisition des images

Les images TDM dont nous disposons sont utilisées en général dans le but de détecter des lésions hépatiques. Un produit de contraste est injecté dans le corps du patient avant l'acquisition de l'image pour différencier les lésions du tissu sain. En effet, les métastases hépatiques ne reçoivent pas le même apport vasculaire que le parenchyme hépatique sain : le foie sain est vascularisé à 75% par la veine porte et à 25% par l'artère hépatique, alors que les métastases sont irriguées à presque 100% par l'artère hépatique. L'injection d'un produit de contraste dans la veine porte permet donc de différencier les différents tissus que sont les tumeurs, le parenchyme et les vaisseaux.

Deux protocoles d'acquisition des images existent :

- Dans le premier protocole, le produit de contraste est injecté en intraveineuse. La difficulté est alors d'estimer le "temps porte", temps nécessaire au produit de contraste pour atteindre le foie et envahir la veine porte. Ce temps est estimé en moyenne à 50 secondes, mais varie en fonction de la morphologie des patients. Une sous-évaluation ou une sur-évaluation de ce temps rendra l'image de moins bonne qualité pour la détection des structures d'interêt du foie, et plus difficile à traiter ;
- Le deuxième protocole utilisé est le portoscanner. Cette modalité permet une injection dans la veine porte plus précise, mais également très invasive. Un cathéter est introduit depuis l'artère fémorale dans l'artère mésentérique supérieure. Le temps porte dans ce cas est beaucoup mieux évalué, car le trajet est plus court et plus rapide. Les variations de la qualité d'image entre les différents patients seront donc moindres. Les images sont de meilleure qualité, mais cette technique présente le gros inconvénient d'être très invasive et désagréable pour le patient, pouvant entraîner des complications.

Les modalités utilisées pour nos images ont été décrites par Soler dans [155]. Ce protocole inclut une acquisition de l'image au temps porte, et un espace intercoupe minimal de 2mm .

Lors de l'acquisition de l'image, le patient doit réaliser une apnée (comme le temps d'acquisition du scanner n'est pas instantané). Si cette apnée n'est pas parfaitement réalisée par le patient, l'image peut être corrompue sur certaines coupes. Cela se traduit visuellement par des zones de flou et des ruptures de continuité entre plusieurs coupes (comme l'acquisition se fait coupe par coupe).

Enfin différents paramètres doivent être réglés par le manipulateur radio lors de l'acquisition de l'image, ce qui constitue une source supplémentaire de variation entre les images. En particulier, du bruit peut être plus ou moins présent selon l'image (voir Fig 2.9). On voit donc que les données dont nous disposons sont dès le départ soumises à une forte variation. Cette variation de qualité entre les images constitue donc la première difficulté pour concevoir un algorithme de segmentation automatique.

2.3.2 Taille des images

La taille des images en X et Y est constante d'une acquisition à l'autre : elle est de 512×512. La taille en Z est par contre variable d'une image à l'autre : elle peut varier de 70 à 110 dans le cas d'acquisitions en 2mm d'espace intercoupe au double dans le cas d'acquisitions en 1mm.

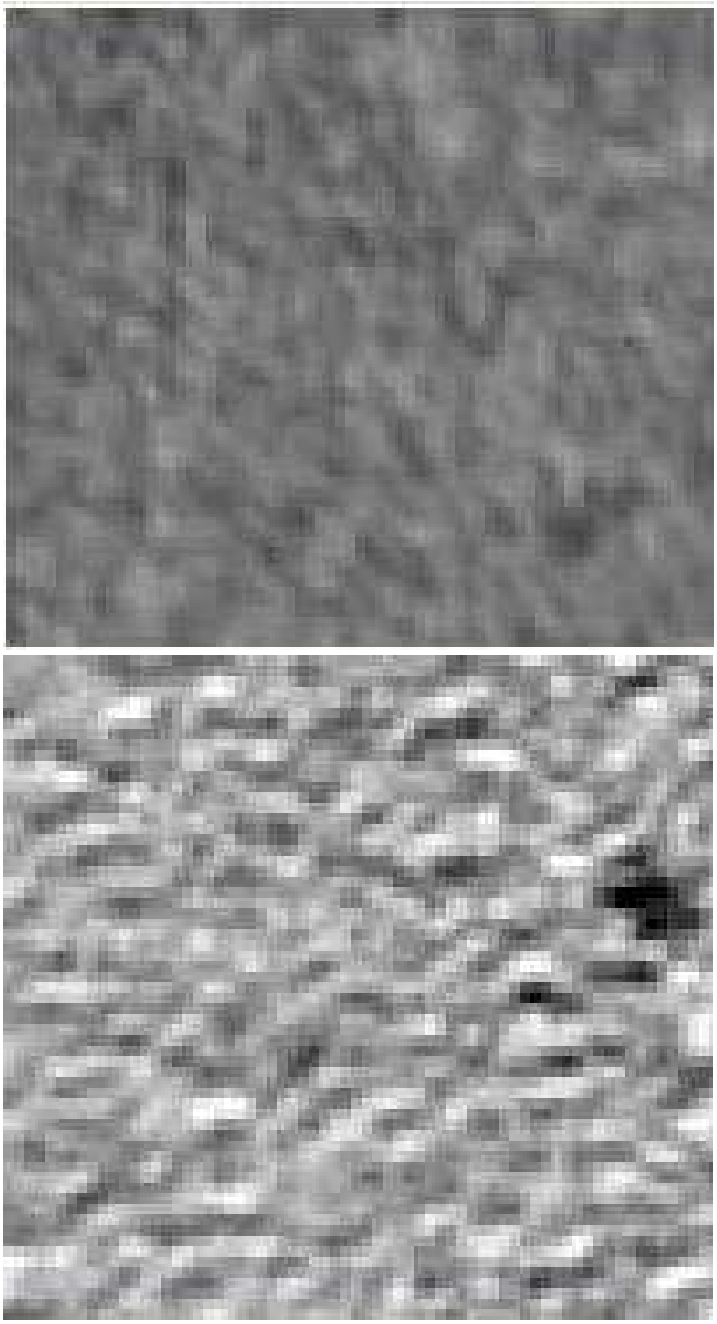


FIG. 2.9 – *Bruit résiduel plus ou moins présent selon les images : zoom d'échelle égale sur la texture du foie visible sur deux images scanners différentes.*

2.3.3 Dimension des voxels

La dimension des voxels d'une image est conditionnée par l'espace intercoupe de l'acquisition et la morphologie du patient. La dimension en Z d'un voxel est égale en effet à l'espace intercoupe de l'acquisition, c'est à dire le plus souvent 2mm ou 1mm. La dimension en X et Y est déterminée par la morphologie du patient : la fenêtre de visualisation est optimisée pour englober l'abdomen en son entier. La dimension d'un voxel est identique selon X et Y. Elle est comprise en général entre $0,6$mm et $0,9$mm. Les images sont donc anisotropes : les voxels les constituant ne sont pas de dimensions égales dans les trois coordonnées de l'espace.

2.3.4 Échelle d'intensité des images

Les images TDM sont composées de points 3D, ou voxels, possédant un niveau de gris, ou intensité, compris entre -1000 et 1000 HU (environ). Dans certains cas cependant, les images dont nous disposons ont des intensités comprises entre 0 et 2000, pour des raisons techniques liées à la conversion au format d'image DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine, norme conçue pour la conversion numérique d'images médicales). Il convient donc de les rééchelonner en soustrayant en chaque point 1000 HU.

2.3.5 Artefacts présents sur les images

Bruit

Du bruit se manifeste sur les images TDM par une texture granuleuse présente sur toutes les structures. Il est cependant très difficile de différencier le bruit réel de l'imageur des textures des organes. Cependant on aperçoit sur certaines coupes des sortes de stries partant du centre de l'image et rayonnant de façon circulaire : ce type d'artefacts est typique des images TDM. En présence de structures de densité parfaitement homogènes, on devrait avoir une image résultante composée d'objets d'intensités homogènes. Tout autre artefact serait du bruit, ce qui pourrait conduire à une méthode de modélisation du bruit. Cependant toute méthode de modélisation du bruit est très complexe. De plus, même en supposant qu'on puisse supprimer parfaitement le bruit dû à l'imageur, il devrait rester en théorie une texture correspondant aux organes, due à leur densité non-uniforme. Dans la suite, nous ne séparerons donc pas les contributions respectives du bruit et des textures propres des organes : nous considérerons le tout comme une distribution texturale. Cette texture est variable d'une image à l'autre (voir Fig 2.9).

Effet de volume partiel

La discrétisation des images, effectuée par le scanner, engendre l'effet de volume partiel. Celui-ci se traduit visuellement par des contours des objets légèrement flous, et par l'impossibilité de retrouver exactement le contour des structures. Au niveau des contours, un voxel de l'image va en fait être composé d'un mélange de plusieurs structures (voir Fig 2.10).

Cet effet sera à prendre en compte à plusieurs niveaux dans notre travail : comme on voit qu'il est impossible de retrouver la position exacte du contour (la précision dépendant de la résolution de l'imageur), il faudra s'interroger sur la notion de contour interne et externe des structures. Vaut-il mieux segmenter à l'intérieur ou à l'extérieur de la structure ? Enfin, la précision du contour est-elle acceptable par rapport à la réalité et quelle est l'erreur obtenue ? Faut-il modéliser l'effet de volume partiel dans un algorithme de segmentation ? Cet effet est à prendre en compte également lors de l'évaluation de notre méthode : si les segmentations manuelles sur lesquelles

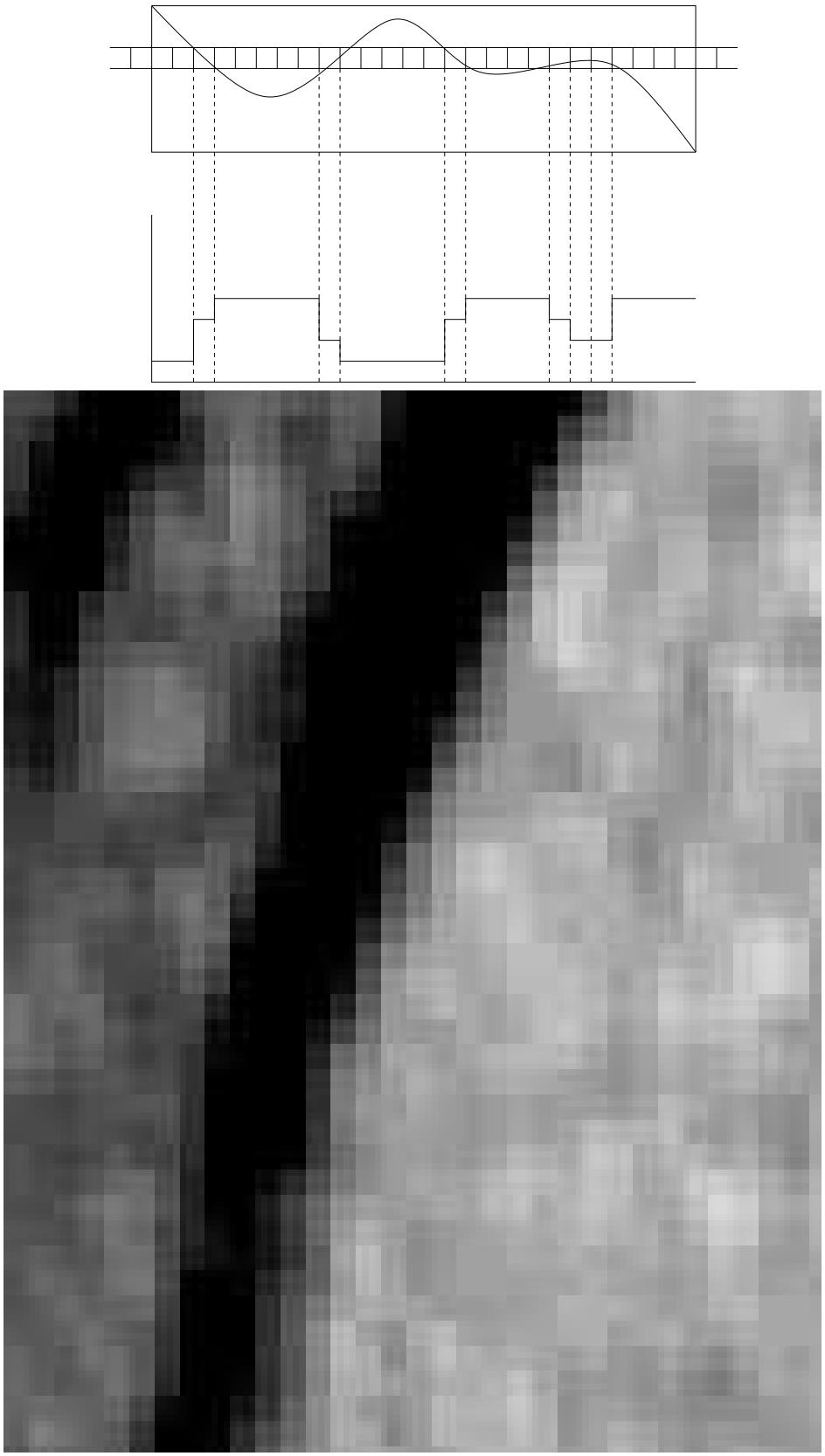


FIG. 2.10 – *Illustration de l'effet de volume partiel. Haut : Illustration du phénomène sur une coupe 1D, Bas : Observation sur une image TDM : les contours des structures sont flous.*

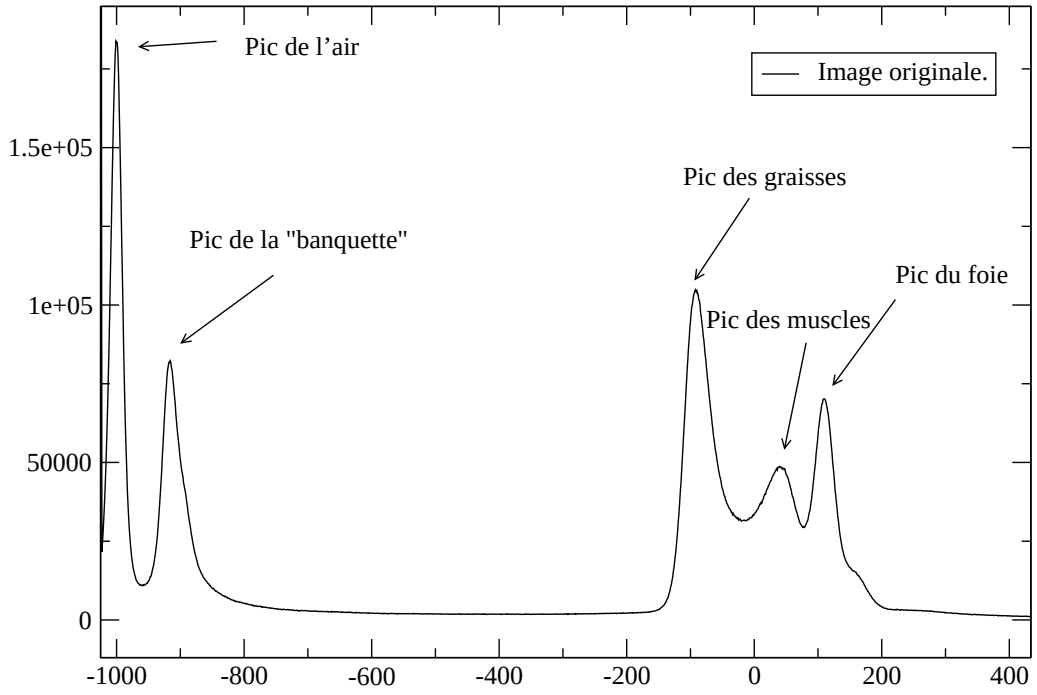


FIG. 2.11 – *Histogramme non-lissé des intensités d'une image originale sans prétraitement*

vont s'appuyer l'évaluation prennent en compte un autre contour que la méthode automatique, il en résultera obligatoirement une plus grande erreur.

2.3.6 Structures visibles

Nous avons précédemment étudié les différentes structures anatomiques présentes dans l'abdomen. Ces structures sont de visibilité variable dans les images TDM. Sur la figure 2.11 est représenté l'histogramme non-lissé des intensités d'une image TDM sans prétraitement. On constate la présence de plusieurs pics, représentant chacun un type particulier de structures. Sur la figure 2.12 (a), on peut voir la localisation de l'air et de la graisse sur une image TDM. La figure 2.12 (b) illustre la présence des structures musculaires. Les organes qui sont bien visibles sur les images TDM sont : les poumons (comme ils contiennent de l'air, on en déduit la structure qui est autour), le foie, la rate, les reins, le coeur (voir Fig 2.13). Le pancréas n'est pas bien visible, car peu discernable des structures voisines. De la même façon, on ne distingue pas clairement l'intestin grêle et le gros intestin.

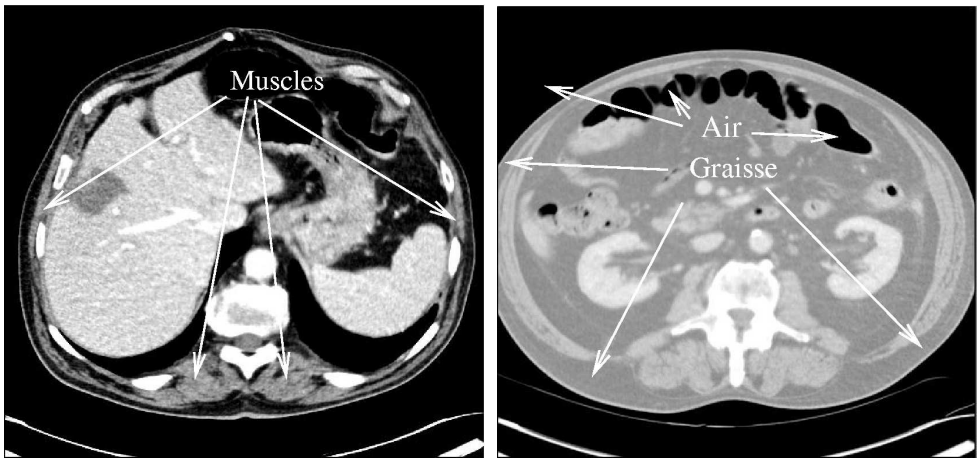


FIG. 2.12 – *Localisation des structures musculaires.*

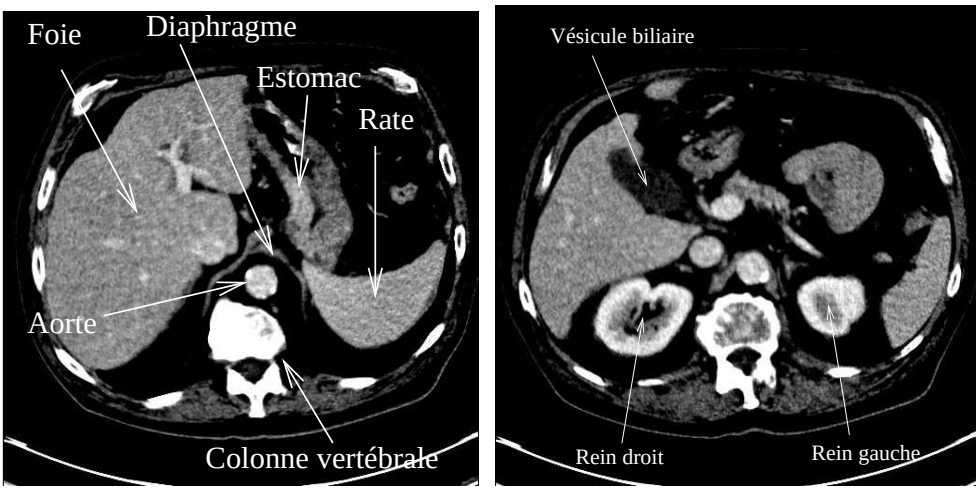


FIG. 2.13 – *Localisation de différents organes et structures.*

2.4 Étude quantitative des structures anatomiques de l'abdomen

Nous allons à présent calculer des données quantitatives pour chaque organe sur notre base d'images TDM. Ces données essaient de caractériser les quatre caractéristiques des structures évoquées au début de ce chapitre : la luminance, la texture, la forme, et la position. Nous effectuons ces calculs sur une base de 16 images TDM. Pour chaque image de cette base nous possédons également les images binaires correspondant aux segmentations manuelles du foie, de la rate et des reins. A partir de ces segmentations manuelles, nous pouvons calculer un certain nombre d'attributs. Le but de cette étude est de trouver d'éventuels invariants parmi les caractéristiques calculées. Ceci pourra nous permettre d'appliquer ces caractéristiques dans notre algorithme de segmentation.

2.4.1 Définition des attributs

Attributs photométriques

Les attributs photométriques que nous allons calculer pour chaque structure sont l'intensité moyenne et l'amplitude (différence entre le maximum et le minimum) des intensités des points composant la structure. Pour cela, nous nous appuyons sur les images binaires correspondant aux images segmentées manuellement, ainsi que sur les images originales contenant l'intensité des points de chaque structure. Les attributs photométriques utilisés sont les suivants :

- I_1 : Intensité moyenne des points de la structure ;
- I_2 : Amplitude de l'intensité des points de la structure.

Attributs texturaux

Le seul attribut textural auquel nous nous intéressons est l'écart-type de l'intensité des points de la structure :

- T_1 : Ecart-type de l'intensité des points de la structure.

Attributs géométriques

Les attributs géométriques globaux auxquels nous nous intéressons pour chaque structure sont :

- le volume estimé de la structure, c'est à dire le nombre de voxels composant la structure ;
- les dimensions de la boîte englobante orientée objet de la structure (la boîte englobante orientée objet étant la plus petite boîte rectangulaire contenant la structure) ;
- le volume de la boîte englobante ;
- le rapport entre le volume de la boîte englobante et le volume de la structure ;
- l'élongation $ELONG$ de la structure, c'est à dire le rapport entre le petit axe de l'ellipsoïde englobant la structure et le grand axe ;
- les angles ψ et ϕ décrivant l'orientation de la structure ;
- la variance pondérée de la distance des points de la structure à son centre de masse D_{var}, qui représente une mesure de compacité.

En résumé, nous utilisons les notations suivantes :

- G_1 : Volume estimé de la structure ;
- G_2 : Longueur L_x de la boîte englobante orientée objet ;
- G_3 : Largeur L_y de la boîte englobante orientée objet ;
- G_4 : Profondeur L_z de la boîte englobante orientée objet ;

- G_5 : Volume de la boîte englobante ;
- G_6 : Rapport : G_1/G_5 ;
- G_7 : Angle ψ de l'axe principal ;
- G_8 : Angle ϕ de l'axe principal ;
- G_9 : Mesure de compacité : D_{var} ;
- G_{10} : Mesure d'élongation $ELONG$.

Attributs de localisation

La fenêtre d'acquisition est adaptée d'un patient à l'autre, de façon à ce qu'elle englobe la totalité de l'abdomen. C'est pourquoi la taille des voxels peut changer d'une image à l'autre : dans le cas d'un patient mince, la fenêtre d'acquisition sera plus petite, la résolution sera donc meilleure et la taille des voxels plus petite. Le radiologue, lors de l'acquisition de l'image, effectue donc une sorte de recalage manuel. Ce recalage cependant n'est pas assez rigoureux pour assurer que les structures se trouvent exactement à la même position. La position des structures peut donc varier d'une image à l'autre, à cause de l'acquisition de l'image. La deuxième source de variation provient de l'anatomie même des patients. La position des organes, ainsi que leur forme peut varier. Nous étudierons cependant la variation de localisation des structures dans notre base de tests. Pour cela, nous prendrons le barycentre de la structure. Nous utilisons les notations suivantes pour les attributs de localisation :

- L_1 : Coordonnée x du barycentre de la structure dans l'image ;
- L_2 : Coordonnée y du barycentre de la structure dans l'image ;
- L_3 : Coordonnée z du barycentre de la structure dans l'image.

Calculs statistiques

Pour chaque attribut calculé, nous calculons sa moyenne μ et son écart-type σ. A partir de ces deux informations, nous calculons le coefficient de variation cvar $= \frac{\mu}{\sigma}$. Le coefficient de variation nous permet de comparer les écarts-types des attributs entre eux. Ainsi, nous pourrons voir quels sont les attributs qui varient le moins d'une image à l'autre.

2.4.2 Application aux organes

Caractéristiques de la rate

Les tableaux 2.3, 2.4 et 2.5 résument les différents attributs calculés pour la rate sur la base de test de 16 images. L'attribut photométrique I_1 (l'intensité moyenne de la structure) a un coefficient de variation de 18%, ce qui montre que l'intensité de la rate varie peu d'une image à l'autre. L'amplitude I_2 et l'écart-type T_1 varient plus (respectivement 35% et 21%). Concernant les attributs géométriques, on constate que le volume G_1 varie beaucoup d'une image à l'autre (51%). Les dimensions de la boîte englobante orientée objet varient dans des proportions raisonnables ; cependant ces dimensions n'étant pas indépendantes du volume de la structure, il est délicat de les utiliser, vu que le volume peut varier dans de larges proportions. Le rapport entre le volume de la rate et sa boîte englobante orientée objet varie peu ($9,34\%$). L'angle ϕ (G_8) varie à hauteur de $8,41\%$; il nous semble cependant délicat de nous appuyer sur cet attribut. Enfin les mesures de compacité et d'élongation varient à hauteur de $14,67\%$ et $23,08\%$. Ces attributs étant indépendant du volume de la structure, il nous semble intéressant de les prendre en compte. Les attributs de localisation (coordonnées du barycentre de la rate) montrent une faible variation entre images : la coordonnée X du barycentre ne varie qu'à hauteur

TAB. 2.3 – *Attributs photométriques de la rate calculés sur 16 images*

Image	I_1	I_2	T_1
1	106,019	768	31,0135
2	88,2053	500	31,8064
3	104,196	488	37,0414
4	111,421	328	32,8082
5	120,102	691	24,8177
6	117,25	885	16,3078
7	143,216	519	26,1385
8	123,013	377	32,2958
9	106,579	363	26,0968
10	158,843	449	33,7984
11	82,7687	302	40,726
12	164,117	378	32,7539
13	105,978	394	26,0762
14	114,958	305	24,2417
15	111,464	648	42,4327
16	109,666	460	31,0751
μ	116,73	490,93	30,58
σ	21,41	172,94	6,56
cvar	18%	35%	21%

de $3,38\%$. Les coordonnées Y et Z varient respectivement à hauteur de $8,75\%$ et $21,63\%$, ce qui est également relativement faible. Les attributs sur lesquels nous nous appuierons pour détecter la composante connexe correspondant à la rate dans une image seront donc :

- intensité de la structure (I_1) ;
- rapport G_6 entre le volume de la structure et le volume de la boîte englobante orientée objet ;
- rapports de compacité et d'élongation G_9 et G_{10} ;
- les coordonnées du barycentre : L_1, L_2, L_3.

Caractéristiques du rein gauche

Les tableaux 2.6, 2.7 et 2.8 résument les différents attributs calculés pour le rein gauche sur la base de test de 16 images. L'intensité du rein gauche dans les images varie à hauteur de $24,97\%$. L'écart-type des intensités varie moins : $14,86\%$. Concernant les attributs géométriques, le volume varie à hauteur de 31%, ce qui est moins que le volume de la rate, mais cependant pas assez faible pour nous appuyer sur ce critère. Concernant les autres attributs, on fait la même conclusion que pour la rate : G_6 varie peu, les mesures d'angles G_7 et G_8 varient fortement, et les mesures de compacité et d'élongation semblent rester dans des proportions raisonnables. Les attributs de localisation varient peu. Nous utiliserons donc les mêmes attributs que ceux utilisés pour la rate pour détecter le rein gauche dans une image :

- intensité de la structure (I_1) ;
- rapport G_6 entre le volume de la structure et le volume de la boîte englobante orientée objet ;
- rapports de compacité et d'élongation G_9 et G_{10} ;
- les coordonnées du barycentre : L_1, L_2, L_3.

TAB. 2.4 – *Attributs géométriques de la rate calculés sur 16 images*

Image	G_1	G_2	G_3	G_4	G_5
1	371365	170,142	120,166	43,2792	884855,51
2	203768	158,164	93,7672	33,6845	499561,19
3	447080	191,741	115,125	45,5916	1006397,30
4	245092	172,891	105,145	34,8167	632919,70
5	622541	223,122	123,436	54,5603	1502660,89
6	468739	251,72	124,737	40,9244	1284976,95
7	306530	207,629	100,569	34,9775	730366,60
8	262194	186,458	107,35	28,3343	567146,89
9	275642	186,892	112,905	41,9995	886233,18
10	219534	177,893	101,678	29,1617	527471,12
11	81388	143,048	81,7323	16,5841	193895,36
12	139279	119,198	97,1953	32,3267	374520,50
13	368639	184,901	126,152	36,0992	842036,61
14	309747	177,225	101,899	40,9613	739722,17
15	712437	214,759	110,928	64,3533	1533074,91
16	222903	168,011	93,6567	35,3996	557025,30
μ	328554,875	183,362	107,277	38,315	797679,016
σ	167626,06	31,50	12,71	10,94	381910,779
cvar	51,01%	17,18%	11,85%	28,56%	47,87%

Image	G_6	G_7	G_8	G_9	G_{10}
1	0,41	21,5582	-1,0263	0,11	0,25
2	0,40	34,4686	-13,7774	0,13	0,21
3	0,44	64,6704	-20,0309	0,11	0,23
4	0,38	18,2181	-6,82056	0,13	0,20
5	0,41	59,9995	-8,68067	0,13	0,24
6	0,36	47,9917	-5,07992	0,18	0,16
7	0,41	34,012	-3,18108	0,16	0,16
8	0,46	56,5716	-0,665533	0,13	0,15
9	0,31	26,2853	-9,10746	0,14	0,22
10	0,41	35,6401	-4,40714	0,15	0,16
11	0,41	34,7741	4,15277	0,15	0,11
12	0,37	75,2629	-12,1421	0,12	0,27
13	0,43	54,2913	-6,3986	0,12	0,19
14	0,41	5,50189	-5,35342	0,11	0,23
15	0,46	46,0795	-14,7513	0,10	0,29
16	0,40	34,874	-6,56846	0,14	0,21
μ	0,41	40,63	7,11	0,13	0,20
σ	0,03	18,54	5,98	0,02	0,04
cvar	9,34%	45,62%	8,41%	14,67%	23,08%

TAB. 2.5 – *Attributs de localisation de la rate calculés sur 16 images*

Image	L_1	L_2	L_3
1	406	322	38
2	428	320	29
3	408	275	45
4	380	311	32
5	418	290	34
6	419	287	27
7	416	309	26
8	403	270	31
9	423	300	33
10	425	350	17
11	389	259	25
12	429	337	30
13	407	285	21
14	404	335	31
15	397	309	35
16	410	337	32
μ	410,125	306	30,375
σ	13,86	26,77	6,57
cvar	3,38%	8,75%	21,63%

TAB. 2.6 – *Attributs photométriques du rein gauche calculés sur 16 images*

Image	I_1	I_2	T_1
1	137,744	373	49,6571
2	121,654	385	45,9404
3	121,632	489	53,9723
4	156,288	359	39,9263
5	158,218	362	43,8067
6	185,323	355	33,9569
7	208,241	421	44,6005
8	171,276	380	44,141
9	138,693	341	45,9614
10	206,961	459	57,6661
11	114,968	333	52,8515
12	206,929	789	50,0129
13	159,485	376	45,6844
14	182,051	396	42,7747
15	66,2013	506	62,7854
16	146,817	418	43,0735
μ	155,15	421,375	47,30
σ	38,74	110,29	7,03
cvar	24,97%	26,17%	14,86%

TAB. 2.7 – *Attributs géométriques du rein gauche calculés sur 16 images*

Image	G_1	G_2	G_3	G_4	G_5
1	156813	137,349	91,0459	36,2619	453457,4
2	203904	140,982	96,6157	44,0749	600347,5
3	151160	116,697	98,8058	29,9555	345397,1
4	178960	138,407	97,7115	34,581	467671,9
5	233411	129,828	105,763	43,3718	595538,1
6	203631	133,244	99,8394	38,2224	508472,6
7	244832	131,147	98,6443	46,9214	607017,6
8	173743	127,512	91,0009	47,055	546012,4
9	208531	128,249	102,418	46,982	617108,9
10	212805	129,237	95,0109	49,8558	612175,6
11	91761	83,5957	76,0401	43,6288	277331,9
12	156322	112,775	93,7204	51,9799	549392,1
13	162776	107,319	95,4749	43,7439	448211,8
14	197518	112,071	107,438	49,1812	592175,3
15	19702	74,1862	43,4471	22,9901	74101,12
16	180620	140,423	94,1948	41,3933	547514
μ	173530,6	121,4389	92,94817	41,88743	490120,3
σ	55052,73	19,63167	14,99039	7,781198	148668,5
cvar	31,73%	16,17%	16,13%	18,58%	30,33%

Image	G_6	G_7	G_8	G_9	G_{10}
1	0,345816	60,5061	-20,1202	0,141038	0,264013
2	0,339643	57,0426	-31,605	0,136903	0,312628
3	0,437641	22,8015	-10,4759	0,138308	0,256695
4	0,382661	17,6319	-9,09626	0,149478	0,24985
5	0,391933	-22,4556	-17,1358	0,142672	0,334071
6	0,400476	9,63935	-5,03649	0,144573	0,28686
7	0,403336	-7,47499	-10,6397	0,137465	0,357777
8	0,318203	67,9137	-40,2331	0,121651	0,369024
9	0,337916	59,2176	-29,2688	0,114837	0,366334
10	0,347621	19,0638	-15,2224	0,118203	0,38577
11	0,330871	68,8616	-46,564	0,098921	0,521902
12	0,284536	-3,967	-18,214	0,102952	0,460917
13	0,363168	54,1538	-37,6806	0,108099	0,407606
14	0,333547	-3,17963	-9,22438	0,122021	0,43884
15	0,26588	67,4903	-24,1804	0,195798	0,309897
16	0,329891	49,0342	-20,6674	0,11852	0,294776
μ	0,35	32,26	-21,58	0,13	0,35
σ	0,04	31,49	12,37	0,02	0,07
cvar	12,69%	97,62%	57,33%	17,86%	22,24%

TAB. 2.8 – *Attributs de localisation du rein gauche calculés sur 16 images*

Image	L_1	L_2	L_3
1	389	298	77
2	391	331	56
3	371	322	63
4	367	306	62
5	351	336	51
6	375	323	53
7	358	325	52
8	371	276	68
9	377	301	60
10	384	365	51
11	371	286	61
12	383	370	45
13	359	311	49
14	374	336	67
15	352	303	60
16	375	311	62
μ	371,75	318,75	58,5625
σ	12,09	25,5	8,2
cvar	3,25%	8%	14,1%

Caractéristiques du rein droit

Les tableaux 2.9, 2.10 et 2.11 résument les différents attributs calculés pour le rein droit sur la base de test de 16 images. Nous utiliserons les mêmes attributs que précédemment pour détecter la composante connexe du rein droit dans une image.

Caractéristiques du foie

Les tableaux 2.12, 2.13 et 2.14 résument les différents attributs calculés pour le foie sur la base de test de 16 images. Nous constatons que l'intensité varie dans les même proportions que les autres structures ($21,71\%$). Cependant l'amplitude (I_2) et l'écart-type des intensités (T_1) varie grandement (respectivement $70,14\%$ et $47,85\%$). Parmi les attributs géométriques, nous constatons que le rapport G_6 varie beaucoup, à hauteur de 80% : nous ne l'utiliserons donc pas. Le rapport d'élongation G_{10} varie également beaucoup, nous ne l'utiliserons donc pas non plus. Finalement, la localisation semble là encore relativement constante d'une image à l'autre. Une autre information, anatomique, que nous pouvons encore utiliser pour caractériser le foie par rapport à d'autres structures, est son volume : c'est en effet la structure la plus volumineuse de l'organisme. Nous nous appuierons sur cette hypothèse pour détecter la composante connexe du foie dans une image. Nous nous nous appuierons également sur son intensité. Nous n'utiliserons pas d'autres attributs, qui semblent varier dans de trop fortes proportions.

2.5 Conclusion

Dans cette partie nous avons abordé le domaine de l'imagerie médicale, afin de mieux comprendre les enjeux du traitement informatique des images qui en sont issues. Dans le chapitre

TAB. 2.9 – *Attributs photométriques du rein droit calculés sur 16 images*

Image	I_1	I_2	T_1
1	140,91	356	47,3756
2	118,979	389	47,6346
3	127,419	476	52,2037
4	157,209	350	47,4441
5	171,174	489	39,4083
6	189,096	442	37,5643
7	213,861	425	45,7056
8	170,035	366	44,8951
9	138,607	328	44,9692
10	210,011	510	63,827
11	119,155	331	49,0233
12	197,654	433	50,7109
13	160,23	370	45,8907
14	186,432	592	51,5489
15	61,6113	460	60,8413
16	145,851	476	42,1497
μ	156,76	424,56	48,19
σ	39,62	74,12	6,83
cvar	25,27%	17,45%	14,17%

précédent, nous avons passé en revue les différents protocoles existants pour explorer l'intérieur du corps humain.

Dans ce chapitre, nous avons étudié plus en détail les images TDM, sur lesquelles nous allons travailler. Nous avons tenté d'examiner les différents niveaux de variabilité entre ces images. Nous avons vu que le premier niveau de variation se situe à l'acquisition de l'image. La taille, la dimension des voxels, ainsi que le bruit varient d'une image à l'autre. De plus, l'estimation du temps porte étant imparfaite, certaines images seront plus contrastées que d'autres. Le deuxième niveau de variation se situe au niveau anatomique : l'intensité, la texture et la morphologie des structures peuvent varier fortement d'une image à l'autre. Dans le but d'étudier quantitativement ces différences inter-individus, nous avons utilisé une base de 16 segmentations manuelles effectuées par un expert pour le foie, la rate et les reins. Nous avons ainsi mené une étude statistique sur ces structures segmentées manuellement, afin de connaître plus précisément leur degré de variabilité, mais également pour observer d'éventuelles caractéristiques invariantes pour une structure. Cette étude a permis de montrer que les degrés de variations des caractéristiques sont élevées, mais que certaines caractéristiques varient dans une moindre mesure. Nous avons vu que l'intensité, la localisation du barycentre de la structure, et certains attributs caractérisant la forme de la structure affichent une certaine stabilité.

Nous utiliserons les résultats de cette étude pour ajouter de la connaissance extérieure à notre algorithme de segmentation, afin de détecter automatiquement une structure parmi plusieurs composantes connexes, dans les étapes de détection nécessaires dans les algorithmes de segmentation proposés dans la troisième partie.

TAB. 2.10 – *Attributs géométriques du rein droit calculés sur 16 images*

Image	G_1	G_2	G_3	G_4	G_5
1	164903	129,231	94,5459	36,1385	441549,6
2	195665	115,317	92,0262	48,1434	510906,7
3	29870	91,1003	58,6521	12,3437	65955,15
4	94373	121,945	91,9843	25,3149	283957,9
5	334489	142,034	132,015	44,1849	828494,2
6	174973	123,47	108,054	32,7903	437469,4
7	249279	134,621	110,477	40,6821	605045,5
8	134159	148,682	85,1361	36,5575	462752,4
9	265212	142,113	112,282	46,6921	745053,3
10	189795	137,293	99,3539	37,1157	506280,2
11	115765	104,053	84,8256	45,894	405076,9
12	148303	129,977	97,1547	41,4964	524011,4
13	153690	104,788	94,6806	38,4982	381955,7
14	202828	109,275	104,417	49,0842	560059
15	23621	61,0521	44,9559	30,0941	82597,83
16	175146	121,991	93,9728	45,203	518199,8
μ	165754,44	119,81	94,03	38,14	459960,31
σ	80028,99	22,28	20,37	9,62	199828,10
cvar	48,28%	18,60%	21,66%	25,22%	43,44%

Image	G_6	G_7	G_8	G_9	G_10
1	0,37	-23,26	14,96	0,13	0,28
2	0,38	-15,11	21,45	0,12	0,42
3	0,45	48,69	0,67	0,13	0,14
4	0,33	-14,53	7,52	0,14	0,21
5	0,40	57,58	-5,31	0,14	0,31
6	0,40	5,50	9,80	0,16	0,27
7	0,41	5,78	13,86	0,16	0,30
8	0,29	74,03	-30,00	0,17	0,25
9	0,36	-42,69	24,60	0,13	0,33
10	0,37	-75,79	47,57	0,13	0,27
11	0,29	-76,12	59,45	0,10	0,44
12	0,28	12,24	16,72	0,12	0,32
13	0,40	-36,40	29,79	0,12	0,37
14	0,36	22,50	6,90	0,13	0,45
15	0,29	-84,30	71,48	0,09	0,49
16	0,34	84,69	-72,81	0,11	0,37
μ	0,36	-3,57	13,54	0,13	0,33
σ	0,05	52,68	33,71	0,02	0,09
cvar	14,52%	1473,73%	248,99%	15,55%	29,15%

TAB. 2.11 – *Attributs de localisation du rein droit calculés sur 16 images*

Image	L_1	L_2	L_3
1	138	307	76
2	169	334	57
3	192	322	73
4	165	282	69
5	117	317	69
6	151	316	58
7	149	317	60
8	133	259	80
9	137	317	54
10	128	335	63
11	175	268	68
12	163	374	51
13	166	296	53
14	149	333	62
15	170	319	54
16	145	294	65
μ	152,9375	311,875	63,25
σ	19,77	28,03	8,69
cvar	12,92%	8,98%	13,75%

TAB. 2.12 – *Attributs photométriques du foie calculés sur 16 images*

Image	I_1	I_2	T_1
1	107,132	792	22,762
2	89,2297	1006	28,3743
3	102,366	1333	70,2661
4	108,156	662	24,9219
5	119,505	764	24,8828
6	117,616	656	17,9474
7	156,522	470	20,8023
8	124,191	903	26,2573
9	102,975	515	17,9023
10	65,6452	1478	34,1581
11	90,4305	2481	27,6907
12	113,972	1365	33,2056
13	68,5451	1500	24,7801
14	99,9295	714	33,1638
15	80,2381	3668	64,0616
16	96,573	741	27,3211
μ	102,68	1190,5	31,15
σ	22,30	835,04	14,91
cvar	21,71%	70,14%	47,85%

TAB. 2.13 – *Attributs géométriques du foie calculés sur 16 images*

Image	G_1	G_2	G_3	G_4	G_5
1	1970490	141,831	128,436	92,0878	1677490,36
2	1670560	164,547	141,095	60,6609	1408349,49
3	2300790	141,612	111,94	84,2115	1334924,67
4	1748240	205,674	65,0442	37,4439	500920,77
5	3068810	137,797	121,94	63,925	1074129,61
6	3533200	124,903	123,339	63,3666	976188,52
7	2765120	117,031	116,722	64,7501	884492,34
8	1564520	203,001	131,256	123,49	3290403,30
9	1768710	158,928	94,7954	30,858	464895,62
10	3273200	125,753	93,9169	28,6523	338393,17
11	1063790	230,567	182,347	51,201	2152653,92
12	2274870	115,205	87,9168	85,3055	864012,91
13	2251140	178,209	94,9168	40,1775	679603,53
14	2996050	102,924	93,3995	78,9017	758485,99
15	1013200	240,395	93,0605	36,9048	825607,57
16	1966290	149,014	107,139	95,0993	1518280,38
μ	2201811,25	158,58	111,70	64,81	1171802,01
σ	754382,607	42,029	27,218	26,956	744368,534
cvar	34,2%	26,5%	24,3%	41,5%	63,5%

Image	G_6	G_7	G_8	G_9	G_{10}
1	1,174	-81,0861	-64,5175	0,164	0,649
2	1,186	-20,0879	14,0887	0,161	0,368
3	1,723	-65,0719	8,74509	0,134	0,594
4	3,49	45,658	12,1882	0,142	0,182
5	2,85	-27,7102	30,0379	0,224	0,463
6	3,61	23,1008	22,5813	0,171	0,507
7	3,12	-7,22348	49,9203	0,244	0,553
8	0,47	-51,9043	7,33961	0,148	0,608
9	3,80	-6,06483	69,4533	0,168	0,194
10	9,67	-61,1392	63,3872	0,194	0,227
11	0,49	-33,285	4,72377	0,176	0,222
12	2,63	48,1324	-23,7842	0,185	0,740
13	3,31	41,3587	15,5958	0,163	0,225
14	3,95	-19,3478	40,4924	0,157	0,766
15	1,22	43,6975	-40,1569	0,164	0,153
16	1,29	-7,0188	58,289	0,190	0,638
μ	2,75	-11,12	16,77	0,17	0,443
σ	2,205	42,117	36,846	0,028	0,216
cvar	80,1%	378,2%	219,6%	16,4%	48,8%

TAB. 2.14 – *Attributs de localisation du foie calculés sur 16 images*

Image	L_1	L_2	L_3
1	137	251	36
2	147	221	31
3	167	244	40
4	157	211	34
5	158	200	32
6	199	204	32
7	175	218	30
8	141	186	36
9	141	217	27
10	188	229	34
11	212	168	32
12	140	275	35
13	154	192	34
14	156	221	38
15	174	210	30
16	172	185	35
μ	163,625	214,5	33,5
σ	22,05	26,93	3,26
cvar	13,48%	12,55%	9,74%

Deuxième partie

Segmentation

Chapitre 3

Segmentation d'images

3.1 Segmentation d'images : état de l'art

Ce chapitre présente une synthèse des différentes méthodes de segmentation d'images développées dans la littérature. Une étude exhaustive serait très difficile à réaliser au vu de l'abondance des travaux effectués dans ce domaine. Pour des références plus complètes on pourra se référer à des travaux bibliographiques tels que [3, 23, 48, 59, 143]. On pourra également consulter des ouvrages généraux en traitement d'images : [50] et [122].

La segmentation d'images consiste à partitionner une image en régions dont les points partagent certains attributs, comme une intensité similaire.

Parmi les méthodes développées, on distingue deux grandes familles d'approche [50, 157] : l'approche par régions qui recherche les propriétés communes qui définissent les régions et l'approche par contours qui recherche les discontinuités ou différences d'intensité.

3.1.1 Approche par contours

Les contours d'une image se distinguent par de fortes variations locales de l'intensité. Certaines méthodes de segmentation s'appuient sur ces discontinuités pour détecter les contours des structures. La quantification de ces discontinuités se fait en général en calculant la norme du gradient.

Gradient discret

Pour calculer une version discrète du gradient d'une image en un point, on peut citer les méthodes de Roberts, Prewitt et Sobel. Ces méthodes utilisent un masque de coefficients, qui est ensuite corrélé avec tous les points de l'image. On peut également citer le gradient morphologique introduit par Beucher [5], différence entre le dilaté et l'érodé d'une image.

Les détecteurs de contours

Parmi les détecteurs de contours on peut citer le détecteur d'arête de Canny [14], de Marr-Hildreth [50, 122, 157].

En général l'utilisation d'un opérateur de détection de contour se combine avec un seuillage ou un double seuillage [14] pour garder les contours les plus significatifs, ce qui amène tous les inconvénients du seuillage que l'on verra dans la section suivante. Ce seuillage étant en général

imparfait, on obtient des contours qui ne délimitent pas des régions fermées. On peut alors avoir recours à des algorithmes de fermeture de contours [122].

L'autre inconvénient de cette méthode est que, en général, les zones de fortes variations ne correspondent pas forcément aux contours d'objets. Un post-traitement est nécessaire alors pour analyser les différents contours obtenus.

Malgré ses inconvénients, cette méthode, dont la mise en oeuvre est relativement simple, peut être utilisée dans le cas d'images représentant des objets aux contours fortement marqués et dépourvus de texture.

Modèles déformables

Le principe de ces méthodes est de partir d'une courbe ou d'une surface et de plonger ce modèle dans l'image. Le modèle déformable peut ensuite se mouvoir sous l'action de forces internes et externes. Les forces internes sont des contraintes qui régularisent la forme du modèle et l'empêchent de se déformer de façon anarchique. Les forces externes tendent à faire coincider le modèle sur un contour d'objet à segmenter ou toute autre caractéristique de l'image.

Les modèles déformables ont été introduits par Terzopoulos et al. [164]. Kass et al. ont introduit les modèles déformables les plus populaires, les snakes [69]. Le modèle déformable offre une alternative robuste à la segmentation d'images en introduisant une information sur la forme de l'objet à segmenter, en étant peu sensible au bruit et aux contours irréguliers. De plus, comme les modèles déformables sont développés dans un espace continu, le contour obtenu a une précision supérieure à la résolution de l'image, ce qui est très désirable en imagerie médicale. Cependant, la validation médicale de telles segmentations s'appuyant sur une résolution plus fine que l'image de départ est problématique.

En pratique, il existe deux types de modèles déformables : les modèles déformables paramétriques (ou explicites) et les modèles déformables géométriques (ou implicites).

Le modèle déformable paramétrique est défini sous la forme d'une équation paramétrique $X(s) = (x(s), y(s)), s \in [0, 1]$. Il existe deux types de formulation pour la déformation du modèle. Dans la minimisation d'énergie, le modèle doit minimiser l'équation suivante :

$$\mathcal{E}(X) = \mathcal{S}(X) + \mathcal{P}(X)$$

où le premier terme définit l'énergie interne du modèle, et le second l'énergie potentielle externe.

Dans la formulation dynamique, le modèle doit satisfaire la deuxième loi de Newton dans laquelle on supprime le terme décrivant l'inertie du modèle :

$$\gamma \frac{\partial X}{\partial t} = F_{int}(X) + F_{ext}(X).$$

où F_{int} définit les forces internes et F_{ext} les forces externes.

Dans les deux formulations, la résolution des équations se fait par la définition d'un modèle initial qui se déforme au cours du temps et va converger vers une solution.

Le modèle déformable géometrique est défini de façon implicite : son évolution est indépendante de sa paramétrisation. Ces modèles sont fondés en général sur les ensembles de niveaux (connus en anglais sous le nom de level sets) introduits par Osher et Sethian [111]. Cette approche définit le modèle déformable comme une courbe de niveau d'une fonction de dimension supérieure. Une courbe de niveau est définie comme l'ensemble des points qui ont la même valeur. Une courbe déformable 2D est définie par exemple comme une courbe de niveau d'une surface. L'évolution de la courbe se fait par l'intermédiaire de la surface. L'avantage de cette approche

est qu'elle autorise de façon naturelle les changements de topologie, ce qui n'est pas le cas des modèles paramétrés où le changement de topologie est lourd à gérer.

Pour une revue plus complète sur les modèles déformables, on pourra se référer au chapitre 3 de [157] et à la thèse de Montagnat [100].

Concernant les modèles géométriques utilisant les ensembles de niveaux, on pourra se référer à [85].

3.1.2 Approche par régions

L'approche par régions consiste à regrouper des points selon des propriétés communes. De nombreuses méthodes existent :

Le seuillage

Le seuillage consiste à partitionner l'image en fonction de l'intensité des points la constituant.

Une multitude de méthodes ont été mises en oeuvre à partir de cette simple définition.

La méthode la plus simple à mettre en oeuvre est le seuillage global, avec un ou plusieurs seuils fixes. Chaque point de l'image est classé en fonction de son intensité, à partir du ou des seuils fixes imposés au départ.

Certaines images sont biaisées, représentant des objets dont l'intensité n'est pas homogène, ou des parties de l'image plus contrastées que d'autres. Il peut être intéressant dans ce cas de recourir à un seuillage non-uniforme : on partage l'image en différentes régions, sur lesquelles on effectuera un seuillage avec un seuil différent. De la même manière, on peut estimer la variation d'intensité entre deux zones en interpolant le seuil entre différentes régions.

Les seuils peuvent être fixes ou calculés en fonction de l'image. Dans ce cas la méthode la plus courante consiste à calculer les seuils à partir de l'histogramme de l'image. L'histogramme des intensités d'une image représente, pour chaque intensité, le nombre de points de l'image ayant cette intensité. L'utilisation de cette méthode part de l'hypothèse que chaque pic, ou mode, de l'histogramme correspond à un certain objet de l'image. La recherche du seuil optimal consiste à partager l'histogramme entre ses différents modes, c'est à dire à trouver les distributions d'intensité minimales entre deux modes.

Les méthodes de seuillage sur histogramme ont fait l'objet de nombreuses recherches. Pour un état de l'art exhaustif de ces méthodes on pourra se référer à [48, 112, 133, 186].

Encore une fois, la mise en oeuvre de cette méthode est relativement simple ; cependant, pour l'utiliser à des fins de segmentation, il est nécessaire que les objets à segmenter aient des intensités homogènes et différentes d'un objet à l'autre.

Dans les images où cette hypothèse n'est pas vérifiée, la segmentation par seuillage est impossible.

Méthodes par croissance de régions

Le principe de ces méthodes est de réunir de façon itérative un ensemble de points connectés en une région de plus en plus large, en fonction de critères d'homogénéité. Deux approches sont alors envisageables : la première consiste à partir d'une zone réduite de l'image, qui joue le rôle de graine, puis de l'étendre en fonction d'un critère d'homogénéité aux zones voisines. La seconde consiste à partitionner l'image en sous-régions, puis de fusionner itérativement les régions qui ont des propriétés voisines et scinder celles qui ne sont pas assez homogènes (méthode du "split and merge"). Dans [84], on utilise d'abord la ligne de partage des eaux pour partitionner l'image, puis on fusionne les régions voisines ayant des critères communs.

Segmentation morphologique : la ligne de partage des eaux

La segmentation par la morphologie mathématique s'appuie sur la ligne de partage des eaux [93, 180]. Le principe de cette méthode est de partager l'image en différentes zones homogènes appelées "bassins versants". Cette méthode fera l'objet d'une description approfondie dans le chapitre suivant.

Segmentation de texture

Le principe de cette approche est de segmenter un objet selon sa texture. Elle utilise en général des méthodes statistiques visant à estimer les paramètres de la texture à segmenter. L'image est alors considérée comme un champ aléatoire de Markov ou une distribution de Gibbs [125, 143]. Cette approche n'est bien sûr efficace que si les objets de l'image ont des textures différentes.

3.2 Application à l'imagerie médicale

La segmentation appliquée aux images médicales permet de détecter, d'isoler et de délimiter avec précision des structures anatomiques. Deux utilisations différentes en découlent : la détection d'anomalies (de lésions par exemple) et la reconstruction de structures dans un but de visualisation et de quantification.

La détection d'anomalies est le but premier de l'imagerie médicale : la détection automatique permet, en routine clinique, d'analyser et de traiter automatiquement et systématiquement un grand nombre de données. Idéalement, la détection automatique devrait être infaillible, et éliminer l'erreur humaine. La reconstruction et la visualisation tridimensionnelles d'organes à partir de coupes 2D apportent une aide visuelle aux médecins. Cette représentation aide également le chirurgien à planifier son opération [44]. La représentation de structures peut aussi avoir un but pédagogique.

De nombreux travaux ont été effectués sur la segmentation d'organes, qui se distinguent par les différentes méthodes employées, et leur capacité à agir de façon totalement automatique ou semi-automatique. Dans [187] est faite la remarque qu'il y a de nombreux avantages à utiliser une méthode automatique de segmentation. En effet, le résultat d'une segmentation automatique est reproductible, alors qu'une segmentation manuelle est beaucoup plus variable et soumise à la subjectivité de l'opérateur. Une segmentation automatique a également l'énorme avantage d'être beaucoup plus rapide, et de pouvoir être utilisée en routine sur un grand nombre d'images.

On peut noter également que les méthodes de segmentation dépendent en grande partie de l'imagerie utilisée et des caractéristiques propres aux structures que l'on souhaite segmenter. Sur les images TDM de la région abdominale, on peut distinguer de nombreuses structures anatomiques que sont les côtes, les vertèbres, les muscles intercostaux, le diaphragme, les intestins, les reins, les tissus adipeux, les réseaux vasculaires abdominaux, le foie, la vésicule biliaire et tous les tissus avoisinants.

Parmi les différents organes qui ont été abordés dans le but de les segmenter, les plus traités sont le cerveau [11, 70, 80, 165, 187, 197], les poumons [15, 16, 39, 124, 132, 159, 158], les bronches [102, 121]. Kobashi [74] présente une méthode à base de connaissances pour segmenter différents organes de l'abdomen.

Il est difficile de classer les méthodes de segmentation suivant les techniques employées, car en général elles utilisent une combinaison des techniques vues précedemment. La segmentation est réalisée en plusieurs étapes qui permettent soit d'affiner le résultat de l'étape précédente,

soit de réduire le problème en segmentant une structure de l'image et en la soustrayant ou en l'utilisant comme masque dans l'image originale.

3.3 Approche choisie

Pour ce travail, nous avons choisi d'utiliser essentiellement la morphologie mathématique et son formalisme. Le chapitre suivant tente d'effectuer un bref état de l'art des outils développés jusqu'à présent dans ce domaine. Nous allons étudier dans la suite comment les outils de morphologie mathématique peuvent être adaptés à notre problème, et les limitations éventuelles qui se posent.

Chapitre 4

Morphologie mathématique

La morphologie mathématique est une théorie d'analyse des structures spatiales dont les premiers concepts ont été introduits en 1964 par G. Matheron et J. Serra. Elle a été mise au point pour étudier la structure et la forme d'objets dans une image. Au départ, les outils proposés ont été développés pour les images binaires, considérées comme des ensembles. L'extension s'est ensuite faite aux images en niveaux de gris, en considérant celles-ci comme des fonctions. Le principe premier de la morphologie mathématique est d'acquérir des informations de nature géométrique sur le contenu d'une image, par l'intermédiaire d'une "sonde" ou élément structurant dont la géométrie est connue et qui parcourt l'image.

Dans ce chapitre, nous étudierons les opérations basiques de la morphologie mathématique : érosion, dilatation, ouverture, fermeture et les opérations géodésiques. Nous étudierons également la transformée en tout-ou-rien, opérateur permettant de détecter une forme spécifique dans l'image. Nous verrons comment les filtres connexes simplifient l'image sans altérer ses contours par le biais de la reconstruction géodésique. Enfin, nous étudierons l'outil classique de segmentation existant en morphologie mathématique : la ligne de partage des eaux

4.1 Structure de base en morphologie mathématique

La morphologie mathématique s'appuie sur une structure de base : le treillis complet, qui est un ensemble non vide d'éléments partiellement ordonnés pour lequel chaque sous-ensemble possède un infimum et un supremum. En imagerie, deux treillis sont utilisés en général : le treillis des ensembles (ordre=$\subseteq$, infimum=$\cap$, supremum=$\cup$), qui est la structure classique pour les opérations sur les images binaires, et le treillis des fonctions numériques (ordre=$\leq$, infimum=$\vee$, supremum=$\wedge$) qui est la structure utilisée pour les images en niveaux de gris.

Une image binaire peut être en effet définie comme la fonction : $f(u) : E \rightarrow \{0, 1\}$, c'est à dire comme une image à deux niveaux de gris, ou bien comme l'ensemble F=$\{u \in E \mid f(u) = 1\}$, où u est un n-uplet représentant les coordonnées d'un point dans l'espace E à n dimensions.

Comme nous travaillons dans un espace discret, il faut, en fonction de la dimension de cet espace, choisir un voisinage décrivant l'adjacence entre deux points. Dans le cas d'espaces bidimensionnels, le choix se porte sur le 4-voisinage ou le 8-voisinage. Dans le cas d'espaces tridimensionnels, on choisit en général le 6-, 18-, ou 26-voisinage.

4.2 Opérateurs basiques

Cette section est un rapide aperçu des opérateurs de base de la morphologie mathématique ; pour un contenu plus complet on pourra se référer à [51, 52, 154, 50].

4.2.1 Morphologie binaire

Dans le cadre de la morphologie binaire, on considère les images comme des parties d'un espace $E = \mathbb{R}^d$ ou $\mathbb{Z}^d$, dont l'origine est notée o. Etant donné un point $p \in E$, la *translation* par p transforme un point q en $q + p$ et une partie X de E en sa *translatée par* p, notée X_p, définie par :

$$X_p = \{x + p \mid x \in X\}.$$

Définition 1 (Opérations de Minkowski) *L'addition et la soustraction de Minkowski sont les deux opérations binaires $\oplus$, $\ominus$ définies, pour X,$B \subseteq E$, par :*

$$\begin{aligned} X \oplus B &= \bigcup_{b \in B} X_b \\ &= \bigcup_{x \in X} B_x \\ &= \{x + b \mid x \in X, b \in B\} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} X \ominus B &= \bigcap_{b \in B} X_{-b} \\ &= \{p \in E \mid B_p \subseteq X\} \end{aligned}$$

Définition 2 (Dilatation) *On appelle* dilatation *par B l'opérateur :*

$$\delta_B : X \mapsto X \oplus B$$

Définition 3 (Erosion) *On appelle* érosion *par B l'opérateur :*

$$\varepsilon_B : X \mapsto X \ominus B$$

4.2.2 Morphologie à niveaux de gris

Nous nous plaçons à présent dans le cadre de la morphologie à niveaux de gris, où les images ainsi que les éléments structurants sont considérés comme des fonctions $f : E \to T$, où E est l'espace des points ($\mathbb{R}^n$ ou $\mathbb{Z}^n$), et T est l'échelle des niveaux de gris ($\overline{\mathbb{R}}$,$\overline{\mathbb{Z}}$ ou $[a, b]$). L'ensemble des fonctions $E \to T$ est écrit T^E. Cet ensemble est ordonné par la relation $\leq$, où $f_1 \leq f_2$ signifie que pour tout $p \in E$ on a $f_1(p) \leq f_2(p)$.

Définition 4 (Dilatation) *La dilatation d'une image f par une fonction structurante $b : B \to T, B \subseteq E$ est définie par :*

$$(f \oplus b)(p) = \bigvee_{q \in B} f(p - q) + b(q)$$

Définition 5 (Erosion) *L'érosion d'une image f par une fonction structurante $b : B \to T, B \subseteq E$ est définie par :*

$$(f \ominus b)(p) = \bigwedge_{q \in B} f(p+q) - b(q)$$

Dans le cas particulier où :

$$b(x) = \begin{cases} 0 & \text{pour } x \in B \\ -\infty & \text{sinon} \end{cases}$$

on dit que la fonction structurante est *plate*. On peut définir ainsi la dilatation et l'érosion plates :

Définition 6 (Dilatation plate) *La dilatation d'une image f par un élément structurant $B \subseteq E$ est définie par :*

$$(f \oplus B)(p) = \bigvee_{q \in B} f(p-q)$$

Définition 7 (Erosion plate) *L'érosion d'une image f par un élément structurant $B \subseteq E$ est définie par :*

$$(f \ominus B)(p) = \bigwedge_{q \in B} f(p+q)$$

Dans le cas d'images discrètes, les opérateurs non plats peuvent créer de nouveaux niveaux de gris dans l'image, contrairement aux opérateurs plats. Dans la suite, on utilisera uniquement les opérateurs plats.

La dilatation agrandit les zones claires de l'image, tandis que l'érosion a l'effet inverse.

Ces deux opérateurs sont duaux : $f \oplus B = (f^c \ominus \check{B})^c$, avec :

- $\check{B}$ le symétrique de l'élément structurant : $\check{B}(p) = B(-p)$
- f^c le négatif de l'image :$f^c(x) = c - f(x)$ avec $c = a + b$ pour $T = [a, b]$, et $c = 0$ pour $T = \mathbb{R}$ ou $T = \mathbb{Z}$

A partir de ces deux opérateurs, on définit l'ouverture (composition d'une érosion suivie d'une dilatation par le même élément structurant) et la fermeture (composition d'une dilatation suivie d'une érosion par le même élément structurant) :

Définition 8 (Ouverture) *L'ouverture d'une image f par un élément structurant $B \subseteq E$ est définie par :*

$$f \circ B = (f \ominus B) \oplus B$$

L'ouverture supprime les parties claires de l'image qui ne peuvent contenir totalement l'élément structurant.

Définition 9 (Fermeture) *La fermeture d'une image f par un élément structurant $B \subseteq E$ est définie par :*

$$f \bullet B = (f \oplus B) \ominus B$$

Dualement, la fermeture supprime les parties sombres de l'image qui ne peuvent contenir totalement l'élément structurant symétrique $\check{B}$. L'ouvertue et la fermeture sont des opérateurs idempotents (voir Définition 10).

4.3 Transformée en tout-ou-rien

4.3.1 Images binaires

La transformée en tout-ou-rien binaire est un opérateur de la morphologie mathématique [50, 52, 154] qui permet de détecter, dans une image, des points ayant une configuration locale particulière. C'est un opérateur employé pour rechercher des motifs (*template matching* en anglais) : on teste en chaque point si la configuration voulue est détectée. L'opérateur utilise un élément structurant composite formé de deux ensembles ayant la même origine : l'ensemble A des points devant appartenir à l'objet, et l'ensemble B des points devant appartenir au fond.

L'opération s'effectue en testant, pour tous les points de l'image, si l'ensemble A est inclus dans l'objet et l'ensemble B inclus dans le fond. Si ces deux conditions sont vérifiées, le point défini par l'origine de l'élément structurant est un point de la transformée en tout-ou-rien.

La tranformée en tout-ou-rien d'un ensemble X par un élément structurant composite $C = (A, B)$ est l'ensemble des points x tels que, quand l'origine de C coïncide avec x, A est inclus dans X et B est inclus dans X^c :

$$\begin{aligned} X \otimes (A, B) &= \{x \mid A_x \subseteq X, B_x \subseteq X^c\} \\ &= (X \ominus A) \cap (X^c \ominus B) \\ &= (X \ominus A) \setminus (X \oplus \check{B}) \end{aligned}$$

Les ensembles A et B ont la même origine et doivent être disjoints, sinon le résultat de la transformée est l'ensemble vide, quel que soit X.

Dans certaines applications, il peut être intéressant de garder tous les points de A qui sont inclus dans l'objet, et pas seulement l'origine. Cette opération est appelée ouverture en tout-ou-rien, et est définie comme une dilatation par A de la transformée en tout-ou-rien :

$$\tilde{\gamma}_C(X) = [(X \ominus A) \cap (X^c \ominus B)] \oplus A$$

où $C = (A, B)$. Cet opérateur est idempotent (voir Définition 10).

La figure 4.1 illustre l'effet de cet opérateur. Dans cet exemple, on recherche des rectangles d'une certaine taille, entièrement entourés par des points du fond sauf en diagonale.

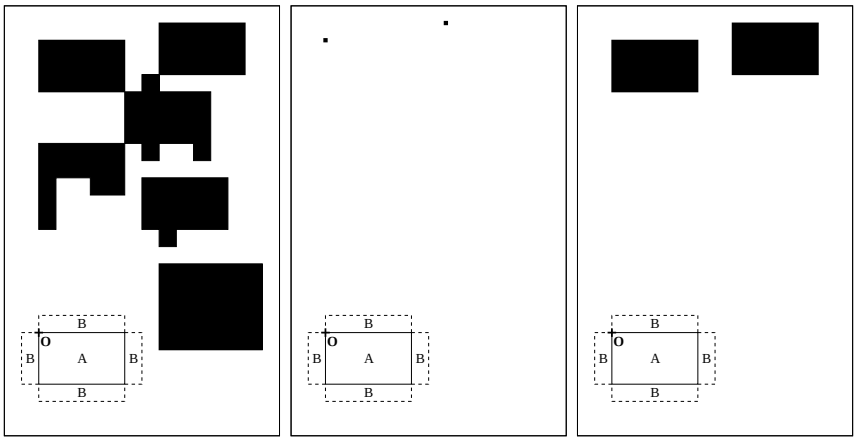
Cette figure illustre la grande sensibilité de l'opérateur. Seuls les rectangles s'adaptant parfaitement à l'élément structurant sont détectés. Les rectangles plus grands (comme le rectangle en bas à droite dans l'image d'entrée) ne sont pas détectés. Pour les détecter, il aurait fallu utiliser un élément structurant A plus grand, ou imposer une condition sur le fond moins stricte, c'est à dire un élément structurant B qui ne soit pas directement collé à A (voir figure 4.2).

De même, une très faible variation de la forme d'un objet par rapport à l'élément structurant empêche sa détection.

Pour utiliser cet opérateur avec succès il faut donc connaître avec exactitude les formes cherchées dans l'image ; or en pratique c'est rarement le cas. Pour résoudre cette difficulté, on peut simplifer l'image, l'élément structurant ou les deux [9].

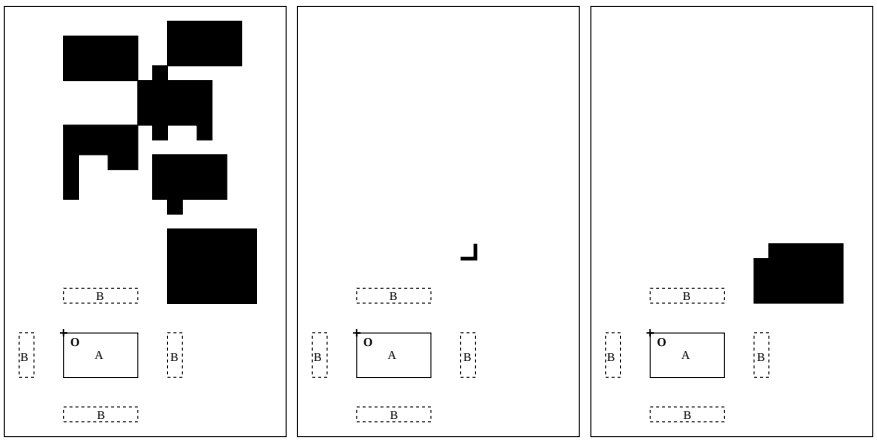
4.3.2 Images en niveaux de gris

Extension des opérateurs binaires aux images en niveaux de gris En morphologie mathématique, beaucoup d'opérateurs définis sur des images binaires sont étendus aux images



(a) (b) (c)

FIG. 4.1 – *Transformée en tout-ou-rien : a) Image d'entrée, b) Transformée en tout-ou-rien, c) Ouverture en tout-ou-rien.*



(a) (b) (c)

FIG. 4.2 – *Transformée en tout-ou-rien avec un élément structurant B différent : a) Image d'entrée, b) Transformée en tout-ou-rien, c) Ouverture en tout-ou-rien.*

en niveaux de gris en considérant ces dernières comme des empilements d'images binaires décroissantes. Le principe est d'appliquer l'opérateur sur toutes les tranches de l'image en niveaux de gris, puis de réempiler les images obtenues. Ce principe cependant n'est valable que pour les opérateurs croissants : en effet, dans le cas contraire l'empilement résultant contiendrait des images binaires ne décroissant pas avec les niveaux de gris.

De façon plus formelle définissons, pour $f \in T^E$ et $t \in T$ la section $X_t(f)$ par l'ensemble :

$$X_t(f) = \{p \in E \mid f(p) \geq t\}$$

Toute image $f \in T^E$ est caractérisée par l'ensemble de ses sections $X_t(f)$ pour $t \in T$. Pour tout $p \in E$ on a :

$$f(p) = \sup\{t \in T \mid p \in X_t(f)\}$$

Pour toute image $f \in T^E$ et pour $t < t'$, on a : $X_{t'}(f) \subseteq X_t(f)$.

Soit $\psi : \mathcal{P}(E) \to \mathcal{P}(E)$ une transformation croissante d'ensembles. On en dérive $\Psi : \mathcal{T}^E \to \mathcal{T}^E$, une transformation croissante d'images à niveaux de gris, définie, pour $F \in \mathcal{T}^E$ et $p \in E$, par :

$$\Psi(f)(p) = \sup\{t \in \mathcal{T} \mid p \in \psi(X_t(f))\}$$

L'image est découpée selon ses "tranches" $X_t(f)$ et sur chacune de ces tranches on applique l'opérateur ensembliste ψ, puis on "réempile" les tranches $\psi(X_t(f))$ (voir Fig 4.3).

Supposons que $\mathcal{T} = [a \dots b]$, pour $a, b \in \mathbb{Z}$ $(a < b)$.

Soit $\xi_t(f)$ la fonction caractéristique de $X_t(f)$, pour $x \in E$:

$$\begin{cases} \xi_t(f)(x) = 1 & si\ x \in X_t(f) \\ \xi_t(f)(x) = 0 & si\ x \notin X_t(f) \end{cases}$$

Alors l'image f est définie pour tout $x \in E$ par :

$$f(x) = a + \sum_{i=a+1}^{b} \xi_i(f)(x)$$

Dans le cas d'un opérateur non croissant, on pourrait obtenir deux images telles que : $\psi(X_{t'}(f)) \nsubseteq \psi(X_t(f))$ avec $t < t'$. L'image en niveau de gris résultante ne serait pas bien formée. Autrement dit, les $\xi_i(f)(x)$ ne décroissent pas quand i croît de a à b.

