

Numéro d'ordre :

THÈSE

présentée à

l'Université Strasbourg I – Louis Pasteur – École doctorale MSII  
Laboratoire des Sciences de l'Image, de l'Informatique et de la Télédétection  
UMR 7005 CNRS/ULP

par

**M. Julien LAMY**

pour obtenir le grade de

DOCTEUR DE L'UNIVERSITÉ LOUIS PASTEUR  
DISCIPLINE : INFORMATIQUE

---

**CALCUL DU CHEMIN CENTRAL DU CÔLON  
POUR UNE ANALYSE LOCALE DES PATHOLOGIES**

---

soutenue publiquement le 18 novembre 2005  
devant le jury composé de :

M. Michel COUPRIE, rapporteur externe  
M. Olivier MONGA, rapporteur externe  
M. Christian RONSE, directeur de thèse  
M. Pascal SCHRECK, rapporteur interne  
M. Luc SOLER, examinateur



## Remerciements

**J**E TIENS À REMERCIER Christian Ronse, mon directeur de thèse, et Luc Soler, mon co-encadrant, pour leur encadrement, leurs suggestions et leur disponibilité. Merci également à mes rapporteurs, Michel Couprie, Olivier Monga et Pascal Schreck, d'avoir accepté de relire et de juger ce travail de thèse. Merci à Jacques Marescaux, président de l'Ircad, pour m'avoir accueilli pendant ces quatre années.

**U**NE THÈSE ne se faisant pas dans la solitude, je remercie également mes collègues de travail pour l'ambiance qui règne au sein de l'équipe Virtuals. Merci à JB et Vince pour ITK++ et à Stéphane pour la relecture d'articles. À ceux dont la thèse est en cours, bon courage pour la suite !

**M**ERCI AUSSI à tout ceux qui m'ont écouté et soutenu au cours de ces quatre ans, y compris en dehors du travail. Dans le désordre le plus total, je tiens donc à remercier Laura, Mathieu, Anaïs, Kath, Guillaume, Ghis, Valérie, Nico, mes parents, Alex, Sylvain, Céline, Anne-Blandine, Fabien, JP, Johan, Marie-Claire, Arnaud, Yvan, Jean. Cette thèse n'aurait pas été la même sans vous.



# Table des matières

<b>Introduction</b>	<b>1</b>
<b>1 Traitement d'images médicales</b>	<b>5</b>
1.1 Acquisition . . . . .	5
1.1.1 Rayons X . . . . .	5
1.1.2 Résonance magnétique nucléaire . . . . .	7
1.1.3 Imagerie nucléaire . . . . .	9
1.1.4 Échographie . . . . .	10
1.2 Restauration et amélioration . . . . .	10
1.2.1 Traitement du signal . . . . .	11
1.2.2 Diffusion . . . . .	12
1.2.3 Espace d'échelle . . . . .	14
1.2.4 Morphologie mathématique . . . . .	15
1.3 Segmentation : étiquetage de l'image . . . . .	17
1.3.1 Seuillage . . . . .	17
1.3.2 Segmentation à base de régions . . . . .	18
1.3.3 Segmentation à base de contours . . . . .	19
1.3.4 Classification . . . . .	21
1.3.5 Ligne de partage des eaux . . . . .	22
1.3.6 Modèles déformables . . . . .	23
1.4 Conclusion . . . . .	25
<b>2 Anatomie, pathologies et imagerie du côlon</b>	<b>27</b>
2.1 Anatomie du côlon . . . . .	27
2.2 Pathologies du côlon . . . . .	29
2.3 Imagerie du côlon . . . . .	31
2.4 Conclusion . . . . .	32
<b>3 Segmentation de la lumière du côlon</b>	<b>33</b>
3.1 Travaux existants . . . . .	33
3.2 Segmentation par seuillage global . . . . .	35
3.2.1 Cas des images IRM . . . . .	35

---

3.2.2	Cas des images TDM . . . . .	38
3.2.3	Résultats . . . . .	39
3.3	Segmentation par propagation . . . . .	39
3.3.1	Choix du critère . . . . .	39
3.3.2	Placement des graines . . . . .	43
3.3.3	Résultats sur les images TDM . . . . .	43
3.3.4	Résultats sur les images IRM . . . . .	43
3.4	Segmentation par lignes de niveau . . . . .	44
3.5	Conclusion . . . . .	44
<b>4</b>	<b>Éléments de topologie discrète</b> . . . . .	<b>45</b>
4.1	Voisinage et connexité . . . . .	46
4.2	Formalisation en $n$ dimensions . . . . .	47
4.2.1	Cellules et décomposition cellulaire . . . . .	48
4.2.2	Choix des couples de connexité en $n$ dimensions . . . . .	48
4.3	Chemins et composantes connexes . . . . .	51
4.4	Cavité, trou et nombre de connexité . . . . .	51
4.4.1	Cavité, trou et tunnel . . . . .	51
4.4.2	Nombre de connexité et genre . . . . .	52
4.5	Simplification de la géométrie . . . . .	54
4.5.1	Simplicité . . . . .	54
4.6	Squelettisation . . . . .	59
4.6.1	Point terminal . . . . .	59
4.6.2	Algorithmes de squelettisation . . . . .	60
4.7	Simplification du squelette . . . . .	62
4.7.1	Branches indésirables . . . . .	63
4.7.2	Correction de la topologie . . . . .	64
<b>5</b>	<b>Calcul du chemin central du côlon</b> . . . . .	<b>67</b>
5.1	Travaux existants . . . . .	67
5.1.1	Carte des distances . . . . .	67
5.1.2	Amincissement . . . . .	68
5.2	Pré-traitement : suppression des cavités . . . . .	68
5.3	Algorithme de squelettisation . . . . .	69
5.3.1	Simplicité . . . . .	69
5.3.2	Centrage . . . . .	69
5.3.3	Choix de la connexité . . . . .	70
5.3.4	Efficacité . . . . .	71
5.4	Suppression des branches indésirables . . . . .	72
5.5	Suppression des cycles . . . . .	73
5.5.1	Cas des boucles . . . . .	74

5.5.2	Cas des chemins de mêmes extrémités . . . . .	74
5.5.3	Algorithmes topologiques . . . . .	74
5.5.4	Algorithmes topologiques et géométriques . . . . .	76
5.5.5	Approche multi-échelle . . . . .	77
5.6	Conclusion . . . . .	81
<b>6</b>	<b>Sections orthogonales</b>	<b>83</b>
6.1	Expression continue du chemin central . . . . .	84
6.1.1	Courbes paramétrées . . . . .	84
6.1.2	Courbes B-spline . . . . .	85
6.1.3	Approximation d'un ensemble de points . . . . .	86
6.1.4	Paramètres utilisés . . . . .	88
6.2	Calcul d'une section . . . . .	88
6.2.1	Cas du débordement . . . . .	90
6.3	Recouvrement du côlon par des sections . . . . .	91
6.3.1	Problème de la vitesse . . . . .	91
6.3.2	Notion de placement . . . . .	91
6.3.3	Algorithme de recouvrement . . . . .	92
6.3.4	Résultats . . . . .	94
6.4	Conclusion . . . . .	94
<b>7</b>	<b>Détection de pathologies</b>	<b>95</b>
7.1	Détection de polypes . . . . .	96
7.1.1	Caractérisation par <i>top-hat</i> . . . . .	96
7.1.2	Caractérisation par demi-boules . . . . .	97
7.2	Détection de tumeurs . . . . .	99
7.2.1	Évolution de l'épaisseur du côlon . . . . .	100
7.2.2	Parcours du bord d'une section . . . . .	100
7.2.3	Moments d'ordre 2 . . . . .	101
7.3	Conclusion . . . . .	101
	<b>Conclusion</b>	<b>103</b>



## Table des figures

1.1	Changement de topologie d'un front . . . . .	25
2.1	Anatomie du gros intestin . . . . .	27
2.2	Coupe histologique de la paroi du côlon . . . . .	28
2.3	Carcinome ulcéro-bourgeonnant, en forme de quartier d'orange	30
2.4	Carcinome circonférentiel . . . . .	30
3.1	Histogramme typique d'une image IRM . . . . .	36
3.2	Segmentation du côlon sur une image IRM par seuillage global	37
3.3	Histogramme typique d'une image TDM . . . . .	38
3.4	Zone d'acquisition dans une image TDM . . . . .	42
4.1	Grille hexagonale : un seul type de voisin . . . . .	45
4.2	Adjacence dans une grille carrée . . . . .	46
4.3	Théorème de Jordan dans un espace discret 2D . . . . .	47
4.4	Adjacence dans une grille cubique . . . . .	47
4.5	Exemples d'objets troués . . . . .	52
4.6	Suppression d'un tunnel et création d'un autre . . . . .	54
4.7	Jonctions entre courbes et surfaces . . . . .	57
4.8	Instabilité de la squelettisation . . . . .	62
4.9	Un objet 3D et son squelette . . . . .	63
4.10	Un objet 3D et son enveloppe topologique décalée . . . . .	65
5.1	Figure touchant le bord . . . . .	69
5.2	Centrage du squelette en fonction du balayage utilisé . . . . .	70
5.3	Squelettes selon les couples de connexités . . . . .	70
5.4	Jonction de trois courbes détectée comme une surface . . . . .	71
5.5	Squelette avant et après suppression des branches indésirables	73
5.6	Cycle dans le côlon, avant l'effet de volume partiel et après . .	73
5.7	Chemins de mêmes extrémités . . . . .	74
5.8	Étapes de l'appariement des sommets . . . . .	78
5.9	Arête à apparier à un chemin . . . . .	79
5.10	Résultat de l'algorithme de suivi dans un cas simple . . . . .	81

---

5.11	Résultat de l'algorithme de suivi dans un cas complexe . . . . .	82
6.1	Approximation du chemin central par une B-spline . . . . .	88
6.2	Section orthogonale du côlon . . . . .	90
6.3	Débordement d'une section orthogonale . . . . .	90
6.4	Résolution d'un débordement . . . . .	91
6.5	Section placée trop loin . . . . .	92
7.1	Polype près d'un pli, et fermeture . . . . .	98
7.2	Polype sur un pli, et fermeture . . . . .	98
7.3	Demi-boule pointant vers l'intérieur . . . . .	98
7.4	Intersection entre une demi-boule et une structure plus grande	99
7.5	Intersection entre une demi-boule et une structure plus petite	99

## Liste des tableaux

1.1 Valeurs en unités Hounsfield de tissus humains . . . . .	8
2.1 Fréquence de cancérisation des polypes . . . . .	30
3.1 Variabilité des images TDM non filtrées . . . . .	41
3.2 Variabilité des images TDM filtrées . . . . .	41
3.3 Variabilité des images IRM non filtrées . . . . .	42
3.4 Variabilité des images IRM filtrées . . . . .	42
4.1 $k$ -cellules de $\mathbb{R}^2$ et de $\mathbb{R}^3$ . . . . .	49
4.2 Étoiles ouvertes des cellules de $\mathbb{R}^2$ . . . . .	50
4.3 Équivalences entre les connexités . . . . .	50
4.4 Caractérisation topologique d'un point . . . . .	57



## Liste des algorithmes

5.1	Création d'une arête du graphe . . . . .	75
6.1	Calcul d'une section orthogonale . . . . .	89
6.2	Algorithme de recouvrement par un ensemble de sections . . .	93



# Introduction

**L**E CANCER du côlon est un des cancers les plus fréquents [1, 32, 81], ainsi qu'un des plus mortels. Son traitement, par suppression totale ou partielle du côlon, est lourd, et le taux de mortalité à 5 ans est de 40 % [71] : un dépistage précoce de ce type de cancer est donc primordial.

Ce dépistage précoce est principalement réalisé par une détection de polypes, des tumeurs bénignes pouvant indiquer un état pré-cancéreux. La procédure de diagnostic standard pour cette détection est la coloscopie optique : un appareil endoscopique muni d'une caméra est inséré dans le côlon, et la paroi de celui-ci est inspectée par un gastro-entérologue. L'endoscope est également muni d'un appareil permettant de réaliser une biopsie des tumeurs observées, afin d'en réaliser une étude histo-pathologique permettant de déterminer la présence ou l'absence d'un cancer. D'autres méthodes de dépistage existent, comme le lavement radio-opaque ou la recherche de sang occulte dans les selles, mais ils devront, en cas de résultat positif, être suivis d'une coloscopie afin de réaliser l'excision des tumeurs détectées.

La coloscopie n'est cependant pas exempte de défauts : outre les risques de perforation ou d'hémorragie importante, évalués respectivement à 0,1% et 0,3% [1], l'examen peut être incomplet, en raison d'une tumeur ou d'une mauvaise préparation du patient. Dans 35% des cas, un des segments du côlon n'est pas visualisé correctement [1], et les tumeurs présentes sous les haustrations<sup>1</sup> ne peuvent pas être visualisées.

L'utilisation de techniques d'imagerie médicale telles que l'imagerie par résonance magnétique (IRM) ou la tomodensitométrie (TDM) permet de résoudre ce problème : l'obstruction du côlon par une tumeur n'empêche plus l'examen des segments suivants. L'image tri-dimensionnelle obtenue permet alors au gastro-entérologue d'observer à sa guise la paroi du côlon, y compris en dessous des haustrations, ce qui facilite le diagnostic.

L'interprétation de ces images n'est cependant pas une chose aisée, en raison à la fois du compromis entre la résolution de l'image et le temps nécessaire à l'examen, et du caractère tortueux du côlon. L'augmentation constante de la

---

1. Plis de la paroi du côlon.

résolution des imageurs s'accompagne d'une augmentation du volume de données à traiter, certaines images de notre base de test disposant de plus de 600 coupes. La visualisation coupe par coupe est donc un travail long et fastidieux. Aucune information tri-dimensionnelle n'est de plus disponible dans ce mode de visualisation ce qui, en raison des nombreux changements de direction du côlon, complique à l'extrême le suivi coupe par coupe du côlon. Bien que des programmes présents sur les consoles d'acquisition permettent de réaliser une navigation, ils se basent sur des points de contrôle positionnés à la main par le médecin, et naviguent en ligne droite entre ces points. Cette navigation par le plus court chemin cause le plus souvent des sorties de la lumière<sup>2</sup>, et donc l'impossibilité d'inspecter certains segments du côlon.

Il est donc nécessaire d'automatiser cette procédure de navigation, afin de pouvoir suivre facilement un chemin centré et anatomiquement correct. Ce système peut de plus être couplé à une détection automatique de pathologies, afin de faciliter encore plus le diagnostic. Trois informations sont alors nécessaires :

- Une segmentation de la paroi du côlon, utilisée dans les deux étapes suivantes.
- Le calcul du chemin central de la lumière du côlon : ce chemin permet non seulement la navigation, mais aussi la localisation des pathologies pour une coloscopie réalisée suite à une détection positive de pathologies.
- Une détection automatique de pathologies : en réalisant de façon automatique un marquage préalable des zones susceptibles d'être pathologiques, le gastro-entérologue voit son travail de diagnostic simplifié.

## Contributions

**N**OS CONTRIBUTIONS portent sur les trois points évoqués ci-dessus. Concernant la segmentation, nous présentons différentes méthodes de segmentation de la lumière à la fois à partir d'images TDM et IRM, basées sur des critères photométriques. L'approche photométrique a été choisie en fonction du contraste des images dont nous disposons. Cette segmentation de la lumière est, sur nos images, équivalente à la segmentation de la paroi. En effet l'épaisseur de celle-ci est trop faible par rapport à la résolution des appareils d'acquisition et aucune information sur son anatomie n'est disponible. La forme de la paroi est donc déduite de la lumière. Nous comparons ensuite les différentes méthodes présentées pour en déduire la plus adaptée en fonction du mécanisme d'acquisition.

---

2. Cavité d'un organe tubulaire.

Nous présentons ensuite une méthode de calcul du chemin central, basé sur la lumière segmentée précédemment. Après avoir réalisé un amincissement homotopique de la lumière, nous définissons un critère de terminalité, permettant de retirer l'ensemble des branches surnuméraires du résultat de l'amincissement, nommé squelette. Ce squelette élagué pouvant encore contenir des boucles, qui n'ont aucune contrepartie anatomique, nous donnons un algorithme de suppression de boucles, basé sur un suivi du squelette dans un espace d'échelle.

L'utilité de ce chemin central est double : il permet non seulement une navigation automatique au sein de la lumière, mais aussi de construire des méthodes locales de détection de pathologies. Pour cela, nous proposons un algorithme de recouvrement du côlon par des sections orthogonales au chemin central de celui-ci. Une fois ce recouvrement calculé, nous proposons plusieurs méthodes de détection de polypes et de cancers basées sur ces sections orthogonales.

## Plan du mémoire

**A** PRÈS AVOIR PASSÉ en revue des différentes techniques utilisées en traitement d'images médicales, depuis l'acquisition jusqu'à la segmentation, au chapitre 1, nous présentons l'anatomie, la physiologie, les pathologies et l'imagerie du côlon au chapitre 2. Nous détaillons ensuite les différentes méthodes de segmentation de la lumière sur les deux types d'acquisition (TDM et IRM), puis nous les comparons, au chapitre 3.

Nous abordons ensuite la partie concernant le calcul du chemin central. Nous décrivons dans un premier temps les éléments de topologie discrète nécessaires à ce calcul dans le chapitre 4. Nous décrivons ensuite, dans le chapitre 5, les différentes étapes de notre méthode d'amincissement, c'est-à-dire la squelettisation de la lumière segmentée, l'élagage du squelette et la suppression de boucles.

Le chapitre 6 présente notre méthode de recouvrement du volume de la lumière du côlon par un ensemble de sections orthogonales au chemin central. Ces sections sont ensuite utilisées dans le chapitre 7, dans lequel nous proposons différentes méthodes de détection de cancers et de polypes.

Nous concluons ce mémoire par un résumé des différentes contributions et des résultats obtenus dans le domaine du traitement d'images médicales : segmentation, calcul du chemin central et détection de pathologies.



## Chapitre 1

# Traitement d'images médicales

**L**ES IMAGES médicales sont de plus en plus précises en raison de l'amélioration constante de la résolution des imageurs. Cette augmentation de la précision s'accompagne de l'augmentation du volume de données, donc du temps nécessaire pour établir un diagnostic. Le traitement d'images médicales permet de simplifier cette procédure de diagnostic, en formalisant par des algorithmes les descriptions médicales des organes et des pathologies.

Ce chapitre présente les trois grandes étapes du traitement d'images médicales : l'acquisition d'une image représentant l'anatomie et les éventuelles pathologies d'un patient, le nettoyage de ces images afin de supprimer le bruit et de réhausser le contraste des structures et enfin la segmentation, visant à donner à chaque structure anatomique et pathologique une étiquette distincte.

### 1.1 Acquisition

Nous présentons ici différentes modalités d'acquisition d'images médicales, en nous concentrant sur les modalités utilisées en routine clinique. Nous abordons dans un premier temps deux modalités basées sur les rayons X : la radiographie et le CT-Scan. Nous traitons ensuite l'IRM, l'imagerie nucléaire et l'échographie.

#### 1.1.1 Rayons X

Découverts en 1895 par Roentgen, les rayons X sont un rayonnement électromagnétique à haute énergie, la longueur d'onde des photons X étant comprise entre 100 pm et 10 nm. Les images sont formées grâce à l'absorption des rayons X par la matière, le taux d'absorption étant fonction de la masse atomique des atomes absorbants. Ainsi, dans le cas des images médicales, les os ont un grand coefficient d'absorption, tandis que l'eau, la graisse ou l'air ont un faible coefficient.

Les rayons X sont produits en accélérant des électrons en direction d'une cible métallique. Lorsqu'un électron bombardant contient suffisamment d'énergie, un électron de la couche interne d'un atome de métal de la cible est éjecté. Un électron des couches à plus haute énergie va alors prendre la place de l'électron éjecté en émettant un photon X.

La haute énergie des rayons X les classe dans la catégorie des rayonnements ionisants : lorsqu'un photon X rencontre un atome, un électron est éjecté, ce qui crée alors un ion. Dans le cas de la matière vivante, il peut alors y avoir création de brûlures, modification de l'ADN des cellules et donc mutation, ou formation d'un cancer par création de radicaux libres. La dose de rayon X doit donc être strictement contrôlée à la fois pour le patient mais aussi pour le manipulateur radio, exposé à des doses beaucoup plus fortes.

### **Radiographie**

La radiographie consiste à placer le patient entre une source de rayons X et un détecteur, tous deux fixes. Le détecteur peut être une plaque photographique dans le cas de la radiographie "classique", un écran au phosphore balayé par un laser pour la radiographie informatisée (*computed radiography*) ou un capteur relié à un ordinateur pour la radiographie numérique (*digital radiography*). L'image obtenue est fonction de l'ensemble des structures rencontrées par le faisceau de rayons X : un faisceau traversant les os sera très absorbé, mais peu absorbé en traversant de l'eau ou de la graisse. Sur les images obtenues, le niveau de gris est proportionnel à l'absorption : les os apparaîtront clairs, l'eau et la graisse sombre et l'air noir.

Outre les dangers dus aux radiations ionisantes mentionnés ci-dessus, la radiographie a le désavantage de ne générer que des images bidimensionnelles. Il s'agit cependant d'un des examens les plus pratiqués, surtout pour visualiser les os ou les poumons.

### **Tomographie**

En 1972, Hounsfield met au point un système de tomographie – technique d'imagerie générant des images de sections de l'objet – par rayons X, appelée également CT-Scan ou TDM pour tomodensitomètre. Le principe est semblable à celui de la radiographie car un détecteur de rayons X mesure l'absorption d'un faisceau traversant le corps du patient. Cependant, la source et le détecteur ne sont plus fixes, mais tournent autour du patient.

La formation d'une coupe 2D se base sur le théorème de la transformée de Fourier d'une projection (*Fourier slice theorem*). Ce théorème énonce l'égalité entre la transformée de Fourier  $F$  de la projection selon un angle  $\theta$  d'une fonc-

tion  $f(x, y)$ , notée  $P_\theta(t)$ , et une droite inclinée d'un angle  $\theta$  du plan de Fourier de la transformée de Fourier de la fonction  $f(x, y)$ , soit

$$\int_{-\infty}^{+\infty} P_\theta(t) e^{-i2\pi vt} dt = F(v \cos \theta, v \sin \theta).$$

L'algorithme de reconstruction, appelé algorithme de *rétro-projection filtrée* (*filtered backprojection* en anglais), fonctionne de la façon suivante :

1. Acquisition de la projection selon l'angle  $\theta$ ,  $P_\theta(t)$ , et calcul de sa transformée de Fourier  $S_\theta(v)$ .
2. Calcul des projections filtrées  $Q_\theta(t) = \int_{-\infty}^{+\infty} S_\theta(v) |v| e^{i2\pi vt} dv$ .
3. Calcul de la rétro-projection  $f(x, y) = \int_0^{2\pi} Q_\theta(x \cos \theta + y \sin \theta) d\theta$ .

Dans la seconde étape, le terme *filtré* correspond à la multiplication par le filtre en rampe  $|\omega|$  dans le domaine de Fourier, soit à la convolution avec ce même filtre dans le domaine spatial.

Cet algorithme est un algorithme continu et peut être facilement adapté en discret : les transformées de Fourier et transformées de Fourier inverses sont remplacées par leurs homologues discrets, par exemple une transformée de Fourier rapide (FFT). La seconde étape consiste à calculer un ensemble de projections filtrées pour un ensemble de valeurs  $\theta_k$  avec  $1 \leq k \leq p$ ,  $Q(k) = Q_{\theta_k}(x \cos \theta_k + y \sin \theta_k)$ . Dans la troisième étape, l'intégrale est remplacée par une somme discrète :  $f(x, y) = \sum_{k=1}^p Q(k)$

Les premiers modèles de scanner, appelés scanners incrémentaux, fonctionnaient par translation : une coupe donnée du patient était acquise, puis le chariot sur lequel est allongé le patient avançait et l'acquisition d'une nouvelle section était alors réalisée. Les scanners plus récents ont un fonctionnement hélicoïdal : l'avancement du chariot est continu, ce qui réduit le temps d'examen et donc la dose de radiations.

L'intensité en un point d'une image TDM est donnée en unités Hounsfield. L'échelle Hounsfield est construite de telle manière qu'une zone d'air soit à  $-1000$  HU et qu'une zone d'eau pure soit à  $0$  HU. Le tableau 1.1 présente les plages de valeurs de certains tissus du corps humain.

### 1.1.2 Résonance magnétique nucléaire

Apparue en 1971 avec les travaux de Damadian, l'imagerie par résonance magnétique (IRM) se base sur le phénomène de résonance magnétique nucléaire (RMN), découvert en 1946 par Bloch et Purcell.

Tissu	HU
Os	1000
Foie	40 à 60
Muscle	10 à 40
Eau	0
Graisse	-100 à -50
Air	-1000

TAB. 1.1 – Valeurs en unités Hounsfield de tissus humains

### Principe de résonance magnétique nucléaire

Le principe de résonance magnétique nucléaire énonce que les noyaux atomiques de spin<sup>1</sup> non nul peuvent absorber de l'énergie électro-magnétique à une fréquence donnée appelée *fréquence de Larmor* quand ils sont placés dans un champ magnétique.

Lorsqu'un champ magnétique  $B_0$  leur est appliqué, les spins des noyaux entament un mouvement de précession autour de  $B_0$  à la fréquence de Larmor  $\omega = \gamma B_0$ , où  $\gamma$  est une constante dépendant du noyau considéré, appelée *rapport gyromagnétique*. En appliquant un champ magnétique  $B_1$ , orthogonal au champ  $B_0$  et oscillant à la fréquence de Larmor, les spins gagnent de l'énergie et ont alors un mouvement de rotation en spirale autour de  $B_0$  pour s'orienter vers  $-B_0$ . Lorsque le champ  $B_1$  est stoppé, les spins regagnent leur position d'équilibre en ré-émettant l'énergie accumulée.

Le temps de ce retour à l'équilibre, appelé relaxation, est mesuré de deux façons :

- un temps de relaxation longitudinal, noté  $T_1$ , correspondant au ré-alignement sur l'axe  $B_0$ ,
- un temps de relaxation transversal, noté  $T_2$ , correspondant au déphasage acquis par les spins lors de l'application de  $B_1$ .

### IRM

Le noyau utilisé en imagerie médicale est le noyau d'hydrogène  $^1\text{H}$ , formé uniquement d'un proton. Le corps humain étant principalement formé d'eau, ces noyaux sont en nombre très abondant. Le rapport gyromagnétique  $\gamma$  du proton est de 42,58 MHz/T. Dans les IRM utilisées actuellement en routine clinique, le champ magnétique  $B_0$  a une intensité variant entre 0,5 T et 2 T, ce qui

1. Grandeur quantique équivalente à un moment angulaire.

donne une fréquence de résonance comprise entre 24,26 MHz et 85,16 MHz, soit dans le domaine des ondes radio.

Afin de former l'image tri-dimensionnelle, le signal émis par la relaxation doit être modifié en fonction de sa localisation. Pour ce faire, le champ  $B_1$  n'est pas uniforme, mais modifié par des gradients, l'un utilisant un codage de phase, l'autre un codage de fréquence.

Les différents tissus sont différenciés par leurs paramètres  $T_1$  et  $T_2$ , et le signal de relaxation va pouvoir être modifié en fonction des pulsations de radio-fréquences du champ  $B_1$ . L'IRM n'émet pas de radiations ionisantes, et les forts champs magnétiques n'ont aucun effet néfaste connu. Un appareil IRM reste cependant plus onéreux qu'un CT-Scan, et les examens IRM sont donc moins fréquents.

En raison de l'absence de radiations ionisantes, l'IRM peut facilement être utilisée pour obtenir une série d'images rapprochées dans le temps, pour arriver à une imagerie fonctionnelle – c'est-à-dire représentant le fonctionnement d'un organe dans le temps – ou interventionnelle – c'est-à-dire une aide au guidage de gestes chirurgicaux.

Il faut cependant noter qu'en raison des forts champs magnétiques utilisés, aucun objet ferro-magnétique ne doit se trouver à proximité de l'appareil. De plus, la pièce contenant l'appareil IRM doit être blindée afin que les ondes radio externes (par exemple la bande FM) ne viennent perturber le fonctionnement.

### 1.1.3 Imagerie nucléaire

L'imagerie nucléaire se base sur l'injection d'un traceur radioactif dans le corps humain, composé d'une molécule participant au métabolisme et d'un isotope radioactif à courte durée de vie. Lors de la désintégration de ce traceur, un photon  $\gamma$  est émis. L'ensemble des photons émis dans une direction donnée est détecté, et une image tri-dimensionnelle est reconstruite de façon similaire à ce qui est fait dans le cas des images TDM.

L'imagerie nucléaire permet de déterminer les structures sur lesquelles le traceur se fixe en priorité : les informations obtenues sont d'ordre fonctionnel. Les isotopes des traceurs ayant une faible durée de vie afin d'être rapidement éliminés de l'organisme, ils ne peuvent pas être stockés de façon durable. Un centre de médecine nucléaire doit donc se trouver à proximité d'un cyclotron. La dose de traceur administrée au patient doit de plus être strictement contrôlée, les photons  $\gamma$  émis étant plus énergétiques que les photons X utilisés en radiographie.

Deux techniques principales existent. L'imagerie TEMP – pour tomographie par émission mono-photonique, en anglais SPECT pour *Single Photon Emission Computed Tomography* – mise au point par Kuhl et Edwards en 1963, utilise

des traceurs émettant directement des photons  $\gamma$  lors de leur désintégration et le détecteur de rayon  $\gamma$  tourne autour du patient. En tomographie par émission de positron (TEP, en anglais *Positron Emission Tomography* ou PET), technique mise au point par Hoffman et Phelps en 1962, le traceur émet un positron (antiparticule de l'électron). Ce positron rencontre rapidement un électron et ces deux s'annihilent en émettant deux photons  $\gamma$  dans des directions opposées. Le détecteur en TEP n'est pas ponctuel comme en SPECT, mais de forme cylindrique, entourant le patient et donc fixe.

#### 1.1.4 Échographie

L'échographie repose sur le principe d'écholocalisation, utilisé naturellement par les chauve-souris : un faisceau d'ultrasons est partiellement réfléchi à l'interface entre deux milieux d'impédance (résistance à la propagation) différente. La durée de retour de l'écho dépend de la vitesse du son dans le premier milieu et de la profondeur de l'interface. L'intensité de l'écho dépend de la différence d'impédance entre les deux milieux, le coefficient de réflexion étant donné par  $R = \left| \frac{Z_2 - Z_1}{Z_2 + Z_1} \right|$ , où  $Z_1$  et  $Z_2$  sont respectivement l'impédance du premier et du second milieu traversé par le faisceau.

En connaissant l'impédance et la vitesse du son dans le premier milieu traversé, on peut ainsi déterminer les profondeurs et les impédances des milieux situés derrière. L'image échographique est formée de cette façon : l'ensemble des échos reçus lorsque la sonde est positionnée en un point forme une ligne de l'image, où le temps de retour de l'écho donne l'abscisse du point et son intensité donne le niveau de gris. Les images bi- et tri-dimensionnelles sont formées de façon similaire, avec une sonde mobile et non plus fixe.

La fréquence des ultrasons utilisés influe sur la résolution de l'image et sur la pénétration des ultrasons : plus la fréquence est élevée, meilleure est la résolution, mais l'atténuation augmente avec la fréquence, et donc la pénétration diminue. La plage de fréquences utilisée en routine clinique se situe entre 2 MHz et 13 MHz. L'échographie ne présente aucun effet néfaste connu, mais demande beaucoup de pratique pour obtenir et interpréter les images.

## 1.2 Restauration et amélioration

Les images médicales brutes sont en général bruitées. L'origine de ce bruit est multiple : outre le bruit intrinsèque à l'appareil, l'environnement peut être la cause de parasites dans l'image, par exemple en raison de la présence d'ondes radio extérieures dans le cas de l'IRM. Les organes observés eux-mêmes sont également susceptibles de générer des artefacts (cas d'une broche

métallique dans les images TDM) ou être en mouvement (cas du côlon et de l'intestin grêle).

Pour que les algorithmes de segmentation soient les plus efficaces possible, il faut supprimer le bruit des images et, le cas échéant, améliorer le résultat afin de rehausser les contrastes des structures à observer. Nous présentons ici les méthodes les plus utilisées dans ce domaine.

