



HAL
open science

Modelisation statistique de formes en imagerie cerebrale

Isabelle Corouge

► **To cite this version:**

Isabelle Corouge. Modelisation statistique de formes en imagerie cerebrale. Autre. Université Rennes 1, 2003. Français. NNT: . tel-00003647

HAL Id: tel-00003647

<https://theses.hal.science/tel-00003647>

Submitted on 24 Oct 2003

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

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

N° d'ordre: 2767

THÈSE

présentée

DEVANT L'UNIVERSITÉ DE RENNES I

pour obtenir

le grade de : *DOCTEUR DE L'UNIVERSITÉ DE RENNES I*

Mention : Informatique

par

Isabelle Corouge

Équipe d'accueil : VISTA (IRISA, RENNES)

École doctorale : Mathématiques, Informatique, Signal, Électronique et
Télécommunications

Composante Universitaire : IFSIC

Titre de la thèse :

Modélisation statistique de formes en imagerie cérébrale.

Soutenue le 9 avril 2003, devant la commission d'Examen

COMPOSITION DU JURY :

M.	Patrick	BOUTHEMY	Président du jury
Mme	Line	GARNERO	Rapporteurs
M.	Grégoire	MALANDAIN	
M.	Christian	BARILLOT	Examineurs
M.	Michel	DESVIGNES	
M.	Michel	DOJAT	

Remerciements

Ces travaux ont été menés à l'Institut de Recherche en Informatique et Systèmes Aléatoires, INRIA-Rennes, au sein de l'équipe Vista.

J'adresse mes plus vifs remerciements à Patrick Bouthémy, directeur de recherche à l'INRIA et responsable du projet Vista, pour m'avoir accueillie au sein de son équipe et permis de travailler dans les meilleures conditions jusqu'à la fin de rédaction de ce mémoire. Je le remercie également de m'avoir fait l'honneur de présider mon jury de thèse.

Je tiens à remercier Line Garnero, directrice de recherche au CNRS, et Grégoire Mandain, directeur de recherche à l'INRIA, d'avoir accepté d'être rapporteurs de cette thèse, de leurs remarques et critiques constructives ainsi que des discussions suscitées avant et pendant la soutenance.

Je tiens également à remercier Michel Desvignes, professeur à l'ENSERG-INPG et au LIS, et Michel Dojat, ingénieur de recherche à l'INSERM, d'avoir accepté d'examiner ce travail et de s'y être penchés avec tant d'attention. Je leur sais gré de l'intérêt qu'ils lui ont témoigné et des réflexions partagées le jour de la soutenance. J'en profite pour re-remercier Michel Dojat, avec qui la collaboration entreprise fut pour moi très motivante et enrichissante.

J'aimerais remercier tout particulièrement mon directeur de thèse, Christian Barillot, directeur de recherche au CNRS. J'ai beaucoup apprécié son encadrement tout au long de ces travaux ; entre autres du fait de ses qualités humaines, de sa confiance et de sa bonne humeur, de son expertise du domaine de l'imagerie médicale et de son enthousiasme scientifique.

Je souhaite aussi remercier Pierre Hellier pour ses conseils, ses encouragements et sa relecture attentive de ce manuscrit. Merci beaucoup également aux correcteurs officiels : Carine, Anthony, Arnaud, Thomas, Thomas, Cybèle, François, Christine, Lætitia, Pierre, Laurence et Philippe.

Je salue toute l'équipe Vista dans laquelle il fut bien agréable de travailler. Merci à mes « colocs » de bureau et à ceux des bureaux voisins pour les bons moments passés ensemble -et aussi pour les moments un peu moins drôles de la phase de rédaction- et à tous les membres de l'Irisa -anciens ou présents- avec lesquels j'ai partagé ces années de thèse. J'en profite également pour saluer chaleureusement les membres du laboratoire IDM de la Faculté de Médecine : Bernard Gibaud, Pierre Jannin, Christophe Grova, Olivier Dameron, Oliver Fleig, Bérengère Aubert-Broche, Mélanie Raimbault entre autres.

Enfin et tout simplement, merci à mes parents, ma famille et mes amis.