L'opérateur de la transformée en tout-ou-rien n'est pas croissant : l'utilisation de la définition binaire sur les coupes successives de l'image produit une image qui est "mal-formée" (voir Fig 4.4).

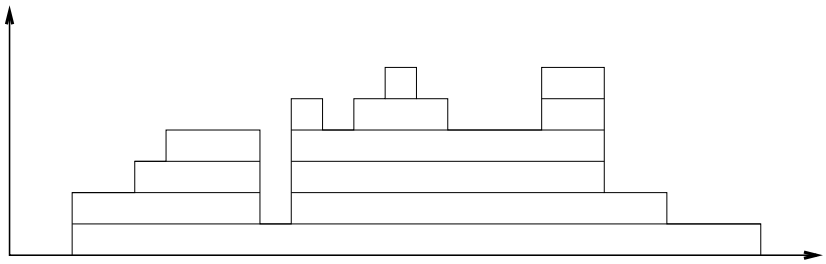
A notre connaissance, il existe peu de travaux décrivant la généralisation de la transformée en tout-ou-rien binaire aux images en niveaux de gris. Une définition est proposée par Ronse dans [128]. Une autre est proposée par Soille dans [152, 154].

Définition de Ronse Dans [128], Ronse propose une autre définition de la transformée en tout-ou-rien binaire :

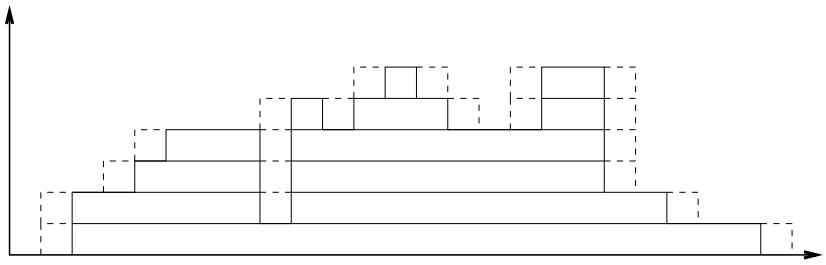
$$X \circledcirc (A, B) = \{p \in E \mid A_p \subseteq X \subseteq B_p\}$$

où A et B sont deux éléments structurants $(A \subseteq B)$. On a l'équivalence : $X \circledcirc (A, B) = X \otimes (A, B^c)$.

La transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris est alors définie par :



(a)



(b)

FIG. 4.3 – *Exemple d'opérateur croissant : la dilatation. a) Seuils successifs de l'image originale, b) On applique la dilatation ensembliste sur toutes les "tranches" de l'image (en ligne pointillée)*

$$F \oslash (A, B) = \bigvee \{ i_{(p,t)} \mid A_{(p,t)} \leq F \leq B_{(p,t)} \}$$

où $i_{(p,t)}$ est la fonction impulsion :

$$i_{(p,t)}(x) = \begin{cases} t & \text{pour } x = p \\ -\infty & \text{pour } x \neq p \end{cases}$$

Dans [128] il est montré que :

$$[F \oslash (A, B)](p) = \begin{cases} (F \ominus A)(p) & \text{si } (F \ominus A)(p) \geq (F \oplus B^*)(p) \\ -\infty & \text{sinon} \end{cases}$$

où B^* est défini par : $B^*(p) = -B(-p)$

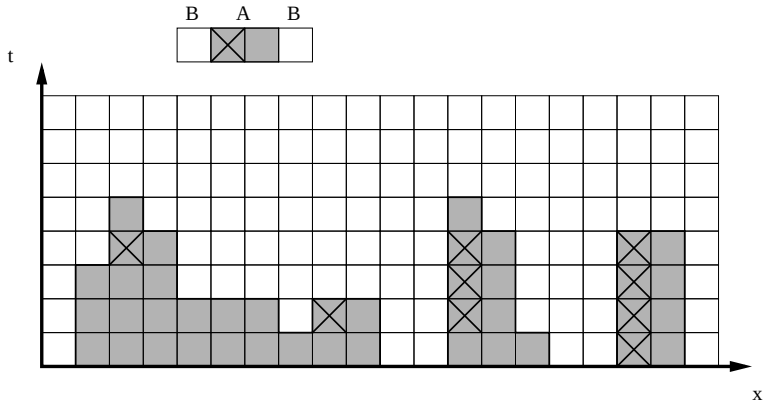
En pratique, on prend deux éléments structurants ensemblistes A_e et B_e de niveaux de gris a et b, avec $a \geq b$ (voir Fig 4.5) :

$$A(p) = \begin{cases} a & p \in A_e \\ -\infty & p \notin A_e \end{cases}$$

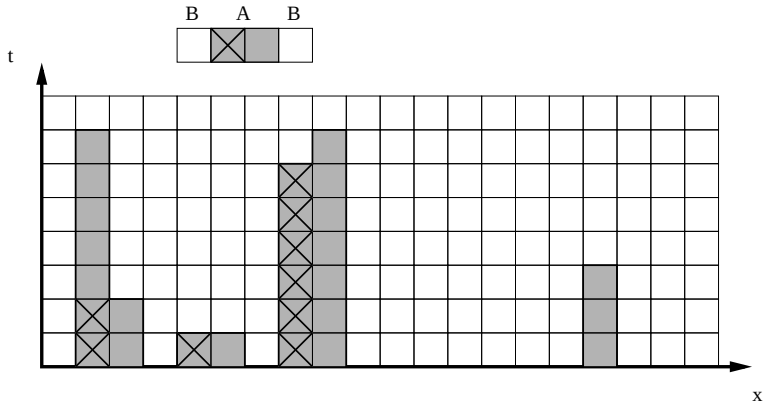
$$B(p) = \begin{cases} b & p \in B_e \\ +\infty & p \notin B_e \end{cases}$$

On a :

$$F \ominus A = (F \ominus A_e) - a$$



(a)



(b)

FIG. 4.4 – *Les croix représentent, pour chaque coupe successive de l'image, l'ensemble des points où l'élément structurant A est à l'intérieur de l'ensemble, et B est à l'extérieur. a) Cas général : les croix ne forment pas une image valide en niveaux de gris, b) Cas particulier : les croix forment le sous-graphe d'une image à niveaux de gris.*

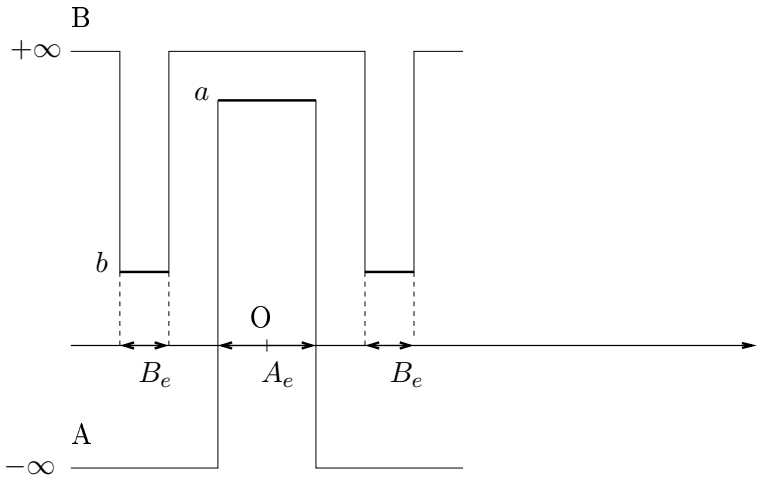


FIG. 4.5 – *Deux éléments structurants A et B de niveaux de gris a et b.*

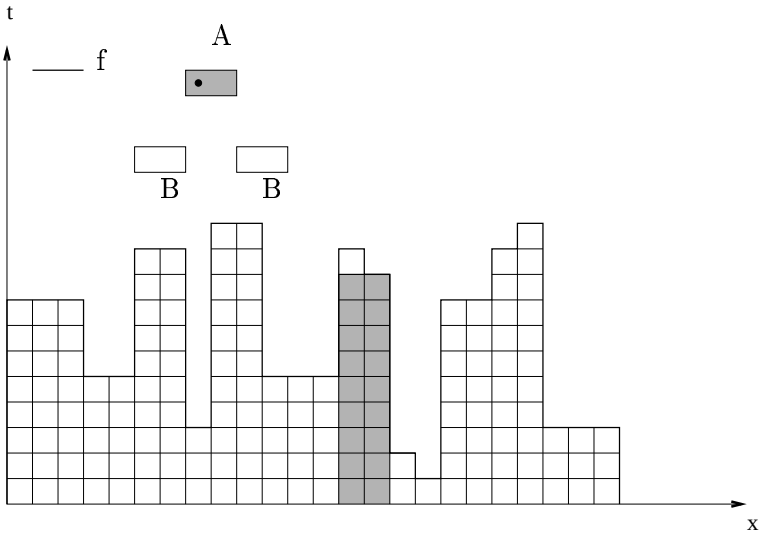


FIG. 4.6 – *Transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris (définition de Ronse) de la fonction f par deux éléments structurants A et B de hauteurs différentes (résultat en grisé).*

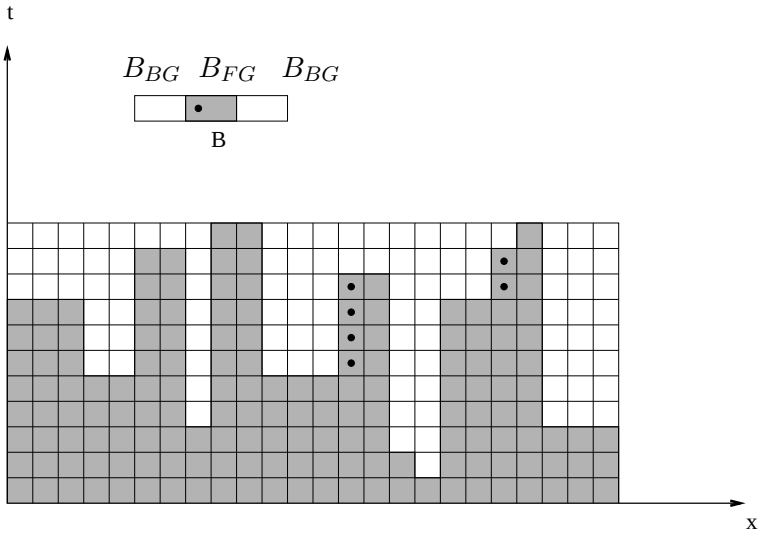


FIG. 4.7 – *Transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris : définition de Soille (version non contrainte). L'opérateur en un point est égal au nombre de cercles présents dans les différentes coupes de ce point.*

$$F \oplus B^* = (F \oplus \check{B}_e) - b$$

D'où :

$$F \oslash (A, B)](p) = \begin{cases} (F \ominus A_e)(p) - a & \text{si } (F \ominus A_e)(p) \geq (F \oplus \check{B}_e)(p) + a - b \\ -\infty & \text{sinon} \end{cases}$$

En utilisant cette définition, la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris revient à comparer en chaque point l'intensité minimale a_{min} des points contenus dans A_e avec l'intensité maximale b_{max} des points contenus dans B_e. Si $a_{min} \geq (b_{max} + a - b)$, alors le point appartient à la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris. Le résultat est illustré sur la figure 4.6.

Définition de Soille Soille [152, 154] donne deux définitions de la transformée en tout-ou-rien : la transformée en tout-ou-rien contrainte et la transformée en tout-ou-rien non contrainte. La transformée en tout-ou-rien non contrainte (voir Fig 4.7) est définie par :

$$[UHMT_B(f)](x) = \text{card}\{t \mid (B_{FG})_x \subseteq X_t(f), (B_{BG})_x \subseteq X_t(f)^c\}$$

où $X_t(f)$ est la coupe au seuil t de l'image, et $B = (B_{FG}, B_{BG})$ est un ensemble de deux éléments structurants ensemblistes.

Cette définition revient à garder la différence arithmétique entre l'érosion de l'image par l'élément structurant B_{FG} et la dilatation par l'élément structurant $\check{B}_{BG}$ aux points où cette différence est positive :

$$[UHMT_B(f)](x) = \begin{cases} (f \ominus A)(x) - (f \oplus \check{B})(x) & \text{si}(f \ominus A)(x) > (f \oplus \check{B})(x) \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

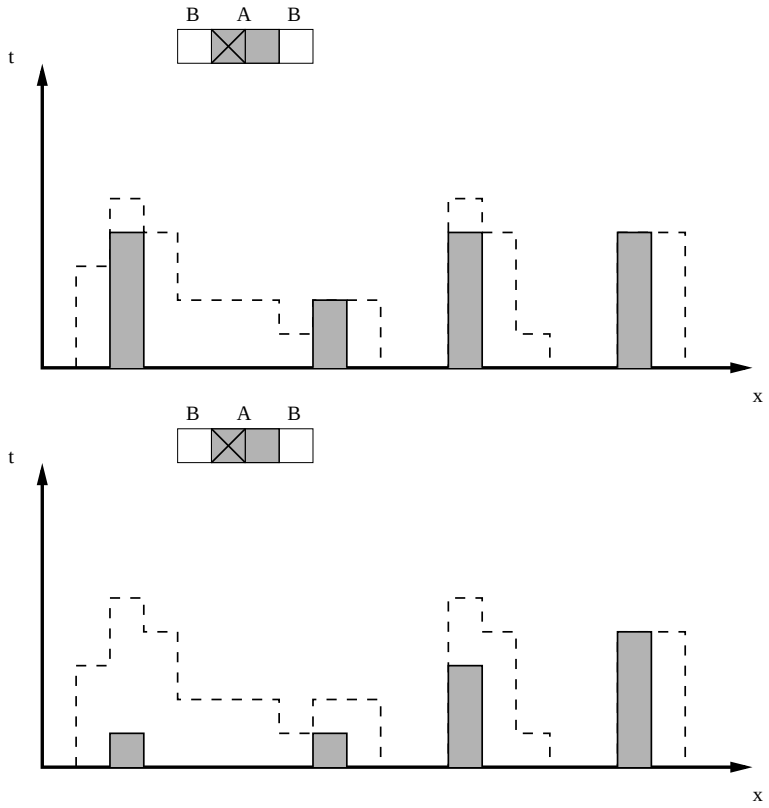


FIG. 4.8 – *Comparaison entre la définition de Ronse (en haut) et celle de Soille (en bas), pour deux élément structurants A et B plats. En pointillé : fonction de départ. En grisé : fonction résultante.*

La définition de la transformée en tout-ou-rien "contrainte" est définie par :

$$[CHMT_B(f)](x) = \begin{cases} f(x) - (f \oplus \check{B}_{BG})(x) & \text{si } f(x) = (f \ominus B_{FG})(x) \\ & \text{et } (f \oplus B_{FG})(x) < f(x) \\ (f \ominus B_{FG})(x) - f(x) & \text{si } f(x) = (f \oplus B_{FG})(x) \\ & \text{et } (f \ominus B_{BG})(x) > f(x) \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

Cette définition permet de ne détecter que les points de la transformée en tout-ou-rien appartenant au graphe de la fonction.

Les deux différences principales entre l'opérateur de Ronse et celui de Soille sont les suivantes :

- l'opérateur de Ronse utilise des éléments structurants à niveaux de gris (fonctions structurantes) : il est donc plus général que l'opérateur de Soille. Cependant, la définition de Soille peut facilement être étendue.
- l'opérateur de Ronse assigne la valeur de l'érosion pour les points appartenant à la transformée en tout-ou-rien. L'opérateur de Soille assigne à chaque point la différence entre l'image érodée et l'image dilatée (voir Fig 4.8).

En pratique, les deux informations de sortie sont intéressantes. Le fait de garder les intensités de l'image érodée pour les points appartenant à la transformée permet, dans le cas de l'opérateur de Ronse, de garder le formalisme développé dans la théorie binaire, et d'obtenir par exemple l'ouverture en tout-ou-rien en niveaux de gris en redilatant par l'élément structurant A_e. De

plus, un post-traitement tel que le seuillage peut être effectué : l'ordre des points est inchangé. L'opérateur défini par Soille ne garde pas l'information d'intensité originale : il assigne en chaque point l'intensité de la réponse de ce point à l'opérateur. On peut en effet considérer que plus la différence entre l'érodé et le dilaté est grande, plus la réponse de ce point à l'opérateur est importante. Il est possible dans ce cas d'effectuer un post-traitement par rapport aux réponses obtenues, et ne garder que les points qui répondent le plus à l'opérateur.

4.4 Filtres morphologiques

La simplification d'image, ou filtrage, est une étape très importante en traitement d'images. Elle consiste à éliminer les détails inutiles de l'image. Le choix de ces détails dépend de l'application dans laquelle on se place : dans certains cas, des informations de texture sont inutiles, et peuvent donc être aisément éliminées, tandis que dans d'autres cas la texture peut être primordiale. En général, les contours d'une image doivent être préservés : c'est ce qui permet de distinguer les objets. La plupart des filtres partent de ce postulat. Dans la suite, nous faisons un bref récapitulatif des principaux filtres morphologiques. On pourra trouver une étude plus complète dans [154, 51].

Les filtres morphologiques ne sont pas linéaires par nature. Le principe du filtrage morphologique est de supprimer uniquement certaines structures, et de laisser les autres inchangées. Une propriété forte d'un filtre morphologique est l'idempotence : une fois que l'image a été filtrée par un filtre ψ, une nouvelle application de ce filtre laisse l'image inchangée, car toutes les structures restantes sont insensibles à ce filtre.

Définition 10 (Idempotence) *Un opérateur ψ est dit idempotent si et seulement si :* $\forall f : E \to T, \psi(\psi(f)) = \psi(f)$

Les filtres morphologiques ont une seconde propriété : ils sont croissants. Ces deux propriétés sont des conditions nécessaires et suffisantes pour qu'un opérateur soit un filtre morphologique :

$$\psi \text{ est un filtre morphologique} \Leftrightarrow \psi \text{ est croissant et idempotent}$$

L'ouverture et la fermeture sont des filtres morphologiques très utilisés. Ils sont bien adaptés pour éliminer des structures dont la forme et le contraste sont connus. Pour éliminer du bruit caractérisé par des petites zones sombres dans l'image, on effectuera une fermeture par un élément structurant légèrement plus grand que les zones à éliminer. En général, on prend comme forme d'élément structurant une boule de rayon donnée. Il arrive cependant qu'on souhaite supprimer des structures de forme particulière : le choix d'un élément structurant se fait alors en fonction de la forme à supprimer.

4.4.1 Filtres alternés séquentiels

Pour filtrer des éléments ayant des tailles diverses, on peut utiliser les filtres alternés séquentiels. Ce sont des filtres morphologiques construits en effectuant itérativement des ouvertures et fermetures de tailles croissantes :

$$ASF1_n(f) = \gamma_n \phi_n \ldots \gamma_2 \phi_2 \gamma_1 \phi_1$$

où γ_i est l'ouverture de taille i et ϕ_i la fermeture de taille i. On peut également échanger l'ordre des ouvertures et fermetures :

$$ASF2_n(f) = \phi_n\gamma_n \dots \phi_2\gamma_2\phi_1\gamma_1$$

.

4.4.2 Opérateurs connexes

Les opérateurs connexes sont des filtres morphologiques qui ont la propriété de simplifier une image sans déformer ses contours. Le premier opérateur connexe cité dans la littérature est l'ouverture par reconstruction qui est apparu de façon experimentale dans [73]. A l'origine, cette opération était définie sur des images binaires. L'idée de l'ouverture par reconstruction est d'effectuer une érosion, puis de reconstruire les objets qui n'ont pas été totalement éliminés par cette érosion. Le processus de reconstruction s'effectue de la façon suivante : on dilate les objets restants et on garde l'intersection entre l'image originale et l'image dilatée. On répète cette opération jusqu'à stabilité. Dans l'image résultante, tous les objets présents dans l'image originale sont soit conservés, soit éliminés (voir Fig 4.9).

Les propriétés des opérateurs connexes sont étudiées de façon détaillée dans [149, 140].

Les opérateurs connexes sont construits sur la notion de composante connexe. Dans le cas d'ensembles, on utilise généralement la définition suivante :

Définition 11 (Composante connexe) *Une composante connexe d'un ensemble E est un sous-ensemble C maximal de E dont tous les points peuvent être joints par un chemin inclus dans C.*

Définition 12 (Opérateur connexe pour les ensembles) *Un opérateur ψ est appelé connexe quand pour tout ensemble A, l'ensemble $\psi(A)\Delta A$ est uniquement formé des composantes connexes de A ou de A^c, où $\psi(A)\Delta A = (\psi(A) \setminus A) \cup (A \setminus \psi(A))$ correspond à la différence symétrique.*

Concrètement, cela veut dire que l'opérateur n'agit qu'en préservant ou supprimant des composantes connexes de la figure et du complément : aucune composante connexe ne peut être scindée ou déplacée. Les contours sont soit supprimés, soit conservés, mais jamais déformés ni créés.

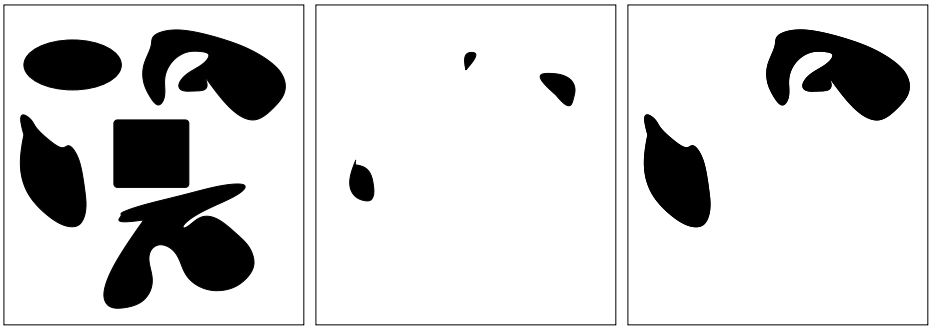
Pour étendre la notion de connexité dans le cas de fonctions, on utilise la notion de zone plate :

Définition 13 (Zone plate) *L'ensemble des zones plates d'une image en niveaux de gris f est l'ensemble des plus grandes parties connexes de l'espace où f est constant.*

Les zones plates sont donc l'équivalent pour une image à niveaux de gris des composantes connexes d'une image binaire.

Définition 14 (Opérateurs connexes pour les fonctions) *Un opérateur ψ agissant sur des images en niveaux de gris est appelé connexe si, pour toute fonction f, les zones plates de f sont incluses dans les zones plates de $\psi(f)$.*

Les opérateurs connexes agissent sur les images en niveaux de gris en n'effectuant que des fusions de zones plates. Il n'y a donc pas de création de nouveaux contours : les contours existants sont soit laissés intacts, soit éliminés. La topologie de l'image par contre peut être modifiée, c'est à dire qu'un maximum régional peut devenir un minimum régional : l'ordre entre les niveaux de gris des zones plates peut être altéré.



(a) (b) (c)

FIG. 4.9 – *Reconstruction géodésique sur une image binaire : a) Image masque, b) Image marqueur, c) Reconstruction géodésique par dilatation de b) dans a) : les composantes connexes de a) sont soit entièrement préservées, soit entièrement supprimées*

Comme les opérateurs connexes n'agissent que par suppression et fusion de composantes connexes, ils sont plus intéressants que les filtres linéaires ou médian, ou que les ouvertures et fermetures par un élément structurant, car ces derniers peuvent déformer ou scinder des composantes connexes.

On peut distinguer plusieurs classes d'opérateurs connexes [168] : ceux qui agissent selon un critère spatial (ouverture/fermeture par reconstruction, ouverture/fermeture surfaciques), et ceux qui agissent selon un critère de contraste (h-reconstructions, filtres de contraste). On peut citer également les opérateurs connexes qui combinent ces deux informations, notamment l'ouverture volumique [168]. D'autres opérateurs connexes peuvent être également construits selon d'autres attributs, comme la forme d'une zone plate, ou la complexité du contour.

Reconstruction géodésique

La reconstruction géodésique est à la base de la plupart des opérateurs connexes.

Sur les images binaires, cet opérateur sélectionne simplement les composantes connexes d'une image I (le masque) qui sont marquées par une image J (le marqueur) contenue dans I (voir Fig 4.9). En niveaux de gris, l'opérateur sélectionne de la même manière les zones plates de l'image I (qui correspond au masque) qui sont atteintes par dilatation géodésique des zones plates de l'image J (image marqueur) (voir Fig 4.10).

Définition 15 (Reconstruction géodésique par dilatation) *La reconstruction géodésique par dilatation d'une image marqueur f dans une image masque g, notée $Rec_{\oplus}(f,g)$ est la limite de la suite :*

$$\begin{cases} S_0 &= f \\ S_n &= \delta(S_{n-1}) \wedge g \end{cases}$$

où $\delta(f) \wedge g$ représente l'infimum entre la dilatation de l'image f par une boule unitaire et l'image g .

Définition 16 (Reconstruction géodésique par érosion) *L'opération duale est la reconstruction géodésique par érosion, notée $Rec_{\ominus}(f,g) = Rec_{\oplus}(f^c, g^c)^c$ $(f \geq g)$. C'est la limite de la suite :*

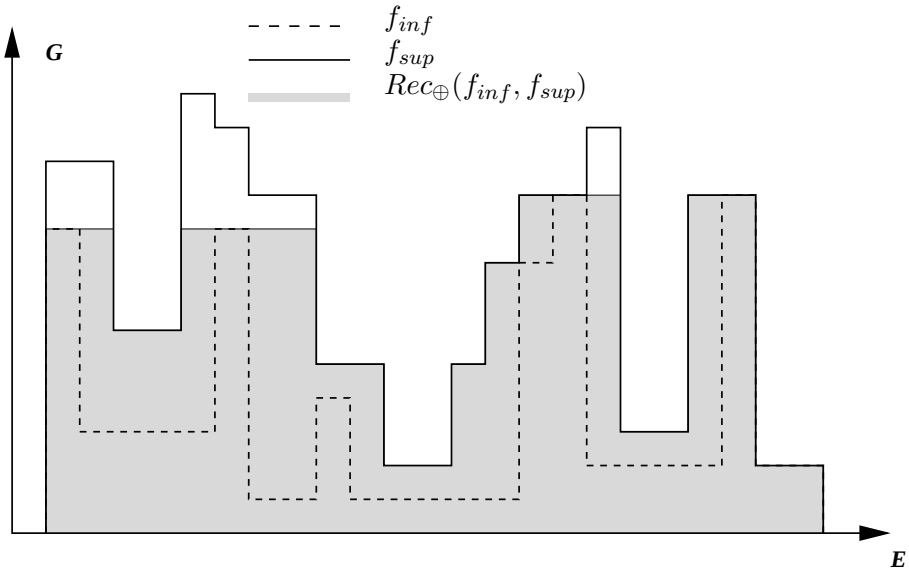


FIG. 4.10 – *Reconstruction géodésique par dilatation de l'image marqueur f_{inf} dans l'image masque f_{sup}. Toutes les zones plates de f_{sup} atteintes par une zone plate de f_{inf} sont entièrement préservées.*

$$\begin{cases} S_0 & = & f \\ S_n & = & \varepsilon(S_{n-1}) \vee g \end{cases}$$

où $\varepsilon(f) \vee g$ représente le suprémum entre l'érosion de l'image f par une boule unitaire et l'image g.

Concrètement, il s'agit de partir de l'image marqueur, puis de dilater (respectivement d'éroder) cette image par une boule unitaire, puis de garder l'intersection (respectivement l'union) entre l'image dilatée (respectivement érodée) et l'image masque. Cette opération est répétée sur la nouvelle image obtenue, jusqu'à stabilité, c'est à dire jusqu'à ce que l'image obtenue ne change plus.

L'implémentation efficace d'algorithmes utiles à la reconstruction a été abondamment étudiée dans la thèse de Luc Vincent [175]. L'algorithme de reconstruction proprement dit a été étudié dans [178].

Ouverture/fermeture par reconstruction par un élément structurant connexe contenant l'origine

Une ouverture classique, composée d'une érosion suivie d'une dilatation par un élément structurant connexe, supprime des composantes connexes, mais peut modifier la forme de certaines composantes connexes restantes. Par exemple, si on applique une ouverture par un élément structurant de forme circulaire, sur une composante connexe de forme rectangulaire, le résultat sera un rectangle avec les coins arrondis. Les contours ne sont donc pas préservés. En niveau de gris, cela signifie que certaines zones plates seront altérées.

Une ouverture par reconstruction est composée d'une érosion en niveaux de gris suivie d'une reconstruction géodésique par dilatation. Elle permet d'éliminer les composantes qui ne contiennent pas l'élément structurant, et de reconstruire intégralement les composantes restantes.

Définition 17 (Ouverture par reconstruction) *Soit ε l'érosion par un élément structurant connexe contenant l'origine. L'ouverture par reconstruction d'une image f est définie comme la reconstruction par dilatation de f par l'érosion $\varepsilon(f)$:*

$$\gamma_R(f) = Rec_{\oplus}(\varepsilon(f), f)$$

L'opération de fermeture par reconstruction est l'opération duale :

Définition 18 (Fermeture par reconstruction) *Soit δ la dilatation par un élément structurant connexe contenant l'origine. La fermeture par reconstruction d'une image f est définie comme la reconstruction par érosion de f par la dilatation $\delta(f)$:*

$$\phi_R(f) = Rec_{\ominus}(\delta(f), f)$$

En considérant une image en niveaux de gris comme un relief topographique, l'ouverture par reconstruction permet d'éliminer certains pics (maxima régionaux) et de laisser le reste de l'image inchangé. La fermeture par reconstruction, de la même manière, permet d'éliminer certains creux, tout en laissant le reste de l'image inchangée.

On peut voir sur la Figure 4.11 la comparaison entre une ouverture par érosion-dilatation (ici par un élément structurant sphérique), et une ouverture par reconstruction (érosion par un élément structurant sphérique, puis reconstruction géodésique par dilatation). Ces deux opérations ont été appliquées en trois dimensions, sur une image 3D. Le résultat n'est représenté que sur une seule coupe. On constate qu'avec l'ouverture par reconstruction, les composantes fines et claires de l'image (comme les vaisseaux) ont été altérées : leur intensité est plus faible que dans l'image originale. On constate en fait que tous les vaisseaux ont une intensité quasi-identique, ce qui est du au processus de reconstruction. Les extréma régionaux altérés par la première érosion sont aplanis. Avec l'ouverture classique, on peut observer de nombreuses zones plates de formes circulaires (forme due à l'élément structurant sphérique). L'image entière est altérée par l'ouverture. Avec l'ouverture par reconstruction, en revanche, la texture du foie est restée inchangée. La troisième ligne illustre le top-hat de ces deux transformations, c'est à dire la différence entre l'image originale et l'image transformée. Le top-hat contient donc tous les résidus des opérations, c'est à dire toutes les parties de l'image qui ont été modifiées. Le top-hat par reconstruction est donc beaucoup moins bruité que le top-hat simple. On peut utiliser cette propriété pour segmenter le réseau vasculaire du foie, par exemple.

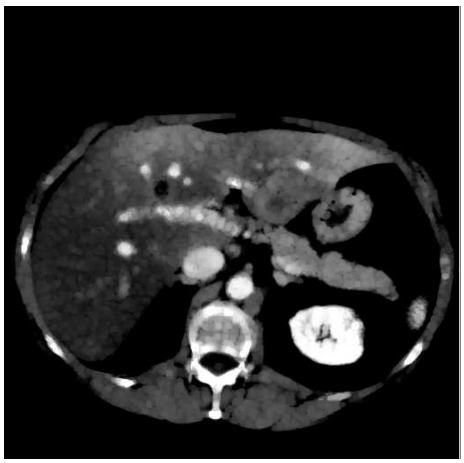
Ouverture d'aire

L'ouverture d'aire, ou ouverture surfacique a été introduite par Vincent [176, 177]. Cet opérateur permet d'éliminer les composantes connexes d'une image dont la taille est inférieure à un certain seuil λ , indépendamment de leur forme ou de leur contraste. En niveaux de gris, cet opérateur permet d'éliminer les maxima régionaux dont la taille est inférieure à ce seuil λ. On peut considérer cet opérateur comme une union des ouvertures par tous les éléments structurants connexes possibles de surface λ .

Définition 19 (Ouverture d'aire) *L'ouverture d'aire d'une image f, de seuil λ est définie par :*

$\gamma_\lambda = \bigvee\{\gamma_B \mid B \text{ est connexe et } Aire(B) = \lambda\}$

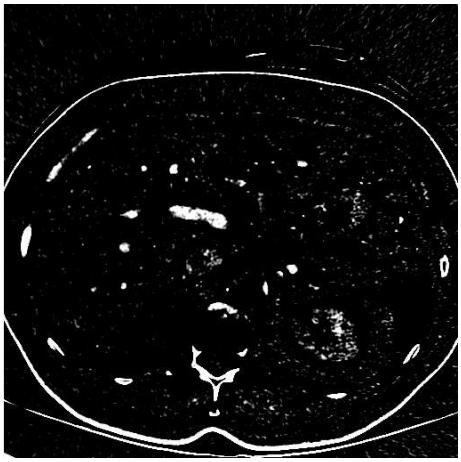
(a) Image originale



(b) Ouverture (érosion-dilatation), par une sphère de rayon 3.

(c) Ouverture par reconstruction (image érodée par une sphère de rayon 3 puis reconstruite).

(d) Top-hat : image a) - image b)



(e) Top-hat par reconstruction : image a) - image c)

FIG. 4.11 – *Comparaison entre une ouverture classique (colonne de gauche) et une ouverture par reconstruction (colonne de droite).*

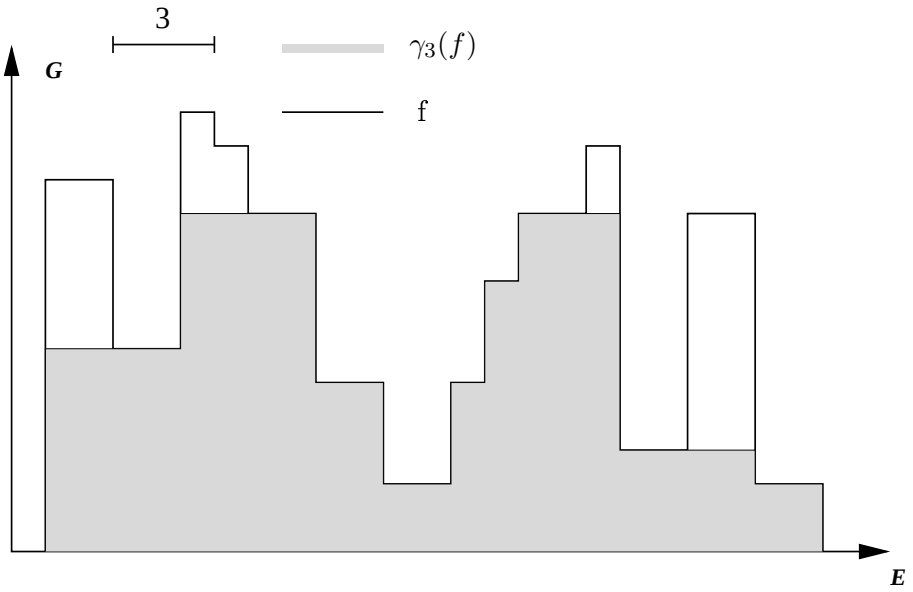


FIG. 4.12 – *Ouverture d'aire ($\lambda = 3$)*

La fermeture d'aire est l'opération duale : elle permet d'éliminer les minima régionaux de l'image dont la taille est inférieure à λ .

Cet opérateur est très utile pour filtrer des parties de l'image contenant des structures contrastées (c'est à dire formant un extremum régional), dont on ne connait pas la forme exacte mais seulement une taille approximative.

h-reconstruction (ou filtre de contraste)

Le principe de cet opérateur est d'éliminer les structures de contraste inférieur ou égal à un paramètre h . Les autres structures sont partiellement préservées : elles sont arasées sur une hauteur h. (voir Fig. 4.13). Cet opérateur permet d'introduire le concept de h-dôme et de h-bassin, ou de h-maxima et de h-minima. Les h-bassins ou h-minima d'une image f sont éliminés en effectuant une reconstruction géodésique par érosion du marqueur $(f+h)$ sur le masque f. Les h-dômes ou h-maxima sont éliminés en effectuant l'opération duale, c'est à dire une reconstruction géodésique par dilatation de $(f-h)$ dans f. On peut obtenir l'image des h-minima ou des h-maxima en gardant uniquement les composantes de l'image qui ont été supprimées, c'est à dire en soustrayant le résultat de l'opération avec l'image originale. En prenant $h = 1$, par exemple, on obtient les extréma régionaux de l'image.

En imagerie médicale, l'utilisation des filtres de contraste peut servir à faire ressortir des zones sombres entourées de zones claires, typiquement des structures d'interêt telles que des tumeurs ou des kystes. L'intérêt de l'opération est qu'elle permet de faire ressortir tous les bassins, indépendamment de leur niveau de gris (voir Fig 4.14 et 4.15).

Ouverture volumique

L'ouverture volumique (ou arasement volumique) a été introduite par C.Vachier [168]. En considérant une nouvelle fois l'image en niveaux de gris comme un relief topographique, le principe de l'opérateur est d'éliminer les dômes de l'image dont le volume, c'est à dire le nombre de points les composant, est inférieur à un seuil donné. Cet opérateur combine donc les informations

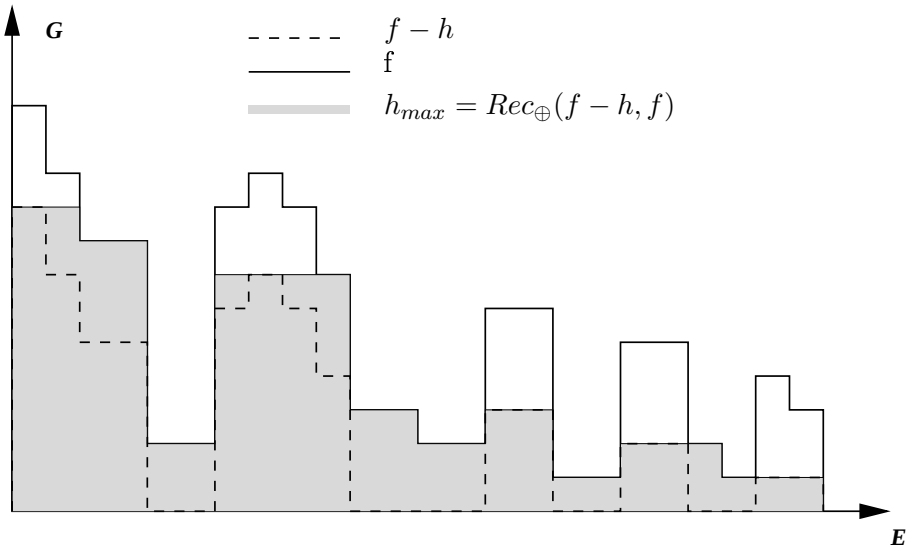
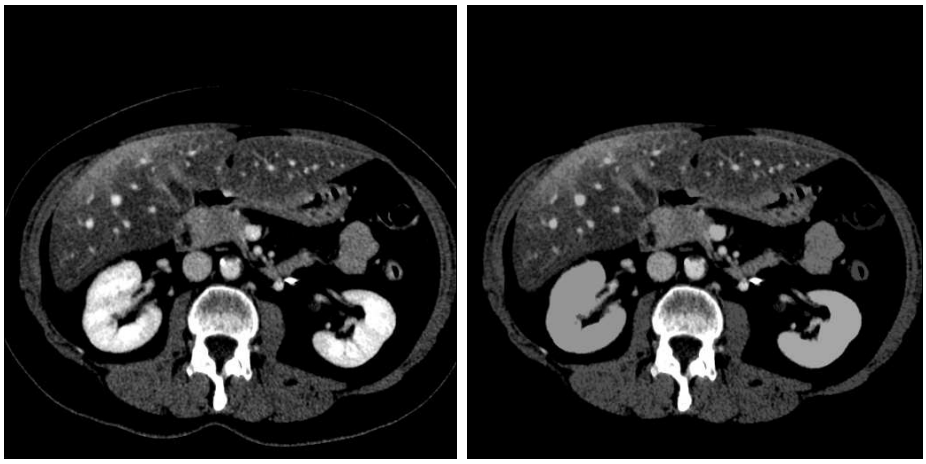


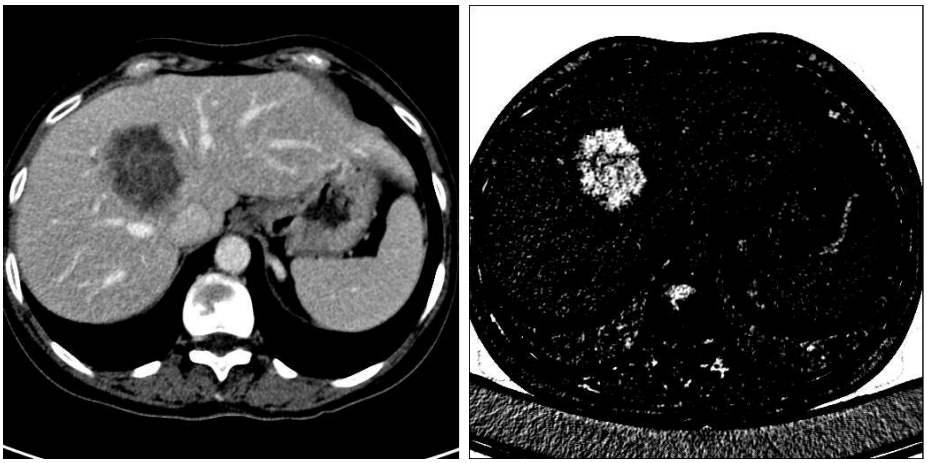
FIG. 4.13 – *Opérateur h-max.*



(a) Coupe d'une image TDM sans prétraitement.

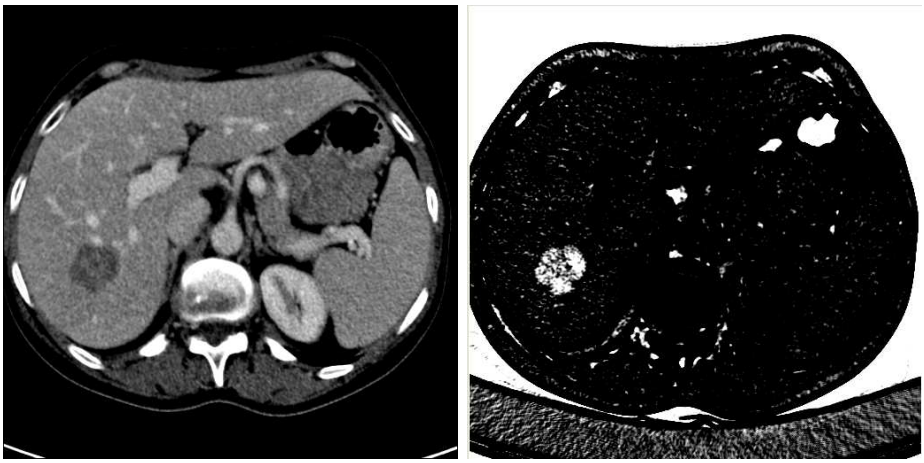
(b) Filtre connexe h-max, reconstruction géodésique par dilatation de f à partir de $f - h$.

FIG. 4.14 – *Effet de l'opérateur h-max. On constate que les dômes correspondant aux reins (les deux structures claires de l'image de gauche) ont été arasés (les même structures sont d'intensité homogènes dans l'image de droite), ainsi que les vaisseaux du foie.*



(a) Coupe de l'image originale . On distingue une tumeur à l'intérieur du foie (tache sombre).

(b) Composantes éliminées par l'application du filtre h-min (h=100).



(c) Coupe de l'image originale.

(d) Composantes éliminées par l'application du filtre h-min (h=100).

FIG. 4.15 – *Utilisation de l'opérateur h-min pour détecter les bassins (ou creux) de l'image.*

spatiales et dynamiques utilisées par les opérateurs précédents : il élimine aussi bien les structures fines et contrastées, que les structures larges et faiblement contrastées. D'après l'auteur, l'intérêt de cet opérateur est d'éliminer les structures de l'image en accord avec la prédominance visuelle, et que le point fort de ce filtre connexe est d'approcher le comportement de la vision humaine.

Les nivellements

Meyer définit dans [95, 96] plusieurs sous-classes des opérateurs connexes, dont les nivellements. Ces opérateurs sont considérés comme l'intersection de deux classes plus larges, les sous-nivellements et sur-nivellements (les lower-levellings et les upper-levellings en anglais). Cette classe d'opérateurs connexes a la propriété intéressante de ne pas créer d'extréma régionaux.

Définition 20 (Nivellement bas) *Une fonction g est un nivellement bas d'une fonction f si et seulement si pour tout couple de pixels voisins (p, q) : $g(p) > g(q) \Rightarrow g(q) \geq f(q)$.*

Définition 21 (Nivellement haut) *Une fonction g est un nivellement haut d'une fonction f si et seulement si pour tout couple de pixels voisins (p, q) : $g(p) > g(q) \Rightarrow f(p) \geq g(p)$.*

Définition 22 (Nivellement) *On dit qu'une fonction g est un nivellement d'une fonction f si et seulement g est à la fois un nivellement haut et un nivellement bas de f, c'est à dire si pour tout couple de points voisins (p, q) : $g(p) > g(q) \Rightarrow f(p) \geq g(p)$ et $g(q) \geq f(q)$.*

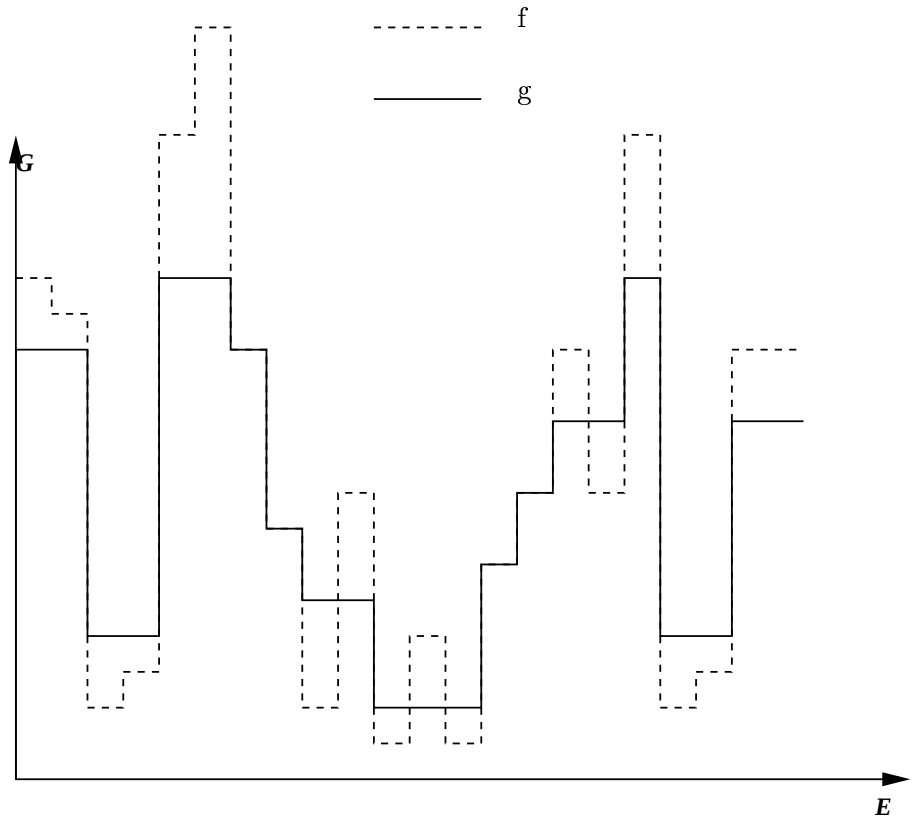


FIG. 4.16 – *Illustration d'un nivellement : la fonction g est un nivellement de la fonction f.*

La figure 4.16 illustre l'opérateur de nivellement : la fonction g est un nivellement de la fonction f . La classe des nivellements est en fait une généralisation des ouvertures et fermetures par reconstruction [96] :

Proposition 1 *g est une ouverture (respectivement fermeture) par reconstrucion d'une fonction f si et seulement si g est un nivellement bas (respectivement haut) de f vérifiant $g \leq f$ (respectivement $g \geq f$).*

Fusion des zones plates par graphe d'adjacence de régions (RAG)

Les opérateurs connexes vus précédemment partagent tous la même caractéristique : à chaque étape de l'algorithme, la zone plate à traiter est un extremum régional. Une ouverture surfacique, par exemple, va éliminer de l'image toutes les zones plates de surface inférieure à un certain λ, en commençant par les plus claires, c'est à dire les maxima régionaux de l'image. Une zone plate qui n'est pas un maximum régional, en revanche, ne sera pas nécessairement éliminée, quelle que soit son aire : une zone de transition entre deux régions pourra donc restée inchangée et être composée de nombreuses petites zones plates en "marches d'escalier" (voir Fig 4.17). Salembier [136, 135] propose une méthode générale qui s'appuie sur le graphe d'adjacence des zones plates. Les sommets du graphe correspondent aux zones plates, les arêtes correspondent aux relations de voisinage entre les zones plates. A partir de ce graphe, on va pouvoir fusionner des zones plates en enlevant certaines arêtes et en fusionnant les noeuds correspondants. Trois notions doivent être définies pour spécifier entièrement un algorithme de fusion sur ce graphe :

1. L'ordre de fusion : c'est l'ordre dans lequel les liens sont parcourus pour décider s'il faut les fusionner ou pas. Cet ordre est une fonction $O(R1, R2)$, qui pour chaque paire de zones plates adjacentes $R1, R2$ prend une valeur réelle.
2. Le critère de fusion : c'est à partir de ce critère qu'est prise la décision de fusionner ou non le lien étudié. C'est une fonction $C(R1, R2)$, qui pour chaque paire de zones plates adjacentes $R1, R2$ peut prendre deux valeurs : "fusionner", ou "ne pas fusionner".
3. Le modèle de région : quand deux zones plates $R1$ et $R2$ sont fusionnées, le modèle définit comment représenter leur union $R1 \cup R2$. Ce modèle est noté par $M(R)$.

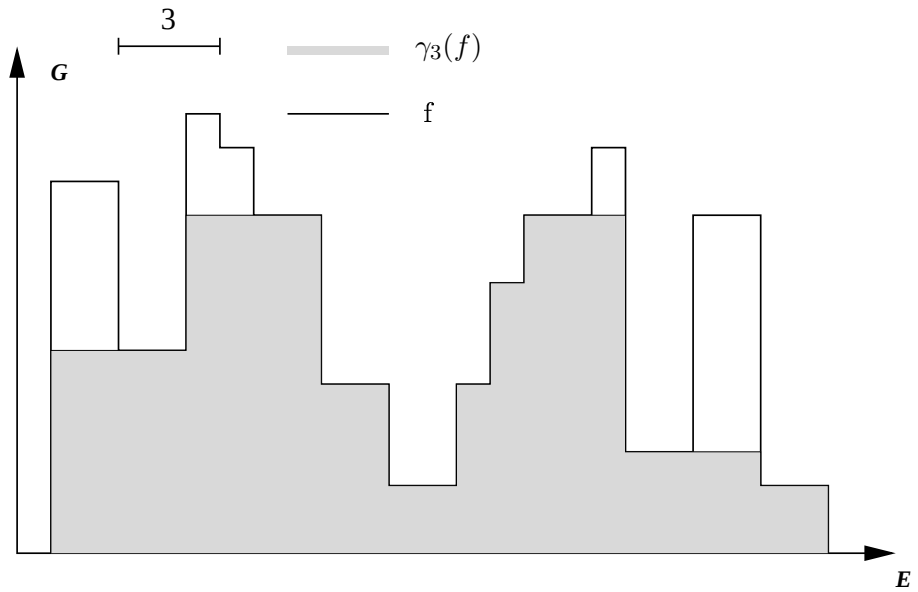
Si on utilise comme critère de fusion une aire minimale sur les zones plates, on va fusionner toutes les zones plates dont l'aire est inférieure à un certain seuil, et non pas uniquement les maxima régionaux, comme dans le cas de l'ouverture d'aire. On voit donc que ce type d'opérateur connexe est plus puissant, dans le sens où toutes les zones plates qui partitionnent l'image sont prises en compte.

Ouverture d'attributs

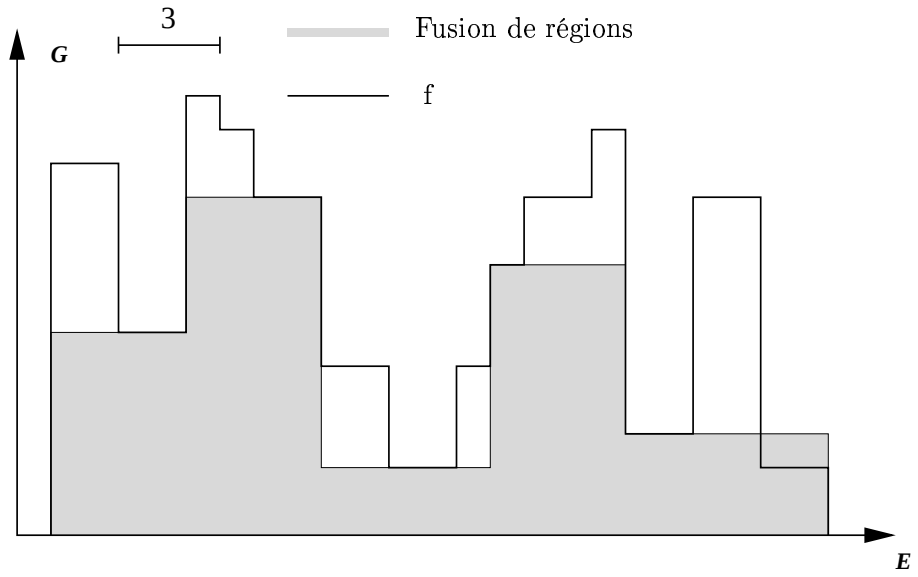
De nombreux opérateurs connexes peuvent être créés en considérant tous les attributs d'une zone plate. Cette simplification d'images s'appelle l'ouverture d'attributs. Soit $a : P(E) \rightarrow \{0, 1\}$ une fonction croissante. L'ouverture γ_a d'attribut a transforme X en l'union des composantes connexes C de X telles que $a(C) = 1$. Par exemple, l'ouverture d'aire et l'ouverture par reconstruction sont des ouvertures d'attribut.

Complexité du contour

Salembier et Oliveras introduisent dans [137] un critère de simplification, destiné à éliminer les composantes ayant une forme complexe. Ce critère est défini par le rapport $C = P/A$, où



(a)



(b)

FIG. 4.17 – *a) Ouverture d'aire, b) Exemple de fusion de régions : toutes les petites zones plates sont éliminées.*

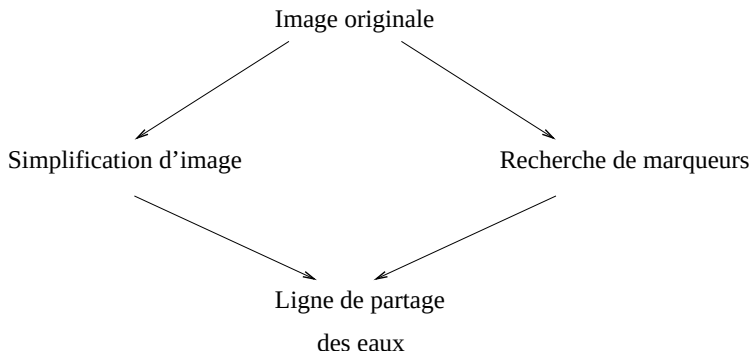


FIG. 4.18 – *Segmentation morphologique*

P est le périmètre de la composante connexe, et A son aire. Plus ce rapport est grand, plus on peut considérer que la forme de l'objet est complexe.

En général, pour calculer ce type d'opérateurs connexes, on passe par la représentation des images en arbres de composantes connexes. La simplification d'images se fait ensuite par élagage de l'arbre.

Création d'opérateurs connexes

Salembier dans [138] décrit une méthode permettant de créer des opérateurs connexes en utilisant les arbres de composantes connexes. Le principe est de créer un arbre de composantes connexes associé à l'image. Ceci se fait en considérant les différentes coupes de l'image. On associe un noeud à chaque composante connexe d'une coupe, et on crée une arête entre deux composantes partageant une relation d'inclusion. On obtient donc un arbre, les feuilles de l'arbre correspondant aux extéema de l'image. Le principe est ensuite de filtrer les feuilles selon certaines critères (taille, contraste, forme), et d'assigner les points filtrés à leur noeud père. De cette manière on crée de façon évidente des opérateurs connexes.

Salembier définit plusieurs notions de connexité. Il définit également des pseudo-zones plates (aussi citées dans [98]) : de faibles variations peuvent exister, bornées par un paramètre.

4.5 Segmentation morphologique

La segmentation morphologique est une méthode composée de deux phases bien distinctes qui sont illustrées sur la figure 4.18. La technique habituelle consiste à simplifier l'image d'origine et à rechercher des marqueurs appartenant aux objets, puis à appliquer la ligne de partage des eaux, qui est un algorithme de croissance de régions. La première phase est la phase dite "intelligente" de la segmentation. C'est dans cette phase en effet qu'est injectée la connaissance externe du problème, les hypothèses sur les objets que l'on souhaite segmenter. Le but de cette première phase est d'obtenir une image appelée fonction de segmentation, sur laquelle sera appliquée la ligne de partage des eaux. Cette fonction de segmentation est construite à partir de l'image simplifiée à laquelle on va imposer comme minima régionaux les marqueurs obtenus. La seconde phase est qualifiée d'"automatique", dans le sens où l'application de l'algorithme de segmentation finale, la ligne de partage des eaux, est purement mécanique et n'est conditionnée que par les résultats obtenus dans la première phase.

4.5.1 La ligne de partage des eaux

Conceptuellement, la ligne de partage des eaux d'une image est la ligne de partage des eaux du relief topographique correspondant à cette image, obtenu en attribuant à chaque point du relief une hauteur proportionnelle à son intensité dans l'image. Les crêtes du relief correspondent donc aux maxima de l'image, et les vallées aux minima. La ligne de partage des eaux est initialement définie comme la frontière séparant l'écoulement des eaux. La définition algorithmique est légèrement différente : on inonde l'image en partant de ses minima, en construisant un barrage dès que deux sources différentes se mélangent. Les barrages obtenus lors de l'inondation totale de l'image correspondent à la ligne de partage des eaux de l'image (voir Fig 4.19).

Le complémentaire de la ligne de partage des eaux forme la partition des bassins versants de l'image. C'est cette représentation qui nous intéressera le plus : en effet, ce sont les régions issues de la segmentation qui nous intéressent ; de plus la ligne de la partage des eaux souffre d'un défaut de localisation dans le cas discret.

La ligne de partage des eaux est appliquée sur une fonction de segmentation, issue des étapes de simplification de l'image et de recherche de marqueurs. L'application de la ligne de partage des eaux sur cette fonction permet de localiser précisément les crêtes, c'est à dire les frontières claires situées entre les marqueurs. La fonction de segmentation doit être telle que chaque objet à segmenter doit en partie contenir un minimum de l'image, et doit être séparé des autres par une ligne de crête, c'est à dire une zone de forte intensité. En général, cette fonction de segmentation est obtenue en utilisant le gradient de l'image à segmenter. Les minima du gradient vont en effet correspondre aux zones homogènes, et les fortes valeurs du gradient vont correspondre aux fortes variations locales c'est à dire aux contours des objets. Une autre technique habituelle pour obtenir une fonction de segmentation dans le cas d'objets binaires se recouvrant partiellement consiste à prendre l'image de la transformée de distance en négatif. Pour une description plus formelle de la ligne de partage des eaux on pourra se réferer à [93, 154, 180].

4.5.2 Recherche de marqueurs

L'application de la ligne de partage des eaux sur une image crée un bassin versant par minimum régional. Il est bien connu que cela entraîne dans la plupart des cas une très forte sur-segmentation. Il est donc nécessaire de réduire le nombre de marqueurs, soit en filtrant les minima régionaux de l'image, soit en utilisant une connaissance à priori sur les objets que l'on souhaite segmenter en recherchant des marqueurs spécifiques.

Filtrage des minima

Cette technique permet de faire fusionner des minima entre eux pour réduire le nombre de régions de la segmentation finale. Elle est effectuée de manière automatique, sans véritables connaissances à priori sur les objets à segmenter. Elle est relativement robuste, car applicable sur n'importe quelle image, et n'est conditionnée que par un nombre réduit de paramètres. Le principe est celui des filtres morphologiques : on ne garde que les minima les plus pertinents selon certains critères. Ces critères sont très souvents l'aire, le contraste ou le volume, critères qui permettent en effet de bien distinguer les minima appartenant véritablement à des objets, des autres minima dus au bruit, qui sont souvent plus petits et moins contrastés que les autres. Très souvent on utilise des filtres connexes (voir Sous-Section 4.4.2) qui sont très efficaces pour filtrer les minima tout en préservant les contours.

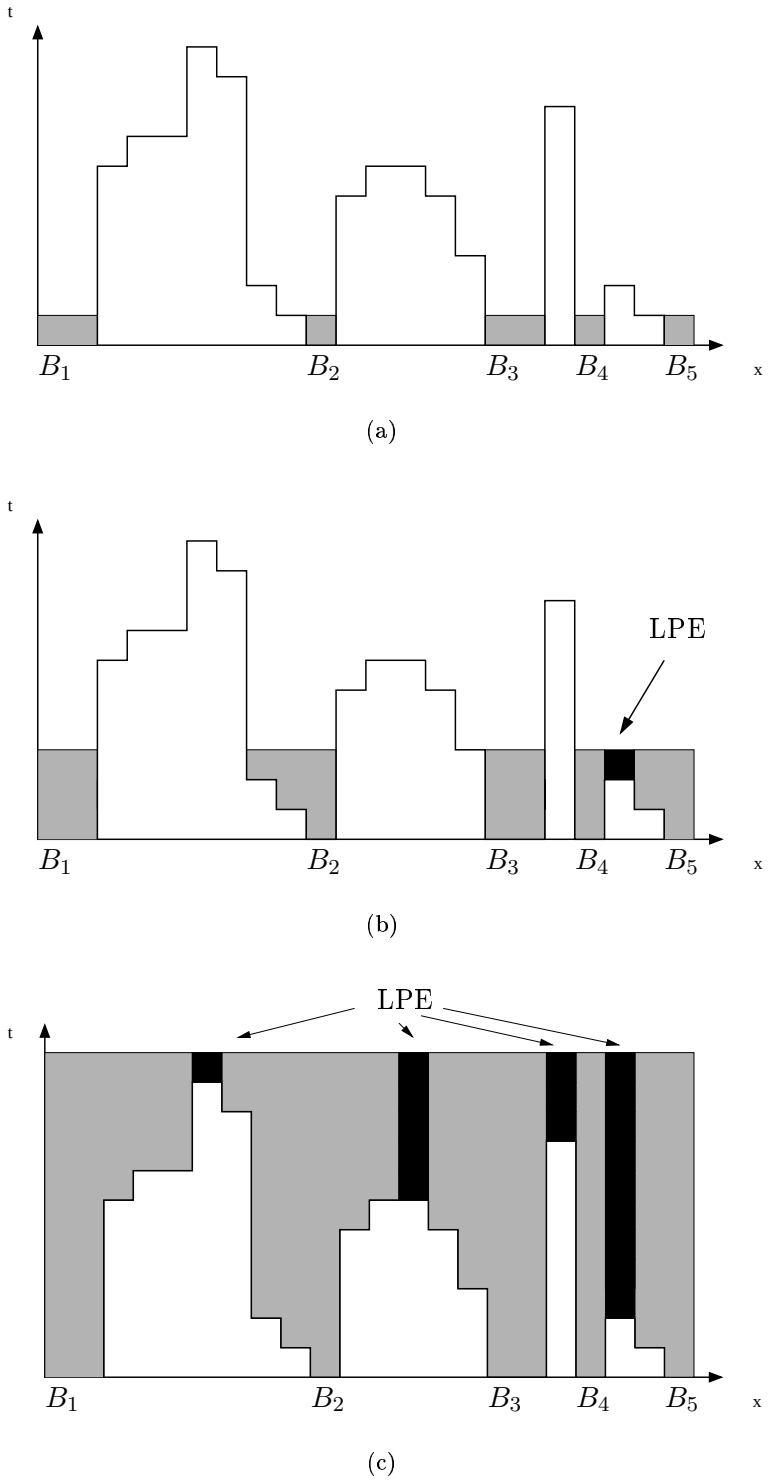


FIG. 4.19 – *a) Relief troué au niveau des minima, b) Début de l'immersion et création de digues, c) Immersion finale : la ligne de partage des eaux est construite sur toute l'image.*

Recherche "intelligente"

La recherche "intelligente" de marqueurs consiste à rechercher dans une image des zones appartenant aux objets que l'on souhaite segmenter. C'est la partie la plus délicate du processus de segmentation morphologique. Comme ces zones ne sont plus nécessairement des minima de l'image, la technique habituelle consiste à imposer ces marqueurs comme minima de l'image par "minima imposition" [154], ou modification d'homotopie de l'image. En général, la segmentation consiste à isoler un ou plusieurs objets du fond de l'image. La segmentation finale contient donc les composantes connexes des objets segmentés, plus la composante connexe correspondant au fond de l'image. On utilise donc généralement un marqueur par objet, plus un marqueur pour le fond de l'image. Les techniques utilisées pour trouver des marqueurs dépendent de l'application et de la connaissance à priori qu'on a sur les objets à segmenter. Elles peuvent faire appel à toute une gamme de méthodes, comme la reconnaissance de formes, la caractérisation géométrique, les méthodes statistiques. Pour segmenter un objet, on a besoin d'un marqueur interne à cet objet, et d'un marqueur externe. Ainsi, l'application de la ligne de partage des eaux permet en principe de retrouver les contours de l'objet.

Généralement, les marqueurs sont obtenus par seuillage grossier puis étiquetage des composantes connexes. Les marqueurs obtenus sont ensuite érodés pour être certain qu'ils sont bien à l'intérieur des objets.

4.5.3 Imposition des marqueurs dans l'image

La technique habituellement utilisée pour transformer les marqueurs obtenus en source d'inondation est la technique de l'imposition de minima [154] , ou modification d'homotopie de l'image. Le principe est de percer un trou dans le relief topographique à l'endroit des marqueurs, et de "boucher" tous les autres minima régionaux par une reconstruction géodésique par érosion (voir Fig 4.20). Soit f la fonction de départ à valeurs dans $T = [t_{min}, t_{max}]$ et g la fonction indicatrice des marqueurs définie de la façon suivante : $g(x) = 1$ si x est dans un marqueur, $g(x) = 0$ sinon. On transforme la fonction g de la façon suivante :

$$\begin{cases} g(x) = t_{max} & si\ g(x) = 0 \\ g(x) = t_{min} & si\ g(x) = 1 \end{cases}$$

On effectue ensuite une reconstruction géodésique par érosion de g sur $(f+1) \wedge g$:

$$g = Rec_{\ominus}(g, (f+1) \wedge g)$$

On prend $f+1$ pour éviter le cas où plusieurs marqueurs de l'image soient déjà à l'intensité t_{min}. L'image g finale n'a comme minima régionaux que les marqueurs présents dans l'image g initiale. Les seules sources d'inondation lors de l'application de l'algorithme de la ligne de partage des eaux seront donc ces minima.

4.6 Segmentation hiérarchique

La ligne de partage des eaux appliquée sur le gradient d'une image permet de partitionner l'image en unités élémentaires : les bassins versants. Chaque minimum régional de l'image gradient donne naissance à un bassin versant. Les minima régionaux, sur l'image gradient, correspondent aux zones homogènes de l'image. Ces zones sont plus ou moins larges. Sur une image bruitée, il peut y avoir de nombreuses petites zones homogènes. La moindre variation du relief topographique peut donner naissance à un minima régional dans l'image gradient.

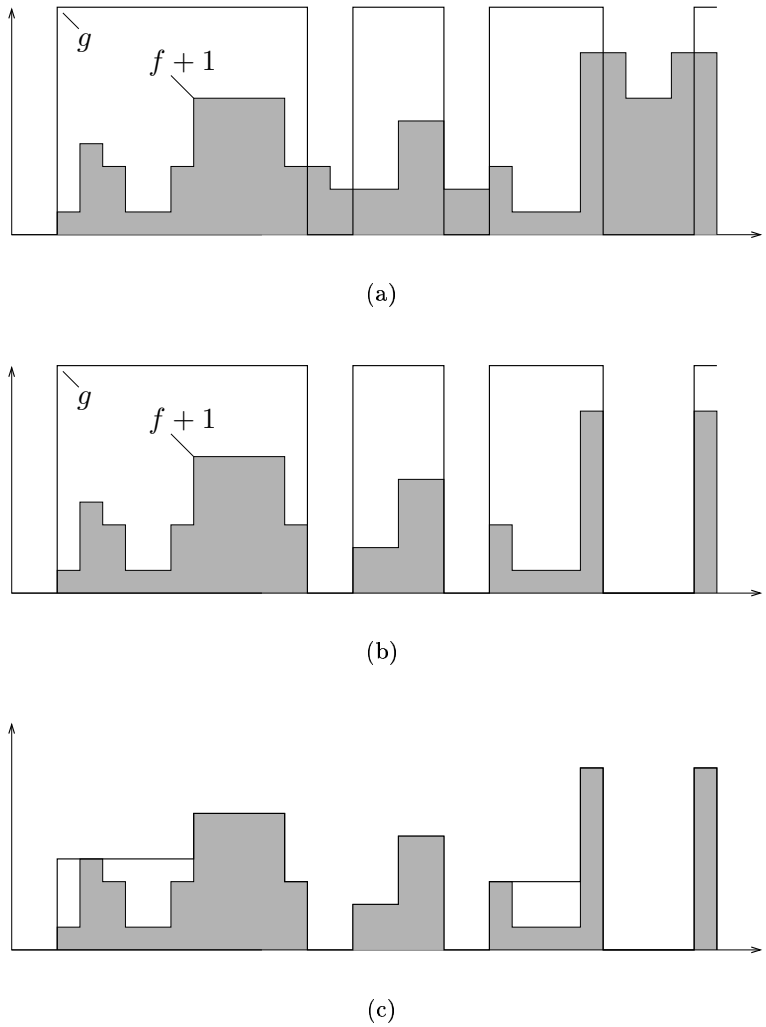


FIG. 4.20 – *Technique d'imposition de minima dans une image : a) Fonction $f+1$ et marqueur g, b) Minimum $(f+1) \wedge g$ entre $f+1$ et g, c) Reconstruction géodésique par érosion de g dans $(f+1) \wedge g$: les minima de g deviennent les minima de la fonction.*

Le principe de la segmentation hiérarchique est d'utiliser ces bassins versants comme unités de base, et considérer que toute segmentation de l'image est une union de ces zones, un peu comme un puzzle ou une mosaïque. On aboutit ainsi à une simplification de l'image, qui est représentée par un ensemble de bassins versants, et non plus par un ensemble de points.

En associant à chaque bassin versant la valeur moyenne de ses points dans l'image originale on crée une image mosaïque, qui est visuellement proche de l'image originale. Cette image peut constituer le premier niveau d'une segmentation hiérarchique ou d'une analyse multi-échelle. Elle contient autant de zones plates que de minima et de bassins versants.

Les niveaux supérieurs sont obtenus en fusionnant des bassins versants ou lacs selon certains critères.

Différents algorithmes de segmentation hiérarchique destinés à simplifier l'image des bassins versants obtenus ont été développés.

4.6.1 Segmentation hiérarchique de Beucher

Ce principe a été développé par Beucher [6]. On part du gradient h de l'image mosaïque. La ligne de partage des eaux de h est la même que celle du gradient de l'image originale. Le gradient h est composé de zones plates de valeurs nulles, et de zones plates non-nulles correspondant aux crêtes de h, c'est à dire à la ligne de partage des eaux de l'image originale.

On construit le graphe suivant : on associe un noeud à chaque frontière de h. Deux noeuds sont adjacents si les deux frontières correspondantes entourent le même bassin versant. Une ligne de partage des eaux sur ce graphe permet alors d'eliminer les arcs les plus faibles, et de réduire ainsi la sur-segmentation.