### 1.2.1 Traitement du signal

L'image est ici supposée bruitée par un bruit additif  $n$ , l'image observée étant alors donnée dans le domaine spatial par  $g = f + n$  et dans le domaine fréquentiel par  $G = F + N$ . Le bruit est supposé décorréolé de l'image et, sauf dans le cas d'un bruit périodique, son intensité en un point est supposée indépendante des coordonnées de ce point.

Le bruit étant un phénomène stochastique, la fonction  $n$  est une fonction aléatoire, qui sera représentée par sa fonction de densité de probabilité en fonction des niveaux de gris. La suppression du bruit passe d'abord par la détermination de son type, afin de pouvoir correctement débruiteur par la suite l'image observée.

Si aucune information n'est disponible sur le bruit présent dans une acquisition, le type de fonction de densité de probabilité (par exemple gaussienne, impulsionnelle ou de Rayleigh) peut être déterminé à partir de la forme de l'histogramme d'une zone  $S$  d'intensité uniforme dans l'image observée. La moyenne et la variance du bruit peuvent alors être estimés à partir de l'histogramme, noté  $h(z)$  :

$$\begin{cases} \mu &= \sum_{z \in S} zh(z) \\ \sigma^2 &= \sum_{z \in S} (z - \mu)^2 h(z) \end{cases} .$$

Une fois le type et les paramètres du bruit estimés, la restauration peut avoir lieu soit dans le domaine spatial, soit dans le domaine fréquentiel. La restauration dans le domaine spatial consiste à considérer en chaque point  $x$  un voisinage  $S_x$ , de taille déterminée par l'utilisateur. Nous présentons ici des filtres moyenneurs, des filtres de rang et des filtres adaptatifs, en précisant à chaque fois le type de bruit auquel ils sont le plus adaptés [37].

Les filtres moyenneurs se basent sur les trois moyennes pythagoriciennes, arithmétique, géométrique ou harmonique, calculées sur  $S_x$ . La moyenne de la zone est alors affectée au point  $x$ . La moyenne arithmétique ainsi que la moyenne géométrique réduisent le bruit en rendant l'image plus floue, causant ainsi une perte de détails. Cette perte est plus importante pour la moyenne

arithmétique, mais le calcul de celle-ci est beaucoup plus rapide. La moyenne harmonique est particulièrement adaptée pour les impulsions claires.

Les filtres de rang nécessitent le tri des différents niveaux de gris présents dans  $S_x$ . L'intensité en  $x$  est alors remplacée par le  $n^{\text{ème}}$  niveau de gris. Le plus connu des filtres de rang est le filtre médian, particulièrement adapté pour les bruits de type impulsif. En affectant le niveau de gris minimal de  $S_x$  au point  $x$ , les impulsions claires sont filtrées ; inversement, en affectant à  $x$  le niveau de gris maximal de la zone, les impulsions sombres sont éliminées. La moyenne de ces deux derniers filtres permet de plus d'éliminer un bruit gaussien. Ces filtres sont reliés aux opérateurs de morphologie mathématique (voir section 1.2.4) : le filtre de rang minimum est équivalent à une érosion par un élément structurant de taille égale à celle de  $S_x$ . De façon similaire, le filtre de rang maximum est équivalent à une dilatation par un élément structurant de taille égale à celle de  $S_x$ .

Tous ces filtres peuvent être modifiés de façon à prendre en compte des informations locales contenues dans la zone  $S_x$ . On parle alors de filtres *adaptatifs*. Ainsi, un filtre médian adaptatif [37] consiste à trouver une taille de la zone  $S_x$  telle que la médiane des niveaux de gris  $z_{\text{med}}$  soit "représentative" de la zone, soit  $z_{\text{min}} < z_{\text{med}} < z_{\text{max}}$  où  $z_{\text{min}}$  est le niveau de gris minimum sur la zone  $S_x$  et  $z_{\text{max}}$  est le niveau de gris maximum sur la zone  $S_x$ . Une fois une telle zone trouvée, le résultat du filtre est égal au niveau de gris au point  $x$ , noté  $z_x$ , si  $z_{\text{min}} < z_x < z_{\text{max}}$ , et  $z_{\text{med}}$  sinon. Ce filtre préserve mieux les détails qu'un filtre médian non adaptatif et se comporte correctement même pour des impulsions de forte amplitude.

## 1.2.2 Diffusion

Un filtrage gaussien lisse les différentes structures de l'image indépendamment de leur contraste. Les contours sont lissés de même façon que les zones bruitées, ce qui peut poser un problème lors de la segmentation, plus particulièrement lors de l'utilisation de modèles déformables, qui "s'accrochent" sur les zones de fort gradient. Les processus de diffusion non-linéaire et anisotrope tentent de résoudre ce problème en lissant l'image de façon moins importante sur les contours.

Weickert [103] a relié la diffusion telle qu'elle est utilisée dans le cadre du traitement d'images au processus physique correspondant, ce que nous allons résumer ici. La diffusion est un processus physique tendant à équilibrer des concentrations. Elle est gouvernée par la loi de Fick, énonçant qu'un gradient de concentration  $\nabla u$  crée un flux de diffusion  $j$  qui le compense, selon un ten-

seur de diffusion  $D$ , matrice définie positive :

$$j = -D \cdot \nabla u.$$

Ce processus ne créant ni ne détruisant de masse, l'équation de continuité donne

$$\partial_t u = -\operatorname{div}(j),$$

ce qui donne, par la loi de Fick, l'équation de la diffusion :

$$\partial_t u = \operatorname{div}(D \cdot \nabla u).$$

Selon la direction relative du flux  $j$  et du gradient de concentration  $\nabla u$ , le tenseur de diffusion va avoir deux formes différentes : si  $j$  est parallèle à  $\nabla u$ , le tenseur de diffusion est un scalaire, appelé alors *diffusivité*, et la diffusion est alors appelée *isotrope*. La diffusivité peut être constante ou bien varier selon les structures locales de l'image. Si  $j$  n'est pas parallèle à  $\nabla u$ , la diffusion est appelée *anisotrope*, et le tenseur  $D$  oriente alors la direction du flux  $j$ . On obtient donc trois types de diffusion :

- le tenseur de diffusion  $D$  est un scalaire constant : on parle de diffusion isotrope linéaire,
- le tenseur de diffusion  $D$  est un scalaire variant selon les structures locales de l'image : on parle de diffusion isotrope non linéaire,
- le tenseur de diffusion  $D$  n'est pas un scalaire : on parle de diffusion anisotrope.

Dans le cas de la diffusion isotrope linéaire, l'équation de la diffusion se simplifie :

$$\begin{aligned} \partial_t u &= \operatorname{div}(g \cdot \nabla u) \\ &= g \cdot \operatorname{div}(\nabla u) \\ &= g \cdot \Delta u \end{aligned}$$

En appliquant ce processus de diffusion sur une image  $f$ , il faut résoudre l'équation aux dérivées partielles

$$\begin{cases} \partial_t u = \Delta u \\ u(x, 0) = f(x) \end{cases}$$

Cette solution admet une solution unique

$$u(x, t) = \begin{cases} f(x) & \text{si } t = 0 \\ (G_{\sqrt{2t}} * f)(x) & \text{si } t > 0 \end{cases} .$$

La diffusion isotrope linéaire est donc équivalente au filtrage de l'image originale  $f$  par des filtres gaussiens de largeur croissante  $G_{\sqrt{2t}}$ , et au plongement de l'image  $f$  dans un espace d'échelle gaussien [56].

La forme standard de l'équation de diffusion dans le cas de la diffusion isotrope non linéaire est

$$\partial_t u = \operatorname{div}(g(|\nabla u|) \nabla u)$$

Le modèle le plus connu est celui de Perona et Malik [80], qui proposent deux fonctions de diffusivité :

- $g(|\nabla u|) = e^{-(|\nabla u|/\lambda)^2}$ , qui privilégie les contours bien contrastés par rapport aux contours peu contrastés,
- $g(|\nabla u|) = \frac{1}{1+(|\nabla u|/\lambda)^2}$ , qui privilégie les grandes régions par rapport aux petites.

Le paramètre  $\lambda$  est un paramètre d'échelle : les contours dont l'échelle est inférieure à  $\lambda$  sont lissés, tandis que ceux d'échelle supérieure à  $\lambda$  sont rehaussés. Perona et Malik ont nommé ce procédé "diffusion anisotrope", bien qu'au sens du procédé physique et des conventions de Weickert, cette diffusion soit isotrope non linéaire. Le résultat sur les images est de très bonne qualité, en raison de la présence du paramètre d'échelle  $\lambda$ , mais les deux fonctions présentées posent des problèmes théoriques. En effet, ce processus ne possède pas une solution unique et peut ne pas être stable. Catté *et al.* proposent de régulariser le processus en faisant dépendre la diffusivité non pas de  $|\nabla u|$  mais de  $|\nabla u_\sigma|$ , où  $u_\sigma = G_\sigma * u$  [15]. Ceci permet d'obtenir une solution unique et régulière pour  $\sigma > 0$ .

Le but du processus de diffusion anisotrope – au sens physique du terme – est d'orienter le flux de diffusion  $j$  vers les structures d'intérêt, et de lisser le bruit le long des contours. Weickert propose pour cela de définir le tenseur de diffusion de telle manière qu'un de ses vecteurs propres soit parallèle aux contours, et que les autres soient perpendiculaires.

### 1.2.3 Espace d'échelle

La notion d'espace d'échelle est similaire à celle de la représentation d'une image par arbre (*quadtree* en deux dimensions ou *octree* en trois dimensions) ou par une pyramide d'image : l'image est vue à différentes échelles. Un espace d'échelle d'un signal discret  $f$  est une famille de signaux dérivés  $(f_t)_{t \in \mathbb{R}^+}$  qui représentent le signal d'origine à différentes échelles [56]. Witkin [105] ainsi que Koendering et van Doorn [44] ont défini trois conditions sur une famille de signaux pour qu'elle soit effectivement un espace d'échelle :

- tous les représentants peuvent être obtenus par la convolution entre le signal de base et un noyau invariant par translation,
- une augmentation du paramètre  $t$  correspond à une échelle plus grossière et un signal ayant une structure plus simple (en particulier, si  $t = 0$ , on a le signal d'origine)

- tous les représentants sont définis sur la même grille (ce qui exclut une représentation pyramidale).

La seconde condition est formalisée par la non-augmentation du nombre de maxima locaux de  $f_t$  lorsque  $t$  augmente. Le noyau le plus simple satisfaisant ces trois conditions est le noyau gaussien (ici à une dimension)

$$G(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi t}} e^{-x^2/2t}.$$

Les espaces d'échelle respectant l'axiomatique décrite ci-dessus sont alors souvent appelés espaces d'échelle gaussiens.

Cette convolution par une gaussienne montre qu'un espace d'échelle gaussien est équivalent à un procédé de diffusion linéaire isotrope où le paramètre de temps est égal au paramètre d'échelle.

Les opérateurs utilisés pour la détection de structures d'intérêt dans un espace d'échelle sont généralement des opérateurs différentiels, tels que le gradient ou le laplacien [58]. L'échelle d'observation est alors sélectionnée en fonction de la réponse de ces opérateurs selon l'échelle [57].

#### 1.2.4 Morphologie mathématique

Fondée en 1964 par Matheron et Serra, la morphologie mathématique permet d'étudier la forme d'objets. Le sujet étant vaste, nous ne présenterons ici que les opérateurs morphologiques les plus simples et les plus courants, l'ensemble des opérateurs étant traité de façon extensive dans l'ouvrage de Soille [94].

Les opérateurs présentés ici se basent sur la notion d'*élément structurant*. L'élément structurant permet de représenter les connaissances a priori sur les formes à détecter, et devra être adapté en fonction de l'application.

Les deux opérations de base sont l'érosion et la dilatation. L'érosion définit l'ensemble des points où l'élément structurant "rentre" entièrement dans l'objet. Formellement, l'érosion d'un objet binaire  $X$  par un élément structurant  $B$  est définie par

$$\varepsilon_B(X) = \bigcap_{b \in B} X_{-b},$$

où  $X_p$  (respectivement  $f_p$ ) est le translaté de  $X$  (respectivement  $f$ ) par  $p$ . L'érosion d'une image en niveau de gris  $f$  est définie par

$$\varepsilon_B(f) = \bigwedge_{b \in B} f_{-b}$$

et donc

$$\varepsilon_B(f) = \bigwedge_{b \in B} f(x + b).$$

De façon similaire, la dilatation définit l'ensemble des points où l'élément structurant retourné  $\check{B}$  «rentre» en partie dans l'objet. Pour une image binaire, la dilatation est définie par

$$\delta_B(X) = \bigcup_{b \in B} X_{+b}$$

et pour une image en niveaux de gris :

$$\delta_B(f) = \bigvee_{b \in B} f_{+b}$$

et donc

$$\delta_B(f)(x) = \bigvee_{b \in B} f(x - b)$$

La composition de ces opérations de base permet de définir des opérateurs plus complexes. Le *gradient morphologique* – nommé ainsi en raison de son résultat similaire au calcul du gradient d'une image – est défini par

$$\rho_B = \delta_B - \varepsilon_B,$$

où  $B$  est symétrique. Les contours obtenus par ce gradient étant cependant épais, il est également possible d'utiliser le gradient extérieur ou le gradient intérieur, donnant des contours fins, définis respectivement par

$$\begin{aligned} \rho_B^+ &= \delta_B - id \\ \rho_B^- &= id - \varepsilon_B \end{aligned},$$

où  $id$  est l'opérateur identité défini par  $id(f) = f$ .

En composant une érosion et une dilatation, on obtient deux nouveaux opérateurs, l'ouverture et la fermeture. L'ouverture est le résultat d'une érosion suivie d'une dilatation :

$$\gamma_B(f) = \delta_B(\varepsilon_B(f)).$$

Cet opérateur a pour effet de supprimer toutes les structures de l'objet dans lesquelles l'élément structurant ne «rentre» pas entièrement.

L'opérateur de fermeture est défini par la composition dans le sens inverse :

$$\varphi_B(f) = \varepsilon_B(\delta_B(f)),$$

et a des effets inverses à ceux de l'ouverture : toutes les structures du fond plus petites que l'élément structurant sont supprimées, et donc rajoutées à l'objet.

Les opérateurs présentés jusqu'ici caractérisent les structures que l'on veut détecter. Il est cependant parfois plus facile de caractériser des formes n'appartenant pas aux structures à détecter, ce qui est réalisé par les opérateurs de type *top-hat*<sup>2</sup>, définis de façon similaire aux gradients morphologiques, mais basés sur des ouvertures et des fermetures. Les trois types de *top-hat* sont :

---

2. En français, *chapeau haut de forme*.

- le *top-hat* blanc – ou *top-hat* par ouverture – défini par  $WTH(f) = f - \gamma(f)$ , qui conserve les pics d'une image,
- le *top-hat* noir – ou *top-hat* par fermeture – défini par  $BTH(f) = \varphi(f) - f$ , qui conserve les vallées d'une image,
- le *top-hat* autoccomplémentaire  $\rho(f) = \varphi(f) - \gamma(f)$ , somme des deux précédents.

## 1.3 Segmentation : étiquetage de l'image

A partir de l'image nettoyée, les algorithmes de segmentation ont pour but de diviser cette image en régions ayant des propriétés communes, anatomiques (par exemple l'appartenance à un organe) ou pathologiques (comme la présence ou l'absence d'une tumeur en un point). Une étiquette distincte est alors affectée à chacune de ces zones, ce qui donne une *image segmentée*.

Deux grandes approches existent : une approche basée sur les régions, consistant à regrouper des points ayant des propriétés similaires, et une approche basée sur les contours, afin de détecter les frontières entre les régions, où un point est dissemblable à ses voisins.

Nous présentons ici les méthodes de segmentation les plus utilisées dans le domaine des images médicales.

### 1.3.1 Seuillage

Les méthodes présentées dans cette section se basent sur l'histogramme de l'image pour réaliser la segmentation. Les méthodes de seuillage se divisent en deux grandes catégories : les méthodes basées sur la forme et les méthodes optimales [21].

Les méthodes basées sur la forme utilisent les caractéristiques de l'histogramme de l'image. Ces caractéristiques peuvent inclure les emplacements et les intensités des pics et des vallées, ainsi que la courbure de l'histogramme. Un pré-traitement est en général utilisé afin de réduire l'influence du bruit ou d'augmenter le contraste entre les pics et les vallées.

Les méthodes de seuillage optimal sont basées sur une fonction de coût à minimiser. Ces méthodes peuvent être paramétriques – prenant en compte des hypothèses sur la forme de l'histogramme – ou non.

Les méthodes non paramétriques se basent sur un critère de qualité de la partition obtenue, ce critère étant généralement calculé selon la variance inter-classe de la partition, la variance intra-classe et la variance totale. Otsu [76] utilise une maximisation du critère  $\sigma_{\text{inter}}^2 / \sigma_{\text{total}}^2$ , où  $\sigma_{\text{inter}}^2$  est la variance inter-classes et  $\sigma_{\text{total}}^2$  la variance totale de l'image.

Les méthodes paramétriques se basent généralement sur l'hypothèse que chaque classe  $i$  a une distribution normale de moyenne  $\mu_i$  et de variance  $\sigma_i^2$ . Dans le cas de deux classes, la densité de probabilité de l'histogramme peut être exprimée par

$$p(g) = P_1 p_1(g) + P_2 p_2(g),$$

où  $P_i$  est la probabilité a priori d'occurrence de la classe  $i$  et  $p_i$  est la distribution de probabilité de la classe  $i$ , soit

$$p_i(g) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma_i} e^{-\frac{(g-\mu_i)^2}{2\sigma_i^2}}.$$

Le seuillage optimal est alors donné par les racines de l'équation en  $T$  [37]  $AT^2 + BT + C = 0$ , où

$$\begin{cases} A = \sigma_1^2 - \sigma_2^2 \\ B = 2(\mu_1\sigma_2 - \mu_2\sigma_1) \\ C = \sigma_1^2\mu_2^2 - \sigma_2^2\mu_1^2 + 2\sigma_1^2\sigma_2^2 \ln\left(\frac{\sigma_2 P_1}{\sigma_1 P_2}\right) \end{cases}.$$

Lorsque les paramètres  $(P_i, \mu_i, \sigma_i^2)$  ne sont pas connus, ils peuvent être déterminés par l'algorithme EM (*Expectation-Maximization*) [24]. Cet algorithme, à partir d'une estimation des paramètres  $(P_i, \mu_i, \sigma_i^2)$ , permet de les déterminer de façon itérative. On notera par la suite  $\omega_1, \dots, \omega_K$  les  $K$  classes à segmenter,  $\theta_i = (\sigma_i, \mu_i)$  les paramètres de ces classes et  $\theta = \{\theta_1, \dots, \theta_K\}$ . Les trois étapes de cet algorithme sont les suivantes :

1. Calcul de la probabilité a posteriori  $P(\omega_k | g_i, \theta)$  à partir de l'estimation de  $\theta$ .
2. Calcul de  $P(\omega_k)$ ,  $\mu_k$  et  $\sigma_k$  à partir de l'estimation de  $P(\omega_k | g_i, \theta)$ .
3. Retour à l'étape 1 si les  $P(\omega_k)$ ,  $\mu_k$  et  $\sigma_k$  ont changé, sinon arrêt.

### 1.3.2 Segmentation à base de régions

La segmentation à base de régions est basée sur le regroupement itératif de points ayant les mêmes caractéristiques, lesquelles sont représentées par un prédicat. Deux approches sont possibles pour réaliser ce groupement, l'une part d'un ensemble de points qui croît ; l'autre divise l'image en régions de plus en plus petites [37].

La première approche, appelée *croissance de région*, part d'un ensemble de points qui vérifient le prédicat, appelé *graine*. A chaque itération de l'algorithme, les points voisins de la graine qui vérifient le prédicat sont ajoutés à

la graine. L'algorithme s'arrête lorsqu'aucun point n'est ajouté lors d'une itération. La ligne de partage des eaux, décrite dans la section 1.3.5 a également un fonctionnement du type croissance de région.

La seconde approche utilise un prédicat ne concernant plus des points, mais des régions. Chaque itération est divisée en deux phases :

- Phase de division (*split*) : chaque région qui ne vérifie pas le prédicat est divisée en  $2^n$  sous-régions,  $n$  étant la dimension de l'image.
- Phase de fusion (*merge*) : deux régions voisines dont l'union vérifie le prédicat sont fusionnées.

Lorsqu'aucune division et aucune fusion n'a lieu au cours d'une itération, l'algorithme est stoppé.

### 1.3.3 Segmentation à base de contours

La détection de contours a pour but de détecter directement les bords des régions, contrairement aux approches précédentes qui rassemblent les points de caractéristiques voisines. Cette opération va se faire en deux temps : dans un premier temps, un opérateur de détection quantifie en chaque point son appartenance à un contour. Ces contours peuvent ne pas être connexes ou fermés, ils seront donc reliés dans un second temps.

Les opérateurs de détection de contours du premier ordre sont basés sur une approximation du gradient. Cette approximation peut être réalisée par des masques simples, présentés ici. Pour des raisons de lisibilité, les masques pour des images bidimensionnelles sont présentés, mais ils sont facilement adaptables au cas des images tri-dimensionnelles. Deux masques sont donnés pour chaque opérateur, l'un noté  $G_x$  approximant la composante  $x$  du gradient et détectant donc les contours horizontaux, l'autre noté  $G_y$  approximant la composante  $y$  du gradient et détectant les contours verticaux. La norme du gradient peut alors être approximée par  $\nabla f \approx |G_x| + |G_y|$ .

Le masque le plus simple est celui de Roberts, de la forme suivante :

$$G_x = \begin{bmatrix} 0 & -1 \\ 1 & 0 \end{bmatrix} \quad G_y = \begin{bmatrix} -1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Bien que très simple, la taille de ce masque pose un problème, car son centre n'est pas correctement défini. Les autres masques présentés sont donc tous de taille impaire.

Les opérateurs de Prewitt et de Sobel ont une structure similaire, celui de Prewitt étant plus simple, celui de Sobel apportant une meilleure réduction du

bruit. Les masques de l'opérateur de Prewitt sont

$$G_x = \begin{bmatrix} -1 & -1 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \quad G_y = \begin{bmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -1 & 0 & 1 \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix}.$$

Ceux de l'opérateur de Sobel sont

$$G_x = \begin{bmatrix} -1 & -2 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 2 & 1 \end{bmatrix} \quad G_y = \begin{bmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -2 & 0 & 2 \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix}.$$

Ces deux opérateurs peuvent être adaptés pour avoir une réponse élevée sur des contours obliques, orientés à 45°, à la place des contours horizontaux ou verticaux. Les masques respectifs sont alors

$$G_1 = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 1 \\ -1 & 0 & 1 \\ -1 & -1 & 0 \end{bmatrix} \quad G_2 = \begin{bmatrix} -1 & -1 & 0 \\ -1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

et

$$G_1 = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 2 \\ -1 & 0 & 1 \\ -2 & -1 & 0 \end{bmatrix} \quad G_2 = \begin{bmatrix} -2 & -1 & 0 \\ -1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 2 \end{bmatrix}$$

Les contours peuvent également être détectés par des opérateurs de second ordre, et notamment le laplacien. Dans ce cas, ce ne sont plus les maxima de l'intensité qui caractérisent les contours mais les passages par zéro avec changement de signe (*zero-crossing*). Le laplacien peut être approximé par les masques 3 × 3 suivants, selon la connexité de l'image :

$$L_4 = \begin{bmatrix} 0 & -1 & 0 \\ -1 & 4 & -1 \\ 0 & -1 & 0 \end{bmatrix} \quad L_8 = \begin{bmatrix} -1 & -1 & -1 \\ -1 & 8 & -1 \\ -1 & -1 & -1 \end{bmatrix}.$$

Les résultats ne sont cependant pas directement exploitables : le laplacien est très sensible au bruit, aucune information de direction n'est disponible, et les contours sont dédoublés. Pour réduire le bruit, l'image est d'abord convoluée par une gaussienne, puis le laplacien est appliqué. Cet opérateur est nommé *LoG* pour *Laplacian of Gaussian* [67]. Il peut être appliqué en deux étapes, en utilisant un masque pour la gaussienne et un pour le laplacien, ou approximé par un masque plus grand, tel le masque 5 × 5 suivant :

$$\begin{bmatrix} 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & -2 & -1 & 0 \\ -1 & -2 & 16 & -2 & -1 \\ 0 & -1 & -2 & -1 & 0 \\ 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Le fonctionnement de cet opérateur est semblable à celui de certaines cellules de la rétine humaine. Les contours obtenus sont plus fins qu'avec les opérateurs du premier ordre. Le calcul des passages par zéro peut cependant être coûteux, et les contours obtenus sont des boucles fermées, ce qui empêche la détection de bifurcations.

Le résultat des opérateurs de détection de contours n'étant pas forcément connexe ou fermé, il faut relier ces résultats afin de former les contours des objets. Deux approches sont alors possibles [21] : le suivi des contours ou la recherche dans un graphe.

Le suivi de contour nécessite, en chaque point de l'image, la connaissance de l'intensité de la réponse du détecteur de contour mais aussi la direction de celui-ci. L'algorithme consiste ensuite à chercher un point faisant partie d'un contour (réponse du détecteur élevée), et, à partir de ce point, rechercher itérativement le voisin pour lequel la direction et l'intensité du contour sont similaires. Lorsqu'aucun voisin ne satisfait à ces critères, la recherche d'un point faisant partie d'un contour reprend. Cet algorithme est simple, mais manque cependant de robustesse : aucun retour en arrière n'est possible lorsqu'un cul-de-sac se présente, et les bifurcations apparaissent comme des contours séparés.

L'approche de recherche dans un graphe [68] consiste à créer un graphe des contours, les sommets étant les points de l'image où le détecteur de contours a une forte réponse, et les arêtes étant positionnées entre les points adjacents. Des coûts sont associés aux sommets (coûts *locaux*) et aux arêtes (coûts *de transition*), en fonction de la réponse du détecteur de contour. Une recherche du chemin optimal dans ce graphe est ensuite effectuée, en général en utilisant l'algorithme A\*.

### 1.3.4 Classification

Les méthodes de classification consistent à rassembler des points ayant des caractéristiques similaires. Il s'agit donc d'une approche région. Le rassemblement ne se fait cependant pas sur l'image comme dans le cas des méthodes de croissance ou de subdivision de régions, mais dans un espace des caractéristiques. La classification se passe alors en deux temps : définition de l'espace des caractéristiques, qui dépend de l'application, puis partition de cet espace.

#### Espace des caractéristiques

L'espace des caractéristiques (*feature space* en anglais) est un espace dans lequel chaque image est représentée par un point. On peut par exemple définir un espace simple où à chaque image correspond une seule caractéristique,

son intensité moyenne. On obtient alors un espace des caractéristiques à une dimension. Un second exemple, se basant sur des images de taille  $dx \times dy \times dz$ , fait correspondre à chaque image un point  $p$  dans un espace de dimension  $dx \times dy \times dz$  tel que la  $i^{\text{ème}}$  coordonnée de  $p$  soit égale à l'intensité du  $i^{\text{ème}}$  point de l'image. Le premier espace est trop simpliste, et, même pour des images de très petite taille, par exemple  $10 \times 10 \times 10$ , le second espace n'est pas utilisable en raison de sa taille. Il s'agit donc de définir un espace de petite dimension, mais qui soit robuste par rapport aux perturbations locales – par exemple l'ajout de bruit – et à certaines perturbations globales comme le changement des intensités ou une isométrie.

Les caractéristiques les plus utilisées sont des statistiques descriptives – par exemple la moyenne, les moments, l'énergie, ou l'entropie – ou des mesures de forme, par exemple la sphéricité ou le caractère ellipsoïdal. Ces mesures peuvent être calculées sur l'image complète, sur des imagerie extraites de l'image originale, sur la matrice de co-occurrence de l'image ou des imagerie, ou sur l'histogramme de l'image ou des imagerie.

### Classificateurs

Les classificateurs peuvent être décomposés en deux grandes classes : les supervisés et les non supervisés. Les classificateurs supervisés se basent sur un ensemble d'exemples où l'image est déjà classifiée, soit à la main, soit par d'autres méthodes. Les classificateurs non supervisés vont chercher des amas de points (*cluster* en anglais) dans l'espace des caractéristiques.

Parmi les classificateurs supervisés, on peut citer les classificateurs bayésiens, basés sur les travaux de Cox [19], et les méthodes basées sur la fenêtre de Parzen ou les  $k$  plus proches voisins [28]. Les classificateurs non supervisés sont principalement basés sur la maximisation d'une mesure de la qualité de la partition des points de l'espace des caractéristiques. L'approche classique est celle des  $c$ -moyennes (*c-means* en anglais) ou des  $c$ -moyennes floues (*fuzzy c-means*). Dans l'approche non floue, un point de l'espace des caractéristiques appartient à une et une seule classe, tandis que dans l'approche floue, chaque point possède un degré d'appartenance, compris entre 0 et 1, à chacune des classes.

#### 1.3.5 Ligne de partage des eaux

L'opérateur morphologique classique de segmentation est la ligne de partage des eaux [72, 94, 101]. En se représentant une image bi-dimensionnelle en niveaux de gris comme un relief topographique, l'algorithme de ligne de partage des eaux consiste à inonder le relief. Des bassins se forment au cours de

cette inondation, et des digues sont construites pour empêcher deux bassins de se rejoindre. Ces digues forment alors la ligne de partage des eaux.

Appliquée directement sur une image à segmenter, la ligne de partage des eaux souffre d'une très forte sur-segmentation. La segmentation par cet opérateur se fait alors généralement en quatre étapes :

1. Transformation de l'image  $f$  afin que les lignes de partage des eaux correspondent aux frontières des objets. Cette étape est généralement réalisée par le calcul du gradient de l'image de départ, lequel est ensuite filtré pour éviter d'avoir un trop grand nombre de minima. Le résultat de cet étape est appelé *fonction de segmentation*, noté  $f_s$ .
2. Obtention de marqueurs sur l'image de départ. Ces marqueurs peuvent être obtenus soit manuellement soit de façon automatique, à partir de connaissances a priori sur les objets à segmenter. On note  $f_m$  la fonction indicatrice des marqueurs,

$$f_m(p) = \begin{cases} 0 & \text{si } p \text{ est un marqueur} \\ z_{\max} & \text{sinon} \end{cases},$$

où  $z_{\max}$  est le niveau de gris maximal.

3. Imposition des minima dans la fonction de segmentation. Afin que les minima correspondent aux marqueurs, une reconstruction géodésique de marqueur  $f_m$  dans le masque  $(f_s + 1) \wedge f_m$  est calculée.
4. Calcul de la ligne de partage des eaux sur cette reconstruction géodésique, les bassins n'étant construits qu'à partir des marqueurs.

La ligne de partage des eaux utilise à la fois une approche régions, car les points segmentés sont groupés autour des minima, et une approche contours, car les digues construites sont situées sur les crêtes du gradient.

### 1.3.6 Modèles déformables

Introduits par Terzopoulos *et al.* dans le domaine de la vision par ordinateur [100] et popularisés par les *snakes* de Kass *et al.* [41], les modèles déformables sont similaires à des objets élastiques répondant à des forces et à des contraintes. Nous présentons ici les deux approches principales, celle par minimisation d'énergie [69] et celle par propagation de front et courbes de niveau [93].

L'approche par minimisation d'énergie consiste à doter le contour actif<sup>3</sup>  $\nu$ , paramétré sur  $[0, 1]$ , de deux énergies. La première est une énergie interne,

---

3. Autre nom couramment employé des modèles déformables.

représentant les déformations du contour :

$$\mathcal{S}(v) = \int_0^1 w_1(s) \left| \frac{\partial v}{\partial s} \right|^2 + w_2(s) \left| \frac{\partial^2 v}{\partial s^2} \right|^2 ds,$$

où  $w_1(s)$  décrit la tension du contour et  $w_2(s)$  décrit sa rigidité. La seconde énergie est une énergie externe, dépendant de l'image sur laquelle le contour est appliqué,

$$\mathcal{P}(v) = \int_0^1 P(v(s)) ds,$$

où  $P(x, y)$  est une fonction de potentiel définie sur l'image, par exemple

$$P(x, y) = -c |\nabla (G_\sigma * f(x, y))|.$$

L'énergie totale du contour est alors donnée par  $\mathcal{E}(v) = \mathcal{S}(v) + \mathcal{P}(v)$ . Pour que le contour  $v$  minimise cette énergie, il faut qu'il satisfasse l'équation d'Euler-Lagrange :

$$-\frac{\partial}{\partial s} \left( w_1 \frac{\partial v}{\partial s} \right) + \frac{\partial^2}{\partial s^2} \left( w_2 \frac{\partial^2 v}{\partial s^2} \right) + \nabla P(v(s)) = 0.$$

Les solutions de ce type de modèle sont faciles à évaluer, et le contour, s'il est correctement initialisé, converge rapidement. Cependant, le changement de topologie n'est pas possible : un contour initialisé par un cercle ne pourra pas s'adapter à une structure munie d'un trou.