Table des matières

Introduction générale	9
I Modélisation statistique de formes en imagerie cérébrale	13
1 État de l’art	15
1.1 Représentation des formes	16
1.1.1 Les représentations structurelles	16
1.1.2 Les représentations analytiques	17
1.1.3 Quelques caractéristiques différentielles	21
1.1.4 Les représentations fréquentielles	22
1.1.5 Représentation modale issue de la mécanique	25
1.2 Mise en correspondance de formes	26
1.2.1 Ensemble fini de points	28
1.2.2 Courbes et surfaces	31
1.2.3 Représentations modales	33
1.2.4 Correspondance et repère intrinsèque	34
1.3 Représentation et mise en correspondance de formes dédiées à l’apprentis- sage statistique	34
1.3.1 Génération automatique de « landmarks »	35
1.3.2 Recherche d’une paramétrisation optimale au sens du modèle	36
1.3.3 Conclusion partielle	37
1.4 Analyses statistiques	37
1.4.1 L’analyse en composantes principales	37
1.4.2 L’analyse en composantes indépendantes	41
1.4.3 Discussion ACP/ACI	47
1.4.4 Les mélanges	48
1.4.5 Les analyses en composantes principales non linéaires	49
1.5 Dérivation de modèles statistiques de formes	51
1.6 Discussion	53
2 Modélisation statistique de la forme des sillons corticaux	55
2.1 Contexte	55
2.1.1 Quelques mots sur le cerveau	55
2.1.2 Le cortex cérébral	57
2.1.3 La variabilité corticale	59

2.2	Motivations et méthodologie	60
2.3	Extraction des sillons corticaux	63
2.3.1	Éléments d'état de l'art	63
2.3.2	La méthode du ruban actif	64
2.4	Représentation des sillons corticaux	66
2.5	Construction de la population d'apprentissage	67
2.5.1	Repère intrinsèque et recalage local rigide	67
2.5.2	Rééchantillonnage des sillons	69
2.5.3	Mise en correspondance	70
2.5.4	Discussion	70
2.6	Analyse statistique	71
2.6.1	Quelle analyse choisir?	71
2.6.2	L'ACP en bref	71
2.6.3	Remarque: cas où $n \ll p$	73
2.7	Expérimentations et résultats	73
2.7.1	Les données	73
2.7.2	Rejet des exemplaires « aberrants »	74
2.7.3	Population d'apprentissage et modèle moyen	77
2.7.4	Étude de la compacité	80
2.7.5	Étude de la capacité de généralisation	83
2.7.6	Étude de la spécificité	85
2.8	Conclusion	91
3	Modélisation statistique des relations géométriques d'un couple de sillons corticaux	93
3.1	Introduction	93
3.2	Éléments d'état de l'art	94
3.3	Présentation du graphe	96
3.3.1	Le graphe	96
3.3.2	Les nœuds	97
3.3.3	Les arcs	98
3.3.4	Conclusion partielle	98
3.4	Analyse d'un couple	98
3.5	Représentation des données et apprentissage	100
3.5.1	Repère local médian	100
3.5.2	Définition du vecteur d'observation	101
3.6	L'analyse en composantes principales normée	103
3.6.1	Analyse	104
3.6.2	Synthèse	104
3.7	Expérimentations	105
3.7.1	Les données	105
3.7.2	Sélection des exemplaires de la base d'apprentissage	105
3.7.3	Résultats	108
3.8	Du couple au graphe	110
3.9	Perspective d'application	113
3.10	Conclusion	115

II	Modélisation statistique de formes en imagerie cérébrale : applications	117
	Introduction	119
4	Évaluation de méthodes de recalage inter-sujets	121
4.1	Introduction	121
4.2	Les méthodes évaluées	122
4.3	Données et cadre d'évaluation	123
4.4	Critères globaux	123
4.4.1	Présentation des critères	123
4.4.2	Présentation des résultats	124
4.4.3	Conclusion partielle	124
4.5	Critères locaux	125
4.5.1	Visualisation des sillons recalés	125
4.5.2	Distances entre sillons recalés et sillon de référence	125
4.5.3	Analyse statistique des formes des sillons recalés	127
4.5.4	Conclusion partielle	129
4.6	Conclusion	129
5	Recalage fonctionnel inter-individuel	133
5.1	Introduction	133
5.2	Corrélation anatomo-fonctionnelle	135
5.3	Méthode de recalage fonctionnel inter-individuel	136
5.3.1	Principe de la méthode	136
5.3.2	Interpolation par thin-plate splines	138
5.3.3	Extension du champ de déformation	139
5.3.4	Spécification du voisinage d'un sillon	139
5.4	Expérimentations et résultats	141
5.4.1	Un mot sur la magnétoencéphalographie (MEG)	141
5.4.2	Les données	143
5.4.3	Étude comparative	144
5.4.4	Expérimentations complémentaires sur la méthode NLL	154
5.5	Conclusion	158
6	Modélisation statistique de formes pour l'investigation du système visuel humain	159
6.1	Contexte	159
6.1.1	Du champ visuel au cortex visuel	159
6.1.2	Les aires visuelles	160
6.2	Procédé de délinéation	162
6.2.1	Étude fonctionnelle tridimensionnelle	163
6.2.2	Modélisation de la surface corticale d'intérêt	164
6.2.3	Délinéation des aires visuelles	165
6.3	Motivations	165
6.4	Modélisation statistique des frontières des aires visuelles	165
6.4.1	La population d'apprentissage	167