Ce graphe n'est pas planaire ; on peut le rendre planaire dans le cas d'images 2D en introduisant des noeuds supplémentaires correspondant aux bassins versants, et dont la valuation est le minimum des valeurs des arcs voisins. On obtient l'image suivante : $h'(x) = h(C_{ij})$, si $x \in C_{ij}$ et $h'(x) = \min_j(h(C_{ij}))$ si $x \in CB_i$. L'image h' est appelée l'image hiérarchique.

Beucher introduit l'algorithme de waterfall (cascade), et calcule cette transformation en passant par la reconstruction géodésique.

Le problème principal de cette méthode est qu'il faut utiliser l'image correspondant à la ligne de partage des eaux, et non aux bassins versants. Le calcul de la LPE est approximatif : soit on utilise le gradient de l'image mosaïque, et on obtient une LPE d'épaisseur 2 ; soit on choisit un des deux bords de la frontière pour obtenir une LPE de 1 point. Dans tous les cas les points de l'image originale appartenant à la LPE ne sont pas forcément situés sur des contours de régions. L'algorithme de waterfall donne donc des résultats très peu concluants sur des images médicales.

4.6.2 Forêts de recouvrement (minimum spanning forests)

L'utilisation de forêts de recouvrement a été introduite par Meyer [94]. Une définition et une implémentation sont également proposées par Falcao dans [41]. On utilise un graphe valué, dont les noeuds sont les minima régionaux de l'image. Deux minima sont reliés par un arc si les bassins versants correspondant sont voisins. La valuation de l'arc est égal à l'altitude du premier point de rencontre entre les eaux des deux bassins (l'altitude à laquelle les deux bassins se rencontrent).

Meyer montre que le calcul de la LPE sur une image gradient est équivalent à calculer l'arbre de recouvrement du graphe précédent. L'eau inonde en priorité les noeuds de plus faible valuation.

4.6.3 Inondations du relief et hiérarchie utilisant une distance ultramétrique

Le principe de cette méthode développée dans [97, 192] est également de construire un arbre à partir de l'image établissant des relations entre les différents bassins versants de l'image. Le but est de créer une hiérarchie pour ne garder que les n régions les plus représentatives du points de vue visuel. L'arbre est créé en même temps que l'inondation du relief. Une distance est créée entre les bassins versants, correspondant à une mesure calculée lorsque les bassins versants sont inondés tous les deux et fusionnent.

Dans le cas de Meyer [97], cette mesure correspond à l'index de la plus petite inondation de l'image pour laquelle les deux bassins versants se rencontrent.

Zanoguera [192] utilise une mesure associée au bassin versant qui était rempli lorsque les deux bassins se rencontrent. Cette mesure peut correspondre à la profondeur, l'aire, ou le volume du lac. Cela aboutit à un algorithme de construction de l'arbre simultanément à l'inondation du relief.

4.7 Algorithmes

Cette section présente une implémentation algorithmique pour chaque opérateur connexe décrit. Les sources bibliographiques de chaque algorithme sont citées lorsqu'elle sont disponibles.

Les structures de données utilisées sont celles utilisées classiquement en algorithmique morphologique.

Les deux principales structures utilisées sont :

- la file d'attente FIFO, qui introduit une hiérarchie entre les points selon leur ordre d'arrivée dans la file. Les opérations utilisées sont :
  - p=fifo.top() : extrait le point p le plus prioritaire de la file
  - fifo.add(p) : introduit le point p dans la file
  - fifo.empty() : vrai si la file est vide, faux sinon
- la file d'attente hiérarchique, structure proposée par Meyer [93], aussi appelée file de priorité [154], introduisant une double hiérarchie entre les points, selon leur ordre d'arrivée et leur priorité. Dans le cas d'images à niveaux de gris, on introduit généralement entre les points une priorité fondée sur les niveaux de gris croissants ou décroissants. Les opérations utilisées sont :
  - p=file_prio.top() : extrait le point le plus prioritaire de la file, c'est à dire le point dont la valeur de priorité est la plus grande.
  - file_prio.add(prio,p) : introduit le point p dans la file avec la priorité prio
  - file_prio.empty() : vrai si la file est vide, faux sinon

4.7.1 Reconstruction géodésique en niveaux de gris

Dans [175, 178], plusieurs algorithmes efficaces de reconstruction géodésiques sont décrits. L'algorithme décrit ici améliore encore l'algorithme de Vincent, en utilisant une file d'attente hiérarchique.

Algorithme 1: *Reconstruction géodésique par dilatation*

Données : Image masque M, Image marqueur R, $R \leq M$
Résultat : R contient le résultat de la reconstruction

```
Calculer les maxima régionaux M(R) de R;
/*M(p)=1 si p appartient à un maximum régional*/ /*M(p)=0 sinon */
pour tous les points p faire
    TRAITE(p)=0 ;
fin
pour tous les points p tels que : M(p) = 1 et tels que : ∃q voisin de p tel que : M(q) = 0
faire
    file_prio.add(R(p),p);
    TRAITE(p)=1;
fin
tant que file_prio.empty()=faux faire
    p=file_prio.top();
    pour Tous les voisins q de p tels que TRAITE(q)=0 faire
        R(q) = min{R(p), M(q)};
        file_prio.add(R(q), q);
        TRAITE(q)=1;
    fin
fin
```

L'algorithme de reconstruction géodésique par érosion est le dual de l'algorithme précédent : l'ordre de priorité des points est inversé (les points sombres sont plus prioritaires que les points clairs). Pour cela, on insère un point p dans la file avec une priorité $-R(p)$.

Algorithme 2: *Reconstruction géodésique par érosion*

Données : Image masque M, Image marqueur R, $R \geq M$

Résultat : R contient le résultat de la reconstruction

```
Calculer les minima régionaux M(R) de R;
/*M(p)=1 si p appartient à un minimum régional*/ /*M(p)=0 sinon */
pour tous les points p faire
    TRAITE(p)=0 ;
fin
pour tous les points p tels que : M(p) = 1 et tels que : ∃q voisin de p tel que : M(q) = 0
faire
    file_prio.add(-R(p),p);
    TRAITE(p)=1;
fin
tant que file_prio.empty()=faux faire
    p=file_prio.top();
    pour Tous les voisins q de p tels que TRAITE(q)=0 faire
        R(q) = max{R(p), M(q)};
        file_prio.add(-R(q), q);
        TRAITE(q)=1;
    fin
fin
```

Pour calculer les extréma régionaux, on peut utiliser un algorithme par file d'attente proposé par Vincent :

Algorithme 3: *Calcul des maxima régionaux par file d'attente*

Données : Image I

Résultat : Image binaire M contenant les maxima régionaux M(I)

```
pour tous les points p faire
    M(p) = 1 ;
fin
pour tous les points p faire
    si M(p) = 1 et (∃q ∈ N_p | I(q) > I(p)) alors
        fifo.add(p);
        M(p)=0;
        tant que fifo.empty()=faux faire
            p=fifo.top();
            pour tout q ∈ N_p faire
                si I(q) ≤ I(p) et M(q) = 1 alors
                    fifo.add(q);
                    M(q)=0;
                fin
            fin
        fin
    fin
fin
```

4.7.2 Ouverture d'aire

Un algorithme pour calculer l'ouverture d'aire a été proposé par Vincent dans [176, 177]. Le principe est de parcourir successivement les différents maxima régionaux et de diminuer ensuite un seuil local jusqu'à ce que l'aire dépasse le paramètre λ. Un algorithme est également proposé dans [92].

Algorithme 4: *Ouverture d'aire*

Données : Image I, paramètre λ
Résultat : Image I, sur laquelle a été calculée l'ouverture d'aire de taille λ

```
Calculer les maxima régionaux M(I) de l'image;
pour Chaque maximum m de I, parcourus séquentiellement faire
    si Aire(m) < λ alors
        aire_courante=0;
        pour tous les points p de m faire
            fifo.add(p);
            file_prio.add(p,I(p));
            seuil_courant=I(p);
            aire_courante=aire_courante+1;
        fin
        tant que file_prio.empty()=faux et stop=faux faire
            p=file_prio.top();
            si I(p)>seuil_courant alors
                stop=vrai;
            sinon
                seuil_courant=I(p);
                aire_courante=aire courante+1;
                fifo.add(p);
                si aire_courante>λ alors
                    stop=vrai;
                sinon
                    pour tous les voisins q de p faire
                        file_prio.add(I(q),q);
                    fin
                fin
            fin
        fin
        tant que fifo.empty()=faux faire
            p=fifo.top();
            I(p)=seuil_courant;
        fin
    fin
fin
```

4.7.3 Ouverture volumique

Algorithme 5: *Ouverture volumique*

Données : Image I, entier V
Résultat : Image I sur laquelle a été calculée l'ouverture volumique de taille V

Calculer les maxima régionaux de l'image;
Inonder l'image de haut en bas à partir de ces maxima;
L'inondation se propage en commençant d'abord par les voisins de plus grand niveaux de gris;
tant que *Les lacs formés ont un volume égal ou inférieur au paramètre V* **faire**
  Poursuivre la propagation;
  si *Deux lacs se rencontrent* **alors**
    Les deux lacs fusionnent et le lac résultant a un volume égal à la somme des volumes des deux lacs;
  fin
fin
Lorsqu'un lac atteint le volume minimum, on mémorise le niveau h de l'inondation;
pour *tous les points p de l'image* **faire**
  si *p n'appartient à aucun lac* **alors**
    I(p) est inchangé;
  sinon
    I(p) est égal à la valeur h mémorisée correspondant au lac;
  fin
fin

4.7.4 Ligne de partage des eaux

L'algorithme de ligne de partage des eaux que nous avons implémenté est le premier algorithme décrit par Meyer dans [93], qui calcule les bassins versants d'une image. L'avantage principal de cet algorithme est sa simplicité et sa rapidité. L'extension de cet algorithme aux dimensions supérieures est très aisée, il suffit de redéfinir le voisinage. Dans notre cas, nous l'avons adapté pour l'utiliser sur des images en trois dimensions, en utilisant un 26-voisinage.

Algorithme 6: *Ligne de partage des eaux*

Données : Image I, Image des marqueurs M
Résultat : Image J qui contient les bassins versants étiquetés

```
pour tous les points p tels que M(p) ≠ 0 faire
    file_prio.add( I(p),p);
    J(p)=M(p);
fin
tant que file_prio.empty()=faux faire
    p=file_prio.top();
    pour tous les voisins q de p faire
        si J(q)=0 alors
            J(q)=J(p);
            file_prio.add(I(q),q);
        fin
    fin
fin
```

Cet algorithme calcule, à partir de l'image source I et d'une image marqueur M, les bassins versants de la ligne de partage des eaux. Pour obtenir la ligne de partage des eaux proprement dite, on peut modifier l'algorithme ci-dessus pour dessiner la frontière entre les bassins versants : il suffit d'attribuer à tout point frontière entre plusieurs bassins versants l'étiquette LPE.

Troisième partie

Méthodes proposées

Chapitre 5

Segmentation morphologique : étude du problème

Dans ce chapitre, nous allons utiliser les outils morphologiques décrits précédemment pour tenter de résoudre notre problème, qui est la segmentation d'organes de l'abdomen. Pour cela, nous allons dans un premier temps expérimenter l'algorithme de la ligne de partage des eaux. Cet algorithme agit de façon automatique sur une image de contours, qui aura pu être modifiée de façon à imposer certains minima, agissant comme des marqueurs. Nous décrivons les choix qui s'offrent à nous dans le calcul des données nécessaires à l'application de l'algorithme.

Nous allons étudier les différents moyens de réduire la sur-segmentation de la ligne de partage des eaux en agissant soit sur les marqueurs de départ, soit sur l'image mosaïque résultante en appliquant un algorithme de fusion de régions pour fusionner les zones plates entre elles. Enfin, nous décrivons deux méthodes de segmentation utilisant l'image mosaïque obtenue :

- une méthode entièrement automatique, consistant à détecter la zone plate correspondant à la structure recherchée par le biais d'un vecteur de caractéristiques, utilisant la connaissance acquise sur les structures au chapitre 2 ;
- une méthode semi-automatique, qui résout les inconvénients de la méthode précédente en permettant à un opérateur de superviser la segmentation, par le biais d'une intervention minimale.

5.1 Segmentation morphologique : travaux existants

La morphologie mathématique est utilisée dans de nombreuses méthodes de segmentation. Ce sont souvent certains outils basiques qui sont employés, tels que les ouvertures et les fermetures, afin de déconnecter des structures, supprimer des structures résiduelles après seuillage ou encore lisser un résultat. Cependant, plus rares sont les méthodes s'appuyant entièrement sur le principe de la segmentation morphologique et en particulier sur la ligne de partage des eaux.

On peut citer Bueno [12, 13], qui utilise la ligne de partage des eaux afin de segmenter des structures cérébrales dans des images IRM. Afin de réduire la sur-segmentation inhérente à cette méthode, l'auteur choisit d'utiliser une combinaison d'ouvertures et de fermetures par reconstruction, afin de simplifier l'image en zones plates. Des marqueurs sont ensuite extraits manuellement ou de manière semi-automatique, en conservant les zones plates les plus grandes. Un algorithme de fusion de régions est également employé.

Lapeer [76, 77] utilise la même approche pour segmenter des images médicales scanners et IRM. Des marqueurs sont placés manuellement sur l'image (marqueurs internes et externes) à

partir desquels est calculée la ligne de partage des eaux. Le résultat de la segmentation par ligne de partage des eaux est cependant généralement imparfait : le contour est bruité, formé de creux et de bosses. Afin de résoudre ce problème, le résultat est amélioré en utilisant un modèle déformable, ou contour actif.

Dans [160], l'auteur utilise la ligne de partage des eaux combinée à un atlas probabiliste pour segmenter des tissus osseux sur des images scanners. Une approche similaire est décrite dans [56].

Huang [65] utilise la ligne de partage des eaux , combinée à un prétraitement consistant à simplifier l'image avec une carte auto-organisatrice (réseau de Kohonen), afin de segmenter des tumeurs à partir d'images ultra-sons.

On peut également citer les travaux de Passat [118] qui utilise la ligne de partage des eaux pour segmenter le sinus sagittal supérieur.

5.2 Données nécessaires à la segmentation morphologique

Dans le chapitre 4, nous avons exposé le protocole habituellement utilisé pour segmenter une image en utilisant la morphologie mathématique. Nous avons vu que la segmentation s'appuie en général sur la ligne de partage des eaux. Pour appliquer la ligne de partage des eaux, nous avons besoin de deux données :

- L'image sur laquelle sera calculée la ligne de partage des eaux.
- Les marqueurs utilisés comme source d'inondation.

5.2.1 Image

D'un point de vue topographique, la ligne de partage des eaux d'un relief correspond plus ou moins à ses "crêtes". Si l'on veut que la ligne de partage des eaux corresponde aux contours d'objets à segmenter, ce qui est généralement le cas, il va falloir appliquer la ligne de partage des eaux non pas sur l'image originale contenant les objets, mais sur une image légèrement modifiée contenant les contours des objets. L'image de contour utilisée habituellement est une image gradient. Les larges zones de faible intensité du gradient correspondent en effet à des zones homogènes de l'image, généralement à l'intérieur des objets à segmenter. Les zones étroites et de forte intensité correspondent à des zones de transition dans l'image originale, c'est à dire aux contours des objets.

Nous allons donc étudier les différentes possibilités pour obtenir une image de contours.

Image gradient

Le gradient est une notion définie à la base sur des images continues : en chaque point, le gradient est défini comme un vecteur correspondant à la dérivée première de l'image.

$$\nabla f(x,y) = \begin{bmatrix} \frac{\partial f}{\partial x} \\ \frac{\partial f}{\partial y} \end{bmatrix},$$

où ∇f est le vecteur gradient de l'image f au point (x,y).

Pour la ligne de partage des eaux, on ne s'intéresse qu'à sa *norme* :

$$\| \nabla f(x,y) \| = \sqrt{\frac{\partial f}{\partial x}^2 + \frac{\partial f}{\partial y}^2}.$$

En effet cette quantité donne l'accroissement maximal de f dans la direction du gradient, c'est à dire la "force" du contour.

En pratique nous avons affaire à des images discrètes. Il faut donc utiliser une définition discrète du gradient en chaque point, et en particulier des dérivées partielles selon toutes les directions de l'image. Cette nécessaire discrétisation a donné lieu à de nombreuses méthodes pour approximer le gradient d'une image. Les méthodes les plus fréquentes utilisent des masques (masque de Roberts, de Prewitt, de Sobel) qui sont appliqués en chaque point de l'image. Une autre méthode de calcul du gradient directement issue de la morphologie mathématique est le gradient morphologique, ou gradient de Beucher [5]. Trois combinaisons différentes existent :

1. Le gradient de Beucher ou morphologique est la différence arithmétique entre l'image dilatée et l'image érodée.
2. Le gradient interne correspond à la différence arithmétique entre l'image originale et l'image érodée.
3. Le gradient externe correspond à la différence arithmétique entre l'image dilatée et l'image originale.

La première définition engendre des contours plus épais que les deux autres définitions. Dans la deuxième définition le gradient est appelé interne car, en partant du principe qu'on a des objets clairs sur fond sombre, les contours apparaîtront à l'intérieur des objets. De la même manière, dans la troisième définition, les contours apparaîtront à l'extérieur des objets.

Agnus [1] a effectué une comparaison entre trois types de gradients dans le but d'utiliser la ligne de partage des eaux. Il compare le gradient de Sobel, le gradient gaussien et le gradient morphologique. Le gradient de Sobel consiste à convoluer l'image avec les masques 3×3 de Sobel. Le gradient gaussien consiste à appliquer un gradient à l'image tout en la lissant afin d'atténuer le bruit. Il fait la conclusion que, de ces trois gradients, le gradient morphologique est le plus adapté à la segmentation morphologique car il retourne des valeurs facilement interprétables qui s'intègrent dans le formalisme de la morphologie mathématique.

Le gradient de Sobel et le gradient gaussien retournent des valeurs nécessitant d'être normalisées. De plus ces deux derniers gradients effectuent un lissage qui n'est pas forcément souhaitable si l'on souhaite conserver le maximum d'information de l'image originale. En effet, le lissage se traduit par des contours de gradient très épais qui rendent difficile la localisation précise de la ligne de partage des eaux. De même, le lissage résultant du gradient de Sobel et du gradient gaussien élimine des détails importants de l'image gradient.

Sur nos images nous avons expérimenté le gradient de Sobel ainsi que les trois définitions morphologiques du gradient. Nous avons écarté le gradient de Sobel à cause des inconvénients énumérés ci-dessus (épaisseur des contours et perte de détails importants de l'image gradient).

La valeur retournée par le gradient morphologique est relativement intuitive : il s'agit de la variation maximale des niveaux de gris dans un voisinage fixé. Parmi les trois définitions existantes, le gradient interne nous semble très intéressant. Dans l'optique d'utiliser la ligne de partage des eaux, il nous faut conserver le maximum de détail : le gradient interne génère des contours d'un point d'épaisseur, ce qui est très désirable. De plus, dans le cas d'objets plus clairs que le fond, le gradient interne délimite l'intérieur des objets, c'est à dire que le contour lui-même est situé dans l'objet. Dans notre cas, nous savons par hypothèse que tous les objets que l'on souhaite segmenter sont plus clairs que le fond : l'utilisation d'un gradient interne n'introduit donc pas de biais. La ligne de partage des eaux, coïncidant en théorie avec les contours obtenus, devrait donc elle-même être située à l'intérieur de l'objet. Les gradients obtenus selon différentes méthodes sont illustrés sur la figure 5.1.

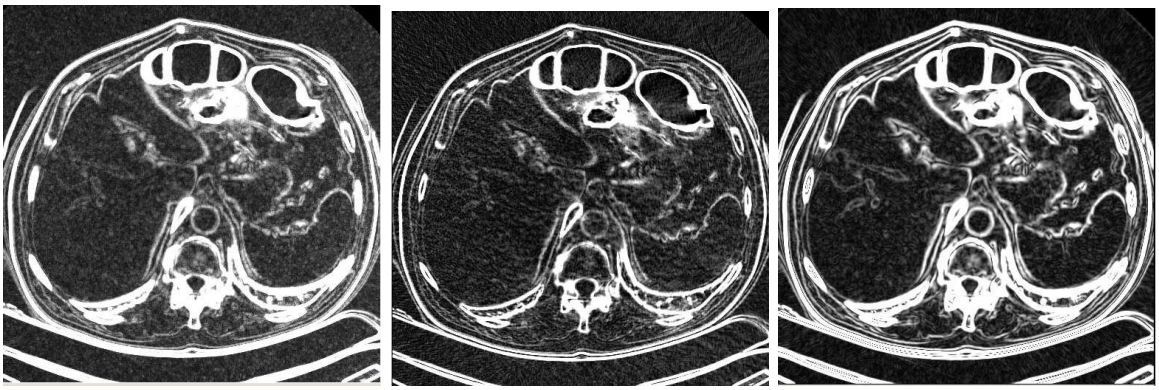


FIG. 5.1 – *A gauche : gradient morphologique. Au centre : gradient morphologique interne. A droite : gradient de Sobel. On constate que le gradient morphologique interne est le moins "épais" des trois.*

L'inconvénient d'utiliser une image gradient pour la segmentation est de perdre de l'information appartenant à l'image originale : même en utilisant le gradient morphologique interne, certains petits détails fins peuvent être perdus. De plus, le gradient est sensible au bruit : celui de Beucher est le gradient le plus sensible, surtout au bruit impulsif. Une solution serait de suréchantillonner l'image originale pour compenser la dégradation due au gradient. Dans [86], Marcotegui propose au contraire de filtrer l'image originale avec une ouverture morphologique par une boule unitaire. L'application du gradient sur cette image n'entraîne alors en théorie plus de pertes.

Gradients multi-échelles

La figure 5.1 montre que le gradient morphologique interne est le moins épais des trois représentés. Cependant, son "épaisseur" pourraît encore être réduite en théorie en prenant en compte l'effet de volume partiel. Cet effet entraîne que les contours entre structures sont de type "rampe". Ils ne sont pas "nets", et donc pas de type "marche" (voir Fig 5.2). Les contours de type "rampe" peuvent être pris en compte en considérant les gradients multi-échelles. Une description de ce type de gradient peut être trouvée dans [154], page 127.

Le gradient morphologique à l'échelle n peut être défini formellement de la façon suivante :

$$\rho^*_{nB} = \rho_{nB}.T_{[1,t_{max}]}\varepsilon_{(n-1)B}WTH_{nB}\rho_{nB}$$

où :

- ρ_{nB} est le gradient morphologique d'épaisseur n défini par $\rho_{nB}(f) = (f \oplus B_n) - (f \ominus B_n)$, où B_n est une boule discrète de rayon n ;
- WTH_{nB} est le "white top-hat" d'élément structurant B_n, défini par : $WTH_{nB}(f) = f - (f \circ B_n)$;
- $\varepsilon_{(n-1)B}$ est l'érosion par une boule discrète de rayon $n-1$: $\varepsilon_{(n-1)B}(f) = f \ominus B_{n-1}$;
- $T_{[1,t_{max}]}$ représente la fonction seuillage, qui consiste à ne garder que les points positifs de l'image ;
- enfin . représente la multiplication point à point entre deux images.

Le gradient multi-échelle proprement dit est obtenu en calculant le maximum point à point

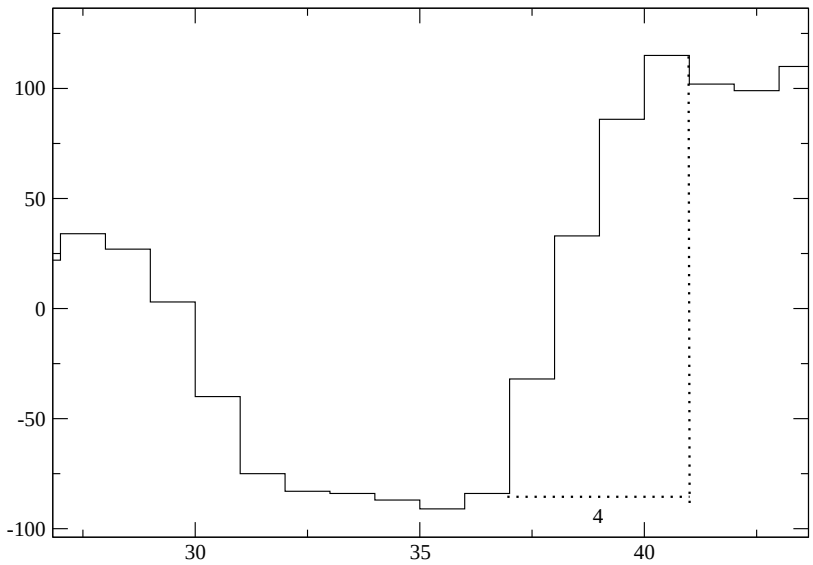


FIG. 5.2 – *Profil 1D de l'image source selon une ligne horizontale. A droite : différence de niveau entre les voxels appartenant au foie (à droite de la pente) et au fond (à gauche de la pente). On constate sur cet exemple que le contour a une largeur approximative de 4 voxels. Ceci est du à l'effet de volume partiel, décrit dans le chapitre 1.*

des gradients à toutes les échelles n :

$$\rho^* = \bigvee_{nB} \rho^*_{nB}$$

La figure 5.3 illustre les différentes étapes du calcul d'un gradient d'échelle 4. La figure 5.4 montre les résultats de quatre gradients obtenus aux échelles 1, 2, 3 et 4, ainsi que l'image représentant le maximum point à point de ces 4 images.

On constate que visuellement le gradient multi-échelle est plus fin que les précédents gradients. Cependant, dans notre cas, il paraît peu adapté à l'application de la ligne de partage des eaux, en tout cas dans sa version utilisant les minima régionaux de l'image. La figure 5.5 illustre le problème. La ligne de partage des eaux est appliquée directement sur le gradient multi-échelle (dernière image de la figure 5.4), dans sa forme originale, c'est à dire en prenant comme sources d'inondation les minima de l'image. On constate que toutes les structures à l'intérieur de l'abdomen sont connectées. Ceci signifie qu'elles appartiennent à un même minima dans l'image gradient.

L'autre inconvénient du gradient multi-échelle est bien entendu sa forte complexité algorithmique. Le gradient multi-échelle est donc beaucoup plus long à calculer que le gradient morphologique simple.

FIG. 5.3 – *Etapes de calcul d'un gradient d'échelle. Dans cet exemple,* $n = 4$*. L'élément structurant utilisé est donc une boule discrète tridimensionnelle de rayon* 4*. A gauche : gradient d'épaisseur* n*, Au centre : "white top-hat", A droite : érosion du top-hat par une boule discrète de rayon* 3*. L'image finale est obtenue en assignant aux points d'intensité positive de la dernière image l'intensité des points de la première image (image du gradient épais).*

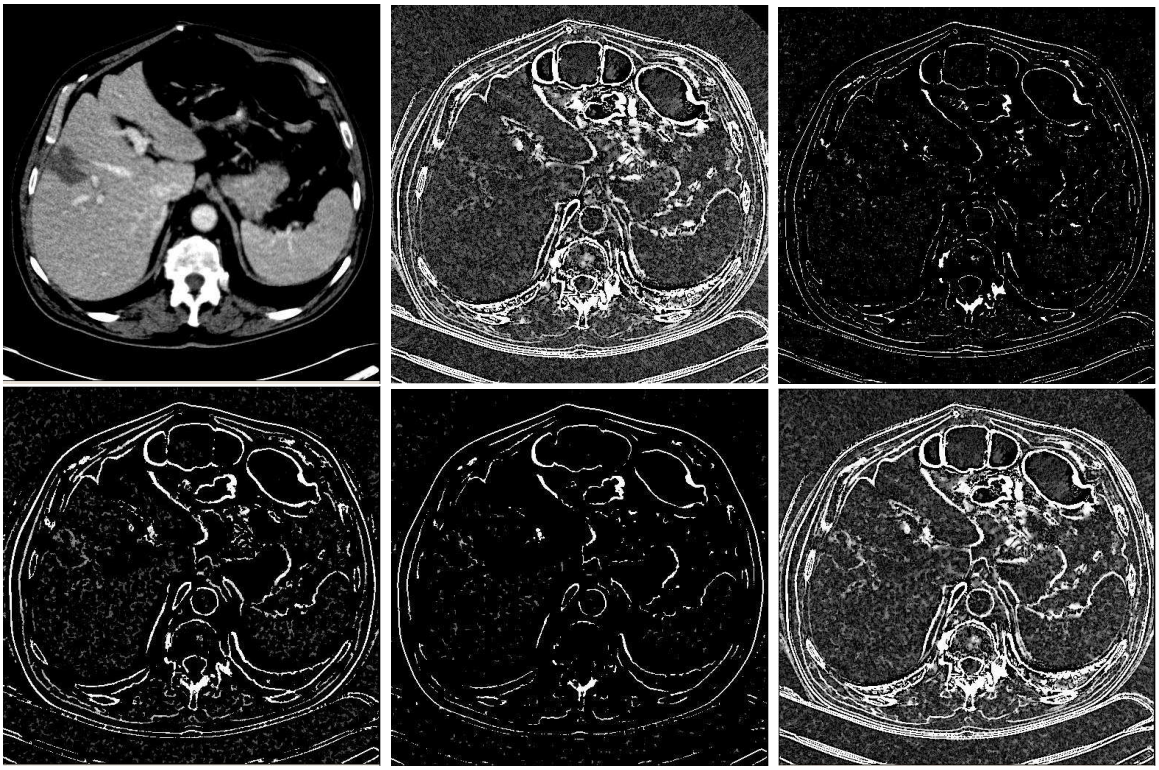


FIG. 5.4 – *Gradient multi-échelle. En haut à gauche : image originale* f*, puis de gauche à droite :* ρ^*_{1B}*,* ρ^*_{2B}*,* ρ^*_{3B}*,* ρ^*_{4B}*,* $\rho^*_{1B} \vee \rho^*_{2B} \vee \rho^*_{3B} \vee \rho^*_{4B}$*.*

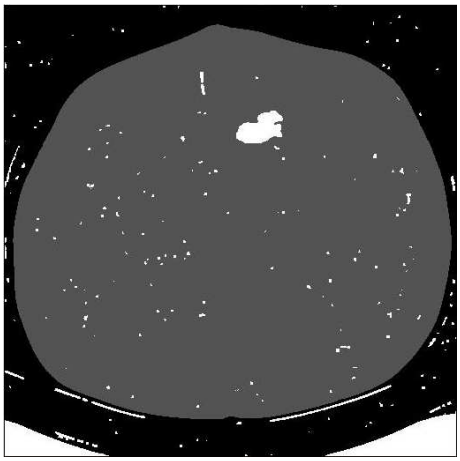


FIG. 5.5 – *Application de la ligne des partage des eaux sur l'image en bas à droite de la figure précédente (Fig 5.4). On constate que quasiment tous les points de l'abdomen appartiennent au même bassin versant. Les structures internes ne sont pas visibles.*

Conclusion sur le choix du gradient

Nous avons vu que le gradient gaussien et le gradient de Sobel effectuent un lissage de l'image qui n'est pas forcément souhaitable car il peut détruire des détails importants. Les gradients morphologiques multi-échelles sont intéressants car ils permettent d'avoir une image avec des contours plus fins. Cependant, ils sont plus longs à calculer ; de plus, ils ne semblent pas adaptés dans notre cas à l'application de la ligne de partage des eaux (en utilisant les minima régionaux de l'image du gradient multi-échelle). Dans la suite nous allons donc travailler sur le gradient interne de l'image originale, c'est à dire la différence entre l'image originale et l'image érodée par un élément structurant unitaire $3 \times 3 \times 3$.

5.2.2 Filtrage de l'image

Nous avons vu qu'une étape de filtrage est primordiale dans toute méthode de segmentation. Comme la segmentation morphologique implique d'utiliser une image gradient, on peut choisir de filtrer l'image *avant* le calcul du gradient, pour réduire l'impact du bruit et des textures, ou filtrer l'image gradient après-coup, pour réduire les aberrations dues au bruit et aux textures. Filtrer le gradient permet également de réduire le nombre de minima régionaux, pour réduire le nombre de régions dans la segmentation finale. On peut également filtrer une première fois l'image, appliquer le gradient, puis effectuer un second filtrage sur l'image gradient.

Pour réduire l'impact du bruit et des textures sur l'image gradient, il nous paraît logique et naturel de filtrer l'image originale, c'est à dire de supprimer tout de suite les détails inutiles et perturbateurs dans le calcul du gradient. Il s'agit de filtrer l'image à la "source", plutôt que de "réparer" après-coup l'image gradient.

Le filtrage de l'image originale doit être cependant choisi avec soin : il faut privilégier la conservation des contours de l'image par rapport à la réduction du bruit.

Filtres linéaires Les filtres linéaires utilisent une fenêtre, ou masque, qui va contenir des coefficients. Le filtrage se fait par corrélation de l'image avec ce masque. Le filtrage linéaire est utilisé pour effectuer une transformation linéaire sur un voisinage de points : en un point, on

calcule une combinaison linéaire des points présents dans le voisinage défini par le masque et pondérés par les coefficients du masque. Le filtrage linéaire d'une image f de taille $M \times N$ par corrélation avec un masque w de taille $m \times n$ est donné par la formule :

$$w \circ f(x,y) = \sum_{s=-a}^{a} \sum_{t=-b}^{b} w(s,t) f(x+s, y+t)$$

Le résultat est un lissage de l'image plus ou moins fort selon la taille du masque et les coefficients employés. Le filtrage linéaire peut être intéressant pour réduire le bruit présent dans une image. L'inconvénient est qu'il effectue ce lissage uniformément sur l'image entière : les contours seront donc lissés aussi bien que l'intérieur des objets, ce qui n'est pas souhaitable. L'application de ce type de filtres entraîne donc un lissage des contours, qui deviennent plus flous (voir Fig 5.6 (b)).

Filtre médian Le filtre médian est bien connu en traitement d'images. Il s'agit de trier les valeurs des points contenus dans une fenêtre, puis de garder l'intensité médiane (voir Fig 5.6 (d)). Ce filtre non-linéaire permet d'écarter les valeurs aberrantes de points dues à du bruit.

Filtres anisotropes Les filtres permettant de simplifier une image de manière à conserver au maximum ses contours sont appelés, par abus de langage en traitement d'images, filtres anisotropes. Dans [183] est faite la remarque que ces filtres devraient plutôt s'appeler filtres non-homogènes. Dans la suite nous garderons l'appellation généralement employée en traitement d'images, c'est à dire que nous appellerons ces filtres "filtres anisotropes". Les filtres anisotropes sont conçus pour résoudre le problème des filtres linéaires. Le principe de ces filtres est de lisser les zones appartenant à l'intérieur des objets, et de laisser les contours inchangés (voir Fig 5.6 (c)). Donc on effectue un fort lissage là où le gradient de l'image est faible, et un lissage beaucoup plus faible là où le gradient est fort. Pour plus de détails sur ces méthodes, on peut se référer à [75, 183].

Nous excluons donc les filtres linéaires : ce type de filtre adoucit et lisse les contours, ce que nous voulons éviter. Pour la suppression du bruit, le filtre médian est généralement très efficace : il permet d'éliminer les valeurs aberrantes de l'image dues au bruit. Cependant, s'il laisse en grande partie les contours inchangés, il peut entraîner certains déplacements. Les filtres anisotropes sont également très intéressants, car ils réduisent le bruit sans déformer les contours. Nous nous intéresserons donc essentiellement à ces deux types de filtres.

5.2.3 Marqueurs

Une fois calculée l'image qui sera utilisée pour la ligne de partage des eaux, il nous faut calculer la deuxième donnée de la segmentation morphologique, que sont les marqueurs utilisés pour "inonder" le relief topographique formé par l'image précédente. Une grande partie du contrôle de la segmentation morphologique vient de là. Deux types d'approches sont envisageables :

- Les marqueurs sont extraits automatiquement de l'image originale ou de l'image gradient en utilisant des propriétés simples. En général, les marqueurs utilisés sont les minima régionaux de l'image gradient. Ces marqueurs correspondent donc aux régions homogènes (là où le gradient est faible, voire nul) de l'image originale. Utiliser ces marqueurs sans précautions engendre cependant la plupart du temps une sur-segmentation, corrigée habituellement en filtrant les minima de l'image gradient.
- Les marqueurs sont choisis en utilisant des algorithmes plus complexes, dépendants de l'application.

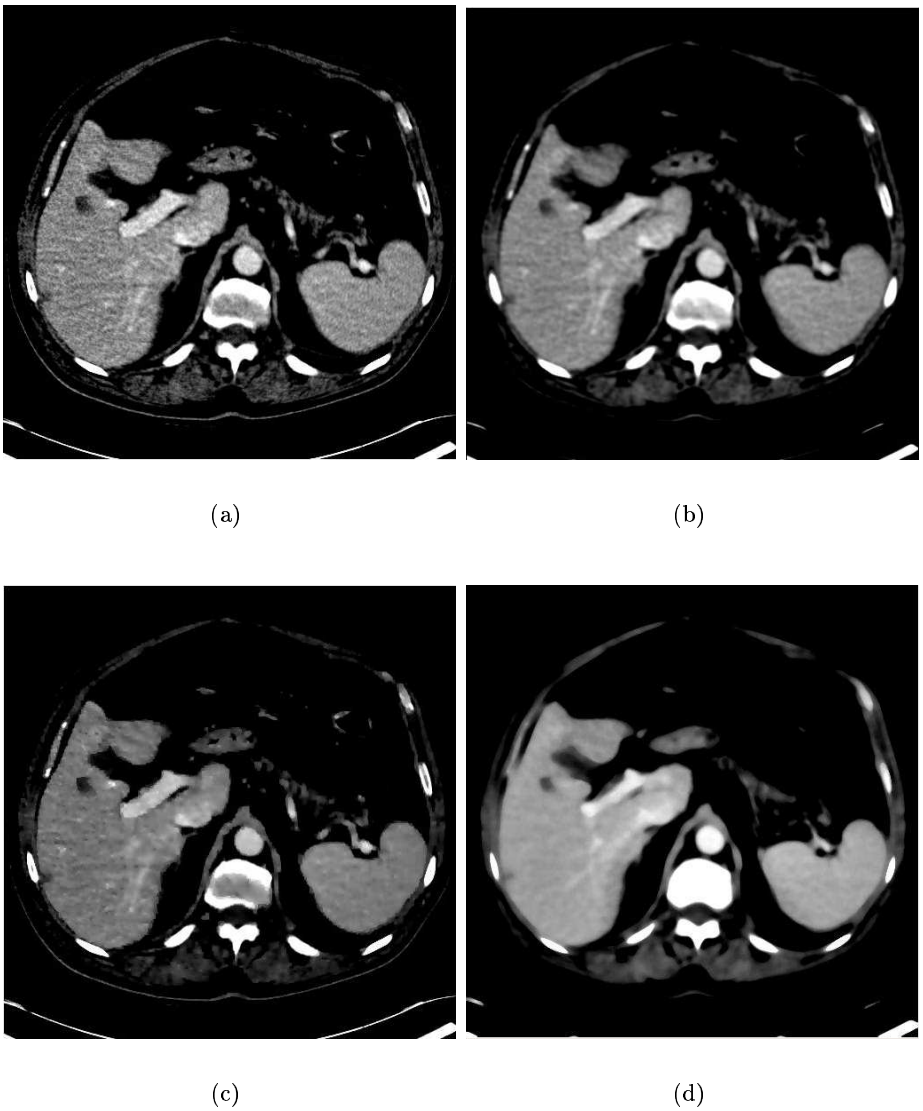


FIG. 5.6 – *a) Image originale, b) Filtrage linéaire de l'image, c) Filtrage anisotrope, d) Filtre médian*

Nous avons choisi d'expérimenter ces deux approches de segmentation. La première approche est utilisable sur tous les types d'images, sans connaître le contexte. Nous la qualifierons donc de segmentation sans connaissance ajoutée. La seconde approche en revanche dépend du domaine étudié. Nous la qualifierons donc de segmentation avec connaissance ajoutée : pour celle-ci, nous proposons deux algorithmes de segmentation.

5.3 Segmentation sans connaissance ajoutée

Ce type de segmentation est très général dans le sens où on peut l'appliquer dans n'importe quel domaine. C'est une méthode de segmentation qui peut être mise en oeuvre rapidement dans le cadre d'un système de vision par ordinateur. La segmentation consiste à utiliser les minima régionaux d'une image comme marqueurs pour l'algorithme de ligne de partage des eaux. Nous avons vu cependant que l'utilisation brute des minima régionaux engendre une sur-segmentation plus ou moins forte selon l'image étudiée. Cette sur-segmentation est due en général à l'intensité non-uniforme des objets. Ce phénomène peut être dû à du bruit, ou à la texture des objets. Idéalement, si chaque objet avait une intensité uniforme, il y aurait un minima par objet dans l'image gradient, et il n'y aurait donc pas de sur-segmentation lors de l'application de la ligne de partage des eaux.

Un moyen de résoudre le problème de la sur-segmentation consiste à contrôler le nombre de minima de l'image gradient. On va filtrer ces minima pour garder les plus significatifs et éliminer les autres ou les faire fusionner avec d'autres minima. La sur-segmentation est totalement éliminée lorsqu'on arrive à obtenir autant de régions que d'objets dans l'image.

Deux types de segmentation peuvent être envisagées : soit on segmente simultanément tous les objets de l'image, dans ce cas la segmentation est dite complète ; soit on se concentre sur un objet en particulier, c'est à dire on fait en sorte que le filtrage des minima nous donne une région correcte correspondant à l'objet d'intérêt. Dans ce dernier cas, on effectue une segmentation partielle.

Effectuons tout d'abord une segmentation morphologique sur une image originale, sans traitement spécifique. Nous prenons le gradient morphologique interne et ses minima régionaux comme données de la ligne de partage des eaux. Voyons le résultat sur la figure 5.7

On constate que l'image du gradient interne de l'image originale contient 641400 minima régionaux, qui engendrent donc le même nombre de bassins versants après application de la ligne de partage des eaux. Nous représentons les bassins versants (Fig 5.7 (c)) sous la forme d'une image mosaïque : chaque zone plate correspondant à un bassin versant a une intensité correspondant à l'intensité moyenne des points la composant dans l'image originale (et non dans l'image gradient).

$$I(B_i) = \frac{\sum_{x \in (B_i)} f(x)}{card(B_i)},$$

où B_i est un ensemble de points composant le bassin versant i, f est la fonction de l'image originale, et $I(B_i)$ l'intensité du bassin versant i. La ligne de partage des eaux elle-même, c'est à dire la frontière entre les bassins versants (représentée sur la figure 5.7 (c) par une ligne d'un point d'épaisseur) est difficilement visible à cause du nombre de régions. Le grand nombre de minima régionaux du gradient est directement lié au bruit et à la texture de l'image originale.

Nous allons donc filtrer l'image originale par un filtre médian. Le masque ou élément structurant utilisé est une boule de 5 points de rayon. On peut voir sur la figure 5.8 le résultat de la ligne de partage des eaux sur l'image filtrée. Le filtre médian permet de réduire visuellement

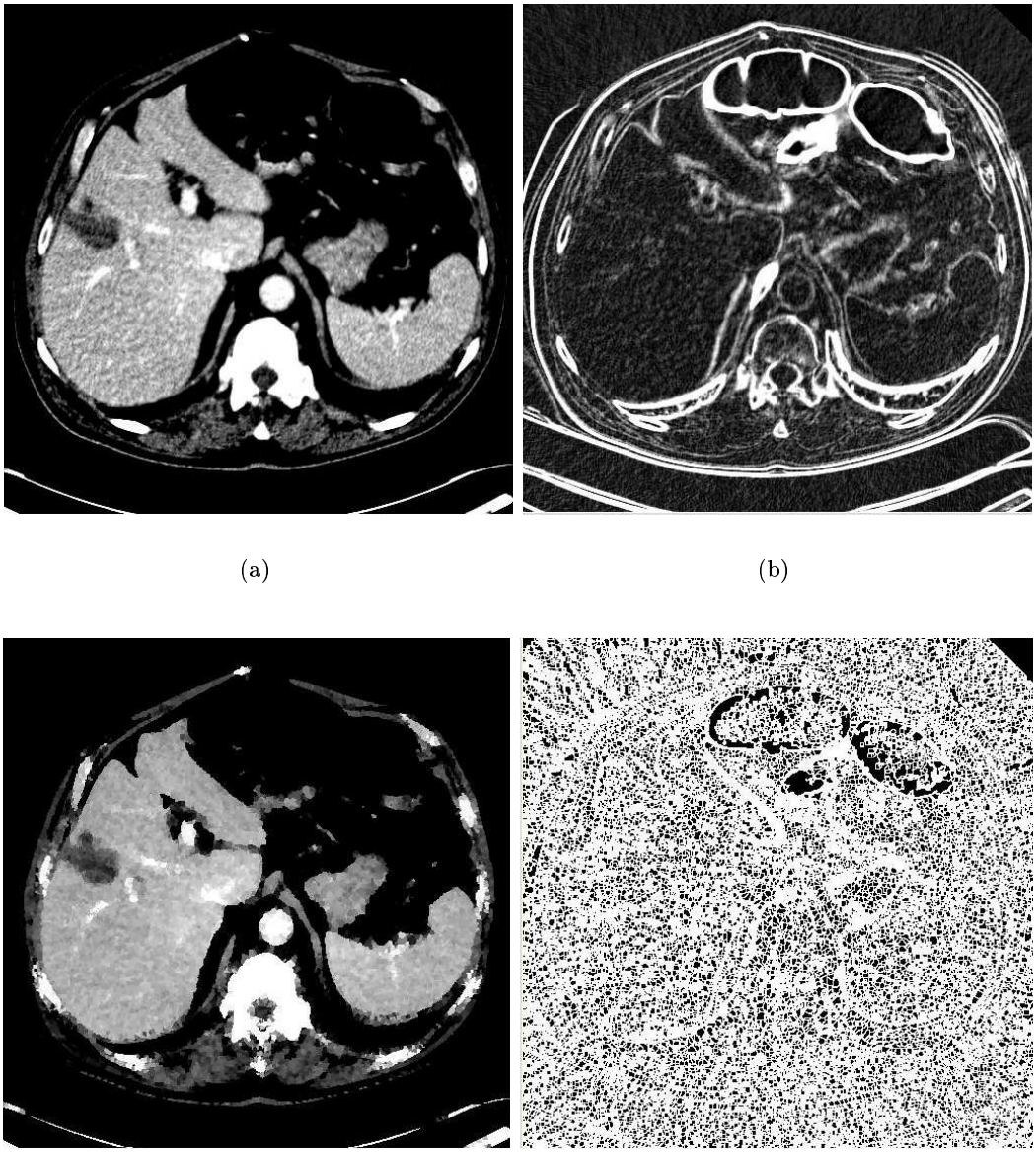


FIG. 5.7 – *a) Coupe de l'image source* ($512 * 512 * 96$)*, b) Coupe de l'image du gradient interne (641400 minima régionaux), c) Coupe de l'image mosaïque des bassins versants, d) Coupe de l'image de la ligne de partage des eaux*

le bruit (Fig 5.8 (a)). Le nombre de minima de l'image gradient est réduit à 263069, ce qui est presque trois fois moins que sur l'image gradient de l'image originale. Ce nombre cependant est encore très élevé. Nous pouvons encore améliorer le filtrage de l'image source, mais au risque de détériorer et de perdre de l'information sur les contours. Nous allons donc maintenant essayer de filtrer les minima de l'image gradient.

5.3.1 Filtrage des minima

Nous voulons garder les minima les plus significatifs. Un minima significatif marque dans l'image originale une zone homogène correspondant à un objet d'intérêt. Idéalement, nous voudrions conserver uniquement les minima significatifs. Les techniques utilisées habituellement pour filtrer les minima utilisent des filtres connexes (voir chapitre 4). Les critères utilisés habituellement sont le contraste, l'aire et le volume.

Filtre de contraste

On peut considérer que le contraste des zones plates correspondant aux minima permet de différencier les minima significatifs des autres. On fait l'hypothèse que les minima fortement contrastés sont significatifs, tandis que les minima faiblement contrastés correspondent à du bruit. L'opérateur utilisé pour filtrer les minima selon leur contraste est l'opérateur connexe h-min. Il permet de conserver tous les minima dont le contraste , c'est à dire la profondeur ou dynamique, est supérieur à un seuil h, et de faire fusionner les autres.

La figure 5.9 illustre le résultat de l'opérateur h-min pour $h = 3$ sur l'image gradient de la figure 5.8 (b), et l'effet sur la ligne de partage des eaux. On constate que le nombre de minima est significativement réduit : il passe de 263069 sur l'image gradient de l'image source filtrée à 38726 sur l'image gradient filtrée. Le nombre de régions de la ligne de partage des eaux correspondant à la segmentation finale diminue en conséquence. On constate sur la figure 5.9 (c) qu'on obtient visuellement des bassins versants proches des structures présentes dans l'image TDM. En particulier on constate qu'on obtient une large zone plate correspondant au foie à gauche, ainsi qu'une zone plate correspondant à la rate (en bas à droite).

Ouverture d'aire

Une méthode simple pour différencier les minima significatifs des autres minima est de comparer leur aire : on suppose alors que les minima ayant une grande aire sont plus significatifs que les autres. On peut également supposer que les "petits" minima au sens de leur aire sont dus à du bruit. L'ouverture d'aire est un opérateur connexe qui permet de ne conserver que les zones plates dont l'aire est supérieure à un certain seuil. Nous avons vu dans le chapitre 4 que cet opérateur s'applique aussi bien aux images à niveaux de gris qu'aux images binaires. Cependant dans notre cas, nous voulons conserver les minima ayant une aire importante, et supprimer les autres. Nous allons donc appliquer l'ouverture d'aire binaire à l'image en pseudo niveaux de gris des labels correspondant aux minima de l'image gradient. Nous allons conserver toutes les zones plates correspondant à des minima dont l'aire est supérieure à un seuil λ, et supprimer les autres. La figure 5.10 illustre l'effet de l'ouverture d'aire sur les minima. Nous sommes partis de l'image précédente, c'est à dire une image gradient filtrée par un opérateur h-min où $h = 3$. On constate que pour une ouverture d'aire de 64 voxels (c'est à dire le volume correspondant à un cube de $4 \times 4 \times 4$), le nombre de minima passe de 38726 sur l'image précédente à 919 (Fig 5.10 (a) et (b)). Pour une ouverture d'aire de 1000 voxels, le nombre de minima est réduit à 73 (Fig 5.10 (c) et (d)). Sur ces dernières images, on constate cependant une sous-segmentation au niveau du

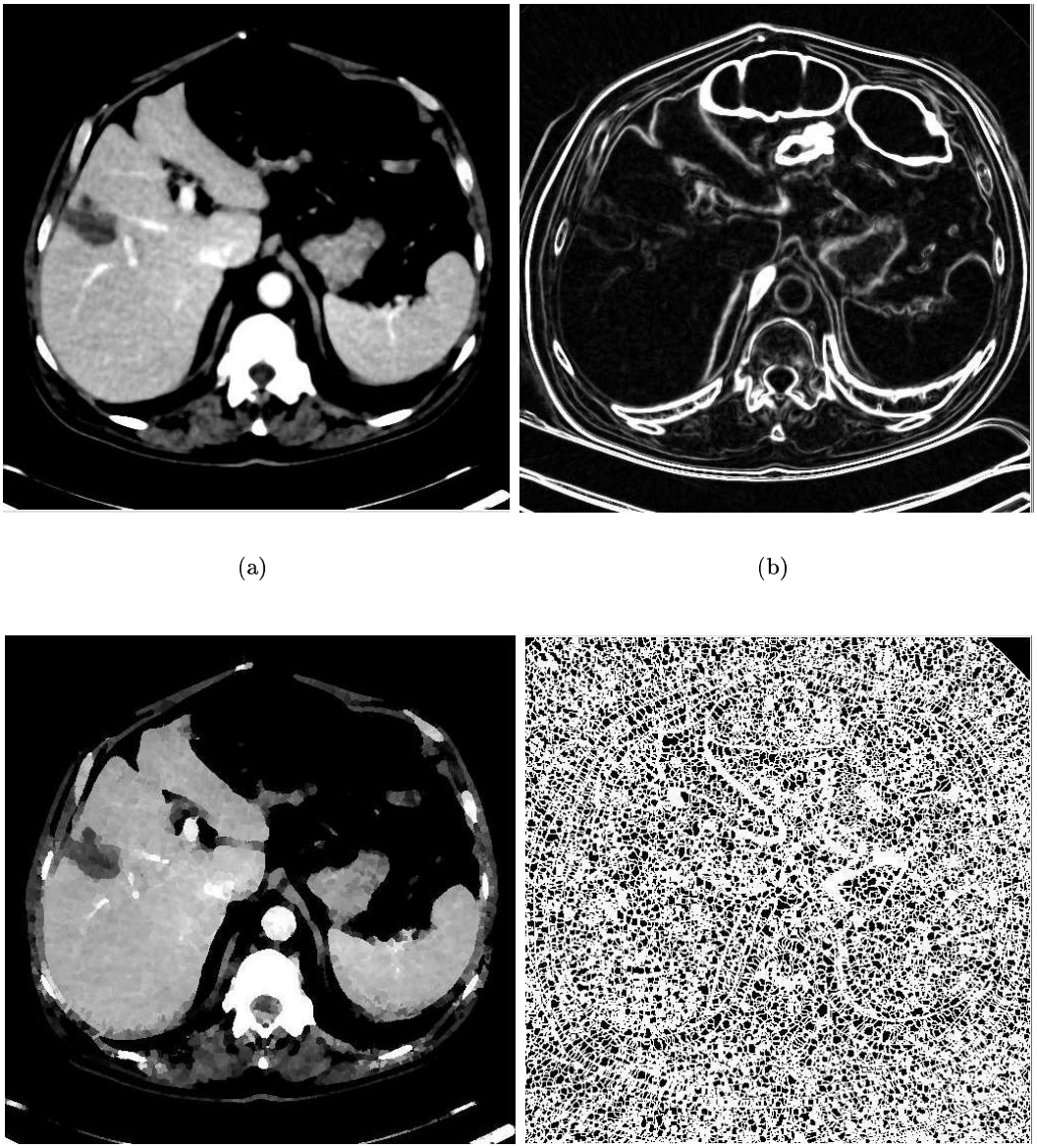


FIG. 5.8 – *a) Coupe de l'image source filtrée*($512 \times 512 \times 96$)*, b) Coupe de l'image du gradient interne (263069 minima régionaux), c) Coupe de l'image mosaïque des bassins versants, d) Coupe de l'image de la ligne de partage des eaux*

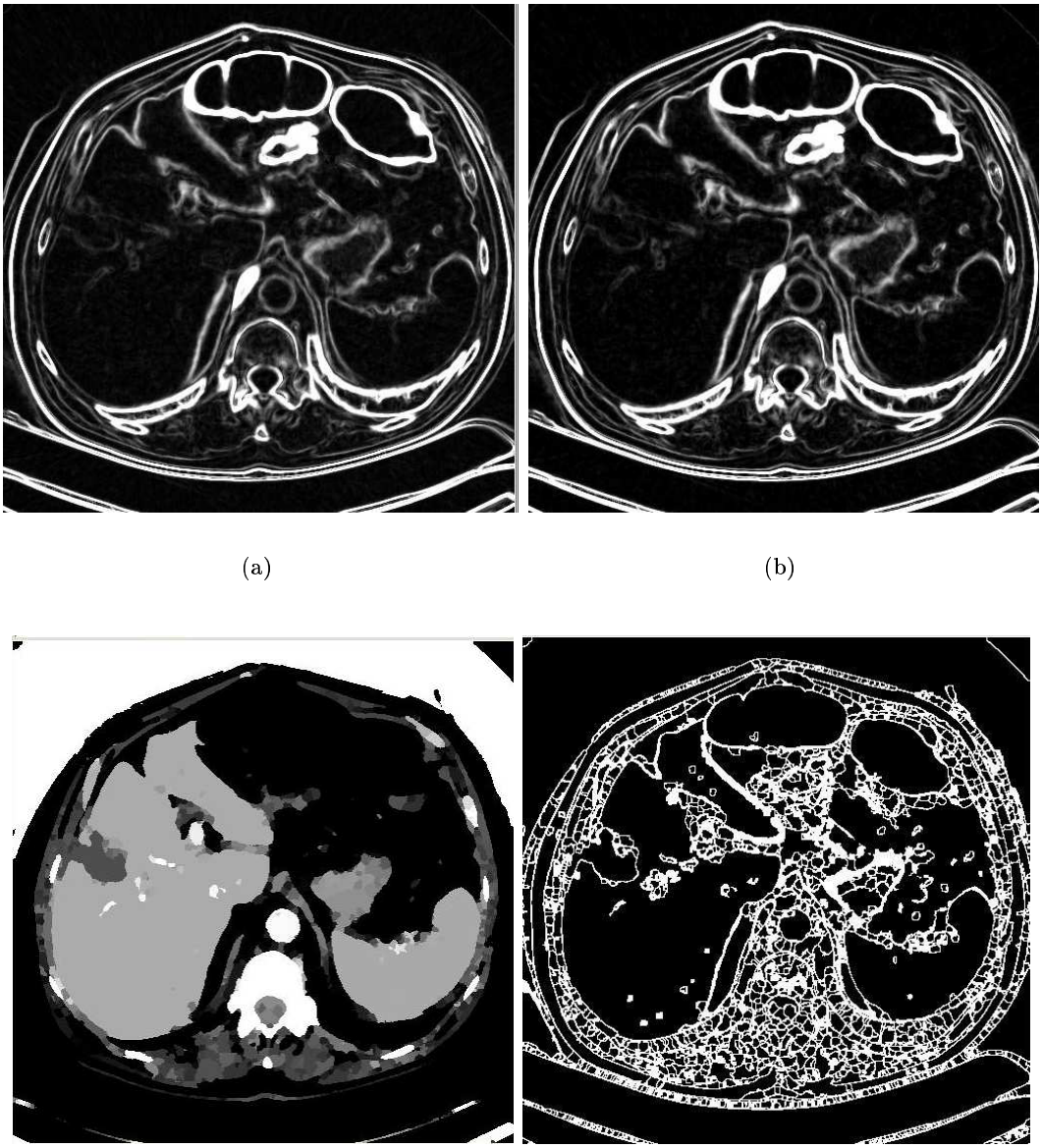


FIG. 5.9 – *a) Coupe de l'image gradient de l'image filtrée, b) Coupe de l'image gradient filtrée par un h-min (h=3), c) Coupe de l'image mosaïque des bassins versants, d) Coupe de l'image de la ligne de partage des eaux*

foie : par endroit la zone plate correspondant au foie a fusionné avec la zone plate correspondant aux muscles intercostaux proches du foie.

5.3.2 Algorithmes de fusions de régions

Nous avons vu dans le chapitre 4 le concept de graphe d'adjacence (RAG) introduit par Salembier, ainsi que la méthode générale de conception d'un algorithme de fusion de régions. Les algorithmes de fusion de régions considèrent l'image comme un graphe de zones plates et simplifient cette image en effectuant uniquement des fusions de zones plates. Du point de vue du graphe d'adjacence, on va fusionner des noeuds selon certains critères. Les algorithmes de fusion de régions permettent donc de simplifier une image en modélisant différents critères de fusion, ce qui n'est pas possible en utilisant les seuls opérateurs connexes vus précédemment (h-reconstructions, ouvertures d'aire, ...).

Utiliser un tel algorithme pour simplifier une image est cependant délicat, car de nombreux paramètres entrent en jeu. Nous avons vu dans le chapitre 4 qu'il y a trois types de paramètres dans un tel algorithme :

- L'ordre de fusion ;
- Le critère de fusion ;
- Le modèle de région lorsque deux régions fusionnent.

Outre ces trois paramètres, il faut établir également un critère d'arrêt de l'algorithme. Pour cela on peut s'appuyer sur le nombre de régions restantes : si on cherche n objets dans l'image, on peut utiliser comme critère d'arrêt de l'algorithme le moment où il ne reste que n régions dans l'image. Cependant, rien n'assure que ces n régions correspondent à une segmentation correcte des n objets : il paraît donc illusoire (sauf dans certains cas où l'image est composé d'objets très homogènes) de segmenter une image de cette façon. En revanche, ce type d'algorithmes est très efficace pour simplifier ou filtrer une image.

Nous décrivons maintenant un algorithme de fusion de régions que nous avons implémenté dans le but de simplifier encore l'image mosaïque obtenue lors des étapes précédentes. Cet algorithme reprend le principe général de Salembier [136]. Nous l'utilisons comme un post-traitement qui permet de faire fusionner itérativement certaines zones plates.

Initialisation du graphe

La première étape de l'algorithme est la création du graphe d'adjacence à partir de l'image source : dans notre cas il s'agit d'une image mosaïque de bassins versants. Un noeud est associé à chaque zone plate de l'image, et une arête est créée entre deux noeuds si les zones plates correspondantes sont adjacentes. Chaque arête est valuée par un poids, correspondant à l'ordre de fusion.

La construction du graphe étant, on le voit, très coûteuse en mémoire, il est nécessaire d'utiliser une image simplifiée pour utiliser ce type d'algorithmes : en effet, si le nombre de zones plates est très élevé (ce qui est le cas lorsque les images sont brutes), il peut arriver qu'il n'y ait pas assez de mémoire pour stocker le graphe.

Le fait d'utiliser uniquement une image simplifiée (image mosaïque) fait perdre de l'information correspondant à l'image originale. En particulier, lors du calcul de certains attributs (l'intensité moyenne d'une région par exemple), il peut être plus intéressant de prendre l'image originale ; c'est pourquoi nous utiliserons l'image mosaïque comme représentation finale de l'image simplifiée (correspondant au graphe et à la sortie de l'algorithme), et l'image originale pour calculer certains attributs (moyenne, variance...).

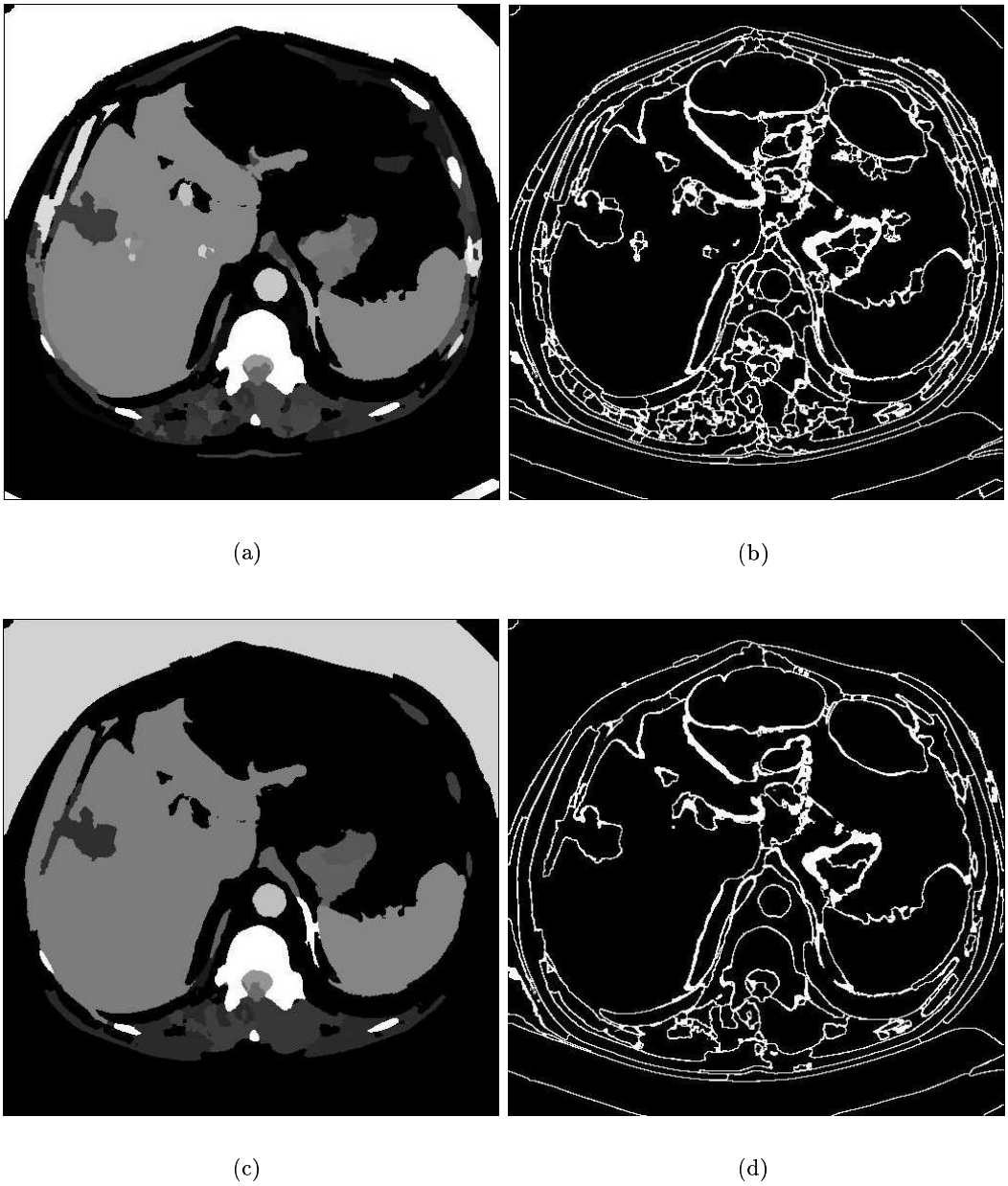


FIG. 5.10 – *a) Bassins versants issus de l'image 5.9 b) dont les minima ont été filtrés par une ouverture d'aire de 64 voxels b) Ligne de partage des eaux correspondant aux bassins versants précédents c) Bassins versants issus de l'image 5.9 b) dont les minima ont été filtrés par une ouverture d'aire de 1000 voxels, d) Ligne de partage des eaux correspondant aux bassins versants précédents*

Concrètement, nous utilisons pour représenter le graphe une structure de données composée d'une liste d'arêtes actives, les arêtes étant représentées par un triplet $A(R_1, R_2, v)$, où R_1 et R_2 représentent l'identifiant (entier) des régions pointées par l'arête, et v la valuation de l'arête. Nous utilisons un tableau de régions composé de toutes les régions de l'image de départ, possédant un label unique. Un certain nombre d'attributs sont associés à chaque région (somme des niveaux de gris, nombre de points, etc...) ainsi qu'une liste composée des régions voisines, et une liste composée des sous-régions absorbées par la région courante. Chaque région est également marquée comme active, si elle est toujours présente dans le graphe, ou inactive, si elle a été absorbée par une autre région. Nous évitons la redondance dans le stockage des arêtes : chaque arête n'est présente qu'une fois (on considère que chaque triplet d'arête $A(R_1, R_2, v)$ est tel que $R_1 < R_2$). Le fait d'utiliser à la fois une liste d'arêtes et un tableau de régions dont chaque région comporte également une liste constituée de ses régions voisines peut sembler superflu : en fait, nous verrons dans la suite que maintenir une liste d'arêtes courantes est nécessaire pour avoir un accès rapide aux arêtes.

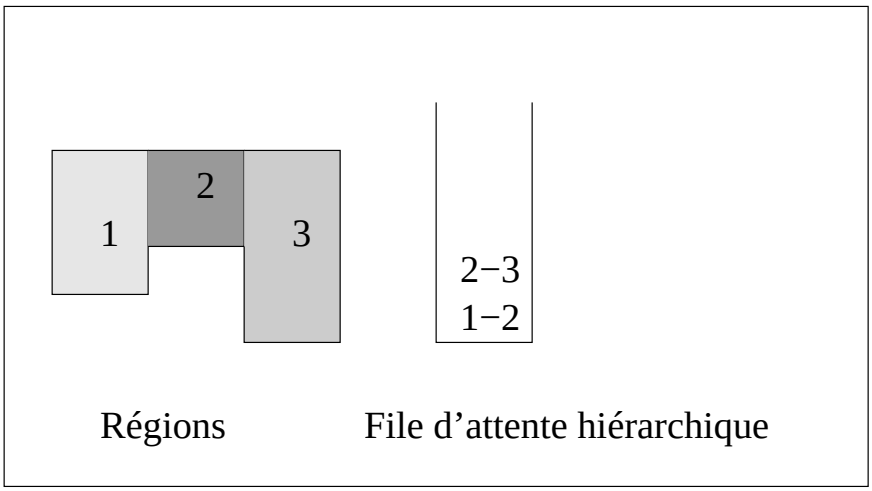
Fusion itérative des régions

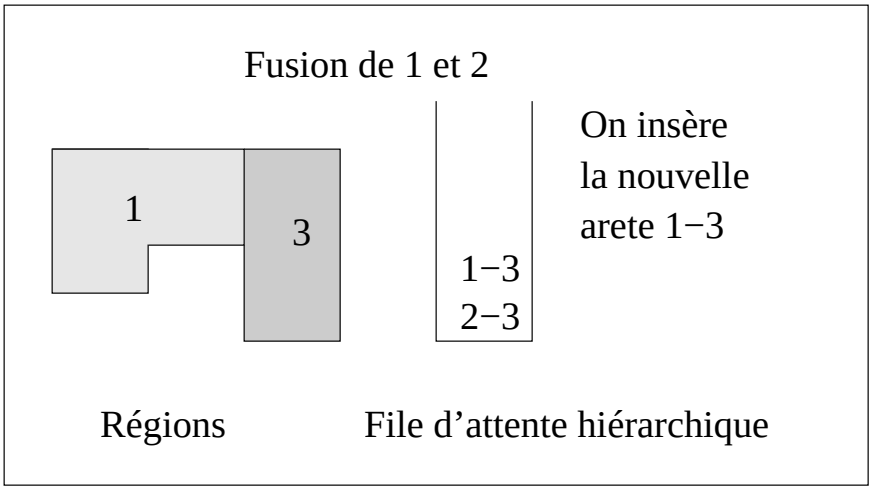
La deuxième étape consiste à parcourir itérativement les arêtes selon l'ordre de fusion (dans l'ordre croissant de leur valuation) et à décider de leur fusion en utilisant le critère de fusion. Après chaque fusion, le graphe doit être mis à jour.

Plusieurs choix d'implémentations pour la gestion de la liste des arêtes valuées s'offrent à nous :

- La première solution, basique, consiste à tenir à jour une liste triée des arêtes valuées existantes, la valuation d'une arête correspondant à l'ordre de fusion (différence de niveaux de gris entre deux régions par exemple). A chaque fusion il faut parcourir la liste pour éliminer les arêtes obsolètes. Ceci est très coûteux en temps de calcul.
- La deuxième solution consiste à utiliser une file d'attente hiérarchique, ou file de priorité. Deux solutions existent dans ce cas. La première consiste à tenir à jour la file de priorité et à effacer de la file les arêtes obsolètes : ceci se ramène au cas précédent et est très coûteux en temps de calcul. La deuxième solution consiste à laisser les arêtes obsolètes dans la file. C'est cette solution que nous avons choisie, car elle est la moins coûteuse en temps de calcul (mais utilise bien sûr beaucoup plus de mémoire). Le principe est donc de vérifier, à chaque fois que l'on extrait une arête de la file, que cette arête est valide. Lors de l'extraction d'une arête de la file, trois cas peuvent se présenter :

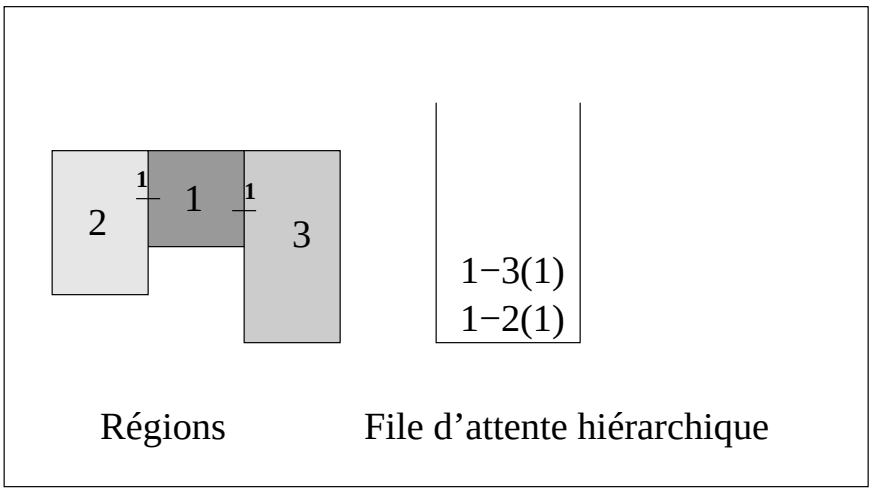
  1. L'arête n'est pas valide car l'une des deux régions pointées par l'arête n'est plus active (elle a été fusionnée).