Le modèle de T-snake [70] permet de résoudre ce problème. Le domaine de l'image est dans un premier temps divisé en cellules simpliciales – des triangles en deux dimensions, des tétraèdres en trois – et le contour du T-snake est approximé sur cette grille. Le contour est alors formé de nœuds, placés sur les frontières entre les cellules, et de liaisons entre ces nœuds. Lorsque le contour évolue, il est reparamétré selon les sommets de la grille aux frontières du ou des domaines entourés par le contour.

Les snakes aussi bien que les T-snakes sont avant tout des contours bi-dimensionnels, bien que des extensions en trois dimensions soient couramment utilisées. Les snakes sont une approche précise mais manquant de robustesse, contrairement à la morphologie mathématique, robuste mais moins précise.

La méthode de propagation de front [93] permet implicitement d'obtenir des contours de dimension quelconque. Le contour, appelé ici *front* se déplace selon une fonction de vitesse  $F$ . Pendant l'évolution du contour, on note  $T(p) : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$  la fonction donnant le temps auquel le front passe au point  $p$ . Si la vitesse n'est pas monotone, le contour peut passer plusieurs fois par un point  $p$ , ce qui pose des problèmes de définition de la fonction  $T$ . La solution utilisée ici

est alors de plonger la fonction  $T$  dans une fonction de dimension supérieure  $\Phi(p, t) : \mathbb{R}^{n+1} \rightarrow \mathbb{R}$  et de considérer le front comme la courbe de niveau 0 de la fonction  $\Phi$ , soit  $\Gamma(t) = \{p \mid \Phi(p, t) = 0\}$ . Le changement de topologie du front est implicite, comme le montre la figure 1.1 : au temps  $t_1$ , le front est constitué de deux courbes distinctes, tandis qu'au temps  $t_2 > t_1$ , le front n'est plus constitué que d'une seule courbe.

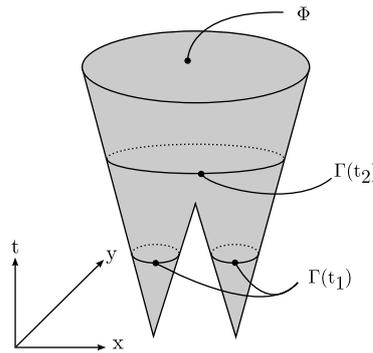


FIG. 1.1 – Changement de topologie d'un front

## 1.4 Conclusion

Nous avons présenté dans ce chapitre les trois grandes étapes du traitement d'images médicales, l'acquisition, la restauration et la segmentation. Cette étude a permis de choisir les méthodes les mieux applicables aux images du côlon, dont l'acquisition est présentée au chapitre suivant, pour la segmentation de la lumière du côlon (chapitre 3) et la détection des pathologies, présentée au chapitre 7.

Comme nous le verrons par la suite, le contraste présent dans les images TDM et IRM du côlon motive l'utilisation de méthodes photométriques pour la segmentation de la lumière du côlon. La détection de pathologies se basant sur des données morphologiques, nous utiliserons des opérateurs de morphologie mathématique mais aussi des statistiques descriptives pour différencier les tumeurs des structures saines.



## Chapitre 2

# Anatomie, pathologies et imagerie du côlon

**A** PRÈS AVOIR RÉALISÉ un état de l'art de l'imagerie médicale, nous nous intéressons au côté médical de cette thèse. Nous décrivons dans ce chapitre l'anatomie, les pathologies et l'imagerie du côlon. Cette rapide étude médicale permet de mieux cerner les problèmes qui apparaîtront par la suite.

### 2.1 Anatomie du côlon

Le côlon est un organe faisant partie du gros intestin, la partie terminale du système digestif. La figure 2.1 présente l'anatomie du gros intestin, et plus particulièrement du côlon.

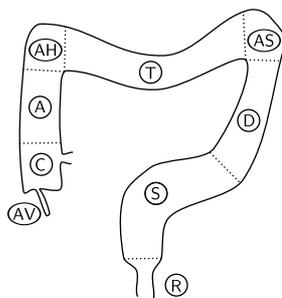


FIG. 2.1 – Anatomie du gros intestin. AV : appendice vermiforme. C : cæcum. A : côlon ascendant. AH : angle hépatique. T : côlon transverse. AS : angle splénique. D : côlon descendant. S : côlon sigmoïde. R : rectum et canal anal.

Le gros intestin débute à la fin de l'intestin grêle, par le cæcum, poche sur laquelle est fixée l'appendice. Le côlon proprement dit débute environ 5 cm au dessus du fond du cæcum par un segment appelée *côlon ascendant*. Cette partie est un peu plus étroite que le cæcum et mesure environ 15 cm de long.

L'*angle hépatique*, également appelé *angle colique droit*, situé sur la face inférieure du foie, présente un changement brutal de direction du côlon, vers le bas et vers l'avant. A la suite de l'angle hépatique se trouve un segment d'environ 50 cm nommé *côlon transverse*, horizontal lorsque le patient est allongé sur le dos (décubitus dorsal), et en forme de U lorsque le patient est debout. Le côlon transverse se termine par l'*angle splénique* (ou *angle colique gauche*), situé en dessous de la rate. Cet angle forme un second changement brusque de direction du côlon, vers le bas et vers l'arrière. Ce pli peut être marqué au point que la fin du côlon transverse soit en contact avec le segment suivant. Ce segment est nommé *côlon descendant*, il mesure environ 25 cm et est plus étroit que le côlon ascendant. La partie terminale du côlon est nommée *côlon sigmoïde* et mesure en moyenne 40 cm. Dans sa totalité, le côlon mesure environ 150 cm [43].

Le côlon est continué par la partie terminale du gros intestin, formé du rectum et du canal anal.

En raison de la nécessité de faire avancer les matières fécales en formation qu'il contient, le côlon est un organe extrêmement mobile. Il est fixé au niveau du cæcum, de l'angle hépatique et de l'angle splénique et par deux méso<sup>1</sup>, l'un au niveau du transverse et l'autre au niveau du sigmoïde. Cette mobilité permet au côlon transverse de pouvoir être en contact avec le cæcum ou bien avec le sigmoïde.

Le côlon est alimenté en sang par les artères mésentériques inférieures et supérieures, provenant de l'aorte, et drainé par les veines mésentériques inférieures et supérieures.

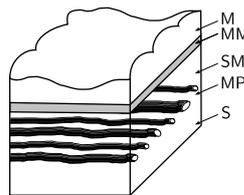


FIG. 2.2 – Coupe histologique de la paroi du côlon. *M* : muqueuse. *MM* : musculaire muqueuse. *SM* : sous-muqueuse. *MP* : musculaire propre. *S* : séreuse.

La paroi du côlon est composée de cinq couches, comme le montre la figure 2.2 [38]. La muqueuse forme l'intérieur du côlon et est bordée sur l'extérieur d'une fine couche musculaire, appelée musculaire muqueuse. La musculaire muqueuse aide à l'absorption des nutriments en causant de petits mouve-

1. Repli du péritoine reliant l'intestin à la paroi de l'abdomen ou à un autre organe.

ments sur la muqueuse. La sous-muqueuse est un tissu conjonctif qui permet à la muqueuse de se déformer lors des contractions péristaltiques, au cours de la digestion. La musculaire propre est formée de deux groupes de fibres musculaires, l'un s'enroulant autour de l'axe du côlon, l'autre suivant cet axe. La couche la plus externe, la séreuse, relie le côlon au péritoine qui l'entoure.

En raison de la couche musculaire propre, des plis se forment à la surface de la muqueuse. Ces plis, appelés *haustations*, sont transversaux par rapport à l'axe du côlon et occupent entre un tiers et la moitié de la circonférence du côlon. Les haustations sont absentes à la naissance et se forment vers l'âge de trois ans.

Le côlon participe peu à la digestion elle-même : il reçoit un contenu quasiment liquide de l'intestin grêle, qui ne contient presque plus de nutriments<sup>2</sup>. Le côlon va absorber l'eau présente dans ce contenu, ce qui va former des matières fécales semi-solides. L'avancement des matières fécales en formation est réalisé par les haustations, au cours des contractions du côlon.

## 2.2 Pathologies du côlon

Nous présentons dans cette section uniquement les pathologies ayant pour effet de créer une déformation de la paroi colique. Ces pathologies se divisent en deux types : les tumeurs, également appelées néoplasmes, et les diverticules.

Nous nous attachons ici aux deux formes les plus répandues des tumeurs, les polypes et les carcinomes.

### Polypes

Les polypes sont des tumeurs bénignes, c'est-à-dire qui n'envahissent pas les tissus voisins, de diamètre généralement inférieur à 25 mm. Ces tumeurs bénignes ne présentent en général aucun symptôme clinique, à l'exception de certains polypes très volumineux. Les polypes peuvent évoluer en cancer, la fréquence de cancérisation dépendant à la fois de la taille et de l'aspect du polype, comme le montre le tableau 2.1.

La transformation d'un polype en cancer peut prendre plusieurs années. La résection d'un polype se fait au cours d'une coloscopie : l'endoscope contient une sorte de lasso, qui est passé autour du polype et dans lequel circule un courant électrique. Le polype est ainsi détaché de la paroi en même temps que la plaie est cicatrisée.

---

2. Élément contenu dans les aliments qui peut être directement utilisé par l'organisme.

Taille	<1 cm 1%	1 cm à 2 cm 10%	>2 cm 50%
Aspect	Tubulaire 5%	Villeux 40%	Mixte 22%

TAB. 2.1 – Fréquence de cancérisation des polypes [38]

### Carcinomes

Le carcinome<sup>3</sup> est la forme la plus courante de cancer du côlon. Il s'agit d'un cancer fréquent : en France 26000 nouveaux cas et 15000 décès sont recensés par an [71]. Comme dans le cas des polypes, les symptômes sont peu évocateurs : il s'agit en général de vagues douleurs abdominales, des troubles de la digestion ou de la présence de sang dans les selles. Les cancers sont principalement localisés sur le sigmoïde et à la jonction rectum-sigmoïde, puis, par fréquence décroissante, sur le côlon ascendant et sur le côlon transverse. Les tumeurs sont d'abord en forme de "quartier d'orange" (figure 2.3), puis évoluent pour englober la totalité de la circonférence de la paroi (2.4).

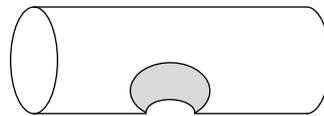


FIG. 2.3 – Carcinome ulcéro-bourgeonnant, en forme de quartier d'orange

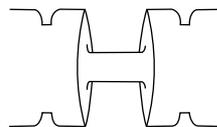


FIG. 2.4 – Carcinome circonférentiel

Les carcinomes sont diagnostiqués au cours d'une coloscopie ou par une des techniques d'imageries présentées ci-dessous. Leur traitement est en général chirurgical et consiste à supprimer la zone envahie par la tumeur. Après une opération, le pronostic de mort à 5 ans est estimé à 40% [71].

3. Tumeur maligne se développant sur un tissu épithélial.

### Diverticules

Les diverticules sont des poches de muqueuse passant à travers la couche musculaire de la paroi colique. Lorsqu'aucun symptôme n'est présent, les diverticules sont ignorés et ne sont détectés par hasard que lors d'une coloscopie. Ils peuvent cependant s'inflammer et donner lieu à une diverticulite. Le traitement d'une diverticulite n'est pas chirurgical, sauf en cas de récurrence où la résection du sigmoïde peut être nécessaire.

## 2.3 Imagerie du côlon

Chronologiquement, la première technique d'imagerie du côlon est le lavement radio-opaque. Un produit radio-opaque, habituellement du sulfate de baryum, est introduit dans le côlon et une série d'images radiographiques est acquise. Cette série d'images est réalisée afin que l'ensemble du côlon puisse être examiné. Lors de ce type d'examen, le côlon n'étant pas distendu, peu de détails sont visibles. Une extension de ce type d'acquisition, appelée lavement en double contraste, consiste à distendre le côlon en injectant de l'air après le produit radio-opaque.

L'utilisation de l'imagerie tri-dimensionnelle a permis d'améliorer la visualisation du côlon. En effet, contrairement aux lavements radio-opaques, une seule image est acquise, qui représente la totalité du côlon. Avant l'acquisition, le colon est distendu, afin de pouvoir observer l'ensemble des structures. Afin d'obtenir un contraste maximum entre la lumière et la paroi, la distension ne se fait pas de la même façon pour les images IRM et TDM. En TDM, de l'air est injecté dans le côlon, comme au cours d'une coloscopie. L'air ayant un signal très faible, la lumière est sombre par rapport aux structures environnantes. En IRM, de l'eau, additionnée d'un produit de contraste, est injectée. Classiquement, la lumière est plus brillante que la paroi et les structures environnantes, ce qui donne un contraste inversé par rapport aux images TDM. Une technique d'IRM plus récente, appelée *lumière sombre* (*dark lumen* en anglais) permet d'obtenir un contraste similaire aux images TDM [51].

Pour chacune des techniques d'imageries présentées ici, une préparation préalable du côlon est nécessaire, afin qu'aucun résidu ne soit présent sur la paroi lors de l'examen. Cette préparation consiste en un régime spécifique pouvant durer plusieurs jours et l'absorption d'un laxatif la veille de l'examen. Ce traitement purgatif étant assez mal accepté par les patients [35], des techniques permettant de réduire cette purge ont été mises en place. Elles se basent sur le marquage des matières fécales (*fecal tagging*) par absorption d'une solution de baryum couplé à un régime sans fibre durant les quelques jours qui précèdent

l'examen. Ce type de marquage permet de diminuer l'inconfort de l'acquisition ressenti par les patients [53].

## **2.4 Conclusion**

Cette introduction à l'anatomie, aux pathologies et à l'imagerie du côlon permet de mieux cibler la problématique et les objectifs de cette thèse. La mobilité du côlon dans l'abdomen montre la difficulté d'analyse à laquelle les radiologues et les gastro-entérologues peuvent être confrontés. Cette mobilité, couplée à une forte variabilité anatomique et à la difficulté du diagnostic, motive l'assistance par un système automatique ou semi-automatique, que ce soit pour la détection de pathologies ou pour la navigation à l'intérieur de la lumière.

La base de test que nous avons utilisée est composée d'images TDM et IRM, celles-ci étant acquises en "lumière claire", soit avec un contraste opposé aux images TDM. Nous disposons de 23 images TDM et de 40 images IRM. Dans la plupart des cas, chaque patient a subi deux acquisitions, l'une sur le dos, l'autre sur le ventre.

En raison de la zone anatomique à acquérir – du bas du foie jusqu'au rectum, et sur la totalité des axes avant-arrière et gauche-droite de l'abdomen – les images sont de grande taille. Les images TDM sont typiquement de taille  $512 \times 512 \times 550$ , avec des voxels de taille  $0,88 \times 0,88 \times 0,7$  mm. Les images IRM sont quant à elles typiquement de taille  $512 \times 512 \times 150$  avec des voxels de taille  $0,88 \times 0,88 \times 2$  mm. Cela représente respectivement une occupation en mémoire de 37,5 Mo et 137,5 Mo pour des images en 8 bits (256 niveaux de gris) et de 75 Mo et 275 Mo pour des images en 16 bits (65536 niveaux de gris).

## Chapitre 3

# Segmentation de la lumière du côlon

CE CHAPITRE présente deux méthodes de segmentation de la lumière du côlon, basées sur des critères photométriques de l'image. La première est un seuillage global de l'image, et la seconde est un seuillage local, par propagation. Plusieurs critères de propagation sont ensuite comparés afin de déterminer le plus stable sur les images de la base de test.

### 3.1 Travaux existants

La littérature concernant la segmentation du côlon à partir d'images IRM est peu conséquente. À notre connaissance, seul un article [50] mentionne la segmentation du côlon à partir d'images IRM, à l'aide d'une ligne de partage des eaux, dont le résultat est lissé par un contour actif.

Pour les images TDM, plus de sources sont disponibles [17, 55, 91, 92, 96, 106]. Dans chacun de ces articles, le mode d'acquisition est similaire : le côlon est préparé avant acquisition, de telle manière que les matières fécales résiduelles soient fluidifiées et marquées, apparaissant donc comme très brillantes sur les images. L'acquisition est réalisée après avoir rempli le côlon d'air ou de dioxyde de carbone, afin de le distendre. La lumière du côlon peut alors être divisée en trois types de voxels : ceux correspondant au gaz, ceux correspondant aux fluides, et ceux provenant de l'effet de volume partiel. Les algorithmes existants vont donc segmenter ces trois régions.

Les algorithmes existants de segmentation du côlon respectent le schéma général suivant :

- suppression éventuelle du fond [106, 17, 55],
- segmentation en parallèle des différentes régions (gaz, fluide, voxels dans les zones de volume partiel) [17, 55, 54, 96], ou suite de segmentations séquentielles de ces mêmes régions [106, 91],

- post-traitement pour corriger les erreurs de segmentation [17, 91, 96].

La première étape de suppression du fond a pour but d'accélérer les calculs des étapes suivantes en ne considérant que les voxels qui font partie du corps du patient. Les images TDM étant cadrées assez largement, la proportion du temps passé à segmenter les voxels hors du corps est assez importante. Wyatt *et al.* effectuent cette suppression par une croissance de régions à partir des coins de l'image [106] et Liang *et al.* [55] ainsi que Chen *et al.* [17] se basent également sur une croissance de régions, mais en partant d'un voxel appartenant à la peau, trouvé par seuillage.

La seconde étape, la segmentation à proprement parler, peut être réalisée soit de manière parallèle, soit de manière séquentielle. L'approche parallèle est généralement effectuée par une classification des voxels : à partir d'une analyse en composantes principales du voisinage des voxels, Chen *et al.* classifient les voxels en quatre classes par un algorithme non supervisé de quantification [17], Liang *et al.* [55] ainsi que Li *et al.* [54] utilisent une approche de type MAP (maximum a posteriori) pour une segmentation en six classes. Cette approche parallèle peut aussi être effectuée par croissance de régions : en utilisant des contraintes de position, Summers *et al.* [96] segmentent parallèlement le gaz et les fluides par une croissance de régions avec un critère de propagation basé sur un seuillage à des intensités fixes.

Les algorithmes ayant un schéma séquentiel sont basés sur la croissance de régions. Après une segmentation grossière par un seuillage global des zones de gaz, Wyatt *et al.* [106] commencent la segmentation du gaz au point le plus loin du bord et propagent selon un critère fixe d'intensité. Si la propagation s'arrête avant un nombre d'étapes spécifié par l'utilisateur, l'objet segmenté n'est pas suffisamment longiligne pour être le côlon et une seconde graine est choisie. Une détection des zones à la frontière entre le gaz et les fluides est ensuite réalisée par des critères de courbure et de surface, et la segmentation des fluides est effectuée par une seconde étape de croissance de régions, propagée selon un critère d'intensité locale. Sato *et al.* [91] utilisent un critère de propagation basé sur une intensité globale calculée à partir de l'histogramme de l'image, et commencent la propagation à la frontière entre le gaz et les fluides. Cette frontière est calculée par un filtre vertical construit de telle manière que le voxel au dessus du filtre ait une intensité inférieure au seuil du gaz, que le voxel au dessous du filtre ait une intensité supérieure au seuil des fluides, et que les intensités des voxels entre les extrémités soient comprises entre ces deux seuils.

Cette étape pouvant ne pas être suffisante pour obtenir une segmentation correcte, un post-traitement peut être nécessaire. Chen *et al.* [17] utilisent un algorithme par croissance de régions pour différencier les poumons de la lumière du côlon, suivi de critères de courbure et de position pour mieux classifier les voxels à la frontière entre le gaz et les fluides. Sato *et al.* [91] améliorent

la segmentation de la paroi colique par une propagation dans l'image du gradient : les voxels segmentés en tant que paroi qui ne sont pas des maxima locaux du gradient sont propagés jusqu'à ce qu'ils le deviennent, la paroi apparaissant sur leurs images avec un fort gradient. Summers *et al.* [96] relâchent les critères de leur phase de segmentation, et refont une étape de segmentation à partir des frontières entre le gaz et les fluides.

Parallèlement à ces approches, Serlie *et al.* [92] proposent un modèle de l'effet de volume partiel entre trois matériaux, pour mieux segmenter les voxels aux frontières entre le gaz, les tissus et les fluides.

## 3.2 Segmentation par seuillage global

Le contraste étant élevé aussi bien sur nos images TDM qu'IRM, la première approche a été un seuillage global de l'image. Si l'histogramme de l'image présente un pic bien défini correspondant à la lumière du côlon, ce seuillage peut être suffisant.

### 3.2.1 Cas des images IRM

#### Histogramme des images IRM

L'histogramme présenté en figure 3.1 est un histogramme typique d'une image IRM, après suppression des voxels d'intensité 0. Ces voxels sont situés hors de la zone d'acquisition et peuvent donc ne pas être pris en compte dans notre traitement. En abscisse se trouvent les intensités des voxels, en ordonnée le nombre de voxels ayant cette intensité.

Le pic à droite de l'image correspond aux voxels les plus brillants, ici ceux de la lumière du côlon, qui est remplie de produit de contraste. Comme on le verra par la suite, ce pic peut être facilement détecté, pour fournir une segmentation de la lumière. Le pic de gauche correspond au reste des structures anatomiques.

#### Méthode de segmentation

Cette méthode se base sur la détection du pic le plus à droite de l'histogramme. Ce pic est détecté par une recherche de maximum local sur l'histogramme, en partant des intensités les plus hautes. Pour atténuer le bruit de l'histogramme, nous lui appliquons au préalable un lissage linéaire. Les vallées de part et d'autre de ce pic sont ensuite détectées pour réaliser le seuillage.

Deux types de lissage ont été testés : un lissage moyenneur de taille  $2n + 1$  dans lequel tous les poids sont égaux à  $\frac{1}{2n+1}$ , et un lissage gaussien de taille 3,

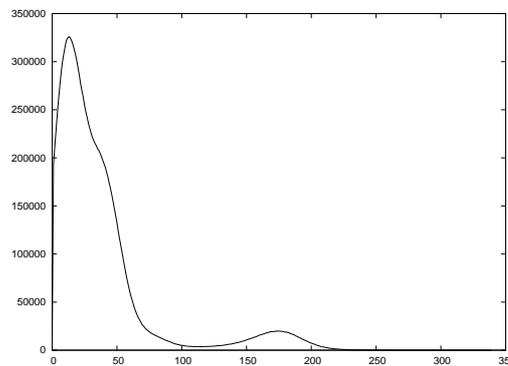


FIG. 3.1 – Histogramme typique d'une image IRM

pour lequel les poids sont  $[\frac{1}{4}, \frac{1}{2}, \frac{1}{4}]$ , répété  $n$  fois. Lorsque le lissage moyennneur est suffisamment large, les résultats sont similaires.

Dans le cas du lissage gaussien seules les valeurs aux bords de l'histogramme ne pourront pas être lissées, contrairement aux  $n$  valeurs aux deux extrémités pour le filtre moyennneur. Nous avons donc choisi d'utiliser ce lissage.

La détection du pic se fait par une recherche de maximum local sur l'histogramme  $h$  en partant de l'intensité maximale  $I_{max}$ . Deux cas sont possibles pour cette recherche de maximum : soit le maximum est bien défini, soit il est situé dans un plateau :

- si  $h(x) > h(x-1)$  et  $h(x) > h(x+1)$ ,  $x$  est un maximum local bien défini ;
- si  $h(x) = h(x-1)$  ou  $h(x) = h(x+1)$ ,  $x$  fait partie d'un plateau, et le maximum est positionné au milieu de ce plateau.

Dans le second cas, un maximum est détecté seulement si une des extrémités du plateau décroît : si les deux extrémités croissent, le plateau est situé dans une cuvette et ne doit pas être considéré comme un maximum.

Les vallées à gauche et à droite du pic sont détectées en se basant sur la dérivée de l'histogramme. La dérivée est approximée simplement par  $h'(x) = \frac{h(x+1)-h(x)}{2}$ , et les vallées sont repérées par une annulation de cette dérivée. De façon similaire à la recherche du pic, trois cas sont alors possibles, selon que l'annulation ait lieu en un point, sur un intervalle ou, en raison du caractère discret de l'histogramme, entre deux points.

La recherche des vallées va donc comporter trois critères, testés en chaque point  $x$  du domaine de l'histogramme :

- $h'(x) = 0$  et  $h'(x-1) \neq 0$  et  $h'(x+1) \neq 0$  : on se trouve dans le premier cas, l'annulation apparaît clairement sur l'histogramme, et la vallée est bien positionnée ;

- $h'(x) = 0$  et soit  $h'(x-1) = 0$  soit  $h'(x+1) = 0$  : il existe une zone où la dérivée s'annule et la vallée est positionnée au milieu de cette zone ;
- $h'(x) \neq 0$  et soit  $h'(x) \times h'(x-1) < 0$  soit  $h'(x) \times h'(x+1) < 0$  : l'annulation se fait entre deux points de l'histogramme, en raison du caractère discret de celui-ci, et la vallée est positionnée en  $x$ .

La recherche des deux vallées s'effectue par un algorithme similaire à celui décrit ci-dessus, le point de départ de la recherche étant le pic, la vallée à gauche est cherchée dans le sens des intensités décroissantes, et la vallée à droite est cherchée dans le sens des intensités croissantes.

Les voxels dont l'intensité est située entre les deux vallées sont conservés, les autres sont supprimés. La figure 3.2 présente les deux étapes de cette méthode de segmentation.

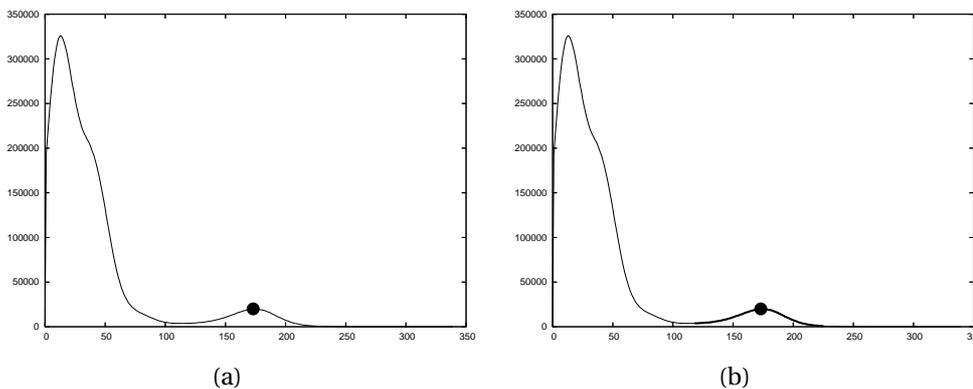


FIG. 3.2 – Segmentation du côlon sur une image IRM par seuillage global : (a) recherche du pic le plus à droite, (b) recherche des vallées.

Un seuillage global peut poser des problèmes de cohérence si le bruit présent dans l'image fait passer certains voxels dont l'intensité devrait être hors de l'intervalle de seuillage à l'intérieur de cet intervalle, et réciproquement. Un filtre basé sur la taille des composantes connexes de la figure est ensuite appliqué pour essayer de corriger ces erreurs.

Ce filtre va supprimer une composante connexe si le rapport entre sa taille, exprimée en nombre de voxels, et celle de la plus grande composante connexe est inférieur à un seuil prédéfini. Lorsque ce seuil est trop bas, trop de faux positifs sont gardés, lorsqu'il est trop haut, seules certaines parties d'un côlon déconnecté seront conservées. Deux valeurs de ce seuil ont été testées, l'une à 0,25, l'autre à 0,10.

### 3.2.2 Cas des images TDM

#### Histogramme des images TDM

L'histogramme des images TDM est très différent de celui des images IRM. La figure 3.3 présente un histogramme typique d'image TDM. Les unités en abscisse et en ordonnée sont les mêmes que pour les images IRM mais l'échelle en  $y$  est logarithmique. Les intensités de l'image sont ici décalées par rapport aux unités Hounsfield : l'intensité 0 correspond à  $-1000$  HU.

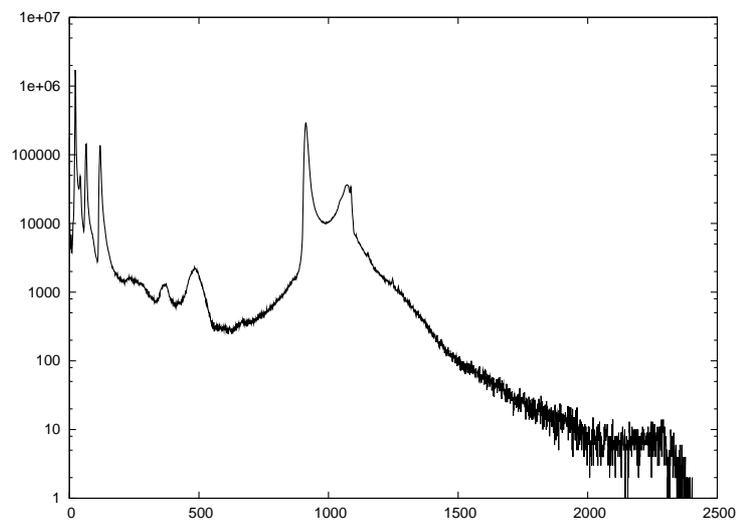


FIG. 3.3 – Histogramme typique d'une image TDM

Deux zones comportant un grand nombre de voxels sont présentes dans cet histogramme : la première vers les intensités faibles (entre  $-1000$  HU et  $-800$  HU, soit dans l'intervalle d'intensités  $[0, 200]$ ) qui correspond à l'air, et la seconde, centrée autour de 0 HU (intensités autour de 1000), correspondant à l'eau. La zone de l'air comprend les voxels du côlon, des poumons, et de l'air environnant le patient. La zone de l'eau est principalement constituée des tissus mous, et le reste des voxels (à partir d'une intensité de 200 HU) correspond en majorité aux os ainsi qu'aux zones contenant du produit de contraste.

#### Méthode de segmentation

La méthode de segmentation appliquée aux images TDM est similaire à celle des images IRM. La position du pic de l'histogramme est cependant plus stable sur la série d'images de notre base de test que pour les images IRM, et un seuillage fixe peut donc être utilisé. L'intervalle de ce seuillage est fixé entre

0 et 400, soit entre  $-1000$  HU et  $-600$  HU. L'air entourant le patient est ensuite supprimé par une méthode adaptée de celle de Wyatt *et al.* [106] : lorsqu'une composante connexe touche le bord de l'image, elle est supprimée – Wyatt *et al.* ne considèrent que les coins de l'image pour la suppression. Un filtre sur la taille des composantes connexes de la figure est ensuite appliqué, comme dans le cas des images IRM.

### **3.2.3 Résultats**

Sur les images IRM, le résultat par cette méthode est correct sur 68% des cas. Dans les cas restants, la segmentation échoue en raison d'une mauvaise détection du pic, qui se retrouve en un maximum local de l'histogramme que le lissage n'a pas supprimé. En augmentant la force du lissage, ces échecs disparaissent, mais d'autres apparaissent, le lissage supprimant trop de détails sur d'autres histogrammes pour que le pic soit correctement détecté. La phase d'élimination des composantes connexes est peu affectée par les variations de son paramètre : dans 67% des cas, le même nombre de composantes connexes est conservé, que le seuil de rapport de volume soit fixé à 0,25 ou à 0,10.

Sur les images TDM, le seuillage global n'est pas assez précis : le volume segmenté ne comporte pas assez de détails pour être représentatif de la lumière du côlon. Le problème n'est pas résolu en étendant l'intervalle du seuillage : trop de voxels n'appartenant pas à la lumière sont alors segmentés.

## **3.3 Segmentation par propagation**

Un seuillage global n'étant pas suffisant pour les images TDM, nous proposons une seconde approche, plus localisée : une propagation est réalisée à partir d'une graine, sur des critères photométriques. Les voisins d'un point déjà segmenté qui n'ont pas encore été parcourus seront eux aussi segmentés et propagés si leur intensité correspond au critère de propagation, et la propagation s'arrête lorsque plus aucun point n'est à parcourir.