6.4.2	L'analyse statistique	170
6.5	Quelques résultats	171
6.5.1	Rééchantillonnage	171
6.5.2	Recalage local	173
6.5.3	Analyse statistique	173
6.6	Discussion et perspectives	174
 Conclusion générale		177
 Annexes		181
A	Diagonalisation de la matrice de covariance dans le cas où $n \ll p$	183
 Table des figures		184
 Liste des tableaux		193
 Bibliographie		194
 Publications		211

Introduction générale

L'interprétation des images cérébrales est devenue aujourd'hui un vecteur de connaissance primordial pour une meilleure compréhension du cerveau humain. Bien que limitées à une échelle macroscopique, les techniques d'imagerie actuelles permettent *in vivo* de visualiser l'anatomie du cerveau d'un sujet et également d'observer son activité cérébrale. Les sources d'images sont nombreuses. On distingue entre autres modalités l'imagerie par résonance magnétique (IRM), le scanner X, l'angiographie, l'échographie qui produisent des images anatomiques d'une part, et l'imagerie par résonance magnétique fonctionnelle (IRMf), l'électroencéphalographie (EEG), la magnétoencéphalographie (MEG), la tomographie par émission de photons (TEP), la tomographie par émission de photons simples (TEPS) qui produisent des images fonctionnelles d'autre part. Cette classification sommaire et non exhaustive se complexifie rapidement, ne serait-ce qu'en considérant la large variété de modalités au sein de l'imagerie par résonance magnétique (IRM de diffusion, IRM de perfusion par exemple) assurant un quasi-continuum entre IRM anatomique et IRM fonctionnelle. Le grand nombre d'images ainsi produit fournit une quantité de données extrêmement importante et véhicule une quantité d'informations prodigieuse. Qui plus est, les informations générées sont souvent complémentaires, particulièrement lorsqu'elles sont de type anatomique d'un côté et de type fonctionnel de l'autre. Une exploitation optimale de ce flot d'information requiert le développement d'outils de traitement et d'analyse de ces images. Ces techniques doivent être aptes à appréhender la quantité des données générées, mais aussi la complexité des structures imagées. En outre, la difficulté de la tâche est accrue par la forte variabilité morphologique et structurelle existant entre les individus. En l'absence de modèle physique ou physiologique, l'élaboration de modèles statistiques apparaît comme une alternative du plus grand intérêt pour l'aide à l'interprétation de ces images et par suite, des structures anatomiques et des fonctionnements cérébraux imagés.

C'est dans ce contexte que s'inscrivent les travaux présentés ici. Nous proposons dans ce mémoire une modélisation statistique de la forme d'entités anatomiques cérébrales particulières, voire de représentations fonctionnelles. Le but de cette modélisation est une représentation synthétique de la forme considérée et de sa variabilité, qui soit évidemment la plus réaliste possible. Nous considérons ici une construction de modèle basée sur un apprentissage de la variabilité de la classe d'intérêt et sur l'emploi de méthodes d'analyse statistique multidimensionnelle. La modélisation statistique de formes n'est pas spécifique au contexte de l'imagerie cérébrale. Elle aborde diverses problématiques rencontrées dans le domaine plus large de la vision par ordinateur. Notamment, l'élaboration d'un modèle statistique de formes recouvre plusieurs aspects tels que la segmentation des structures d'intérêt, la représentation de formes, la mise en correspondance d'un ensemble de formes et enfin comme nous l'avons déjà mentionné, elle recourt à des techniques d'analyse sta-

tistique. Le modèle finalement obtenu est exploitable dans de nombreux domaines d'application : segmentation, suivi d'objets, recalage, exploration de données, classification par exemple.

Dans le contexte plus particulier de l'imagerie cérébrale, un enjeu applicatif majeur d'une telle modélisation est la constitution d'atlas probabilistes anatomiques, voire anatomiques et fonctionnels, qui demeure un problème incomplètement résolu dans le domaine des neurosciences. De tels atlas sont particulièrement destinés à rendre compte de la forte variabilité inter-individuelle. Une problématique étroitement liée à la constitution de ces atlas est celle du recalage. En effet, les méthodes de recalage fournissent un moyen de comparaison entre les individus et sont en cela nécessaires à la construction des atlas. La relation entre modélisation statistique et recalage est tout à fait réciproque : la modélisation statistique bénéficie des techniques de recalage nécessaires à l'élaboration du modèle ; en retour, le recalage peut être guidé par le modèle construit. Ces notions seront développées au travers des applications proposées dans ce document.

Les travaux présentés ici s'inscrivent dans une thématique de recherche de longue haleine poursuivie au sein de l'équipe d'accueil. Ils font notamment suite aux travaux de thèse de G. Le Goualher axés en particulier sur la modélisation des sillons corticaux. Dans leur contexte applicatif, ils s'inscrivent également dans une thématique forte au sein de l'équipe qui est celle du recalage inter-sujets comme nous l'avons laissé entendre ci-dessus.