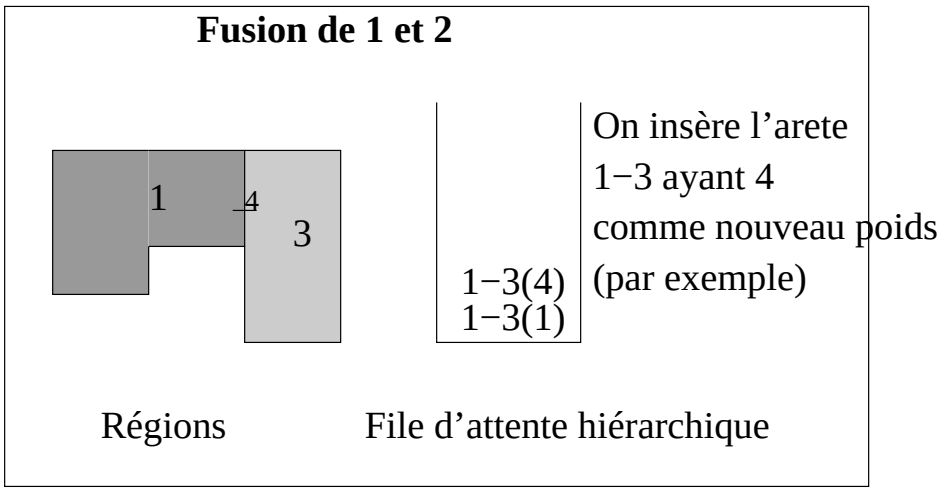




Lors de l'extraction de l'arête 2-3, la région 2 n'existe plus : l'arête n'est plus valide, on la retire donc de la file.

2. L'arête n'est pas valide car son poids est obsolète (l'arête a donc été réinsérée dans la file avec le nouveau poids).





Lors de l'extraction de l'arête 1-3, la valuation de l'arête stockée dans la file ne correspond pas à la valuation courante de l'arête dans le graphe : l'arête n'est pas valide, on la retire donc de la file.

3. Si les deux conditions précédentes ne sont pas vérifiées, l'arête est valide, on effectue donc la fusion des deux régions pointées par l'arête extraite de la file.

On va donc gérer une structure de donnée contenant les arètes existantes, ainsi que leur valuation courante. On va également utiliser une file d'attente hiérarchique contenant les arêtes classées selon leur valuation.

Voici les différents paramètres implémentés :

Ordre de fusion

Plusieurs fonctions ont été implémentées pour l'ordre de fusion.

1. La première fonction est triviale : il s'agit de la différence de niveaux de gris entre deux régions :

$$O_1(R_1, R_2) = M_{R_1} - M_{R_2}$$

En utilisant cette fonction comme ordre de fusion, les régions dont la différence d'intensité est la plus faible seront fusionnées en premier. Cette fonction cependant est indépendante des autres attributs de régions.

2. La deuxième fonction implémentée a été introduite dans [136] et anticipe la valeur du modèle de région après fusion de $R1$ et $R2$:

$$O_2(R_1, R_2) = N_1(M_{R_1} - M(R_1, R_2))^2 + N_2(M_{R_2} - M(R_1, R_2))^2$$

Cette fonction favorise la fusion de petites régions ayant une faible différence d'intensité avec la région finale obtenue après fusion. A noter que dans le cas où le modèle M est le modèle médian, l'ordre de fusion se ramène à $O(R_1, R_2) = \min(N_1, N_2)(M_{R_1} - M_{R_2})^2$.

3. La troisième fonction implémentée est l'amplitude des niveaux de gris entre deux régions :

$$O_3(R_1, R_2) = \max(NDG_{max}(R_1), NDG_{max}(R_1)) - \min(NDG_{min}(R_1) - NDG_{min}(R_2)),$$

où $NDG_{max}(R)$ et $NDG_{min}(R)$ représentent respectivement le niveau de gris maximal et minimal de la région R. Cet ordre de fusion permet d'effectuer en premier des fusions engendrant des régions de faible amplitude.

4. La quatrième fonction implémentée est utilisée comme critère de fusion dans [195] : il s'agit de la distance de Fisher.

$$O_4(R_1, R_2) = \frac{(N_1 + N_2)(\mu_1 - \mu_2)^2}{N_1\sigma_1^2 + N_2\sigma_2^2}$$

où μ_n est la moyenne des niveaux de gris de la région n, et σ_n l'écart-type des niveaux de gris de la région n.

5. La cinquième fonction implémentée est la différence de variance entre deux régions :

$$O_5(R_1, R_2) = VAR(R_1) - VAR(R_2),$$

où $VAR(R)$ représente la variance de la région R. Cette fonction permet de faire fusionner en priorité des régions ayant des propriétés texturales similaires (au sens de la variance).

Modèle de fusion

Le modèle de fusion représente la manière de modéliser la fusion de deux régions ; nous avons implémenté trois modèles de fusion.

1. Le premier modèle est le modèle médian :

$$M_1(R_1, R_2) = \begin{cases} M_{R_1} & si\ N_1 > N_2 \\ M_{R_2} & si\ N_1 < N_2 \\ \frac{M_{R_1}+M_{R_2}}{2} & si\ N_1 = N_2 \end{cases}$$

Lors de la fusion de deux régions, la région résultante aura un niveau de gris égal à celui de la plus grande région. Si les tailles des régions sont égales, on prend la moyenne des niveaux de gris.

2. Le deuxième est le modèle moyenne calculé ainsi :

$$M_2(R_1, R_2) = \frac{N_1 * M_{R_1} + N_2 * M_{R_2}}{N_1 + N_2}$$

Dans ce cas, la moyenne des niveaux de gris composant les régions est estimé à chaque fusion.

3. Le troisième modèle implémenté calcule la moyenne réelle des régions à partir de l'image originale : pour cela, chaque région possède comme attribut la somme des niveaux de gris de ses points dans l'image originale :

$$M_3(R_1, R_2) = \frac{S_{ndg}(R_1) + S_{ndg}(R_2)}{N_1 + N_2},$$

où $S_{ndg}(R)$ représente la somme des niveaux de gris de la région R.

Critère de fusion

Dans cette implémentation, nous avons choisi de ne pas utiliser de critère de fusion : toute paire de régions est fusionnée selon l'ordre de fusion. C'est donc uniquement l'ordre de fusion qui va guider les fusions de régions.

Mise à jour des régions

Lorsque deux régions fusionnent, une des deux régions est en fait absorbée par l'autre ; dans notre implémentation, nous avons choisi de conserver la région dont le label est le plus petit. Cette région absorbe la seconde région. Lors de la fusion, outre la mise à jour des relations d'adjacences, un certain nombre de critères doivent être recalculés pour la région résultante. Voici la description de la procédure de fusion de deux régions $R1$ et $R2$ (on suppose que la région R_1 a un label inférieur au label de R_2) :

Algorithme 7: *FUSION(R1,R2)*

effacer de S_A : $A(R_2, V(R_2))$ et $A(V(R_2), R_2)$;
effacer de S_A : $A(R_1, R_2)$;
insérer dans S_A : $A(R_1, V(R_1 \cup R_2), v)$;
insérer dans la file d'attente hiérarchique $(v, A(R_1, V(R_1 \cup R_2)))$;
insérer la région R_2 dans la liste des sous-régions de R_1 ;
$N(R_1) = N_1 + N_2$;
$S_{ndg}(R1) = S_{ndg}(R_1) + S_{ndg}(R_2)$;
$M(R_1) = MODELE(R_1, R_2)$;
$NDG_{max}(R_1) = \max(NDG_{max}(R_1), NDG_{max}(R_2))$;
$NDG_{min}(R_1) = \min(NDG_{min}(R_1), NDG_{min}(R_2))$;
$MOY(R_1) = \frac{(N_1 * MOY_1 + N_2 * MOY_2)}{N_1 + N_2}$;
$VAR(R_1) = \frac{N_1 * VAR(R_1) + N_2 * VAR(R_2) + (N_1 * N_2) * (MOY_1 - MOY_2)^2}{N_1 + N_2}$;
$ACTIF(R_2) = 0$;

- S_A représente la structure d'arêtes (liste contenant les arêtes courantes et leur valuation).
- $A(R1, R2)$ est l'arête existante entre les régions $R1$ et $R2$.
- $V(R)$ est l'ensemble des voisins de la région R.
- v est la nouvelle valuation de l'arête.
- N_1 et N_2 représentent le nombre de points associé aux deux régions R_1 et R_2.
- $N(R_1)$ est le nouveau nombre de points de la région fusionnée R_1.
- $S_{ndg}(R)$ représente la somme des niveaux de gris de la région R.
- $M(R_1)$ représente le nouveau modèle de la région R_1, calculé à partir des attributs des deux régions R_1 et R_2 selon le modèle de fusion choisi.
- $NDG_{max}(R)$ et $NDG_{min}(R)$ représentent respectivement le niveaux de gris maximal et minima de la région R.
- $MOY(R_1)$ est la nouvelle moyenne de la région R_1 calculée à partir du nombre de points et des moyennes des régions fusionnées R_1 et R_2.
- $VAR(R_1)$ représente la nouvelle variance de la région R_1.

Critère d'arrêt

L'algorithme de fusion s'arrête dès que le nombre de régions voulu est atteint. Ainsi, on peut contrôler le nombre de régions de l'image de sortie.

Application de l'algorithme

L'implémentation de cet algorithme semble efficace d'un point de vue temps de calcul : il faut environ une minute sur une image $180 \times 180 \times 96$ pour passer de 35000 zones plates à 500

zones plates, et deux minutes sur une image de taille originale $512 \times 512 \times 96$. Son point faible est la place mémoire qu'il utilise. En effet, il n'est pas possible de lancer l'algorithme de fusion sur des images possédant un trop grand nombre de zones plates. L'image sur laquelle est appliquée l'algorithme doit donc être simplifiée ; pour cela nous utilisons des images mosaïques.

Le modèle moyen approximé conduit à une baisse rapide du niveau de gris des zones plates, due à l'approximation de la moyenne faite à chaque fusion. De ce point de vue, le modèle utilisant la moyenne réelle est plus stable visuellement. De très bons résultats visuels sont obtenus avec le modèle médian.

L'ordre O_1 fusionne les régions selon leur différence de niveaux de gris, indépendamment de leur taille : de ce fait, il existe une grande disparité entre la taille des régions. Des fusions successives peuvent conduire à de très grandes régions, cohabitant avec de très nombreuses petites régions. Visuellement, l'image se dégrade donc assez vite, dans le sens où des fusions de grande régions ont lieu, tandis que d'innombrables petites régions sont toujours là.

L'ordre O_2 introduit la taille des régions et favorise la fusion des petites régions. On aboutit ainsi à une image composée de régions de tailles relativement homogènes. L'image résultante est visuellement stable, même pour un nombre de régions très faible.

L'ordre O_3 fusionne les régions d'amplitude similaires : visuellement, en n'utilisant que ce critère, l'image se dégrade vite.

L'ordre O_4, utilisant la distance de Fisher, donne des résultats comparables à O_2. Cependant, des fusions non souhaitables ont parfois lieu, ce qui est dû à la présence de la somme des variances pondérées présentes dans le dénominateur de la fonction.

D'un point de vue visuel, les meilleurs résultats sont obtenus en utilisant comme modèle le modèle médian, et comme ordre l'ordre O_2.

Sur la figure 5.11 on peut voir la différence entre les différents ordre de fusion, en utilisant comme modèle le modèle médian, et en ayant comme critère d'arrêt $N = 500$.

Horaud et Monga [63], en décrivant un algorithme similaire de fusion de régions, proposent d'effectuer une fusion progressive en utilisant différents critères. Ils proposent d'effectuer la fusion dans cet ordre :

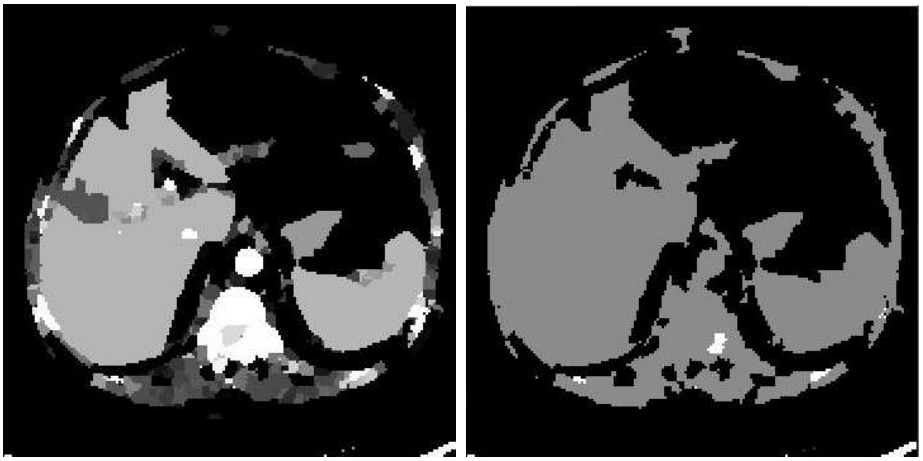
1. Le premier critère utilisé est l'amplitude des variations des niveaux de gris.
2. Le second critère est la variance des niveaux de gris.
3. Le troisième critère est la présence d'un faible gradient entre deux régions.

Nous avons testé des fusions de régions basées sur un ordre similaire. La difficulté ici est de choisir un critère d'arrêt permettant de passer d'un ordre de fusion à un autre. Le critère d'arrêt peut être fondé sur le nombre de régions restant dans l'image, ou bien sur des critères physiques propres à l'ordre utilisé. Par exemple, on peut décider d'arrêter la fusion basée sur l'amplitude lorsqu'il n'y a plus de régions dont la différence d'amplitude est inférieure à un certain seuil.

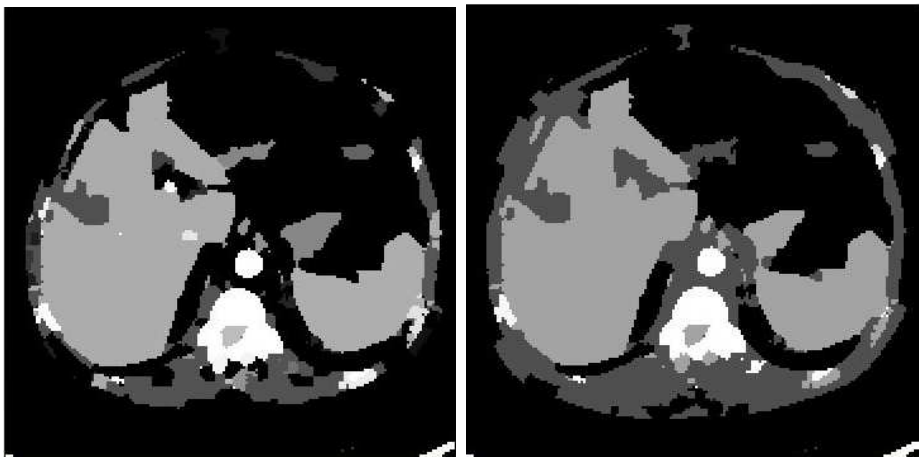
Résultats obtenus

La figure 5.12 montre un résultat de notre algorithme de fusion de régions sur une image réduite à la zone d'intérêt de la rate. Cet exemple montre que cet algorithme peut être très efficace pour éliminer la sur-segmentation.

La figure 5.13 montre encore un exemple de résultat de l'algorithme de fusion de régions appliqué à une région d'intérêt du foie. On constate dans ce cas la difficulté d'estimer à l'avance le critère d'arrêt, qui est un des principaux inconvénients de ce type d'algorithmes.



(a) (b)



(c) (d)

FIG. 5.11 – *a) Image mosaïque source, b) Après application de l'algorithme de fusion avec N=500, modèle médian, ordre de fusion O_1 : on obtient une seule zone plate pour toutes les structures visibles, c) Ordre de fusion O_2 : l'image semble relativement proche de l'image mosaïque originale, avec cependant des petites régions qui ont été fusionnées à l'intérieur du foie et au bord de la rate (ce qui est désirable), d) Ordre de fusion O_3 : on constate que la rate fusionne avec une petite structure au-dessus.*

FIG. 5.12 – *Résultat de notre algorithme de fusion de régions. A gauche : Image mosaïque sur-segmentée de la région d'intérêt de la rate. (6445 zones plates). A droite : résultat obtenu en utilisant le modèle médian (M_1) et l'ordre O_2. (100 zones plates). On constate que la sur-segmentation de la rate a été éliminée.*

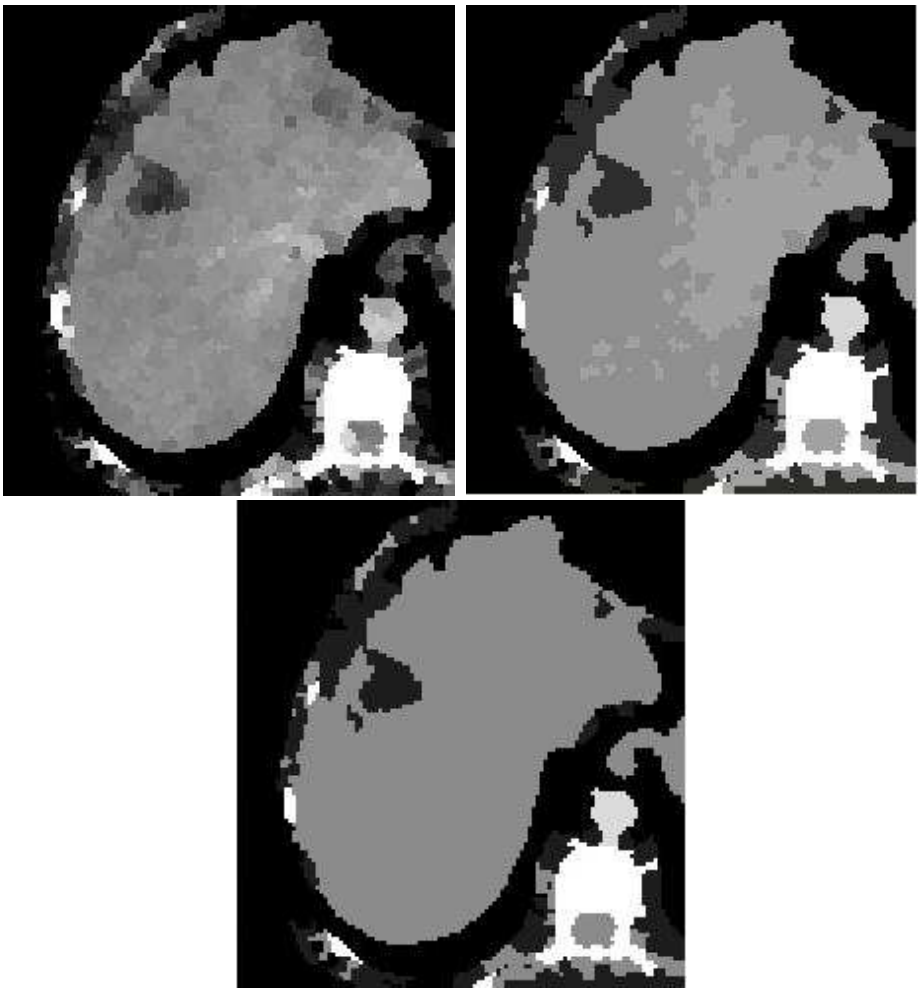


FIG. 5.13 – *Résultat de notre algorithme de fusion de régions. En haut à gauche : Image mosaïque sur-segmentée de la région d'intérêt du foie. (38178 zones plates). En haut à droite : résultat obtenu en utilisant le modèle médian (M_1) et l'ordre O_2. (50 zones plates). En bas : Idem, avec 40 zones plates. On constate dans ce cas qu'on a soit une légère sur-segmentation (en haut à droite), soit une légère sous-segmentation (en bas)*

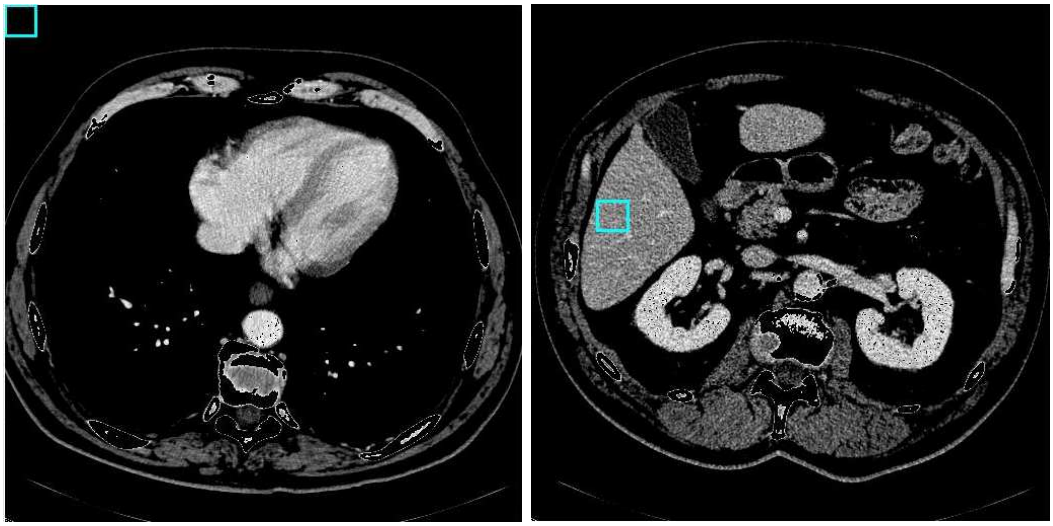
5.3.3 Conclusion

Les méthodes décrites dans cette section que nous avons regroupées sous le terme de "segmentation sans connaissance ajoutée" permettent de simplifier une image indépendamment de son contexte. Elles sont directement issues de la morphologie mathématique et utilisent le schéma de la segmentation morphologique. Dans une optique de segmentation, nous avons vu que deux méthodes étaient envisageables : la segmentation complète et la segmentation partielle. On a constaté que la segmentation complète qui consiste à obtenir une zone plate par objet d'intérêt, c'est à dire un organe dans notre application, est difficilement envisageable. En effet, il arrive toujours qu'une zone de l'image soit sur-segmentée ou sous-segmentée. Cette méthode de simplification d'images peut en revanche être utilisée pour effectuer une segmentation partielle : il suffit alors de sélectionner la ou les zones plates d'intérêt. Nous verrons dans les sections suivantes des méthodes de segmentation utilisant la ligne de partage des eaux mosaïque suivie d'une détection de zones plates.

5.4 Segmentation partielle utilisant la ligne de partage des eaux mosaïque

Dans cette section et la suivante, nous partons de l'image mosaïque décrite dans la section 5.3. Cette image est composée de bassins versants, obtenus à partir de marqueurs correspondant aux minima régionaux de l'image gradient. Selon le filtre appliqué à l'image gradient pour réduire le nombre de minima, on obtient plus ou moins de bassins versants, c'est à dire de zones plates dans cette image. Si le filtre est bien choisi, on a une image dont les zones plates vont correspondre à des structures d'intérêt. La deuxième partie de cette méthode consiste à effectuer une détection de la structure recherchée.

La difficulté de cette méthode vient de l'automatisation de la première phase. En effet, les paramètres des filtres connexes pour le gradient varient d'une image à l'autre. Cette variation est due à la quantité variable de bruit d'une image à l'autre. Pour une structure recherchée, il est important d'avoir une zone plate correspondant à cette structure à l'issue de la phase de segmentation. Cette phase est en fait une simplification de l'image en zones plates. Un filtrage trop faible risque de sur-segmenter la structure en question ; à l'inverse un filtrage trop fort risque de connecter la structure à d'autres structures non désirables et d'effectuer une sous-segmentation de la structure. Pour tenter en partie de pallier à ce problème, nous détectons sur l'image la quantité approximative de bruit. Pour cela nous calculons l'écart-type des niveaux de gris sur un échantillon de l'image appartenant à une zone homogène du foie. Pour obtenir un échantillon homogène de l'image, correspondant à la texture du foie, puis calculer l'écart-type, nous utilisons l'algorithme suivant :



(a) (b)

FIG. 5.14 – *Estimation de l'écart-type du bruit dans une image (tridimensionnelle). a) On balaie l'image avec un élément structurant parallélépipédique (ici* $30 \times 30 \times 10$*) b) On garde la position de l'élément structurant pour laquelle l'amplitude des niveaux de gris de ses points est minimale. On calcule l'écart-type des niveaux de gris dans cette région. Ici,* $\sigma = 21,59$

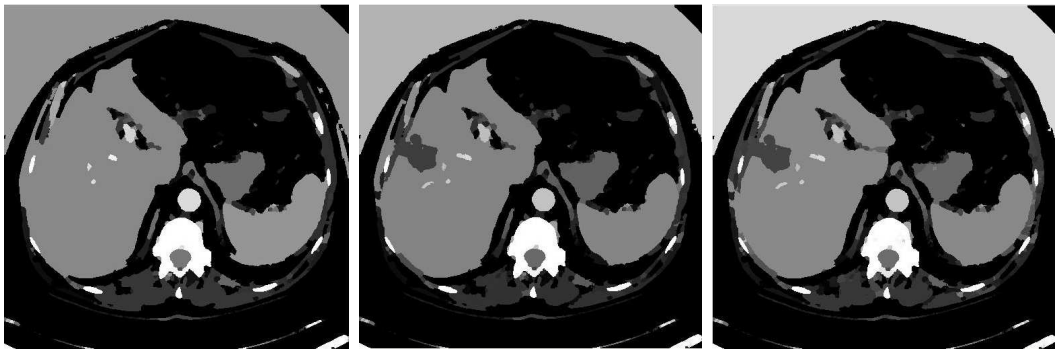
Algorithme 8: Algorithme d'estimation du bruit dans une image

Seuillage de l'image préservant les niveaux de gris des points appartenant au foie : on seuille entre 0 et 200HU;
Pour tout p : si $I(p) < 0 \vee I(p) > 200$: $I(p) = -1024$;
Balayage de l'image par un élément structurant parallèlepipédique : en chaque point dont l'intensité est différente de -1024 on calcule l'amplitude des niveaux de gris dans l'élément structurant.;
On garde la position de l'élément structurant où les niveaux de gris ont la plus faible amplitude.;
On calcule l'écart-type des niveaux de gris dans l'élément structurant.;

Le fonctionnement de cet algorithme est illustré sur la figure 5.14.

Ceci nous permet donc d'avoir une mesure de l'écart-type du bruit et de la texture d'une image. Il nous faut ensuite relier cette mesure avec les paramètres employés pour les filtres connexes. Nous avons vu plus haut que nous utilisons essentiellement deux filtres connexes : les filtres de contraste (h-reconstructions), et les ouvertures d'aire. La mesure de l'écart-type peut être reliée au contraste des minima : en effet, nous avons vu que le bruit, dans l'image, se manifeste par de nombreux minima de faible amplitude dans l'image gradient, cette amplitude variant en fait selon la force et la quantité de texture et de bruit, c'est à dire la mesure d'écart-type calculée. Nous utiliserons donc des filtres de contrastes ayant pour paramètre une valeur légèrement inférieure à l'écart-type calculé. Nous voyons sur la figure 5.15 le résultat de la ligne de partage des eaux mosaïque en utilisant différents paramètres pour le filtrage des minima.

Nous effectuons une ligne de partage des eaux mosaïque sur une image originale filtrée par un filtre médian de taille 5. L'écart-type du bruit calculé selon l'algorithme ci-dessus est de $7,01$.



(a) (b) (c)

FIG. 5.15 – *Ligne de partage des eaux mosaïque d'une image filtrée par un filtre médian de taille 5. Ecart-type du bruit présent dans l'image :* $7,01$. *a) avec le gradient filtré par un h-min, avec h=7, b) avec le gradient filtré par un h-min, avec h=6, c) avec le gradient filtré par un h-min, avec h=5*

Nous constatons qu'un h-min de 7 (Fig 5.15 (a)) engendre une sous-segmentation au niveau du foie : on voit une connexion entre le foie et les muscles intercostaux voisins. Un h-min de 6 (Fig 5.15 (b)) réduit la sous-segmentation ; avec un h-min de 5 (Fig 5.15 (c)) elle est presque absente. On constate cependant qu'avec un h-min de 7, la tumeur présente dans le foie (concavité sombre à gauche du foie) est totalement incluse dans la zone plate du foie. Avec des h-min de 6 et 5, cette concavité fait partie d'une zone plate différente.

Pour obtenir les images mosaïques de façon automatique nous procédons donc de la sorte :

Algorithme 9: Calcul de l'image mosaïque pour une image f

Filtrage médian de f par une sphère de rayon 5;
Calcul de l'écart-type σ du bruit de l'image;
Calcul du gradient interne;
Application d'un filtre h-min sur le gradient obtenu : $h = \lfloor 2 * \sigma + 1 \rfloor$;
Calcul de la ligne de partage des eaux mosaïque sur le gradient filtré;

A partir de cette image, nous effectuons une étape de détection pour extraire la ou les zones plates d'intérêt. Pour cela, nous nous appuyons sur l'étude statistique effectuée au chapitre 2 sur les quatre organes segmentés manuellement. Pour chaque organe à extraire de l'image mosaïque, nous allons donc nous appuyer sur certaines caractéristiques de la structure. Nous calculons ces caractéristiques pour chaque zone plate de l'image mosaïque : à chaque zone plate sera donc assigné un vecteur de caractéristiques. Pour détecter la zone plate correspondant à la structure à segmenter, nous calculons, pour chaque zone plate, la distance entre son vecteur de caractéristiques et le vecteur des caractéristiques moyennes de la structure. Nous conservons ensuite la zone plate ayant la plus faible distance. Cette méthode est résumée ici :

Algorithme 10: Algorithme de détection de zones plates

pour *toutes les zones plates de l'image* **faire**
  Calcul du vecteur de caractéristiques V;
  Calcul de la distance : $D = dist(V, V_{moy})$, où V_{moy} représente le vecteur des caractéristiques moyennes;
fin
Conservation de la zone plate ayant le plus faible D;

5.4.1 Segmentation du foie

Le foie est l'organe le plus volumineux de l'organisme. Nous allons utiliser ce critère pour extraire la zone plate de l'image mosaïque correspondant au foie, ainsi qu'un critère d'intensité. Ces critères seuls suffisent en général à caractériser la zone plate du foie. Nous obtenons l'image résultante :

$$FOIE(f) = ZP_i, i = \arg\max_{\mathrm{j}}\{\mathrm{Vol(ZP_j)} \mid \mathrm{Ndg(ZP_j)} \in [1, 200]\},$$

où f représente l'image mosaïque, formée d'un ensemble de zones plates ZP_j, et $Ndg(ZP_j)$ représente le niveau de gris de la zone plate j. Cette règle permet de détecter la zone plate correspondant au foie. Les résultats obtenus avec cette méthode sont illustrés dans l'Annexe A, sur les figures A.1 et A.2.

5.4.2 Segmentation de la rate

Pour détecter la zone plate de l'image mosaïque correspondant à la rate, nous allons utiliser la méthode de détection décrite plus haut, reposant sur le calcul des caractéristiques des zones plates. Pour que tous les critères aient la même influence, nous les normalisons ; c'est à dire que nous divisons chaque critère par sa valeur moyenne. Il s'agit ensuite de calculer la distance entre le vecteur des caractéristiques normalisées, et le vecteur unitaire.

Nous utilisons les caractéristiques de volume et d'intensité de la structure, en plus de critères de forme tels que la variance pondérée des distances entre le barycentre de la structure et les points du bord (mesure de compacité D_{var}), l'élongation $ELONG$ de la structure (rapport entre le petit axe et le grand axe) et les coordonnées du barycentre.

Cette méthode nous permet de conserver la zone plate correspondant à la rate.

Les figures A.3, A.4 et A.5 de l'annexe A illustrent les résultats obtenus par l'application de cette méthode.

5.4.3 Segmentation des reins

Nous utilisons pour détecter les zones plates correspondant aux reins la même méthode que décrite précédemment pour la rate. Nous sélectionnons la zone plate dont le vecteur de caractéristiques a la distance la plus faible par rapport aux valeurs moyennes calculée dans le chapitre 2. Pour les reins nous nous appuyons sur les caractéristiques suivantes : volume, mesure de compacité D_{var}, coordonnées du barycentre. L'application de cette méthode nous permet de sélectionner les zones plates correspondant au rein droit et au rein gauche.

Les figures A.6, A.7, A.8 et A.9 de l'annexe A illustrent les résultats obtenus par l'application de cette méthode pour les reins.

5.4.4 Discussion

Nous constatons que cette méthode permet de détecter les zones plates correspondant à une structure particulière. La détection est correcte dans quasiment tous les cas, à condition que l'image mosaïque soit bien formée. Cependant, dans les cas où cette détection est incorrecte, cela fait échouer totalement la méthode de segmentation. Une autre zone plate est choisie, qui peut être totalement différente de la zone plate rercherchée. De même, si l'image mosaïque est mal formée, c'est à dire si la zone plate recherchée est sur- ou sous-segmentée, une autre zone plate peut-être choisie, faisant échouer la méthode de segmentation. Il est donc difficile d'appliquer cette méthode de façon entièrement automatique à toutes les images. En particulier, la méthode qui consiste à effectuer la détection automatique de la zone plate en utilisant les vecteurs de caractéristique manque clairement de robustesse. Cependant, cette méthode peut apporter une première approximation de la segmentation. Dans la section suivante, nous proposons une méthode de segmentation semi-automatique fondée également sur le calcul d'une image mosaïque : dans cette méthode, un opérateur supervise la segmentation et choisit manuellement la zone plate correspondant à l'organe recherché.

5.5 Segmentation semi-automatique à partir de l'image mosaïque

Un des avantages de la méthode précédente est sa capacité à simplifier l'image initiale en zones plates. Le seul paramètre utilisé pour cela est le paramètre h du filtre de contraste appliqué sur l'image gradient. Nous avons vu que plus le paramètre h augmente, plus le nombre de minima de l'image gradient diminue. De ce fait, le nombre de zones plates de l'image mosaïque diminue également. Le but est de trouver, pour chaque structure recherchée, le paramètre h optimal. Celui-ci doit être tel que la structure recherchée ne soit ni sur-segmentée ni sous-segmentée. Nous avons vu précédemment une méthode pour estimer automatiquement ce paramètre sur l'image : cependant, les résultats ne sont pas concluants : malgré l'estimation de la variance, le paramètre h appliqué à l'image ne donne pas toujours une image mosaïque bien formée.

Afin d'éliminer les erreurs de segmentation de la méthode précédente dues à une mauvaise estimation du paramètre h, nous avons mis au point une méthode de segmentation semi-automatique. Le paramètre h est d'abord estimé par le programme ; l'utilisateur vérifie ensuite visuellement si l'image mosaïque est bien formée : c'est à dire que la structure recherchée corresponde bien à une zone plate, ou qu'elle soit éventuellement légèrement sur-segmentée. Si l'image mosaïque est visiblement sur-segmentée, l'utilisateur a la possibilité d'augmenter ce paramètre h, et dans le cas contraire de le réduire. Cette interaction minimale entre l'utilisateur et le programme permet d'augmenter considérablement la fiabilité de la méthode de segmentation.

Pour segmenter ensuite la structure recherchée, l'utilisateur n'a qu'à sélectionner la ou les zones plates correspondantes à la structure. Dans le cas d'un foie possédant une lésion au bord, il convient également de sélectionner la lésion pour que la forme du foie soit bien reconstruite.

Cette deuxième interaction entre l'utilisateur et le programme est également relativement minimale : si l'image mosaïque est bien formée, il n'est généralement nécessaire que de sélectionner une seule zone plate.

La méthode complète de segmentation semi-automatique à partir de l'image mosaïque est la suivante :

1. Réduction isotrope de l'image : cela signifie que l'image est sous-échantillonnée de manière à ce que ses voxels aient tous la même taille (la taille maximale). Cela signifie qu'une image ayant comme taille de voxels $0,6 \times 0,6 \times 2$ sera sous-échantillonnée de manière à ce que la taille de ses voxels soit de $2 \times 2 \times 2$. La raison principale de ce sous-échantillonnage est un

FIG. 5.16 – Image issue de la segmentation : le bord est crénelé à cause du sur-échantillonnage final.

gain de temps de calcul pour les opérations suivantes (filtrage notamment), ainsi qu'une réduction du bruit, le sous-échantillonnage agissant comme un filtre. L'inconvénient est bien entendu une perte de précision et de résolution de l'image.

2. Filtrage médian de l'image réduite : ce filtrage non-linéaire permet d'éliminer du bruit de façon efficace. Nous utilisons un masque arbitraire composé d'une sphère de rayon 3.
3. Calcul du gradient interne GI.
4. Estimation de la variance du bruit présent dans l'image : déduction du paramètre h (on prend de façon empirique $h = 2 * \sigma$).
5. Calcul de $h_{min}(GI)$.
6. Calcul de la ligne de partage des eaux mosaïque.
7. L'utilisateur valide la segmentation, ou modifie le paramètre h.
8. L'image mosaïque est bien formée : l'utilisateur sélectionne la ou les zones plates correspondant à la structure recherchée.
9. L'image de la segmentation obtenue est sur-échantillonnée, de manière à avoir la même taille que l'image originale.

L'inconvénient de réduire l'image initiale est que l'image de la segmentation finale doit être sur-échantillonnée : pour cela, on effectue une interpolation. Le contour obtenu est donc crénelé (voir Fig 5.16).

Ce problème pourrait-être résolu en raffinant le contour obtenu. Différentes méthodes sont envisageables : un simple lissage, comme une ouverture ou une fermeture morphologiques ; une

solution mettant en oeuvre un modèle déformable initialisé à partir de la segmentation obtenue est en cours d'études : l'intérêt serait d'obtenir un lissage du contour par l'intermédiaire des forces internes du modèle déformable, et également de se rapprocher des contours originaux de l'image.

L'autre solution serait de ne pas réduire l'image initiale : cette solution, adoptée dans la première méthode, est très coûteuse en temps de calcul, dans l'état actuel de la puissance d'un ordinateur de bureau moyen (Athlon 1,4Ghz avec 1Go de mémoire). Notre intention, lors de la mise en oeuvre de cette méthode semi-automatique, était de pouvoir l'utiliser rapidement dans un cadre de routine clinique. Le temps de calcul était donc un critère important.

Le tableau suivant montre les temps de calcul obtenus pour les différentes étapes de la méthode dans le cas d'une image réduite et d'une image originale :

Etape de calcul	Avec réduction isotrope	Sans réduction isotrope
Taille de l'image	$180 \times 180 \times 96$	$512 \times 512 \times 96$
Filtrage médian	24s	3m19s
Calcul du gradient interne	4s	34s
Calcul de l'image h_{min}	7s	1m12s
Calcul de la LPE mosaïque	9s	1m24s

On voit très clairement que le fait de réduire l'image apporte un gain de temps considérable, ce qui est encore plus désirable dans le cas où l'image mosaïque est mal formée, et que l'utilisateur doit spécifier un nouveau h pour recalculer l'image. Nous avons segmenté selon cette méthode le foie, la rate et les reins sur l'ensemble des 16 images de notre base de tests. Le temps mis pour segmenter la totalité des organes sur toutes les images a été de 1h8m. La moyenne pour segmenter les quatre organes pour une image a donc été de 4m15s. Nous avons évalué les résultats obtenus pour chaque organe dans le chapitre 8.

5.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons étudié les possibilités de segmentation offertes par la segmentation morphologique. Nous avons donc appliqué dans un premier temps la ligne de partage des eaux sur nos images scanners. Nous avons vu les différentes façons de réduire la sur-segmentation inhérente à cette méthode. La ligne de partage des eaux mosaïque, qui consiste à obtenir une image mosaïque de l'image originale à partir de l'image des bassins versants du gradient, nous a semblé particulièrement intéressante à plusieurs titres. Tout d'abord, l'image mosaïque est une simplification de l'image originale. Elle permet donc de réduire l'information présente dans l'image originale tout en préservant son aspect visuel : cette méthode a donc des applications immédiates en compression d'image.

L'image mosaïque simplifie l'image originale en zones plates. Dans certains cas, nous avons vu que les zones plates résultantes peuvent correspondre à des objets d'intérêt, à condition que les minima de l'image gradient aient été filtrés. A partir d'une telle image mosaïque, la segmentation de l'image se réduit à détecter la zone plate correspondant à l'objet recherché. Nous avons élaboré deux méthodes de segmentation fondées sur ce concept : une entièrement automatique, l'autre semi-automatique.

Enfin, nous avons également exposé dans ce chapitre l'algorithme de fusion de régions que nous avons mis en oeuvre, afin de fusionner des zones plates issues d'une image mosaïque sur-segmentée. Nous avons vu que cet algorithme peut réduire efficacement cette sur-segmentation. Cependant, la principale difficulté de ce type d'algorithmes reste le choix du critère d'arrêt.

Chapitre 6

Segmentation morphologique par recherche de marqueurs

Dans ce chapitre, nous continuons notre exploration de la segmentation morphologique. Dans le chapitre précédent, nous nous sommes beaucoup servis de la ligne de partage des eaux mosaïque, image représentant les bassins versants de l'image gradient, obtenus à partir des minima de cette même image.

Nous allons maintenant changer d'approche dans la recherche des marqueurs. Dans le chapitre précédent, les marqueurs étaient obtenus implicitement en prenant les minima de l'image gradient, après un éventuel filtrage. A présent, nous allons utiliser, pour chaque structure que nous souhaitons segmenter, un marqueur interne et un marqueur externe qui lui est propre. Ces marqueurs vont être obtenus pour chaque structure en utilisant des connaissances anatomiques, couplées aux connaissances acquises sur les structures dans la première partie de ce mémoire. L'application de la ligne de partage des eaux sur l'image du gradient sur laquelle les marqueurs obtenus sont imposés comme minima (par changement d'homotopie) devrait permettre en théorie d'obtenir les contours des structures recherchées.

Pour appliquer cette méthode de segmentation aux organes (foie, rate, et reins), nous utilisons le protocole suivant :

Algorithme 11: Protocole général de segmentation en utilisant la méthode "ligne de partage des eaux et marqueurs imposés"

Réduction de l'image à une zone d'intérêt (ROI) contenant la structure recherchée;
Recherche du marqueur interne : Utilisation des caractéristiques photométriques de la structure et de l'histogramme de l'image ROI pour seuiller l'image selon les intensités (I_{min}, I_{max}) de la structure;
Détection de la composante connexe issue du seuillage correspondant à la structure recherchée : image SR;
Amincissement homotopique de la composante pour préserver sa topologie;
Recherche du marqueur externe : Dilatation de l'image SR;
Complémentation de l'image obtenue;
Ligne de partage des eaux appliquée à l'image gradient de l'image ROI en utilisant les marqueurs internes et externes;
Recadrage de l'image obtenue dans l'image originale;

6.1 Protocole de segmentation

6.1.1 Réduction de l'image à une zone d'intérêt

Nous nous appuyons sur certaines caractéristiques ayant trait à la localisation de la structure recherchée pour calculer une région d'intérêt. De cette étape découlent de nombreux avantages :

- l'image résultante a une taille réduite, ce qui accélère le temps de calcul dans les étapes suivantes ;
- l'image résultante contient un plus grand taux de voxels appartenant à la structure recherchée, ce qui réduit les chances d'erreur de segmentation ;
- de ce fait, l'histogramme des intensités contient plus de points appartenant à la structure recherchée, ce qui fait apparaître ou rehausse son pic.

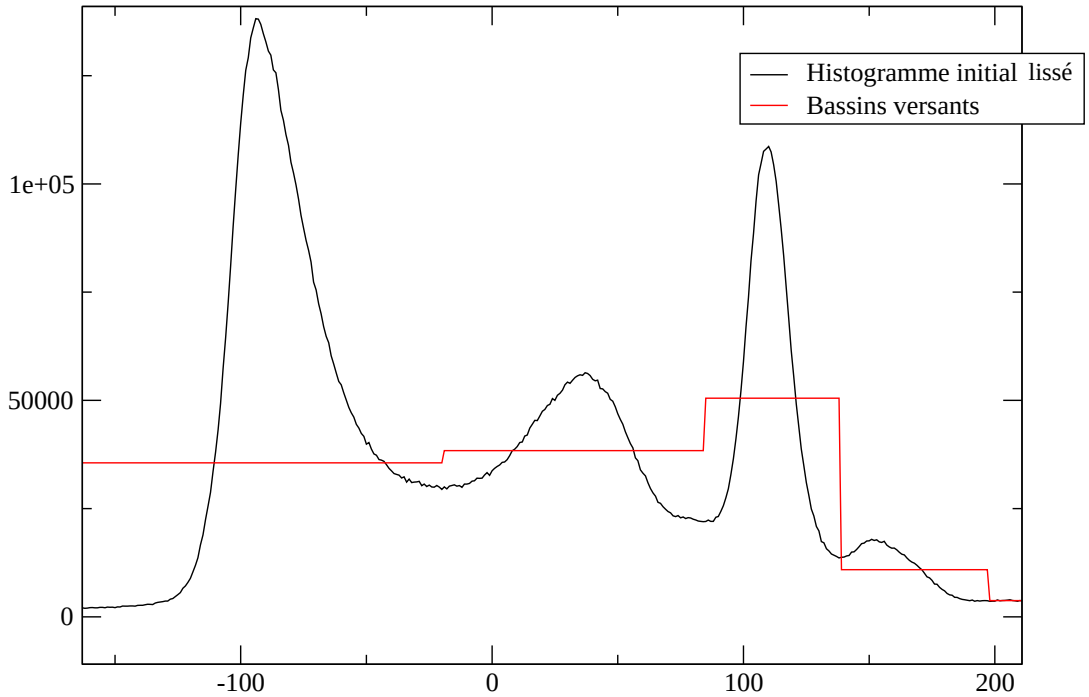
Le calcul d'une région d'intérêt est primordiale dans les algorithmes de vision par ordinateur : nous voyons qu'elle permet de réduire le problème et d'augmenter les chances de succès. Cependant, calculer une région d'intérêt de manière automatique n'est pas simple en général. En effet, cette étape doit être extrêmement stable et s'adapter à tous les cas de figure, même les plus inattendus. Ce calcul ne peut se faire qu'en ayant une connaissance approfondie du domaine étudié. Dans notre cas, nous nous appuyons sur des repères anatomiques stables, comme la colonne vertébrale, et sur des constantes de localisation relative des organes. Dans le but de rendre le calcul de la région d'intérêt le plus stable possible, nous l'effectuons de manière très large, pour réduire les chances d'erreur. Pour cela nous utilisons une résolution plus grossière de l'image, c'est à dire que nous effectuons un sous-échantillonnage de l'image. De cette manière, nous pouvons très rapidement obtenir une localisation approximative des différentes structures, en particulier de celle qui est recherchée ; c'est ainsi que nous obtenons une région d'intérêt. D'un point de vue algorithmique, nous nous contenterons de calculer des régions d'intérêt parallélépipédiques. A partir d'une image de taille (dx, dy, dz), le calcul d'une zone d'intérêt consiste à trouver les coordonnées $(x_1, x_2, y_1, y_2, z_1, z_2)$ définissant un parallélépipède dans lequel sera contenue la nouvelle image. Dans la nouvelle image, la définition des coordonnées change : le point $p(0, 0, 0)$ de la zone d'intérêt correspond au point $q(x_1, y_1, z_1)$ de l'image originale. Pour replonger l'image de la zone d'intérêt dans l'image originale, il faut donc connaître la taille (dx, dy, dz) de l'image originale, ainsi que les coordonnées du point $p(0, 0, 0)$ de l'image de la zone d'intérêt dans l'image originale.

6.1.2 Recherche du marqueur interne

Lors du calcul de la région d'intérêt, nous avons utilisé une information de positionnement associée à la structure recherchée. Pour calculer le marqueur interne, nous utilisons les caractéristiques photométriques de la structure. Pour cela, nous nous appuyons sur l'histogramme des intensités de la région d'intérêt. Si la région d'intérêt est suffisamment petite et la structure recherchée a des intensités suffisament homogènes, un pic associé à la structure sera visible dans l'histogramme des intensités. Nous détectons ce pic de manière automatique, en nous appuyant sur les valeurs d'intensité des structures relevées dans le chapitre 2. Nous détectons ensuite les vallées bordant ce pic, délimitant les valeurs inférieures et supérieures d'intensité de la structure recherchée. Pour cela différentes méthodes existent : nous utilisons la ligne de partage des eaux sur histogramme.

6.1.3 Ligne de partage des eaux sur histogramme

Le but de cette méthode ([154], page 295) est de détecter sur un histogramme les différentes vallées, ou plateaux, séparant les différents modes. Le principe est d'effectuer une ligne de partage



(a)

FIG. 6.1 – *Résultat de l'application de l'algorithme de ligne de partage des eaux sur histogramme : ici nous voyons les bassins versants associés aux pics.*

des eaux sur l'histogramme inversé. L'inversion de l'histogramme permet de transformer les pics de l'image en minima régionaux. De cette façon, les marqueurs de la ligne de partage des eaux sont les minima régionaux de l'histogramme inversé, c'est à dire les pics de l'histogramme initial. L'application de la ligne de partage des eaux permet donc de détecter les vallées séparant les différents pics (voir Fig 6.1). Dans le cas d'un histogramme bruité, il convient d'effectuer un léger lissage (en général, une moyenne sur un voisinage donné) pour ne garder que les pics significatifs.

6.1.4 Seuillage de l'image et détection de composantes connexes

Nous utilisons les bornes détectées sur l'histogramme pour seuiller l'image. A l'issue du seuillage, nous disposons de plusieurs composantes connexes, qui peuvent correspondre à différentes structures, et pas uniquement à la structure recherchée. De même, il est possible qu'une seule composante connexe soit composée de la structure recherchée et d'autres structures. Selon les cas, il faudra donc éroder l'image, pour que la structure recherchée soit bien représentée par une seule composante connexe. La seconde étape concerne la détection de la composante connexe représentant la structure recherchée. Pour cela, nous nous appuyons sur certaines caractéristiques morphologiques de la structure, de la même manière que pour la détection de zones plates vue dans le chapitre précédent. Nous appelons l'image contenant uniquement la composante connexe de la structure recherchée l'image SR (pour structure recherchée).

6.1.5 Problèmes inhérents à l'algorithme de ligne de partage des eaux

Nous avons vu que l'algorithme de la ligne de partage des eaux a quelques défauts. Le premier vient de la localisation de la frontière : elle est définie à 1 voxel près. Dans le cas de fines structures, cela peut conduire à une disparition ou tout au moins à une érosion qui peut entraîner un changement de topologie, comme des déchirures. De même, lorsqu'elle est localisée sur de larges plateaux uniformes, ou zones plates, la ligne de partage des eaux peut être mal placée. Il faut donc prendre en compte cet aspect lors de la phase d'extraction des marqueurs : il faut systématiquement éroder les marqueurs pour ne pas qu'ils soient trop près de la frontière voulue. De plus, il faut s'assurer que lors de l'érosion le marqueur interne ne change pas de topologie : il ne doit pas se scinder en plusieurs composantes connexes. Pour cela, nous utilisons un amincissement homotopique, qui permet d'éroder une structure sans changer sa topologie.

6.1.6 Amincissement homotopique

L'algorithme d'amincissement homotopique d'épaisseur r que nous utilisons est le suivant :

1. Nous calculons la transformée de distance par rapport au fond des différentes composantes connexes de l'image.
2. Nous mettons tous les points dont la distance est inférieure à r (épaisseur de l'amincissement) dans une file d'attente hiérarchique, avec comme priorité leur distance.
3. On parcourt tous les points de la file selon l'ordre croissant de leur priorité ; si le point est simple on l'enlève de la figure, sinon on le garde.

Cet algorithme permet donc d'effectuer une réduction de la structure sans modifier sa topologie ; la figure 6.2 illustre le principe de cet algorithme.

6.1.7 Recherche du marqueur externe

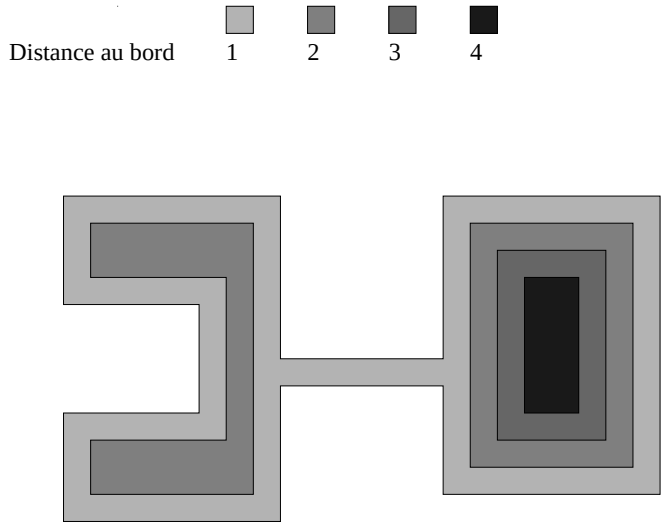
Pour calculer le marqueur externe, nous utilisons simplement la composante connexe correspondant à la structure recherchée détectée à l'étape précédente (image SR). Nous dilatons l'image SR de manière à ce que les contours de la structure dilatée soient situés entièrement en dehors de la structure recherchée : pour cela nous utilisons un élément structurant relativement grand. Nous prenons ensuite le complémentaire de l'image, pour obtenir le fond, qui nous sert de marqueur externe.

6.1.8 Ligne de partage des eaux

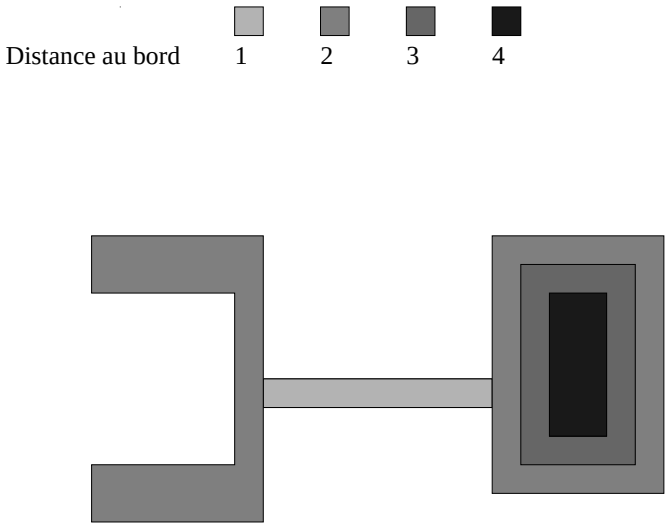
A cette étape, nous avons donc un marqueur interne et un marqueur externe à la structure recherchée : nous appliquons donc la ligne de partage des eaux sur l'image gradient de la région d'intérêt. Pour cela nous modifions l'homotopie du gradient en utilisant la méthode d'inondation vue dans le chapitre 4. A l'issue de cette étape, les deux seuls minima du gradient correspondent donc aux deux marqueurs. L'application de la ligne de partage des eaux sur le gradient modifié permet donc d'obtenir deux bassins versants : un bassin versant correspondant à la structure recherchée, et un bassin versant correspondant au fond.

6.1.9 Recadrage de l'image

La dernière étape de la méthode consiste donc à recadrer l'image de la région d'intérêt, dans laquelle tous les calculs ont été effectués, dans l'image originale.

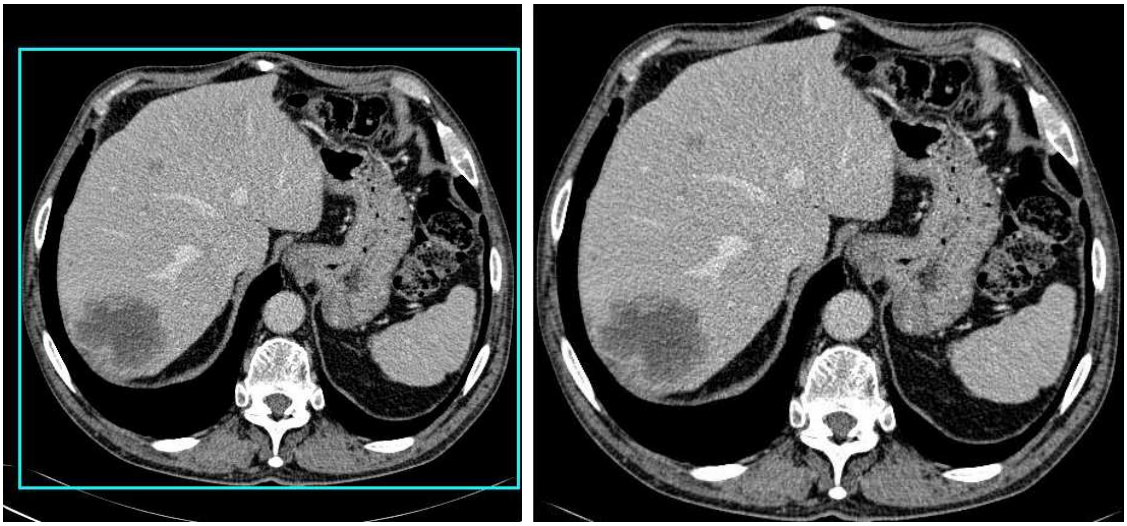


(a)



(b)

FIG. 6.2 – *Illustration de l'algorithme d'amincissement homotopique : ici amincissement de 1 pixel. a) Image de la transformée de distance b) Amincissement homotopique d'épaisseur r=1 : pas de déconnexion.*



(a) (b)

FIG. 6.3 – *a) Calcul de la région d'intérêt du foie : on calcule la boîte englobante de l'abdomen b) Région d'intérêt du foie*

Nous allons à présent appliquer cette méthode aux quatre organes de l'abdomen : le foie, la rate et les reins.

6.2 Segmentation du foie

6.2.1 Détermination de la région d'intérêt

Le foie est un organe dont la forme et le volume sont extrêmement variables d'un patient à l'autre. Il est situé dans la partie droite de l'abdomen, mais il peut aussi s'étendre dans la partie gauche. Pour calculer une région d'intérêt qui contienne le foie sur toutes les images, nous devons donc être extrêmement larges. Nous ne pouvons pas utiliser d'hypothèses sur sa localisation approximative dans l'abdomen. Nous réduisons donc simplement l'image à la boîte englobante de l'abdomen du patient. Nous éliminons donc les parties de l'image composées d'air et situées à l'exterieur du patient (voir Fig 6.3). Cela permet de réduire légèrement la taille de l'image, et donc le temps de traitement ultérieur.

6.2.2 Détermination du marqueur interne

Pour rechercher le marqueur interne du foie, nous adoptons la démarche suivante :
- On sous-échantillonne l'image, de manière à la rendre isotrope ;
- On filtre l'image avec un filtre médian de manière à réduire le bruit ;
- Le pic du foie est en général bien visible sur l'histogramme de l'image (voir Fig 6.4). De plus, le foie étant l'organe le plus volumineux de l'abdomen, nous pouvons caractériser ce pic comme étant le plus haut dans une fourchette d'intensités données (nous prenons entre 0 et 200HU). Une fois ce pic détecté, nous détectons les vallées gauches et droites en utilisant la méthode de la ligne de partage des eaux sur histogramme, afin de seuiller

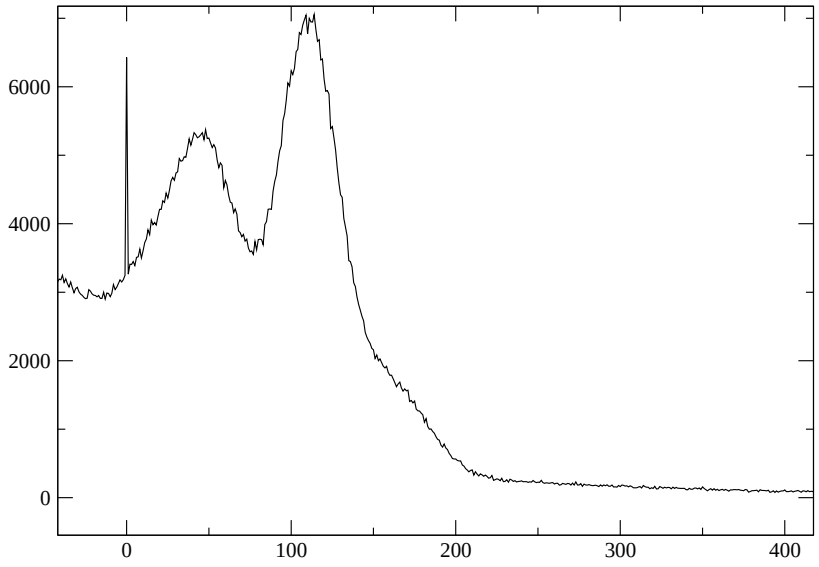


FIG. 6.4 – *Pic du foie visible sur l'histogramme des intensités de l'image réduite à une région d'intérêt et sous-échantillonnée de manière à la rendre isotrope (le pic du foie est le premier pic visible en partant de la droite).*

l'image avec ces valeurs (voir Fig 6.5).

6.2.3 Détection des lésions

Avant de seuiller l'image, il nous faut prendre en compte un autre problème : celui des lésions. Les seuils détectés correspondent en effet au parenchyme sain. Les éventuelles lésions du foie ne sont donc pas incluses dans ces seuils. Les lésions internes, c'est à dire les lésions qui sont entièrement entourées de parenchyme sain, peuvent être "bouchées" en utilisant un filtre de contraste (filtre h-min). Les lésions internes au foie correspondent à des minima ayant une profondeur donnée : un filtre h-min de paramètre h supérieur à cette profondeur permet donc d'éliminer ces minima (voir Fig 6.6). Pour les autres lésions, c'est à dire les lésions en contact avec des structures autres que le parenchyme sain, cette méthode ne suffit pas. Nous effectuons donc un seuillage dans l'intensité des lésions (généralement entre 0 et 100HU), puis nous appliquons l'algorithme de déconnexion. Nous effectuons ensuite une caractérisation des structures sphériques, en calculant pour chaque composante connexe la variance pondérée des distances entre le barycentre de la structure et les points du bord. Pour cela, nous conservons les composantes connexes ayant une variance pondérée inférieure à 2 (voir Fig 6.7).

Ceci nous permet de conserver les points appartenant au parenchyme sain, ainsi que d'autres structures résiduelles.

FIG. 6.5 – *Seuillage de l'image en utilisant les bornes gauches et droites du pic du foie.*

6.2.4 Conservation de la composante connexe principale

Pour conserver les composantes connexes principales, nous effectuons une succession d'ouvertures de rayons croissants. Dès que le nombre de composantes connexes restantes est inférieur à 10, nous stoppons le processus. Pour conserver la composante connexe du foie, nous gardons la composante connexe principale, c'est à dire la composante connexe possédant le plus grand nombre de voxels.

6.2.5 Détermination du marqueur externe

Nous dilatons la composante connexe du foie par un élément structurant suffisament grand. Nous inversons l'image pour obtenir le marqueur externe de la ligne de partage des eaux.

6.2.6 Ligne de partage des eaux

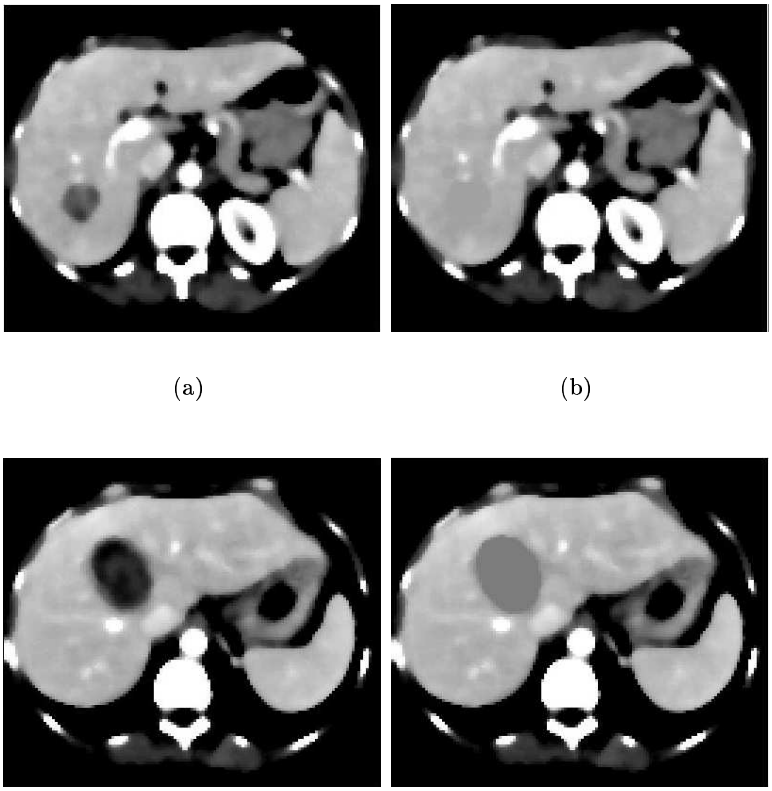
Nous avons donc à cette étape un marqueur interne et un marqueur externe à la structure à segmenter. Les images marqueurs sont redimensionnées à la taille de l'image de la région d'intérêt du foie. Nous appliquons donc comme dernière étape la ligne de partage des eaux (voir Fig 6.8).

6.3 Segmentation de la rate

Le schéma de segmentation de la rate est illustré sur la figure 6.9.

6.3.1 Détermination de la région d'intérêt

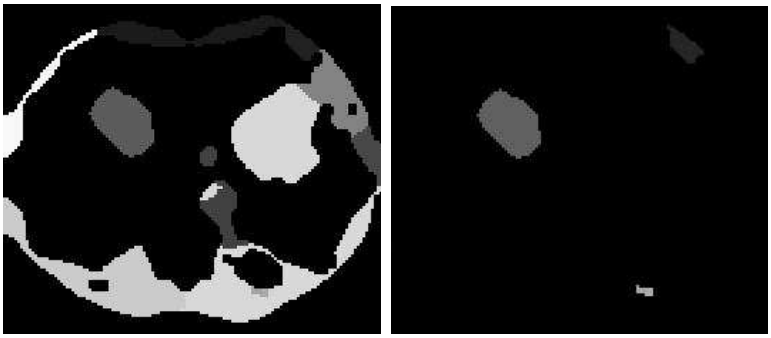
Nous avons vu précédemment que la rate se situe à gauche de la colonne vertébrale, sous la coupole diaphragmatique, un peu au dessus et en avant du rein gauche. Pour délimiter la région d'intérêt de la rate, nous nous appuyons donc sur la colonne vertébrale qui est, nous l'avons vu



(a) (b)

(c) (d)

FIG. 6.6 – *Utilisation d'un filtre connexe h-min pour "boucher" les lésions internes au foie. a),c) Zone d'intérêt filtrée b),d) Image après application d'un filtre h-min (h=500).*



(a) (b)

FIG. 6.7 – *a) Seuillage de l'image de la région d'intérêt au niveau des intensités des lésions (entre 0 et 100HU), puis application de l'algorithme de déconnexion, b) Conservation des composantes connexes "sphériques"*

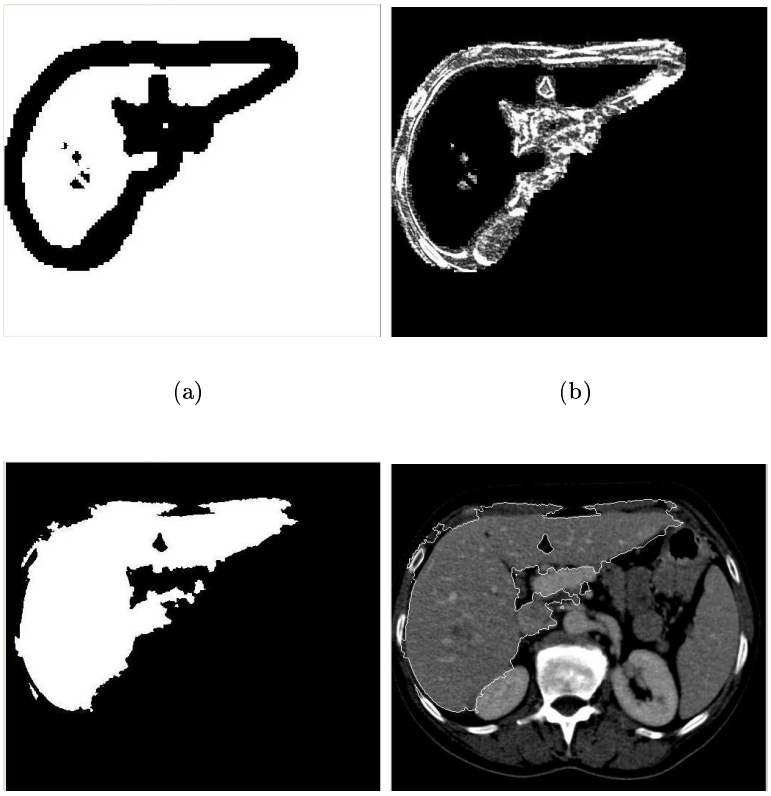
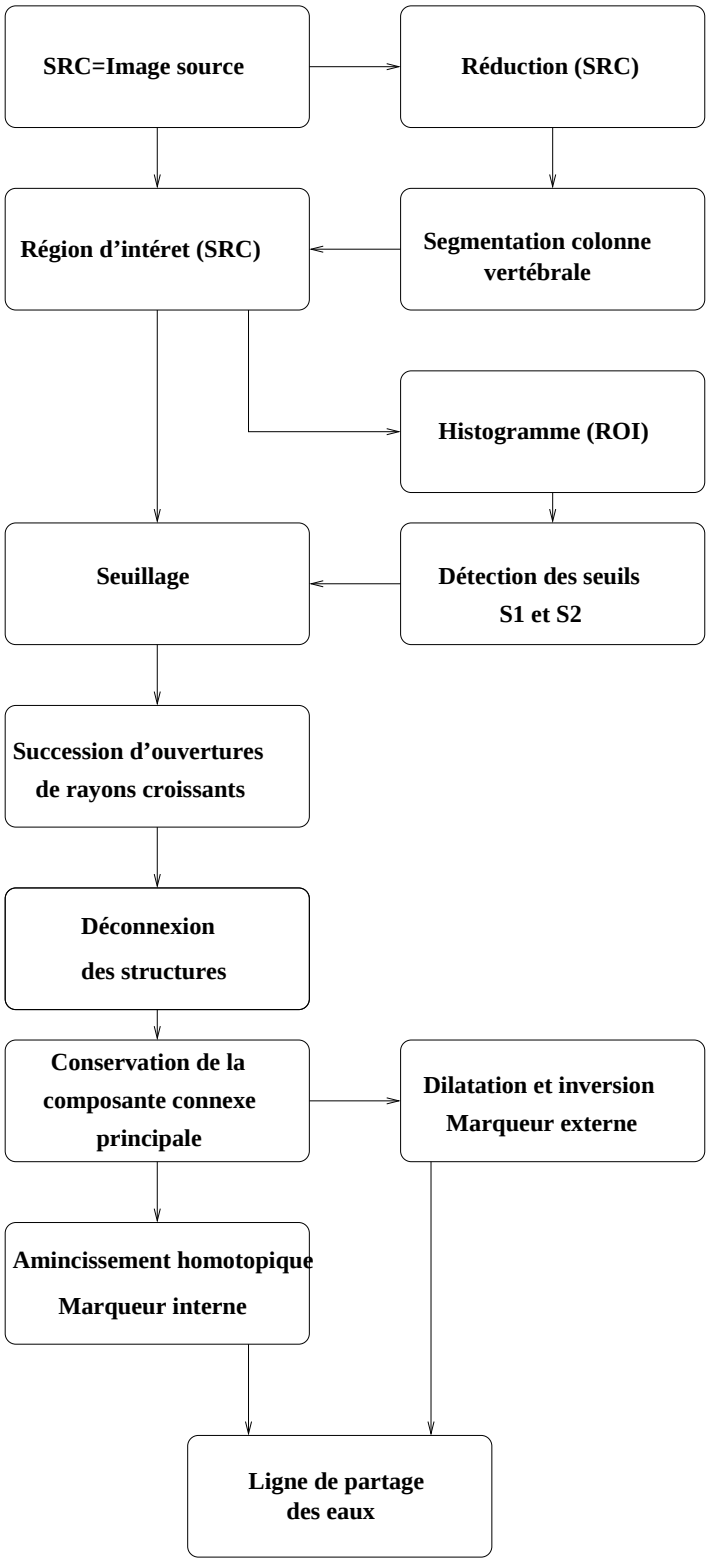
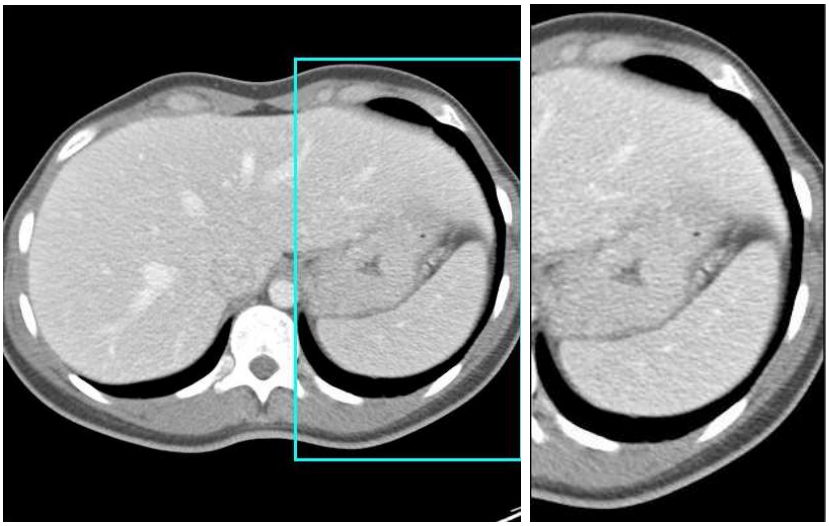


FIG. 6.8 – *a) Marqueurs internes et externes, b) Image du gradient modifié, c) Résultat de la ligne de partage des eaux, d) Contour de la segmentation sur la région d'intérêt du foie.*



(a)

FIG. 6.9 – *Schéma de l'algorithme de segmentation de la rate*



(a) (b)

FIG. 6.10 – *Calcul de la région d'intérêt de la rate*

dans le chapitre 2, un repère anatomique extrêmement stable. Nous allons donc garder toute la partie de l'image bornée par la face gauche de la colonne vertébrale. Pour localiser la colonne vertébrale rapidement, nous effectuons un sous-échantillonnage, puis effectuons un seuillage au niveau de l'intensité des os. Cela permet de ne garder que les "grosses" structures claires et d'accélérer le temps de calcul. En pratique, nous transformons l'image initiale en une image de taille $32 \times 32 \times 16$. Nous seuillons ensuite selon un seuil fixe qui correspond au seuil des os dans les images scanners. Ce seuil étant très stable d'une image à l'autre, nous pouvons donc le garder fixe. Nous conservons ensuite la composante connexe la plus grande de l'image, qui correspond en principe à la colonne vertébrale. Nous conservons ensuite toute la partie de l'image située à gauche de cette composante connexe (dans le sens du patient). Nous déterminons ainsi les coordonnées (x_1, x_2) de la région d'intérêt. Pour déterminer les coordonnées (y_1, y_2), nous nous appuyons sur un autre repère très stable : l'intérieur de l'abdomen. Le seuil permettant de caractériser les points internes à l'abdomen est également très stable d'une image à l'autre. D'autres structures cependant sont susceptibles d'être caractérisées par ce seuil : la banquette sur laquelle repose le patient lors de l'acquisition. Pour conserver uniquement les points correspondants à l'intérieur de l'abdomen, nous effectuons donc une nouvelle fois un seuillage suivi d'une détection de la plus grande composante connexe. Nous déterminons donc, à partir de cette composante, les coordonnées (y_1, y_2) de la région d'intérêt, correspondantes aux coordonnées y minimales et maximales de la composante. Le découpage de l'image originale en région d'intérêt est illustré sur la figure 6.10.