### **3.3.1 Choix du critère**

Le critère retenu pour la propagation est photométrique : un point est propagé si son intensité est comprise dans un intervalle. Cet intervalle est centré autour d'une valeur égale à la moyenne des intensités de l'ensemble des points propagés, et sa largeur dépend uniquement de l'image. La position de l'intervalle varie donc au cours de sa segmentation, tandis que sa largeur reste fixe. L'utilisation de la moyenne permet de réduire les effets du bruit dans l'image

sur la propagation, tandis que la largeur de l'intervalle contrôle l'étendue de la propagation. Nous avons utilisé plusieurs critères pour déterminer la largeur de l'intervalle.

### Largeur de l'intervalle dépendant de la dynamique de l'image

Dans un premier temps, nous avons fixé la largeur  $\ell$  de l'intervalle par rapport à la dynamique de l'image,  $\ell = k \times (I_{\max} - I_{\min})$ , où  $I_{\max}$  et  $I_{\min}$  sont respectivement les intensités maximales et minimales dans l'image, et où  $k$  représente la tolérance.

Des disparités apparaissent pour les images scanners, et sont reliées au protocole d'acquisition des images : lorsqu'un produit de contraste est injecté, certaines zones de l'image deviennent très brillantes, et la valeur de  $k$  doit donc être ajustée pour tenir compte de ce type d'acquisition. Les images avec produit de contraste pourraient être traitées avec une autre valeur de tolérance pour résoudre le problème, cependant, même sur des images sans produit de contraste, certains artefacts peuvent apparaître lors de l'acquisition, causant également des zones brillantes.

Sur notre base de test, les intensités maximales des images varient entre 1471 et 4095 – soit entre 471 HU et 3095 HU – avec une moyenne  $\mu = 3262$  et un écart-type  $\sigma = 714,65$ . La valeur de tolérance devra donc fortement varier pour donner une même largeur d'intervalle.

### Variabilité des attributs photométriques sur les images IRM et TDM

La variabilité inter-images de l'intensité maximale étant très forte, à la fois sur les images IRM et TMD, nous avons comparé cette variabilité à quatre autres attributs : deux calculs de moyenne  $\mu_1$  et  $\mu_2$  et deux calculs de médiane  $m_1$  et  $m_2$  des intensités de voxels de l'image.

La moyenne  $\mu_1$  est la moyenne des intensités de tous les voxels de l'image, tandis que la moyenne  $\mu_2$  est la moyenne des intensités des voxels n'ayant pas une intensité nulle. Les définitions de  $m_1$  et  $m_2$  sont similaires, à la différence que la médiane est utilisée à la place de la moyenne.

Les deux attributs  $\mu_2$  et  $m_2$  permettent de ne pas prendre en compte l'extérieur de la zone d'acquisition, présente dans l'image mais ne contenant aucune donnée. On s'abstrait ainsi des "problèmes de cadrage", la zone occupée par le patient n'étant pas constante.

En théorie, ces deux attributs ne prennent pas en compte l'air présent sur les images, qui ne génère pas de signal dans les deux modalités. Sur nos deux bases de test, on s'aperçoit cependant que l'intensité de l'air n'est jamais exactement égale à 0 : le nombre de voxels dans la zone d'acquisition ayant une

intensité nulle est relativement faible comparé au nombre de voxels hors de la zone d'acquisition. Ces deux critères sont donc bien représentatifs des images.

Les tableaux 3.1, 3.2, 3.3 et 3.4 présentent pour chacun de ces attributs les valeurs minimales et maximales, la moyenne  $\mu_A$ , l'écart-type  $\sigma_A$  et le coefficient de variation  $V_A = \frac{\sigma_A}{\mu_A}$ . Ce coefficient de variation est un indice de la stabilité d'un attribut sur l'ensemble des images : plus il est proche de 0, plus l'attribut est stable d'une image à l'autre. Les données sont présentées pour les images TDM et IRM, et pour des images brutes et pour des images ayant subi un filtrage non linéaire [80] pour atténuer le bruit. Pour ce filtrage, le paramètre de conductance est fixé à 3, le pas de temps à 0,0625 et le nombre d'itérations à 15.

Attribut	$\min_A$	$\max_A$	$\mu_A$	$\sigma_A$	$V_A$
$I_{\max}$	2471	4096	3261,57	714,65	0,22
$\mu_1$	327	536	431,65	56,57	0,13
$\mu_2$	396	578	476,57	49,39	0,10
$m_1$	36	509	120,13	112,42	0,94
$m_2$	62	882	208,70	224,39	1,08

TAB. 3.1 – Variabilité des attributs photométriques des images TDM non filtrées

Attribut	$\min_A$	$\max_A$	$\mu_A$	$\sigma_A$	$V_A$
$I_{\max}$	2168	4094	3081,61	829,1	0,27
$\mu_1$	322	529	425,43	56,44	0,13
$\mu_2$	380	558	460,26	46,88	0,10
$m_1$	24	382	106,65	86,35	0,81
$m_2$	63	907	184,78	230,23	1,25

TAB. 3.2 – Variabilité des attributs photométriques des images TDM filtrées

L'attribut le plus stable sur les images TDM est la moyenne sans 0 ; sur les images IRM, il s'agit de l'intensité maximale. La médiocrité de la mesure de médiane – prenant en compte les voxels d'intensité nulle – sur les deux types d'acquisition peut s'expliquer par la grande différence entre la zone d'acquisition et l'image totale : comme on le voit sur la figure 3.4, la zone d'acquisition (le nuage de points) n'occupe pas la totalité de l'image (le cadre), et un grand nombre de voxels de l'image sont à 0, ce qui décale la médiane vers 0.

La médiocrité de la médiane sans 0 sur les images TDM s'explique de façon similaire : l'air environnant le patient n'est pas à 0 comme mentionné ci-

Attribut	$\min_A$	$\max_A$	$\mu_A$	$\sigma_A$	$V_A$
$I_{\max}$	249	426	338,6	41,74	0,12
$\mu_1$	9	22	15,05	2,4	0,16
$\mu_2$	25	50	39,18	5,63	0,14
$m_1$	0	0	0	0	
$m_2$	15	38	26,13	5,47	0,21

TAB. 3.3 – Variabilité des attributs photométriques des images IRM non filtrées

Attribut	$\min_A$	$\max_A$	$\mu_A$	$\sigma_A$	$V_A$
$I_{\max}$	223	377	299,35	37,6	0,13
$\mu_1$	8	22	14,53	2,5	0,17
$\mu_2$	20	44	34,5	5,57	0,16
$m_1$	0	5	0,13	0,79	6,32
$m_2$	12	35	22,3	5,68	0,25

TAB. 3.4 – Variabilité des attributs photométriques des images IRM filtrées

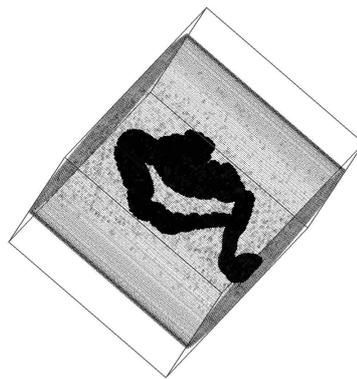


FIG. 3.4 – Cadrage de la zone d'acquisition dans l'image totale, pour une image TDM

dessus, mais comporte des valeurs très basses – typiquement inférieures à 100, soit –900 HU. Cette zone variant fortement en fonction des paramètres d’acquisition et de la morphologie du patient, la mesure de médiane sans 0 en est affectée. Pour les images IRM, cette zone est moins grande sur l’ensemble de notre base de test, et son impact est donc moins important.

### 3.3.2 Placement des graines

Le placement des graines dans les algorithmes de propagation peut être manuel ou automatique. Les seuls travaux – à notre connaissance – de placement automatique de graines pour la segmentation de la lumière du côlon à partir d’images TDM sont ceux de Wyatt *et al.* [106], où la graine est placée dans une zone allongée, après une segmentation par un seuillage fixe.

Nous avons utilisé un placement manuel des graines : bien que donnant une méthode de segmentation semi-automatique, un faible nombre de graines suffit à donner une segmentation complète du côlon dès lors que l’intervalle de propagation est correctement choisi.

### 3.3.3 Résultats sur les images TDM

En utilisant un intervalle de largeur  $0,4 \times \mu_2$  pour les images TDM, aucune sur- ou sous-segmentation n’apparaît dans 70% des cas sur notre base de test. Dans 43% des cas, une seule graine suffit à segmenter la totalité de la lumière. Les cas restants se répartissent en deux catégories : ceux où le côlon est mal distendu, et où une déconnexion est présente sur l’image, et ceux où la largeur de l’intervalle est mal choisie. Dans ces cas où une seule graine ne suffit pas, un seul correspond à une largeur d’intervalle mal choisie, les autres présentant une déconnexion visible du côlon.

### 3.3.4 Résultats sur les images IRM

En utilisant un intervalle de largeur  $0,15 \times I_{\max}$  pour les images IRM, aucune sur- ou sous-segmentation n’apparaît dans 79% des cas sur notre base de test. Cependant, seuls 13% des cas sont segmentés correctement par une seule graine. Les cas restants correspondent à des côlons déconnectés dans 69% des cas, et à des inhomogénéités et des zones floues dans 31% des cas. L’augmentation de la largeur de l’intervalle permettrait de réduire le nombre de mauvaises segmentations dues à des inhomogénéités dans l’image, mais au prix d’une sur-segmentation dans certains des cas.

### 3.4 Segmentation par lignes de niveau

Nous avons également testé l'utilisation de lignes de niveau *level sets* [93] pour segmenter la lumière du côlon. Les résultats obtenus sont cependant similaires à ceux de la segmentation par propagation, au prix d'un temps d'exécution largement supérieur. Cette méthode n'a donc pas été retenue.

### 3.5 Conclusion

Nous avons présenté et comparé deux méthodes de segmentation de la lumière du côlon par des critères photométriques. Dans un premier temps, nous avons proposé un seuillage global, l'intervalle de seuillage variant en fonction de l'image à segmenter pour les images IRM et étant fixe pour les images TDM.

Après avoir comparé la stabilité de plusieurs critères photométriques sur les images de notre base de test, nous présentons une seconde méthode de segmentation basée sur une croissance de régions. Le critère de croissance est un critère d'intensité : un point est propagé si son intensité est comprise dans un intervalle centré sur l'intensité moyenne des points déjà propagés, et de largeur  $0,15 \times I_{\max}$  pour les images IRM et  $0,4 \times \mu_2$  pour les images TDM.

La première méthode donne des résultats corrects sur 68% des images IRM de notre base de test, tandis que la seconde méthode est préférable pour les images TDM, où le taux de segmentations correctes est de 70%.

La méthode par seuillage global est totalement automatique, tandis que la méthode par seuillage local, bien qu'automatisable, a besoin d'une graine, indiquée par l'utilisateur. Peu de graines étant nécessaires pour obtenir une segmentation complète de la lumière, une méthode automatique de placement des graines telle celle de Wyatt *et al.* [106] ne nous semble pas obligatoire.

## Chapitre 4

# Éléments de topologie discrète

CE CHAPITRE présente certains éléments de topologie discrète, nécessaires aux algorithmes d'extraction du chemin central du colon, detailles dans le chapitre suivant.

Nous presenterons dans un premier temps les notions de topologie classique et de topologie discrete servant de base a la caracterisation des points simples, puis nous decrirons differents algorithmes de squelettisation.

La notion de topologie dans une image discrete est assez eloignee de la notion de topologie qu'on trouve dans un espace euclidien (par exemple  $\mathbb{R}^3$ ) : du fait du caractere discret de l'image, le voisinage ne peut pas etre un ouvert infinitesimal, et les notions de voisin ainsi que de courbes ou de surfaces fermees doivent donc etre redefinies. On ne parlera ici que de grilles cubiques – donc d'images echantillonnees sur  $\mathbb{Z}^n$ . D'autres grilles d'echantillonnage peuvent etre utilisees : il suffit que le bloc de base puisse paver l'espace. On peut donc utiliser une grille hexagonale en deux dimensions (figure 4.1), et une grille a base d'octaedres tronques ou de cuboctaedres en trois dimensions. Cependant, pour des raisons d'affichage et d'organisation en memoire dans les ordinateurs, les grilles cubiques sont – malgre les problemes qui vont etre evoques ci-dessous – devenues le standard en traitement d'images. On se reportera a l'etude realisee par Kong et Rosenfeld [46] pour une description tres complete des concepts de base.

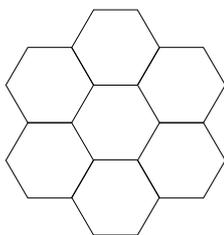


FIG. 4.1 – Grille hexagonale : un seul type de voisin

## 4.1 Voisinage et connexité

Lorsque le plan est pavé par des carrés, ceux-ci ont deux types de voisins immédiats : ceux adjacents par une face, et ceux adjacents par un sommet.

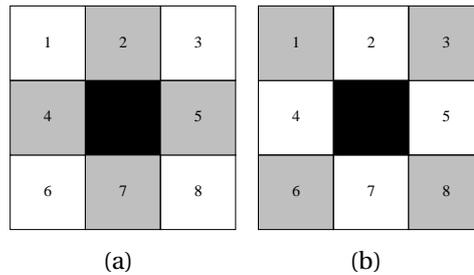


FIG. 4.2 – Adjacence dans une grille carrée, (a) par une face, (b) par un sommet.

Sur la figure 4.2, les points numérotés 2, 4, 5 et 7 forment le *4-voisinage*, en y ajoutant les points 1, 3, 6 et 8, on obtient le *8-voisinage*. Deux points sont alors dits *n*-adjacents si l'un est dans le *n*-voisinage de l'autre, pour  $n = 4$  ou  $n = 8$ .

Le voisinage étant défini, on peut maintenant introduire la notion de chemin : un *chemin n-connexe* (ou *n-chemin*) est une suite de points  $p_0, \dots, p_k$  telle que  $p_i$  et  $p_{i+1}$  sont *n*-adjacents, pour  $i = 0, \dots, k - 1$ . Le chemin est dit *simple* si chaque point est adjacent seulement à son successeur et à son prédécesseur (un chemin simple ne se recoupe donc pas). Le chemin est dit *fermé* si  $p_0 = p_k$ .

Dans  $\mathbb{R}^2$ , le théorème de Jordan stipule qu'une courbe fermée simple divise le plan en deux domaines, l'intérieur et l'extérieur. Dans le cas discret, en fonction des connexités choisies pour l'objet et pour le fond, ce théorème peut ne plus être vérifié. La figure 4.3 montre un tel contre-exemple : en considérant la 8-connexité pour l'objet et la 4-connexité pour le fond, on obtient un chemin 8-connexe divisant bien le fond en deux composantes distinctes. Si on considère également la 8-connexité pour le fond, on n'a plus qu'une seule composante connexe du fond, malgré la présence d'une courbe fermée simple. De la même façon, en considérant la 4-connexité pour l'objet et la 8-connexité pour le fond, l'objet est divisé en quatre composantes connexes, et le fond est en un seul morceau. Par contre, en considérant la 4-connexité pour l'objet et pour le fond, on obtient deux composantes pour le fond, sans qu'il y ait de courbe fermée simple. Il est donc nécessaire de choisir des connexités différentes pour la figure et pour le fond.

Ces notions sont facilement transposables en trois dimensions : deux cubes peuvent être voisins par une face, par une arête ou par un sommet. Le 6-voisinage d'un cube est formé par les cubes qui le touchent par une face. En y ajou-

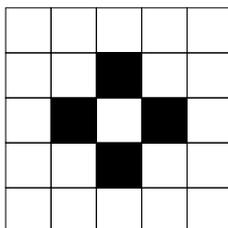


FIG. 4.3 – Non-validité du théorème de Jordan dans un espace discret 2D selon les connexités choisies

tant ceux qui le touchent par une arête, on obtient le 18-voisinage, et en y ajoutant ceux qui le touchent par un sommet, on obtient le 26-voisinage (voir figure 4.4).

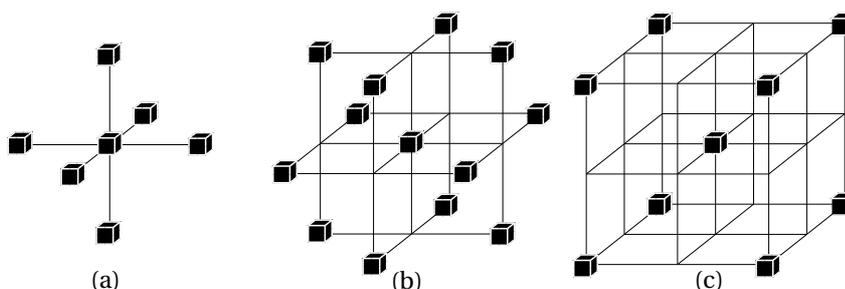


FIG. 4.4 – Adjacence dans une grille cubique (a) par une face, (b) par une arête, (c) par un sommet.

De même façon qu'en deux dimensions, si les connexités pour l'objet et pour le fond ne sont pas choisies correctement, des cas apparaissent où le théorème de Jordan n'est pas vérifié. Si on étudie les différents couples de connexités ne prenant pas en défaut ce théorème, on remarque que la 6-connexité est toujours présente, soit pour l'objet, soit pour le fond : le choix des "bonnes connexités" ne se fait donc pas au hasard. Bien que les couples (6,26) ou (26,6) soient les plus communément utilisés, les couples (6,18) et (18,6) sont également valides.

## 4.2 Formalisation en $n$ dimensions

Une première version discrète du théorème de Jordan se basant uniquement sur des propriétés de topologie discrète a été établie par Khalimsky *et al.*

[42] en deux dimensions et par Kopperman *et al.* [47] pour la version en trois dimensions.

### 4.2.1 Cellules et décomposition cellulaire

Se basant sur les résultats de Kovalevsky sur les complexes cellulaires [48], Malandain a prouvé l'équivalence entre les connexités du plan numérique et celles définies dans un espace continu, puis a donné une caractérisation des couples corrects de connexités [63].

Une  $k$ -cellule de  $\mathbb{R}^n$  est définie comme un sous-ensemble de  $\mathbb{R}^n$  ayant pour forme  $c = I_1 \times \dots \times I_n$ , tel que :

- $I_i$  est soit de la forme  $]z_i, z_i + 1[$ , soit de la forme  $\{z_i\}$ ,
- $z_i \in \mathbb{Z}$ ,
- $k$  ensembles  $I_i$  sont de la forme  $]z_i, z_i + 1[$ , et  $n - k$  sont de la forme  $\{z_i\}$ .

La dimension d'une  $k$ -cellule vaut  $k$ . Les  $n$ -cellules sont les voxels<sup>1</sup> d'une image, tandis que les 0-cellules sont les sommets de ces voxels. Le tableau 4.1 présente les cellules de  $\mathbb{R}^2$  et de  $\mathbb{R}^3$ .

L'étoile ouverte d'une  $k$ -cellule  $c$  est le plus petit ouvert contenant  $c$  dans la topologie d'Alexandrov, c'est-à-dire  $\text{St}(c) = J_1 \times \dots \times J_n$ , où

- $J_i = I_i$  si  $I_i = ]z_i, z_i + 1[$ ,
- $J_i = ]z_i - 1, z_i + 1[$  si  $I_i = \{z_i\}$ .

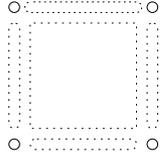
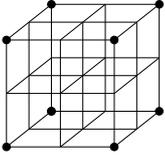
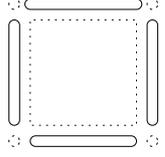
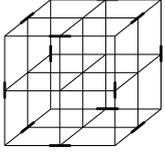
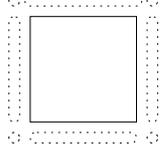
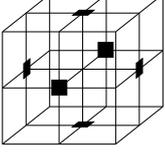
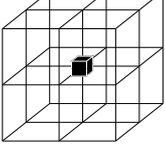
L'étoile ouverte d'une  $k$ -cellule  $c$  contient la cellule  $c$  ainsi que toutes les  $\ell$ -cellules adjacentes à  $c$  telles que  $k \leq \ell \leq n$ . Les étoiles ouvertes des cellules de  $\mathbb{R}^2$  sont présentées dans le tableau 4.2.

### 4.2.2 Choix des couples de connexité en $n$ dimensions

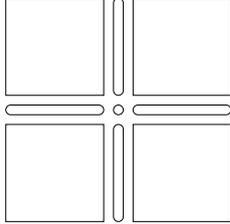
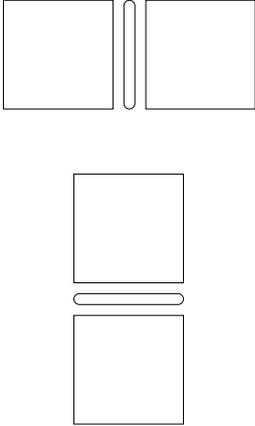
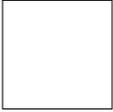
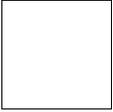
L'étoile ouverte va permettre de définir une connexité discrète de façon non-ambigüe, et ce quelle que soit la dimension : soient deux voxels (c'est-à-dire des  $n$ -cellules)  $c_1$  et  $c_2$ . Ils sont dits  $k$ -connexes s'il existe une  $k$ -cellule  $c$  telle que  $c_1 \in \text{St}(c)$  et  $c_2 \in \text{St}(c)$ . Les équivalences entre les connexités discrètes définies par Malandain et les connexités "classiques" sont données dans le tableau 4.3.

À partir de ces connexités discrètes, il a été prouvé [63] qu'un couple de connexités pour l'objet et pour le fond en dimension  $n$  doit contenir la  $(n - 1)$ -connexité pour être valide (c'est-à-dire vérifier le théorème de Jordan). L'autre connexité est habituellement la 0-connexité. Par conséquent, dans  $\mathbb{R}^2$ , on utilisera les couples (4, 8) ou (8, 4), et dans  $\mathbb{R}^3$ , les couples (6, 26) ou (26, 6).

1. Le terme *voxel* est ici pris dans un sens générique, quelle que soit la dimension de l'image.

(a)			(b)		
$k$	Cellule	Rôle	$k$	Cellule	Rôle
0		Sommet	0		Sommet
1		Arête	1		Arête
2		Face	2		Face
			3		Volume

TAB. 4.1 –  $k$ -cellules de (a) $\mathbb{R}^2$  et de (b) $\mathbb{R}^3$

$k$	Cellule $c$	Étoile ouverte $St(c)$
0	◦	
1		
2		

TAB. 4.2 – Étoiles ouvertes des cellules de  $\mathbb{R}^2$

Domaine	Connexité discrète [63]	Connexité “classique”
$\mathbb{R}^2$	0	8
	1	4
$\mathbb{R}^3$	0	26
	1	18
	2	6

TAB. 4.3 – Équivalences entre les connexités

## 4.3 Chemins et composantes connexes

En topologie classique, un *chemin* dans un espace topologique  $(X, T)$  est une application continue de  $[0, 1]$  dans  $X$ . Par abus de langage on pourra également appeler *chemin* l'image de cette application. Un espace topologique  $(X, T)$  est dit *connexe par arcs* si pour tout couple de points de cet espace, il existe un arc les reliant. Une *composante connexe par arcs* est un sous-ensemble maximal  $Y$  de  $X$  tel que le sous-espace topologique associé à  $Y$  est connexe par arcs.

En topologie discrète, les composantes connexes d'une figure sont construites par croissance de région : on propage un point source dans l'objet suivant la connexité choisie. En appliquant cet algorithme en chaque point de l'image qui n'a pas encore été parcouru, on obtient l'ensemble des composantes connexes d'une image. Les algorithmes obtenus sont de complexité linéaire par rapport à la taille de l'image, celui de Suzuki *et al.* [98] étant parmi les plus efficaces.

La présence d'un chemin entre deux points sera détectée de façon similaire : on construit la composante connexe contenant une des extrémités du chemin. Si la seconde extrémité est située dans cette composante connexe, le chemin existe.

## 4.4 Cavité, trou et nombre de connexité

Le nombre de composantes connexes ne suffit pas pour décrire la topologie d'un objet multidimensionnel : un cube et un tore n'ont tous les deux qu'une seule composante connexe, mais le tore présente en son milieu un trou que le cube n'a pas. Le nombre de connexité, ainsi que le genre, permettent de caractériser ces différences topologiques.

### 4.4.1 Cavité, trou et tunnel

Une *cavité* est définie comme une composante connexe finie du fond. Elle est donc construite comme une composante connexe de la figure, mais en propageant les points à partir du fond. Ainsi, une sphère contient une cavité, un cube plein ou un tore plein n'en contiennent pas.

Une définition formelle du trou au milieu du tore est plus complexe : cette région ne peut pas être délimitée, contrairement à une composante connexe. Intuitivement, un trou est une structure qui empêche un objet d'être continûment déformable en un unique point. De façon plus formelle, un *trou* est une

structure topologique qui empêche un objet d'être contractile, c'est-à-dire homéotope à un de ses points [104] (figure 4.5).

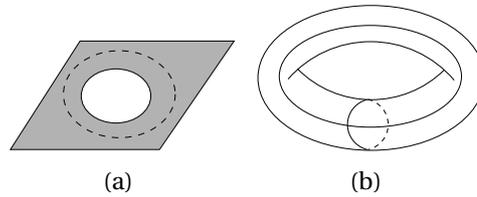


FIG. 4.5 – Exemples d'objets troués : (a) plan percé, (b) tore (creux).

Les *groupes d'homologie* permettent de mesurer les trous d'un objet. Ils sont constitués d'objets sans bord – plus précisément des classes d'équivalences de ces objets sans bord sous la relation d'homologie – et un groupe d'homologie de dimension  $n$  caractérise les trous de dimensions  $n$  d'un objet.

Dans le domaine de la modélisation topologique et du traitement d'image, le mot “trou” est généralement pris dans le sens de trou de dimension 1, caractérisé par un chemin non homotopique à un point. On retrouve donc la même définition que celle donnée par le groupe d'homologie de dimension 1.

Dans le cas d'une image de dimension 2, les notions de trou et de cavité sont confondues. Il est cependant important de faire la distinction en dimension 3. Dans la littérature, on trouvera parfois le mot *tunnel* à la place de trou, pour mieux le différencier de la notion de cavité.

#### 4.4.2 Nombre de connexité et genre

Le nombre de connexité  $\mathcal{Z}$  d'une surface est défini comme le nombre maximal de courbes fermées simples (pouvant s'intersecter) que l'on peut dessiner sur une surface sans séparer celle-ci en deux parties distinctes [84]. Pour une surface orientable, le genre  $g$  est alors défini par  $\mathcal{Z} = 2g$ .

Le nombre de connexité nous donne le nombre de trous de dimension 1 d'une surface orientable. Ainsi, pour un tore, en découpant le long des deux courbes fermées simples de la figure 4.5(b), on obtient un plan. En ajoutant une troisième courbe fermée simple le long de laquelle on découperait, le tore serait séparé en deux parties. Le nombre de connexité d'un tore est donc 2, tandis que son genre est 1. Le genre (ou le nombre de connexité de façon équivalente) permet de classer complètement les surfaces orientables. De plus, il est facilement calculable dans un espace discret, en se basant sur une décomposition cellulaire d'un objet, et présente donc un grand intérêt pour extraire la topologie d'informations uniquement géométriques.

### Équation d'Euler-Schläfli

L'équation d'Euler-Schläfli permet de caractériser les surfaces simplement connexes. Selon cette équation, une surface de dimension  $n$  est simplement connexe si

$$\sum_{i=0}^{n-1} (-1)^i N_i = 1 - (-1)^n,$$

où  $N_i$  représente le nombre de cellules de dimension  $i$ . Pour des surfaces de genre  $g$ , la formule a été adaptée par Poincaré :

$$S + A - F = \chi(g),$$

où  $S$ ,  $A$  et  $F$  sont respectivement le nombre de sommets, d'arêtes et de faces et où  $\chi(g)$  est la caractéristique d'Euler, soit  $\chi(g) = 2 - 2g$ . Cette caractérisation du genre donne une méthode assez simple pour pouvoir le calculer sur une image discrète.

### Genre 2D

Le genre d'un objet bidimensionnel  $X$  est donné par

$$G(X) = C(X) - H(X),$$

où  $C(X)$  et  $H(X)$  sont respectivement le nombre de composantes connexes de l'objet  $X$  et le nombre de trous <sup>2</sup> de  $X$ , c'est-à-dire le nombre de composantes connexes finies de  $\bar{X}$ . Ces deux quantités peuvent se calculer simplement par les méthodes mentionnées ci-dessus.

### Genre 3D

De façon similaire, le genre en trois dimensions est donné par

$$G(X) = C(X) - H(X) + \text{Cav}(X),$$

où  $H(X)$  et  $\text{Cav}(X)$  sont respectivement le nombre de trous de dimension 1 de l'objet et le nombre de cavités (composantes non infinies du fond) de l'objet [59].

### Calcul local du genre

Park et Rosenfeld [79] ont proposé une méthode locale de calcul du genre sur image tridimensionnelle. Cette méthode consiste à compter le nombre de certaines configurations présentes dans l'image, chacune de ces configurations participant au genre de l'objet.

---

2. La notation  $H$  vient ici de l'anglais *hole*.

## 4.5 Simplification de la géométrie

Pour certaines applications, la totalité de la géométrie de l'image n'est pas nécessaire. C'est par exemple le cas d'une aide à la navigation dans une structure tubulaire ou d'une application de classification. Il est alors avantageux, à la fois au niveau du temps de calcul et de l'occupation de la mémoire, de simplifier cette géométrie. Nous décrivons ici des telles méthodes, avec une contrainte supplémentaire, celle de la conservation de la topologie de l'image originale.

### 4.5.1 Simplicité

La simplification homotopique de la géométrie d'une image passe par la notion de point simple : un point est dit simple si sa suppression ne change pas globalement la topologie de l'image. Cette préservation concerne non seulement le nombre de composantes connexes, de cavités, et, le cas échéant de tunnels, mais aussi de leurs placements. La préservation seule du nombre n'est pas suffisante comme le montre la figure 4.6 : la suppression du point noir supprime un tunnel mais en crée un autre.

La préservation de la topologie peut être caractérisée localement, comme le montrent les différents critères montrés par la suite.

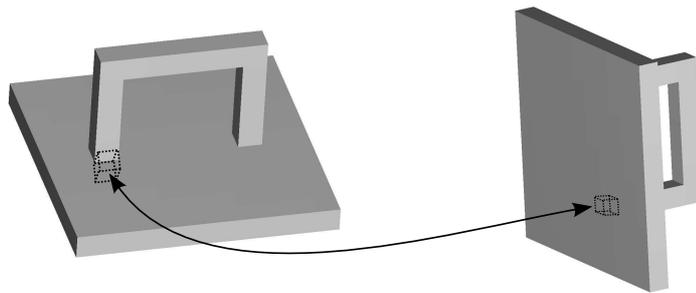


FIG. 4.6 – Exemple de figure où la suppression d'un voxel supprime un tunnel et en crée un autre

En deux dimensions, on pourra se référer à l'étude Lam *et al.* pour une description détaillée des différents critères de simplicité proposés jusqu'en 1992 [49].

### Points simples en 2D

La première caractérisation de la topologie apparait chez Rutovitz [88] qui définit le nombre de croisements (*crossing number*) par :

$$X_R(p) = \sum_{i=1}^8 |x_{i+1} - x_i|$$

où  $x_1, \dots, x_8$  sont les voisins, parcourus circulairement dans le sens horaire ou anti-horaire, du point  $p$ , avec la convention  $x_9 = x_1$ . Le nombre  $X_R(p)$  vaut 0 si  $p$  est un point intérieur, et est égal au double du nombre de composantes 4-connexes de l'objet dans le voisinage de  $p$  : le point  $p$  serait 8-simple si  $X_R(p) = 2$ .

Hilditch définit un critère similaire [40] :

$$X_H(p) = \sum_{i=1}^4 b_i$$

avec  $b_i = 1$  si  $x_{2i-1} = 0$  et soit  $x_{2i} = 1$ , soit  $x_{2i+1} = 1$ ,  $b_i$  valant 0 sinon ;  $n_1$  étant le voisin de droite de  $p$ . Avec ce critère,  $X_H(p) = 1$  signifie que le point  $p$  est 8-simple. Cette condition assure également que  $p$  est un point du contour de l'objet, ce que ne garantit pas le critère  $X_R(p) = 2$ .