6.3.2 Détermination du marqueur interne

Pour déterminer automatiquement le marqueur interne correspondant à la rate nous procédons ainsi :

- nous passons d'abord en sous-résolution, pour accélerer le temps de calcul. Dans ce but, nous réduisons l'image de façon à la rendre isotrope. Nous filtrons ensuite l'image par un

filtre médian, qui permet d'éliminer les irrégularités et le bruit contenu dans les structures de manière efficace.

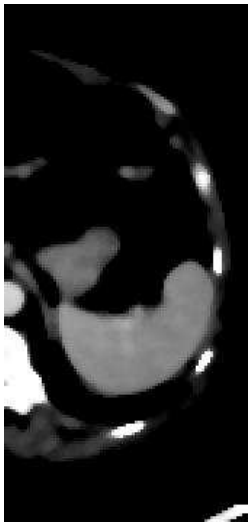
- Nous calculons ensuite la localisation du pic de la rate sur l'histogramme de l'image filtrée. Ce pic est facilement visible dans la plupart des images : même si l'image est très bruitée, le fait de filtrer l'image permet d'obtenir des zones homogènes et donc des pics dans l'histogramme. Sa localisation varie cependant selon les images : dans certaines images, le pic de la rate se situe aux alentours de 100HU ; dans d'autres, il est plutôt situé près de 160HU (Fig 6.11). Cette variation est visible sur le tableau décrivant les caractéristiques de la rate, dans le chapitre 2. Pour détecter le pic de la rate automatiquement, nous allons donc nous appuyer à la fois sur sa localisation et sur sa forme. Pour cela, on effectue une transformée en tout-ou-rien sur l'histogramme, pour détecter les pics d'une largeur donnée, étant susceptible de caractériser les points de la rate. A l'issue du sous-échantillonnage et du filtre médian, l'écart-type des intensités des points de l'image, et donc des points de la rate, a été fortement réduit (Fig 6.12). Le pic correspondant à la rate est donc généralement relativement étroit, en fonction de son écart-type. En fonction de la réponse de l'opérateur, on en déduit si le pic est le pic de la rate ou non (Fig 6.11).
- Nous déterminons ensuite les vallées correspondant au pic de la rate en effectuant une ligne de partage des eaux sur l'histogramme inversé, en prenant comme minima les pics conservés précédemment à l'issue de la transformée en tout-ou-rien. Cette méthode est rapide et efficace et permet de détecter les vallées gauche et droite du pic de la rate.
- Nous effectuons ensuite un seuillage entre ces deux bornes : les voxels de la rate sont conservés en grande partie, ainsi que des structures annexes et des petits voxels correspondant à l'effet de volume partiel, effet cependant très réduit grâce au filtrage médian. Nous voulons à présent conserver uniquement la composante connexe correspondante à la rate. Dans un premier temps, nous supprimons toutes les petites structures résiduelles dues à l'effet de volume partiel en utilisant un filtre alterné séquentiel composé d'une succession d'ouvertures de rayons croissants (voir figure 6.13). Nous contrôlons après chaque ouverture le nombre de composantes connexes restantes dans l'image : ce nombre, élevé au départ, diminue très rapidement. Nous arrêtons le filtre lorsque le nombre de composantes connexes se stabilise : en général lorsque le nombre de composantes connexes est inférieur à 10.
  A ce stade, il peut arriver que la rate soit encore connectée à d'autres structures (par exemple sur la figure 6.13 (d)). Nous appliquons donc un algorithme de déconnexion fondé sur la transformée de distance et la ligne de partage des eaux, permettant de séparer des structures connectées par des "petites" jonctions (voir l'algorithme 12).

Algorithme 12: Déconnexion de structures

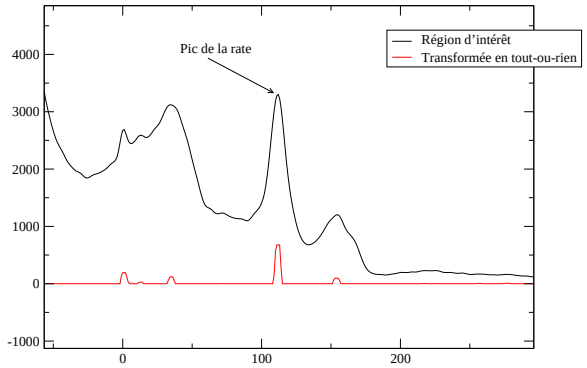
Calcul de la transformée de distance des objets par rapport au fond de l'image;
Inversion de l'image de la transformée de distance;
Filtrage des minima par application d'un filtre de contraste h-min;
Extraction des marqueurs : fond de l'image et minima régionaux;
Ligne de partage des eaux;

Détaillons les différentes étapes de l'algorithme :

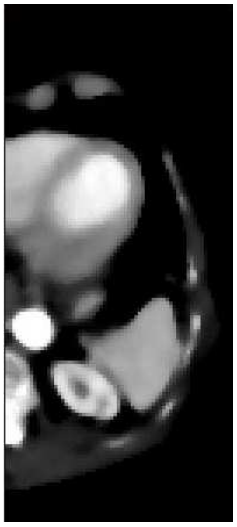
1. On calcule la transformée de distance des objets par rapport au fond de l'image.
2. L'inversion de l'image permet d'inverser les distances des points par rapport au fond : les minima de l'image correspondent donc aux points les plus éloignés du fond, c'est à dire le centre des structures.



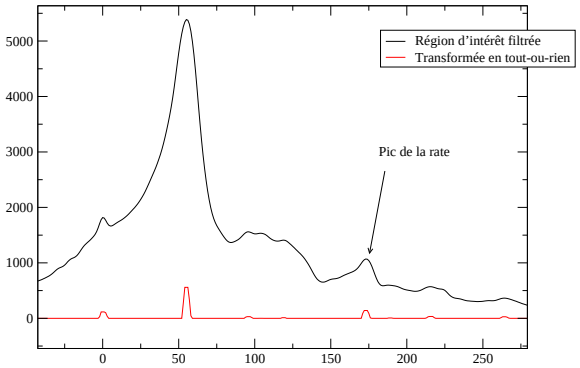
(a)



(b)

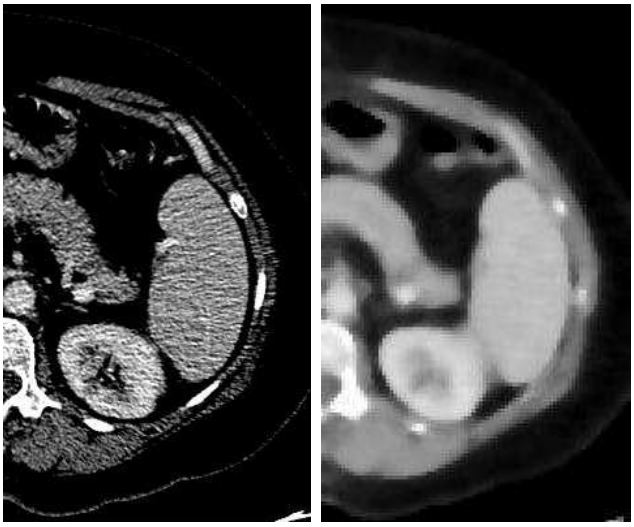


(c)

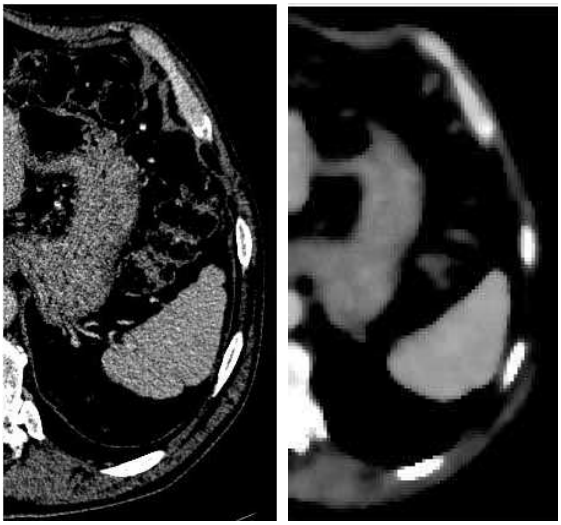


(d)

FIG. 6.11 – *a) Région d'intérêt de la rate filtrée, b) Histogramme des intensités de a), c) Région d'intérêt de la rate filtrée, d) Histogramme des intensités de c) .*



(a) (b)



(c) (d)

FIG. 6.12 – *a) Région d'intérêt de la rate, écart-type : 16,42, b) Région d'intérêt de la rate réduite et filtrée, écart-type : 1,73, c) Ecart-type : 10,99, d) Région d'intérêt réduite et filtrée, écart-type : 1,69*

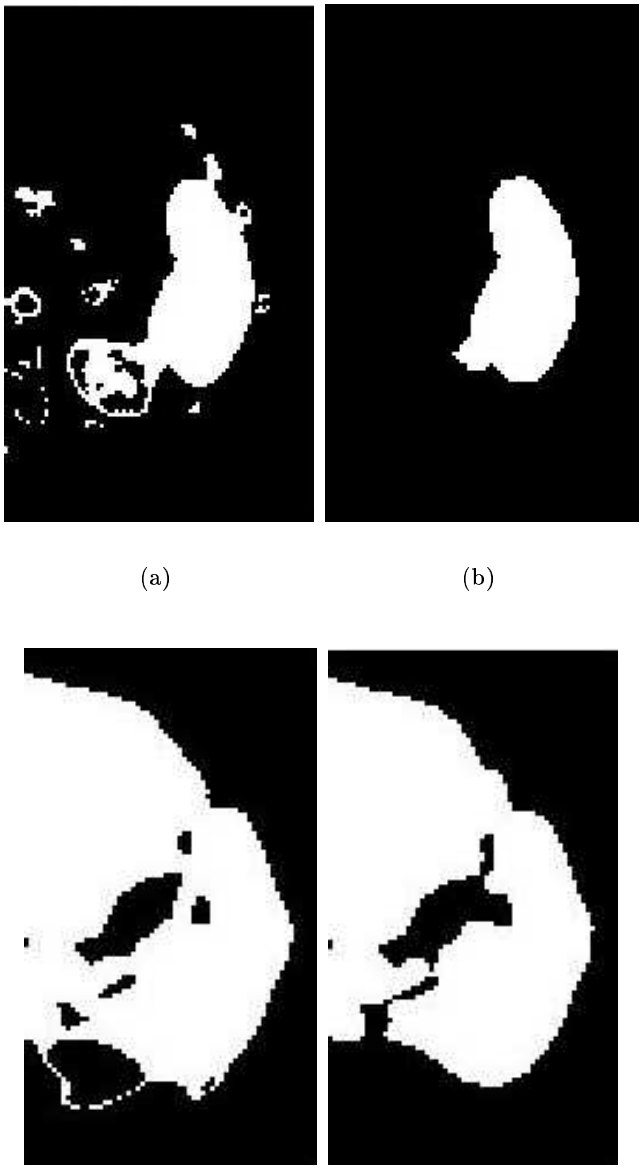


FIG. 6.13 – *Exemple d'ouvertures en utilisant des rayons croissants sur deux images binaires. a) et c) Image seuillée, b) et d) Résultat de la succession d'ouvertures jusqu'à ce que le nombre de composantes connexes soit inférieur à 10*

3. Le filtrage des minima par un filtre de contraste, une nouvelle fois, permet de contrôler le nombre de composantes connexes qui seront présentes après application de l'algorithme.
4. On extrait les marqueurs correspondant aux minima régionaux de l'image : on obtient donc en principe un marqueur par structure, plus un marqueur correspondant au fond de l'image.
5. L'application de la ligne de partage des eaux permet de séparer les différentes structures marquées.

L'application de cet algorithme sans filtrer les minima engendre une sur-segmentation. A l'issue de la transformée de distance, en effet, plusieurs minima régionaux peuvent cohabiter au sein de la même structure. Il est donc nécessaire de fusionner ces minima entre eux pour obtenir un seul marqueur par structure. Nous appliquons dans ce but un filtre de contraste. Le filtre de contraste, nous l'avons vu, permet de conserver uniquement les minima ayant une profondeur donnée, et de fusionner les autres. Le paramètre utilisé doit être suffisamment grand pour fusionner les minima des structures, mais suffisamment petit pour ne pas fusionner les minima marquant des structures différentes. L'application de cet algorithme est illustré sur la figure 6.14.
Cette méthode permet de déconnecter, sur la totalité de nos images, la rate d'autres structures. A l'issue de cette étape, nous avons donc une image de composantes connexes étiquetées, dont l'une d'elles est la composante connexe correspondant à la rate.

- Il nous faut donc détecter la composante correspondant à la rate. Nous réagrandissons l'image filtrée aux dimensions originales de la zone d'intérêt. Puis nous nous appuyons sur les attributs calculés au chapitre 2 et utilisons la méthode exposée précédemment pour détecter la composante ayant des attributs se rapprochant le plus de ceux de la rate.
- Enfin, nous effectuons un amincissement homotopique de l'image, pour éroder la structure tout en conservant sa topologie. Nous nous servons de cette structure comme marqueur interne (voir figure 6.15).

6.3.3 Détermination du marqueur externe

Nous obtenons le marqueur externe en dilatant la composante connexe de la rate par une boule de rayon suffisamment grand. En effet, le marqueur externe doit se situer à l'extérieur de la structure à segmenter. Nous gardons ensuite le complémentaire de l'image, qui constitue le marqueur externe (Fig 6.15 (c)).

6.3.4 Ligne de partage des eaux

Si tout s'est correctement déroulé, nous avons donc un marqueur interne et un marqueur externe à la structure à segmenter. Nous appliquons l'algorithme de modification d'homotopie du gradient décrit dans le chapitre 4, pour imposer les deux marqueurs comme minima. L'application de la ligne de partage des eaux va permettre de détecter les contours de la structure sur l'image gradient de la zone d'intérêt originale (voir Fig 6.16).

6.4 Segmentation des reins

Nous utilisons la même méthode pour segmenter le rein droit et le rein gauche, seul le calcul de la région d'intérêt est différent.

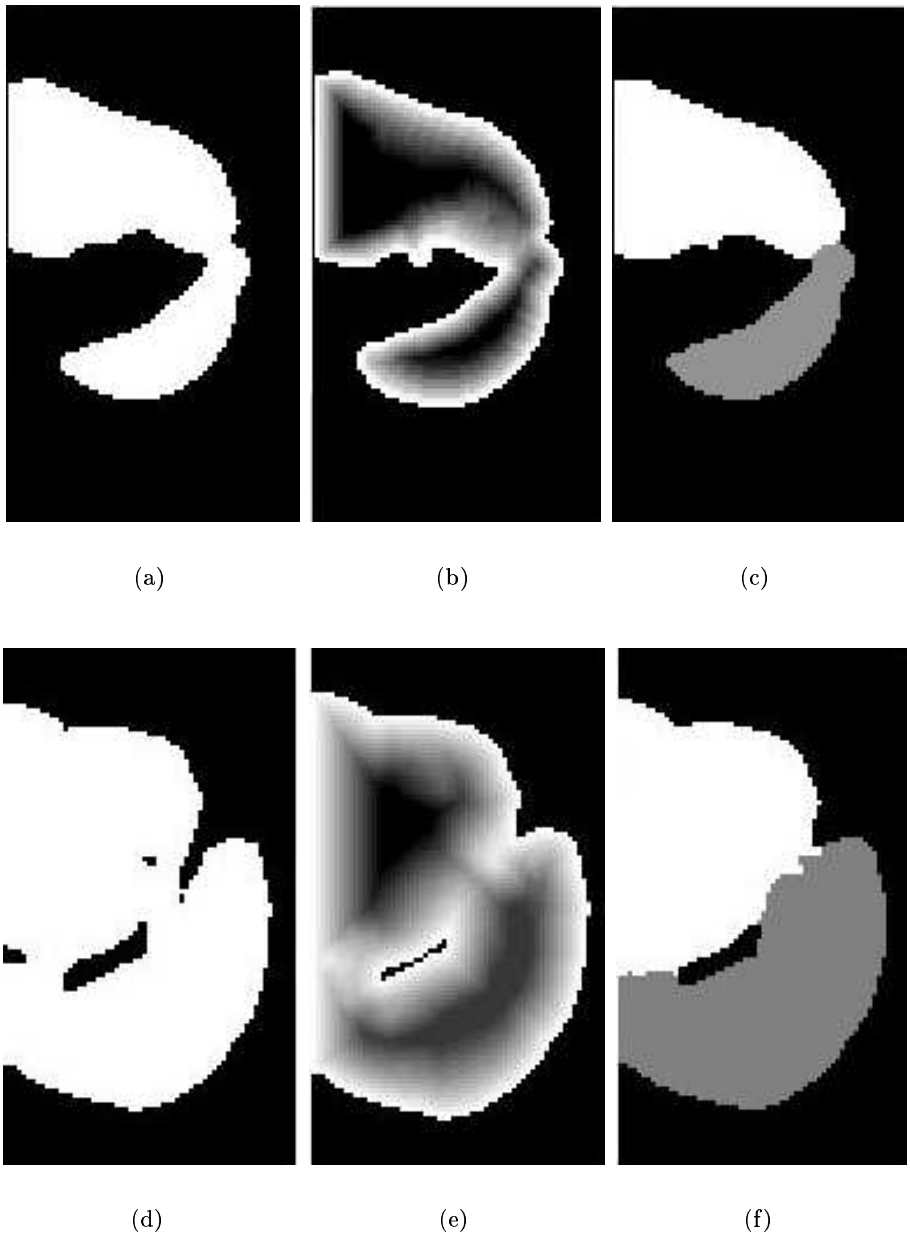


FIG. 6.14 – *Application de l'algorithme de déconnexion pour séparer des structures. a),d) Image seuillée et ouverte, b),e) Transformée de distance inverse, c),f) Ligne de partage des eaux permettant de séparer les structures*

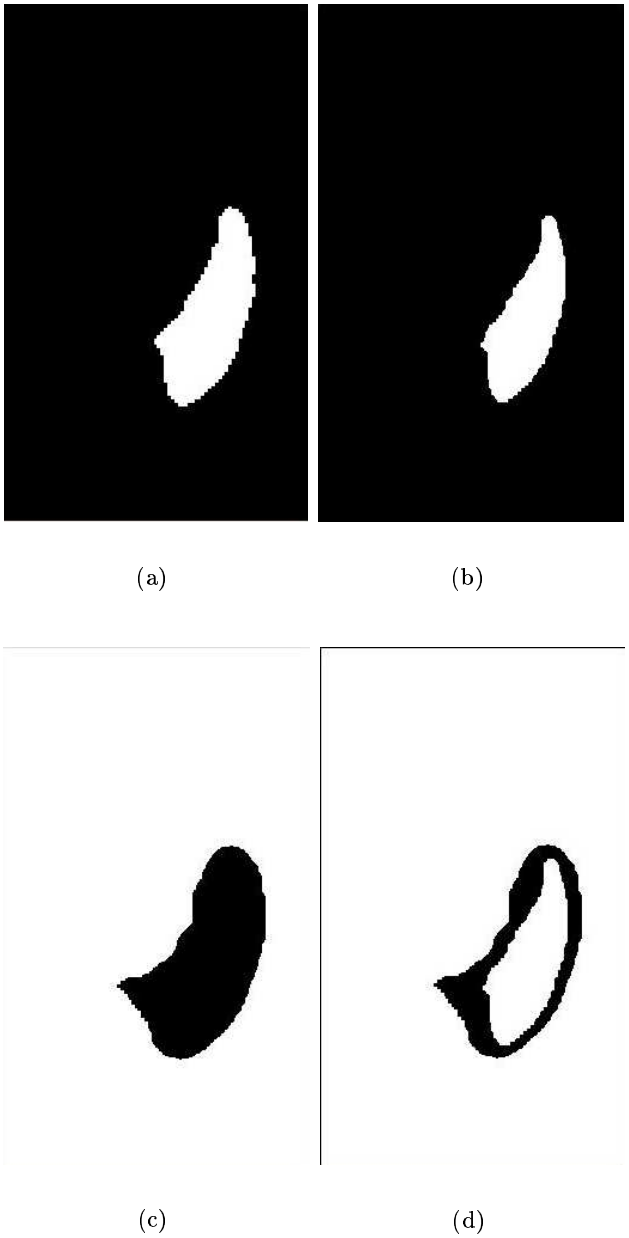


FIG. 6.15 – *a) Composante connexe de la rate, b) Amincissement homotopique, c) Dilatation de a) par une boule et inversion de l'image, d) Marqueurs obtenus*

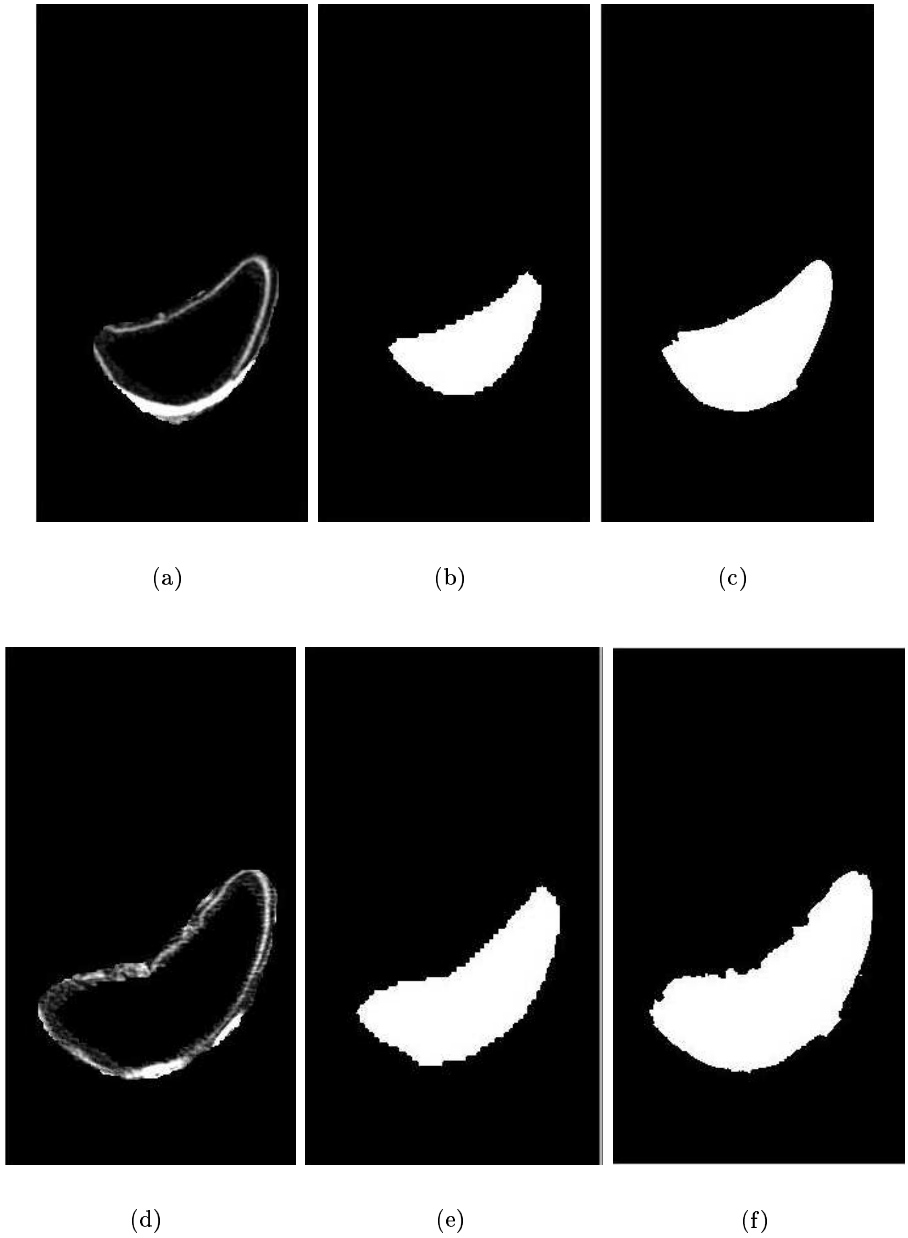


FIG. 6.16 – *a),d) Image gradient après modification d'homotopie (imposition des marqueurs internes et externes) b),e) Marqueur interne c),f) Ligne de partage des eaux.*

6.4.1 Détermination de la région d'intérêt des reins

Les reins sont situés de part et d'autre de la colonne vertébrale, et localisés sous les poumons. Nous utilisons ces repères anatomiques pour calculer les régions d'intérêt correspondant aux reins. Pour déterminer les coordonnées z_{min}, z_{max} de la région d'intérêt, nous commençons par effectuer une segmentation grossière des poumons. Pour cela, nous réduisons la taille de l'image (passage en sous-résolution) pour accélerer les calculs. Pour garder les deux composantes connexes correspondant aux poumons, nous effectuons les opérations suivantes :

1. Seuillage consistant à supprimer tous les points dont l'intensité est inférieure à -200HU pour éliminer tous les points correspondant à de l'air.
2. Conservation de la composante connexe principale (qui correspond à l'abdomen sans les poumons).
3. Inversion de l'image, et suppression de la composante connexe principale (qui correspond au fond de l'image en contact avec le bord).
4. Conservation des deux composantes connexes principales de l'image, qui correspondent aux poumons.

Ces différentes étapes sont illustrées sur la figure 6.17.

Nous conservons uniquement la partie de l'image située en bas des poumons. Le calcul diffère ensuite selon le rein gauche ou le rein droit. Nous utilisons la même méthode que pour le calcul de la région d'intérêt de la rate : nous nous appuyons sur la colonne vertébrale pour conserver uniquement la partie droite de l'image dans le cas du rein droit, et la partie gauche dans le cas du rein gauche. La figure 6.18 illustre le résultat du calcul des régions d'intérêts correspondant aux reins.

6.4.2 Détermination du marqueur interne

Dans le chapitre 4, nous avons illustré l'effet d'un filtre connexe h-max sur les structures de l'abdomen correspondant aux reins : ces structures sont arasées. Cet arasement est dû au fait que les reins sont des structures très contrastées sur un fond sombre. Les points appartenant aux reins constituent donc un "dôme", en considérant l'image comme un relief topographique. Le filtre de contraste h-max permet d'araser les "dômes" dont la hauteur est inférieure au paramètre h. Nous allons donc voir s'il est possible de segmenter les reins en utilisant cette méthode de filtrage. A partir de l'image correspondant à la région d'intérêt du rein, nous appliquons un filtre h-max (voir Fig 6.19), après avoir appliqué, comme dans les cas précédents, un filtre médian pour lisser l'image et réduire l'écart-type correspondant au bruit de l'image.

L'application du filtre h-max permet d'araser les régions correspondant aux reins, et donc d'obtenir des zones plates correspondant à ces structures. La conservation de ces zones plates permet d'obtenir une première segmentation des reins. Le paramètre du filtre h-max, c'est à dire la hauteur de l'arasement des structures correspondant aux reins doit être choisi de manière à n'obtenir qu'une zone plate correspondant au rein à segmenter. A partir de cette composante connexe, nous appliquons l'algorithme de déconnexion, permettant d'éliminer d'éventuelles connexions entre le rein et d'autres fines structures voisines (voir figure 6.20).

6.4.3 Détermination du marqueur externe

Comme dans les cas précédents, nous dilatons simplement la première composante connexe du rein obtenue par un élément structurant suffisamment grand. Nous inversons ensuite l'image.

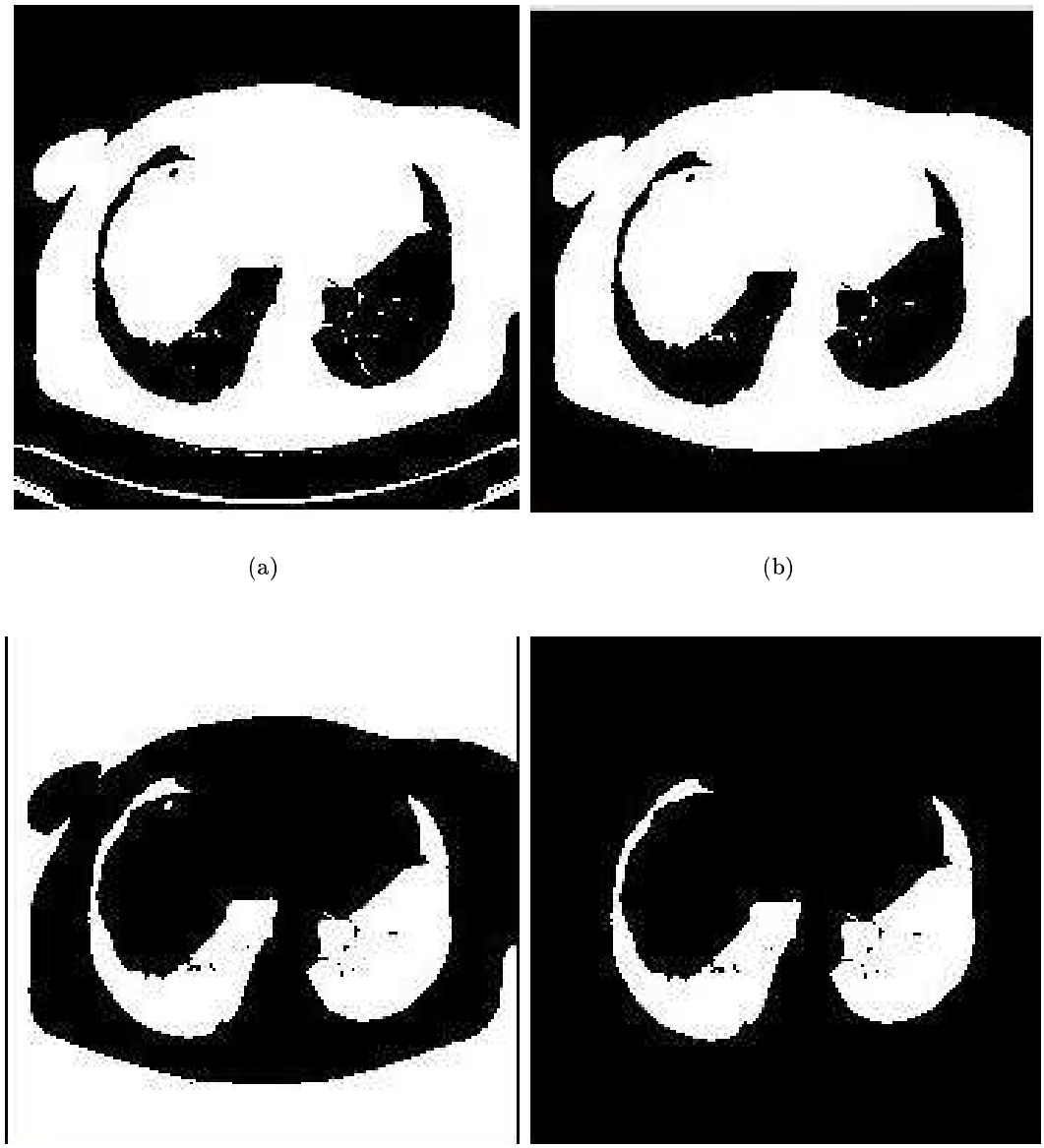


FIG. 6.17 – *Segmentation des poumons. a) Seuillage, b) Conservation de la composante connexe maximale, c) Inversion de l'image, d) Suppression de la composante connexe principale (le fond) puis conservation des deux composantes principales (les poumons)*

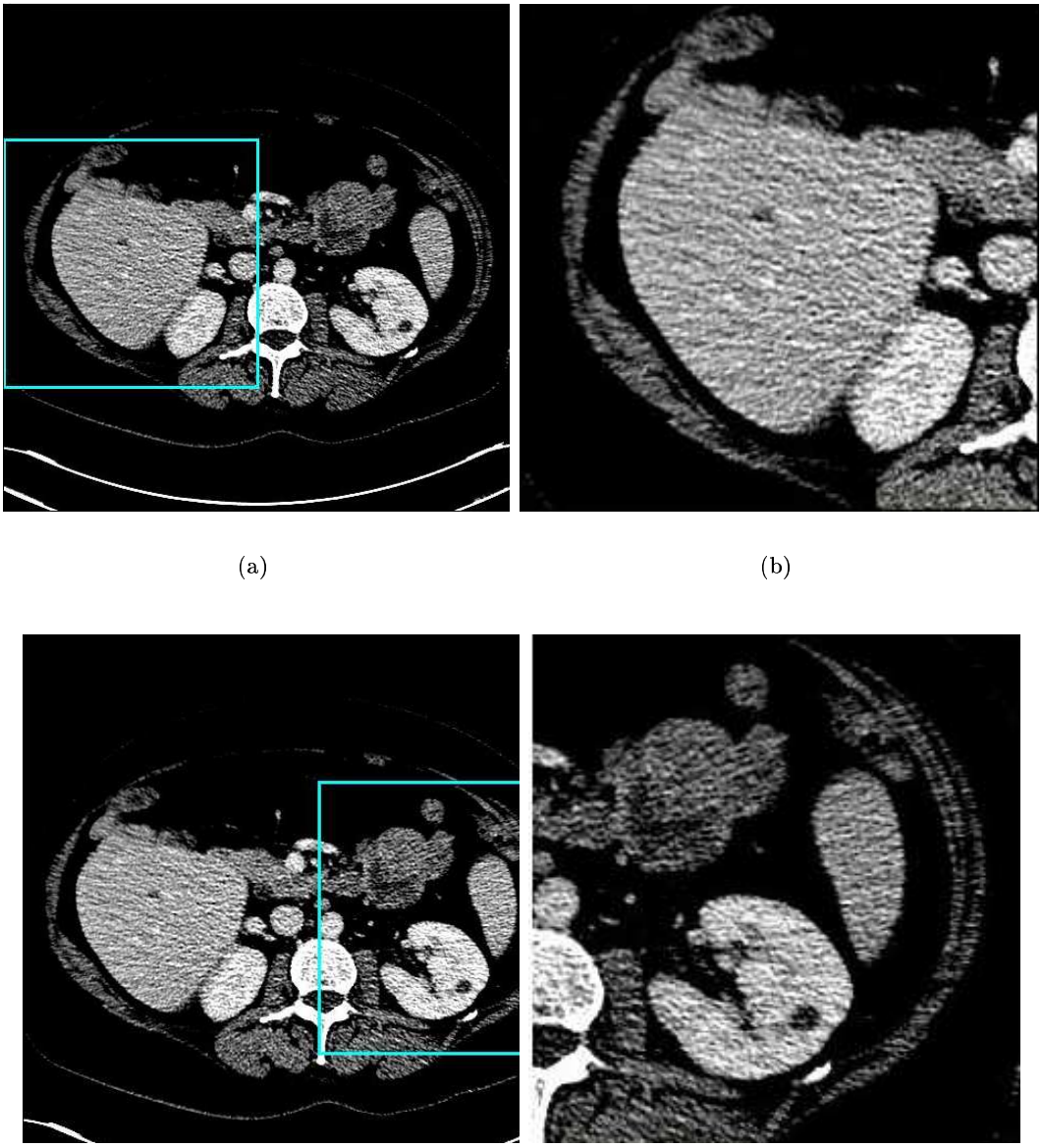


FIG. 6.18 – *a) Calcul de la région d'intérêt du rein droit sur l'image originale, b) Réduction de l'image à la région d'intérêt du rein droit, c) Calcul de la région d'intérêt du rein gauche sur l'image originale, d) Réduction de l'image à la région d'intérêt du rein gauche*

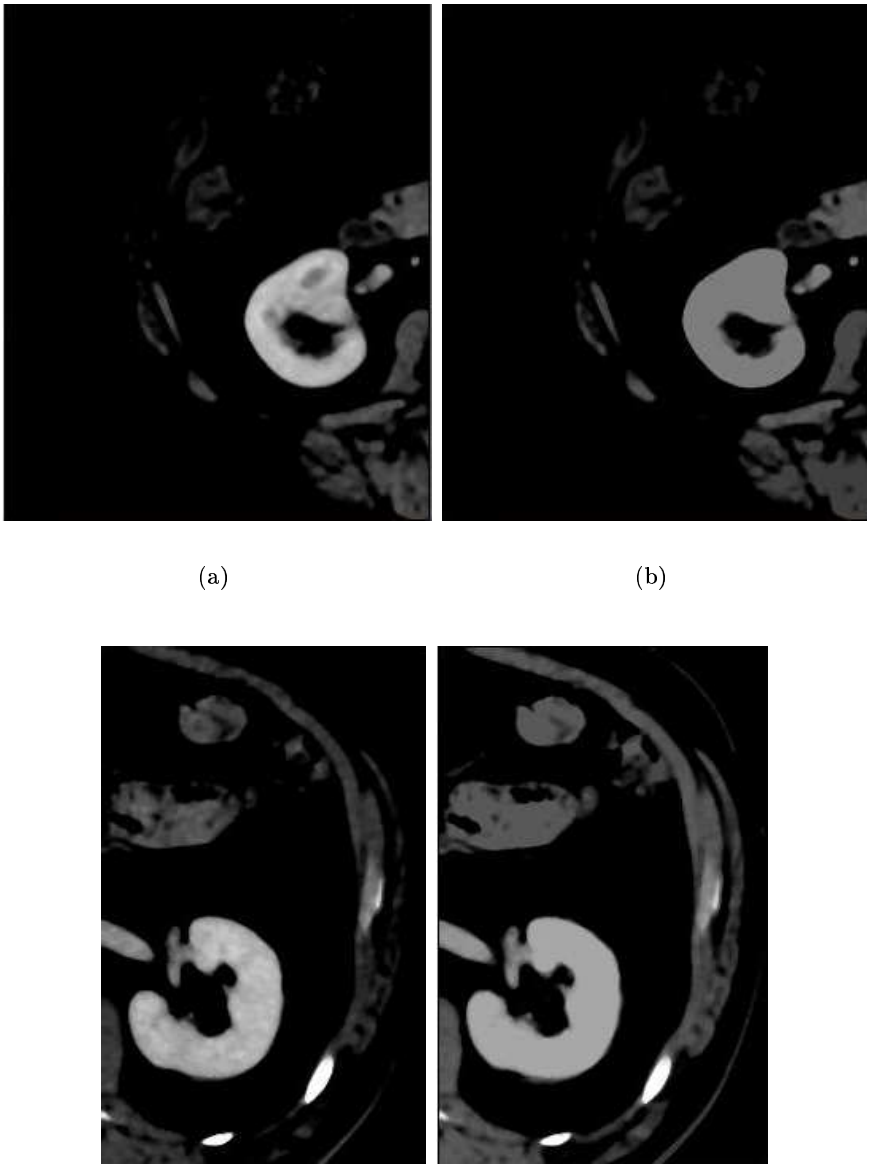
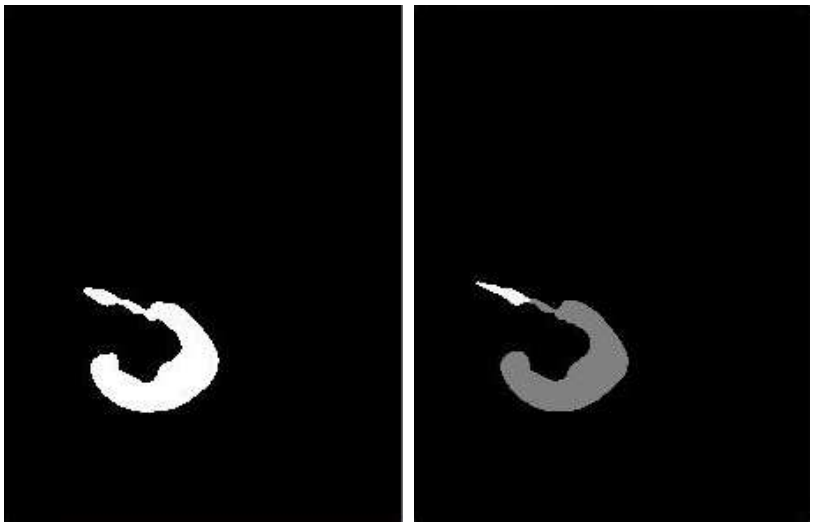


FIG. 6.19 – *a) Région d'intérêt du rein droit filtrée par un filtre médian de taille 3, b) Application d'un filtre h-max avec* $h = 50$*, c) Région d'intérêt du rein gauche filtrée par un filtre médian de taille 3, d) Application d'un filtre h-max avec* $h = 50$.



(a) (b)

FIG. 6.20 – *a) Conservation de la zone plate correspondant au rein gauche, b) Résultat de l'algorithme de déconnexion*

Ceci nous permet d'être assuré que le marqueur externe est bien situé à l'extérieur des contours des structures correspondant aux reins.

6.4.4 Ligne de partage des eaux

Nous appliquons enfin l'algorithme de la ligne de partage des eaux, en utilisant les marqueurs internes et externes calculés, sur l'image du gradient interne de la région d'intérêt des reins (Fig 6.21 et 6.22).

6.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons mis au point un algorithme de segmentation pour quatre organes différents. L'approche choisie a consisté à chercher deux marqueurs pour chaque structure, puis à appliquer la ligne de partage des eaux en utilisant ces marqueurs. Cette recherche de marqueurs se fait en plusieurs phases, utilisant différents opérateurs de traitement d'images. Chaque étape est effectuée en partant de l'hypothèse que l'étape précédente s'est déroulée avec succès : si une étape échoue à un stade précoce, toute la segmentation échoue. Pour parer à cela, nous avons tenté de maximiser la robustesse de chaque étape. La détection des régions d'intérêt est effectuée par rapport aux structures osseuses : nous avons vu que les os constituent un référentiel stable sur lequel s'appuyer. Le calcul des régions d'intérêt par rapport aux os est donc relativement fiable. Dans le cas du foie et de la rate, nous détectons les intensités inférieures et supérieures de la structure, d'après l'histogramme des intensités. Enfin, après seuillage, nous appliquons divers opérateurs permettant de supprimer les structures indésirables. Pour résoudre le problème des connexions entre la structure désirée et d'éventuelles autres petites structures, nous utilisons un algorithme fondé sur la ligne de partage des eaux et le calcul d'une carte de distance pour les séparer. Enfin, nous obtenons une composante connexe correspondant à la structure recherchée.

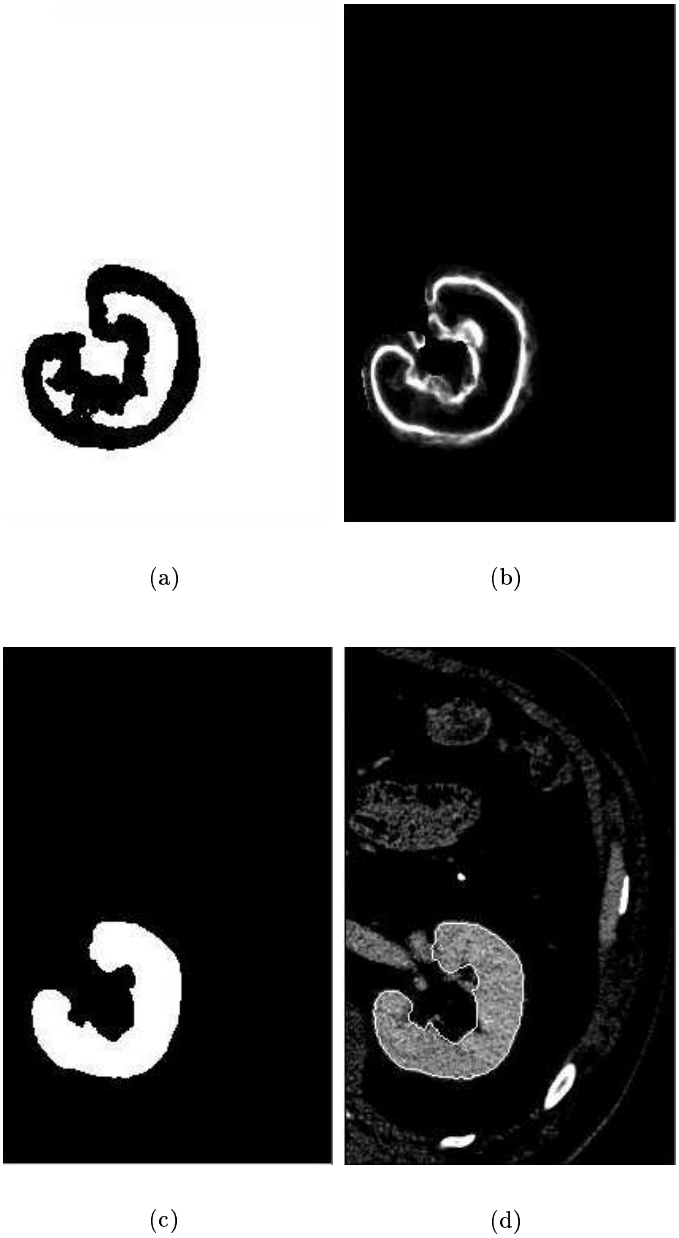


FIG. 6.21 – *a) Marqueurs du rein gauche, b) Image du gradient modifié, c) Application de la ligne de partage des eaux, d) Contour de la segmentation sur l'image de la région d'intérêt*

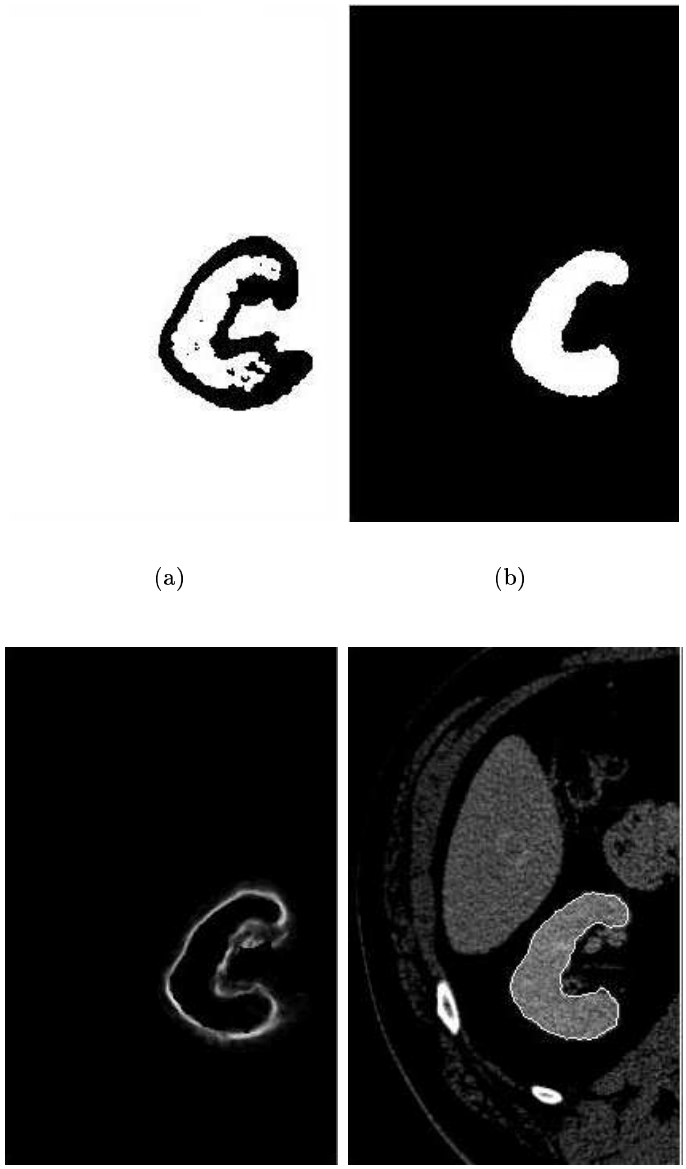


FIG. 6.22 – *a) Marqueurs du rein droit, b) Image du gradient modifié, c) Application de la ligne de partage des eaux, d) Contour de la segmentation sur l'image de la région d'intérêt.*

Dans un second temps, dans le but de raffiner le contour et éventuellement de rajouter ou enlever des zones oubliées, nous calculons deux marqueurs à partir de cette composante connexe : un marqueur interne, obtenu par amincissement homotopique, et un marqueur externe, obtenu par dilatation. Ainsi, l'application de la ligne de partage des eaux en utilisant ces marqueurs permet de se rapprocher du contour idéal de la structure. Nous verrons dans la dernière partie les résultats que nous avons obtenus en utilisant cette méthode, sur notre base d'images.

Chapitre 7

Segmentation des réseaux vasculaires

Dans les chapitres précédents, nous nous sommes intéressés à la segmentation d'organes à partir d'images TDM. A présent, nous allons aborder la segmentation de réseaux vasculaires. Nous allons nous intéresser au réseau porte du foie, dont la segmentation est d'une grande utilité en planification pré-opératoire. Nous allons tout d'abord étudier d'un point de vue anatomique les principaux réseaux vasculaires de l'abdomen. Nous présentons ensuite différentes méthodes explorées pour segmenter le réseau vasculaire porte du foie. Ces méthodes sont fondées sur un algorithme de croissance de régions, dont on verra que les trois données principales sont la graine, le critère de propagation ainsi que l'image sur laquelle l'algorithme est appliqué. Nous présentons deux méthodes utilisant la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris pour détecter automatiquement l'entrée de la veine porte dans le foie, utilisée ensuite comme graine pour notre algorithme de croissance de régions. Nous décrivons également un critère de propagation original pour segmenter le réseau vasculaire du foie s'appuyant encore une fois sur une transformée en tout-ou-rien locale en niveaux de gris.

Nous présentons enfin une méthode originale pour détecter automatiquement certaines veines caractéristiques dans les images, en utilisant la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris.

7.1 Les réseaux vasculaires de l'abdomen

La vascularisation des différents organes présents dans l'abdomen est extrêmement complexe et dépasse la cadre de cette thèse. Pour ce travail, nous allons nous limiter à l'étude du réseau vasculaire du foie, et à l'étude de certaines veines et artères caractéristiques, bien visibles sur nos images TDM. Nous nous appuyons essentiellement sur un rapport interne à l'IRCAD rédigé par des étudiants en médecine [53]. Ce rapport s'appuie sur une recherche bibliographique et recense les principales variations anatomiques observées dans la littérature au niveau des réseaux vasculaires de l'abdomen. Ces variations sont ensuite comparées aux variations enregistrées sur une base de test de 11 patients (réels) reconstruits. L'analyse porte sur le tronc coeliaque, l'origine des artères hépatiques et splénique, l'origine des artères et la terminaison des veines rénales, et le tronc porte dans sa globalité.

7.1.1 Anatomie et variation de structures vasculaires caractéristiques

En anatomie, la position, selon la hauteur, des différentes structures vasculaires est décrite à partir d'un référentiel naturel et relativement stable d'une personne à l'autre : les vertèbres de la colonne vertébrale. Nous avons vu dans le chapitre 2 comment ces structures étaient nommées :

FIG. 7.1 – *Coupe à hauteur des reins. 1 : Veine mésentérique supérieure (VMS), 2 : Veine cave inférieure (VCI), 3 : Aorte*

une lettre désigne le type de la vertèbre ((C)ervicale, (T)horacique ou (L)ombaire), suivie d'un numéro désignant sa position (en commençant par les vertèbres supérieures).

L'aorte abdominale L'aorte abdominale est située le long de la face antérieure de la colonne vertébrale, et s'étend de la vertèbre T12 à L4. L'aorte abdominale est la partie de l'aorte située en dessous du diaphragme, la partie supérieure étant appelée aorte thoracique. L'aorte est chargée d'acheminer le sang partant du coeur. Selon le rapport, cet axe artériel varie peu. L'aorte est en général bien visible sur les images TDM (voir figure 7.1).

La veine cave inférieure La veine cave inférieure naît à la hauteur du disque L4/L5. Elle présente d'abord un segment vertical, situé sous les reins. Elle est située sur le flanc droit de l'aorte. A la hauteur de L1, elle reçoit les veines rénales droite et gauche, et change de direction à ce moment. Toujours d'après [53], le calibre de la veine cave inférieure est le double de celui de l'aorte abdominale.

A noter que les variations de la veine cave inférieure étant anecdotiques, cette veine constitue un élément de référence. On peut voir la veine cave inférieure sur la figure 7.1.

La veine porte La partie extra-hépatique de la veine porte prend naissance à hauteur de L2, en arrière du col du pancréas. Son tronc est constitué des veines mésentériques supérieure et inférieure, et de la veine splénique selon des modalités assez variables. La terminaison de la veine porte se fait de manière générale sur la face diaphragmatique du foie au niveau de T12, en se subdivisant en veines portes droite et gauche.

Le tronc de la veine porte s'éloigne très rarement de la disposition classique : les principales variations se font au niveau de son origine et de sa terminaison.

Dans 45% des cas, la veine mésentérique supérieure sera rejointe par le tronc spléno-mésaraïque, formé de l'union des veines splénique et mésentérique inférieure (voir figure 7.2 (a)). Dans 40% des cas, la veine mésentérique supérieure et la veine mésentérique inférieure vont former une veine mésentérique commune qui sera rejointe plus tard par la veine splénique pour constituer la veine porte (voir figure 7.2 (b)). Dans un nombre réduit de cas (15%), la veine porte prend son origine d'un trépied vasculaire (voir figure 7.2 (c)).

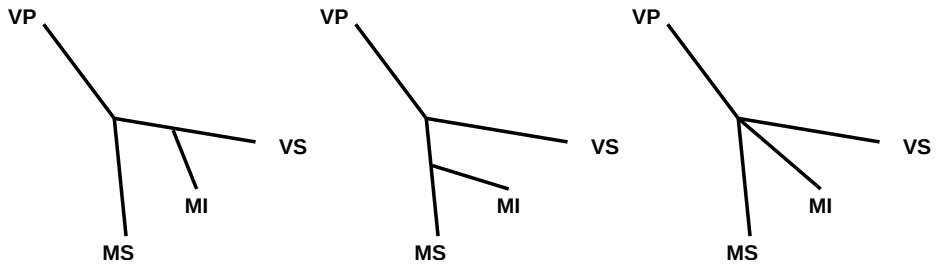


FIG. 7.2 – *Principales variations à l'origine du tronc de la veine porte. Légende : VP=veine porte, MS=veine mésentérique supérieure, MI=veine mésentérique inférieure, VS=veine splénique*

On voit sur la figure 7.1 la position de la veine mésentérique supérieure, donnant ensuite naissance au tronc porte.

Dans la majorité des cas, la veine porte bifurque en veines portes droite et gauche à son entrée dans le foie en T12. Les variations du trajet de la veine porte sont exceptionnelles dans la littérature.

7.1.2 Caractéristiques des structures vasculaires

Nous allons à présent établir les différentes caractéristiques des principales structures vasculaires visibles dans nos images TDM d'un point de vue photométrique, textural et morphologique.

Attributs photométriques

L'intensité des réseaux vasculaires dans les images TDM dépend de la présence ou non de produit de contraste. Si du produit de contraste a été injecté, la branche dans laquelle le produit circule, mélangé à du sang, apparaît contrastée, c'est à dire plus claire que ses structures voisines. Dans le cas contraire, c'est à dire en l'absence de produit de contraste, le réseau apparaît sombre. Sur nos images TDM, le réseau porte du foie contient du produit de contraste dans le but de différencier le foie des lésions. Il apparaît sur nos images avec des intensités comprises entre 150 et 200 HU environ. L'intensité du réseau varie aussi en fonction de la quantité de produit de contraste l'ayant atteint. Comme nos images sont acquises au temps porte, le réseau porte apparaît plus contrasté que le réseau sus-hépatique.

Attributs texturaux

La texture des réseaux vasculaires sur les images TDM correspond à la texture classique due au bruit du scanner. Visuellement, elle est similaire à la texture des organes : elle correspond à un bruit résiduel et aléatoire.

Attributs morphologiques

Topologiquement, les réseaux vasculaires, comme les autres structures de l'abdomen, sont constitués d'une seule composante connexe sans trous ni cavités. Cette propriété est à la base de la segmentation par croissance de régions, souvent utilisée pour segmenter les réseaux vasculaires. Géométriquement, on peut décrire un réseau vasculaire comme un arbre. Chaque branche de cet arbre peut-être décrite comme un tube d'une certaine longueur et d'un certain diamètre. Ceci n'est cependant qu'une approximation de la réalité, les branches vasculaires n'étant pas parfaitement cylindriques et pouvant subir des variations locales plus ou moins grandes.

7.2 Segmentation du réseau porte du foie

Nous avons vu, dans le chapitre 2, que le foie était composé de deux réseaux vasculaires principaux : le réseau porte et le réseau sus-hépatique. Le réseau porte apporte au foie les substances nutritives que le foie stocke et transforme, tandis que le réseau sus-hépatique achemine le sang traité en dehors du foie, dans le tronc de la veine cave. On peut noter également la présence de l'artère hépatique, qui suit le trajet de la veine porte, et dont la fonction est d'acheminer le sang riche en oxygène indispensable à l'activité nutritionnelle de la glande. Nous avons vu que la délimitation fonctionnelle du foie en segments s'appuie sur le réseau porte du foie : la segmentation de ce réseau est donc très utile. Nous allons étudier des méthodes permettant de segmenter de manière automatique ce réseau sur les images TDM de l'abdomen.

7.2.1 Méthodes existantes

Une méthode pour segmenter le réseau porte du foie est décrite par Soler dans [155]. Elle utilise un prétraitement composé d'un filtrage anisotrope. Ensuite, l'intensité des vaisseaux est détectée automatiquement sur l'histogramme des intensités. Enfin, un raffinement est effectué pour approximer la morphologie réelle des vaisseaux.

Un algorithme à base de croissance de régions est décrit dans Selle et al. [145, 146, 147] et Zahlten et al. [190, 191]. Nous détaillerons dans la suite le principe de cet algorithme.

Dans [36], Dokladal met en oeuvre une approche topologique pour segmenter le réseau vasculaire du foie : pour cela, un algorithme d'amincissement homotopique est utilisé. Cependant rien n'indique que les branches obtenues appartiennent réellement au réseau vasculaire. De plus, l'auteur n'établit aucune distinction entre le réseau porte et le réseau sus-hépatique.

Passat [117] utilise une modification de l'algorithme de Dokladal pour segmenter, en collaboration avec un atlas, l'arbre vasculaire cérébral.

A noter que dans le cas de [155] et [145, 146, 147, 190, 191], la segmentation est effectuée sur une image réduite au masque du foie, ce qui simplifie le problème. Nous allons tenter de nous placer dans le cas général, c'est à dire de segmenter le réseau porte du foie dans une image TDM de l'abdomen classique.

7.2.2 Segmentation par croissance de région

Les méthodes utilisées pour segmenter les réseaux vasculaires partent en général de l'hypothèse que celui-ci est composé d'une seule composante connexe. En utilisant cette information topologique, on peut théoriquement reconstruire le réseau entier grâce à un marqueur situé sur une partie du réseau. En partant de ce marqueur, aussi appelé graine, on propage la segmentation de proche en proche en utilisant certaines contraintes.

Les données fondamentales de ce type d'algorithme sont au nombre de trois :

1. La graine, qu'on considère comme un ensemble connexe de points, qui constitue le point de départ de l'algorithme de propagation.
2. Le critère de propagation qui détermine, en fonction d'une image, si un point est inclus dans la segmentation. Ce critère peut lui-même être constitué de plusieurs sous-critères.
3. Enfin, la troisième donnée de l'algorithme est l'image sur laquelle on va calculer les critères précédents : cette donnée est essentielle, car nous verrons que les algorithmes par croissance de régions sont très sensibles au bruit. Il convient donc de choisir avec soin l'image qui sera utilisée pour la propagation. Idéalement, ce devrait être une image exempte de tout bruit résiduel dû à l'appareil d'acquisition.

Algorithme 13: Algorithme général de segmentation par croissance de régions.

Données : Image marqueur M, contenant la graine (ensemble connexe de points). Critère de propagation C.
Image I sur laquelle sera calculée la croissance de régions.

Résultat : Image résultat R, contenant le résultat de la segmentation par croissance de régions.

```
pour tous les points p appartenant à la graine faire
    file.push(p) ; R(p)=1 ;
fin
tant que file.empty()=faux faire
    p=file.top();
    pour Tous les voisins v_i de p  faire
        si C(I,v_i)=vrai et R(v_i)=0 alors
            R(v_i)=1;
            file.push(v_i);
        fin
    fin
fin
```

Nous allons à présent détailler la méthode de Selle et al. [145, 146, 147] et Zahlten et al. [190, 191] pour segmenter le réseau porte du foie. Les auteurs utilisent un algorithme de croissance de région utilisant les trois paramètres suivants :

La graine

La graine est donnée interactivement par l'utilisateur, qui clique à l'endroit de l'entrée de la veine porte. L'initialisation de la propagation s'effectue donc à partir de cet endroit.

Le critère de propagation

Le critère utilisé est un critère d'intensité fixe. Cependant, comme le seuil optimal est variable d'une image à l'autre, un seuil automatique est calculé. Pour cela le nombre de points segmentés en fonction du seuil de propagation est calculé, en diminuant le seuil au fur et à mesure. On détecte alors, en partant du seuil maximal, le seuil t à partir de cette fonction : il est choisi à l'endroit où le nombre de points segmentés augmente radicalement. Cela signifie en effet que la propagation s'étend aux organes voisins. Le seuil retenu est donc le seuil immédiatement supérieur.

L'image

L'image est prétraitée avec un filtre médian, pour éliminer le bruit résiduel.

7.2.3 Discussion

Cette méthode de segmentation du réseau porte du foie fondée sur un algorithme de croissance de régions est très simple à mettre en oeuvre. Cependant, cette méthode souffre du défaut de s'appuyer sur un critère de propagation fondé uniquement sur l'intensité, et d'utiliser un seuil fixe (seuil optimal calculé au préalable). Le deuxième point qui peut être vu comme un inconvénient est le fait que la graine de l'algorithme est choisie par un opérateur. La méthode n'est donc

pas entièrement automatique. Bien que le fait de choisir interactivement le point de départ de l'algorithme, c'est à dire la partie extra-hépatique de la veine porte, ne prend pas beaucoup de temps, on peut s'interroger sur le moyen de rendre cette partie de l'algorithme automatique. Nous allons donc tenter de détecter automatiquement le point d'entrée de la veine porte dans le foie, c'est à dire sa partie extra-hépatique. Dans les deux sections suivantes, nous décrivons deux méthodes que nous avons mises au point dans ce but.

Plus loin, nous allons également expérimenter plusieurs critères de propagation pour segmenter le réseau vasculaire à partir de la graine détectée.

7.3 Automatisation du calcul de la graine : première méthode

La première amélioration que nous avons apportée à l'algorithme de Zahlten concerne l'automatisation du calcul de la graine. Pour cela, nous effectuons une détection automatique de l'entrée de la veine porte dans le foie. Cela permet d'automatiser totalement le processus de segmentation.

7.3.1 Choix de la méthode de détection

L'entrée de la veine porte dans le foie constitue la première branche du réseau porte. A ce titre, c'est une région très contrastée. De plus, c'est une région qui est une sous-partie d'un réseau vasculaire : elle n'a donc pas de frontières visibles. Une approche contour n'est donc pas envisageable, de même qu'une approche morphologique fondée sur la ligne de partage des eaux. C'est pourquoi nous avons choisi de détecter l'entrée de la veine porte dans le foie en utilisant sa forme.

7.3.2 Morphologie de la veine porte

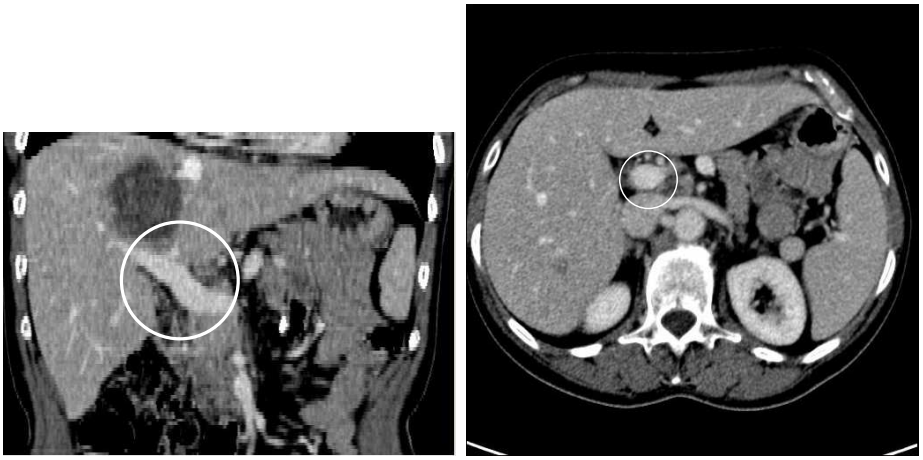
Ce que l'on propose de détecter est le segment extra-hépatique de la veine porte, caractérisé par le coude qu'il effectue pour entrer dans le foie (voir figure 7.3). Pour ceci nous allons utiliser la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris dans le but de détecter cette structure selon sa forme. Dans un premier temps, nous allons étudier la morphologie de cette région. Le but est d'utiliser la forme moyenne de l'entrée de la veine porte dans le foie pour en déduire deux éléments structurants permettant de détecter cette structure.

7.3.3 Étude de la forme moyenne de l'entrée de la veine porte dans le foie

Nous avons mené une étude sur une base de tests de 18 patients pour tenter de mettre en valeur une forme caractéristique de l'entrée de la veine porte dans le foie. Pour cela nous avons délimité à la main, pour chaque image, la boîte englobante de la région d'intérêt. Nous avons ensuite rééchantillonné ces boîtes englobantes à des dimensions communes. Nous avons alors calculé l'image moyenne des boîtes englobantes. La forme moyenne qui se détache nettement a l'aspect d'un cylindre orienté selon l'axe des X, et formant un angle d'environ $-\pi/4$ avec l'axe Y (Fig 7.4).

7.3.4 Choix des éléments structurants

L'étude précédente nous a permis de mettre en valeur une forme moyenne correspondant à l'entrée de la veine porte dans le foie. Ceci nous permet de confirmer ce que l'on pressentait visuellement : la forme ne varie pas beaucoup d'une image à l'autre. La caractéristique que l'on



(a) (b)

FIG. 7.3 – *a) Coupe frontale, b) Coupe axiale. L'entrée de la veine porte dans le foie est entourée par le cercle blanc.*

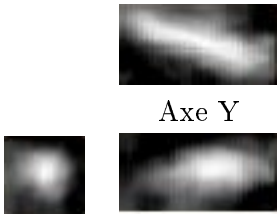


FIG. 7.4 – *Forme moyenne de l'entrée de la veine porte dans le foie à partir d'une base de 18 patients.*

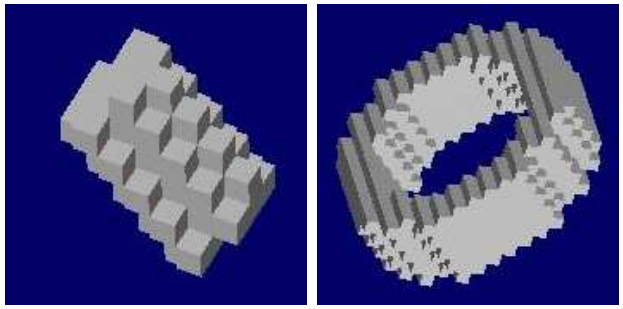


FIG. 7.5 – *Eléments structurants de départ.*

souhaite détecter, c'est à dire l'aspect légèrement coudé de la veine porte, semble constante d'une image à l'autre.

7.3.5 Variations anatomiques

Nous avons vu précédemment que, d'après [53], le tronc de la veine porte s'éloigne très rarement de la disposition classique. Ses principales variations se font au niveau de son origine et de sa terminaison : le tronc lui-même varie peu. D'après les données observées et les données médicales, on peut en conclure que la forme que nous souhaitons détecter est donc relativement stable d'une image à l'autre. L'utilisation de la transformée en tout-ou-rien peut donc donner de bons résultats à condition de trouver des éléments structurants qui décrivent bien la forme à rechercher.

7.3.6 Variations de la taille

Si la forme du tronc porte est relativement constante d'une image à l'autre, il n'en est pas de même de sa taille. En effet, sur la seule base de tests dont nous disposons on observe certaines variations, bien que restant dans des proportions raisonnables. Il faut donc s'interroger sur l'application de la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris : allons nous appliquer la méthode avec une seule paire d'éléments structurants, ou allons nous effectuer une analyse multi-échelle en appliquant la méthode avec des éléments structurants successifs de tailles différentes ?

Comme premier élément structurant, celui qui doit être contenu dans le motif à rechercher, nous allons utiliser un cylindre plein. L'orientation de ce cylindre sera la même que la forme moyenne calculée du tronc porte. Pour le deuxième élément structurant, celui utilisé pour détecter le fond du motif, nous allons utiliser un cylindre creux ayant le même axe que le premier cylindre mais un rayon plus grand (pour s'assurer qu'il est en dehors du motif à détecter). Ces deux éléments structurants sont représentés sur la figure 7.5.