Yokoi *et al.* [107] proposent un critère pour chaque connexité :

$$\begin{cases} N_c^8(p) &= \sum_{i=1}^4 (\overline{x_{2i-1}} - \overline{x_{2i-1}} \cdot \overline{x_{2i}} \cdot \overline{x_{2i+1}}) \\ N_c^4(p) &= \sum_{i=1}^4 (x_{2i-1} - x_{2i-1} \cdot x_{2i} \cdot x_{2i+1}) \end{cases}$$

Selon ces critères, un point  $p$  est  $n$ -simple si  $N_c^n(p) = 1$ .

Ces trois critères ont l'avantage d'être très rapides à évaluer, mais ne sont pas extensibles pour un point simple en trois dimensions. Les nombres topologiques, définis par Bertrand et Malandain [10] comblent cette lacune. En notant  $C_k^p(X)$  le nombre de composantes  $k$ -connexes d'un objet  $X$   $k$ -adjacentes à un point  $p$ , les nombres topologiques utilisant respectivement la 4- et la 8-connexité sont donnés par :

$$\begin{cases} T_4(p, X) = C_4^p(X \cap N_8^*(p)) \\ T_8(p, X) = C_8^p(X \cap N_8^*(p)) \end{cases},$$

où  $N_n^*(p)$  désigne le  $n$ -voisinage du point  $p$  privé de  $p$ . On notera que le nombre topologique en 4-connexité utilise le 8-voisinage : le voisinage  $N_4^*(p)$  n'étant pas 4-connexe, on ne retrouve pas la notion topologique de voisinage. Un point  $p$  est alors  $n$ -simple si  $T_n(p, X) = 1$  et  $T_{\bar{n}}(p, \bar{X}) = 1$ .

### Points simples en 3D

Selon la définition de Morgenthaler [73], un point est simple en trois dimensions si sa suppression ne change pas localement la topologie : après suppression d'un point simple, le nombre de composantes connexes de l'objet et du fond ainsi que le nombre de trous ne doivent pas changer *dans le voisinage* du point supprimé. En reprenant les notations ci-dessus, un point  $p$  d'un objet  $X$  est simple si :

$$\left\{ \begin{array}{l} C\left((X \cap N_{26}^*(p)) \cup p\right) = C\left(X \cap N_{26}^*(p)\right) \\ C\left(\overline{X} \cap N_{26}^*(p) \cup p\right) = C\left(\overline{X} \cap N_{26}^*(p)\right) \\ H\left((X \cap N_{26}^*(p)) \cup p\right) = H\left(X \cap N_{26}^*(p)\right) \\ H\left(\overline{X} \cap N_{26}^*(p) \cup p\right) = H\left(\overline{X} \cap N_{26}^*(p)\right) \end{array} \right. .$$

Fourey et Malgouyres ont prouvé que la troisième et la quatrième condition sont en fait équivalentes [34], c'est-à-dire que la préservation des tunnels de l'objet implique la préservation des tunnels du fond et réciproquement.

Les nombres topologiques, proposés par Bertrand et Malandain [10] permettent de déterminer la simplicité d'un point en calculant le nombre de composantes connexes de l'objet et du fond uniquement dans le  $n$ -voisinage du point. La définition des nombres topologiques est similaire au cas bidimensionnel :

$$\left\{ \begin{array}{l} T_6(p, X) = C_6^p(X \cap N_{18}^*(p)) \\ T_{26}(p, X) = C_{26}^p(X \cap N_{26}^*(p)) \end{array} \right. .$$

Comme dans le cas bidimensionnel, le nombre topologique en 6-connexité utilise le 18-voisinage : le voisinage  $N_6^*(p)$  n'étant pas 6-connexe, on ne retrouve pas la notion topologique de voisinage. En utilisant ce critère, un point  $p$  est  $n$ -simple si  $T_n(p, X) = 1$  et  $T_{\overline{n}}(p, \overline{X}) = 1$ .

Les nombres topologiques peuvent également servir à caractériser d'autres types de points, comme les jonctions entre courbes ou entre surfaces (*cf.* figure 4.7 et table 4.4 [64]).

### Points $P$ -simples et $P^x$ -simples

La notion de point simple n'est pas suffisante pour les algorithmes parallèles de squelettisation : en effet, la suppression en parallèle des points simples d'un objet peut modifier sa topologie. L'exemple le plus simple est celui de deux points voisins isolés : chaque point est simple, mais la suppression simultanée

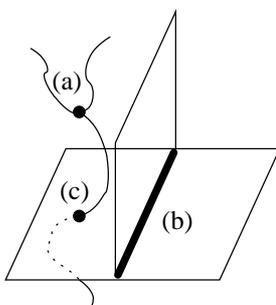


FIG. 4.7 – Jonctions entre (a) deux courbes, (b) deux surfaces et (c) une courbe et une surface.

Type de point	$T_n(p, X)$	$T_{\bar{n}}(p, \bar{X})$
Point intérieur		0
Point isolé	0	
Point sur le bord	1	1
Point de courbe	2	1
Point de surface	1	2
Jonction de courbes	$> 2$	1
Jonction de surfaces	1	$> 2$
Jonction de courbe et de surface	$\geq 2$	$\geq 2$

TAB. 4.4 – Caractérisation topologique d'un point par les nombres topologiques

des deux fait disparaître l'objet. Pour résoudre de problème, Bertrand [7] a introduit la notion de point  $P$ -simple, étendue plus tard par Lohou [59] en point  $P^x$ -simple.

**Points  $P$ -simples** Soit  $P$  un sous-ensemble d'une figure  $X$ . Un point  $x \in X$  est  $P_n$ -simple pour une connexité  $n$  si pour tout sous-ensemble  $S$  de  $P \setminus \{x\}$ ,  $x$  est  $n$ -simple pour  $X \setminus S$ . Par extension, un sous-ensemble  $D$  de  $X$  est dit  $P_n$ -simple si tous ses points sont  $P_n$ -simples. Les points d'un ensemble  $P_n$ -simple peuvent être supprimés en parallèle tout en conservant la topologie de l'objet  $X$  [7].

Une première caractérisation des points  $P_n$ -simples découle directement de la définition, et consiste à vérifier pour tout sous-ensemble  $S$  de  $P \cap N_{26}^*(x)$  la  $n$ -simplicité de  $x$  pour  $X \setminus S$ . La complexité de cette caractérisation étant exponentielle par rapport au nombre de  $n$ -voisins de  $x$ , elle n'est pas utilisable, et Bertrand propose une seconde caractérisation, celle-ci linéaire par rapport au nombre de  $n$ -voisins de  $x$  :

$$\left\{ \begin{array}{l} T_n(x, X \setminus P) = 1 \\ T_n(x, \overline{X}) = 1 \\ \forall y \in N_n^*(x) \cap P, N_n^*(y) \cap G_n(x, X \setminus P) \neq \emptyset \\ \forall y \in N_n^*(x) \cap P, N_n^*(y) \cap G_n(x, \overline{X}) \neq \emptyset \end{array} \right.$$

où  $G_6(x, X) = N_{18}^*(x) \cap X$  et  $G_{26}(x, X) = N_{26}^*(x) \cap X$ . En posant  $S = \emptyset$ , on voit que tout point  $P_n$ -simple est  $n$ -simple.

**Points  $P^x$ -simples** La caractérisation de  $P_n$ -simplicité nécessite d'examiner un voisinage étendu autour du point  $x$  pour déterminer l'ensemble de ses voisins  $y$  qui sont inclus dans  $P$  (conditions 3 et 4 de cette caractérisation). Lohou propose de définir un ensemble  $P^x$  en tout point  $x$ , défini intuitivement comme l'ensemble des points  $y$  de  $N_{26}^*(x)$  qui sont susceptibles d'appartenir à  $P$  par la seule inspection de  $N_{26}^*(x)$ .

La définition formelle de  $P^x$  est la suivante : soit  $(B^k(x), W^k(x))$ ,  $k \in [1, \ell]$ , une famille de couples d'ensembles de  $\mathbb{Z}^3$  telle que  $x \in B^k(x)$  et qui caractérise  $P$ , c'est-à-dire :

- $B^k(x)$  et  $W^k(x)$  sont disjoints,
- $P = \{x \in \mathbb{Z}^3; \exists k \in [1, \ell] \text{ tel que } B^k(x) \in X \text{ et } W^k(x) \in \overline{X}\}$

L'ensemble  $P^x$  est alors défini par [59] :

$$P^x = \{y \in N_{26}(x); \exists k \in [1, \ell] B^k(y) \cap N_{26}(x) \subseteq X \text{ et } W^k(y) \cap N_{26}(x) \subseteq \overline{X}\}$$

Un algorithme procédant par suppression de points  $P^x$ -simples supprimera moins de points qu'un algorithme supprimant des points  $P$ -simples, mais sera moins complexe dans la mesure où l'examen d'un voisinage étendu n'est pas nécessaire.

## 4.6 Squelettisation

En supprimant les points simples d'un objet jusqu'à stabilité, on obtient un objet minimal, homotopique à l'objet de départ, qu'on appelle *noyau homotopique*. Ce procédé, nommé *amincissement*, ne conserve aucune caractéristique géométrique de l'objet : tout objet simplement connexe sera réduit à un unique point par amincissement. Il peut être utile de conserver certaines caractéristiques géométriques de l'objet, et d'obtenir ainsi une version simplifiée de l'objet, formée de morceaux de courbes ou de morceaux de surfaces (uniquement dans le cas d'un objet tridimensionnel). Cette version simplifiée de l'objet est appelée squelette curviligne dans le premier cas, et squelette surfacique dans le second.

Hilditch [40] présente quatre conditions qu'un squelette doit remplir :

- homotopie : un squelette doit être homotopique à l'objet de départ. Hilditch parle en fait de “préservation de la connexité”, au long du processus, mais cette condition n'est pas suffisante : en effet, il est possible en trois dimensions que la suppression d'un point supprime un trou et en crée un autre (figure 4.6).
- finesse : un squelette doit être constitué de lignes (ou de morceaux de surfaces) d'un voxel d'épaisseur.
- position : un squelette doit être situé au centre de l'objet.
- stabilité : l'opération de squelettisation appliquée à un squelette ne doit pas changer celui-ci, c'est-à-dire que la squelettisation est idempotente.

Les trois premières conditions sont ici citées dans l'ordre d'importance : un squelette peut ne pas être fin si c'est nécessaire pour respecter la condition d'homotopie et il peut ne pas être centré pour respecter la condition de finesse.

### 4.6.1 Point terminal

Les points que l'on choisit de préserver lors d'une opération de squelettisation sont appelés *points terminaux*, et leur caractérisation dépend de l'application souhaitée. Les points terminaux pour les squelettes curvilignes sont les points ayant un seul voisin dans l'objet.

La définition des points terminaux pour les squelettes surfaciques dépend des auteurs : par exemple, Gong et Bertrand [36] utilisent la caractéristique “ $n \geq 8$  ou ( $4 \leq n \leq 7$  et  $(\exists i \in \{1, \dots, 8\}, n_i = 3)$ )”,  $n$  étant le nombre de points dans le 26-voisinage de  $p$  et  $n_i$  le nombre de points 6-adjacents à  $p$  dans le  $i^{\text{ème}}$  octant du 26-voisinage de  $p$ . Ma [61] considère qu'un point est terminal s'il a exactement un voisin dans son 26-voisinage ou dans n'importe quel plan  $1 \times 3 \times 3$ .

## 4.6.2 Algorithmes de squelettisation

Une fois choisis des critères de simplicité et de terminalité, plusieurs stratégies de suppression des points sont possibles [59] :

- séquentiellement, un point est supprimé dès qu'on le rencontre,
- parallèlement, selon une approche directionnelle ou de sous-grilles,
- fortement parallèle.

### Algorithmes séquentiels

Les algorithmes séquentiels de squelettisation sont les plus simples à décrire et à implémenter : jusqu'à stabilité, on parcourt l'image, et dès qu'on rencontre un point simple et non terminal, on le supprime. La condition d'homotopie est donc automatiquement vérifiée.

Le problème de cette approche vient du balayage de l'image : on privilégie la suppression des points rencontrés en premier, les suivants ont alors une plus grande probabilité de ne plus être candidats à la suppression. Dans le cas d'un balayage vidéo, le squelette va être décalé de sa position centrée vers le bas et la droite de l'image (cas bidimensionnel), et la condition de position n'est plus vérifiée. En revenant à la description intuitive de l'amincissement, c'est-à-dire enlever des points couche par couche, Pudney a proposé de balayer l'image en fonction de la carte de distance de l'objet [83] : en pré-traitement, on calcule la carte de distance de l'objet, les points sur le bord sont mis dans une file à priorité. Lorsqu'un point est supprimé, ses voisins sont mis dans la file de priorité, la priorité étant égale à la valeur dans la carte de distance.

Cette approche privilégie les points les plus à l'extérieur et les squelettes ainsi obtenus sont bien centrés.

### Algorithmes parallèles

On appellera ici *algorithmes parallèles* les algorithmes qui nécessitent plusieurs étapes par itération, par opposition aux algorithmes *fortement parallèles* de la section suivante : à chaque étape, les points choisis pour la suppression sont marqués, et supprimés parallèlement à la fin de l'étape.

Pour ce type d'algorithme, ainsi que pour les algorithmes parallèles mentionnés plus bas, la suppression des points simples n'est plus suffisante : en effet, sur un ruban d'épaisseur 1 et de largeur 2, tous les points sont simples. Cependant, la suppression de tous ces points en parallèle fait disparaître l'objet.

La vérification de la conservation de la topologie passe alors par la notion de point  $P$ - ou  $P^x$ -simple, ou d'ensemble fortement supprimable et d'ensemble

minimal non supprimable [86, 87]. Un ensemble  $D \subseteq B$  est *fortement supprimable* si on peut trouver une suite  $p_1, \dots, p_{|D|}$  des points de  $D$  tel que la suppression de  $p_i$  de  $B \setminus \{p_j, j < i\}$  préserve la topologie. Un ensemble minimal non supprimable est un ensemble non supprimable, dont chaque sous-ensemble est (fortement) supprimable. Un algorithme qui ne supprime pas d'ensemble minimal non supprimable est garanti de conserver la topologie.

Les ensembles minimaux non supprimables ont été caractérisés en deux dimensions par Ronse [87]. En trois dimensions, Ma a proposé une condition suffisante pour la préservation de la topologie [60]. Cette condition nécessite cependant la vérification d'un grand nombre de combinaisons, ce qui la rend difficile d'utilisation.

Bertrand a prouvé l'équivalence entre la  $P_n$ -simplicité d'un ensemble  $P$  et la  $n$ -simplicité de ses sous-ensembles [8], et Lohou en a dérivé le lien entre les ensembles minimaux non supprimables et les points  $P_n$ -simples [59] : un ensemble  $P$  est  $P_n$ -simple si et seulement si  $P$  ne contient pas de  $n$ -ensemble minimal non supprimable. Cette équivalence lui a permis de caractériser plus facilement les ensembles minimaux non supprimables et donc de prouver l'homotopie des algorithmes de squelettisation parallèles ou semi-parallèles.

L'approche directionnelle consiste à choisir certaines directions, et à faire un passage par direction. Par exemple, on pourra choisir quatre passages en deux dimensions et six passages en trois dimensions, ce qui correspond, dans les deux cas, aux directions principales (nord, sud, est, ouest, haut et bas). En considérant des paires ou des triplets de directions, on obtiendra des algorithmes en 12 ou en 8 directions.

Ces algorithmes se basent en général sur un ensemble de masques, donnés pour chaque direction. Lorsqu'un point vérifie un de ces masques, il est candidat à la suppression. Palágyi et Kuba ont notamment proposé de tels algorithmes en trois dimensions, avec six directions [77] ou douze directions [78].

L'approche par sous-grilles<sup>3</sup> consiste à séparer l'espace en sous-grilles et à supprimer en parallèle les points appartenant à une seule de ces sous-grilles. Saha *et al.* proposent un algorithme divisant l'image en huit sous-grilles telles qu'au sein d'une même grille, deux points ne sont pas 26-voisins [90]. Bertrand et Aktouf considèrent également l'utilisation de quatre sous-grilles [9].

Fouard *et al.* ont également proposé un algorithme permettant le traitement en parallèle d'une image en la divisant en blocs et en traitant indépendamment chaque bloc [33].

---

3. *Subfield* ou *subgrid* en anglais.

### Algorithmes fortement parallèles

Les algorithmes fortement parallèles procèdent de façon similaire, mais en utilisant un seul critère de suppression. Une étude menée par Lohou [59], se basant sur les points  $P$ -simples [7] a montré que sur trois algorithmes fortement parallèles [61, 62, 66] proposés par Ma, Ma et Sonka et Manzanera *et al.*, seul celui de Manzanera *et al.* respectait la topologie. Ceci montre bien la difficulté de l'établissement d'un critère de suppression parallèle des points, ainsi que l'utilité d'un cadre mathématique formel permettant de tester la validité de ces algorithmes.

## 4.7 Simplification du squelette

Les algorithmes évoqués ci-dessus ne donnent pas forcément le résultat escompté par l'utilisateur car la squelettisation est une opération extrêmement sensible au bruit : le squelette d'un rectangle est constitué de cinq segments (figure 4.8(a)), tandis qu'en rajoutant simplement une légère bosse sur le périmètre du rectangle, une nouvelle branche apparaît dans le squelette (figure 4.8(b)). Cette instabilité est d'autant plus visible que l'image est complexe (figure 4.9).

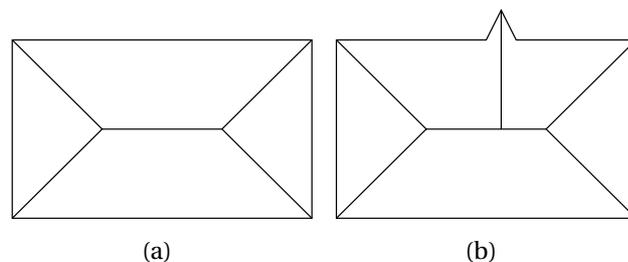


FIG. 4.8 – Instabilité de la squelettisation

D'autre part, l'étape de segmentation peut causer des modifications locales de la topologie : un point mal segmenté à l'intérieur de l'objet va créer une cavité, tandis que certaines configurations en surface peuvent créer des tunnels. Ces caractéristiques topologiques se retrouveront dans le squelette, mais sont indésirables, et devront donc être éliminées.

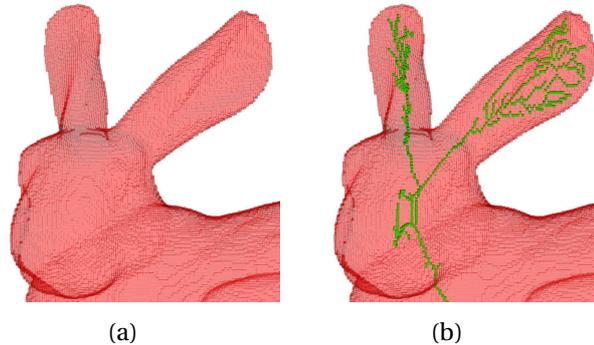


FIG. 4.9 – Un objet 3D (a) et son squelette (b)

#### 4.7.1 Branches indésirables

Pudney propose deux critères de suppression d'un point simple [83] : un point peut être considéré comme supprimable soit s'il n'est pas terminal (critère semblable à celui défini plus haut), soit s'il n'est pas le centre d'une boule maximale de rayon supérieur à un seuil défini par l'utilisateur. Les centres des disques maximaux ont été caractérisés en deux dimensions par Arcelli et Santini de Baja, et leur démarche est extensible en trois dimensions [5], les centres étant alors les points  $p$  tels que

$$\forall q \in N_{26}(p), d(p) \neq d(q) + D(p, q),$$

où  $D$  est une distance de chamfrein et  $d(x)$  la distance de  $x$  au bord de l'objet, selon la distance de chamfrein  $D$ . Le second critère permet de rendre l'algorithme plus robuste, mais ne garantit pas la finesse. Pudney recommande donc un algorithme en deux étapes, la première étape utilisant le second critère et donnant donc un squelette épais, suivi d'une seconde étape utilisant le premier critère et rendant le squelette fin.

En connaissant les caractéristiques géométriques que l'on souhaite garder, nous proposons une autre méthode de suppression des branches indésirables : à l'issue d'une première étape de squelettisation, nous obtenons un squelette avec les branches indésirables. Certains des points terminaux sont ensuite marqués par un critère choisi par l'utilisateur : il s'agit des extrémités des branches à conserver. Une seconde étape d'amincissement est ensuite réalisée, qui va supprimer tous les points simples – donc les points terminaux – sauf ceux ayant été marqués précédemment. Les branches indésirables seront donc supprimées car leurs extrémités sont des points simples. Cette méthode a un sens de fonctionnement inverse de celle de Pudney, car nous obtenons dans un premier temps un squelette fin qui est élagué par la suite.

### 4.7.2 Correction de la topologie

En raison de la propriété d'homotopie des squelettes, toute erreur de segmentation causant une modification de la topologie va se répercuter sur le squelette. En trois dimensions, on va donc voir apparaître des tunnels et des cavités. Une cavité simplement connexe étant homotopique à une sphère et un tunnel homotopique à une courbe fermée simple, ce sont ces formes respectives qu'ils prendront dans le squelette.

La correction de ces caractéristiques indésirables se fait plus facilement par un pré-traitement. Les cavités étant des composantes connexes du fond, elles sont facilement détectées et remplies. Les tunnels n'ayant pas de contrepartie géométrique directement caractérisable, leur détection est plus complexe.

À notre connaissance, seul un algorithme existe : il s'agit de l'algorithme de l'enveloppe topologique d'Aktouf *et al.* [4]. Cet algorithme fonctionne de la façon suivante :

- calcul d'un sur-ensemble  $B$  de l'objet  $X$  sans tunnel ni cavité (par exemple sa boîte englobante) ;
- jusqu'à stabilité, supprimer itérativement les points de  $B$  qui n'appartiennent pas à  $X$ , qui ne font pas partie d'une surface et qui ne sont pas une jonction entre deux surfaces ou entre une courbe et une surface.

La non-appartenance à une surface, à une jonction entre deux surfaces ou à une jonction entre une courbe et une surface est caractérisée par les nombres topologiques (tableau 4.4) : un point  $p$  remplit cette condition si  $T_{\bar{n}}(p, \overline{B}) = 1$ . Le schéma de cet algorithme ressemble à celui d'un algorithme de squelettisation séquentiel et présente le même comportement : selon le choix du balayage, l'enveloppe peut être décalée par rapport à l'objet (figure 4.10). Le problème est résolu de la même façon que pour la squelettisation, en ordonnant le balayage selon la distance d'un point au bord de l'objet, les points les plus proches du bord étant plus prioritaires.

En considérant que les points situés à une distance supérieure à un seuil  $\varepsilon$  donné du bord sont automatiquement enlevés, quelle que soit la valeur de leur nombre topologique, on peut ne fermer que les tunnels de taille inférieure à  $\varepsilon$ . Ceci permet de corriger les erreurs dues à la segmentation, tout en conservant les tunnels les plus grands, pouvant être significatifs.

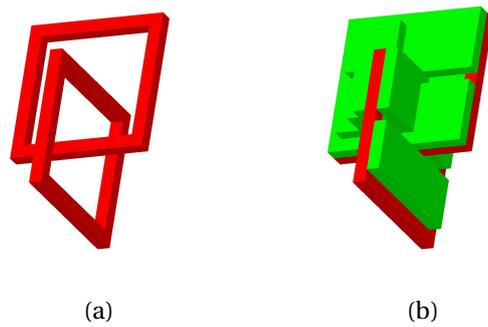


FIG. 4.10 – Un objet 3D (a) et son enveloppe topologique décalée(b)



## Chapitre 5

# Calcul du chemin central du côlon

CE CHAPITRE présente divers algorithmes de calcul du chemin central du côlon. L'utilité de ce chemin est multiple : aide à la navigation pour l'endoscopie virtuelle, localisation précise dans le côlon grâce à la distance par rapport à une des deux extrémités et modèle du côlon pouvant servir pour un recalage.

### 5.1 Travaux existants

Les travaux existants dans ce domaine peuvent être divisés en deux approches : l'une basée sur une carte des distances entre chaque point de l'intérieur du côlon et le bord de l'objet [12, 16, 20, 25, 110], l'autre basée sur l'amin-cissement [89].

#### 5.1.1 Carte des distances

Dans cette approche, la plus présente dans la littérature, la carte des distances permet d'approximer le chemin central [12, 16, 110] ou d'attirer un chemin vers le centre de l'objet [25]. Bitter *et al.* [12] ainsi que Zhou et Toga [110] cherchent des amas de points correspondant aux maxima de la carte de distance : les premiers cherchent les points pour lesquels le gradient n'est pas uniforme dans le voisinage, tandis que les seconds, après avoir construit des amas de points ayant la même valeur dans la carte des distances, cherchent des amas ayant au moins deux amas voisins dont la valeur est directement supérieure (amas de division) ou inférieure (amas de regroupement). Ces amas sont ensuite connectés en suivant la direction du gradient pour Bitter *et al.* et en créant une structure de graphe sur les amas pour Zhou et Toga. Chen *et al.* [16] cherchent les chemins les plus courts à partir d'un point de départ vers les maxima de la carte des distances.

Deschamps et Cohen [25] ainsi que Cuisenaire [20] vont calculer le chemin le plus court entre deux extrémités, se basant sur une minimisation d'énergie pour Deschamps et Cohen et sur une transformée de distance géodésique pour Cuisenaire, puis vont ensuite centrer ce chemin minimal grâce à un *snake* dont le potentiel est une fonction décroissante de la distance depuis le bord de l'objet.

### 5.1.2 Amincissement

Sadleir et Whelan proposent une méthode de calcul du chemin central basée sur un amincissement homotopique du volume [89]. Ils proposent également une méthode de suppression de cycles : en chaque voxel, les voxels plus proches de la surface sont examinés et ceux dont la suppression ne cause pas de déconnexion du squelette sont supprimés. Cette méthode permet d'obtenir un chemin sans cycle, mais pas forcément le chemin le plus correct : à une bifurcation, où les deux branches ont le même diamètre, un des deux chemins est coupé de façon arbitraire.

## 5.2 Pré-traitement : suppression des cavités

Suite à des erreurs de segmentation, des cavités peuvent apparaître dans le masque du côlon. Les algorithmes de squelettisation étant homotopiques, ces cavités seront présentes dans le squelette du masque. Ces cavités n'ont pas de réalité anatomique – elles proviennent en général d'un voxel dont l'intensité diffère trop de celle de ses voisins – et leur suppression permettra de simplifier les traitements suivants. Nous avons donc choisi de les éliminer par un pré-traitement simple : la grille de l'image binaire du masque est agrandie d'un voxel dans chaque direction, puis inversée. Une extraction des composantes connexes est réalisée, et toutes les composantes ne touchant pas le bord de l'image sont supprimées. L'image est ensuite à nouveau inversée et remise à sa taille de départ. L'agrandissement de l'image permet de s'affranchir des cas où l'objet touche le bord de l'image : sans cette étape, le fond pourrait être fractionné en plusieurs composantes connexes, ce qui rend sa détection plus complexe. Un tel cas est présenté en deux dimensions dans la figure 5.1, où le fond de l'image est formé des composantes connexes 1 et 2. L'agrandissement permet de fusionner ces deux composantes.

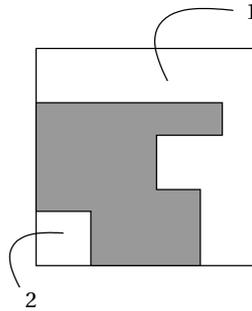


FIG. 5.1 – Figure touchant le bord

## 5.3 Algorithme de squelettisation

Nous avons choisi d'utiliser un algorithme séquentiel de squelettisation, où les points simples sont caractérisés par les nombres topologiques [10], et où le centrage est assuré par un ordonnancement de la suppression en fonction de la distance des points par rapport au bord de l'objet [83].

### 5.3.1 Simplicité

Le test de simplicité, basé sur les nombres topologiques, est un test rapide, facile à implémenter, et réutilisable pour d'autres propriétés topologiques de l'objet. Un point est considéré comme  $n$ -simple si [10] :

$$\begin{cases} T_n(p, X) = 1 \\ T_{\bar{n}}(p, \bar{X}) = 1 \end{cases} .$$

Beaucoup d'algorithmes parallèles ou semi-parallèles fonctionnent en comparant le voisinage du point considéré – voisinage "classique" dans le cas des algorithmes de Palàgyi et Kuba [77, 78] ou voisinage étendu pour celui de Manzanera *et al.* [66] – à des masques spécifiques à l'algorithme. Ces masques sont en général complexes, par rapport au calcul du nombre de composantes connexes utilisé par les nombres topologiques, et donnés pour une direction, les masques pour les autres directions devant être générés par rotation de  $\frac{\pi}{2}$  autour d'un des axes. Lors de l'implémentation d'un algorithme, ceci rajoute une étape en plus, et donc une source d'erreurs en plus.

### 5.3.2 Centrage

Comme précisé dans le chapitre précédent, l'ordre du balayage est important lorsqu'un algorithme séquentiel est utilisé : si l'ordre du balayage vidéo

est utilisé, le squelette sera décalé dans la direction de ce balayage. Nous avons choisi d'ordonner la suppression des points par leur distance au bord de l'objet [83] ce qui conserve un bon centrage du squelette, comme le montre la figure 5.2 : à gauche l'ordre de suppression est celui donné par le balayage vidéo, à droite, la méthode de Pudney est utilisée.

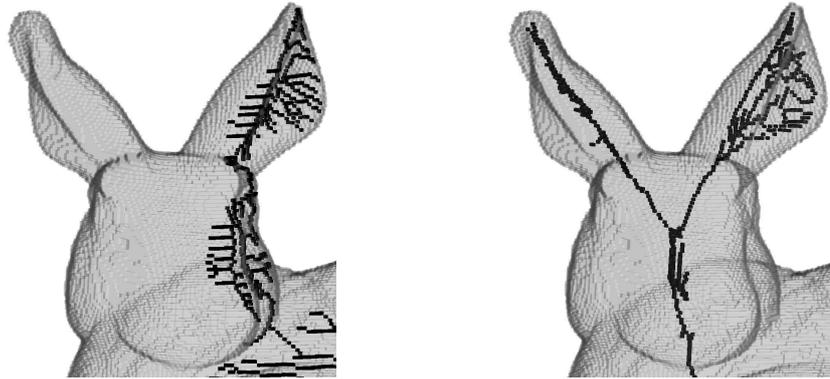


FIG. 5.2 – Centrage du squelette en fonction du balayage utilisé

### 5.3.3 Choix de la connexité

Le choix de la connexité va influencer sur le nombre de branches du squelette. Sur les différents exemples que nous avons traités, l'utilisation du couple de connexités (6,26) donne un squelette comportant beaucoup plus de branches qu'avec l'utilisation du couple de connexités (26,6), comme le montre la figure 5.3.

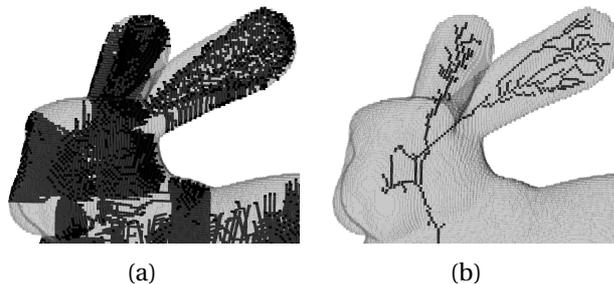


FIG. 5.3 – Squelettes avec les couples de connexités (6,26) (a) et (26,6) (b)

Nous avons cependant choisi d'utiliser le couple de connexités (6,26) pour le processus de squelettisation ainsi que pour les algorithmes suivants. Ce choix

a été motivé par la nécessité de caractériser les points de jonction de courbes. Ces points de jonction sont caractérisés par les nombres topologiques, de manière similaire aux points simples. Un point est une jonction de courbes si [64] :

$$\begin{cases} T_n(p, X) > 2 \\ T_{\bar{n}}(p, \bar{X}) = 1 \end{cases} .$$

Dans le cas du couple de connexité (26,6), des points qui sont intuitivement des points de jonction de courbes ne sont pas détectés comme tels : la figure 5.4 montre un de ces cas, où le point  $p$  est intuitivement la jonction de trois courbes, mais est détecté comme un point de surface. Pour le point  $p$ , on a  $T_{26}(X) = 1$  et  $T_{26}(\bar{X}) = 2$ ,  $p$  est donc considéré comme un point de surface (voir table 4.4).