7.3.7 Niveau de gris des éléments structurants

Nous avons vu au chapitre 4 que la définition de Ronse de la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris permet d'utiliser des éléments structurants à niveaux de gris, c'est à dire non plats. Les niveaux de gris choisis pour les éléments structurants peuvent être uniformes ou non. Ceci peut permettre de détecter finement certaines caractéristiques. En utilisant deux éléments structurants de niveaux de gris uniforme différents, on peut ainsi imposer à la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris un niveau de contraste minimal entre le motif à détecter et le fond. Cette contrainte sur le contraste peut également se faire après coup : en calculant l'image

correspondant à l'intensité de la réponse de la transformée en tout-ou-rien, on peut seuiller après coup les structures détectées selon leur contraste. La définition de Soille de la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris peut donc être également envisagée. C'est ce que nous avons choisi de faire. Nous utiliserons donc la définition de Soille de la transformée en tout-ou-rien, utilisant des éléments structurants ensemblistes.

7.3.8 Assouplissement des contraintes

En appliquant la transformée en tout-ou-rien en utilisant des éléments structurants qui imposent trop de contraintes sur les structures à rechercher, on risque de se heurter à plusieurs problèmes. Le premier problème vient des images, qui peuvent être corrompues par du bruit ou d'autres artefacts dépendant de la modalité d'acquisition. Le second problème vient de la variabilité des structures que l'on souhaite détecter. En pratique, on utilise toujours deux éléments structurants entre lesquels existe un espace, appelé "don't care space" par Bloomberg [7]. Cet espace permet d'assouplir légèrement les contraintes imposées par les deux éléments structurants, en permettant à la structure que l'on souhaite détecter d'être légèrement différente, dans la limite du "jeu" existant entre les deux éléments structurants. Les principaux moyens d'assouplir les contraintes sont les suivantes :

1. Erosion des deux éléments structurants.

   En érodant les deux éléments structurants, on augmente le "jeu" existant entre les éléments. De façon évidente, cela assouplit les contraintes, car cela permet de détecter des structures ayant de plus grandes variations. Cependant, cette érosion des éléments structurants, en détruisant leur contour, réduit l'information de forme véhiculée. De ce fait, les structures détectées par deux éléments structurant érodés pourront avoir des formes beaucoup plus éloignées de la forme originale recherchée.

2. Transformée en tout-ou-rien de rang.

   Les opérateurs morphologiques de rang sont fondés sur une définition légèrement modifiée de l'érosion et de la dilatation. En niveaux de gris, pour une érosion de rang k, l'opérateur en un point ne sera plus égal au minimum des points contenus dans l'élément structurant, mais au k^{ieme} minimum. De même pour la dilatation, on prendra le k^{ieme} maximum. Une description détaillée des opérateurs de rang peut être trouvée dans [153]. L'opérateur de la transformée en tout-ou-rien utilisant des filtres de rang à la place des dilatations et érosions classiques permet d'assouplir les contraintes, en faisant en sorte qu'une structure comportant quelques défauts (comme quelques points de bruit) sera quand même détectée. Ce type d'opérateur est donc très intéressant.

3. Simplification des éléments structurants.

   Une méthode proposée par Bloomberg [9] consiste à garder l'information de forme des éléments structurants tout en les simplifiant en enlevant certains points. La méthode proposée consiste à placer les éléments structurants sur une grille cubique et à supprimer des points de façon régulière.

Nous avons utilisé la transformée en tout-ou-rien de rang, ainsi que la méthode de Bloomberg consistant à enlever des points de l'élément structurant. Il nous est apparu expérimentalement que les deux méthodes donnent des résultats assez similaires et permettent toutes deux d'assouplir efficacement les contraintes imposées par les éléments structurants. D'un point de vue pratique, la transformée en tout-ou-rien de rang est relativement coûteuse en temps de calcul, car les filtres de rang nécessitent, pour chaque point, d'effectuer un tri. Des optimisations sont cependant possibles en utilisant des techniques fondées sur un histogramme [19, 173].

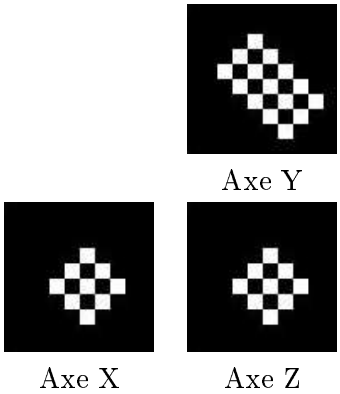


FIG. 7.6 – *Elément structurant A sous-échantillonné sur une grille cubique utilisé pour la transformée en tout-ou-rien.*

La méthode de Bloomberg est très intéressante, car le fait de supprimer des points de l'élément structurant permet d'accelerer le temps de calcul. C'est donc cette méthode que nous avons choisie d'utiliser. Nous assouplissons donc les contraintes en enlevant régulièrement des points de nos éléments structurants. Les éléments structurants ainsi transformés comportent donc des "trous" visibles sur la figure 7.6.

7.3.9 Application de la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris

Nous avons vu dans le chapitre 4 que le principe de la transformée en tout-ou-rien est de rechercher des motifs (template matching en anglais) en appliquant un motif test (les éléments structurants) sur tous les points de l'image. Le test effectué est le suivant : si l'intensité de tous les points contenus dans le premier élément structurant est supérieure à l'intensité de tous les points contenus dans le second élément structurant on garde le point ; sinon on le supprime. Nous avons vu qu'il existe plusieurs définitions, et que différentes sortes d'images peuvent résulter de la transformée en tout-ou-rien. Dans notre cas, nous avons choisi d'utiliser l'image correspondant à l'intensité de la réponse de l'opérateur : nous utilisons donc la version de l'opérateur décrite par Soille [154]. En reprenant notre formalisme du chapitre 4, on utilise la définition suivante de la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris :

$$[F \otimes (A,B)](p) = \begin{cases} (F \ominus A)(p) - (F \oplus \check{B})(p) & \text{si } (F \ominus A)(p) > (F \oplus \check{B})(p) \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

avec F l'image originale, et A et B les deux éléments structurants.

D'un point de vue algorithmique, cela revient à effectuer la différence arithmétique entre l'érosion en niveau de gris de F par A et la dilatation en niveau de gris de F par B, puis à affecter l'intensité 0 à tous les points d'intensité négative. Pour obtenir l'ouverture en tout-ou-rien, on redilate l'image obtenue par l'élément structurant A *original*, c'est à dire sans trous.

7.3.10 Élimination des faux-positifs

L'application de l'ouverture en tout-ou-rien donne cependant de nombreux faux-positifs, dus à la souplesse de la reconnaissance de forme. Différentes structures autres que la veine porte sont détectées : des morceaux de côtes et des structures correspondant aux organes internes. Dans la plupart des cas on arrive à bien distinguer visuellement la composante correspondant à

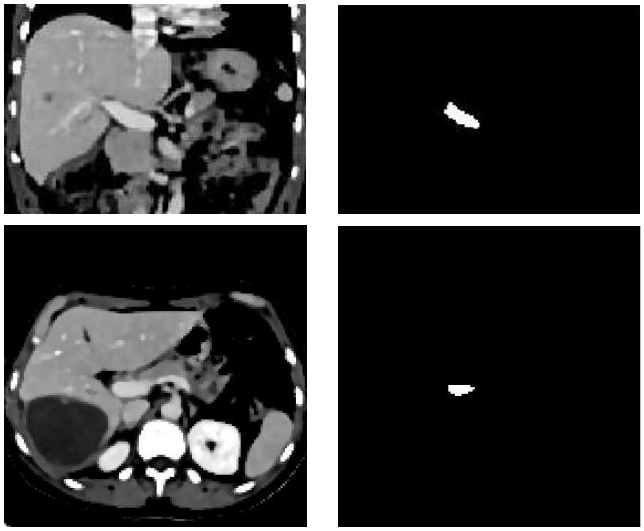


FIG. 7.7 – *Exemple de résultat (vue sur deux coupes axiales et frontales).*

l'entrée de la veine porte dans le foie des autres structures : elle est en général assez centrale et allongée selon l'axe des X. Dans certains cas minoritaires, cependant, l'artère hépatique peut être détectée, qu'on peut confondre avec l'entrée de la veine porte : l'allongement est sensiblement le même, ainsi que la localisation. L'artère hépatique en effet est située légèrement derrière l'entrée de la veine porte. Dans ce cas, le moyen de différencier les deux structures est de comparer leur intensité : la veine porte est plus claire que l'artère hépatique.

La méthode d'élimination des faux-positifs consiste donc à garder les deux structures les plus allongées et situées le plus au centre de l'image. Pour mesurer l'élongation, nous utilisons la matrice d'inertie de la structure et calculons le rapport entre la valeur propre correspondant au petit axe et la valeur propre correspondant au grand axe. La structure la plus claire correspond à l'entrée de la veine porte.

7.3.11 Résultats de la détection automatique de la veine porte dans le foie

La méthode a été appliquée sur une base de tests de 25 images sous-échantillonnées et filtrées par un filtre anisotrope. Le temps de calcul de la méthode dépend de la dimension de l'image d'entrée. Le temps est de l'ordre de 20s pour des images ayant une dimension de $180 \times 180 \times 96$, et de 5s pour des images ayant une dimension de $140 \times 140 \times 80$. La méthode est efficace sur la totalité des images. La première étape, c'est à dire l'application de l'ouverture en tout-ou-rien en niveaux de gris, aboutit à la détection de l'entrée de la veine porte ainsi que d'autres structures, qui sont des faux-positifs. La deuxième étape de la méthode permet d'éliminer tous les faux-positifs (voir Fig 7.7).

7.4 Automatisation du calcul de la graine : seconde méthode

Dans cette section, nous décrivons une seconde méthode que nous avons développée dans le but de détecter automatiquement le segment extra-hépatique de la veine porte. La méthode décrite dans cette section a fait l'objet d'une communication [106] soumise à la conférence ISMM'05.

Cette méthode s'inspire de la méthode précédente, en tentant d'améliorer certains points. En particulier, la méthode précédente s'appuie sur une heuristique pour éliminer les nombreux

faux-positifs présents dans l'image. Cette heuristique est efficace, car dans notre base de tests la méthode n'a pas été mise en échec. Cependant, l'heuristique utilisée n'est pas très robuste. Nous avons donc choisi, dans cette seconde méthode, d'éliminer cette phase d'élimination des faux-positifs. Nous allons utiliser le maximum d'informations à priori sur la structure que l'on souhaite détecter, en l'occurence le segment extra-hépatique de la veine porte.

Les deux attributs sur lesquels nous nous appuyons sont les suivants :

- Attributs photométriques : nous avons vu que la veine porte, et en particulier son segment extra-hépatique, est plus claire que son voisinage, grâce au produit de contraste injecté. La veine porte a donc une intensité supérieure à celle du foie. Nous avons vu dans le chapitre précédent que le pic du foie est généralement bien visible sur l'histogramme des intensités de nos images. Nous allons pouvoir utiliser cette information pour ne considérer comme valides que les points d'intensité supérieure à l'intensité maximale du foie. De la même manière, l'intensité de la veine porte est plus faible que celle des os. Nous allons également utiliser cette information d'intensité pour caractériser les points du segment extra-hépatique de la veine porte.
- Attributs morphologiques : nous avons vu que le segment extra-hépatique de la veine porte effectue un coude avant de rentrer dans le foie. L'origine du segment extra-hépatique de la veine porte est constituée par la partie supérieure de la veine mésentérique supérieure (VMS), veine qui nous l'avons vu précédemment peut être considérée comme un cylindre vertical.

7.4.1 Principe de la méthode

Le principe de cette méthode va consister à effectuer deux détections en utilisant des transformées en tout-ou-rien successives. Nous détectons la veine mésentérique supérieure grâce à des éléments structurants cylindriques verticaux, puis détectons l'entrée de la veine porte dans le foie (EVP) par deux éléments structurants cylindriques horizontaux. Nous combinons ensuite les deux résultats en ne gardant que les structures de la seconde image connectées à des structures de la première image. Les différentes étapes sont détaillées ci-après.

7.4.2 Prétraitement de l'image

Comme dans la méthode précédente, nous effectuons un prétraitement de l'image. Ici, nous réduisons d'abord l'image de manière à la rendre isotrope. Après traitement, ses voxels ont comme dimensions 2mm$\times$2mm$\times$2mm. Puis nous filtrons l'image avec un filtre médian utilisant comme élément structurant une boule discrète de rayon 6mm.

Nous appelons I l'image prétraitée sur laquelle nous allons effectuer la détection.

7.4.3 Détection de la veine mésentérique supérieure (VMS)

La veine mésentérique supérieure est un cylindre vertical clair. Dans un premier temps, nous calculons une région d'intérêt pour réduire la zone de recherche de la VMS. Pour calculer cette région d'intérêt, nous utilisons le fait que la VMS est située en avant de la colonne vertébrale. Pour détecter grossièrement la composante de la colonne vertébrale, nous utilisons la méthode décrite au chapitre 6. La région d'intérêt est calculée de telle manière à ne conserver que les points situés devant la colonne vertébrale et entre sa face gauche et droite (voir Fig 7.8 figure de gauche).

FIG. 7.8 – *A gauche : Région d'intérêt utilisée pour la détection de la veine mésentérique supérieure. A droite : Région d'intérêt utilisée pour la détection de l'entrée de la veine porte dans le foie.*

Dans cette région d'intérêt, nous effectuons une transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris pour détecter les cylindres verticaux présents dans cette région. Pour cela, nous utilisons les éléments structurants suivants :

- Element structurant A : cylindre discret orthogonal au plan axial (plan XY) de longueur 12mm ;
- Element structurant B : cylindre discret creux parallèle à A, de longueur 2mm, de rayon 12mm et d'épaisseur 4mm.

On constate que le second élément structurant, le cylindre creux, n'a qu'une longueur de 2mm. Ceci permet de contraindre la forme détectée à être cylindrique, tout en évitant que ce second élément soit trop contraignant et empêche la détection, en particulier s'il rentre en collision avec des structures voisines. Ceci permet donc d'assouplir la contrainte tout en permettant la détection de formes cylindriques. Ces éléments structurants sont représentés sur la figure 7.9.

Nous appliquons ensuite une transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris sur la zone d'intérêt calculée, en utilisant les éléments structurants décrits. Comme nous voulons par la suite utiliser une information d'intensité pour caractériser les points appartenant à la VMS, nous prenons une définition légèrement modifiée de la transformée en tout-ou-rien de Ronse. En un point, nous effectuons le calcul suivant :

$$[F \otimes_2 (A,B)](p) = \begin{cases} F(p) & \text{si } (F \ominus A)(p) > (F \oplus B^*)(p) \\ \perp & \text{sinon} \end{cases}$$

où $\perp$ est le niveau de gris minimal de l'image. En utilisant cette définition, nous gardons l'intensité originale des points appartenant à la transformée en tout-ou-rien.

Nous seuillons l'image obtenue en utilisant comme seuil bas l'intensité maximale du foie $foie_{max}$, et comme seuil haut l'intensité minimale des os os_{min}.

Nous appelons I_1 l'image obtenue :

$$I_1 = TH(I \otimes_2 (A,B), foie_{max}, os_{min})$$

où $\mathrm{TH}(I, s_1, s_2)(p) = \begin{cases} I(p) & \text{si } s_1 \leq I(p) \leq s_2 \\ \perp & \text{sinon} \end{cases}$

Le résultat de cette première étape permettant d'obtenir l'image I_1 est représenté sur la figure 7.10.

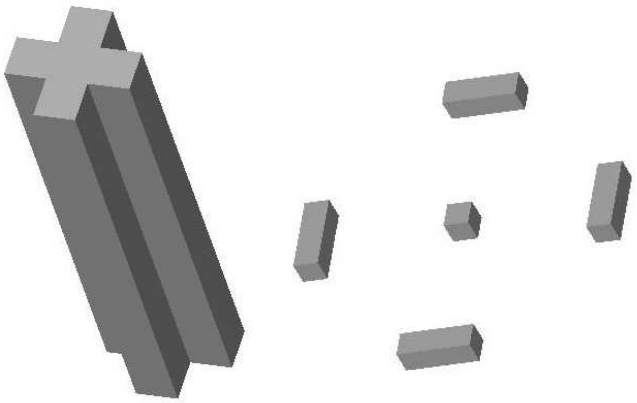


FIG. 7.9 – *Eléments structurants utilisés pour la détection de la VMS. A gauche : élément structurant A. A droite : élément structurant B (le point du milieu représente l'origine de l'élément structurant, qui n'est pas comprise dans l'élément structurant).*

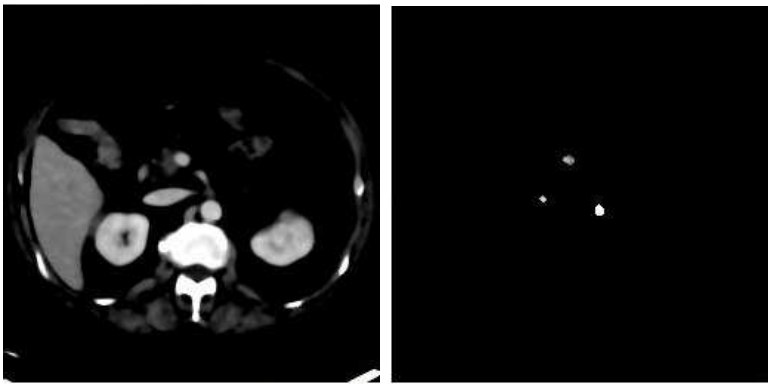


FIG. 7.10 – *A gauche : Coupe de l'image I. A droite : image I_1 obtenue. On constate qu'on détecte bien la veine mésentérique supérieure, en haut, mais également l'aorte (en bas à droite), ainsi que la veine cave inférieure (en bas à gauche).*

A l'issue de cette première étape, nous détectons, dans la totalité des images de notre base de test, la VMS. D'autres structures sont généralement également détectées, en particulier l'aorte et la veine cave inférieure.

7.4.4 Détection de l'entrée de la veine porte dans le foie (EVP)

Nous allons utiliser une méthode similaire pour extraire l'entrée de la veine porte dans le foie. Tout d'abord, nous réduisons l'image à une zone d'intérêt. Cette zone d'intérêt devra être plus large que la précédente, car l'entrée de la veine porte dans le foie peut être située très à droite de la colonne vertébrale. Cependant, comme la VMS, l'EVP est située devant la colonne vertébrale. Nous calculons une zone d'intérêt de manière à ne conserver que les points situés devant la colonne vertébrale. La largeur que nous prenons pour la zone d'intérêt de l'EVP est le double de celle de la VMS, de manière à l'agrandir vers la droite du patient (voir Fig 7.8 figure de droite). Pour détecter l'EVP, nous prenons les deux éléments structurants suivants :

- Elément structurant A : un cylindre discret orthogonal au plan sagittal (plan YZ), de longueur 6mm et de rayon 2mm ;
- Elément structurant B : un cylindre discret creux parallèle A, de même longueur mais de rayon variable.

Comme deuxième élément structurant B, nous allons effectivement utiliser plusieurs rayons, afin de gérer les cas où le diamètre de l'EVP est atypique. Ce diamètre peut en effet être beaucoup plus grand que la moyenne. Nous utilisons donc un ensemble de couples d'éléments structurants $\mathrm{SE} = \{(A, B_1), (A, B_2), (A, B_3)\}$, où B_i est un cylindre creux parallèle à A de rayon $4 + 2 * i$mm et d'épaisseur 4mm

Nous calculons l'image I_2 en calculant le maximum point à point des trois transformées en tout-ou-rien en niveaux de gris avec les trois couples d'éléments structurants :

$$I_2 = \mathrm{TH}(I \otimes_2 (A, B_1) \vee I \otimes_2 (A, B_2) \vee I \otimes_2 (A, B_3), foie_{max}, os_{min})$$

Un exemple de résultat obtenu pour l'image I_2 est représenté sur la figure 7.12.

Cette méthode permet de détecter dans tous les cas l'entrée de la veine porte dans le foie. D'autres structures sont également détectées, comme des branches vasculaires internes au foie.

7.4.5 Combinaison des deux résultats

En utilisant l'hypothèse que la veine mésentérique supérieure est connectée à l'entrée de la veine porte, nous allons supprimer la plupart des faux-positifs présents sur les deux images. Pour cela, nous allons garder uniquement les structures de I_2 connectées à une structure dans I_1. Formellement, nous calculons l'image I_3 de la manière suivante :

$$I_3 = \mathrm{Rec}_{\oplus}(I_1 \wedge I_2, I_2)$$

L'image INTER$=I_1 \wedge I_2$ est l'intersection, c'est à dire le minimum point à point des deux images. Effectuer une reconstruction géodésique de cette image dans l'image I_2 permet de conserver les structures entières de I_2 connectées à des structures de I_1.

Cette étape permet de réduire efficacement le nombre de faux-positifs de la détection. Dans certains cas, il peut rester encore quelques structures : une extraction de la composante connexe principale permet dans tous les cas de conserver la structure recherchée, c'est à dire le segment extra-hépatique de la veine porte.

La figure 7.13 représente le résultat final de la détection.

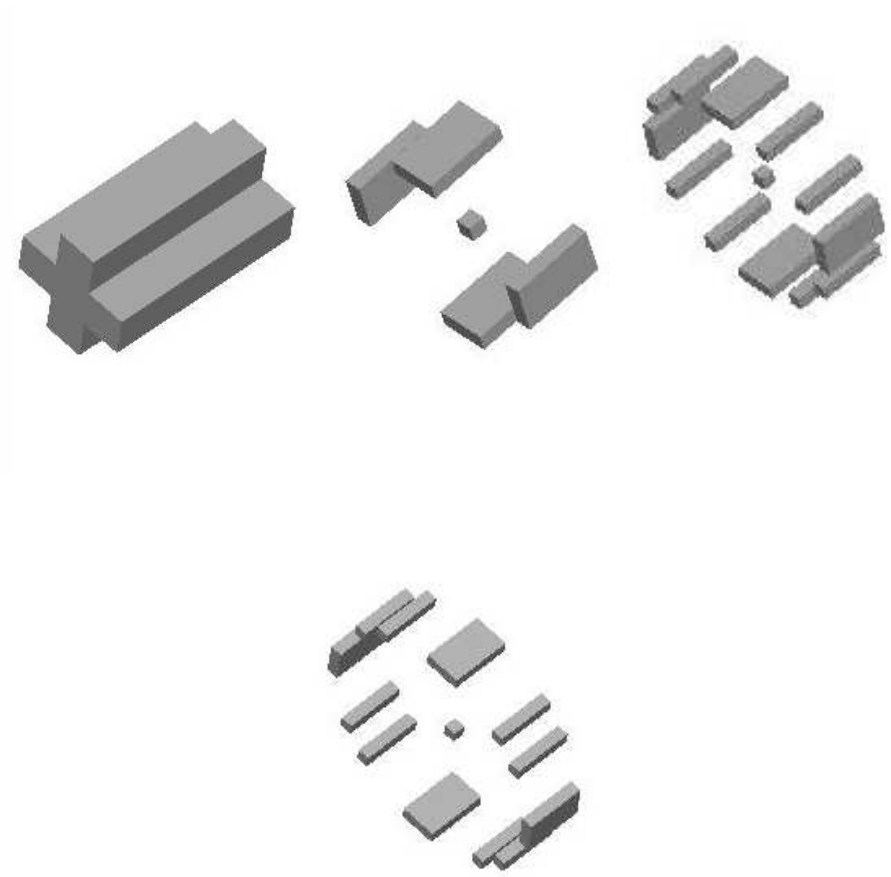


FIG. 7.11 – *Eléments structurants utilisés pour la détection de l'EVP. A gauche : élément structurant A. Puis de gauche à droite :* B_1, B_2, B_3.

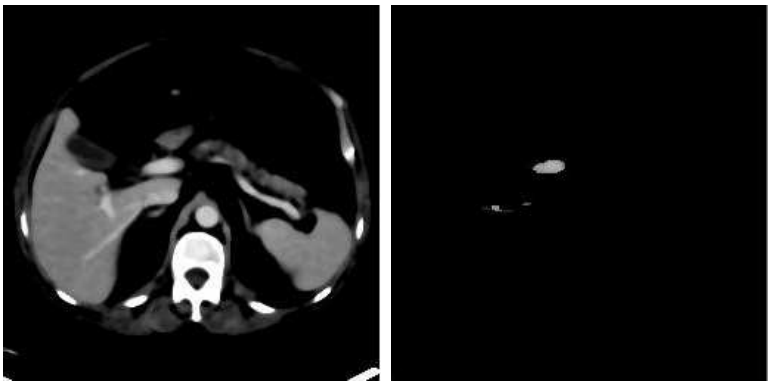


FIG. 7.12 – *A gauche : Coupe de l'image I. A droite : image I_2 obtenue. L'entrée de la veine porte est détectée (en haut), ainsi que d'autres petites structures résiduelles.*

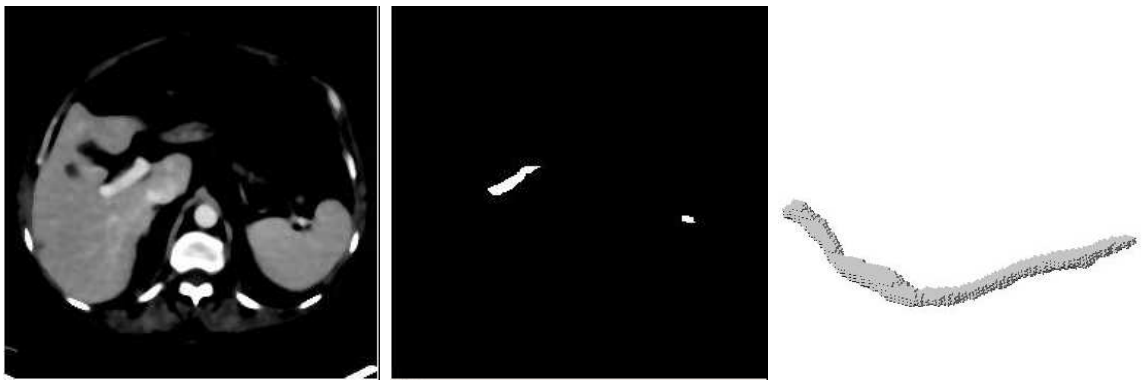


FIG. 7.13 – *A gauche : Coupe de l'image I. Au centre : image I_3 obtenue. L'entrée de la veine porte est détectée On constate sur cette coupe une structure à droite : il s'agit en fait de points connectés à l'entrée de la veine porte. A droite : représentation en 3D de l'objet voxel obtenu.*

On constate sur cet exemple que le résultat final contient bien l'entrée de la veine porte dans le foie. On obtient également, à droite, le segment horizontal de la veine splénique, connecté à la veine porte. Ceci n'est pas gênant, et montre que notre méthode de détection permet de détecter toutes les branches orthogonales à l'axe sagittal connectées à la veine mésentérique supérieure.

Nous avons expérimenté notre méthode de détection de l'entrée de la veine porte sur notre base d'images, et la détection s'est révélée efficace dans tous les cas.

7.4.6 Discussion

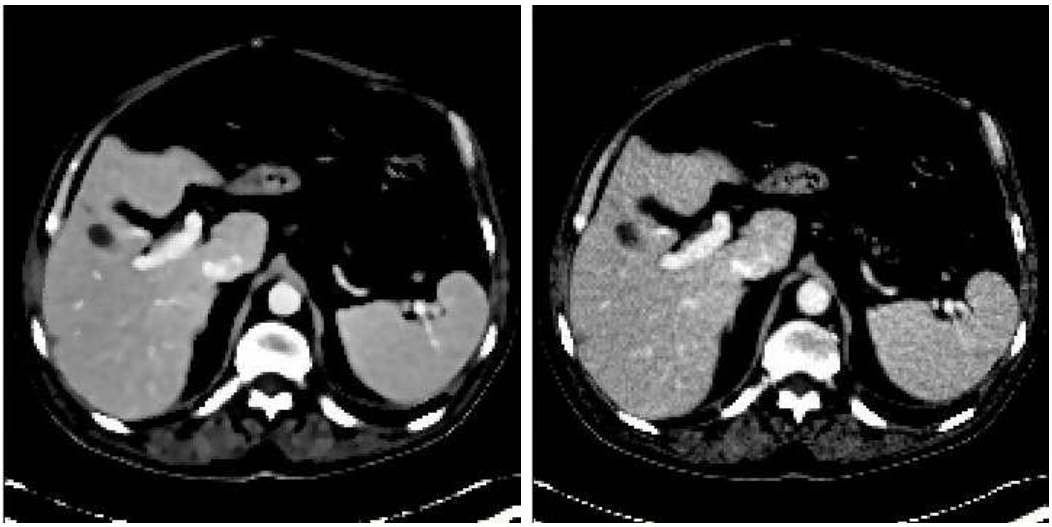
Dans cette section nous avons décrit une seconde méthode pour détecter automatiquement la graine de l'algorithme de propagation : le segment extra-hépatique de la veine porte. Cette méthode a l'avantage d'être plus robuste que la précédente, car elle s'appuie sur des hypothèses fortes par rapport à l'intensité de la structure, et à sa forme.

7.5 Critères de propagation experimentés

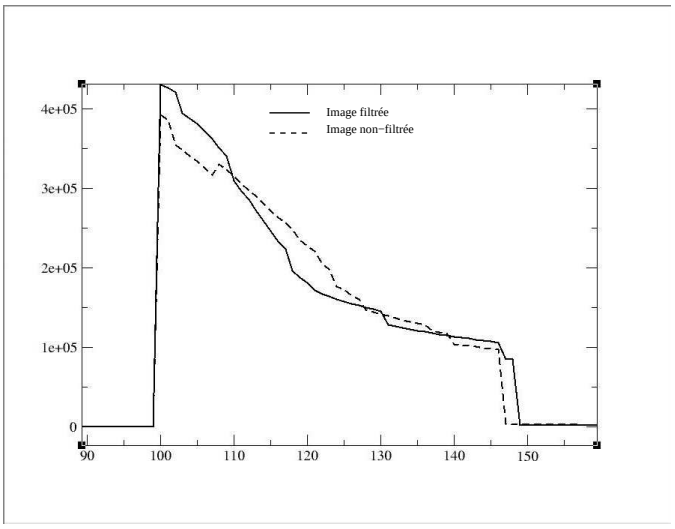
7.5.1 Propagation par seuillage simple

Le premier critère de propagation que nous avons expérimenté est un seuillage simple. Pour détecter automatiquement la valeur du seuil, nous utilisons la méthode de Selle et al. [145, 146, 147] et Zahlten et al. [190, 191]. En partant de l'entrée de la veine porte, nous effectuons plusieurs propagations avec des valeurs de seuils décroissantes. A chaque itération, nous gardons en mémoire le nombre de points segmentés. Nous obtenons ensuite une courbe qui donne pour chaque seuil le nombre de points appartenant au réseau vasculaire (voir Fig 7.14). Le seuil optimal est calculé automatiquement à partir de cette courbe : en parcourant l'axe des abscisses dans le sens décroissant, on détecte le seuil à partir duquel le nombre de points segmentés augmente radicalement. Dans la suite, nous appelons cette courbe l'histogramme de la propagation

L'algorithme pour calculer cet histogramme peut-être optimisé en utilisant une file d'attente hiérarchique. Le principe est le suivant : on stocke dans la file les points selon leur niveau de gris. Les points dont le niveau de gris est le plus haut sont les plus prioritaires. On traite ensuite les points de la file selon leur priorité. Un seuil t est initialisé à la valeur d'intensité maximale de l'image. Ce seuil est réduit en fonction du niveau de priorité des points sortis de la file. On met ensuite l'histogramme à jour selon le seuil t courant.

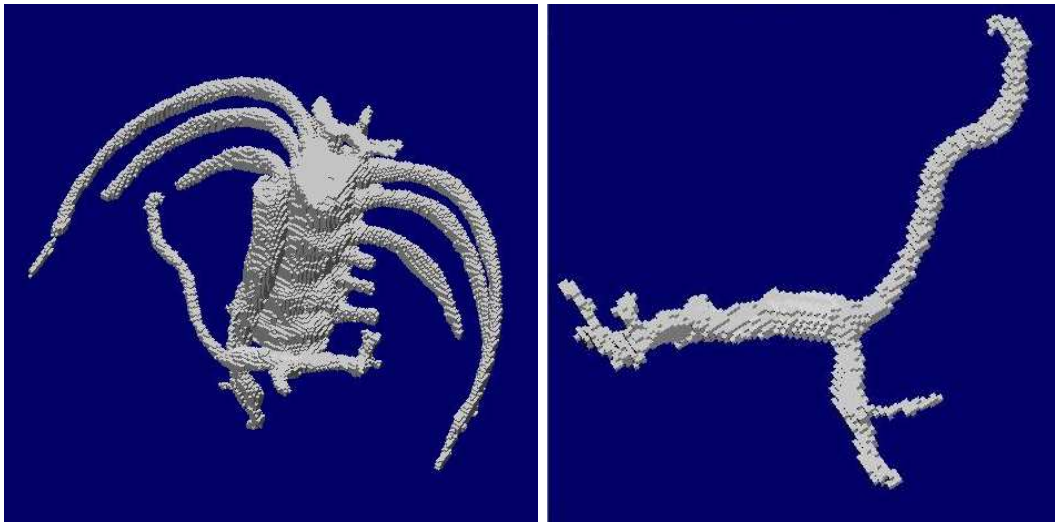


(a) (b)



(c)

FIG. 7.14 – *a) Image filtrée, b) Image non filtrée, c) Nombre de points du réseau vasculaire en fonction du seuil*



(a) (b)

FIG. 7.15 – a) Seuil bas (sur image filtrée) , b) Seuil λ (sur image filtrée)

Algorithme 14: *Calcul de l'histogramme de la propagation*

Données : Image source I, Image de l'entrée de la veine porte J (point de départ de la propagation)

Résultat : Histogramme, Image marqueur modifiée

```
Initialiser les valeurs de l'histogramme à 0;
pour tous les points p appartenant à l'entrée de la veine porte faire
    file_prio.push(p,I(p) ;
fin
tant que file_prio.empty()=faux faire
    p=file_prio.top();
    t=min(I(p),t);
    histo(t)++;
    marqueur(p)=t;
    pour Tous les voisins v_i de p non traités faire
        file_prio.push(v_i,image(v_i));
    fin
fin
pour i=max à i=min faire
    histo(i)=histo(i)+histo(i+1)
fin
```

Dans cet algorithme, nous modifions également l'image marqueur. Nous obtenons une image où l'intensité d'un point correspond à la valeur λ pour laquelle ce point est segmenté par l'algorithme de propagation. Une fois le seuil optimal calculé, il suffit d'effectuer un seuillage global sur cette image pour obtenir le résultat désiré.

Sur cet exemple, le seuil optimal λ_{opt} est égal à 149 pour l'image filtrée, et à 147 pour l'image non filtrée Si nous effectuons une propagation en utilisant un seuil inférieur à λ_{opt}, nous

(a) (b)

FIG. 7.16 – *a) Seuil optimal :* $\lambda = 149$ *, b) Résultat pour* $\lambda = 146$

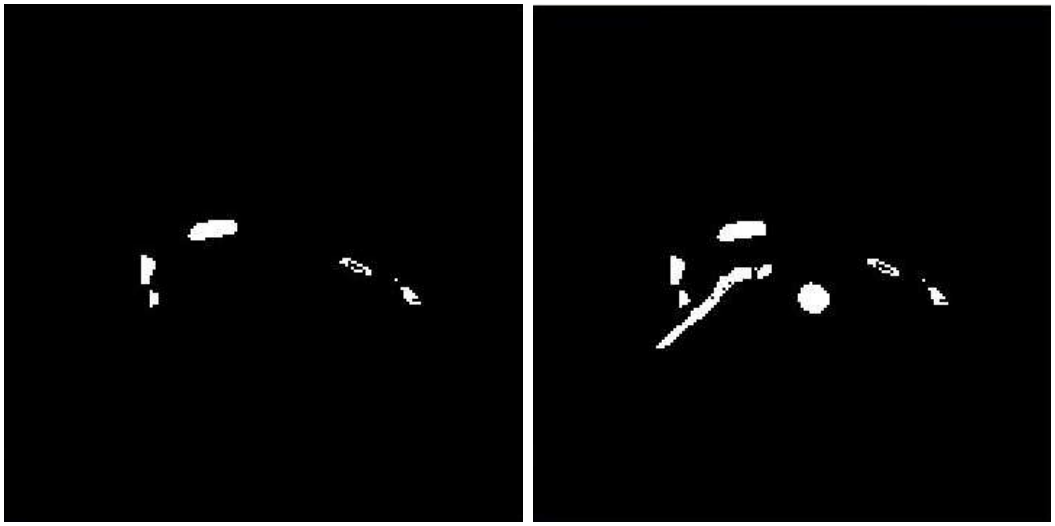
constatons que la propagation s'étend aux organes voisins (voir Fig 7.15 (a)). On peut voir le résultat de la propagation en utilisant le seuil optimal λ_{opt} sur la figure 7.15 (b).

On constate visuellement que le réseau obtenu en utilisant le seuil fixe optimal est très réduit. En descendant légèrement le seuil en dessous du niveau optimal, on voit sur la figure 7.16 (b) qu'on récupère une branche absente de la figure 7.16 (a). Cependant la propagation s'étend aux organes voisins et à certains os.

Une solution pour contraindre la propagation à rester dans le réseau vasculaire consiste à utiliser un deuxième seuil, et à ne conserver que les points dont l'intensité est inférieure à ce deuxième seuil (seuil haut), pour éviter que la propagation ne s'étende aux structures trop claires comme les os. En effet, on peut faire l'hypothèse que l'intensité du réseau vasculaire est décroissante à mesure que la taille des branches diminue. On peut voir sur la figure 7.17 (a) le résultat d'une propagation en utilisant un seuil haut égal à l'intensité la plus élevée du réseau vasculaire (c'est à dire le seuil correspondant à l'intensité de la première branche du réseau, c'est à dire l'entrée de la veine porte). On constate sur la figure 7.17 (b) que pour un seuil bas de 146, les os ne sont plus segmentés, contrairement au cas précédent. Cependant, on voit que l'aorte est segmentée, ce qui n'est pas désirable.

7.5.2 Orientation de la propagation

En initialisant l'algorithme de croissance de régions avec l'image marqueur composée de l'entrée de la veine porte dans le foie, la propagation s'étend vers le réseau vasculaire du foie, mais également dans l'autre direction et segmente d'autres réseaux vasculaires. En particulier, la propagation s'étend dans la veine splénique, ainsi que des veines alimentant les reins. La solution à ce problème consiste à orienter la propagation vers le foie. A partir de l'image marqueur, il suffit de détecter la direction pointée par l'entrée de la veine porte et de propager dans cette direction. L'entrée de la veine porte ressemble en effet à un cylindre incliné. Nous savons par hypothèse anatomique que le foie se situe à droite de l'entrée de la veine porte. Nous allons



(a) (b)

FIG. 7.17 – *Utilisation d'un deuxième seuil haut : λ_{haut}=179 a) Seuil optimal : $\lambda_{bas} = 149$, b) Résultat pour $\lambda_{bas} = 146$*

utiliser l'axe principal de l'entrée de la veine porte dans le foie en calculant sa matrice d'inertie. Le vecteur propre correspondant à la plus grande valeur propre est colinéaire à l'orientation de l'axe principal du pseudo-cylindre formé par l'entrée de la veine porte (voir figure 7.18). A partir de cette direction nous pouvons orienter la propagation vers le foie : c'est à dire propager en direction des x décroissants. Cette méthode est efficace pour ne conserver que la partie du réseau vasculaire interne au foie (Fig 7.19).

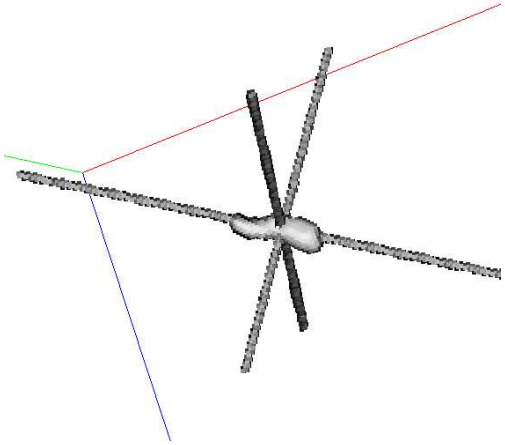
7.5.3 Conclusion sur la méthode

Cette méthode permet avec un faible coût algorithmique d'obtenir une première segmentation du réseau vasculaire. L'inconvénient est la sous-segmentation obtenue : seules les toutes premières branches du réseau porte sont segmentées. Cela est du au fait qu'on utilise comme paramètre uniquement un seuil fixe : avec un seuil trop bas la propagation se répand dans les organes voisins ; de ce fait on est obligé d'utiliser un seuil relativement haut. Deux modifications peuvent alors être apportées à cette méthode pour la rendre plus performante :

- Modifier la valeur du seuil au cours de la propagation.
- Imposer une contrainte sur la forme des structures segmentées.

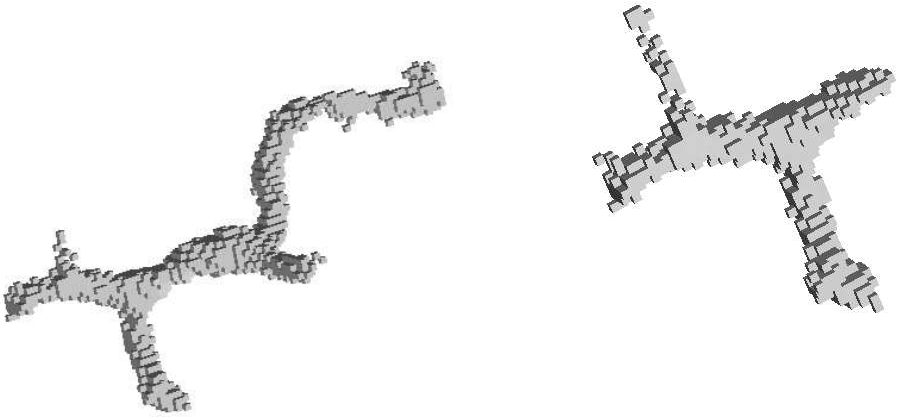
7.5.4 Seuillage adaptatif

La méthode précédente souffre du défaut d'utiliser un seuil fixe : seules les toutes premières branches très contrastées sont segmentées. L'idée du seuillage adaptatif est d'utiliser un seuil initial, puis de le baisser au fur et à mesure qu'on descend dans l'arborescence du réseau vasculaire. En effet, les premières branches du réseau vasculaire sont très contrastées, tandis que les branches plus fines ont tendance à devenir plus sombres. La difficulté de cette méthode est de trouver des paramètres robustes. Le première paramètre est l'évolution du seuil en fonction de la



(a)

FIG. 7.18 – *Directions des vecteurs propres de la matrice d'inertie associée à l'entrée de la veine porte*



(a) (b)

FIG. 7.19 – *a) Réseau segmenté sans contraintes : la segmentation s'étend en dehors du foie, ce qui n'est pas désirable. b) Réseau segmenté en utilisant la méthode de propagation orientée : seul le réseau porte est segmenté.*

propagation : quelle loi utiliser ? Le deuxième paramètre est le seuil limite à ne pas dépasser sous peine de retomber dans les mêmes travers que la méthode précédente, c'est à dire l'extension de la propagation aux organes voisins.

Sanderson [142] a élaboré un algorithme selon cette méthode. Des calculs sont effectués dans un voisinage plus ou moins large du point à segmenter, pour déterminer si le point fait partie ou non de la segmentation finale. La moyenne et l'écart-type des points déjà segmentés sont calculés, ainsi que la moyenne des points les plus clairs contenus dans la fenêtre. En fonction de ces paramètres un nouveau seuil est calculé.

Nous avons expérimenté le seuillage adaptatif sur nos images en utilisant la méthode de Sanderson [142]. Les résultats obtenus ne sont pas très bons : soit les toutes premières branches sont segmentées, comme dans le cas du seuillage fixe, soit la segmentation s'étend en dehors du réseau vasculaire du foie pour s'étendre au parenchyme et aux structures voisines.

7.5.5 Critère de contraste

Nous avons expérimenté un critère de propagation fondé sur le contraste du point exploré par rapport à un voisinage donné, combiné à un critère de forme. Ce critère peut être interprété comme une transformée en tout-ou-rien. Le voisinage est choisi de manière à caractériser l'aspect fin et allongé des branches vasculaires. Pour cela, nous avons choisi d'utiliser trois anneaux parallèles aux trois plans de coupe de l'image. A partir de ce voisinage local, l'idée est de déterminer si le point visité appartient à une branche vasculaire en étudiant l'intensité des points contenus dans ces trois anneaux. La figure 7.20 (a) illustre ce principe sur une figure en deux dimensions (dans ce cas, l'anneau se réduit à un voisinage composé de deux points situés de part et d'autre du point visité). Nous utilisons deux paramètres pour caractériser les anneaux : le rayon de l'anneau, et son épaisseur (voir figure 7.20 (b)) ;

Le critère que nous utilisons est le suivant : nous calculons, pour chaque anneau, le nombre de points dont l'intensité est inférieure à celle du point visité ou testé. Si au moins un des anneaux a tous ses points vérifiant la condition précédente, le point visité est considéré comme faisant partie d'une branche vasculaire. Formellement, nous utilisons le critère suivant pour l'algorithme de propagation :

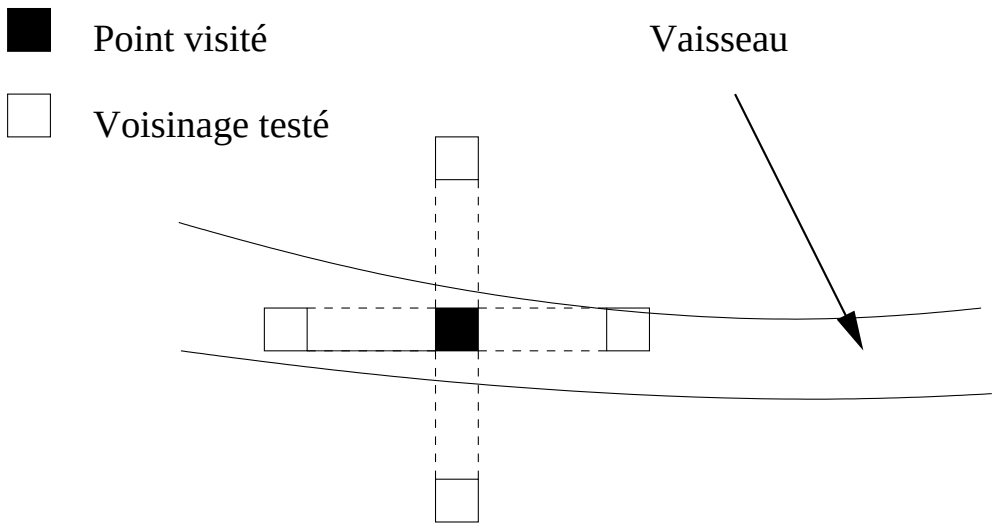
$$C(p) = \begin{cases} \text{vrai} & \text{si au moins un des points} \\ & [I \otimes_2 (o, C_1)](p), [I \otimes_2 (o, C_2)](p), [I \otimes_2 (o, C_3)](p) \\ & \text{est} > \perp \\ \text{faux} & \text{sinon} \end{cases}$$

où o est l'élément structurant contenant uniquement l'origine (c'est à dire le point courant), et les C_i sont les trois anneaux orthogonaux.

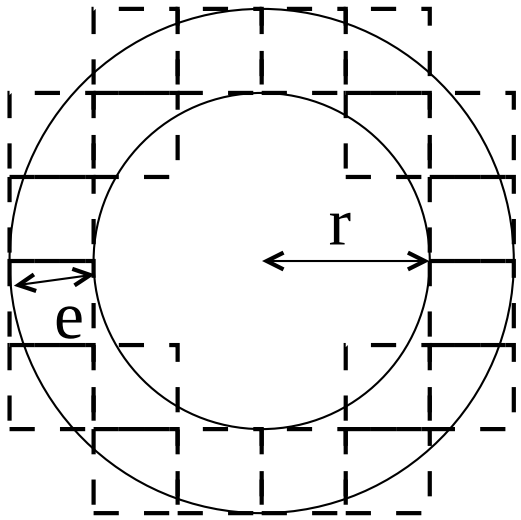
Des exemples de résultats sont illustrés sur la figure 7.21. Nous avons experimenté ce critère sur nos images. Par rapport au seuillage simple il en ressort deux choses :

- Le réseau semble visuellement plus fourni.
- La propagation ne s'étend pas aux organes voisins ; seules les structures fines et allongées (dépendant des paramètres utilisés pour le voisinage) sont segmentées (c'est à dire vraisemblablement des branches vasculaires).

Le résultat obtenu varie en fonction des paramètres r et e utilisés pour caractériser les anneaux. On constate (voir figure 7.22) que l'épaisseur des branches obtenues varie en fonction du paramètre r : plus r est grand plus les branches sont épaisses. De même, le nombre de branches obtenues varie en fonction du paramètre e, c'est à dire de l'épaisseur de l'anneau employé : on



(a)



(b)

FIG. 7.20 – *a) Voisinage utilisé pour caractériser l'appartenance du point visité à une branche vasculaire : exemple en deux dimensions, le voisinage dans ce cas se réduit à 2 points de chaque côté du point visité. b) Anneau utilisé pour le voisinage : paramètres de rayon et d'épaisseur. En pointillé : discrétisation de l'anneau.*

constate sur la figure 7.23 que le nombre de branches diminue à mesure que le paramètre e augmente.

Ces résultats préliminaires semblent prometteurs, car ils résolvent les problèmes obtenus lors de l'utilisation d'un simple seuillage. Cependant, nous ne pouvons rien dire sur la validité de la segmentation obtenue, comme nous ne l'avons pas évaluée autrement que visuellement et par comparaison avec l'image originale.

7.6 Filtrage de l'image

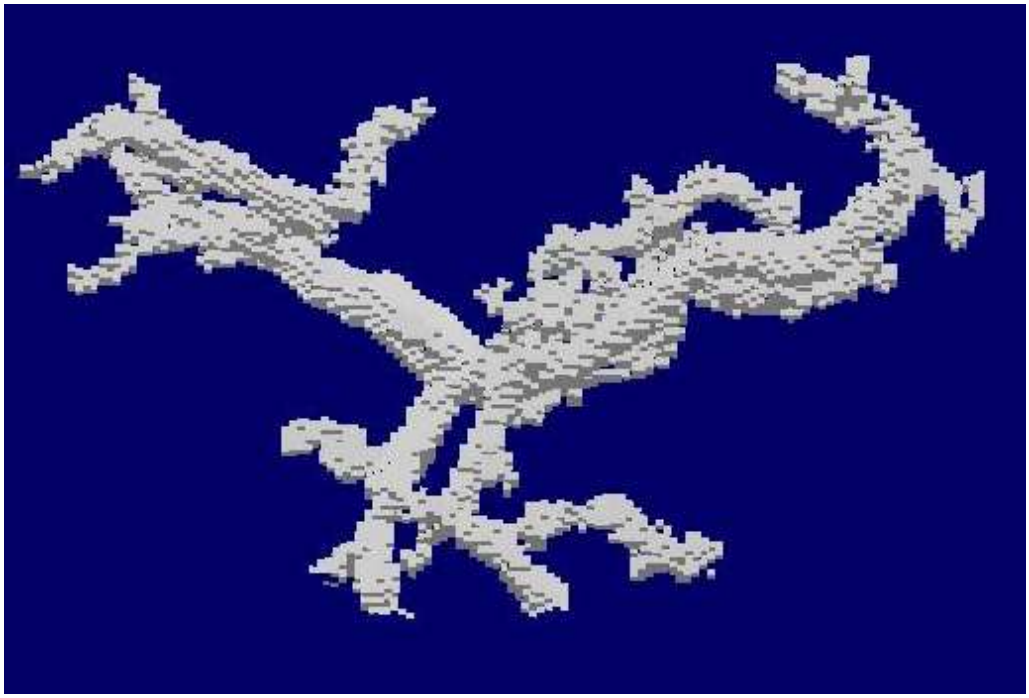
Le dernier paramètre, dans l'application d'un algorithme de croissance de régions, est l'image sur laquelle on va appliquer le processus de segmentation. Cette donnée est primordiale : l'application de l'algorithme peut totalement échouer si les données sur lesquelles il travaille sont trop bruitées. Nous avons vu dans les parties précédentes de nombreuses méthodes pour filtrer et simplifier une image. Les filtrages se différencient en général par leur capacité à préserver ou non les contours. Il s'agit de trouver un compromis entre le lissage, qui permet d'adoucir l'image et de supprimer du bruit impulsif, et la préservation des contours.

7.6.1 Filtrage "anisotrope"

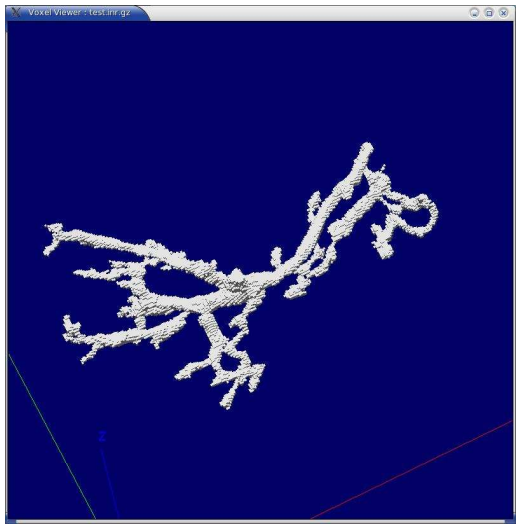
Ce type de filtrage permet de conserver les contours. Les paramètres sont généralement au nombre de trois : le nombre d'itérations de l'algorithme, un paramètre utilisé par la fonction de diffusion, et la taille du pas d'itération. La difficulté de ce type de filtrage vient du choix des paramètres : le paramètre utilisé par la fonction de diffusion dépend des contours que l'on souhaite conserver. Plus ce paramètre est grand, plus les contours sont altérés. Le paramètre correspondant au nombre d'itérations permet de contrôler le nombre de fois que l'algorithme est appliqué : ceci constitue un paramètre supplémentaire à gérer. On voit donc que les paramètres à choisir sont nombreux. Nous avons testé notre algorithme de segmentation du réseau porte du foie avec des images filtrées de façon anisotrope. L'algorithme par croissance de régions nécessite une image fortement lissée, au moins au niveau de la structure à segmenter. Il est difficile de trouver des paramètres convenables au filtrage anisotrope pour obtenir des images lisses au niveau des réseaux vasculaires. Soit l'image est trop lisse, détruisant les contours des vaisseaux, soit pas assez simplifiée, et contient du bruit préjudiciable à la segmentation. Une perspective de recherche, que nous avons commencée à explorer, pourrait-être de détecter automatiquement les paramètres du filtrage anisotrope sur l'image. Ainsi, en partant de la graine on pourrait effectuer des propagations successives, en modifiant les paramètres de filtrage entre chaque étape. Une étude des différentes courbes de propagation pourraient renseigner sur les paramètres optimaux. La figure 7.24 illustre ces différentes courbes : on ne peut cependant pas, dans cet exemple, choisir un paramètre optimal.

7.6.2 Fitrage médian

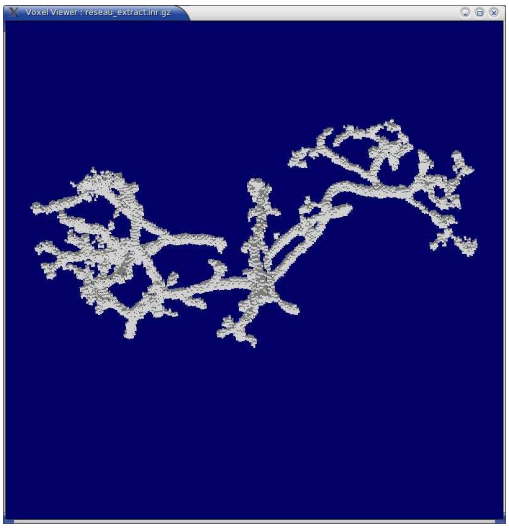
Ce type de filtrage permet de conserver certains contours, cependant ils peuvent être légèrement délocalisés. Le filtrage permet de lisser fortement les zones homogènes de l'image. C'est ce type de filtrage que nous avons utilisé pour segmenter le réseau porte du foie, car il permet d'obtenir de bons résultats dans l'algorithme de propagation. Les résultats illustrés précédemment (en utilisant un critère d'intensité ou de contraste) sont tous issus d'une propagation sur une image filtrée par un filtre médian.



(a)



(b)



(c)

FIG. 7.21 – *Exemples de segmentation en utilisant le critère de contraste.*

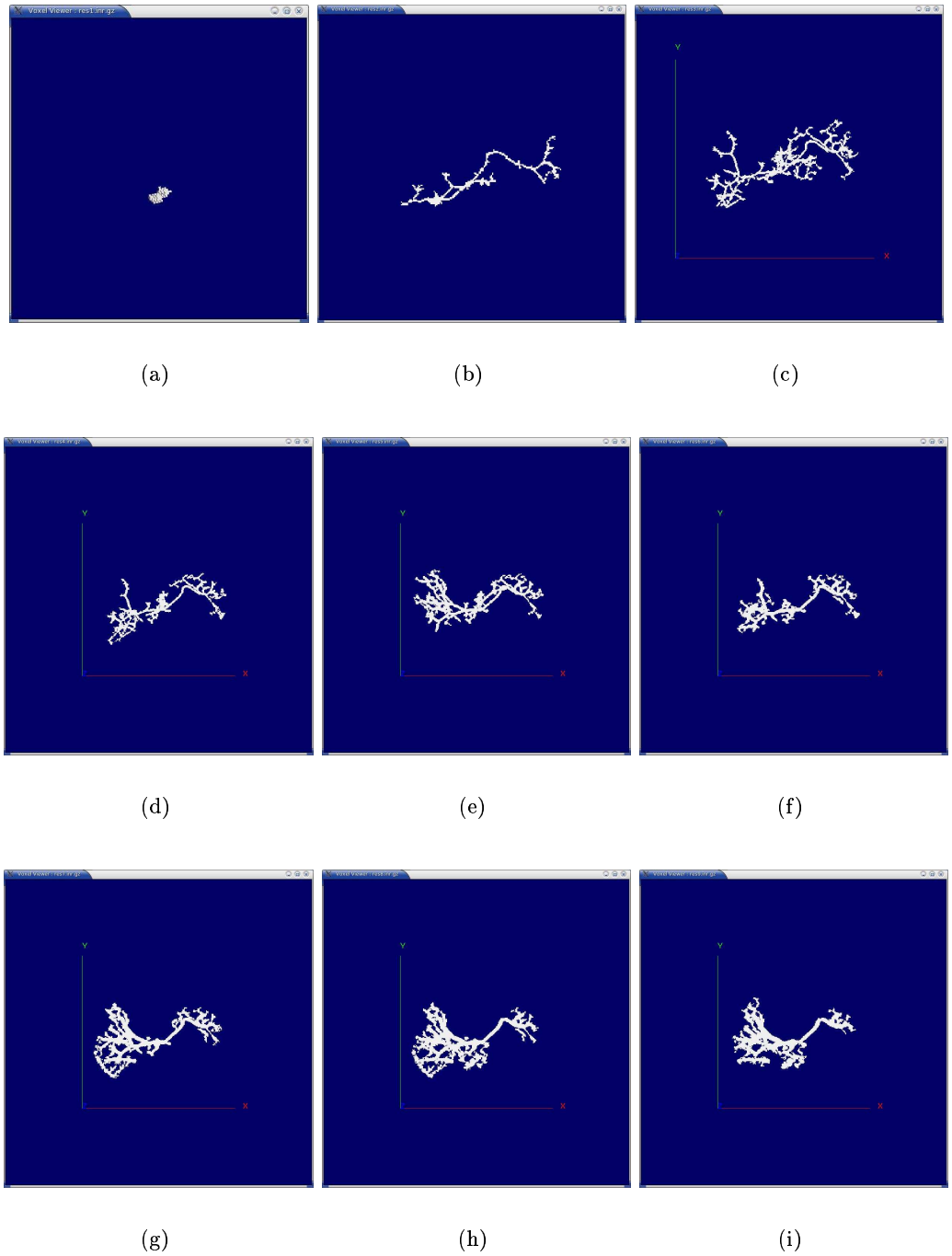


FIG. 7.22 – *Résultats de propagation en utilisant un critère de contraste pour e=1 et a) r=1, b) r=2, c) r=3, d) r=4, e) r=5, f) r=6, g) r=7, h) r=8, i) r=9*

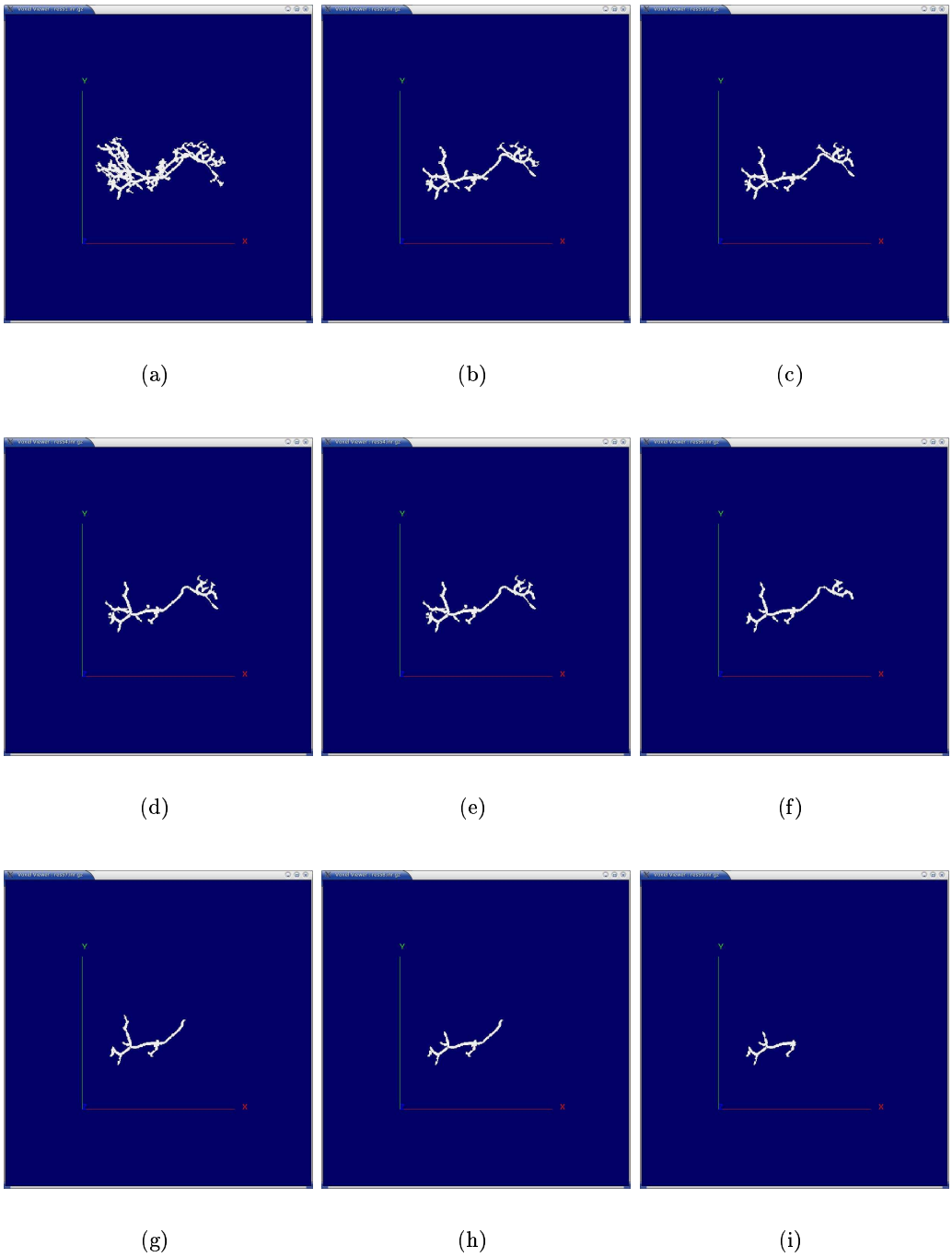


FIG. 7.23 – *Résultats de propagation en utilisant un critère de contraste pour r=5 et a) e=1, b) e=2, c) e=3, d) e=4, e) e=5, f) e=6, g) e=7, h) e=8, i) e=9*

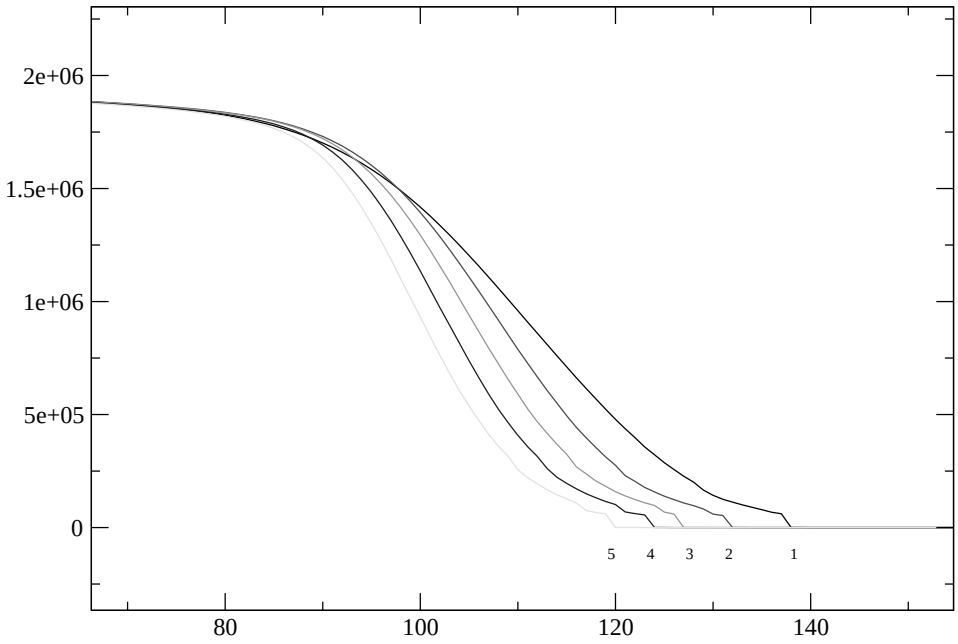


FIG. 7.24 – *Histogramme des propagations successives à partir d'une graine dans le réseau porte du foie. Courbes 1) à 5) : résultats pour un paramètre de fonction de diffusion de plus en plus fort appliqué sur la même image source*

7.6.3 Application de top-hats

Dans le chapitre 4 nous avons étudié des filtres morphologiques permettant de mettre en valeur des structures selon leur aspect. Comme le réseau vasculaire du foie est très contrasté, ses points sont situés sur les crêtes du relief topographique. Un des moyens de caractériser l'ensemble de ces points est d'effectuer une érosion par un élément structurant suffisamment grand pour supprimer les structures d'intérêt, puis de reconstruire par dilatation l'image obtenue. Ce traitement arase les crêtes de l'image. En effectuant la différence entre l'image originale et l'image reconstruite, on obtient le résultat de l'opérateur top-hat par reconstruction ; cette image contient les crêtes de l'image originale. Le top-hat par reconstruction (voir Fig 7.25 (c)) peut donc être utilisé pour segmenter le réseau vasculaire du foie (et également toutes les structures claires et contrastées).

Cet opérateur va éliminer du bruit par rapport au top-hat simple, simple différence entre l'image originale et l'image ouverte. On a l'inclusion : $THREC(f) \leq TH(f)$. L'inconvénient du top-hat par reconstruction est qu'il peut éliminer également des structures d'intérêt. Une solution évoquée dans [154] consiste à effectuer une reconstruction du top-hat par reconstruction dans le top-hat simple, pour récupérer des points correspondant aux structures d'intérêt (ici le réseau vasculaire) (voir Fig 7.25). Cependant, on constate que ces images sont fortement bruitées : on conserve bien des points appartenant aux réseaux vasculaires, mais également de nombreuses autres structures. Une étape de filtrage est donc également nécessaire dans ce cas.

7.7 Perspectives : segmentation concurrente des réseaux vasculaires de l'abdomen

Nous avons vu précédemment certains paramètres applicables à un algorithme de croissance de régions dans le but de segmenter le réseau porte du foie. Ce type d'algorithme nécessite trois paramètres : la graine qui donne le point de départ, l'image qui représente les données sur lesquelles vont travailler l'algorithme, et enfin le critère de propagation. Appliqué à une image, cet algorithme permet d'extraire une composante connexe. En utilisant ce principe en partant de plusieurs graines différentes et en appliquant un algorithme de croissance de régions simultané, plusieurs composantes connexes pourraient être extraites. De cette façon, en partant de points caractéristiques de certains réseaux vasculaires présents sur une image, des propagations simultanées et concurrentes (à la manière de l'algorithme de ligne de partage des eaux) à partir de ces graines devraient permettre de séparer ces réseaux. Cette section présente quelques résultats préliminaires que nous avons obtenus dans l'élaboration d'un tel algorithme, et les différents problèmes qui se posent.

7.7.1 Détection des points caractéristiques des différents réseaux vasculaires

Le premier point à étudier concerne la détection automatique de différents points caractéristiques des réseaux, dans le but de les utiliser comme graines dans la propagation. Dans un premier temps, nous avons choisi de détecter trois points caractéristiques correspondant à trois structures tubulaires étudiées précédemment : la veine mésentérique supérieure, qui correspond à la partie inférieure de la veine porte, l'aorte, ainsi que la veine cave inférieure. Au niveau des reins, ces trois structures sont visibles (voir figure 7.1). Elles sont orientées selon l'axe vertical du patient et de forme cylindriques. La veine mésentérique supérieure et l'aorte ont généralement des intensités similaires, tandis que la veine cave inférieure est plus sombre. Les diamètres sont différents : nous avons vu que la veine cave inférieure a un diamètre généralement deux fois plus grand que celui de l'aorte. Ceci cependant n'est pas valable sur toutes les images, nous ne

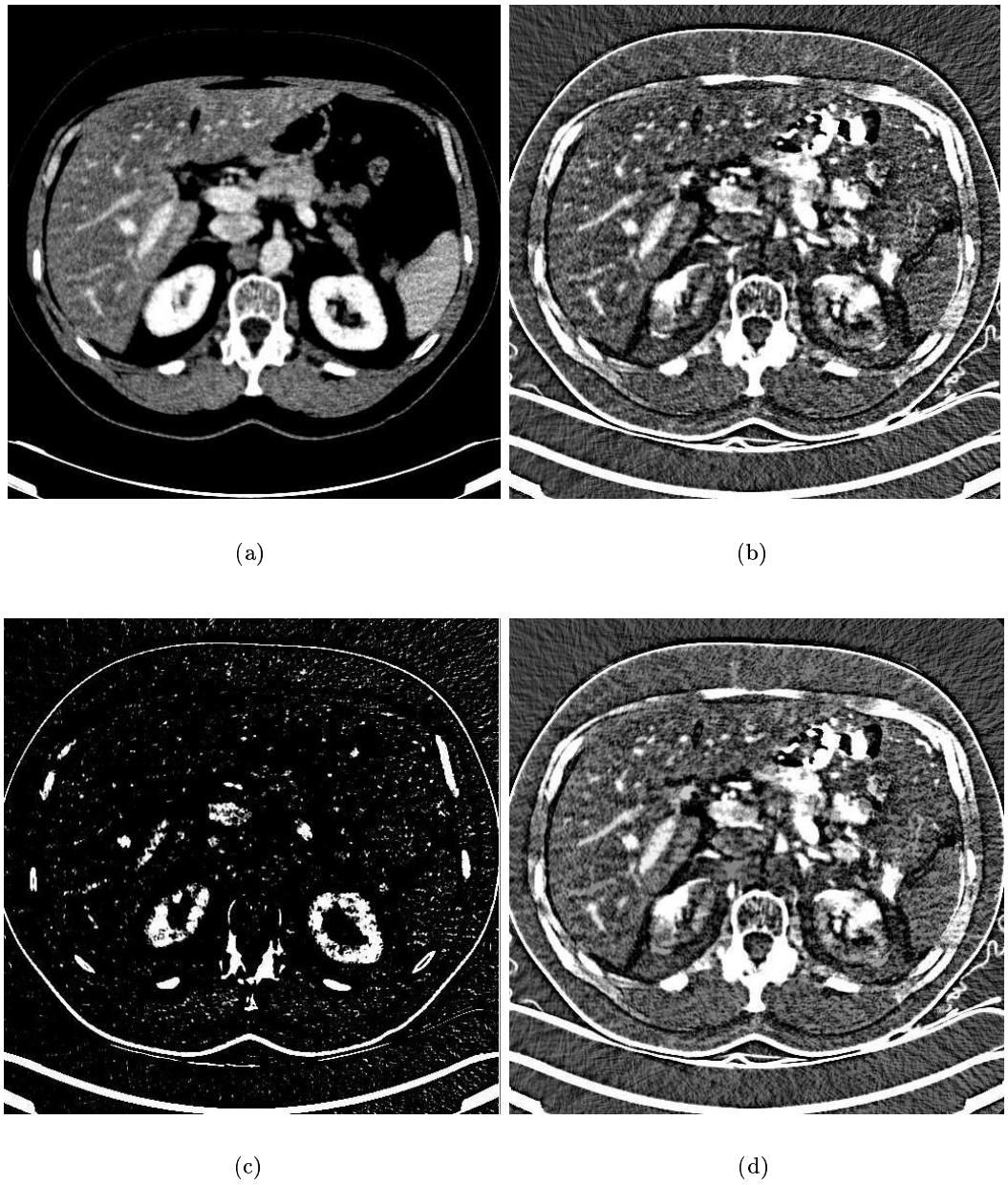


FIG. 7.25 – *a) Image source, b) Top-hat, c) Top-hat par reconstruction, d) Reconstruction du top-hat par reconstruction dans le top-hat simple*

pouvons donc pas l'inclure comme critère à priori. Pour détecter ces structures, nous définissons une région d'intérêt bornée par le bas de l'image et le haut des reins. Nous utilisons ensuite la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris afin de les extraire.