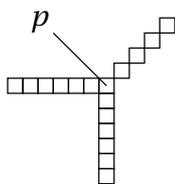


FIG. 5.4 – Jonction de trois courbes détectée comme une surface

Malandain *et al.* [64] détectent les points de jonction de courbes en deux étapes lorsque le couple de connexités (26,6) est utilisé : une première étape n'utilisant que le critère de points simples, et une seconde détectant les points de courbe ayant plus de deux voisins. Ces points sont alors également considérés comme des points de jonction de courbes (cas du point  $p$  de la figure 5.4).

Ce cas se présente plus généralement avec la configuration suivante : soit  $p$  un point dont on veut calculer les nombres topologiques, ayant trois 26-voisins  $a$ ,  $b$  et  $c$ . Si parmi  $a$ ,  $b$  et  $c$ , il existe deux points 26-voisins tels que le troisième ne soit voisin d'aucun des deux, on aura  $T_{26}(p) = 2$ .

Lorsque le couple de connexités (6,26) est utilisé, on ne peut pas aboutir à cette situation : le 6-voisinage n'étant pas 6-connexe, trois points ne peuvent pas être 6-voisins deux à deux. Pour cela, le couple de connexités (6,26) est utilisé pour la squelettisation ainsi que pour les algorithmes suivants.

#### 5.3.4 Efficacité

Le test de simplicité par les nombres topologiques est relativement coûteux en raison de la nécessité de calculer le nombre de composantes connexes dans le voisinage de chaque point testé. Cette caractérisation étant uniquement locale,

la simplicité des différentes configurations possibles peut être précalculée pour accélérer la squelettisation. Se basant sur les travaux de Lee [52] et Akers [3], Robert et Malandain [85] utilisent des diagrammes de décision binaires pour simplifier les tests. Ainsi, à la place de tester les 26 voisins d'un point pour déterminer sa simplicité, l'utilisation de diagrammes de décision binaires permet de réduire le nombre de tests à 8,7 en moyenne pour chaque point testé. Sadleir et Whelan [89] proposent de coder chaque configuration par un entier et de stocker le résultat dans un tableau. Il suffit alors d'une seule opération pour tester la simplicité d'un point. La méthode des diagrammes de décision binaire permet d'occuper moins d'espace mémoire, tandis que la méthode du tableau est plus rapide. La mémoire étant une ressource beaucoup plus disponible qu'il y a quelques années, nous utilisons la méthode de Sadleir et Whelan, en stockant chaque configuration dans un bit. Ainsi, les  $2^{26}$  configurations peuvent être stockées en n'occupant que 8 Mo en mémoire.

## 5.4 Suppression des branches indésirables

Le chemin central est contenu dans le squelette, mais celui-ci comporte également des branches supplémentaires, représentatives de la géométrie de l'objet original. Nous utilisons le critère mentionné au chapitre précédent pour supprimer ces branches indésirables : deux marqueurs sont positionnés sur le squelette, et les points simples non marqués (y compris les points terminaux) sont itérativement supprimés, jusqu'à stabilité.

Le premier marqueur est situé au niveau du rectum, considéré comme étant le point le plus bas sur l'axe haut-bas du patient. Sur nos images IRM, la direction du bas vers le haut correspond à l'axe  $-y$ , et sur nos images TDM, cette même direction correspond à l'axe  $-z$ . Le premier marqueur est donc positionné sur le point du squelette dont la coordonnée  $y$  est la plus grande sur les images IRM et sur le point du squelette dont la coordonnée  $z$  est la plus grande sur les images TDM.

Le second marqueur est positionné sur le point le plus éloigné du premier marqueur dans le squelette. Pour cela, nous calculons une transformée de distance géodésique dans le squelette, la graine étant le premier marqueur.

Une fois que ces deux marqueurs sont trouvés, la nouvelle étape de squelettisation est réalisée, supprimant les branches indésirables, comme le montre la figure 5.5.

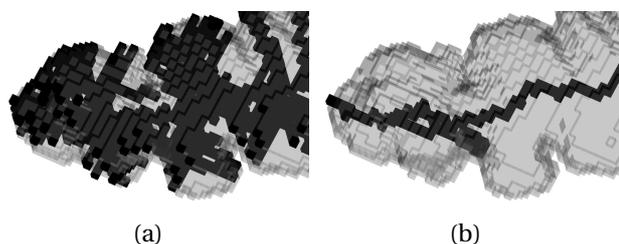


FIG. 5.5 – Squelette avant (a) et après (b) suppression des branches indésirables

## 5.5 Suppression des cycles

Lorsque le côlon suit un chemin tortueux, il est possible que deux sections de la paroi colique soient très proches l'une de l'autre. Dans ce cas, l'effet de volume partiel entre en compte, la paroi n'apparaît plus et un cycle est alors formé dans le côlon, voir figure 5.6.

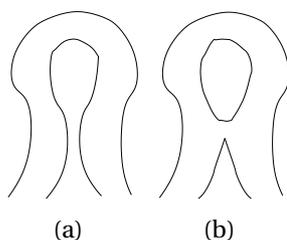


FIG. 5.6 – Cycle dans le côlon, (a) avant l'effet de volume partiel et (b) après

Ces cycles ne correspondent pas à la réalité anatomique, et nous souhaitons les supprimer. Par la suite, les branches du côlon créant des cycles et ne faisant pas partie du chemin central tel qu'il serait sans ces cycles seront appelées des raccourcis.

Après avoir présenté des traitements spécifiques possibles pour les cas particuliers des boucles (cycles de longueur 1) et des chemins ayant les mêmes extrémités, nous proposons trois approches algorithmiques, toutes basées sur une représentation en graphe du squelette. La première approche est uniquement topologique – seul le graphe est utilisé par ces algorithmes – la seconde utilise également des critères géométriques et la troisième est une approche multi-échelle.

### 5.5.1 Cas des boucles

En théorie des graphes, une boucle est un cycle ne comportant qu'une seule arête. Nous adoptons une définition similaire en parlant de boucle lorsqu'il existe dans le squelette un chemin reliant un point de jonction à lui-même et qui ne contient que des points de courbe.

En raison de la sensibilité du squelette au bruit du bord, une boucle n'apparaîtrait qu'avec un tunnel de petite taille, situé au sommet d'une longue arête. Ce genre de situation n'est pas apparu dans notre base de test. Pour la prendre en compte, il suffirait de dupliquer le sommet de la boucle, ainsi que les chemins adjacents.

### 5.5.2 Cas des chemins de mêmes extrémités

Il est possible que deux chemins (ou plus) ne comportant pas de point de jonction existent entre deux points de jonction (figure 5.7). On considère dans ce cas que les chemins les plus courts ne sont pas représentatifs, et seul le le chemin le plus long est conservé.

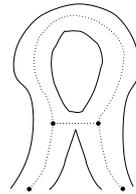


FIG. 5.7 – Chemins de mêmes extrémités

### 5.5.3 Algorithmes topologiques

Les premiers algorithmes que nous avons essayés étaient basés sur une représentation en graphe du squelette. Ce graphe est défini de la façon suivante :

- les sommets sont les points de jonction ainsi que les deux points simples et terminaux aux extrémités
- les arêtes sont les chemins ne contenant pas d'autre sommet que les extrémités qui relient deux sommets entre eux.

Les sommets sont étiquetés par les coordonnées des voxels correspondants, tandis que les arêtes sont étiquetées par la suite des voxels formant le chemin, extrémités incluses. L'algorithme 5.1 présente la création d'une arête du graphe à partir d'une extrémité ou d'un point de jonction  $s$  et d'un voisin non visité de  $s$ .

**Algorithme 5.1** Création d'une arête du graphe

---

```

s ← extrémité ou point de jonction
u ← voisin de s non visité
chemin ← s {première extrémité du chemin}
tant que u est un point de courbe  $\{T_n(u, X) = 2 \text{ et } T_{\bar{n}}(u, \bar{X}) = 1\}$  faire
    ajouter u au chemin
    u ← le voisin non visité de u
fin tant que
ajouter u au chemin {seconde extrémité du chemin}
si le graphe ne contient pas de sommet ayant l'étiquette s alors
    ajouter un sommet  $v_1$  ayant l'étiquette s au graphe
sinon
     $v_1$  ← le sommet du graphe ayant l'étiquette s
fin si
si le graphe ne contient pas de sommet ayant l'étiquette u alors
    ajouter un sommet  $v_2$  ayant l'étiquette u au graphe
sinon
     $v_2$  ← le sommet du graphe ayant l'étiquette u
fin si
ajouter une arête de  $v_1$  à  $v_2$  ayant l'étiquette path au graphe

```

---

Lorsque ceci sera possible, l'amalgame entre un sommet (ou une arête) et son étiquette sera fait.

Pour construire ce graphe, un parcours en largeur d'abord du squelette est réalisé, en partant d'un point de jonction quelconque (dans notre cas, le premier rencontré par un parcours de l'image, dans le sens du balayage vidéo).

Les cycles mentionnés ci-dessus se retrouvent comme des cycles dans le graphe associé. Comme pour les sommets, les arêtes et leurs étiquettes, on fera lorsque c'est possible l'amalgame entre le squelette et son graphe.

**Approche basée sur le parcours**

Un parcours en profondeur d'un graphe non orienté permet de donner une orientation acyclique à ce graphe. Un cycle peut alors être caractérisé par un chemin dans ce graphe orienté, suivi par un chemin dans le graphe inverse, c'est-à-dire dans lequel le sens de chaque arête est inversé. Cependant, tous les cycles ne sont pas détectés par ce principe, le changement de sens de parcours pouvant avoir lieu plusieurs fois.

### Approche basée sur le spectre

Certaines propriétés sur les graphes peuvent être étudiées grâce aux propriétés de la matrice d'adjacence ou de la matrice d'incidence de ces graphes [11]. Par exemple, le nombre d'arbres recouvrants possibles pour un graphe à  $n$  sommets est donné par  $n^{-2} \det(J + D \cdot D^t)$ , où  $D$  est la matrice d'incidence du graphe, et  $J$  la matrice dont toutes les entrées valent 1 [99].

On considère un graphe orienté  $G = (S, A)$ . Soit

$$d_{ij} = \begin{cases} +1 & \text{si } s_i \text{ est l'extrémité positive de } a_j \\ -1 & \text{si } s_i \text{ est l'extrémité négative de } a_j \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

La matrice  $D = \{d_{ij}\}$  est appelée matrice d'incidence du graphe  $G$ . Pour une colonne de  $D$ , toutes les entrées sont nulles sauf deux, l'une valant  $+1$ , l'autre  $-1$  : les colonnes de  $D$  représentent les arêtes de  $G$ .

Si le graphe  $G$  comporte un cycle  $C$ , alors  $\varepsilon_C$ , le vecteur associé, est dans  $\ker D$  [11]. La réciproque de ce théorème n'est cependant pas prouvée. De plus, la recherche d'un tel cycle revient à parcourir  $\{-1, 0, +1\}^k$  où  $k = \dim \ker D$ . On aurait donc un parcours de complexité exponentielle selon la dimension du noyau de la matrice d'incidence.

#### 5.5.4 Algorithmes topologiques et géométriques

La topologie seule ne semblant pas suffisante, nous avons ensuite essayé d'autres algorithmes basés à la fois sur la topologie et sur la géométrie du volume de la lumière.

Nous avons d'abord pensé à étudier l'évolution du diamètre du côlon le long des arêtes du graphe, le diamètre étant approximé par une transformée de distance depuis les bords du côlon. Cependant cette méthode ne permet pas de discriminer les raccourcis des branches correctes. En effet, les raccourcis apparaissent le plus souvent dans des régions fines du côlon, et le diamètre dans ces régions n'est pas une mesure suffisamment robuste.

Nous avons également essayé un algorithme basé sur la reconstruction du côlon à partir de son squelette. Cette reconstruction se fait en posant en chaque point du squelette une boule de diamètre égal à la distance de ce point au bord de l'objet, calculée par une transformée de distance. Le principe de notre algorithme était de marquer les points reconstruits par chaque arête. Les raccourcis auraient alors dû être reconstruits en grande partie par d'autres arêtes, au contraire des arêtes non-raccourcis. Ce critère ne s'est cependant pas avéré déterminant sur notre base de test.

### 5.5.5 Approche multi-échelle

Cette approche consiste à étudier le squelette dans une version de l'objet à plus grande échelle. Lorsque l'échelle augmente, les détails sont moins nombreux, et le squelette s'en trouve simplifié. L'algorithme présenté ici va suivre l'évolution du squelette lorsque l'échelle augmente, dans le but de déterminer les éventuelles branches ayant disparu lors d'un changement d'échelle.

L'approche utilisée est itérative : à partir de l'échelle 0, correspondant à l'objet original, l'algorithme est itéré jusqu'à une échelle à laquelle le squelette ne contient plus de tunnels. Pour une itération à une échelle  $\eta_i$ , les squelettes des objets aux échelles  $\eta_i$  et  $\eta_j$  – avec  $\eta_i < \eta_j$  – sont calculés, et les branches du squelette à l'échelle  $\eta_i$  sont appariées à celles du squelette à l'échelle  $\eta_j$ . Si pour une branche aucun appariement n'est possible, cette branche faisait partie d'un cycle dû à un tunnel qui a disparu à l'échelle  $\eta_j$  et doit donc être supprimée.

Nous avons testé deux facteurs d'échelle qui permettent une simplification du squelette. Le premier est la taille maximale des tunnels fermés par l'enveloppe topologique : lorsque cette taille est infinie, tous les tunnels de l'objet sont fermés et, le pré-traitement ayant supprimé les cavités, l'objet est alors homotopique à un point. Le second facteur est un facteur de sous-résolution, qui cause la disparition de détails lorsqu'il augmente.

#### Notations

On notera  $Sk_\eta$  le squelette de l'objet à l'échelle  $\eta$ ,  $S_\eta$  les sommets du graphe du squelette  $Sk_\eta$ ,  $A_\eta$  les arêtes de ce graphe.

#### Étapes de l'algorithme

Les étapes d'une itération de cet algorithme, détaillées dans les sections suivantes, sont résumées ici :

- calcul des squelettes de l'objet à l'échelle  $\eta_i$  ( $Sk_{\eta_i}$ ) et à une échelle supérieure  $\eta_j$  ( $Sk_{\eta_j}$ ).
- appariement de chaque sommet de  $Sk_{\eta_j}$  avec un sommet de  $Sk_{\eta_i}$ .
- ajout dans  $Sk_{\eta_j}$  des sommets de  $Sk_{\eta_i}$  n'ayant pas été appariés par découpage des arêtes de  $Sk_{\eta_j}$ .
- appariement de chaque arête de  $Sk_{\eta_j}$  avec une arête ou avec un chemin de  $Sk_{\eta_i}$ .
- détermination des arêtes ayant disparu lors du passage de  $Sk_{\eta_i}$  à  $Sk_{\eta_j}$ .

### Appariement des sommets

Pour tout sommet  $s \in S_{\eta_j}$ , on cherche le sommet  $s'$  de  $S_{\eta_i}$  tel que la distance  $|s - s'|$  est minimale. Dans le meilleur des cas, cette distance est nulle et  $s = s'$ . Soit  $S_{Ap}(S_{\eta_j})$  l'ensemble des sommets de  $S_{\eta_i}$  appariés à cette étape.

### Ajout des sommets manquants

Si  $S_{Ap}(S_{\eta_j}) \subsetneq S_{\eta_i}$  (c'est-à-dire si des tunnels de  $Sk_{\eta_i}$  ont disparu dans  $Sk_{\eta_j}$ ), on cherche ensuite à recréer les sommets de  $S_{\eta_i}$  dans  $S_{\eta_j}$ . Pour tout sommet  $s \in S_{\eta_i} \setminus S_{Ap}(Sk_{\eta_j})$  on cherche le voxel  $s'$  de  $Sk_{\eta_j}$  dont les coordonnées sont les plus proches de celles de  $s$ . Si  $s'$  n'est pas déjà un sommet de  $S_{\eta_j}$ , on ajoute un nouveau sommet ayant pour coordonnées  $s'$  dans  $S_{\eta_j}$ . L'arête de  $A_{\eta_j}$  sur laquelle était située  $s'$  est alors coupée en deux au niveau de  $s'$ . Soit  $S_{Aj}$  les sommets ajoutés à  $S_{\eta_j}$  à cette étape.

On a maintenant  $S_{\eta_i} = S_{Ap}(Sk_{\eta_j}) \cup S_{Aj}$ . La figure 5.8 montre le fonctionnement de cette étape. Sur la figure 5.8(c),  $S_{Ap}(Sk_{\eta_j})$  apparaît en noir et  $S_{Aj}$  en blanc.

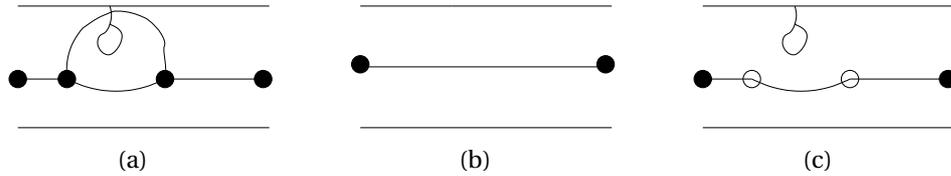


FIG. 5.8 – Étapes de l'appariement des sommets : (a) objet et squelette à l'échelle  $\eta_i$ , comportant un tunnel, (b) à l'échelle  $\eta_j$ , (c) résultat de l'appariement.

### Appariement des arêtes

Le but de l'appariement des arêtes est de pouvoir dire, pour chaque arête de  $A_{\eta_i}$  si elle est présente dans  $A_{\eta_j}$ , et si oui, à laquelle elle correspond.

Pour chaque arête  $a$  de  $A_{\eta_j}$ , ensemble modifié à l'étape précédente par rapport à l'ensemble original, on cherche l'ensemble  $A_{possibles}(a)$  des arêtes de  $A_{\eta_i}$  qui ont les mêmes sommets. Trois cas sont possibles selon le cardinal de  $A_{possibles}(a)$  :

- $\text{Card}(A_{possibles}(a)) = 1$  : l'arête  $a$  est présente dans  $Sk_{\eta_i}$  et dans  $Sk_{\eta_j}$ .
- $\text{Card}(A_{possibles}(a)) = 0$  : l'arête  $a$  n'est pas présente dans  $Sk_{\eta_i}$  : elle correspond à un chemin dans  $Sk_{\eta_i}$  (figure 5.9).

–  $\text{Card}(A_{\text{possibles}}(a)) > 1$  : plusieurs arêtes de  $A_{\eta_i}$  correspondent à  $a$ .

Pour les arêtes  $a$  telles que  $\text{Card}(A_{\text{possibles}}(a)) = 0$ , on cherche s'il existe un chemin dans  $Sk_{\eta_i}$  qui relie les extrémités de  $a$ . L'algorithme de Dijkstra [26] est utilisé pour cette recherche de chemin. Le désavantage de cette approche est de ne considérer que le plus court chemin entre les deux extrémités, et non pas l'ensemble des chemins que l'on pourrait ensuite comparer individuellement à l'arête de départ. La figure 5.9 présente un cas où il faut apparier une arête à un chemin : la partie gauche de la figure correspond à un morceau du graphe  $Sk_{\eta_i}$ , la partie droite correspondant au même morceau dans  $Sk_{\eta_j}$ . Les sommets ont ici été nommés de telle façon que  $v_i$  corresponde à  $w_i$ . Pour l'arête  $(w_1, w_3)$  de  $Sk_{\eta_j}$ , on a  $A_{\text{possibles}} = \emptyset$  : cette arête doit être appariée au chemin  $(v_1, v_2, v_3)$  de  $Sk_{\eta_i}$ . De même, l'arête  $(w_2, w_4)$  de  $Sk_{\eta_j}$  doit être appariée au chemin  $(v_2, v_3, v_4)$  de  $Sk_{\eta_i}$ .

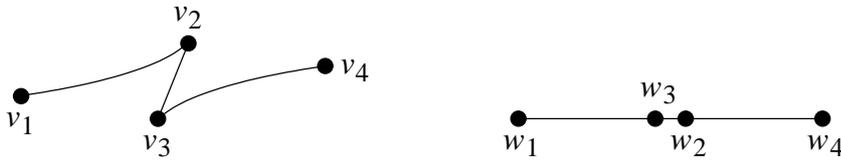


FIG. 5.9 – Arête à apparier à un chemin

Lorsque plusieurs choix sont possibles, ils sont départagés par un critère de poids. Ce critère  $P(r, a)$  compare numériquement l'arête de référence  $r$  de  $Sk_{\eta_j}$  à l'arête candidate  $a$  de  $Sk_{\eta_i}$ . Si  $a = r$  le poids vaudra 0, et augmentera avec la divergence entre  $a$  et  $r$ . Nous proposons ici deux critères de poids :

1. Longueur de courbe : chaque arête est approximée par une B-spline [29] de degré 3. On compare les longueurs de ces courbes :  $P(a, r) = \frac{|\ell(a) - \ell(r)|}{\ell(r)}$  où  $\ell(c)$  est la longueur de la courbe  $c$ , c'est-à-dire l'intégrale de la norme de la vitesse de la courbe :  $\ell(c) = \int_D \left\| \frac{dr}{dt} \right\| dt$ .
2. Comparaison point à point : les arêtes étant également approximées par des B-splines, on calcule la différence moyenne entre  $a$  et  $r$  :

$$P(a, r) = \int_D |a(u) - r(u)| du.$$

L'intégrale est approximée par une moyenne sur  $n$  points. Ce critère suppose que les deux courbes  $a$  et  $r$  ont des vitesses dont la norme varie de façon similaire. Dans le cas contraire, deux points proches sur la courbe  $r$  pourraient se retrouver très éloignés sur la courbe  $a$ . Sur les arêtes des graphes considérés, le trajet parcouru est relativement court et la norme

de la vitesse quasiment constante. Ce critère suppose également que le domaine de définition  $D$  des deux B-splines est le même.

### Échelle

Nous proposons l'utilisation de deux facteurs d'échelle.

- Enveloppe topologique L'algorithme d'enveloppe topologique présenté par Aktouf *et al.* [4] permet de ne fermer que les tunnels d'une taille inférieure à un paramètre donné. Lorsque ce paramètre augmente, de plus en plus de tunnels sont fermés, et le squelette de l'objet se simplifie.
- Sous-résolution Ce facteur d'échelle correspond à un sous-échantillonnage de l'image égal au facteur d'échelle. Pour qu'une perte de détails ait lieu, et donc que le squelette soit simplifié, il faut que ce facteur soit strictement supérieur à 1.

### Résultats

La description de l'algorithme se base sur le suivi du squelette, et trois formes du squelette peuvent être suivies : le squelette à proprement parler, résultant de la suppression de points simples non terminaux (section 5.3), le squelette élagué (section 5.4), dans lequel tous les points simples sauf deux marqueurs sont supprimés, et le noyau homotopique, ne contenant plus aucun point simple.

Comme nous travaillons en 6-connexité, le squelette comporte un nombre trop élevé de branches (voir figure 5.3(a)) et donc trop d'informations géométriques pour un suivi simple. A l'inverse, le noyau homotopique ne comporte pas assez d'informations géométriques : il est réduit à un point dans le cas d'un objet sans trou ni cavité. Le squelette élagué a donc été choisi : il comporte toutes les informations topologiques et les informations géométriques concernant le chemin central. De plus, le squelette élagué est déjà une version grossière du chemin central.

Cet algorithme a été testé sur les images pour lesquelles la segmentation ne donne pas un objet homotopique à un point. Les résultats de l'algorithme ont été contrôlés visuellement : un affichage simultané de la lumière segmentée, du graphe de l'objet à petite échelle et des arêtes ayant été supprimées lors de l'augmentation d'échelle permet de vérifier que le chemin central est correctement calculé (figures 5.10 et 5.11).

Les deux critères d'appariement des arêtes proposés ci-dessus donnant des résultats similaires, nous avons choisi d'utiliser le critère de longueur, pour des raisons de simplicité et de vitesse de calcul.

Cet algorithme permet aussi de prendre en compte les deux cas particuliers des boucles et des chemins de mêmes extrémités. Lors de l'appariement des arêtes, si un trou engendrant une boucle dans  $Sk_{\eta_i}$  a été fermé dans  $Sk_{\eta_j}$ , l'arête associée a disparu dans  $Sk_{\eta_j}$  et aucune tentative d'appariement n'a lieu pour cette arête dans  $Sk_{\eta_i}$ . Le cas des chemins de mêmes extrémités est traité explicitement dans la phase d'appariement des arêtes, si  $\text{Card}(A_{possibles}(a)) > 1$ .

Pour chacun des cas de la base de test, une seule itération de l'algorithme de suivi a été nécessaire, les tunnels étant petits par rapport à la taille de l'image. Lors de cette itération, l'échelle  $\eta_i$  vaut 0 et l'échelle  $\eta_j$  vaut  $\infty$ , c'est-à-dire que tous les tunnels sont fermés.

## 5.6 Conclusion

Nous avons présenté un algorithme permettant de calculer le chemin central du côlon. Cet algorithme comporte trois phases :

- squelettisation séquentielle garantissant le centrage du squelette dans la lumière,
- élagage de ce squelette par une seconde phase de squelettisation conservant deux marqueurs, un placé au niveau du rectum, l'autre au niveau du cæcum,
- suppression des cycles par un algorithme multi-échelle.

Cette chaîne de traitements a été appliquée aux images n'étant pas homotopiques à un point, et les résultats ont été contrôlés visuellement : sur notre base de test, le suivi a identifié correctement les branches à supprimer dans 100% des cas. La base de test donnant des graphes comprenant de 18 à 41 arêtes, l'algorithme de suivi de squelette a pu être testé sur des cas de complexité croissante. Les figures 5.10 et 5.11 présentent les résultats de l'algorithme sur un cas simple ainsi que sur le cas le plus complexe.

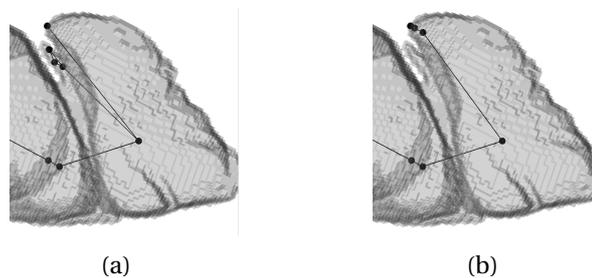


FIG. 5.10 – Résultat de l'algorithme de suivi dans un cas simple

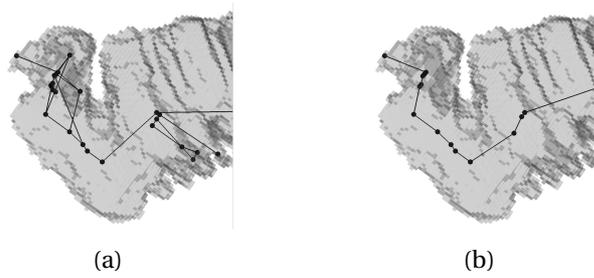


FIG. 5.11 – Résultat de l'algorithme de suivi dans un cas complexe

## Chapitre 6

# Sections orthogonales au chemin central

**E**N ÉTENDANT au cadre discret les travaux de Bartrolí *et al.* [6] et ceux de Wang *et al.* [102] sur le dépliement du côlon, ce chapitre présente un algorithme permettant de recouvrir le volume segmenté du côlon par un ensemble de sections orthogonales au chemin central.

Le calcul d'une telle section permet une analyse plus locale de la forme du côlon : un des axes de la section – dans notre cas il s'agira de l'axe  $z$  – correspond à la tangente au chemin central, à l'endroit où la section est calculée. On se trouve donc dans un cas similaire à ce qui est réalisé lors d'une coloscopie, l'examen servant de standard pour la détection de pathologies du côlon, où la paroi est examinée uniquement à l'endroit où est positionné l'endoscope.

Une section d'un volume donné sera définie par un repère local calculé automatiquement, constitué d'une origine et de trois vecteurs, et par une épaisseur choisie par l'utilisateur. Le repère local sera choisi pour que son axe  $z$  corresponde à la tangente au chemin central calculée à l'origine du repère local. Le calcul de la tangente nécessite que la notion de dérivabilité soit bien définie sur le chemin central, et il faudra donc exprimer la suite de voxels le constituant comme une fonction dérivable. La section est alors calculée par propagation à partir du centre du repère, la propagation étant contrainte par l'épaisseur.

Pour pouvoir analyser le côlon grâce à un ensemble de sections, nous souhaitons que cet ensemble recouvre totalement le volume du côlon, tout en gardant un minimum de sections, afin de ne pas alourdir le processus.

Après avoir présenté l'approximation du chemin central par une courbe B-spline [29], nous donnerons un algorithme de calcul d'une section orthogonale au chemin central en un point de celui-ci. Nous définirons ensuite la notion de placement d'une section par rapport à un ensemble de sections déjà calculées, puis nous présenterons un algorithme de recouvrement du côlon par un ensemble de sections.

## 6.1 Expression continue du chemin central

Le calcul d'une section orthogonale au chemin central se base sur la notion d'orthogonalité, qui est mal définie dans un cadre discret, utilisé pour le calcul du chemin central. Nous souhaitons donc obtenir une représentation continue du chemin central par une courbe paramétrée qui soit dérivable et aussi fidèle que possible à la suite de voxels du chemin central.

### 6.1.1 Courbes paramétrées

Une courbe paramétrée dans  $\mathbb{R}^3$  est définie par un couple  $(I, k)$  d'un intervalle  $I \subset \mathbb{R}$  et d'une application continue  $k : I \rightarrow \mathbb{R}^3$ . Deux courbes paramétrées  $(I, k)$  et  $(J, h)$  sont dites équivalentes si il existe une bijection bicontinue  $\varphi$  de  $J$  vers  $I$  telle que  $h = k \circ \varphi$ . On appellera alors *courbe géométrique*  $\Gamma$  une des classes de cette relation d'équivalence [84]. Un représentant d'une classe d'équivalence sera alors appelé *paramétrage admissible* de la courbe géométrique.

Si une courbe paramétrée  $(I, k)$  est de classe  $\mathbf{C}^1$ , c'est-à-dire continûment dérivable, on peut définir sa tangente en tout point  $u \in I$ , grâce à sa dérivée, par  $k'(u)$ . En re-paramétrant la courbe par son abscisse curviligne

$$s(u) = \int_{u_0}^u |k'(t)| dt,$$

où  $u_0$  est une des extrémités de l'intervalle  $I$ , on obtient la tangente unitaire

$$\mathbf{T}(u) = \dot{k}(u),$$

où  $\dot{k}, \ddot{k}, \dots$  désignent les dérivées de  $k$  lorsque le paramétrage est selon l'abscisse curviligne. Le vecteur  $\mathbf{T}(u)$  est orienté dans le sens correspondant aux  $u$  croissants sur l'arc.

Lorsqu'une courbe paramétrée est de classe  $\mathbf{C}^2$ , on peut calculer le vecteur  $\ddot{k}(u)$ , appelé vecteur courbure. Ce vecteur a la propriété d'être orthogonal à  $\mathbf{T}(u)$ , et on définit alors la normale unitaire

$$\mathbf{N}(u) = \frac{\ddot{k}(u)}{|\ddot{k}(u)|}.$$

En prenant le produit vectoriel de  $\mathbf{T}$  et de  $\mathbf{N}$ , on obtient un troisième vecteur unitaire orthogonal aux deux précédents, appelé binormale :

$$\mathbf{B}(u) = \mathbf{T}(u) \times \mathbf{N}(u).$$

Ces trois vecteurs  $(\mathbf{T}(u), \mathbf{N}(u), \mathbf{B}(u))$  définissent un repère local orthonormé direct, appelé repère (ou trièdre) de Frenet, en tout point de la courbe. Comme nous souhaitons que l'axe  $z$  des sections soit aligné sur la tangente de la courbe, nous utiliserons le repère orthonormé, également direct,  $(\mathbf{N}(u), \mathbf{B}(u), \mathbf{T}(u))$ .

### 6.1.2 Courbes B-spline

La forme de courbes paramétrées présentée ci-dessus est peu pratique pour la création d'une courbe approximant un ensemble de points. Nous allons donc utiliser une courbe paramétrée polynomiale à points de contrôle. La forme polynomiale donne une bonne stabilité numérique et une évaluation rapide en un point donné, tandis que les points de contrôle facilitent la procédure d'approximation. Trois grandes familles de telles courbes existent : les courbes de Bézier, issues des travaux de Bézier [14] et de de Casteljau [22], les B-splines [29] et les NURBS [82].

Les courbes de Bézier présentent le désavantage d'avoir une propriété de contrôle global : la modification d'un point de contrôle modifie l'ensemble de la courbe. Ce contrôle global alourdit les algorithmes d'approximation en augmentant le nombre de points de contrôle nécessaires à une approximation de bonne qualité. Bien qu'il soit possible de résoudre ce problème en joignant plusieurs courbes de Bézier, la conservation de la continuité aux jonctions entre les différentes courbes est problématique.

Les courbes de type B-spline, généralisant les courbes de Bézier, ajoutent une propriété de contrôle local : la modification d'un point de contrôle ne modifie qu'une portion limitée de la courbe. Une B-spline<sup>1</sup> est définie à partir d'un ensemble de nœuds qui subdivisent l'intervalle de définition de la courbe, et d'un ensemble de points de contrôle. Le nombre  $m + 1$  de nœuds et le nombre  $n + 1$  de points de contrôle définissent le degré  $p$  d'une B-spline :  $p = m - n - 1$ . Le degré influe sur la dérivabilité de la courbe : une courbe de degré  $p$  est  $p$  fois continûment dérivable en chacun de ses nœuds (entre deux nœuds, la courbe est infiniment dérivable).

Une B-spline formée des  $n + 1$  points de contrôle  $P_0, \dots, P_n$  et des  $m + 1$  nœuds  $u_0, \dots, u_m$  est définie par :

$$k(u) = \sum_{i=0}^n N_{i,p}(u) P_i,$$

---

1. Bien que généralisant les courbes de Bézier, l'initiale *B* ne signifie pas Bézier, mais *basis*.

où  $N_{i,p}(u)$  est la  $i$ -ème fonction de base de degré  $p$ , définie par

$$\begin{cases} N_{i,0}(u) = \begin{cases} 1 & \text{si } u_i \leq u < u_{i+1} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \\ N_{i,p}(u) = \frac{u-u_i}{u_{i+p}-u_i} N_{i,p-1}(u) + \frac{u_{i+p+1}-u}{u_{i+p+1}-u_{i+1}} N_{i+1,p-1}(u) \end{cases}$$

La fonction de base  $N_{i,p}(u)$  est un polynôme de degré  $p$  en  $u$  – d’où la qualification de courbe polynomiale pour les B-splines, et l’ensemble des fonctions de base est une partition de l’unité : pour tout  $u$ ,  $\sum_{i=0}^n N_{i,p}(u) = 1$ .

Pour conclure cette énumération des grands types de courbes polynomiales, les courbes de type NURBS sont une extension des B-splines et ajoutent à celles-ci la possibilité de représenter des coniques. Les NURBS sont donc des courbes rationnelles, c’est-à-dire exprimées comme une fraction de deux polynômes plutôt que par un seul, comme pour les B-splines. Une NURBS est définie par  $n+1$  points de contrôle  $P_0 \dots P_n$ ,  $m+1$  nœuds  $u_0 \dots u_m$  et  $n+1$  poids  $w_0, \dots, w_n$  :

$$k(u) = \frac{1}{\sum_{i=0}^n N_{i,p}(u) w_i} \sum_{i=0}^n N_{i,p}(u) w_i P_i.$$

Il faut noter que si tous les poids  $w_i$ ,  $0 \leq i \leq n$  sont égaux à 1, la NURBS se réduit à une B-spline.

La modélisation de coniques n’étant pas nécessaire dans notre cas, nous utiliserons des B-splines pour approximer le chemin central.

### 6.1.3 Approximation d’un ensemble de points

L’approximation d’un ensemble de  $n+1$  points donnés  $D_0, \dots, D_n$  par une courbe consiste à trouver une courbe passant par  $D_0$  et  $D_n$ , et passant le plus près possible des autres points. À la différence d’une interpolation, on ne souhaite pas que la courbe passe par l’ensemble des points donnés.

Cette approximation par une B-spline se fait en deux étapes : dans un premier temps, il faut fixer  $n+1$  paramètres  $t_0, \dots, t_n$  dans le domaine de la courbe  $k$  à obtenir tels que  $k(t_i)$  corresponde à  $D_i$  pour  $0 \leq i \leq n$ . La correspondance est exacte dans le cas d’une interpolation, c’est-à-dire  $k(t_i) = D_i$ , et sera donnée par un critère de moindres carrés pour l’approximation. De nombreuses méthodes existent pour déterminer  $t_0, \dots, t_n$  [29] et nous avons choisi d’utiliser la méthode utilisant la longueur des cordes entre les points donnés : les paramètres sont distribués sur l’intervalle  $I$  en fonction de la longueur des segments du polygone formé par la suite de points  $D_0, \dots, D_n$ . Soit

$$L_i = \sum_{j=1}^i |D_j - D_{j-1}|$$

la somme des longueurs des côtés du polygone formé par la suite des points  $D_0, \dots, D_i$ . Pour un intervalle  $I = [a, b]$ , on a alors :

$$\begin{cases} t_0 &= a \\ t_i &= a + \frac{L_i}{L_n}(b - a) \\ t_n &= b \end{cases}$$

La seconde étape consiste à trouver les  $h + 1$  points de contrôle  $P_0, \dots, P_h$  de la courbe,  $h$  étant fixé par l'utilisateur. Comme on souhaite que la courbe passe par  $D_0$  et  $D_n$ , on a  $P_0 = D_0$  et  $P_h = D_n$ , et seuls  $h - 1$  points de contrôle vont devoir être calculés. Ces points sont calculés par un critère de moindres carrés : la courbe  $k$  devra minimiser la somme

$$\sum_{i=1}^{n-1} |D_i - k(t_i)|^2 .$$

Les points de contrôle sont alors solution du système [29]  $(N^T N)P = Q$ , où

- $N$  est une matrice contenant les valeurs des fonctions de base aux points  $t_1, \dots, t_{n-1}$ ,
- $P$  est un vecteur formé des points de contrôle inconnus  $P_1, \dots, P_{h-1}$  et
- $Q$  est un vecteur formé à partir des coefficients

$$Q_i = D_i - N_{0,p}(t_i)D_0 - N_{h,p}(t_i)D_n ,$$

soit :

$$N = \begin{bmatrix} N_{1,p}(t_1) & N_{2,p}(t_1) & \cdots & N_{h-1,p}(t_1) \\ N_{1,p}(t_2) & N_{2,p}(t_2) & \cdots & N_{h-1,p}(t_2) \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ N_{1,p}(t_{n-1}) & N_{2,p}(t_{n-1}) & \cdots & N_{h-1,p}(t_{n-1}) \end{bmatrix} ,$$

$$P = \begin{bmatrix} P_1 \\ P_2 \\ \vdots \\ P_{h-1} \end{bmatrix} ,$$

et

$$Q = \begin{bmatrix} \sum_{i=1}^{n-1} N_{1,p}(t_i)Q_i \\ \sum_{i=1}^{n-1} N_{2,p}(t_i)Q_i \\ \vdots \\ \sum_{i=1}^{n-1} N_{h-1,p}(t_i)Q_i \end{bmatrix} .$$

### 6.1.4 Paramètres utilisés

L'augmentation du degré ainsi que celle du nombre de points de contrôle permettent d'augmenter la proximité de la courbe par rapport aux points donnés  $D_0, \dots, D_n$ , mais augmente aussi la complexité de l'évaluation de la courbe en un point.

Pour des raisons de simplicité de calcul, le degré est gardé le plus bas possible tout en garantissant une approximation correcte et la possibilité que la courbe soit deux fois dérivable. Nous utilisons donc des B-splines de degré 3.

Les points  $D_0, \dots, D_n$  sont dans notre cas l'ensemble des voxels du chemin central. Le nombre de points de contrôle choisis pour l'approximation est fonction de la longueur du chemin, et donc du nombre de voxels qui le constituent. En utilisant  $h = \lceil n/10 \rceil$  points de contrôle, la courbe obtenue reste simple et permet d'approximer très correctement le chemin. La figure 6.1 montre le résultat de l'approximation.

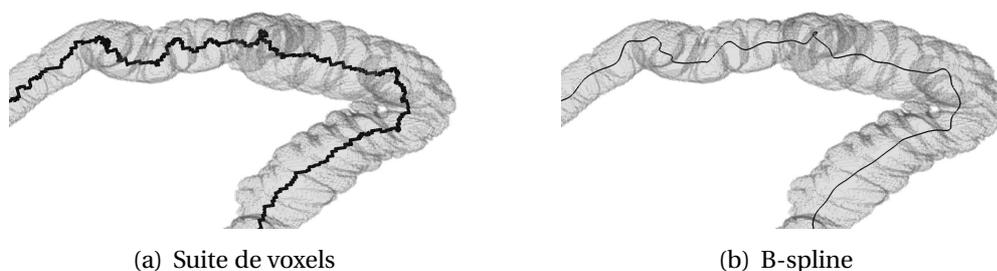


FIG. 6.1 – Approximation du chemin central par une B-spline

## 6.2 Calcul d'une section

Une section est calculée à partir d'une valeur  $u \in I = [a, b]$  du paramètre de la B-spline  $k$ . Pour calculer le repère local en  $k(u)$ , il est nécessaire de dériver  $k$ . La dérivation de la  $i$ -ème fonction de base de degré  $p$  des B-splines donne

$$\frac{d}{du} N_{i,p}(u) = \frac{p}{u_{i+p} - u_i} N_{i,p-1}(u) - \frac{p}{u_{i+p+1} - u_{i+1}} N_{i+1,p-1}(u).$$

On a alors

$$\frac{d}{du} k(u) = \sum_{i=0}^n N_{i+1,p-1}(u) P'_i,$$

où

$$P'_i = \frac{p}{u_{i+p+1} - u_{i+1}} (P_{i+1} - P_i).$$

La dérivée d'ordre 2 de  $k$  est obtenue de façon itérative, en re-dérivant la dérivée d'ordre 1. Le repère local est ensuite obtenu par

$$\begin{cases} \mathbf{N}(u) &= \frac{k''(u)}{|k''(u)|} \\ \mathbf{B}(u) &= \mathbf{T}(u) \times \mathbf{N}(u) \\ \mathbf{T}(u) &= \frac{k'(u)}{|k'(u)|} \end{cases} .$$

Par la suite, pour un point donné  $p$ ,  $p_G$  exprimera les coordonnées de ce point dans le repère global. De même,  $p_L$  exprimera les coordonnées de  $p$  dans le repère local. La matrice

$$M_{L \rightarrow G} = \begin{bmatrix} \mathbf{N}_x & \mathbf{B}_x & \mathbf{T}_x \\ \mathbf{N}_y & \mathbf{B}_y & \mathbf{T}_y \\ \mathbf{N}_z & \mathbf{B}_z & \mathbf{T}_z \end{bmatrix}$$

permet de passer d'un point  $p_L$  au point  $p_G$  correspondant. Cette matrice étant formée d'une base orthonormée, elle est orthogonale, et son inverse est donc égale à sa transposée :  $M_{G \rightarrow L} = M_{L \rightarrow G}^T$ .

La section orthogonale est alors calculée par un algorithme de croissance de régions. La propagation démarre en  $k(u)$ , et continue tant que le point à propager a une coordonnée  $z$  dans le repère local dont la valeur absolue est inférieure ou égale à la moitié de l'épaisseur de la section. L'algorithme 6.1 détaille cette propagation, et la figure 6.2 montre un exemple de section. La valeur de  $\varepsilon$ , la demi-épaisseur de la section est dépendante de l'application. Pour une détection de pathologies telle que celle présentée dans le chapitre suivant, sur nos images TDM ou IRM, une épaisseur correcte est de 21 voxels, soit  $\varepsilon = 10$ .

---

#### Algorithme 6.1 Calcul d'une section orthogonale

---

$\mathcal{O}$  : origine du repère local  
 $f$  : file des points à traiter, initialisée à  $\mathcal{O}$   
 $\varepsilon$  : demi-épaisseur de la section  
**tant que**  $f$  n'est pas vide **faire**  
     $p \leftarrow \text{tête}(f)$   
    supprimer  $p$  de la file  $f$   
     $p_L \leftarrow M_{G \rightarrow L}(p_G)$   
    **si**  $|(p_L)_z| \leq \varepsilon$  **alors**  
        ajouter  $p$  à la section  
        ajouter les voisins de  $p_G$  non visités à la file  $f$   
    **fin si**  
**fin tant que**

---

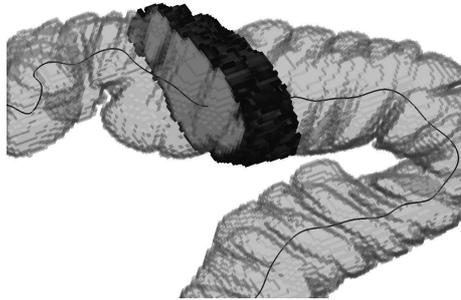


FIG. 6.2 – Section orthogonale du côlon

### 6.2.1 Cas du débordement

Lorsqu'on souhaite calculer une section dans une zone où la courbure du chemin est forte, la section calculée peut "déborder", et venir intersecter une partie voisine de la courbe, comme le montre la figure 6.3.

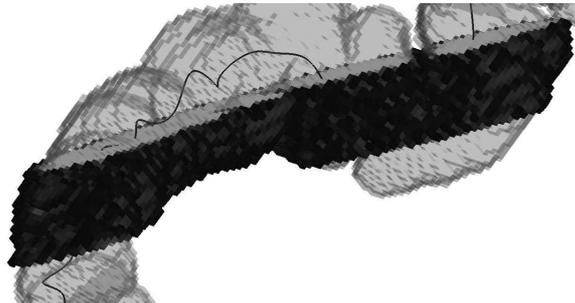


FIG. 6.3 – Débordement d'une section orthogonale

Formellement, si le nombre d'intersections de la courbe  $k$  avec la section  $s$  est supérieur à 1, il y a débordement. Afin de déterminer quelle partie de la section doit être conservée, un calcul de zones d'influence est effectué.

Les intersections entre la courbe  $k$  et la section  $s$  sont calculées à partir de l'expression discrète (en voxels) du chemin central. Sur l'image obtenue, on extrait les composantes connexes. Puis, pour chaque composante connexe  $c$  de l'intersection, l'ensemble des points de la section qui sont plus proches de  $c$  que de toute autre composante connexe sont marqués. Seule la zone d'influence dont fait partie le point  $k(u)$  est alors conservée. La figure 6.4 montre le résultat de cette méthode.



FIG. 6.4 – Résolution d'un débordement

## 6.3 Recouvrement du côlon par des sections

Pour étudier localement le côlon, nous souhaitons le recouvrir par un ensemble de sections, avec deux contraintes, l'une de complétude, l'autre de minimalité :

- l'union de l'ensemble des sections doit recouvrir la totalité du côlon, permettant une analyse complète,
- chaque section apporte des informations contenues dans aucune autre section, pour éviter de traiter plusieurs fois la même région.

### 6.3.1 Problème de la vitesse

Dans le cas où la norme du vecteur vitesse de la courbe  $|k'|$  est constante sur le domaine  $I$ , c'est-à-dire si

$$\int_t^{t+\delta} k(s) ds = v\delta,$$

où  $v = |k'|$ , un algorithme de recouvrement simple existe : des sections d'épaisseur  $e$  sont placées en  $k(ne)$ , avec  $n \in \mathbb{N}$ .

Farouki et Sakkalis ayant prouvé que des courbes polynomiales ne peuvent avoir une vitesse constante que si elles représentent des lignes droites [30], cet algorithme n'est pas applicable. Une méthode de re-paramétrisation optimale – au sens de la meilleure approximation d'une paramétrisation avec vitesse constante – existe [18], mais le résultat obtenu n'est pas de classe  $C^2$ , ce qui rend le calcul du repère local impossible.

Pour résoudre ce problème, nous proposons une notion de placement d'une section par rapport à un ensemble de sections déjà placées, et en déduisons un algorithme réalisant le recouvrement souhaité.

### 6.3.2 Notion de placement

Soient une section  $s$  et un ensemble de sections déjà placées  $S$ . On dira que la section  $s$  est *trop éloignée* sur la courbe  $k$  par rapport aux sections  $S$  si des

voxels non recouverts existent entre  $s$  et  $S$ . La figure 6.5 présente deux cas possibles. Pour des raisons de lisibilité, l'ensemble  $S$  est réduit à une section. Dans le premier cas (figure 6.5(a)), l'intersection entre  $s$  et  $S$  est vide. Dans le second cas (figure 6.5(b)), l'intersection entre  $s$  et  $S$  n'est pas vide, mais les voxels présents entre  $s$  et  $S$  n'ont pas été recouverts.

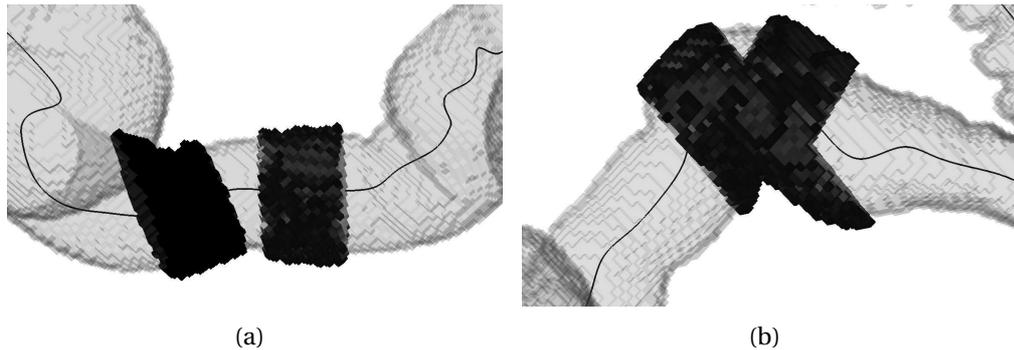


FIG. 6.5 – Section placée trop loin

Un critère permet de rassembler ces deux cas : en définissant le *bord inférieur* d'une section comme l'ensemble des points  $p$  de cette section tels que  $(p_L)_z$  est minimal, une section  $s$  est placée *trop loin* sur la courbe par rapport aux sections  $S$  déjà placées si au moins un voisin d'un voxel du bord inférieur est dans le volume du côlon mais pas dans  $S$ .

On dira qu'une section  $s$  est *trop près* sur la courbe  $k$  par rapport aux sections  $S$  déjà placées si elle n'apporte pas de nouvelle information, c'est-à-dire si  $S \cup s = S$ .

### 6.3.3 Algorithme de recouvrement

L'algorithme 6.2 est un algorithme de recouvrement du côlon par des sections orthogonales au chemin central. Le placement d'une section  $s(u)$  calculée à la position  $u$  est testé par rapport aux sections  $S$  déjà placées. Si  $s(u)$  est trop près de  $s$ , on passe à la position suivante. Si  $s(u)$  est bien placée, on la marque comme candidate, et on passe à la position suivante. Cette étape permet de choisir la section bien placée la plus loin possible, ce qui diminue le nombre de sections. Si  $s(u)$  est trop loin de  $S$  et qu'on n'a pas encore trouvé de section candidate au placement, le pas de recherche  $\varepsilon$  est trop grand, et est donc divisé par un facteur  $\eta$ .

---

**Algorithme 6.2** Algorithme de recouvrement par un ensemble de sections

---

```
 $S \leftarrow s(0)$   
 $u \leftarrow \varepsilon$   
tant que  $u + \varepsilon \leq 1$  faire  
  si  $s(u)$  est trop prs de  $S$  alors  
     $u \leftarrow u + \varepsilon$   
  sinon si  $s(u)$  est bien plac par rapport à  $S$  alors  
     $s_{candidat} \leftarrow s(u)$   
  sinon  
    { $s(u)$  est trop loin de  $S$ }  
    si  $s_{candidat}$  a t trouv alors  
      ajouter  $s_{candidat}$  à  $S$   
       $u \leftarrow u + \varepsilon$   
    sinon  
      {le pas de recherche  $\varepsilon$  est trop grand}  
       $u \leftarrow u - \varepsilon$   
       $\varepsilon \leftarrow \varepsilon / \eta$   
       $u \leftarrow u + \varepsilon$   
    fin si  
  fin si  
fin tant que
```

---

### 6.3.4 Résultats

L'algorithme de recouvrement a été testé avec une épaisseur de section  $e = 13$  voxels, un pas de recherche original  $\varepsilon = 0,1$  et un facteur  $\eta = 10$ . Cet algorithme permet un recouvrement complet du côlon. Cependant, lorsque la courbure  $|\vec{k}|$  ou la torsion  $|\mathbf{B}|$  de la B-spline approximant le chemin central est forte, le pas de recherche  $\varepsilon$  diminue fortement, ce qui augmente le temps d'exécution du programme.

L'algorithme de recouvrement pourrait donc être amélioré pour obtenir une meilleure approximation du placement d'une section candidate. Au lieu d'un pas de recherche fixe, adapté si la section est trop loin, ce pas pourrait dépendre non seulement de la courbure et de la torsion de la courbe comme mentionné ci-dessus, mais aussi de la vitesse de cette courbe.

## 6.4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté un algorithme de recouvrement du côlon par des sections orthogonales au chemin central de celui-ci. Dans un premier temps, le chemin central est approximé par une B-spline, ce qui permet de définir un repère local en tout point du chemin central tel que l'axe  $z$  de ce repère soit aligné sur la tangente du chemin.

Nous avons ensuite présenté une méthode de calcul d'une section, prenant en compte le cas où la courbure de la B-spline varie fortement, ce qui cause un "débordement" de la section.

Comme nous ne pouvons pas obtenir une B-spline à vitesse constante, nous avons défini une notion de placement d'une section par rapport à un ensemble de sections déjà placées, ce qui a permis de déduire un algorithme itératif de recouvrement. Cet algorithme pourrait être accéléré en prenant en compte la vitesse, la courbure et la torsion de la B-spline pour estimer le placement d'une section.

Le chapitre suivant, traitant de la détection de pathologies, présente plusieurs applications de ce calcul de sections orthogonales. Le côlon étant un organe tortueux, une détection locale des pathologies sera plus efficace qu'une détection globale, et le calcul de sections permet d'appliquer les algorithmes présentés par la suite sur des sous-images dans lesquelles l'axe  $z$  correspond toujours à la direction locale du côlon, tandis que les axes  $x$  et  $y$  forment un plan orthogonal à cette direction. Ceci permet de représenter plus facilement les connaissances utilisées par les médecins lors d'une endoscopie.

## Chapitre 7

### Détection de pathologies

LES MÉTHODES de détection de polypes présentes dans la littérature [23, 39, 75, 95, 97, 109] se basent sur des critères de courbure. Dans tous les cas, les courbures principales  $\kappa_{\min}$  et  $\kappa_{\max}$  – c'est-à-dire le minimum et le maximum de la courbure normale  $\kappa(u)$  en fonction de la direction  $u$  – sont calculées en chaque sommet d'un maillage de la paroi du côlon [95] ou bien en chaque voxel d'un masque binaire de la paroi [23, 39, 75, 97, 109]. Les polypes sont alors caractérisés par des zones où la courbure est elliptique de type pic [45].

Summers *et al.* [95, 97] se basent sur la courbure moyenne  $H = \frac{\kappa_{\min} + \kappa_{\max}}{2}$  et sur le rapport de sphéricité  $S = \frac{\kappa_{\max} - \kappa_{\min}}{H}$ . Ils caractérisent alors les polypes comme les zones où  $-3 \leq H \leq -1$ ,  $S \leq 1$  et dont la taille est supérieure à 0,5 cm.

Les autres auteurs se basent sur l'indice de forme  $S_I$  et la courbure quadratique moyenne  $C$ . Ces deux valeurs ont été définies par Koenderink et van Doorn [45], et la définition de l'indice de forme a été modifiée par Dorai et Jain [27] pour être comprise dans l'intervalle  $[0, 1]$ . On a alors :

$$S_I = \frac{1}{2} - \frac{1}{\pi} \arctan \frac{\kappa_{\min} + \kappa_{\max}}{\kappa_{\min} - \kappa_{\max}}$$
$$C = \sqrt{\frac{\kappa_{\min}^2 + \kappa_{\max}^2}{2}}$$

Les polypes sont alors détectés par des zones où l'indice de forme est proche de 1 – représentant une forme proche d'une sphère – et de *curvedness* faiblement positive. Yoshida *et al.* utilisent  $0,9 \leq S_I \leq 1$  et  $0,08 \leq C \leq 0,2$  [108, 109], tandis que Dehmeshki *et al.* utilisent  $0,9 \leq S_I \leq 1$  et  $0,05 \leq C \leq 0,25$  [23].

Cette méthode présente une bonne sensibilité (peu de faux négatifs), mais une très faible spécificité (un grand nombre de faux positifs), et n'est à elle seule pas suffisante pour la détection de polypes. Yoshida *et al.* proposent d'utiliser neuf statistiques (moyenne, minimum, maximum, variance, asymétrie, aplatissement, entropie, contraste, moyenne des dix plus hautes valeurs) de quatre caractéristiques photométriques de l'image (intensité, gradient, concentration du gradient et concentration directionnelle du gradient) pour réaliser une analyse discriminante [108, 109]. Göktürk *et al.* calculent des triplets aléatoires de

sections mutuellement orthogonales puis les classifient [39]. Dehmeshki *et al.* réalisent des calculs de concavité sur les coupes bidimensionnelles des images [23].

Ces différentes méthodes sont toutes limitées aux polypes, à notre connaissance aucune méthode n'existe pour réaliser une détection de structures cancéreuses à partir d'images TDM ou IRM.

## 7.1 Détection de polypes

Sur les images binaires de la lumière du côlon, les polypes apparaissent comme des déformations de la surface : nous allons donc chercher à extraire ces déformations, afin de les analyser. Ces déformations sont des structures du fond de l'image, qui peuvent être segmentées par une fermeture morphologique (voir section 1.2.4).

Pour un élément structurant suffisamment grand, les polypes ne sont cependant pas les seules structures du fond qui ne pourront pas contenir cet élément : les haustrations, en général plus fines que les polypes, seront aussi retenues par la fermeture et devront être discriminées des polypes.

Nous proposons ici deux méthodes de caractérisation des polypes se basant sur la fermeture morphologique de la lumière : la première se base sur les composantes connexes du *top-hat* par fermeture de la lumière, et la seconde sur l'ajustement de demi-boules sur la frontière de la lumière.

### 7.1.1 Caractérisation par *top-hat*

Le *top-hat* par fermeture (voir section 1.2.4) nous permet de ne considérer que les parties du fond remplies par une fermeture, c'est-à-dire les déformations mentionnées ci-dessus. L'élément structurant est sphérique, d'un diamètre supérieur à la taille des structures à détecter. Le *top-hat* n'est cependant pas suffisamment spécifique : des polypes aussi bien que des replis – structures en forme de croissant – sont conservés par le *top-hat*. Pour rendre cette caractérisation plus spécifique, des critères de forme, basés sur les moments centrés, sont appliqués sur chaque composante connexe du *top-hat*, ce qui permet de mieux caractériser la forme ellipsoïdale d'un polype.

Les moments d'ordre  $p + q + r$  d'un objet sont donnés par [37] :

$$m_{pqr} = \sum_x \sum_y \sum_z x^p y^q z^r f(x, y, z),$$

où  $f$  est la fonction caractéristique de l'objet, valant 1 à l'intérieur de celui-ci et

0 à l'extérieur. Les moments centrés sont définis de façon similaire [37] :

$$\mu_{pqr} = \sum_x \sum_y \sum_z (x - \bar{x})^p (y - \bar{y})^q (z - \bar{z})^r f(x, y, z),$$

où

$$\bar{x} = \frac{m_{100}}{m_{000}}, \bar{y} = \frac{m_{010}}{m_{000}} \text{ et } \bar{z} = \frac{m_{001}}{m_{000}}.$$

Les trois moment d'ordre 1 permettant de définir le centre de masse  $(\bar{x}, \bar{y}, \bar{z})$  comme mentionné ci-dessus, les composantes marquées par le *top-hat* qui ne contiennent pas leur centre de masse n'ont pas la forme ellipsoïdale d'un polype mais une forme de croissant et sont alors supprimées.

Pour chacun des candidats restants, nous calculons ensuite les axes d'un ellipsoïde ayant les même moments d'ordre 2 que ce candidat, dont les demi-longueurs des trois axes  $a$ ,  $b$  et  $c$  sont données par [65] :

$$\begin{cases} a = \frac{\sqrt{5\mu_{200}}}{m_{000}} \\ b = \frac{\sqrt{5\mu_{020}}}{m_{000}} \\ c = \frac{\sqrt{5\mu_{002}}}{m_{000}} \end{cases}.$$

L'allongement de la structure, défini par le rapport de la longueur du plus grand axe sur celle du plus petit, permet de supprimer les candidats trop allongés, correspondant à des plis peu marqués. Le rapport du volume du candidat, donné par  $m_{000}$ , sur celui du modèle ellipsoïdal, donné par  $\frac{4}{3}\pi abc$  permet ensuite de supprimer les candidats qui ne sont pas de forme ellipsoïdale.

Cette méthode est limitée par deux hypothèses fortes :

- chaque polype est une composante connexe,
- chaque composante connexe est soit un pli unique, soit un polype unique.

Ces deux hypothèses donnent lieu à deux limitations :

- un polype près d'un pli peut ne pas être détecté s'ils appartiennent tous deux à la même composante connexe du *top-hat* (figure 7.1),
- un polype sur un pli n'est pas détectable, car la forme en croissant du pli élimine la composante (figure 7.2).

### 7.1.2 Caractérisation par demi-boules

Cette méthode de caractérisation des polypes permet de supprimer les deux hypothèses de la méthode précédente et se rapproche de la description des polypes sur des images TDM donnée par Ferrucci [32], c'est-à-dire des projections rondes ou ovales vers l'intérieur de la lumière.

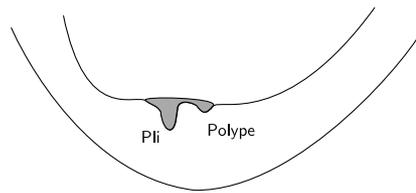


FIG. 7.1 – Polype près d’un pli, et fermeture (en gris)

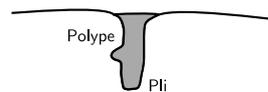


FIG. 7.2 – Polype sur un pli, et fermeture (en gris)

En utilisant les sections calculées au chapitre précédent, cette caractérisation prend en compte des informations d’orientation. Les polypes sont ici modélisés par une demi-boule, dirigée vers le chemin central.

Soit une section d’un volume, calculée à partir d’un point  $u$  d’une courbe  $k$ . Pour un point  $c$ , soit  $\mathcal{P}(c, k, u)$  le plan orthogonal à la direction  $(k(u), c)$  passant par  $c$ . Soit  $\mathcal{E}(c, k, u)$  le demi-espace délimité par  $\mathcal{P}(c, k, u)$  contenant le point  $k(u)$ . Soit  $\mathcal{B}(c, r, k, u)$  la demi-boule centrée en  $c$  et de rayon  $r$ , contenue dans le demi-espace délimité par  $\mathcal{E}(c, k, u)$ . La figure 7.3 illustre ces notions, la lumière apparaissant en gris.

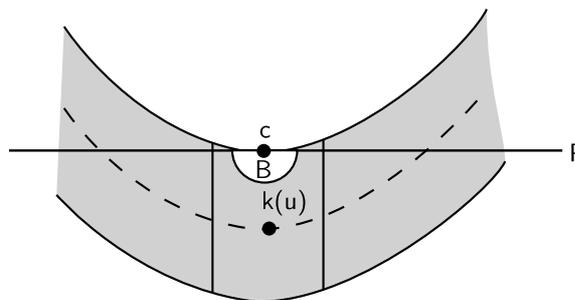


FIG. 7.3 – Demi-boule pointant vers l’intérieur

Lorsque le centre  $c$  de la demi-boule est un point de la lumière du côlon, la demi-boule  $\mathcal{B}(c, r)$  est alors une demi-boule pointant vers l’intérieur de la lumière, et donc un modèle de polype.

La détection de polypes par ces demi-boules pointant vers l’intérieur repose sur le principe suivant : les polypes n’apparaissent pas dans la segmentation

de la lumière, l'intersection entre la lumière et une demi-boule positionnée de telle manière que la frontière de celle-ci soit en contact avec la lumière sera de forme hémisphérique dans le cas d'un polype, et d'une autre forme dans le cas d'une structure n'étant pas un polype, par exemple une haustration.

La fermeture remplissant les structures du fond ne pouvant pas contenir l'élément structurant, les demi-boules sont positionnées sur la frontière du volume obtenu par la fermeture.

Pour chaque demi-boule, l'intersection entre la frontière de la fermeture et la demi-boule est calculée. La figure 7.4 montre la forme de l'intersection lorsque le rayon  $r$  de la demi-boule est petit par rapport à la structure, et la figure 7.5 montre de façon similaire l'intersection dans le cas où  $r$  est grand par rapport à la structure. Dans les deux cas, l'intersection n'est pas hémisphérique.