Comme le diamètre des structures à détecter est variable, nous allons utiliser des éléments structurants cylindriques de rayon croissant. Chaque élément structurant est composé :

- D'un élément structurant A composé d'un cylindre vertical de rayon r, servant à caractériser l'intérieur de la structure.
- D'un élément structurant B composé d'un cylindre creux vertical, de diamètre supérieur, servant à caractériser l'extérieur de la structure.

Nous avons testé cette méthode sur trois images : l'image originale, l'image originale simplifiée par un filtre médian de rayon 3, et l'image originale filtrée par un filtre anisotrope. Le tableau suivant montre les résultats obtenus pour chaque diamètre r de l'élément structurant A. Les paramètres utilisés pour l'élément structurant B sont : *Rayon* $r' = r + 7$, *Epaisseur* $e = 1$.

Rayon r	Image originale	Filtre médian	Filtre anisotrope
3	fps	fps	fps
4	2 fps	VMS+fps	VMS+aorte+fps
5	0	VMS+aorte+4fps	VMS+aorte
6	0	VMS+aorte+fps	VMS+aorte+VCI
7	1 fp (muscle)	VMS+aorte+VCI+fps	VMS+aorte+VCI+fps
8	0	VMS+aorte	aorte
9	0	VCI+aorte+fps	VCI+aorte+1fp
10	0	VCI+aorte	VCI+aorte+2fps
11	0	VCI+1 fp	VCI+1fp
12	0	VCI+1fp	0
13	VCI	VCI	VCI+1fp
14	0	VCI	0
15	0	VCI	0

TAB. 7.1 – Résultats des détections

Les abréviations employées sont :

- 0 : aucune détection ;
- fps : présence de plusieurs faux-positifs ;
- VMS : présence d'une partie de la veine mésentérique supérieure ;
- VCI : présence d'une partie de la veine cave inférieure ;
- aorte : présence de l'aorte.

On peut observer que les structures détectées varient selon la taille de l'élément structurant : pour un faible rayon, on détecte en premier lieu la veine mésentérique supérieure, qui a le plus petit rayon des trois structures. Dans un deuxième temps, on détecte l'aorte, puis la veine cave inférieure. On constate que la détection sur l'image originale est très mauvaise. Ceci est du au bruit présent dans l'image, qui est fortement réduit par l'une des deux méthodes de filtrage évoquées. Les résultats sur les deux images filtrées sont relativement comparables. Le filtre médian, dans cet exemple, est cependant plus robuste en autorisant la détection de la veine cave inférieure pour des diamètres de 14 et 15, là où la détection sur l'image filtrée par un filtre anisotrope échoue. Dans cet exemple, on voit bien également l'importance du diamètre de l'élément structurant dans la détection. On retrouve également la hiérarchie entre les trois structures : Rayon(VMS)<Rayon(aorte)<Rayon(VCI).

Le premier problème à résoudre est maintenant d'éliminer les faux-positifs, et de conserver uniquement les trois structures. Une solution simple est de conserver uniquement la composante connexe ayant la plus grande réponse à l'opérateur de transformée en tout-ou-rien. Dans la plupart des cas, ceci correspond à une structure voulue (qui varie selon le diamètre de l'élément structurant). Cependant rien ne garantit complètement qu'un faux-positif ne soit pas conservé à la place d'une structure. En particulier, pour les petits diamètres (3-4), de nombreux faux-positifs sont détectés avec une forte réponse. Sur cet exemple on constate que, pour un rayon d'élément structurant de 7, on arrive à détecter, dans le cas des images filtrées, à la fois la veine mésentérique supérieure, l'aorte et la veine cave inférieure. Cependant, ce n'est pas forcément le cas dans toutes les images. Notre but étant d'obtenir une image comportant les trois structures, une solution serait d'additionner les différentes images résultantes de la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris avec différents rayons, et d'effectuer une phase d'élimination des faux-positifs.

Le second problème concerne l'étiquetage des trois structures : une fois obtenue l'image comportant les trois structures, la difficulté va être de les étiqueter correctement, c'est à dire de leur assigner un label correspondant à leur nature. S'appuyer sur le rayon, nous l'avons vu, n'est pas suffisant car les rapports de diamètre peuvent changer entre ces structures. Une bonne solution serait sans doute d'utiliser la position relative des trois structures, qui varie généralement peu. Nous n'avons pas eu le temps cependant de mettre en oeuvre cette méthode, car nous n'avons pas réussi à finaliser l'étape précédente, consistant à garder de façon automatique uniquement les trois structures citées.

7.7.2 Perspectives

A partir des trois graines précédemment obtenues, il devrait être théoriquement possible de reconstruire les réseaux vasculaires correspondant à ces graines. Ainsi, une propagation simultanée sur une même image en partant de ces trois points de départ est envisageable. De nombreux problèmes restent cependant à résoudre pour arriver à ce but. L'algorithme de propagation utilisant le critère de contraste que nous avons décrit permet de caractériser certaines structures fines et allongées, correspondant en principe à des morceaux de réseaux vasculaires. Aucune connaissance cependant n'est incorporée dans notre algorithme. Une possibilité est de construire un arbre pendant le processus de segmentation comme dans [191], ou à la fin du processus pour éliminer les incohérences du réseau comme dans [156]. L'ajout de connaissance dans l'algorithme devrait être particulièrement importante en cas de segmentation simultanée de plusieurs réseaux vasculaires, pour éviter les incohérences et les connexions avec d'autres structures voisines qui ne sont pas des réseaux vasculaires. Pour cela, des méthodes à base de modèles déformables, utilisant des techniques de recalage à partir d'un atlas, pourraient être envisagées.

7.8 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons étudié les problèmes inhérents à la segmentation des réseaux vasculaires de l'abdomen. Les principaux réseaux présents dans l'abdomen ont été passés en revue d'un point de vue anatomique. Nous avons ensuite analysé certaines facettes d'une classe d'algorithmes de segmentation par croissance de régions.

Un algorithme complet de segmentation du réseau porte du foie a été décrit. Pour cela, nous avons élaboré deux méthodes de détection automatique de l'entrée de la veine porte dans le foie, en utilisant des opérateurs de détection fondés sur la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris. Cette détection automatique permet d'utiliser l'entrée de la veine porte comme graine

d'un algorithme de propagation. Ces méthodes de détection montrent également une application pratique de l'utilisation de la transformée en tout-ou-rien appliquée aux images en niveaux de gris. Les résultats obtenus montrent que cet opérateur peut-être utilisé avec succès pour détecter certaines formes variant peu d'une image à l'autre.

Enfin, en partant de cette graine nous avons expérimenté plusieurs critères de propagation dans le but de segmenter le réseau porte du foie. Nous avons étudié un critère de propagation original qui semble très intéressant car il permet de reconstruire un plus grand nombre de branches qu'avec les autres critères. Ce critère peut être vu également comme une transformée en tout-ou-rien locale.

Nous utilisons également l'opérateur de la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris pour détecter certaines veines caractéristiques dans les réseaux vasculaires. Ces structures sont la veine mésentérique supérieure, l'aorte et la veine cave inférieure. Nous avons vu que la détection se fait en fonction du rayon employé pour la transformée en tout-ou-rien. Cependant, nous l'avons vu, certains problèmes restent à résoudre pour utiliser ces structures comme graines pour segmenter les réseaux de façon concurrente. Nous pensons qu'une connaissance extérieure devrait être ajoutée d'une manière ou une autre, sous la forme par exemple de modèles déformables, permettant, à partir d'une forme de référence, de s'adapter à la variabilité anatomique.

Quatrième partie

Validation

Chapitre 8

Méthode d'évaluation des résultats

Le but de ce chapitre est de mettre en oeuvre un protocole de validation de nos résultats, qui puisse permettre de juger de leur qualité. Nous passons d'abord en revue les différentes techniques de validation envisageables en imagerie médicale. Puis nous détaillons notre méthode de validation, en montrant comment les différents paramètres que nous avons choisis de calculer vont nous permettre de juger quantitativement nos résultats.

8.1 Méthodes d'évaluation existantes

L'évaluation de la segmentation d'une structure peut se faire de différentes manières selon qu'on souhaite obtenir des données plutôt qualitatives ou plutôt quantitatives. Les principales méthodes d'évaluation sont décrites dans [155]. On peut regrouper quatre méthodes principales :

1. La validation visuelle par un expert qui offre principalement des informations qualitatives sous forme de remarques, ou sous forme de notes. Cette méthode de validation est souvent employée dans le cas des réseaux vasculaires, car ces structures sont très difficiles à segmenter manuellement. Cette méthode cependant n'offre que peu d'informations quantitatives, et les résultats sont variables d'un expert à l'autre.
2. La comparaison avec une segmentation manuelle d'un expert : elle est très utilisée car elle permet d'obtenir des informations quantitatives très précises sur l'efficacité et la précision de la méthode de segmentation automatique. La difficulté de cette méthode de validation réside d'abord dans l'obtention d'une segmentation manuelle : c'est un travail long et fastidieux, qu'il n'est pas toujours possible de réaliser. Ensuite, la limite de cette méthode réside dans la précision du résultat obtenu par l'expert : dans [184] , une étude montre que la variabilité du résultat obtenu entre deux expert dépasse 15% de différence entre deux segmentations d'un même cerveau. De même, il peut y avoir des variations importantes entre deux segmentations issues d'un même expert et effectuées à des moments différents. On ne peut donc pas considérer une segmentation manuelle d'un expert comme une segmentation parfaite et idéale.
3. L'évaluation sur des données synthétiques : cette méthode consiste à construire une image artificielle imitant l'image réelle. Cette méthode permet donc d'obtenir une évaluation objective, car le résultat attendu est connu à l'avance. L'inconvénient de cette méthode réside dans la construction des images synthétiques, qui sont forcément une approximation de la réalité. Une autre méthode consiste à utiliser une image de fantômes (objets artificiels représentant des structures anatomiques). Dans ce cas, on a une image réelle représentant

des objets artificiels. La difficulté de cette solution réside alors dans l'élaboration d'un fantôme proche de la réalité.

4. La dernière méthode consiste à comparer la segmentation automatique avec des données de réference de patients vivants ou décédés. Cette méthode est rarement employée, car très difficile à réaliser. Elle consiste à calculer les véritables caractéristiques d'un organe sur un patient vivant ou décédé de façon à la comparer au résultat théorique obtenu par la segmentation automatique.

8.2 Méthode d'évaluation employée

Pour évaluer nos résultats, nous allons utiliser notre base d'images contenant des structures présegmentées par un expert. Il est vrai que la segmentation manuelle par un expert est sujette à certaines erreurs, cependant elle donne tout de même une excellente approximation du résultat. Notre évaluation va donc consister à comparer les structures segmentées manuellement et les structures segmentées automatiquement, en calculant différents taux de recouvrement, ainsi que certaines mesures de distances. Les rapports utilisés habituellement dans les méthodes d'évaluation (en particulier dans [155]) sont les taux appelés sensibilité, spécificité, recouvrement et similarité [88]. Pour estimer la précision de la segmentation et donc quantifier certaines notions de distances entre la segmentation manuelle et la segmentation automatique, nous utilisons la distance de Hausdorff qui permet d'obtenir une mesure de distance entre deux ensembles.

8.2.1 Définition des paramètres de comparaison

Dans la suite nous utilisons les même notations que dans [155] :
- On appelle Exp l'ensemble des voxels de la structure segmentée manuellement.
- On appelle $Auto$ l'ensemble des voxels de la structure segmentée automatiquement.
- On définit $card(E)$ le nombre de voxels de l'ensemble E.

On définit les deux coefficients suivants, qui sont issus d'une comparaison voxel à voxel des images :

$$Spec = \frac{card(Exp \cap Auto)}{card(Auto)}$$

$$Sens = \frac{card(Exp \cap Auto)}{card(Exp)}$$

$Spec$ représente la spécificité, c'est à dire le taux de voxels du résultat automatique que l'on retrouve dans le résultat manuel. $Spec = 1$ si et seulement si $Auto \subseteq Exp$.

$Sens$ représente la sensibilité de la méthode de segmentation automatique, c'est à dire le taux de voxels du résultat manuel que l'on retrouve dans le résultat automatique. $Sens = 1$ si et seulement si $Exp \subseteq Auto$.

Ces deux coefficients permettent d'obtenir une première évaluation de la méthode de segmentation. On peut noter que : $1 - Spec =$ le taux de faux-positifs, et $1 - Sens =$ le taux de faux-négatifs.

A partir de ces deux coefficients, on en dérive deux autres :

$$Sim = 2 * \frac{card(Exp \cap Auto)}{card(Exp) + card(Auto)}$$

$$Rec = \frac{card(Exp \cap Auto)}{card(Exp \cup Auto)}$$

On appelle Sim le coefficient de similarité, et Rec le coefficient de recouvrement. Le coefficient de similarité dérive de la mesure de fiabilité connue sous le terme de "statistique de Kappa" [197]. Le coefficient de recouvrement est connu sous le nom de "coefficient de Tanimoto" [38] (page 188). Ces deux derniers coefficients dérivent des coefficients de spécificité et de sensibilité, et dans [155] est faite la remarque qu'ils n'apportent pas véritablement d'informations supplémentaires. Ils ne permettent pas de différencier une sous-évaluation ou une sur-évaluation du contour par exemple, en d'autres termes ils ne distinguent pas les faux-positifs des faux-négatifs. Nous conservons cependant ces coeffcients à titre informatif, mais nous nous appuierons essentiellement sur les coefficients de spécificité et de sensibilité pour évaluer les segmentations automatiques, qui sont plus significatifs.

8.2.2 Définition de la distance entre deux segmentations

Les coefficients définis précédemment sont très utiles pour obtenir une première évaluation quantitative de la segmentation, cependant ils ne suffisent pas. En particulier, ils n'offrent pas d'évaluation sur la précision de la localisation des contours de la segmentation automatique. C'est pourquoi nous utilisons une notion de distance entre les deux segmentations pour évaluer cette précision au niveau du contour. Pour cela nous allons évaluer la distance de Hausdorff entre les deux structures. Cette distance a été également utilisée dans [18] dans un but d'évaluation de segmentation d'images. La distance de Hausdorff entre deux ensembles A et B compacts d'un espace métrique est définie ainsi :

$$H_d(A, B) = \max(h_d(A, B), h_d(B, A))$$

avec :

$$h_d(A, B) = \max_{a \in A} \min_{b \in B} \{d(a, b)\},$$

où $d(a, b)$ représente la distance entre les points a et b. Elle est illustrée sur la figure 8.1.

Dans le cas de deux ensembles coïncidant parfaitement, la distance de Hausdorff est nulle. Cette distance permet donc de quantifier la différence entre deux segmentations. Cependant son défaut est qu'elle est très sensible à une variation locale : c'est à dire qu'un point isolé situé à une grande distance du contour idéal entraînera une distance de Hausdorff élevée. Pour cela, nous allons également calculer la moyenne des distances, ainsi que l'écart-type des distances entre deux segmentations. La distance entre un point et un ensemble est égale à :

$$h_d(a, B) = \min_{b \in B} \{d(a, b)\}$$

Nous définissons la distance moyenne entre deux ensembles par :

$$d_{mean}(A, B) = \frac{\sum_{a \in A} h_d(a, B) + \sum_{b \in B} h_d(b, A)}{card(A) + card(B)}$$

La distance moyenne est définie comme la moyenne de l'union des distances des points de A vers B et des distances des points de B vers A.

Selon le même principe, nous définissons l'écart-type des distances entre deux ensembles par :

$$d_{dev}(A, B) = \frac{\sum_{a \in A} (h_d(a, B) - d_{mean}(A, B))^2 + \sum_{b \in B} (h_d(A, b) - d_{mean}(A, B))^2}{card(A) + card(B)}$$

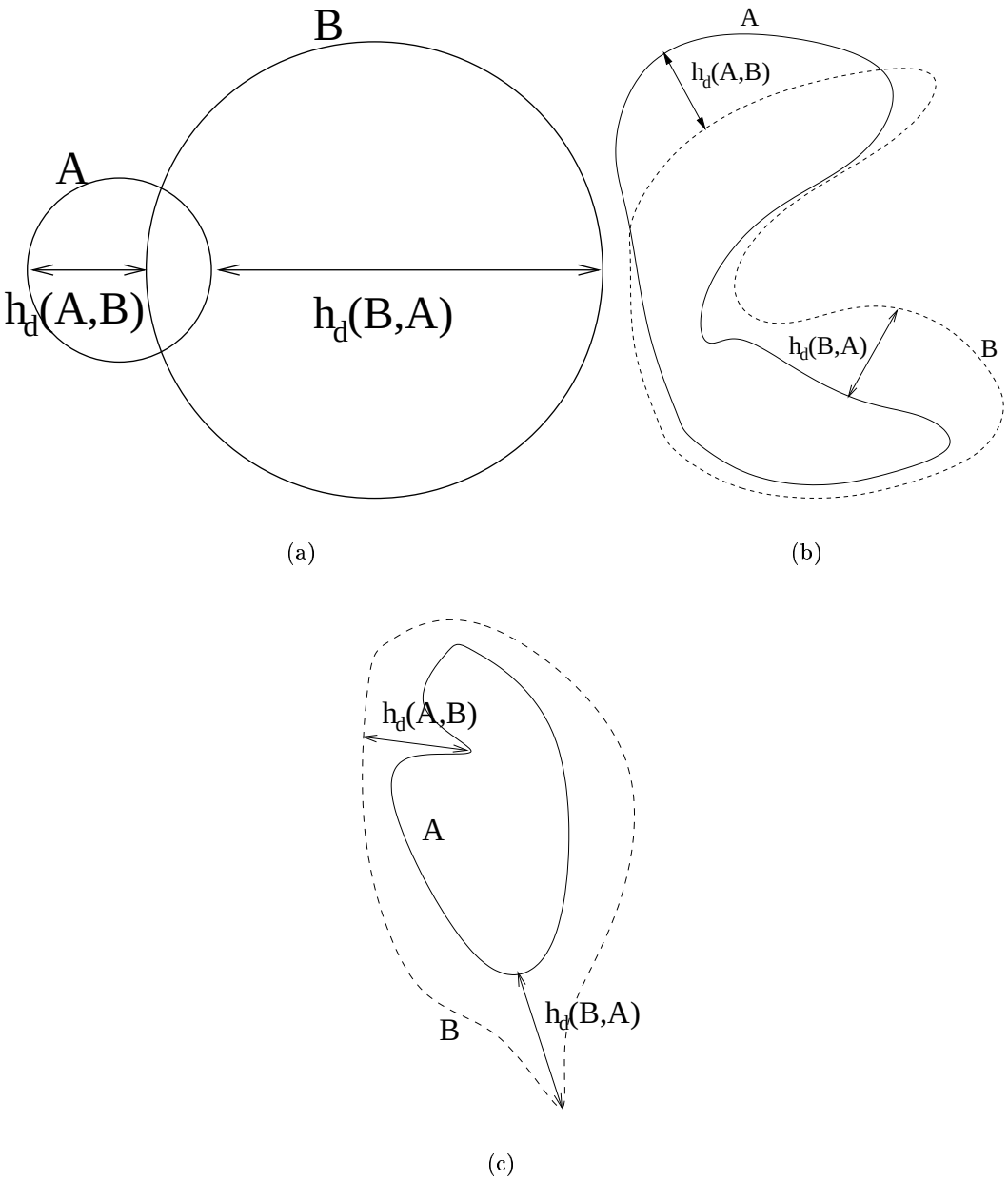


FIG. 8.1 – *Illustration de la distance de Hausdorff*

A partir de deux images binaires contenant le résultat de la segmentation manuelle et le résultat de la segmentation automatique, nous estimons l'écart obtenu entre les deux segmentations en calculant les trois taux précédents. Pour ce calcul, nous allons prendre en compte uniquement les *contours* des structures.

Pour calculer la distance entre un point a d'une structure A d'une image et une structure B, nous calculons l'image de la transformée de distance euclidienne du contour de B (en utilisant l'algorithme de Meijster et al. [91]). Si nous appelons cette dernière image T_B , la distance $h_d(a, B)$ du point a vers la structure B est égale à $T_B(a)$. L'algorithme pour calculer dans nos images les écarts de distance obtenus entre deux segmentations est le suivant :

Algorithme 15: Calcul des écarts H_d, d_{mean} et d_{dev} à partir de deux images contenant les segmentations à comparer

Données : Image binaire A (contour de la segmentation manuelle), Image binaire B (contour de la segmentation automatique)

Résultat : H_d : distance de Hausdorff entre les contours de A et B, d_{mean} : distance moyenne entre les contours A et B, d_{dev} : écart-type des distances entre les contours A et B

Calcul de la transformée de distance euclidienne T_A du contour de A;
Calcul de la transformée de distance euclidienne T_B du contour de B;
Calcul du vecteur daB contenant les distances des points a du contour de A vers B, c'est à dire $T_B(a)$;
Calcul du vecteur dAb contenant les distances des points b du contour de B vers A, c'est à dire $T_A(b)$;
Calcul de H_d, d_{mean} et d_{dev} à partir des vecteurs daB et dAb;

8.2.3 Limites de la méthode de validation

Les paramètres calculés précédemment permettent d'obtenir des informations quantitatives sur la différence entre la segmentation manuelle et la segmentation automatique. Ces paramètres ne sont significatifs que si la segmentation manuelle est une segmentation idéale de la structure, ce qui n'est évidemment pas le cas, pour plusieurs raisons. La première raison est que la plupart du temps les segmentations manuelles sont effectuées coupe par coupe : de ce fait il existe souvent des discontinuités entre les coupes successives. Ceci s'explique par le fait qu'à chaque nouvelle coupe, la structure est délimitée manuellement sans visualiser l'ancienne coupe segmentée. On obtient donc une segmentation manuelle d'un ensemble de coupes plutôt qu'une segmentation manuelle d'une véritable structure en trois dimensions. Une solution à ce problème serait d'élaborer une interface permettant au spécialiste effectuant la délimitation manuelle de travailler sur plusieurs coupes à la fois. Les discontinuités entre les coupes, de plus, sont accentuées par deux facteurs : le premier facteur est l'espace intercoupe, souvent de l'ordre de 2mm, qui entraîne des discontinuités dans l'échantillonnage de la structure. Le deuxième facteur est l'effet de volume partiel : les structures, en effet, ne peuvent être précisément délimitées, même par un expert : les contours ne sont jamais nettement marqués sur une image, ils sont entourés d'un léger flou : il existe donc une zone d'indécidabilité autour des structures, à l'intérieur de laquelle on ne peut décider si un voxel appartient ou non à la structure. Cette zone de flou du contour permet en fait de définir également deux sortes de contours : le contour interne de la structure et le contour externe. Le contour interne est la limite interne de la zone de flou : c'est à dire qu'un voxel à l'intérieur appartient avec certitude à la structure. Inversement, le contour externe correspond à la limite

externe de la zone de flou : c'est à dire qu'un voxel à l'extérieur n'appartient pas à la structure.

Il serait intéressant d'avoir deux segmentations manuelles des structures : l'une correspondant au contour interne, et l'autre au contour externe, ce qui nous permettrait d'obtenir une fourchette entre les deux segmentations tolérables, et donc d'observer les chiffres obtenus lors de l'évaluation entre ces deux segmentations manuelles.

Une autre limite, déjà évoquée, de la segmentation manuelle repose sur la variabilité des segmentations obtenues entre deux experts différents. Idéalement, il faudrait avoir plusieurs segmentations d'expert pour une même structure, afin d'effectuer des statistiques sur les différences obtenues, pour ensuite comparer ces différences avec les différences obtenues entre les segmentations automatiques et manuelles.

Chapitre 9

Évaluation des résultats

Dans le chapitre précédent, nous avons proposé un protocole de validation. Dans ce chapitre, nous appliquons ce protocole de validation pour chaque organe, dans le cas de deux méthodes de segmentation utilisées :

- la méthode semi-automatique décrite au chapitre 5, qui consiste à sélectionner manuellement une zone plate d'intérêt à partir d'une image mosaïque ;
- La méthode entièrement automatique décrite pour chaque organe dans le chapitre 6.

Nous avons vu que la seconde méthode consiste à calculer deux marqueurs (un marqueur interne et un marqueur externe à la structure), puis à appliquer la ligne de partage des eaux en prenant comme source d'inondation ces deux marqueurs. Ces marqueurs sont tous deux obtenus à partir d'une même pré-segmentation de la structure recherchée. Pour valider cette méthode, nous proposons également d'évaluer le gain apporté par la ligne de partage des eaux par rapport à la pré-segmentation servant à calculer les marqueurs.

Pour chaque organe (foie, rate, rein droit, rein gauche), nous évaluons les différents coefficients exposés précédemment (sensibilité, spécificité, similarité, recouvrement). Nous calculons également les trois mesures permettant d'évaluer la distance entre la segmentation automatique et la segmentation manuelle : la distance de Hausdorff entre les contours des deux structures, la distance moyenne d_{mean}, et l'écart-type des distances d_{dev}.

Enfin, dans le cas de la seconde méthode, nous indiquerons dans nos résultats, entre parenthèses, le gain apporté par la ligne de partage des eaux.

9.1 Évaluation des résultats de la méthode semi-automatique

Les résultats de la méthode semi-automatique appliquée au foie sont visibles dans le tableau 9.1. Le résultat de la rate est évalué dans le tableau 9.2. Les résultats de segmentation des reins droits et gauches sont représentés respectivement dans les tableaux 9.3 et 9.4.

9.1.1 Évaluation de la segmentation du foie

Avec un taux de spécificité moyen de $86,88\%$ et un taux de sensibilité moyen de $96,63\%$, ces résultats montrent que le taux de faux-négatifs est très faible, tandis que le nombre de faux-positifs est plus élevé. Cela signifie que le résultat de la méthode contient quasiment tous les voxels du résultat manuel ; en revanche il en contient trop. Le résultat a donc tendance à être situé à l'extérieur du contour réel. Concernant la précision du résultat, on constate que la distance maximale est généralement élevée ($5,7$cm en moyenne). Par contre, la distance moyenne est de

TAB. 9.1: Evaluation de la segmentation du foie par la méthode semi-automatique

Image	Spécificité	Sensibilité	Similarité	Recouvrement	H_d	d_{mean}	d_{dev}
1	89,51	97,54	93,35	87,54	36,16	2,51	3,36
2	87,14	95,84	91,29	83,97	115,346	6,32	16,11
3	79,34	94,22	86,15	75,67	103,37	6,84	10,89
4	88,57	95,79	92,04	85,25	57,75	3,32	5,77
5	85,19	98,27	91,27	83,93	80,78	4,23	9,3
6	88,27	96,83	92,35	85,79	51,6	3,85	6,19
7	88,75	97,63	92,98	86,87	39,54	2,41	3,4
8	95,42	95,7	95,56	91,49	27,3	1,54	2,03
9	90,1	98,14	93,95	88,59	15,99	1,89	2,05
10	81,38	95,66	87,94	78,48	31,22	4,06	4,28
11	87,39	96,51	91,72	84,71	83,69	4,14	10,07
12	85,71	96,99	90,99	83,49	30,29	2,88	3,39
13	75,99	97,65	85,47	74,62	158,02	6,29	8,19
14	87,42	96,02	91,52	84,37	36,73	3,45	4,79
15	90,38	95,82	93,02	86,95	18,7	2,02	2,14
16	89,52	97,53	93,35	87,54	25,19	2,29	3,21
Moyenne	86,88	96,63	91,43	84,33	56,98	3,63	5,95
Ecart-type	4,53	1,08	2,66	4,41	39,24	1,59	3,85

TAB. 9.2: Evaluation de la segmentation de la rate par la méthode semi-automatique

Image	Spécificité	Sensibilité	Similarité	Recouvrement	H_d	d_{mean}	d_{dev}
1	88,74	95,07	91,79	84,83	13,48	1,9	1,8
2	91,79	93,76	92,77	86,51	10,98	1,37	1,54
3	92,87	93,9	93,38	87,58	10,6	1,48	1,34
4	88,97	92,1	90,51	82,67	13,93	1,79	1,66
5	85,8	96,37	90,78	83,11	11,14	1,95	1,85
6	86,45	95,85	90,91	83,34	10,84	1,89	1,64
7	82,23	95,84	88,51	79,39	10,86	1,93	1,7
8	96,01	92,08	94,01	88,69	8,54	1,23	0,98
9	88,47	93,56	90,94	83,38	11,05	1,43	1,41
10	91,35	93,82	92,57	86,17	7,76	1,21	1,04
11	89,09	85,46	87,24	77,37	9,5	1,71	1,15
12	84,21	92,38	88,1	78,73	16,86	1,79	1,81
13	91,39	95,27	93,29	87,42	20,15	1,49	1,8
14	90,25	95,71	92,9	86,74	10,19	1,34	1,33
15	94,48	97,03	95,73	91,82	28,15	1,39	1,95
16	88,45	95,02	91,61	84,53	14,67	1,52	1,75
Moyenne	$89,41$	$93,95$	$91,57$	$84,52$	$13,04$	$1,59$	$1,55$
Ecart-type	$3,52$	$2,64$	$2,19$	$3,70$	$4,96$	$0,25$	$0,29$

TAB. 9.3: Evaluation de la segmentation du rein droit par la méthode semi-automatique

Image	Spécificité	Sensibilité	Similarité	Recouvrement	H_d	d_{mean}	d_{dev}
1	97,3	70,36	81,66	69,01	21,23	2,21	2,96
2	95,62	81,73	88,13	78,78	12,14	1,4	1,49
3	98,9	68,06	80,63	67,55	12,87	2,28	2,19
4	81,31	81,27	81,29	68,47	12,62	2,1	2,04
5	96,62	83,35	89,5	80,99	8,41	1,3	1,11
6	94,95	73,02	82,55	70,29	17,93	1,96	2,13
7	95,04	79,8	86,77	76,62	15,09	1,45	1,57
8	94,08	77,92	85,24	74,28	21,83	1,64	2,49
9	93,18	82,19	87,34	77,53	11,23	1,51	1,75
10	93,4	65,22	76,8	62,35	18,09	2,26	2,77
11	85,15	63,39	72,68	57,09	21,53	2,26	2,96
12	66,3	74,22	70,03	53,89	20,01	2,69	3,09
13	97,06	73,03	83,34	71,44	15,51	1,76	1,9
14	90,54	74,22	81,57	68,88	25,92	2,07	3,18
15	92,63	54,21	68,39	51,96	22	2,6	3,83
16	94,66	83,74	88,86	79,96	18,22	1,26	1,82
Moyenne	91,67	74,11	81,55	69,32	17,16	1,92	2,33
Ecart-type	7,87	8,07	6,36	8,77	4,69	0,44	0,72

TAB. 9.4: Evaluation de la segmentation du rein gauche par la méthode semi-automatique

Image	Spécficité	Sensibilité	Similarité	Recouvrement	H_d	d_{mean}	d_{dev}
1	97,46	71,04	82,18	69,75	18,98	2,11	2,73
2	97,04	74,48	84,28	72,83	25,58	2,19	3,98
3	96,12	69,07	80,38	67,19	23,05	2,53	3,34
4	93,39	88,93	91,11	83,67	14,86	1,37	1,51
5	95,9	81,78	88,28	79,02	11,59	1,29	1,31
6	94,88	80,42	87,06	77,07	13,95	1,63	1,68
7	95,49	71,19	81,58	68,88	21,67	1,94	2,57
8	95,63	88,39	91,87	84,95	10,31	1,04	1,09
9	95,26	80,39	87,2	77,3	9,97	1,37	1,54
10	94,61	86,67	90,47	82,6	9,5	1,09	1,01
11	93,97	64,11	76,22	61,58	16,34	2,05	2,56
12	84,43	68,07	75,37	60,47	21,65	2,01	3,07
13	93,65	72,6	81,79	69,19	22,74	1,79	2,81
14	91,22	89,49	90,35	82,4	12,69	1,26	1,61
15	88,67	40,72	55,81	38,7	25,81	3,96	5,3
16	92,38	85,48	88,8	79,6	13,43	1,22	1,47
Moyenne	$93,76$	$75,80$	$83,30$	$72,20$	$17,01$	$1,80$	$2,35$
Ecart-type	$3,23$	$12,08$	$8,68$	$11,41$	$5,55$	$0,70$	$1,14$

$3,6\text{mm}\pm1,59$. Ce taux est relativement faible, et est à rapprocher de la dimension des voxels des images (généralement $0,6\text{mm}\times0,6\text{mm}\times2\text{mm}$). Enfin, la moyenne de l'écart-type des distances reste tout de même élevée : $5,95\text{mm}$. Ceci signifie que le contour du foie dévie du contour manuel à de nombreux endroits. Les distances maximales élevées constatées sur les cas 2, 3, 5, 11 et 13 sont dues au fait que dans ces segmentations, la veine cave a été incluse. La veine cave n'étant pas incluse dans la segmentation manuelle, les distance maximales obtenues en comparant la segmentation manuelle et la segmentation automatique sont forcément très élevées. Dans ces cas, la veine cave possède une intensité très proche de celle du parenchyme, rendant la séparation parfois impossible sur l'image mosaïque, même en jouant sur le paramètre h du filtre connexe de h-reconstruction. Une étape de segmentation préliminaire de la veine cave semble donc nécessaire avant toute segmentation du foie (qu'elle soit semi-automatique ou automatique). En conclusion, cette segmentation du foie, avec une bonne distance moyenne par rapport au résultat manuel, constitue une bonne première approche. Cependant, la distance maximale élevée dans certains cas et l'écart-type élevé montrent qu'elle manque de précision, précision qu'il faudrait améliorer éventuellement en raffinant le contour obtenu par un modèle déformable (dans les cas où la segmentation automatique n'inclue pas la veine cave). Une approche dans ce sens est en cours d'élaboration. Dans les autres cas, il faudrait préalablement extraire la veine cave de l'image.

9.1.2 Évaluation de la segmentation de la rate

Le taux de spécificité moyen est de $89,41\%$; le taux de sensibilité est de $93,95\%$. On a donc un taux relativement uniforme de faux-positifs et de faux-négatifs, relativement faible (de l'ordre de 10%). La moyenne des distances maximales est de $1,3\text{cm}$. On a donc des erreurs ponctuelles, mais qui restent peu élevées. Enfin, la moyenne des distances moyennes est très faible : $1,59\text{mm}\pm0,25$. La moyenne des écarts-type est du même ordre : $1,55\text{mm}\pm0,29$.

Le résultat de la segmentation de la rate par notre méthode de segmentation semi-automatique est donc très bon, et très précis. De plus, les résultats montrent une très bonne constance d'une image à l'autre.

9.1.3 Évaluation de la segmentation des reins

Les résultats du rein droit et du rein gauche sont du même ordre, nous les traiterons donc ensemble. On constate, autant pour le résultat du rein droit et du rein gauche, un taux de spécificité supérieur à 90%, ainsi qu'un taux de sensibilité moyen de l'ordre de 75%. A l'inverse des résultats précédents, on constate donc un taux relativement élevé de faux-négatifs avec un taux beaucoup plus faible de faux-positifs. Le résultat des reins a donc tendance à "oublier" des voxels du reins. La moyenne de la distance maximale est de $1,7\text{cm}$. La moyenne des distances moyennes est relativement faible : $1,9\text{mm}\pm0,44$ pour le rein droit, $1,8\text{mm}\pm0,7$ pour le rein gauche. La moyenne des écarts-types est de $2,3\text{mm}$ dans les deux cas.

Ces résultats sont donc très précis, et montrent encore une fois une bonne constance d'une image à l'autre. Le taux pourtant élevé de faux-négatifs n'altère pas grandement la précision du résultat.

9.1.4 Conclusion sur la méthode semi-automatique

La méthode semi-automatique que nous avons élaborée, décrite en détail dans le chapitre 5, donne donc une bonne précision pour la segmentation de la rate et des reins. Pour la segmentation du foie, l'écart-type généralement élevé (près de 6mm en moyenne) des distances montre que la segmentation obtenue est imprécise. Dans tous les cas, la segmentation semi-automatique

s'est effectuée en sous-échantillonnant l'image originale, dans le but d'accélerer le processus. En utilisant cette méthode, nous avons pu appliquer cette méthode à la chaîne sur 16 cas, pour segmenter sur chaque image le foie, la rate et les reins : le temps mis pour segmenter la totalité des images de façon interactive a été de 1h8m, ce qui fait une moyenne de temps de traitement de 4m15s par image. De plus, la quasi-totalité du temps de traitement est dû au temps de calcul du programme. L'utilisateur n'intervient en effet que pour choisir le paramètre h du filtre connexe, vérifier l'image mosaïque résultante, puis pour sélectionner les zones plates correspondant aux organes à segmenter. Le temps de manipulation pour l'utilisateur est donc très réduit. Cette méthode est donc très encourageante pour segmenter de grandes quantités d'images. L'inconvénient évident de la méthode vient du sous-échantillonnage de l'image originale : le résultat obtenu en sous-résolution est donc interpolé aux dimensions originales, ce qui a pour effet d'obtenir un contour de segmentation "crénelé". Cependant, on l'a vu, la précision obtenue est déjà très bonne dans le cas de la rate et des reins. Deux solutions sont possibles pour parer à cet inconvénient : le sous-échantillonnage peut être éliminé si l'on dispose d'un calculateur puissant permettant de faire baisser les temps de calcul. Une solution à l'étude est d'utiliser le résultat obtenu par cette méthode pour initialiser un modèle déformable, dont les contours se déformeraient dans l'image originale pour coller aux données originales. Cette solution, cependant, risque d'être également coûteuse en temps de calcul : l'avantage obtenu serait, outre le lissage du résultat, d'améliorer encore la précision des résultats, notamment dans le cas du foie.

9.2 Évaluation des résultats de la méthode automatique

9.2.1 Évaluation de la segmentation du foie

Le tableau de la figure 9.5 montre l'évaluation de la segmentation automatique du foie après application de la ligne de partage des eaux. La spécificité varie de $68,5\%$ pour le patient 10 à $92,5\%$ au maximum pour le patient 14. La sensibilité varie de $70,2\%$ pour le patient 10 à $99,9\%$ pour le patient 6. Nous considérons qu'au-dessus de 90% ces coefficients indiquent une segmentation précise. Ici, la spécificité et la sensibilité sont ensemble supérieurs à 90% dans seulement trois cas. Dans quatre cas, la spécificité est supérieure à 90%. Le taux de sensibilité est supérieur à 90% dans 13 cas. On constate donc que le nombre de faux-négatifs est en général faible, tandis que le nombre de faux-positifs est élevé, ce qui veut dire que la segmentation automatique a tendance à sur-estimer le nombre de voxels appartenant au foie, et à inclure éventuellement d'autres structures n'appartenant pas au foie. On constate que l'application de la ligne de partage des eaux fait augmenter le taux de sensibilité dans tous les cas, mais également diminuer le taux de spécificité dans la majorité des cas.

Le tableau de la Figure 9.6 montre les écarts de distance obtenus entre la segmentation automatique et la segmentation manuelle. La distance de Hausdorff entre la segmentation manuelle et la segmentation automatique peut être élevée (246 sur le patient 13). Ceci est dû au fait que la segmentation manuelle n'inclut pas le tronc cave, alors que cette structure peut être incluse dans la segmentation automatique. Dans la majorité des cas, l'application de la ligne de partage des eaux pour raffiner le contour n'apporte pas de gain significatif. Les distances moyennes obtenues varient entre $1,8$ et $11,9$ au maximum pour le patient 10. Les écarts-types obtenus sont très grands (compris entre $1,8$ et $13,8$) et indiquent un contour fortement bruité et imprécis. Ces résultats, qui peuvent paraître décevants, s'expliquent ainsi : pour segmenter le foie, nous utilisons un algorithme de détection de la composante connexe correspondant au foie, à laquelle nous rajoutons les composantes connexes correspondant aux éventuelles lésions incluses dans le foie. Nous obtenons donc une composante connexe correspondant au foie. Cette composante connexe

TAB. 9.5 – Résultats de la segmentation du foie par ligne de partage des eaux. Le chiffre entre parenthèses indique le gain obtenu pour ce paramètre après application de la ligne de partage des eaux.

Image	Spécificité	Sensibilité	Similarité	Recouvrement
1	91,4 (-4)	96,6 (+3)	93,9 (-0,6)	88,6 (-1,3)
2	88,4 (-5)	97,1 (+3)	92,5 (-1,1)	86,2 (-1,7)
3	80,7 (-6,3)	98,3 (+4)	88,7 (-1,2)	79,7 (-1,3)
4	90 (-4,5)	94,6 (+3,8)	92,3 (-0,3)	85,7 (-6,6)
5	80,5 (-7,2)	97,9 (+2,1)	88,4 (-0,6)	79,2 (-1,3)
6	69,7 (-9,2)	99,9 (+0,4)	82,1 (-5,9)	69,7 (+1,2)
7	88,1 (+2,7)	98,4 (+2,2)	93 (-0,6)	86,9 (-1,1)
8	91,2 (-4,5)	96,7 (+1,5)	93,8 (-1,6)	88,4 (-2,9)
9	89,4 (-4,5)	98,1 (+3,8)	93,5 (-0,8)	87,9 (-1,4)
10	68,5 (-6,3)	70,2 (+7,4)	69,4 (+1,3)	53,1 (+2,4)
11	74,5 (-5)	97,8 (+4,4)	84,6 (-1,3)	73,3 (-2)
12	84,8 (-4)	98 (+3,4)	90,9 (-0,7)	83,3 (-1,2)
13	79,9 (-0,3)	84,1 (+2,3)	81,9 (+0,9)	69,4 (+1,4)
14	92,5 (+0,2)	74,3 (+2,4)	82,4 (+2,4)	70,1 (+2,3)
15	89,8 (-6,6)	95,3 (+6,5)	92,5 (0)	86,1 (+0,1)
16	86,8 (-5,8)	97,4 (+1,3)	91,8 (-2,4)	84,8 (-4,3)

TAB. 9.6 – Résultats de la segmentation du foie par ligne de partage des eaux : évaluation des écarts. Le chiffre entre parenthèses indique le gain obtenu pour ce paramètre après application de la ligne de partage des eaux. Un "+" indique un gain de précision.

Image	H_d	d_{mean}	d_{dev}
1	35,9 (+4)	2,1 (0)	2,25 (+0,25)
2	74,1 (+7,5)	4,5 (-0,7)	10,5 (-1,4)
3	122,3 (+0,7)	6,45 (-1,15)	9,9 (-1,1)
4	22,1 (+5,1)	2,6 (-0,1)	2,4 (-0,2)
5	73,7 (-1,1)	5,6 (-0,9)	8,9 (+0,3)
6	72 (-7)	9,5 (+3)	10,4 (-1,4)
7	31,1 (-5)	2,36 (+0,22)	2,97 (-0,38)
8	22,4 (-1,4)	1,8 (0)	2,3 (+0,4)
9	49,5 (-9,3)	2,2 (+0,37)	3,7 (-0,9)
10	96,1 (-5,7)	11,9 (+0,8)	13,8 (-1,4)
11	108,1 (-6,9)	7 (-2,6)	15 (-3,9)
12	29,1 (-6,8)	3,1 (+0,04)	3 (-0,06)
13	246 (-8)	6,8 (-0,3)	7,9 (-0,7)
14	78,1 (-7,3)	6,48 (-1,22)	11,7 (-2)
15	20,4 (-1,5)	1,8 (-0,1)	1,8 (-0,4)
16	74,1 (+0,6)	3,7 (+0,6)	8 (+0,1)

TAB. 9.7 – Résultats de la segmentation de la rate par ligne de partage des eaux. Le chiffre entre parenthèses indique le gain obtenu pour ce paramètre après application de la ligne de partage des eaux.

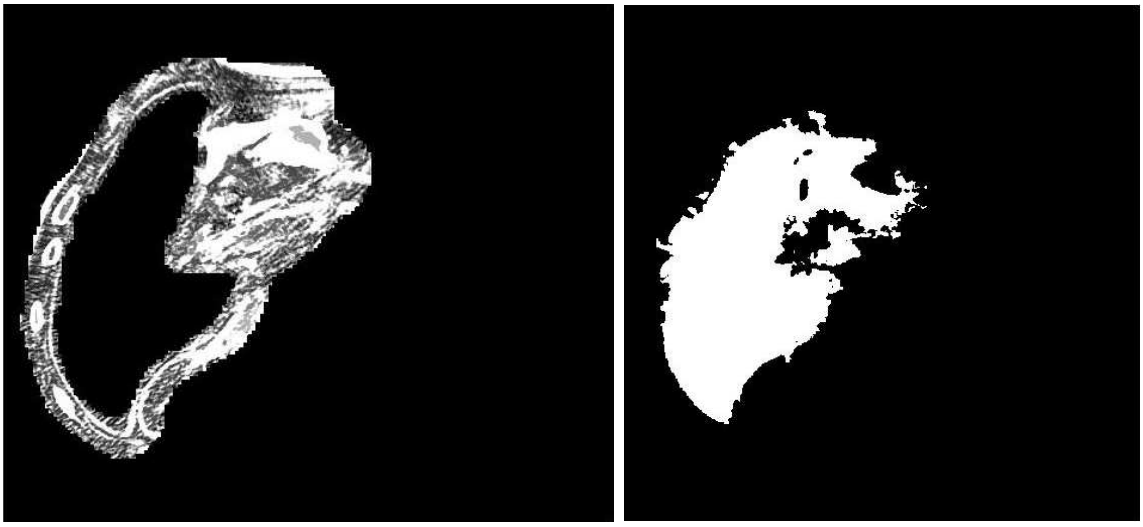
Image	Spécificité	Sensibilité	Similarité	Recouvrement
1	93,2 (-4,2)	94,1 (+7)	93,6 (+2,7)	88 (+2,9)
2	97,1 (-1,6)	91,1 (+14,9)	94 (+8)	88,7 (+13,3)
3	95,7 (-2,5)	92 (+6)	93,8 (+3,3)	88,4 (+5,4)
4	92 (-3,8)	91 (+6,9)	91,5 (+1,9)	84,4 (+3,3)
5	91,7 (-3,9)	94,7 (+4,8)	93,2 (+0,5)	87,3 (+0,9)
6	70,8 (-4,4)	98 (+1,2)	82,2 (-2,5)	69,8 (-3,6)
7	89,6 (-5,5)	93 (+11,4)	91,3 (+3,5)	84 (+5,7)
8	97,4 (-1,6)	91,3 (+8,5)	94,2 (+4)	89,1 (+7)
9	92,8 (-4,7)	87,9 (+10)	90,3 (+3,4)	82,3 (+7,9)
10	95,4 (-3)	91,4 (+10,3)	93,3 (+4,4)	87,5 (+7,5)
11	91,4 (-7,3)	76,9 (+15,2)	83,5 (+7,6)	71,7 (+10,5)
12	90,6 (-3,6)	85,5 (+9)	88,1 (+3,7)	78,5 (+5,4)
13	95,9 (-3)	92,6 (+11,3)	94,2 (+5)	89,1 (+8,5)
14	95,2 (-3,8)	92,8 (+11,7)	94,1 (+5)	88,6 (+8,1)
15	96,6 (-1,6)	94,5 (+6,5)	95,5 (+2,6)	91,5 (+4,8)
16	97,8 (-2)	84,3 (+17,1)	90,5 (+10,2)	82,7 (+15,6)

cependant reste grossière, et ne nous sert qu'à obtenir deux marqueurs pour appliquer la ligne de partage des eaux : un marqueur obtenu par amincissement homotopique, l'autre obtenu par dilatation. L'application de la ligne de partage des eaux à partir des deux marqueurs obtenus doit permettre théoriquement d'obtenir le contour du foie. Cette méthode peut être mise en échec cependant pour plusieurs raisons :

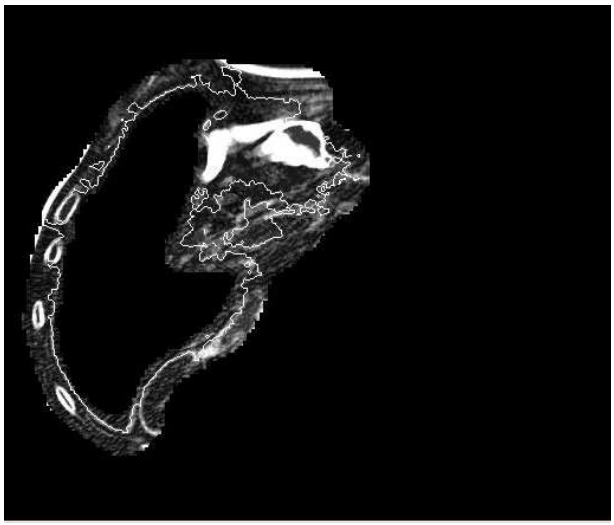
- La composante connexe détectée ne contient pas que des voxels appartenant au foie : en particulier, elle peut inclure le tronc cave, ou d'autres connexions, avec le coeur ou d'autres structures voisines partageant les mêmes intensités. Dans ce cas, les marqueurs obtenus pourront ne pas totalement marquer l'intérieur et l'extérieur de la structure : la ligne de partage des eaux résultante sera donc nécessairement mal placée.
- Le foie est une structure dont le contour n'est pas uniforme dans les images TDM. A certains endroits, le contour est fortement marqué, tandis qu'à d'autres endroits il peut l'être beaucoup moins, du à une différence d'intensité beaucoup plus faible entre le foie et l'extérieur. A cela s'ajoute le fait que de nombreux autres contours existent dans le voisinage du foie, en particulier les contours correspondant aux muscles intercostaux. La Figure 9.1 illustre ce problème : on constate que le contour obtenu issu de la ligne de partage des eaux est très irrégulier par endroits. Ceci est du à la présence de nombreux petits contours présents entre le marqueur externe (l'extérieur) et le marqueur interne (l'intérieur). Il n'y a pas de forts contours présents, ce qui empêche la ligne de partage des eaux d'être précisément localisée sur le contour du foie.

9.2.2 Évaluation de la segmentation de la rate

Le tableau de la Figure 9.7 montre les résulats de l'évaluation de la segmentation automatique de la rate. On constate que le taux de spécificité varie entre $70,8\%$ pour le patient 6 et $97,8\%$



(a) (b)



(c)

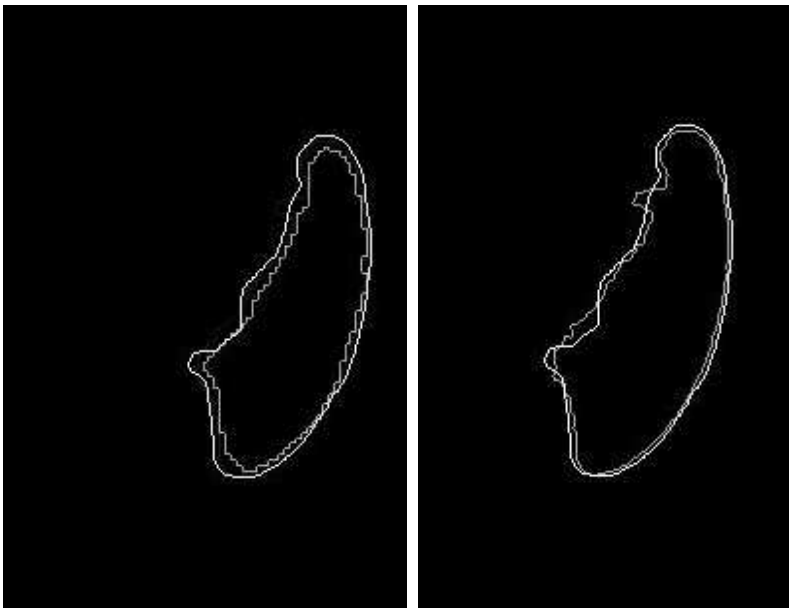
FIG. 9.1 – *a) Image du gradient modifié par imposition des marqueurs, b) Résultat de la ligne de partage des eaux appliquée à l'image a) , c) Superposition du contour obtenu avec l'image du gradient modifié.*

TAB. 9.8 – Résultats de la segmentation de la rate par ligne de partage des eaux : évaluation des écarts. Le chiffre entre parenthèses indique le gain obtenu pour ce paramètre après application de la ligne de partage des eaux. Un "+" indique un gain de précision.

Image	H_d	d_{mean}	d_{dev}
1	12,59 (-0,88))	1,42 (+0,32)	1,21 (+0,04)
2	10,24 (-1,94)	1,22 (+1,06)	0,92 (+0,17)
3	11,44 (+3,85)	1,4 (+0,63)	1,25 (+0,24)
4	18,7 (+0,4)	1,68 (+0,27)	1,65 (+0,1)
5	17,08 (+2,43)	1,89 (+0,7)	1,66 (+0,03)
6	62,554 (-2,55)	6,01 (-1,29)	8,84 (-1,39)
7	10,63 (+1,57)	1,65 (+0,5)	1,42 (+0,12)
8	12,7 (+0,9)	1,29 (+0,74)	1,14 (+0,22)
9	21,67 (+3,42)	1,69 (+0,67)	2,14 (+0,46)
10	16,8 (-2,63)	1,39 (+0,52)	1,55 (+0,13)
11	20,19 (+2)	2,44 (+0,76)	3,01 (+0,58)
12	42,48 (+0,99)	2,35 (+0,53)	4,26 (+0,52)
13	19,02 (+1,61)	1,34 (+0,82)	1,56 (+0,36)
14	18,35 (+3,74)	1,28 (+0,82)	1,72 (+0,37)
15	20,8 (-0,02)	1,43 (+0,54)	2,27 (+0,1)
16	20,51 (+1,6)	1,82 (+1,31)	2,51 (+0,1)

pour le patient 16. Le taux de sensibilité varie entre $76,9\%$ pour le patient 11 et $94,7\%$ pour le patient 5. On constate qu'on obtient de nombreuses valeurs supérieures à 90%, ce qui indique des résultats globalement bons. En observant le gain obtenu en appliquant la ligne de partage des eaux, on constate que dans tous les cas le taux de spécificité diminue, tandis que le taux de sensibilité augmente. Le taux de sensibilité peut augmenter fortement : entre $+1,2\%$ au minimum pour le patient 6, jusque $+15,2\%$ pour le patient 11. Le taux de spécificité varie généralement dans des proportions moindres : entre $-1,6\%$ et $-7,3\%$. Comme dans le cas du foie, on constate donc une nouvelle fois que l'application de la ligne de partage des eaux permet de réduire le nombre de faux-négatifs tout en augmentant légèrement le taux de faux-positifs. Ceci est dû au fait que la segmentation avant application de la ligne de partage des eaux a tendance à être située à l'intérieur du contour de la rate (voir Figure 9.2). De ce fait, un grand nombre de voxels de la segmentation automatique se retrouvent dans la segmentation manuelle : le taux de faux-positifs est faible, tandis que le taux de faux-négatifs est grand. Le fait d'appliquer la ligne de partage des eaux va contribuer à rapprocher le contour du contour idéal de la rate (voir Figure 9.3) : le taux de sensibilité augmente, c'est à dire que le nombre de faux-négatifs diminue. En revanche, le contour obtenu va, par endroits, être situé au-delà du contour idéal, et donc englober des voxels qui n'appartiennent pas au contour manuel de la rate : ceci explique la baisse du taux de spécificité, c'est à dire l'augmentation du nombre de faux-positifs.

Le tableau de la Figure 9.8 montre les écarts obtenus en terme de distance entre la segmentation automatique et la segmentation manuelle. On constate que la distance de Hausdorff entre la segmentation automatique et la segmentation manuelle varie entre $42,48$ pour le patient 12 à $10,24$ pour le patient 2. Ces chiffres indiquent qu'on a à chaque fois une forte erreur ponctuelle. La distance moyenne varie entre $1,22$ et $6,01$. Hormis cette distance de $6,01$ pour le patient 6, les chiffres obtenus pour les autres patients sont relativement bons et indiquent une précision entre le contour manuel et le contour automatique de l'ordre de 2mm. L'écart-type des distances



(a) (b)

FIG. 9.2 – *a) Contour de la segmentation manuel (en blanc) et contour de la segmentation avant application de la ligne de partage des eaux (en gris), b) Contour de la segmentation manuel (en blanc) et contour de la segmentation après application de la ligne de partage des eaux (en gris),*

est compris entre $0,92$ et $8,84$. Ce dernier chiffre de $8,84$ est obtenu également pour le patient 6, ce qui indique une segmentation peu précise dans ce cas. On constate que le gain obtenu par application de la ligne de partage des eaux est positif dans la grande majorité des cas. Dans tous les cas (sauf pour le patient 6), l'application de la ligne de partage des eaux permet de diminuer (un "+" dans le tableau indique un gain de précision, c'est à dire une diminution de la distance après application de la ligne de partage des eaux) la distance moyenne entre le résultat automatique et le résultat manuel, ainsi que de diminuer l'écart-type des distances. Dans la majorité des cas, l'application de la ligne de partage des eaux permet également de réduire la distance de Hausdorff, bien que ce ne soit pas une diminution drastique.

9.2.3 Résultats de la segmentation du rein droit

Le tableau de la Figure 9.9 montre les résulats de l'évaluation de la segmentation automatique du rein droit. Le taux de spécificité varie entre $82,2\%$ et $98,1\%$. Sur 13 des 16 cas ce taux est supérieur à 90%, ce qui indique globalement un nombre de faux-positifs peu élevé. Le taux de sensibilité varie entre $44,1\%$ et $92,8\%$. Dans la majorité des cas, ce taux est inférieur à 90%, ce qui indique un nombre élevé de faux-négatifs, c'est à dire de voxels appartenant au rein qui n'ont pas été détectés. L'application de la ligne de partage des eaux entraîne une diminution du taux de spécificité ainsi que l'augmentation du taux de sensibilité, comme dans le cas du foie et de la rate. L'explication de ce phénomène est similaire à l'explication donnée précédemment pour la rate : la première segmentation a tendance à être fortement à l'intérieur du contour idéal. L'application de la ligne de partage des eaux permet de rapprocher ce contour au contour idéal, ce qui fait diminuer le nombre de faux-négatifs, c'est à dire augmenter le taux de sensibilité. La

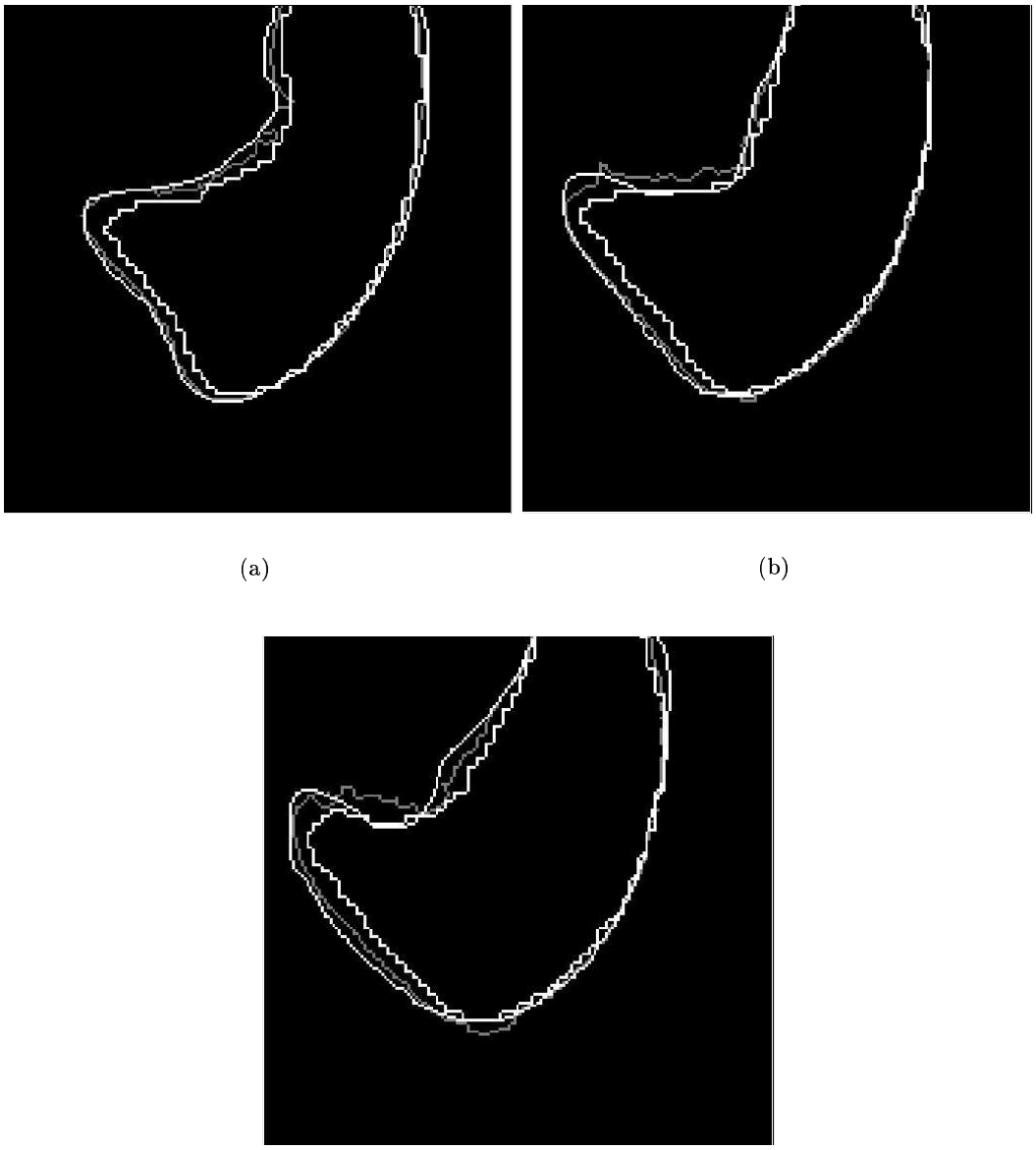


FIG. 9.3 – *a),b),c) Zoom sur les trois contours superposés : en gris, le contour de la segmentation après application de la ligne de partage des eaux. En blanc, contour extérieur : contour de la segmentation manuelle, contour intérieur : contour de la segmentation avant application de la ligne de partage des eaux.*

TAB. 9.9 – Résultats de la segmentation du rein droit par ligne de partage des eaux. Le chiffre entre parenthèses indique le gain obtenu pour ce paramètre après application de la ligne de partage des eaux.

Image	Spécificité	Sensibilité	Similarité	Recouvrement
1	90,2 (-0,2)	74,8 (+3,2)	87,2 (+2,3)	82,3 (+8)
2	98,1 (-0,4)	84,4 (+5,5)	90,7 (+5,5)	83,1 (+14)
3	98,1 (-1,7)	77,8 (+34,2)	86,8 (+26,1)	76,6 (+33)
4	94,2 (-2,3)	92,8 (+3,1)	89,5 (+1,7)	82,3 (+8)
5	96,7 (-1,7)	88,7 (+4,6)	92,5 (+1,8)	86,1 (+3,1)
6	91,7 (-6)	80,2 (+14,9)	85,6 (+7,5)	74,8 (+10,7)
7	95,8 (-3)	79,6 (+7,3)	86,9 (+3,5)	76,9 (+5,3)
8	94,4 (-2,8)	88,8 (+3,3)	91,6 (+0,6)	84,5 (+1,1)
9	96,9 (-1,4)	73,4 (+8,2)	83,5 (+5)	71,7 (+4)
10	93,5 (-1,7)	86,9 (-0,8)	90,1 (-1)	82,1 (-1,6)
11	88,7 (-5,6)	80,3 (+7)	84,3 (+2,5)	72,9 (+3,6)
12	82,2 (-5)	66,4 (+8,4)	73,5 (+3,8)	58,1 (+4,6)
13	97,9 (-1,5)	87,8 (+5,9)	92,5 (+2,7)	86,1 (+4,6)
14	87 (-2,9)	44,1 (+2,2)	58,5 (+1,5)	41,4 (+1,5)
15	93,8 (-2,9)	72 (-3,1)	81,5 (-1,8)	68,8 (-2,8)
16	96,8 (-1,3)	91 (+1)	93,8 (-0,1)	88,3 (-0,3)

contrepartie est que ce contour est placé parfois au-delà du contour idéal : le taux de spécificité baisse, ce qui indique une augmentation du nombre de faux-positifs. Le tableau de la Figure 9.10 montre les écarts obtenus entre la segmentation manuelle et la segmentation automatique du rein droit. La distance de Hausdorff entre le contour automatique et le contour manuel varie entre $36,1$ et $5,1$. On a donc dans tous les cas des erreurs ponctuelles qui peuvent être assez élevées. La distance moyenne varie entre $0,9$ et $5,47$: elle est inférieure à 2 millimètres dans 13 cas sur 16. L'écart-type des distances est compris entre $0,66$ et $7,96$, et est inférieur à 2 millimètres dans 12 cas sur 16. Le gain obtenu après application de la ligne de partage des eaux est positif dans tous les cas. Le gain obtenu pour la distance de Hausdorff est positif dans la majorité des cas, même s'il est faible ($+5,1$ au maximum). Dans le cas de la distance moyenne, le gain obtenu est positif dans tous les cas, et varie entre $+0,01$ et $+2,1$. Le gain obtenu pour l'écart-type des distances est compris entre $-0,8$ et $+0,9$, et est positif dans la majorité des cas. La segmentation automatique du rein droit a donc une bonne précision, cependant le nombre élevé de faux-négatifs indique que le résultat a tendance à oublier certains voxels appartenant au résultat manuel. On constate une nouvelle fois que l'application de la ligne de partage des eaux permet d'augmenter la précision de la segmentation.

9.2.4 Résultats de la segmentation du rein gauche

Le tableau de la Figure 9.11 montre les résultats de l'évaluation de la segmentation automatique du rein gauche. Le taux de spécificité varie entre $82,6\%$ et $98,5\%$. Il est supérieur à 90% dans 12 cas, ce qui indique un faible nombre de faux-positifs. Le taux de sensibilité varie entre $55,8\%$ et $90,4\%$: il est inférieur à 90% dans 13 cas ce qui indique, comme pour le rein droit, un nombre élevé de faux-négatifs, c'est à dire de voxels du rein absents du résultat automatique. On constate qu'après application de la ligne de partage des eaux, le taux de spécificité diminue tandis

TAB. 9.10 – Résultats de la segmentation du rein droit par ligne de partage des eaux : évaluation des écarts. Le chiffre entre parenthèses indique le gain obtenu pour ce paramètre après application de la ligne de partage des eaux. Un "+" indique un gain de précision.

Image	H_d	d_{mean}	d_{dev}
1	12,59 (+3)	1,42 (+0,99)	1,21 (+0,2)
2	12,5 (+2)	1,23 (+1,03)	1,1 (+0,29)
3	16,5 (-0,3)	1,5 (+2,1)	1,6 (+0,5)
4	18,7 (-0,1)	1,68 (+1,4)	1,65 (+0,3)
5	17,4 (+21)	1,3 (+0,6)	1,39 (+1,8)
6	20 (+0,2)	2,1 (+0,5)	2,93 (-0,4)
7	27,2 (-0,2)	2,23 (+0,2)	3,93 (-0,2)
8	9,9 (-0,9)	1,1 (+0,2)	0,9 (+0,8)
9	20,2 (+3)	1,84 (+0,5)	2,2 (+0,6)
10	10,2 (+0,5)	1,2 (-0,4)	0,95 (-0,8)
11	9,7 (+4)	1,3 (+0,1)	1,2 (+0,9)
12	12,8 (+3,2)	1,8 (+0,7)	1,9 (+0,1)
13	5,1 (+1,4)	0,97 (+0,36)	0,66 (+0,16)
14	36,1 (+0,9)	5,47 (+0,3)	7,96 (+0,2)
15	8,3 (+5,1)	1,1 (+0,01)	0,95 (+0,7)
16	9 (+0,1)	0,9 (+0,03)	0,85 (+0,01)

que le taux de sensibilité augmente. Le taux de sensibilité augmente parfois fortement ($+34,4\%$ pour le patient 4, $+21,8\%$ pour le patient 10). Dans tous les cas, les taux de similarité et de recouvrement, qui découlent des deux taux précédents, augmentent après application de la ligne de partage des eaux. Le tableau de la Figure 9.12 montre les écarts obtenus entre la segmentation automatique du rein gauche et la segmentation manuelle. La distance de Hausdorff varie entre $7,2$ et $28,3$, ce qui indique des erreurs ponctuelles qui peuvent être élevées. La distance moyenne varie entre $0,94$ et $3,63$: elle est inférieure à 2 dans 12 cas, ce qui indique une bonne précision. L'écart-type de la distance varie entre $0,83$ et $5,6$. Il est inférieur à 2 dans 12 cas. Comme dans le cas du rein droit, on constate que la précision de la segmentation du rein gauche est bonne, malgré un nombre de faux-négatifs élevé, qui indique que certains voxels appartenant au rein gauche ont été oubliés par la segmentation automatique. On constate une nouvelle fois également que l'application de la ligne de partage des eaux permet d'augmenter la précision du résultat automatique.

9.3 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons évalué certains de nos résultats, par comparaison avec une image segmentée manuellement. Nous avons évalué les résultats obtenus avec notre méthode semi-automatique décrite au chapitre 5. Nous avons également évalué notre méthode automatique décrite au chapitre 6. Nous avons calculé le gain obtenu sur la précision des résultats automatiques en appliquant la ligne de partage des eaux. Sur les quatre organes que nous avons évalués, nous constatons que l'application de la ligne de partage des eaux entraîne une diminution du taux de spécificité et une augmentation du taux de sensibilité. La baisse du taux de spécificité est synonyme d'une augmentation du nombre de faux-positifs, tandis que l'augmentation du taux de sensibilité traduit une baisse du nombre de faux-négatifs. La segmentation automatique, après

TAB. 9.11 – Résultats de la segmentation du rein gauche par ligne de partage des eaux. Le chiffre entre parenthèses indique le gain obtenu pour ce paramètre après application de la ligne de partage des eaux.

Image	Spécificité	Sensibilité	Similarité	Recouvrement
1	82,6 (-1,8)	76,4 (+2,5)	79,4 (+0,6)	65,8 (+0,7)
2	96,8 (-1,8)	90,2 (+5,6)	93,4 (+1,2)	87,6 (+2,1)
3	98,5 (-1,4)	69,9 (+34,4)	81,8 (+28,4)	69,2 (+33,3)
4	89,9 (-2,5)	91,7 (+7,8)	90,8 (+5,2)	83,2 (+8,3)
5	96,2 (-2,2)	89,5 (+6,3)	92,7 (+2,5)	86,4 (+4,2)
6	98,4 (-1,4)	82,6 (+28,1)	89,8 (+19,3)	81,6 (+27,1)
7	97,4 (-1,6)	89,3 (+5,6)	93,2 (+2,6)	87,3 (+4,3)
8	96,7 (-3)	89,5 (+11)	92,9 (+5,2)	86,9 (+8,8)
9	98,1 (-1,5)	79,1 (+16,1)	87,6 (+10,4)	78 (+15,1)
10	97,1 (-2,5)	87,7 (+21,8)	92,1 (+12,8)	85,5 (+19,8)
11	93,7 (-2,4)	86,7 (+2,3)	90 (+0,1)	81,9 (+0,3)
12	85,7 (-8,1)	62,6 (+6,1)	72,4 (+1,9)	56,7 (+2,3)
13	94,2 (-2,6)	89,3 (+6)	91,7 (+2,2)	84,7 (+3,5)
14	91,5 (-3)	55,8 (+6,7)	69,3 (+4,7)	53 (+5,3)
15	85,9 (-7,5)	83,1 (+9,8)	84,4 (+2,6)	73,1 (+3,9)
16	96,5 (-2,2)	90,4 (+16,4)	93,3 (+7,3)	87,5 (+14,2)

TAB. 9.12 – Résultats de la segmentation du rein gauche par ligne de partage des eaux : évaluation des écarts. Le chiffre entre parenthèses indique le gain obtenu pour ce paramètre après application de la ligne de partage des eaux. Un "+" indique un gain de précision.