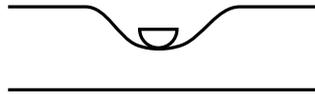


FIG. 7.4 – Intersection entre une demi-boule et une structure plus grande

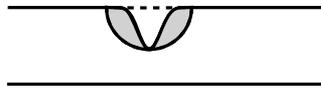


FIG. 7.5 – Intersection (en gris) entre une demi-boule et une structure plus petite

## 7.2 Détection de tumeurs

Les structures cancéreuses, appelées carcinomes<sup>1</sup> dans le milieu médical, apparaissent sur les images comme des grosses masses dans la lumière, causant un rétrécissement de celle-ci [32]. Leur forme irrégulière rend l'utilisation d'un filtrage morphologique tel que celui utilisé ci-dessus plus compliqué, et nous proposons ici trois méthodes basées sur le recouvrement de la lumière par des sections, présenté au chapitre précédent.

1. Tumeur maligne dérivée de tissus épithéliaux (peau, muqueuses ou tissus glandulaires)

### 7.2.1 Évolution de l'épaisseur du côlon

Le rétrécissement de la lumière étant le principal critère de caractérisation des structures cancéreuses, cette première méthode est basée sur l'évolution de l'épaisseur de la lumière du côlon, calculée pour chaque section.

L'épaisseur de la lumière pourrait être calculée sans se baser sur les sections, en calculant une carte des distances, et en suivant l'évolution de cette distance en chaque point du chemin central. En raison du caractère tortueux de la surface du côlon, cette façon de procéder ne semble pas suffisamment robuste, et l'épaisseur est calculée section par section. Pour une section donnée, une carte des distances par rapport au chemin central est calculée, et la moyenne des distances de l'ensemble des points du bord est définie comme l'épaisseur moyenne de la section. Cette méthode est préférable à l'approximation plus classique  $\frac{4A}{P}$ , où  $A$  est l'aire de la section et où  $P$  est son périmètre. En effet, cette mesure suppose que la section est circulaire, ce qui n'est pas le cas dans les zones cancéreuses.

Dans le cas où cette épaisseur moyenne varie fortement d'une section à l'autre, il y a un rétrécissement significatif, et la section la plus fine est considérée comme faisant partie d'une structure cancéreuse. Cette méthode permet également de détecter les sténoses qui ne sont pas forcément dues à une tumeur et donc peut n'être pas assez spécifique. L'utilisation d'autres critères statistiques calculés sur les distances au chemin central des points du bord d'une section peut permettre une meilleure discrimination. De tels critères peuvent comprendre des mesures d'asymétrie (*skewness*) et d'aplatissement (*kurtosis*).

Cette méthode est limitée dans la mesure où les structures détectées ne sont pas localisées avec précision : on détermine si une section peut contenir une structure cancéreuse, mais non l'endroit de cette section où se trouve la structure.

### 7.2.2 Parcours du bord d'une section

Cette seconde méthode se base aussi sur la distance au chemin central des points du bord d'une section, mais permet une localisation de la structure détectée au sein de la section. Elle se rapproche de la méthode de détection de régions concaves de Dehmeshki *et al.* [23], mais sans la notion d'angle utilisée par ceux-ci, mal définie dans le cadre discret.

Comme pour la méthode précédente, une carte des distances depuis le chemin central est calculée pour chaque section. Pour chaque coupe selon l'axe  $z$  d'une section – ces coupes sont donc orthogonales au chemin central – un parcours du bord est réalisé, en partant du point le plus éloigné du chemin central. Lorsqu'une baisse significative de la distance est constatée, chaque voxel par-

couru est marqué comme faisant partie d'une structure cancéreuse. Lorsque l'épaisseur augmente à nouveau, le marquage est arrêté.

Le commencement du parcours par le point le plus éloigné du bord permet de garantir qu'on rencontrera un début de zone à marquer, caractérisé par une diminution de l'épaisseur, avant une fin de zone à marquer. Cette méthode ne permet pas de détecter les éventuelles structures annulaires orthogonales au chemin central, car celles-ci ne présentent pas de discontinuités dans les valeurs des distances des points du bord.

### 7.2.3 Moments d'ordre 2

Cette troisième et dernière méthode de détection de structures cancéreuses se base sur un calcul des moments d'ordre 2, sur les coupes selon l'axe  $z$  de chaque section. L'idée de base est qu'une coupe selon l'axe  $z$  d'une section saine est de forme elliptique, alors qu'une coupe d'une section comportant une structure cancéreuse ne le sera pas.

La définition des moments d'un objet est donnée plus haut, en section 7.1.1. Bien que cette définition soit pour des images tri-dimensionnelles, elle est directement extensible aux coupes bi-dimensionnelles utilisées ici.

Comme dans le cas de la caractérisation des polypes, le rapport entre la surface de la coupe, donné par son moment  $m_{00}$ , et celle de l'ellipse donne une indication de la régularité de la forme de la coupe, et donc de son appartenance à une section saine.

Cette méthode, comme la première mentionnée ci-dessus, ne permet pas non plus la localisation exacte de la structure cancéreuse au sein d'une section. On peut cependant obtenir une approximation des zones détectées comme des zones cancéreuses en calculant la différence ensembliste entre l'ellipse modelant la coupe et la coupe elle-même.

## 7.3 Conclusion

Nous avons présenté dans ce chapitre cinq méthodes de détection automatique de pathologies du côlon, deux concernant les polypes et trois concernant les carcinomes – c'est-à-dire les structures cancéreuses. Ces cinq méthodes détectent des déformations du volume segmenté de la lumière – obtenu par les méthodes du chapitre 3 – de façon locale, sur les sections calculées au chapitre 6. La détection des polypes est basée sur une fermeture morphologique afin de détecter les structures du fond qui ne peuvent pas contenir l'élément structurant. Du fait de leurs formes plus irrégulières, cet opérateur ne suffit pas pour la

détection de carcinomes et la détection de ceux-ci passe par un calcul de carte de distances ou par une analyse de forme.

La validation de la détection de pathologies demande une expertise médicale, contrairement à la segmentation de la lumière ou à la détection de chemin central. Cette validation doit donc être réalisée par un radiologue, ce qui n'a pas encore été réalisé. Présenter des résultats expérimentaux dans ce chapitre n'est donc pas significatif, dans la mesure où nous ne pouvons, à l'heure actuelle, mesurer ni sensibilité (nombre de structures détectées par rapport aux nombres de structures présentes) ni la spécificité (nombre de faux positifs par rapport aux structures détectées) de nos méthodes.

Les méthodes de détection de carcinomes, étant plus facilement paramétrables que celles de détection de polypes, peuvent être adaptées à la détection d'autres pathologies. Ainsi, les diverticules qui apparaissent comme des poches en dehors de la paroi colique sur une image TDM seront caractérisés par une augmentation de l'épaisseur de la lumière dans les méthodes des sections 7.2.1 et 7.2.2 et par une perte de forme elliptique par rapport aux sections saines en utilisant la méthode de la section 7.2.3.

## Conclusion

DANS CETTE THÈSE, nous avons contribué au traitement d'images médicales, en nous attachant aux images TDM et IRM du côlon. Nous avons exploré trois axes principaux, la segmentation, le calcul du chemin central et la détection de pathologies. En raison du peu d'articles existant, principalement dans le domaine de la suppression de boucles et dans celui de la détection de pathologies du côlon, les travaux réalisés ont un caractère exploratoire.

Nous avons dans un premier temps comparé la stabilité de différents attributs photométriques – intensités minimales et maximales, deux calculs de moyenne et deux calculs de médiane des intensités – à la fois sur les images TDM et sur les images IRM. Ceci nous a permis de segmenter la lumière du côlon par un algorithme de croissance de région basé sur le critère le plus stable pour chacun des deux types d'images. Nous obtenons des résultats corrects sur 68% des cas pour les images IRM et 70% des cas pour les images TDM.

Une fois la lumière segmentée, nous avons proposé un algorithme de calcul du chemin central du côlon. Cet algorithme est composé de trois étapes. Tout d'abord, un amincissement homotopique est appliqué sur le volume binaire de la lumière, ce qui donne un squelette fin et centré, contenant le chemin central, mais comportant également des branches en trop. Dans un second temps, nous proposons un algorithme permettant de supprimer ces branches surnuméraires. Finalement, nous avons étudié différents algorithmes de suppression des boucles présentes dans le squelette et nous proposons un algorithme correct et efficace de suppression de boucles, basé sur le suivi du squelette dans un espace d'échelle. Nous obtenons donc une méthode complète de calcul du chemin central du côlon, topologiquement et anatomiquement correcte, testée avec succès sur l'ensemble des cas de notre base de test.

Nous avons ensuite utilisé ce chemin central pour recouvrir le volume de la lumière par un ensemble de sections. Ces sections, orthogonales au chemin central, sont construites de telle manière qu'elles n'aient qu'une seule intersection avec le chemin central et soient orthogonales à celui-ci. L'orthogonalité est obtenue par l'approximation du chemin central par une courbe B-spline et le calcul de repères locaux sur cette courbe. L'unicité de l'intersection avec le chemin central, prise en défaut dans les zones de forte courbure, est garantie par

un algorithme basé sur un calcul de zones d'influences à l'intérieur de la section. Le recouvrement obtenu est complet – chaque voxel appartient à au moins une section – et minimal – chaque section est aussi éloignée que possible de la section précédente.

Ces sections sont utilisées pour une détection locale des polypes et des cancers du côlon. Cette détection se base sur les déformations de la lumière. En raison de leur forme ellipsoïdale, les polypes sont caractérisés par une fermeture morphologique. Les cancers sont quant à eux caractérisés grâce à une carte de distances ou grâce aux moments d'ordre 2. Les approches présentées ici sont locales, car elles se basent sur les sections calculées précédemment. Ceci permet de mieux représenter les connaissances a priori utilisées par les gastro-entérologues lors d'une coloscopie, notamment les notions d'orientation et de diamètre de la lumière.

Les différents algorithmes présentés au cours de cette thèse ont été implémentés en C++, en se basant sur deux bibliothèques de traitement d'images. La première, développée au sein de l'équipe Virtuals de l'Ircad, a servi principalement pour les algorithmes touchant à la topologie discrète. La seconde, ITK [74], a été utilisée pour les autres algorithmes. Cette seconde bibliothèque, comporte un très grand nombre d'algorithmes déjà implémentés, ce qui évite à l'utilisateur de « réinventer la roue » à chaque algorithme dont il a besoin. La bibliothèque ITK présente de plus une grande généricité, au niveau de la dimension des images, du type de données qu'elles contiennent et des régions d'intérêt parcourues par les algorithmes [31]. Cette généricité permet d'écrire une seule fois un algorithme, qui peut alors être réutilisé quelles que soient les caractéristiques de l'image sur laquelle il s'applique.

## Perspectives

**D**E NOUVELLES TECHNIQUES d'imagerie sont récemment apparues [2], permettant d'obtenir une paroi contrastée sur les images IRM. En adaptant nos algorithmes de segmentation à ce type d'acquisition, nous pourrions obtenir une segmentation plus précise et plus robuste, car nous disposerions alors d'une information supplémentaire. Les algorithmes de segmentation que nous avons proposés pourraient également être améliorés par le placement automatique des graines servant à la propagation, afin d'obtenir une segmentation totalement automatique.

L'extension des travaux sur le chemin central à d'autres organes tubulaires, comme le réseau veineux du foie ou les voies aériennes, est à étudier. Ces organes étant arborescents et non pas linéaires, les algorithmes topologiques que nous avons présentés devront être adaptés. En effet, concernant l'étape d'élagage, un marqueur est nécessaire par branche terminale du réseau veineux, et

le placement manuel de ces marqueurs n'est pas envisageable en raison de la complexité des ces parties terminales. L'algorithme de suppression de boucles devra également être adapté, afin d'obtenir depuis chaque feuille un chemin sans boucle vers la racine.

La détection de pathologies se concentre pour l'instant uniquement sur les polypes et les cancers. Les autres pathologies du côlon ne doivent cependant pas être oubliées. Comme elles sont caractérisées par une déformation de la paroi, elles sont vraisemblablement détectables par une adaptation des algorithmes que nous avons présentés.

Le but des algorithmes de traitement d'images médicales étant d'être utilisés en routine dans le milieu médical, ces travaux devront être validés par un expert. Deux approches classiques sont alors possibles. La première consiste en une validation visuelle. Cette méthode est simple et peu coûteuse en temps, mais peu précise : une note de qualité peut être attribuée aux segmentations automatiques, mais cette note n'est pas totalement objective car elle dépend de la variabilité intra-observateur. La seconde consiste en une mesure de la similarité entre le résultat des algorithmes automatiques et celui d'une segmentation manuelle. Cette méthode est plus précise dans la mesure où la qualité des algorithmes peut être quantifiée, mais nécessite cependant l'utilisation de critères plus complexes et le choix d'une base de test afin d'obtenir des résultats significatifs [13]. Elle est également plus coûteuse en temps en raison de l'utilisation de segmentations manuelles.



## Bibliographie

- [1] Agence Nationale d'Accréditation et d'Évaluation en Santé (ANAES). Place de la coloscopie virtuelle dans le dépistage du cancer colorectal, 2001.
- [2] W. Ajaj, J. F. Debatin, and T. Lauenstein. Dark-lumen MR colonography. *Abdominal Imaging*, 29(4):429–433, 2004.
- [3] S. B. Akers. Binary decision diagrams. *IEEE Transactions on Computers*, C-27:509–516, 1978.
- [4] Z. Aktouf, G. Bertrand, and L. Perroton. A three-dimensional holes closing algorithm. *Pattern Recognition Letters*, 23:523–531, 2002.
- [5] C. Arcelli and G. Sanniti de Baja. Finding local maxima in a pseudo-euclidean distance transform. *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, 43:361–367, 1988.
- [6] A. V. Bartrolí, R. Wegenkittl, A. König, and E. Gröller. Nonlinear virtual colon unfolding. In *Proceedings of Visualization 2001, VIS'01*, pages 411–418. IEEE, 2001.
- [7] G. Bertrand. On  $P$ -simple points. In *Comptes rendus de l'Académie des sciences de Paris, série I*, volume 321, pages 1077–1084. Elsevier, 1995.
- [8] G. Bertrand. Sufficient conditions for 3D parallel thinning algorithms. In *Proceedings of Vision Geometry VII*, volume 2573, pages 52–60. SPIE, 1995.
- [9] G. Bertrand and Z. Aktouf. Three-dimensional thinning algorithm using subfields. In R. A. Melter and A. Y. Wu, editors, *Proceedings of Vision Geometry III*, pages 113–124, 1995.
- [10] G. Bertrand and G. Malandain. A new characterization of three-dimensional simple points. *Pattern Recognition Letters*, 15:169–175, 1994.
- [11] N. Biggs. *Algebraic Graph Theory*. Cambridge University Press, 1994.
- [12] I. Bitter, A. E. Kaufman, and M. Sato. Penalized-distance volumetric skeleton algorithm. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 7(3):195–206, 2001.

- [13] K. W. Bowyer. Validation of medical image analysis techniques. In M. Sonka and J. M. Fitzpatrick, editors, *Handbook of Medical Imaging, volume 2*, pages 567–607. SPIE Press, 2000.
- [14] P. E. Bézier. The first years of CAD/CAM and the UNISURF CAD system. In L. Piegl, editor, *Fundamental Developments of Computer-Aided Geometric Modeling*, pages 13–26. Academic Press, 1993.
- [15] F. Catté, P.-L. Lions, J.-M. Morel, and T. Coll. Image selective smoothing and edge detection by nonlinear diffusion. *SIAM Journal of Numerical Analysis*, 29:182–193, 1992.
- [16] D. Chen, B. Li, Z. Liang, M. Wan, A. Kaufman, and M. Wax. A tree-branch searching, multiresolution approach to skeletonization for virtual endoscopy. In *Proceedings of SPIE's International Symposium on Medical Imaging*, pages 726–734, 2000.
- [17] D. Chen, Z. Liang, M. R. Wax, and L. Li. A novel approach to extract colon lumen from CT images for virtual colonoscopy. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 19(12):1220–1226, 2000.
- [18] P. Costantini, R. T. Farouki, C. Manni, and A. Sestini. Computation of optimal composite re-parameterizations. *Computer Aided Geometric Design*, 18:875–897, 2001.
- [19] R. T. Cox. Probability, frequency and reasonable expectation. *American Journal of Physics*, 14:1–13, 1946.
- [20] O. Cuisenaire. *Distance transformations: fast algorithms and applications to medical image processing*. PhD thesis, Université catholique de Louvain (UCL), 1999.
- [21] B. M. Dawant and A. P. Zijdenbos. Image segmentation. In M. Sonka and J. M. Fitzpatrick, editors, *Handbook of Medical Imaging, volume 2*, pages 71–128. SPIE Press, 2000.
- [22] P. de Casteljau. Polar forms for curve and surface modeling as used at Citroën. In L. Piegl, editor, *Fundamental Developments of Computer-Aided Geometric Modeling*, pages 1–12. Academic Press, 1993.
- [23] J. Dehmeshki, H. Amin, W. Wong, M. E. Dehkordi, N. Kamangari, M. Roddie, and J. Costello. Automatic identification of colonic polyp in high-resolution CT images. In M. J. Fitzpatrick and M. Sonka, editors, *Medical Imaging 2004: Image Processing*, pages 155–162, 2004.
- [24] A. P. Dempster, N. Lair, and D. Rubin. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 39(1):1–38, 1977.

- [25] T. Deschamps and L. D. Cohen. Fast extraction of minimal paths in 3D images and applications to virtual endoscopy. *Medical Image Analysis*, 5:281–299, 2001.
- [26] E. W. Dijkstra. A note on two problems in connexion with graphs. *Numerische Mathematik*, 1:269–271, 1959.
- [27] C. Dorai and A. K. Jain. COSMOS – a representation scheme for 3D free-form objects. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 19(10):1115–1130, 1997.
- [28] R. O. Duda, P. E. Hart, and D. G. Stork. *Pattern Classification*. Wiley, second edition, 2000.
- [29] G. Farin. *Curves and Surfaces for CAD: a Practical Guide*. Academic Press, 5<sup>th</sup> edition, 2002.
- [30] R. T. Farouki and T. Sakkalis. Real rational curves are not “unit speed”. *Computer Aided Geometric Design*, 8(2):151–157, 1991.
- [31] J.-B. Fasquel, V. Agnus, and J. Lamy. An efficient and generic extension to ITK to process arbitrary shaped regions of interest. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, à paraître.
- [32] J. T. Ferrucci. Colon cancer screening with virtual colonoscopy : promise, polyps, politics. *American Journal of Roentgenology*, 177:975–988, 2001.
- [33] C. Fouard, G. Malandain, S. Prohaska, M. Westerhoff, F. Cassot, C. Mazel, D. Asselot, and J.-P. Marc-Vergnes. Squelettisation par blocs pour des grands volumes de données 3D : application à la microcirculation cérébrale. In *RFIA 2004*, 2004.
- [34] S. Fourey and R. Malgouyres. A concise characterization of 3D simple points. *Discrete Applied Mathematics*, 125:59–80, 2003.
- [35] T. M. Gluecker, C. D. Johnson, W. S. Harmsen, K. P. Offord, A. M. Harris, L. A. Wilson, and D. A. Ahlquist. Colorectal cancer screening with CT colonography, colonoscopy, and double-contrast barium enema examination: Prospective assessment of patient perceptions and preferences. *Radiology*, 227:378–384, 2003.
- [36] W. X. Gong and G. Bertrand. A simple parallel 3D thinning algorithm. In *10th International Conference on Pattern Recognition*, pages 188–190, 1990.
- [37] R. C. Gonzales and R. E. Woods. *Digital Image Processing*. Prentice Hall, second edition, 2002.
- [38] J. Grellet. *Imagerie du côlon*. Masson, 1994.

- [39] S. B. Göktürk, C. Tomasi, B. Acar, C. F. Beaulieu, D. S. Paik, R. B. Jeffrey, Jr, J. Yee, and S. Napel. A statistical 3-D pattern processing method for computer-aided detection of polyps in CT colonography. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(12):1251–1260, 2001.
- [40] C. J. Hilditch. Linear skeletons from square cupboards. In B. Meltzer and D. Michie, editors, *Machine Intelligence 4*, pages 403–420. Edinburgh University Press, 1969.
- [41] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos. Snakes: active contour models. *International Journal of Computer Vision*, 1(4):321–331, 1988.
- [42] E. Khalimsky, R. Kopperman, and P. R. Meyer. Computer graphics and connected topologies on finite ordered sets. *Topology and its Applications*, 36:501–518, 1990.
- [43] B. Kirsner, Joseph and R. G. Shorter, editors. *Diseases of the Colon, Rectum, and Anal Canal*. Williams and Witkins, 1988.
- [44] J. J. Koenderink and A. J. van Doorn. The structure of images. *Biological Cybernetics*, 50:363–370, 1984.
- [45] J. J. Koenderink and A. J. van Doorn. Surface shape and curvature scales. *Image and Vision Computing*, 10(8):557–564, 1992.
- [46] T. Y. Kong and A. Rosenfeld. Digital topology : introduction and survey. *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, 48:357–393, 1989.
- [47] R. Kopperman, P. R. Meyer, and R. G. Wilson. A Jordan surface theorem for three-dimensional digital spaces. *Discrete & Computational Geometry*, 6(2):155–161, 1991.
- [48] V. A. Kovalevsky. Finite topology as applied to image analysis. *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, 46:141–161, 1989.
- [49] L. Lam, S.-W. Lee, and C. Y. Suen. Thinning methodologies – a complete survey. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14:869–885, 1992.
- [50] R. J. Lapeer, A. C. Tan, and R. Aldridge. A combined approach to 3D medical image segmentation using marker-based watersheds and active contours: the active watershed approach. In *Proceedings of the 6th conference on Medical Image Understanding and Image Analysis (MIUA 2002)*. BMVA, 2002.
- [51] T. C. Lauenstein, C. U. Herborn, F. M. Vogt, S. C. Göhde, J. F. Debatin, and S. G. Ruehm. Dark lumen MR-colonography: initial experience. *Fortschritte auf dem Gebiet der Röntgenstrahlen und der bildgebenden Verfahren*, 173:785–789, 2001.

- [52] C. Y. Lee. Representation of switching circuits by binary decision programs. *Bell Systems Technical Journal*, 38:985–999, 1959.
- [53] P. A. Lefere, S. S. Gryspeerdt, J. Dewyspelaere, M. Baekelandt, and B. G. Van Holsbeeck. Dietary fecal tagging as a cleansing method before CT colonography: Initial results—polyp detection and patient acceptance. *Radiology*, 224:393–403, 2002.
- [54] L. Li, D. Chen, S. Lakare, K. Kreeger, I. Bitter, A. E. Kaufman, M. R. Wax, P. M. Djuric, and Z. Liang. An image segmentation approach to extract colon lumen through colonic material tagging and hidden Markov random field model for virtual colonoscopy. In *Proceedings of SPIE Medical Imaging 2002*, pages 406–411, 2002.
- [55] Z. Liang, F. Yang, M. Max, J. Li, J. You, A. Kaufman, L. Hong, H. Li, and A. Viswambharan. Inclusion of a priori information in segmentation of colon lumen for 3D virtual colonoscopy. In *Proceedings of Nuclear Science Symposium*, volume 2, pages 1423–1427, 1997.
- [56] T. Lindeberg. Scale-space for discrete signals. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(3):234–254, 1990.
- [57] T. Lindeberg. Edge detection and ridge detection with automatic scale selection. *International Journal of Computer Vision*, 30(2):117–154, 1998.
- [58] T. Lindeberg and B. ter Haar Romeny. Geometry-driven diffusion. In B. ter Haar Romeny, editor, *Linear scale-space: (I) Basic theory and (II) Early visual operations*, pages 1–77. Kluwer Academic Publishers, 1994.
- [59] 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 topologie discrète*. Thèse de doctorat, Université de Marne-la-Vallée, 2001.
- [60] C. M. Ma. On topology preservation in 3D thinning. *CVGIP : Image Understanding*, 59(3):328–339, 1994.
- [61] C. M. Ma. A 3D fully parallel thinning algorithm for generating medial faces. *Pattern Recognition Letters*, 16:83–87, 1995.
- [62] C. M. Ma. A fully parallel 3D thinning algorithm and its applications. *Computer Vision and Image Understanding*, 64:420–433, 1996.
- [63] G. Malandain. On topology in multidimensional discrete spaces. Technical Report 2098, INRIA, 1993.
- [64] G. Malandain, G. Bertrand, and N. Ayache. Topological segmentation of discrete surfaces. *International Journal of Computer Vision*, 10(2):183–197, 1993.

- [65] A. G. Mamistvalov.  $n$ -dimensional moment invariants and conceptual mathematical theory of recognition  $n$ -dimensional solids. *IEEE Transactions of Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 20(8), 1998.
- [66] A. Manzanera, T. M. Bernard, F. Prêteux, and B. Longuet. A unified mathematical framework for a compact and fully parallel  $n$ -D skeleton. In *Proceedings of Vision Geometry VIII*, pages 57–68, 1999.
- [67] D. Marr. *Vision*. Freeman, San Francisco, 1982.
- [68] A. Martelli. Edge detection using heuristic search methods. *Computer Graphics and Image Processing*, 1:169–172, 1972.
- [69] T. McInerney and D. Terzopoulos. Deformable models in medical image analysis: a survey. *Medical Image Analysis*, 1(2):91–108, 1996.
- [70] T. McInerney and D. Terzopoulos. Topology adaptative deformable surfaces for medical image volume segmentation. *Transactions on Medical Imaging*, 18(10):840–850, 1999.
- [71] C. Meyer. Cancer du côlon. In *Tube digestif et pancréas*. 2002.
- [72] F. Meyer. Un algorithme optimal de ligne de partage des eaux. In *8<sup>ème</sup> RFA*, pages 583–598, 1991.
- [73] D. G. Morgenthaler. Three-dimensional simple points. Technical Report TR-980, University of Maryland, 1980.
- [74] National Library of Medicine. ITK, <http://www.itk.org>.
- [75] J. Näppi, H. Frimmel, and H. Yoshida. Virtual endoscopic visualization of the colon by shape-scale signatures. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, 9(1):120–131, 2005.
- [76] N. Otsu. A threshold selection method from gray level histograms. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, 9:62–66, 1979.
- [77] K. Palágyi and A. Kuba. A 3D 6-subiteration thinning algorithm for extracting medial lines. *Pattern Recognition Letters*, 19:613–627, 1998.
- [78] K. Palágyi and A. Kuba. A parallel 3D 12-subiteration thinning algorithm. *Graphical Models and Image Processing*, 61:199–221, 1999.
- [79] C.-M. Park and A. Rosenfeld. Connectivity and genus in three dimensions. Technical Report TR-156, University of Maryland, 1971.
- [80] P. Perona and J. Malik. Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(7):629–639, 1990.
- [81] P. J. Pickhardt, J. R. Choi, I. Hwang, J. A. Butler, M. L. Puckett, H. A. Hildebrandt, R. K. Wong, P. A. Nugent, P. A. Mysliwiec, and W. R. Schind-

- ler. Computed tomographic virtual colonoscopy to screen for colorectal neoplasia in asymptomatic adults. *New England Journal of Medicine*, 349(23), 2003.
- [82] L. A. Piegl and W. Tiller. *The NURBS Book*. Springer-Verlag, 2<sup>nd</sup> edition, 1996.
- [83] C. Pudney. Distance-ordered homotopic thinning : a skeletonization algorithm for 3D digital images. *Computer Vision and Image Understanding*, 72(3):404–413, 1998.
- [84] F. Reinhardt and H. Söder. *Atlas des mathématiques*. La Pochothèque, 1997.
- [85] L. Robert and G. Malandain. Fast binary image processing using binary decision diagrams. Technical Report 3001, INRIA, 1996.
- [86] C. Ronse. A topological characterization of thinning. *Theoretical Computer Science*, 43:31–41, 1986.
- [87] C. Ronse. Minimal test patterns for connectivity preservation in parallel thinning algorithms for binary digital images. *Discrete Applied Mathematics*, 21(1):67–79, 1988.
- [88] D. Rutovitz. Pattern recognition. *Journal of the Royal Statistical Society, Serie A*, 129:504–530, 1966.
- [89] R. J. Sadleir and P. F. Whelan. Colon centreline calculation for CT colonography using optimised 3D topological thinning. In *Proceedings of the First International Symposium on 3D Data Processing Visualization and Transmission (3DPVT'02)*, 2002.
- [90] P. K. Saha, B. B. Chaudhuri, and D. D. Majumder. A new shape preserving parallel thinning algorithm for 3D digital images. *Pattern Recognition*, 12:1939 – 1955, 1997.
- [91] M. Sato, S. Lakare, M. Wan, A. Kaufman, Z. Liang, and M. Wax. An automatic colon segmentation for 3D virtual colonoscopy. *IEICE Transactions in Information and Systems*, E84-D(1):201–208, 2001.
- [92] I. Serlie, T. Roel, J. Florie, F. Post, L. van Vliet, and F. Vos. Computed cleansing for virtual colonoscopy using a three-material transition model. In *Proceedings of the 6th International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, volume 2879 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 175–183. Springer, 2003.
- [93] J. A. Sethian. *Level Set Methods and Fast Marching Methods*. Cambridge University Press, 1999.
- [94] P. Soille. *Morphological Image Analysis*. Springer, 2<sup>nd</sup> edition, 2002.

- [95] R. M. Summers, C. F. Beaulieu, L. M. Pusanik, J. D. Malley, R. B. Jeffrey, Jr., D. I. Glazer, and S. Napel. Automated polyp detector for CT colonography: feasibility study. *Radiology*, 216:284–290, 2000.
- [96] R. M. Summers, M. Franaszek, M. T. Miller, J. Pickhardt, Perry, J. R. Choi, and W. R. Schindler. Computer-aided detection of polyps on oral contrast-enhanced CT colonography. *American Journal of Roentgenology*, 184:105–108, 2005.
- [97] R. M. Summers, C. D. Johnson, L. M. Pusanik, J. D. Malley, A. M. Youssef, and J. E. Reed. Automated polyp detection at CT colonography: feasibility assessment in a human population. *Radiology*, 219:51–59, 2001.
- [98] K. Suzuki, I. Horiba, and N. Sugie. Linear-time connected-component labelling based on sequential local operations. *Computer Vision and Image Understanding*, 89:1–23, 2003.
- [99] H. N. V. Temperley. On the mutual cancellation of cluster integrals in Mayer’s fugacity series. *Proceedings of the Physical Society*, 83:3–16, 1964.
- [100] D. Terzopoulos, A. Witkin, and M. Kass. Constraints on deformable models: recovering 3D shape and non-rigid motion. *Artificial Intelligence*, 36(1):91–123, 1988.
- [101] L. Vincent and P. Soille. Watersheds in digital spaces: an efficient algorithm based on immersion simulation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(6):583–598, 1991.
- [102] G. Wang, E. G. McFarland, B. P. Brown, and M. W. Vannier. GI tract unraveling with curved cross sections. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(2):318–322, 1998.
- [103] J. Weickert. *Anisotropic Diffusion in Image Processing*. ECMI. Teubner-Verlag, 1998.
- [104] E. Weisstein. *Mathworld* (<http://mathworld.wolfram.com>), chapter “Hole”. Wolfram Web, 2004.
- [105] A. Witkin. Scale-space filtering. In *Proceedings of the 7<sup>th</sup> International Joint Conference on Artificial Intelligence*, pages 1019–1022, 1983.
- [106] C. L. Wyatt, Y. Ge, and D. J. Vining. Automatic segmentation of the colon for virtual colonoscopy. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 24(1):1–9, 2000.
- [107] S. Yokoi, J.-I. Toriwaki, and T. Fukumura. An analysis of topological properties of digitized binary pictures using local features. *Computer Graphics and Image Processing*, 4:63–73, 1975.

- [108] H. Yoshida, Y. Masutani, P. MacEneaney, D. T. Rubin, and A. H. Dachman. Computerized detection of colonic polyps at CT colonography on the basis of volumetric features: pilot study. *Radiology*, 222:327–336, 2002.
- [109] H. Yoshida and J. Näppi. Three-dimensional computer-aided diagnosis scheme for detection of colonic polyps. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(12):1261–1274, 2001.
- [110] Y. Zhou and A. W. Toga. Efficient skeletonization of volumetric objects. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 5(3):196–209, 1999.