Image	H_d	d_{mean}	d_{dev}
1	10,2 (+0,8)	2,8 (+0,04)	1,75 (+0,12)
2	9,5 (-1,1)	1,03 (+0,18)	0,9 (+0,02)
3	12,7 (+1,2)	2,1 (+1,8)	2,3 (+0,02)
4	19 (+5,6)	1,73 (+1,6)	2,5 (+2,7)
5	11,2 (0)	1,1 (+0,4)	0,93 (+0,31)
6	10,2 (+2,2)	1,6 (+1,8)	1,39 (+0,6)
7	9,9 (+2,6)	1,08 (+0,35)	0,94 (+0,46)
8	7,5 (+1,6)	0,98 (+0,7)	0,83 (+0,4)
9	10 (+1,5)	1,5 (+0,8)	1,48 (+0,38)
10	12 (-1,6)	1,12 (+1,24)	1,05 (+0,3)
11	9,2 (-0,4)	1,07 (+0,02)	0,99 (-0,06)
12	19,8 (-1,8)	2,48 (-0,2)	3,4 (-0,4)
13	7,3 (-0,1)	0,96 (+0,6)	0,77 (+0,06)
14	28,3 (+1,2)	3,63 (+0,5)	5,6 (+0,1)
15	7,2 (-0,5)	1,03 (-0,06)	1,01 (-0,05)
16	9,3 (-0,1)	0,94 (+0,8)	0,86 (+0,21)

application de la ligne de partage des eaux, a donc tendance à moins “oublier” de voxels, mais a par contre tendance à rajouter certains voxels non désirables. Nous avons expliqué que ce comportement est dû à la première segmentation qui a tendance à être à l'intérieur du contour idéal : après application de la ligne de partage des eaux, ce contour va se rapprocher du contour idéal. Le nombre de faux-négatifs va donc diminuer. En revanche, le contour obtenu va dans certains cas “dépasser” le contour idéal et donc se situer à l'extérieur : le nombre de faux-positifs va alors augmenter. L'application de la ligne de partage des eaux va donc avoir tendance à délocaliser le contour légèrement vers l'extérieur : c'est donc plutôt le contour externe des structures qui sera détecté.

Concernant la précision des résultats, la segmentation du foie n'est pas suffisamment précise. La segmentation automatique des trois autres organes est relativement précise : la distance entre les organes segmentés automatiquement et manuellement est de l'ordre de 2mm. Toutes les segmentations souffrent cependant d'erreurs ponctuelles pouvant être élevées, ce qui se traduit par une distance de Hausdorff élevée (pouvant atteindre 20mm dans le cas du rein gauche, 36mm dans le cas du rein droit, 62mm dans le cas de la rate, et 246mm dans le cas du foie). Dans tous les cas, l'application de la ligne de partage des eaux augmente la précision du résultat obtenu.

Conclusion générale

Principales contributions

Dans cette thèse nous avons tenté d'apporter un éclairage nouveau à la segmentation d'images médicales. Nous avons étudié les différents problèmes inhérents au traitement informatique des images médicales. Parmi ceux-ci, nous avons porté notre attention sur le problème de la variabilité inter-images, qui existe à plusieurs niveaux : au niveau des images elles-mêmes, mais aussi au niveau des structures anatomiques présentes dans ces images. Pour tenter de s'adapter à ces variations, nous avons effectué une analyse de ces différents niveaux de variabilité. Dans le but d'apporter une solution au problème posé par les variations des structures anatomiques d'un patient à l'autre, nous avons analysé les structures de l'abdomen d'un point de vue anatomique, mais aussi d'un point de vue quantitatif. Pour cela, nous avons passé en revue les différents attributs caractérisant une structure dans une image discrète. Nous avons vu que ces attributs sont généralement regroupés selon trois types : photométriques, texturaux et morphologiques. En utilisant ces attributs, une de nos contributions a été d'effectuer une étude statistique dans le but d'acquérir une plus grande connaissance des variations existantes, d'une personne à l'autre, concernant les organes suivants : le foie, la rate et les reins. Cette étude a été menée sur une base de 16 images TDM dans lesquelles les quatre structures étudiées ont été segmentées manuellement par un expert. Le résultat de ce travail a permis de montrer que certaines caractéristiques varient moins que d'autres d'une image à l'autre. En particulier, l'intensité des structures, la localisation de leur barycentre, ou encore la mesure de compacité et d'élongation, varient relativement peu, selon l'organe étudié. Nous avons effectué cette analyse sur des images TDM : les résultats concernant les attributs photométriques et texturaux s'appliquent donc uniquement à ce type d'images. En revanche, les attributs morphologiques obtenus sont très généraux, et sont valables également pour des images issues d'autres protocoles d'acquisition (IRM par exemple). Les résultats que nous avons obtenus pour les attributs morphologiques du foie, de la rate et du rein pourront donc être utilisés dans d'autres domaines de recherche. Cette analyse nous a donc permis d'obtenir une plus grande connaissance des organes que nous souhaitons segmenter : nous avons utilisé ces résultats dans la suite pour apporter une connaissance extérieure à nos algorithmes de segmentation.

Le second champ de recherche que nous avons exploré concerne la morphologie mathématique. Nous avons effectué un état de l'art présentant les différents principes de cette théorie, ainsi que les principaux opérateurs définis dans ce cadre. Nous avons vu que la segmentation morphologique est un protocole général comportant deux phases : la phase "intelligente" de recherche de marqueurs et de filtrage d'image, et la phase "automatique" d'application de la ligne de partage des eaux en utilisant les données de la phase précédente.

Nous avons appliqué ce protocole de segmentation aux images TDM de l'abdomen. Nous avons étudié les deux principes de recherche de marqueurs : le premier principe est très général, et consiste à prendre comme marqueurs les minima régionaux de l'image gradient que l'on

souhaite segmenter. Les marqueurs obtenus nécessitent d'être filtrés, sous peine d'obtenir une forte sur-segmentation : pour cela, nous avons examiné les possibilités offertes par les filtres connexes, permettant de simplifier une image sans modifier ses contours. En utilisant un filtre de contraste, on ne garde que les minima dont la dynamique, c'est à dire la profondeur, est la plus grande. Ainsi, appliqué sur l'image gradient, le filtre de contraste permet d'éliminer les petits "creux" de l'image dus à du bruit de l'image originale. Les minima les plus importants, correspondant à des zones homogènes de l'image originale, restent donc inchangés et permettent d'obtenir, lors de l'application de la ligne de partage des eaux, de larges bassins versants ou zones plates pouvant correspondre à certaines structures importantes de l'image. De la même façon, nous pouvons utiliser un critère d'aire pour éliminer les "petits" minima dus à du bruit, et qui provoquent la sur-segmentation lors de la phase "intelligente" du protocole de segmentation morphologique. Cette recherche de minima suivie d'un filtrage utilisant un opérateur connexe permet d'obtenir une image mosaïque, dont chaque zone plate correspond à un bassin versant de la ligne de partage des eaux. A partir de cette image mosaïque, nous avons mis au point deux méthodes de segmentation. La première méthode utilise les attributs calculés dans la première partie afin de détecter automatiquement la zone plate qui correspond à la structure recherchée. Cette méthode s'appuie sur le calcul d'un vecteur de caractéristiques pour chaque zone plate, puis sur la conservation de la zone plate ayant le vecteur le plus similaire à un vecteur de référence. Cette méthode, généralement efficace pour un faible coût algorithmique, est encourageante, car elle prouve qu'il est possible d'apporter de la connaissance extérieure pour améliorer la détection d'objets. La deuxième méthode est semi-automatique, et permet à l'utilisateur de vérifier dans un premier temps que l'image mosaïque contient une bonne simplification en zones plates de l'image originale. Puis l'utilisateur sélectionne simplement la ou les zones plates qui correspondent à la structure recherchée. Cette méthode est intéressante car elle permet de segmenter assez rapidement une image, par l'intermédiaire d'une interaction minimale avec l'utilisateur. Le gain apporté par cette méthode semi-automatique est une plus grande fiabilité dans le résultat de la segmentation. Le deuxième principe de recherche de marqueurs consiste à les calculer à partir de l'image. Pour segmenter un objet précis par cette méthode on a besoin d'un marqueur interne à l'objet ainsi que d'un marqueur externe. Pour cette recherche, nous avons en fait élaboré un algorithme complet de segmentation pour chaque organe étudié (foie, rate et reins) permettant de conserver une composante connexe correspondant à la structure recherchée. Cette composante est en fait une première segmentation de l'organe. La deuxième phase consiste, à partir de cette composante connexe, à obtenir un marqueur interne par amincissement homotopique, puis un marqueur externe par dilatation. A partir des deux marqueurs, on applique l'algorithme de ligne de partage des eaux sur l'image gradient dans le but de trouver les contours de la structure recherchée.

Nous nous sommes également penchés sur le problème de la segmentation des réseaux vasculaires de l'abdomen. Nous avons mis au point un algorithme complet de segmentation du réseau porte du foie. Pour cela, nous avons mis au point deux méthodes de détection automatique de l'entrée de la veine porte dans le foie, servant de graine à la croissance de régions. Ces deux méthodes utilisent la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris, qui est un opérateur de morphologie mathématique particulièrement intéressant permettant de détecter, dans une image à niveaux de gris, une configuration particulière de points. Cet opérateur est particulièrement adapté à notre problème, car la configuration de l'entrée de la veine porte dans le foie varie peu d'un point de vue anatomique. Ensuite, nous avons passé en revue les différents paramètres des algorithmes de segmentation par croissance de régions. Nous avons mis au point un critère de propagation fondé sur le contraste local d'un point par rapport à un voisinage, et nous avons vu que cette condition de propagation permettait d'obtenir, visuellement, un réseau plus détaillé et

plus fourni qu'en utilisant un simple critère d'intensité. Enfin, nous avons également appliqué l'opérateur de la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris pour détecter trois structures vasculaires présentes dans l'abdomen : la veine mésentérique supérieure, la veine cave inférieure et l'aorte.

Dans une dernière partie, nous avons évalué les résultats que nous avons obtenus dans notre second algorithme de segmentation automatique avec connaissance ajoutée. Pour cela, nous avons comparé les images issues de la segmentation automatique avec les images issues de la délimitation manuelle par un expert. Cette évaluation a permis d'une part d'obtenir une information quantitative sur la précision des segmentations obtenues, et d'autre part de quantifier le gain apporté par l'application de la ligne de partage des eaux. Cette étude a révélé que la segmentation automatique du foie souffre de grosses imprécisions, tandis que les segmentations des trois autres structures (rate, rein droit et rein gauche) ont une bonne précision. L'évaluation des résultats a également montré que le gain apporté par la ligne de partage des eaux pour segmenter les organes est globalement positif.

Perspectives

Le calcul des attributs sur les quatre organes segmentés manuellement a permis de montrer que certains attributs variaient relativement peu. Les attributs que nous avons utilisés restent cependant très simples, et il serait possible de les enrichir peut être par des attributs de plus haut niveau. En particulier, la méthode des modèles d'apparence statistiques de Cootes [25], consistant à calculer un modèle statistique pour chaque structure d'après une base de structures "valides" semble très intéressante. A partir de notre base de segmentations manuelles, il paraît tout à fait concevable en effet de mettre en oeuvre le protocole développé pour construire ces modèles statistiques : dans un premier temps il faut obtenir une paramétrisation de ces modèles valides. Cette paramétrisation consiste à échantillonner les modèles valides en y apposant des points de contrôle. Une méthode semi-automatique semblerait appropriée. Après un recalage de ces modèles dans une base commune (par analyse procustéenne par exemple), on obtient pour chaque modèle une paramétrisation en n points. Pour réduire la dimensionalité du problème, une analyse en composantes principales est effectuée (ACP). Chaque modèle de la base est exprimée ensuite comme la somme entre le modèle moyen et un certain nombre de vecteurs correspondants aux principales variations du modèle. Ce principe permet d'obtenir des modèles déformables ne se déformant que selon certaines directions "valides". Bien entendu, ce principe se heurte à la limitation des formes "valides" contenues dans la base de tests. En particulier, un organe ayant une forme totalement atypique ne pourra pas être reconnu de cette manière. Cependant, dans la grande majorité des cas, nous pensons que cette méthode pourrait donner des résultats très intéressants.

Concernant les attributs de localisation, nous avons vu que le barycentre d'une structure varie peu selon ses coordonnées x et y : cependant, cette variation est plus grande concernant la coordonnée z. Cela est dû au fait que la fenêtre d'acquisition de la portion d'abdomen varie d'un patient à l'autre : certaines images contiennent des portions d'abdomen plus hautes que d'autres. Pour résoudre ce problème, il faudrait utiliser un référentiel commun à toutes les images, les vertèbres de la colonne vertébrale par exemple, et calculer les attributs de localisation en fonction de ce référentiel.

Dans cette thèse nous avons choisi d'étudier en détail les outils de la morphologie mathématique. Nous avons mis au point une chaîne d'opérateurs permettant de segmenter automatiquement ou de façon semi-automatique certains organes. L'opérateur de la ligne de partage des eaux

s'est révélé très puissant pour simplifier une image en zones plates. Cependant cet opérateur, ainsi que tous les opérateurs morphologiques, sont des opérateurs de bas niveau qui n'incluent pas une véritable interprétation de l'image. C'est l'enchaînement pertinent des opérateurs qui doit générer un résultat interprétable ensuite par des opérateurs de plus haut niveau (des opérateurs de détection par exemple). Nous avons donc affaire à un schéma de segmentation ascendant, ou en anglais à un schéma "bottom-up". Avec ce schéma, nous nous heurtons cependant au problème suivant : pour détecter une structure, nous avons besoin d'une bonne segmentation de l'image, et inversement pour obtenir une bonne segmentation de l'image nous aurions besoin de connaissance sur la structure à segmenter ([38], page 10). Idéalement, segmentation et classification devraient opérer de concert.

Concernant la segmentation automatique par recherche de marqueurs (marqueur interne et marqueur externe), nous avons mis au point un protocole global que nous avons appliqué à chaque organe. Ce protocole consiste à obtenir une première segmentation de l'organe, puis à déduire deux marqueurs à partir de cette segmentation initiale. Ce protocole a bien fonctionné pour la rate et les reins, organes qui sont généralement bien contrastés, mais s'est révélé inadapté pour la segmentation du foie dans certains cas. Le problème de la segmentation du foie reste donc encore ouvert. Une des raisons de la mise en échec de la méthode dans le cas du foie vient du choix des marqueurs utilisés pour la segmentation. En effet, ces marqueurs sont obtenus à partir de la première segmentation obtenue, sans tenir compte des structures voisines. Dans le cas du foie, par exemple, un moyen de rendre la segmentation plus robuste aurait été d'inclure d'autres structures dans le marqueur externe, comme les côtes. Un autre problème qui est apparu dans la segmentation du foie concerne la connexion avec d'autres structures situées au centre de l'abdomen. Ceci est du au fait que le foie a certains contours qui ne sont pas suffisamment marqués. Les principaux problèmes viennent du coeur et de l'estomac, qui peuvent avoir quasiment la même intensité que le foie, et être très proche. Un autre problème quasiment constant vient du fait que la veine cave, dans la majorité des cas, est incluse dans la segmentation du foie. Comme les segmentations manuelles n'incluent pas cette veine, cela altère évidemment grandement les résultats de l'évaluation. Sur certaines images, le segment intra-hépatique de la veine cave a une intensité très proche du parenchyme, rendant sa détection difficile même à l'oeil nu.

Cette thèse a permis de dégager de nombreuses perspectives de travail pour améliorer la segmentation du foie. Les principales conclusions que nous pouvons faire sont les suivantes :

- Il s'est avéré que travailler sur une image de taille originale n'améliore pas significativement les résultats. En particulier, segmenter un organe sur une image réduite puis sur-échantillonner le résultat à la taille originale de l'image n'altère pas grandement la précision du résultat. En revanche, les temps de calcul étant significativement réduits sur une image sous-échantillonnée, on peut se permettre de multiplier les traitements ;
- Concernant le problème de la veine cave, un des moyens de la séparer du foie serait de continuer notre recherche sur la segmentation des réseaux vasculaires pour extraire d'abord la veine cave de l'image. Cette approche semble réaliste, comme la partie extra-hépatique de la veine porte est bien visible. En partant de cette partie, on pourrait segmenter la partie intra-hépatique en utilisant l'hypothèse que la partie intra-hépatique est un cylindre vertical de diamètre similaire à la partie extra-hépatique ;
- Enfin, pour réduire les problèmes de connexion entre le foie et les organes voisins, nous pensons que poursuivre notre recherche dans le domaine de la segmentation morphologique en incluant lesdits organes pourrait grandement améliorer les résultats. Ceci n'est pas simple cependant, le coeur et l'estomac étant des organes très difficiles à segmenter sur des images scanners.

Concernant les réseaux vasculaires, nous avons exposé une méthode de segmentation auto-

matique du réseau porte du foie. Nous avons également décrit un critère de propagation plus efficace, d'un point de vue visuel, que le seuillage. Cependant, l'absence de validation des résultats obtenus ne permet pas de conclure avec certitude de l'efficacité de ce critère. Nous devrions cependant disposer dans l'avenir de segmentations manuelles du réseau porte, qui permettront d'évaluer notre méthode et nos résultats.

Nous avons commencé à étudier la possibilité de segmenter plusieurs réseaux vasculaires de l'abdomen de façon concurrente. Cette étude n'a présenté que certains résultats préliminaires, utilisant essentiellement la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris pour détecter des structures appartenant à différents réseaux. Cependant, il est très difficile de différencier avec certitude les structures détectées. Une segmentation concurrente de ces réseaux devrait consister à utiliser un algorithme de propagation simultané, permettant de les séparer. Un tel algorithme serait similaire dans la philosophie à l'algorithme de ligne de partage des eaux. Cependant de nombreux problèmes sont à résoudre, notamment pour contraindre la propagation à rester à l'intérieur des réseaux : nous pensons que la solution devrait venir de l'ajout de connaissances anatomiques extérieures. Une méthode envisageable serait de partir d'un atlas des structures vasculaires de l'abdomen, et d'employer des méthodes à base de modèles déformables pour s'adapter aux images que l'on souhaite segmenter.

Annexe A

Illustration des résultats obtenus

Segmentation à partir de l'image mosaïque

Ci-dessous sont illustrés les résultats obtenus à partir de la première méthode de segmentation décrite dans le chapitre 5. Ces résultats sont obtenus en partant d'une image mosaïque, image obtenue à partir des bassins versants du gradient morphologique interne de l'image originale. L'intensité de chaque bassin versant est l'intensité moyenne des points du bassin versant dans l'image originale.

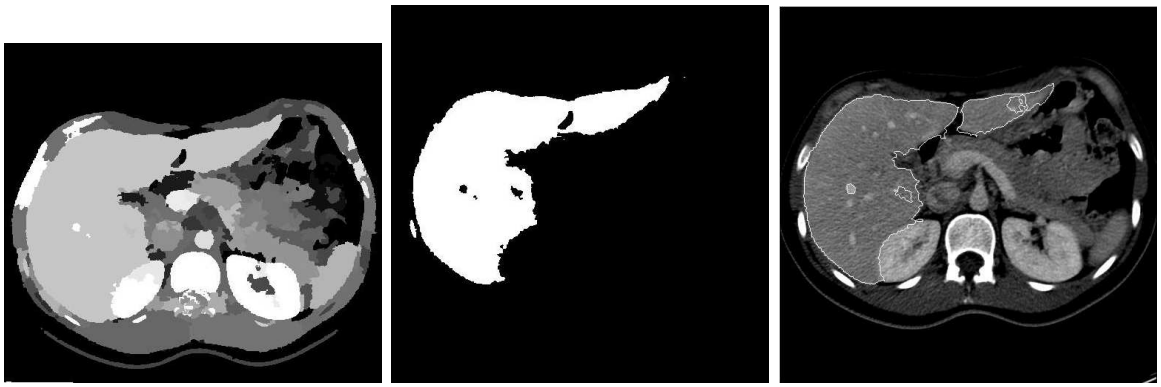


FIG. A.1 – *A gauche : Ligne de partage des eaux mosaïque, Au centre : Conservation de la plus grande zone plate, A droite : Contour de la segmentation sur l'image originale.*

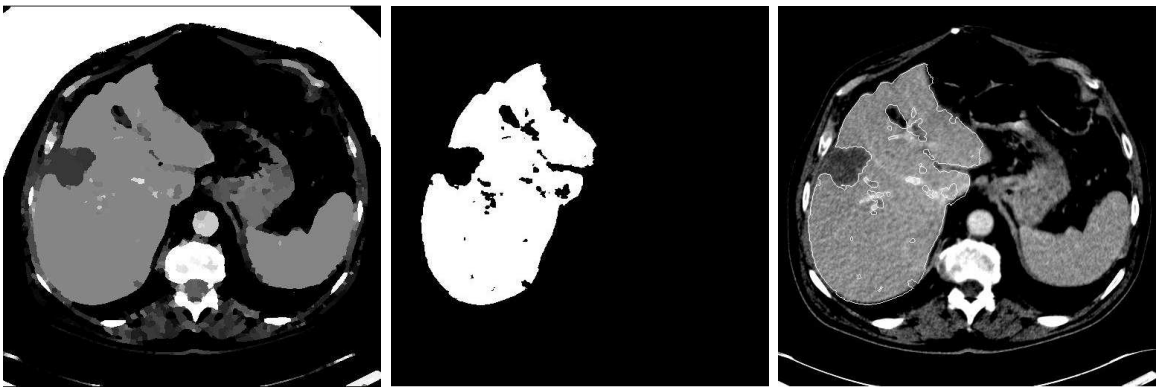


FIG. A.2 – *A gauche : Ligne de partage des eaux mosaïque, Au centre : Conservation de la plus grande zone plate, A droite : Contour de la segmentation sur l'image originale.*

FIG. A.3 – *A gauche : Ligne de partage des eaux mosaïque, Au centre : Détection de la zone plate correspondant à la rate : la zone plate ayant le vecteur de caractéristiques se rapprochant le plus du vecteur de caractéristiques moyennes (calculées dans le second chapitre) est conservée, A droite : Contour de la segmentation sur l'image originale.*

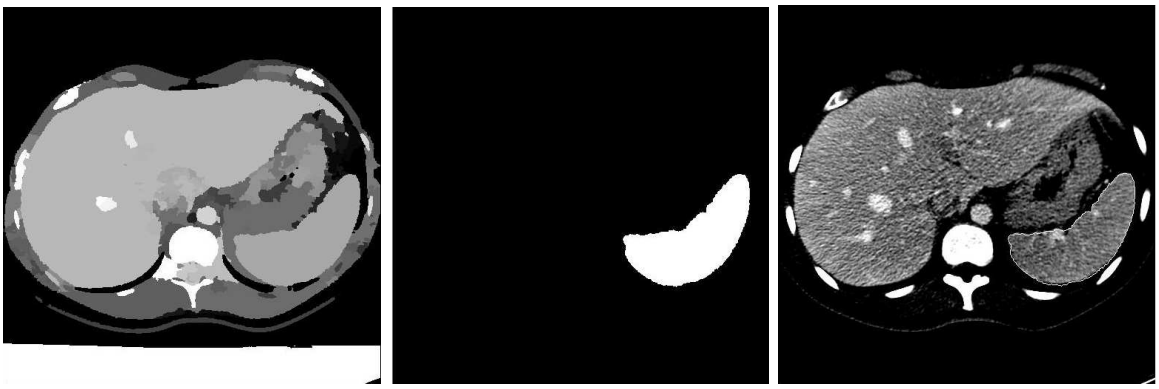


FIG. A.4 – *A gauche : Ligne de partage des eaux mosaïque, Au centre : Détection de la zone plate correspondant à la rate : la zone plate ayant le vecteur de caractéristiques se rapprochant le plus du vecteur de caractéristiques moyennes (calculées dans le second chapitre) est conservée, A droite : Contour de la segmentation sur l'image originale.*

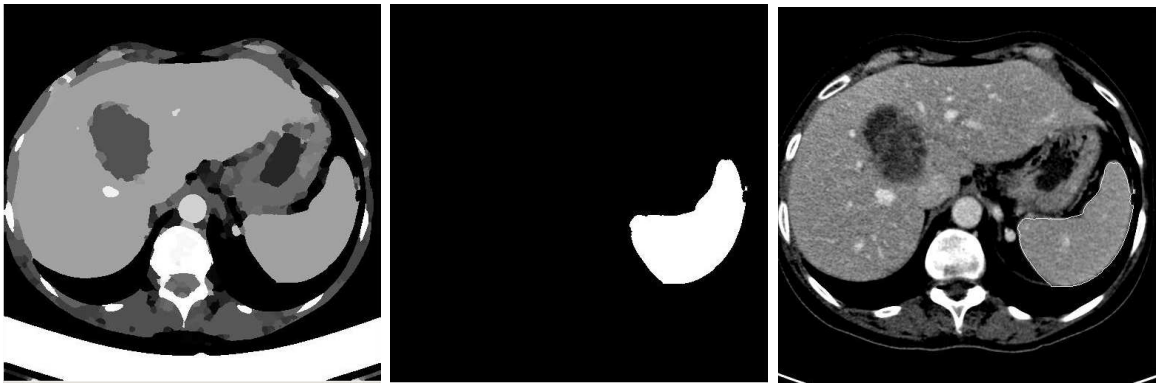


FIG. A.5 – *A gauche : Ligne de partage des eaux mosaïque, Au centre : Détection de la zone plate correspondant à la rate : la zone plate ayant le vecteur de caractéristiques se rapprochant le plus du vecteur de caractéristiques moyennes (calculées dans le second chapitre) est conservée, A droite : Contour de la segmentation sur l'image originale.*

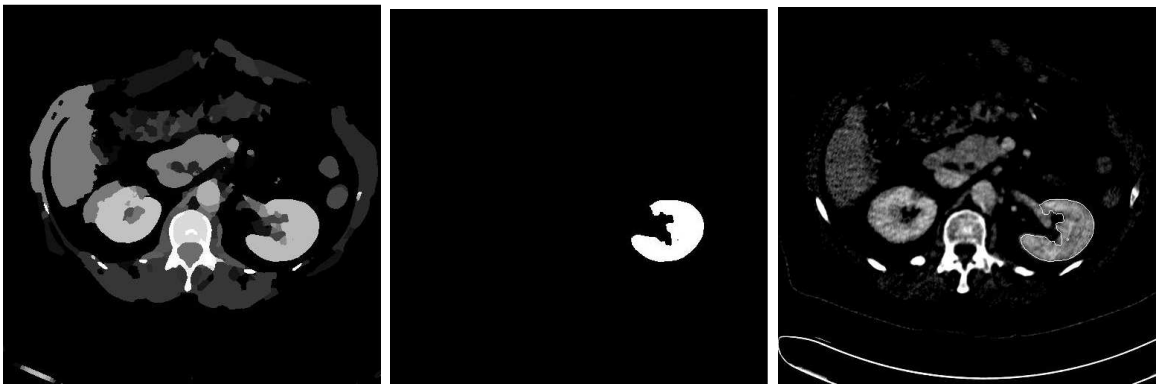


FIG. A.6 – *A gauche : Ligne de partage des eaux mosaïque, Au centre : Détection de la zone plate correspondant au rein gauche, A droite : Contour de la segmentation sur l'image originale.*

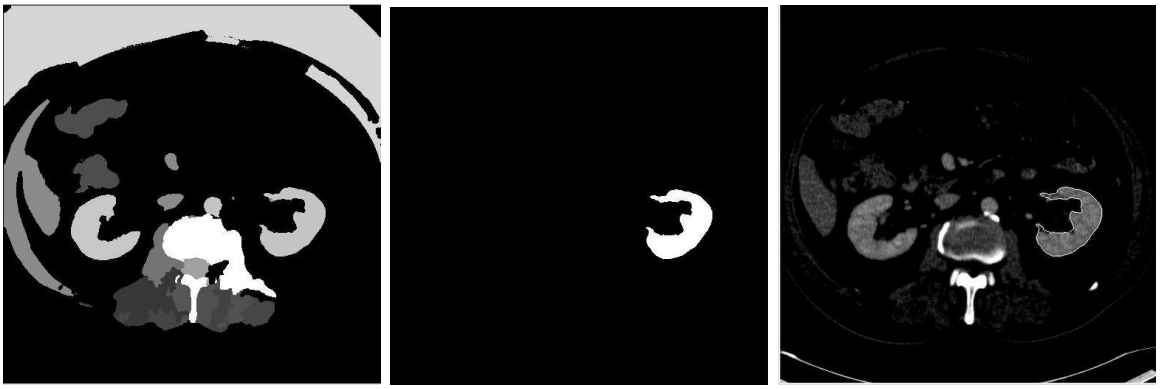


FIG. A.7 – *A gauche : Ligne de partage des eaux mosaïque, Au centre : Détection de la zone plate correspondant au rein gauche, A droite : Contour de la segmentation sur l'image originale.*

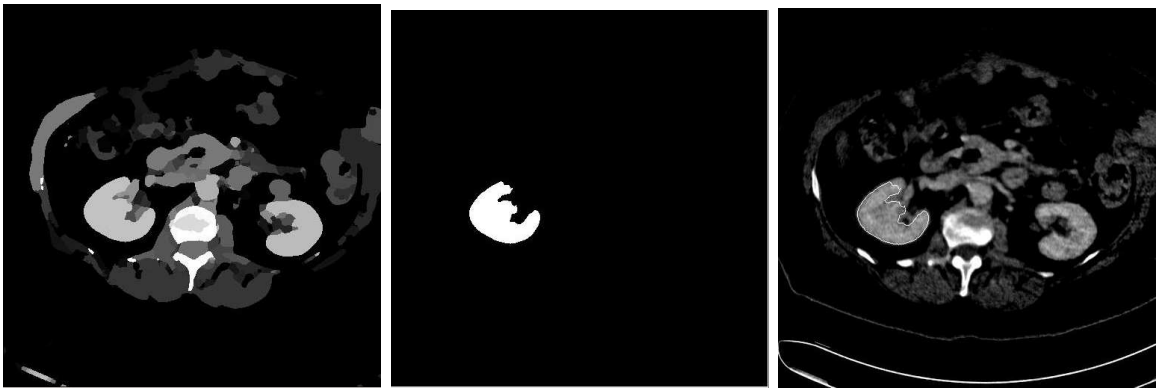


FIG. A.8 – *A gauche : Ligne de partage des eaux mosaïque, Au centre : Détection de la zone plate correspondant au rein droit, A droite : Contour de la segmentation sur l'image originale.*

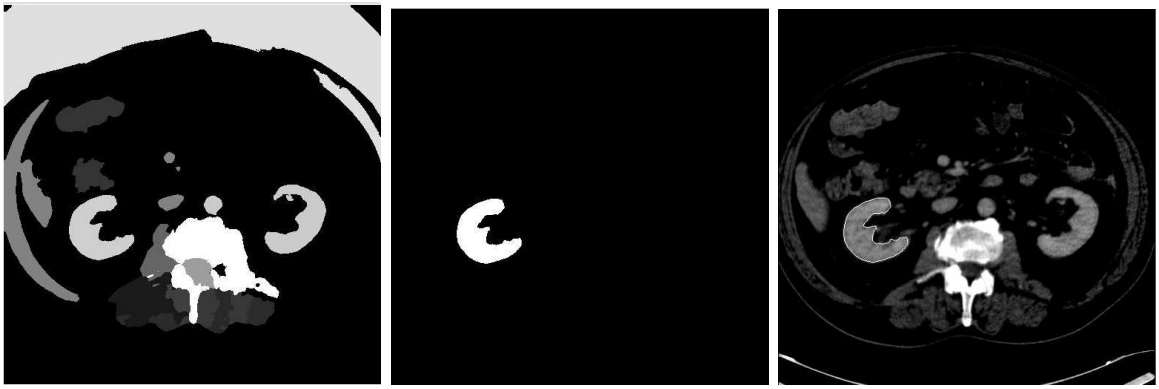


FIG. A.9 – *A gauche : Ligne de partage des eaux mosaïque, Au centre : Détection de la zone plate correspondant au rein droit, A droite : Contour de la segmentation sur l'image originale.*

Bibliographie

[1] V. Agnus. *Segmentation spatio-temporelle morphologique de séquences d'images.* Thèse de Doctorat, Université Louis Pasteur de Strasbourg, 2001.

[2] V. Agnus, C. Ronse, et F. Heitz. Segmentation spatio-temporelle de séquences d'images par des opérateurs de morphologie mathématique. Dans *RFIA'2000*, volume 1, pages 619–627, 2000.

[3] N. Ayache, P. Cinquin, I. Cohen, L. Cohen, F. Leitener, et O. Monga. Segmentation of complex three-dimensional medical objects : a challenge and a requirement for computed-assisted surgery planning and performance. Dans *Computer Integrated Surgery*, pages 59–74. MIT Press Cambridge MA, 1996.

[4] K. Bae, M. Giger, C. Chen, et C. Kahn. Automatic segmentation of liver structure in CT images. *Medical Physics*, 20(1) :71–78, 1993.

[5] S. Beucher. *Segmentation d'images et morphologie mathématique.* Thèse de Doctorat, Ecole Nationale Supérieure des Mines de Paris, 1990.

[6] S. Beucher. Watershed, hierarchical segmentation and waterfall algorithm. Dans J. Serra et P. Soille, eds, *Mathematical Morphology and its application to Signal and Image Processing ISMM'94*, pages 69–76. Kluwer Acad. Publ., 1994.

[7] D. Bloomberg. Multiresolution morphological approach to document image analysis. Dans *International Conference on Document Analysis and Recognition, Saint-Malo, France*, pages 963–971, 1991.

[8] D. Bloomberg et P. Maragos. Generalized hit-miss operations. Dans *SPIE Conference Image analysis and morphological image processing.*, volume 1350, pages 116–128, July 1990.

[9] D. Bloomberg et L. Vincent. Pattern matching using the blur hit-miss transform. *Journal of Electronic Imaging*, 9(2) :140–150, Avril 2000.

[10] J. Boes, P. Bland, T. Weymouth, L. Quint, F. Bookstein, et C. Meyer. Generating a normalized geometric liver model using warping. *Investigative Radiology*, 29(3) :281–286, 1994.

[11] M. Brummer, R. Mersereau, R. Eisner, et R. Lewine. Automatic detection of brain contours in MRI data sets. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 12(2) :153–166, 1993.

[12] G. Bueno, O. Musse, F. Heitz, et J.P. Armspach. 3d watershed-based segmentation of internal structures within MR brain images. Dans Kenneth M. Hanson, ed, *Medical Imaging 2000 : Image Processing*, volume 3979, pages 284–293. SPIE, 2000.

[13] G. Bueno, O. Musse, F. Heitz, et J.P. Armspach. Three-dimensional segmentation of anatomical structures in MR images on large data bases. *Magnetic Resonance Imaging*, 19 :73–88, 2001.

[14] J. Canny. A computational approach to edge detection. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 8(6) :679–698, 1986.

[15] M. Carreira, D. Cabello, et A. Mosquera. Automatic segmentation of lung fields on chest radiographic images. *Computers and Biomedical Research*, 32 :283–303, 1999.

[16] M. Carreira, D. Cabello, M. Penedo, et J. Pardo. Computer-aided lung nodule detection in chest radiography. Dans R. Chin, H. Naiman, et T.-C. Pong, eds, *Image Analysis Applications and Computer Graphics*, volume 1024 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 331–338. Springer Verlag, 1995.

[17] K.R. Castleman. *Digital Image Processing*. Prentice Hall, 1996.

[18] V. Chalana et Y. Kim. A methodology for evaluation of boundary detection algorithms on medical images. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 16(5) :642–652, 1997.

[19] B. Chaudhuri. An efficient algorithm for running window pel gray level ranking in 2-D images. *Pattern Recognition Letters*, 11(2) :77–80, 1990.

[20] S. Chemouny, H. Joyeux, B. Masson, F. Borne, M. Jaeger, et O. Monga. Advanced 3D image processing techniques for liver and hepatic tumors location and volumetry. Dans *SPIE Conference on Image Processing San Diego California*, volume 3661, pages 761–771, Février 99.

[21] C.-T. Chen, J.-S. Chou, M. Giger, C. Kahn, K. Bae, et W.-C. Lin. Visualization of liver in 3D. Dans *Medical Imaging V : Image Capture, Formatting and Display*, volume 1444, pages 75–77. SPIE Proceedings, 1991.

[22] J.-S. Chou, S.-Y. Chen, G. Sudakoff, K. Hoffmann, Chin-Tu Chen, et A. Dachman. *Image fusion for visualization of hepatic vasculature and tumors*, volume 2434, pages 157–163. SPIE Proceedings, 1995.

[23] L.P. Clarke, R.P. Velthuizen, M.A. Camacho, J.J Heine, M. Vaidyanathan, L.O. Hall, R.W. Thatcher, et M.L. Silbiger. MRI segmentation : methods and applications. *Magnetic Resonance Imaging*, 13(3) :343–368, 1995.

[24] T.F. Cootes, D. Cooper, C.J Taylor, et J. Graham. Active shape models - their training and application. *Computer Vision and Image Understanding*, 61(1) :38–59, 1995.

[25] T.F. Cootes, G.J. Edwards, et C.J Taylor. Active appearance models. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 23(6) :681–685, 2001.

[26] T.F. Cootes et C.J. Taylor. Statistical models of appearance for medical image analysis and computer vision. Dans *Medical Imaging : Image Processing*, pages 236–248. Proceedings SPIE, 2001.

[27] Couinaud. *Le foie, études anatomiques et chirurgicales*. Masson, 1957.

[28] J. Crespo, R. Schafer, J. Serra, C. Gratin, et F. Meyer. The flat zone approach : a general low-level region merging segmentation method. *Signal Processing*, 62 :37–60, 1997.

[29] J. Crespo, J. Serra, et R. Schafer. Theoretical aspects of morphological filters by reconstruction. *Signal Processing*, 47 :201–225, 1995.

[30] D. Crevier et R. Lepage. Knowledge-based image understanding systems : a survey. *Computer Vision and Image Understanding*, 67(2) :161–185, Août 1997.

[31] M. Dai, P. Baylou, L. Humbert, et M. Najim. Image segmentation by a dynamic thresholding using edge detection based on cascaded uniform filters. *Signal Processing*, 52 :49–63, 1996.

[32] H. Delingette. Initialization of deformable models from 3D data. *Proceedings of the Sixth International Conference on Computer Vision (ICCV'98)*, pages 311–316, 1998.

[33] P. Dokladal. *Grey-scale image segmentation : a topological approach.* Thèse de Doctorat, Laboratoire A^2SI, ESIEE, 31 Janvier 2000.

[34] P. Dokladal et G. Bertrand. Adjacency graphs and image segmentation : study of application. Dans *BIOSIGNAL'98*, 1998.

[35] P. Dokladal et G. Bertrand. Application of h-minima to multi-class images using graphs. Dans *2nd IAPR-TC15 Gbr'99*, 1999.

[36] P. Dokladal, C. Lohou, L. Perroton, et G. Bertrand. Liver blood vessels extraction by a 3-D topological approach. Dans *MICCAI'99*, pages 98–105, Septembre 1999.

[37] P. Dokladal, C. Lohou, L. Perroton, et G. Bertrand. A new thinning algorithm and its application to extraction of blood vessels. Dans *BioMedSim'99*, pages 32–37, Avril 1999.

[38] R. Duda, P. Hart, et D.G. Stork. *Pattern classification and Scene Analysis.* Wiley, 2nd edition, 2001.

[39] J. Everhart, T. Cannon, J. Newell, et D. Linch. Image segmentation applied to CT examination of lymphangioleiomyomatosis. Dans M. Loew, ed, *Medical Imaging 1994 : Image Processing*, volume 2167 of *SPIE Proceedings*, pages 87–95, 1994.

[40] N. Ezquerra et R. Mullick. Knowledge-guided segmentation of 3D imagery. *Graphical models and Image Processing*, 58(6) :510–523, 1996.

[41] A. Falcão, J. Stolfi, et R. Lotufo. The image foresting transform : theory, algorithms, and applications. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 26(1) :19–29, Janvier 2004.

[42] J. Fasel, D. Selle, C. Evertsz, F. Terrier, H. Peitgen, et P. Gailloud. Segmental anatomy of the liver : poor correlation with CT. *Radiology*, 206(3) :151–156, 1998.

[43] C. Fetita et F. Prêteux. Three-dimensional reconstruction of human bronchial tree in HRCT. Dans *Proceedings SPIE Conference on Nonlinear Image Processing X, IS&T/SPIE's Electronic Imaging '99, San Jose, CA*, volume 3646, pages 281–295, Janvier 1999.

[44] E. Fishman, B. Kuszyk, D. Heath, et L. Gao. Surgical planning for liver resection. *IEEE Computer, Innovative Technology for Computer Professionals*, 29(1) :64–72, 1996.

[45] N. Friel et I. Molchanov. A new thresholding technique based on random sets. *Pattern Recognition*, 32 :1502–1517, 1999.

[46] L. Gao, D. Heath, B. Kuszyk, et E. Fishman. Automatic liver segmentation technique for 3D visualization of CT data. *Radiology*, 201(2) :359–364, 1996.

[47] C. Gillot. Abdomen. Dans *Encyclopedia Universalis*, volume 1, pages 32–39. Encyclopedia Universalis France S.A., 1996.

[48] C. Glasbey. An analysis of histogram-based thresholding algorithms. *CVGIP : Graphical Models and Image Processing*, 55(6) :532–537, 1993.

[49] G. Glombitza, W. Lamadé, et A. Demiris. Virtual planning of liver resections : image processing, visualization and volumetric. *International Journal of Medical Informatics*, 53 :225–337, 1999.

[50] R. Gonzalez et R. Woods. *Digital Image Processing.* Prentice Hall, 2nd edition, 2002.

[51] J. Goutsias et S. Batman. Morphological methods for biomedical image analysis. Dans J. M. Fitzpatrick et M. Sonka, eds, *Handbook of Medical Imaging*, volume 3. SPIE Optical Engineering Press, 1999.

[52] J. Goutsias et H. Heijmans, eds. *Fundamenta Morphologicae Mathematicae*, volume 41 of *Fundamenta Informaticae*. IOS Press, 2000.

[53] G. Goyault et Schoenahl. Mémoire de MSBM. Rapport interne à l'IRCAD sur la variation des veines et artères de l'abdomen, 2003.

[54] C. Gratin. *De la Représentation des images au traitement morphologique d'images tridimensionnelles*. Thèse de doctorat, Ecole des Mines de Paris, Janvier 1993.

[55] V. Grau, M. Alcaniz, C. Knoll, M. Juan, et C. Monserrat. Multiresolution segmentation of three-dimensional medical images using mathematical morphology techniques. Dans J. Westwood, H. Hoffman, G. , Mogel, R. Robb, et D. Stredney, eds, *Medicine Meets Virtual Reality 2000*, volume 70 of *Studies in Health Technology and Informatics*, pages 110–112. IOS Press, 2000.

[56] V. Grau, U.J. Mewes, M. Alcaniz, R. Kikinis, et S.K. Warfield. Improved watershed transform for medical image segmentation using prior information. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 23(4) :447–458, 2004.

[57] L. Gupta et T. Sortrakul. A Gaussian-mixture-based image segmentation algorithm. *Pattern Recognition*, 31(3) :315–325, 1998.

[58] J.K. Hawkins. Textural properties for pattern recognition. Dans B.C. Lipkin et A. Rosenfeld, eds, *Picture Processing and Psychopictorics*, pages 347–370. Academic Press, New York, 1970.

[59] L. Hayat, M. Fleury, et A. Clark. Candidate functions for a parallel multi-level thresholding technique. *Graphical Models and Image Processing*, 58(4) :360–381, 1996.

[60] D. Heath, P. Soyer, B. Kuszyk, D. Bliss, P. Calboun, D. Bluemke, M. Choti, et E. Fishman. Three-dimensional spiral CT during arterial portography : comparison of three rendering techniques. *Radiographics*, 15(4) :1001–1011, 1995.

[61] H.J.A.M. Heijmans. Morphological filters for dummies. Dans P. Maragos, R.W. Schafer, et M.A. Butt, eds, *International Symposium on Mathematical Morphology ISMM'96*, pages 127–137. Kluwer Acad. Pub., 1996.

[62] K. Hoffmann et S. Kormano. Segmentation and display of hepatic vessels and metastases. *Medical Imaging 1993 : Image Processing*, 1898 :263–270, 1993.

[63] R. Horaud et O. Monga. *Vision par Ordinateur : Outils Fondamentaux*. Editions Hermes, 2nd edition, 1995.

[64] M. Hu. Visual pattern recognition by moment invariants. Dans *IRE Transactions on Information Theory*, volume 8, pages 179–187, 1962.

[65] Y.L. Huang et D.R. Chen. Watershed segmentation for breast tumor in 2d sonography. *Ultrasound in Med. and Biol.*, 30(5) :625–632, 2004.

[66] N. Inaoka, H. Suzuki, et M. Fukuda. Hepatic blood vessel recognition using anatomical knowledge. Dans *Medical Imaging VI : Image Processing*, volume 1652, pages 509–513. SPIE Proceedings, 1992.

[67] B. Johnston, M. Atkins, B. Mackiewich, et M. Anderson. Segmentation of multiple sclerosis lesions in intensity corrected multispectral MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(2) :154–169, Avril 1996.

[68] H. Joyeux, M. Jaeger, D. Briand, V. Servois, B. Masson, P. Borianne, et D. Reffye. Application de l'infographie tridimensionnelle en cancérologie. *Bull. Acad. Natle.*, 180(6) :1455–1466, 1996.

[69] M. Kass, A. Witkin, et D. Terzopoulos. Snakes : Active contour models. *International Journal of Computer Vision*, 1(4) :321–331, 1988.

[70] W. Katz, M. Merickel, R. Cosgrove, N. Kassell, et R. Brookeman. Segmentation of the brain from 3D magnetic resonance images of the head. Dans *3D Advanced Image Processing in Medicine Rennes '92*, pages 213–216, 1992.

[71] Y. Kim et S.C. Horii, eds. *Display and PACS*, volume 3 of *Handbook of Medical Imaging*. SPIE, 2000.

[72] J. Kittler et J. Illingworth. Minimum error thresholding. *Pattern Recognition*, 19(1) :41–47, 1986.

[73] J.C. Klein. *Conception et réalisation d'une unité logique pour l'analyse quantitative d'images.* Thèse de Doctorat, Université de Nancy, 1976.

[74] M. Kobashi et L. Shapiro. Knowledge-based organ identification from CT images. *Pattern Recognition*, 28(4) :475–491, 1995.

[75] K. Krissian, G. Malandain, et N. Ayache. Directional anisotropic diffusion applied to segmentation of vessels in 3D images. Rapport de recherche 3064, INRIA, Décembre 1996.

[76] R. Lapeer, A.C. Tan, et R. Aldridge. Active watersheds : combining 3d watershed segmentation and active contours to extract abdominal organs from MR images. Dans T. Dohi et R. Kikinis, eds, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2002 : 5th International Conference, Tokyo, Japan, September 25-28, 2002*, volume 2488, pages 596–603. Springer, 2002.

[77] R. Lapeer, A.C. Tan, et R. Aldridge. A combined approach to 3d medical image segmentation using marker-based watersheds and active contours : the active watershed method. Dans *Medical Image Understanding, MIUA 2002*, 2002.

[78] C. Lee et S. Wong. A mathematical morphological approach for segmenting heavily noise-corrupted images. *Pattern Recognition*, 29(8) :1347–1358, 1996.

[79] A. Lefèvre. Foie et pancréas : la chimie fine. *Science et Vie*, 187 :96–105, 1994.

[80] C. Li, L. Hall, et D. Goldgof. Knowledge based classification and tissue labeling of magnetic resonance images of human brain. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 12(4) :740–750, 1993.

[81] C. Lohou. *Contribution à l'analyse topologique des images : étude d'algorithmes de squelettisation pour images 2D et 3D, selon une approche topologie digitale ou approche discrète.* Thèse de Doctorat, Université de Marne-la-Vallée, 2001.

[82] R. Lotufo et W. Silva. Minimal set of markers for the watershed transformation. Dans H. Talbot et R. Beare, eds, *Mathematical Morphology and its application to Signal and Image Processing ISMM'02*, pages 359–368. CSIRO publishing, 2002.

[83] J. Madrid et N. Ezquerra. Automatic 3-Dimensional segmentation of MR brain tissue using filters by reconstruction. Dans *Mathematical Morphology and its application to Signal and Image Processing ISMM'96*, 1996.

[84] F. Maes, D. Vandermeulen, P. Suetens, et G. Marchal. Automatic image partitioning for generic object segmentation in medical images. *Information Processing in Medical Imaging*, pages 215–226, 1995.

[85] R. Malladi et J.A. Sethian. Level Set Methods for Curvature Flow, Image Enhancement, and Shape Recovery in Medical Images. Dans *Proc. of Conf. on Visualization and Mathematics*, pages 329–345. Springer-Verlag, 1997.

[86] B. Marcotegui. *Segmentation de séquences d'images en vue du codage.* Thèse de Doctorat, Ecole Nationale Supérieure des Mines de Paris, 1996.

[87] J. Marescaux, L. Soler, D. Mutter, J. Leroy, M. Vix, C. Koehl, et J.-M. Clément. Virtual university applied to telesurgery : from teleeducation to telemanipulation. Dans J. Westwood, H. Hoffman, G. Mogel, R. Robb, et D. Stredney, eds, *Medicine Meets Virtual Reality 2000*, volume 70 of *Studies in Health Technology and Informatics*, pages 195–201. IOS Press, 2000.

[88] S. Matsushita, H. Oyamada, M. Kusakabe, et N. Suzuki. Attempt to extract 3D image of liver automatically out of abdominal MRI. Dans *Medical Imaging 1993 : Image Processing*, volume 1898, pages 803–808. SPIE Proceedings, 1993.

[89] T. McInerney et D. Terzopoulos. Topology adaptive deformable surfaces for medical image volume segmentation. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 18(10) :840–850, Octobre 1999.

[90] A. Mehnert et P. Jackway. An improved seeded region growing algorithm. *Pattern Recognition Letters*, 18 :1065–1071, 1997.

[91] A. Meijster, J.B.T.M. Roerdink, et W.H. Hesselink. A general algorithm for computing distance transforms in linear time. Dans J. Goutsias, L. Vincent, et D.S. Bloomberg, eds, *Mathematical Morphology and its Applications to Image and Signal Processing*, pages 331–340. Kluwer, 2000.

[92] A. Meijster et M. Wilkinson. A comparison of algorithms for connected set openings and closings. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 24(4) :484–494, 2002.

[93] F. Meyer. Un algorithme optimal de ligne de partage des eaux. Dans *8e RFIA Lyon*, pages 847–857, Novembre 1991.

[94] F. Meyer. Minimum spanning forests for morphological segmentation. Dans J. Serra et P. Soille, eds, *Mathematical Morphology and its applications to Image and Signal Processing (ISMM'94)*, pages 77–84. Kluwer Acad. Pub., 1994.

[95] F. Meyer. From connected operators to levelings. Dans H.J.A.M. Heijmans et J.B.T.M. Roerdink, eds, *Mathematical Morphology and its application to Signal and Image Processing*, pages 191–198. Kluwer Acad. Pub., 1998.

[96] F. Meyer. The levelings. Dans H.J.A.M. Heijmans et J.B.T.M. Roerdink, eds, *Mathematical Morphology and its application to Signal and Image Processing*, pages 199–206. Kluwer Acad. Pub., 1998.

[97] F. Meyer. Flooding and segmentation. Dans J. Goutsias, L. Vincent, et D. Bloomberg, eds, *Mathematical Morphology and its applications to Image and Signal Processing ISMM'2000*, pages 189–198. Kluwer Acad. Pub., 2000.

[98] F. Meyer et P. Maragos. Nonlinear scale-space representation with morphological levelings. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 11(3) :245–265, 2000.

[99] F. Meyer et C. Vachier. Image segmentation based on viscous flooding simulation. Dans H. Talbot et R. Beare, eds, *Mathematical Morphology and its application to Signal and Image Processing ISMM'02*, pages 69–77. CSIRO publishing, 2002.

[100] J. Montagnat. *Modèles déformables pour la segmentation et la modélisation d'images médicales 3D et 4D.* Thèse de Doctorat, INRIA Sophia-Antipolis, Décembre 1999.

[101] J. Montagnat et H. Delingette. Volumetric medical images segmentation using shape constrained deformable models. Dans J. Troccaz, E. Grimson, et R. Mösges, eds, *CVRMed-MRCAS*, volume 1205 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 13–22. Springer Verlag, 1997.

[102] K. Mori, J. Hasegawa, J. Toriwaki, H. Anno, et K. Katada. Automated extraction and visualization of bronchus from 3D CT images of lung. Dans *CVRMed 96*, pages 542–548, 1996.

[103] B. Naegel, C. Ronse, et L. Soler. Connected morphological operators for CT-scan images of the abdomen. Dans H.U. Lemke et al., eds, *CARS 2002 (Poster)*, page 1031. Springer-Verlag, 2002.

[104] B. Naegel, C. Ronse, et L. Soler. Segmentation morphologique d'images scanners 3D de l'abdomen. Dans *Conference on Modelling and Simulation for Computer-aided Medicine and Surgery (MS4CMS)*, volume 12, pages 129–133. ESAIM : Proceedings, 2002.

[105] B. Naegel, C. Ronse, et L. Soler. Segmentation automatique de l'entrée de la veine porte dans le foie par application de la transformée en tout-ou-rien en niveaux de gris. Dans *ORASIS 2003*, volume 12, pages 33–37. INRIA, 2003.

[106] B. Naegel, C. Ronse, et L. Soler. Using grey-scale hit-or-miss transform for segmenting the portal network of the liver, 2005. Soumis à International Symposium on Mathematical Morphology (ISMM'05).

[107] H.T. Nguyen, M. Worring, et R. van den Boomgaard. Watersnakes : Energy-driven watershed segmentation. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 25(3) :330–342, Mars 2003.

[108] M. Novotni et R. Klein. A geometric approach to 3d object comparison. Dans *Proc. International Conference on Shape Modeling and Applications (SMI 2001), Genova, Italy*, pages 167–175, 2001.

[109] M. Novotni et R. Klein. 3d Zernike descriptors for content based shape retrieval. Dans *The 8th ACM Symposium on Solid Modeling and Applications*, pages 167–175, 2003.

[110] R. Ohbuchi, T. Minamitani, et T. Takei. Shape similarity search of 3d models by using enhanced shape functions. Dans *Theory and Practice of Computer Graphics 2003*, pages 97–104, 2003.

[111] S. Osher et J.A. Sethian. Fronts propagating with curvature-dependent speed : algorithms based on Hamilton-Jacobi formulations. *Journal of Computational Physics*, 79 :12–49, 1988.

[112] N. Otsu. A threshold selection method from grey-level histograms. *IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics*, 9(1) :62–66, 1979.

[113] N. Pal et D. Bhandari. Image thresholding : some new techniques. *Signal Processing*, 33 :139–158, 1993.

[114] N. Pal et S. Pal. Poisson distribution and object extraction. *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 5(3) :459–483, 1991.

[115] N. Pal et S. Pal. A review on image segmentation techniques. *Pattern Recognition*, 26(9) :1277–1294, 1993.

[116] L. Papier. *Polyédrisation et visualisation d'objets discrets tridimensionnels.* Thèse de Doctorat, Université Louis Pasteur, Strasbourg, 2000.

[117] N. Passat, C. Ronse, J. Baruthio, C. Armspach, J.P.and Maillot, et C. Jahn. Atlas-based method for segmentation of cerebral vascular trees from phase-contrast magnetic resonance angiography. Dans J.M. Fitzpatrick et M. Sonka, eds, *Medical Imaging : Image Processing 2004*, volume 5370, pages 420–431. SPIE, 2004.

[118] N. Passat, C. Ronse, J. Baruthio, J.P. Armspach, et J. Foucher. Using watershed and multimodal data for vessel segmentation : application to the superior sagittal sinus., 2005. Soumis à International Symposium on Mathematical Morphology (ISMM'05).

[119] M. Peura et J. Iivarinen. Efficiency of simple shape descriptors. Dans *Aspects of Visual Form*, pages 443–451. World Scientific, 1997.

[120] D. L. Pham, C. Xu, et J. L. Prince. A survey of current methods in medical image segmentation. Technical report jhu/ece 99-01, John Hopkins University Baltimore, 1998.

[121] C. Pisupati, L. Wolff, E. Zerhouni, et W. Mitzner. Segmentation of 3D Pulmonary trees using mathematical morphology. Dans P. Maragos, R.W. Schafer, et M.A. Butt, eds, *Mathematical Morphology and its application to Signal and Image Processing ISMM'96*, pages 409 – 416. Kluwer Acad. Pub., 1996.

[122] W. Pratt. *Digital Image Processing.* John Wiley, 3rd edition, 2001.

[123] F Prêteux, C. Fetita, P. Grenier, et A. Capderou. Modeling, segmentation and caliber estimation of bronchi in high-resolution computerized tomography. *Journal of Electronic Imaging*, 8(1) :36–45, Janvier 1999.

[124] F. Prêteux, P. Grenier, et P. Vanier. Advances in automated lungs segmentation in CT studies. Dans M. Loew, ed, *Medical Imaging 1993 : Image Processing*, volume 1898 of *SPIE Proceedings*, pages 330–341, 1993.

[125] P. Raghu et B. Yegnanarayana. Segmentation of Gabor-Filtered Textures using Deterministic Relaxation. *IEEE Trans. on Image Processing*, 5(12) :1625–1636, 1996.

[126] S. Raya et J. Udupa. Shape-based interpolation of multidimensional objects. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 9(1) :32–42, 1990.

[127] C. Ronse. Extraction of narrow peaks and ridges in images by combination of local low rank and max filters : implementation and applications to clinical angiography. Working document, Philips Research Laboratory Brussels, Octobre 1988.

[128] C. Ronse. A lattice-theoretical morphological view on template extraction in images. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 7(3) :273–295, 1996.

[129] C. Ronse. Removing and extracting features in images using mathematical morphology. *CWI Quarterly*, 11(4) :439–457, 1998.

[130] P. L. Rosin. Measuring shape : Ellipticity, rectangularity, and triangularity. Dans *15th International Conference on Pattern Recognition, Barcelona, Spain*, volume 1, pages 952–955, 2000.

[131] J.C. Russ. *The Image Processing Handbook.* CRC Press, Inc. and IEEE Press, 3rd edition, 1999.

[132] W. Ryan, J. Reed, S. Swensen, et P. Sheedy. Automatic detection of pulmonary nodules in CT. *Computer Assisted Radiology*, pages 385–389, 1996.

[133] S. Sahasrabudhe et K. Das Gupta. A valley-seeking threshold selection technique. *Computer Vision and Image Processing*, pages 55–65, 1992.

[134] P. Salembier, P. Brigger, J. Casas, et M. Pardas. Morphological operators for image and video compression. *IEEE Trans. on Image Processing*, 5(6) :881–898, Juin 1996.

[135] P. Salembier et L. Garrido. Binary partition tree as an efficient representation for image processing, segmentation and information retrieval. *IEEE Transactions on Image Processing*, 9(4) :561–576, Avril 2000.

[136] P. Salembier, L. Garrido, et D. Garcia. Auto-dual connected operators based on iterative merging algorithms. Dans H.J.A.M. Heijmans et J.B.T.M. Roerdink, eds, *Mathematical Morphology and its application to Signal and Image Processing (ISMM'98)*, pages 191–198. Kluwer Acad. Pub., 1998.

[137] P. Salembier et A. Oliveras. Practical extensions of connected operators. Dans R.W. Maragos, P.and Schafer et M.A Butt, eds, *International Symposium on Mathematical Morphology (ISMM'96)*, pages 97–110.

[138] P. Salembier, A. Oliveras, et L. Garrido. Anti-extensive connected operators for image and sequence processing. *IEEE Trans. on Image Processing*, 7(4) :555–570, Avril 1998.

[139] P. Salembier et J. Ruiz. On filters by reconstruction for size and motion simplification. Dans H. Talbot et R. Beare, eds, *Mathematical Morphology and its applications to Image and Signal Processing ISMM'2002*, pages 425–434. CSIRO Publishing, 2002.

[140] P. Salembier et J. Serra. Flat zones filtering, connected operators, and filters by reconstruction. *IEEE Transactions on Image Processing*, 3(8) :1153–1160, Août 1995.

[141] A. Sanderson, E. Cohen, T. Henderson, et D. Parker. Vascular models : from raw data to geometric models. Dans *AAAI'94 Applications of Computer Vision in Medical Image Processing.*, Spring Symposium Series, pages 141–144, 1994.

[142] A. Sanderson, D. Parker, et T. Henderson. Simultaneous segmentation of MR and X-ray Angiograms for Visualization of Cerebral Vascular Anatomy. Dans *International Conference on Volume Image Processing*, pages 11–14, 1993.

[143] P. Schroeter. *Unsupervised 2D and 3D Image Segmentation.* Thèse de Doctorat, Ecole Polytechnique Fédérale de Lausanne, 1996.

[144] T. Sebastian, H. Tek, J. Crisco, W. Wolfe, et B. Kimia. Segmentation of carpal bones from 3D CT images using skeletally coupled deformable models. Dans *MICCAI 98*, pages 1184–1194, 1998.

[145] D. Selle, B. Preim, A. Schenk, et H.-O. Peitgen. Analysis of vasculature for liver surgery plannning. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 21(11) :1344–1357, 2002.

[146] D. Selle, T. Schindewolf, C. Evertsz, et H. Peitgen. Quantitative analysis of CT liver images. Dans *Proceedings of the First International Workshop on Computer-Aided Diagnosis*, pages 435–444. Elsevier, 1998.

[147] D. Selle, W. Spindler, B. Preim, et H.-O. Peitgen. *Mathematical Methods in Medical Image Processing : Analysis of vascular structures for Preoperative Planning in Liver Surgery*, pages 1039–1059. Springer, 2000.

[148] J. Serra. Viscous lattices. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 2005 (à paraître).

[149] J. Serra et P. Salembier. Connected operators and pyramids. Dans *Proc. of SPIE Image algebra and mathematical morphology*, volume 2030, pages 65–76, 1993.

[150] J. Sijbers, P. Scheunders, M. Verhoye, A. Van der Linden, D. Dyck, et E. Raman. Watershed-based segmentation of 3d MR data for volume quantization. *Magnetic Resonance Imaging*, 15(6) :679–688, 1997.

[151] G. Sivewright et P. Elliott. Interactive region and volume growing for segmenting volumes in MR and CT images. *Med .Inform.*, 19(1) :71–80, 1994.

[152] P. Soille. Advances in the analysis of topographic features on discrete images. Dans *DGCI*, volume 2301 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 175–186. Springer, Mars 2002.

[153] P. Soille. On morphological operators based on rank filters. *Pattern Recognition*, 35 :527–535, 2002.

[154] P. Soille. *Morphological Image Analysis : Principles and Applications.* Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 2nd edition, 2003.

[155] L. Soler. *Une nouvelle méthode de segmentation des structures anatomiques et pathologiques : application aux angioscanners 3D du foie pour la planification chirurgicale.* Thèse de Doctorat, Université d'Orsay, 1999.

[156] L. Soler, G. Malandain, et H. Delingette. Segmentation automatique : application aux angioscanners 3D du foie. *Traitement du signal*, 15(5) :411–431, 1998.

[157] M. Sonka et M. Fitzpatrick, eds. *Medical Image Processing and Analysis*, volume 2 of *Handbook of Medical Imaging.* SPIE, 2000.

[158] M. Sonka, W. Park, et E. Hoffman. Rule-based detection of intrathoracic airway trees. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 15(3) :314–326, Juin 1996.

[159] M. Sonka, G. Sundaramoorthy, et E. Hoffman. Knowledge-based segmentation of intrathoracic airways from multidimensional high resolution ct images. Dans E. Hoffman et R. Acharya, eds, *Medical Imaging 1994 : Physiology and Function from Multidimensional Images*, volume 2168, pages 73–85. SPIE Proceedings, 1994.

[160] M. Straka, A. La Cruz, A. Köchl, M. Sramek, E. Gröller, et D. Fleischmann. 3D watershed transform combined with a probabilistic atlas for medical image segmentation. Dans *MIT 2003 Conference Proceedings, Szczyrk, Poland*, 2003.

[161] K. Subramanyan, D. Smith, J. Varma, et S. Chandra. Automatic vessel extraction and abdominal aortic stent planning in Multi-Slice CT. Dans M. Sonka et J.M. Fitzpatrick, eds, *Medical Imaging 2002 : Image Processing.* SPIE Proceedings, 2002.

[162] M. Teague. Image analysis via the general theory of moments. *Journal of the Optical Society of America*, 70(8) :920–930, Août 1980.

[163] H. Tek et B. Kimia. Volumetric segmentation of medical images by three-dimensional bubbles. *Computer Vision and Image Understanding*, 61(2) :190–202, 1997.

[164] D. Terzopoulos, A. Witkin, et M. Kass. Constraints on deformable models : recovering 3D shape and non-rigid motion. *Artificial Intelligence*, 36(1) :91–123, 1988.

[165] C. Tsai, B. S. Manjunath, et R. Jagadeesan. Automated segmentation of brain MR images. *Pattern Recognition*, 28(12) :1825–1837, 1995.

[166] M. Tuceryan et K. Jain. Texture analysis. Dans C.H Chen, L.F. Pau, et P.S.P. Wang, eds, *Handbook of Pattern Recognition and Computer Vision*, pages 207–248. World Scientific Publishing Co., 1998.

[167] M. Uchida, M. Ishibashi, T. Abe, H. Nishimura, et N. Hayabuchi. Three-dimensional imaging of liver tumors using helical CT during intravenous injection of contrast medium. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 23(3) :435–440, 1999.

[168] C. Vachier. Utilisation d'un critère volumique pour le filtrage d'image. Dans *RFIA'98*, pages 307–315, 1998.

[169] C. Vachier. Morphological Scale-Space Analysis and Feature Extraction. Dans *Proc. of International Conference of Image Processing (ICIP)*, Octobre 2001.

[170] C. Vachier et F. Meyer. Viscous watersheds, 2005. A paraître dans Journal of Mathematical Imaging and Vision.

[171] C. Vachier et L. Vincent. Valuation of image extrema using alternating filters by reconstruction. Dans *Proceedings SPIE Image Algebra and Morphological Processing.*, July 1995.

[172] M. Van Droogenbroeck. On the implementation of morphological operations. Dans P. Serra, J.and Soille, ed, *Mathematical Morphology and its applications to Image and Signal Processing ISMM'94*, pages 241–248. Kluwer Academic Publishers, 1994.

[173] M. Van Droogenbroeck et H. Talbot. Fast computation of morphological operations with arbitrary structuring elements. *Pattern Recognition Letters*, 17(14) :1451–1460, 1996.

[174] R.C. Veltkamp. Shape matching : Similarity measure and algorithms. Dans *Proceedings Shape Modelling International*, pages 188–197. IEEE Press, 2001.

[175] L. Vincent. *Algorithmes morphologiques à base de files d'attente et de lacets. Extension aux graphes.* Thèse de Doctorat, Ecole Nationale Supérieure des Mines de Paris, 14 Mai 1990.

[176] L. Vincent. Morphological Area Openings and Closings for Grey-Scale Images. Dans O Y.L.et als, ed, *Shape in Picture : Nato Workshop*, pages 197–208. Springer, Septembre 1992.

[177] L. Vincent. Grayscale area openings and closings, their efficient implementations and applications. Dans *Proc EURASIP Workshop on Mathematical Morphology and its Applications to Signal Processing*, pages 22–27, Mai 1993.

[178] L. Vincent. Morphological grayscale reconstruction in image analysis : applications and efficient algorithms. *IEEE Trans. on Image Processing*, 2(2) :176–201, Avril 1993.

[179] L. Vincent. Granulometries and opening trees. Dans *Fundamenta Informaticae*, volume 41, pages 57–90. IOS Press, 2000.

[180] L. Vincent et P. Soille. Watersheds in digital spaces : an efficient algorithm based on immersion simulations. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(6) :583–598, Juin 1991.

[181] J. Vittone. *Caractérisation et reconnaissance de droites et de plans en Géométrie discrète.* Thèse de Doctorat, Université Joseph Fourier , Grenoble, 1999.

[182] Z. Wang, A. Guerriero, et M. De Sario. Comparison of several approaches for the segmentation of texture images. *Pattern Recognition Letters*, 17(5) :509–521, 1996.

[183] J. Weickert. A review of nonlinear diffusion filtering. Dans B. ter Haar Romeny, L. Florack, J. Koenderink, et M. Viergever, eds, *Scale-Space Theory in Computer Vision, Lecture Notes in Comp. Science*, volume 1252, pages 3–28. Springer, Berlin, 1997.

[184] W. Wells, W. Grimson, W. Kikinis, et F. Jolesz. Adaptative segmentation of MRI data. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 15(4) :429–442, 1995.

[185] C. Westin, S. Warfield, A. Bhalerao, L. Mui, J. Richolt, et R. Kikinis. Tensor controlled local structure enhancement of CT images for bone segmentation. Dans *MICCAI'98*, volume 1496 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 1205–1212. Springer Verlag, 1998.

[186] J. Weszka. A survey of threshold selection techniques. *Computer Graphics and Image Processing*, 7(2) :259–265, 1978.

[187] A. Worth, N. Makris, J. Meyer, V. Caviness, et D. Kennedy. Automated segmentation of brain exterior in MR images driven by empirical procedures and anatomical knowledge. Dans *IPMI*, volume 1230 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 99–112. Springer, 1997.

[188] P. Yin. A fast scheme for optimal thresholding using genetic algorithms. *Signal Processing*, 72 :85–95, 1999.

[189] H. Yoshida et J. Näppi. Three-Dimensional computer-aided diagnosis scheme for detection of colonic polyps. *IEEE Trans. On Medical Imaging*, 20(12) :1261–1274, Décembre 2001.

[190] C. Zahlten, H. Jürgens, C. Evertsz, R. Leppek, H. Peitgen, et K. Klose. Portal vein reconstruction based on topology. *European Journal of Radiology*, 19(2) :96–100, 1995.

[191] C. Zahlten, H. Jürgens, et H. Peitgen. Reconstruction of branching blood vessels from CT-data. Dans R. Scateni, J. van Wijk, et P. Zanarini, eds, *Workshop of Visualization in Scientific Computing*, pages 41–52. Springer-Verlag, 1995.

[192] F. Zanoguera, B. Marcotegui, et F. Meyer. A toolbox for interactive segmentation based on nested partitions. Dans *ICIP-99*, pages 21–25, 1999.

[193] D. Zhang et G. Lu. Review of shape representation and description techniques. *Pattern Recognition*, 37 :1–19, 2004.

[194] Y. Zhang. Evaluation and comparison of different segmentation algorithms. *Pattern Recognition Letters*, 18(10) :963–974, 1997.

[195] S.C. Zhu et A. Yuille. Region competition : unifying snakes, region growing, and bayes/mdl for multi-band image segmentation. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 18(9) :884–900, 1996.

[196] X. Zhuang, Y. Huang, K. Palaniappan, et Y. Zhao. Gaussian mixture density modeling, decomposition, and applications. *IEEE Trans. on Image Processing*, 5(9) :1293–1302, 1996.

[197] A. Zijdenbos et B. Dawant. Brain segmentation and white matter lesion detection in MR images. *Critical Reviews in Biomedical Engineering*, 22(5-6) :401–465, 1994.

[198] A. Zijdenbos, B. Dawant, R. Margolin, et A. Palmer. Morphometric analysis of white matter lesions in MR images : method and validation. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 13(4) :716–724, 1994.