Ce mémoire est organisé en deux parties. La première est consacrée aux aspects méthodologiques de la modélisation statistique et propose une modélisation statistique portant sur les structures anatomiques particulières que sont les sillons corticaux. La seconde partie développe différentes applications issues de cette modélisation. Chacune de ces deux parties est découpée en trois chapitres.

Première partie

Chapitre 1 Le premier chapitre de ce document présente un état de l'art des méthodes impliquées dans l'élaboration d'un modèle statistique de formes. Ces méthodes concernent la représentation des formes, leur mise en correspondance et des aspects d'analyse statistique multidimensionnelle. Chacun de ces points est abordé successivement dans un contexte non spécifique à l'imagerie cérébrale avant d'évoquer leur utilisation pour la construction de modèles statistiques dédiés à l'interprétation d'images médicales. Un certain nombre de remarques est tiré de ce tour d'horizon et guide la modélisation proposée au chapitre 2.

Chapitre 2 Ce chapitre propose une modélisation statistique de la forme des sillons corticaux. L'intérêt d'étudier ces structures est tout d'abord développé. Puis, nous avons articulé ce chapitre autour de l'extraction de ces formes, de leur représentation et de leur mise en correspondance avant de dérouler une analyse statistique permettant d'achever la construction du modèle. L'évaluation de ce modèle est alors menée sur une base de 18 sujets.

Chapitre 3 L'étude des sillons corticaux est poursuivie dans ce troisième chapitre, non plus en termes de formes mais en termes de position et d'orientation relatives. Pour chaque

hémisphère, un graphe de relations comportant six sillons majeurs est proposé. Le travail présenté ici est limité à l'étude d'un sous-graphe représentant un couple de sillons et consiste à modéliser l'interaction de deux sillons respectivement à leur position et orientation *relatives*. L'extension de cette modélisation au graphe entier est ensuite discutée, avant de proposer une perspective d'application concernant l'étiquetage automatique des sillons corticaux.

Seconde partie

Trois applications de la modélisation statistique proposée ont été développées.

Chapitre 4 Nous avons tout d'abord participé au projet d'évaluation de méthodes de recalage global inter-sujets mené au sein de l'équipe Vista. Six méthodes sont évaluées sur la base de critères globaux et de critères locaux, cherchant à estimer la qualité du recalage dans des zones anatomiquement significatives et en particulier dans les zones corticales. Notre contribution dans ce contexte se situe au niveau de la définition d'un critère local issue du modèle statistique des sillons. En effet, lorsqu'elle est réalisée sur des amers locaux, l'analyse statistique fournit un indicateur de similarité entre les formes recalées et produit ainsi un critère de comparaison entre les méthodes.

Chapitre 5 Dans ce chapitre, nous avons exploité la connaissance statistique acquise par la modélisation des sillons corticaux pour la construction d'atlas anatomiques et fonctionnels. Plus précisément, nous avons proposé une méthode de recalage, locale et non linéaire, pour recaler des données fonctionnelles éparses multi-sujets, se présentant ici sous la forme de dipôles MEG, vers un référentiel unique lié au modèle anatomique des sillons corticaux. Cette approche suppose une étroite corrélation anatomo-fonctionnelle, et également que la variabilité fonctionnelle inter-individuelle peut être partiellement encodée par la variabilité inter-individuelle anatomique.

Chapitre 6 Ce dernier chapitre illustre la méthodologie employée dans le contexte de l'investigation du système visuel humain. Nous employons ici un schéma méthodologique identique à celui proposé au chapitre 2 afin de bâtir un modèle statistique de cartes dépliées représentant les frontières d'aires visuelles primaires abritées dans le cortex occipital.

En conclusion, nous présentons une synthèse des travaux réalisés et en dégageons quelques perspectives.

Première partie

Modélisation statistique de formes en
imagerie cérébrale

Chapitre 1

État de l'art

Les modèles déformables sont un outil particulièrement adapté pour appréhender la grande variabilité de formes rencontrée en imagerie médicale. Outil puissant d'analyse d'image, ils sont déjà largement répandus dans la littérature et nombre de variantes existent [McInerney 96]. Nous nous intéressons ici à la classe des modèles de forme basés sur une approche statistique, et conduisant à une représentation modale des données. Dans ce type de modèle, la variabilité est apprise. En effet, l'attache aux données est réalisée par l'introduction d'une connaissance *a priori* déduite d'une population d'apprentissage. Ceci rend l'approche à la fois spécifique à la classe d'objets à étudier, mais aussi générique, au sens où elle s'adapte aisément à n'importe quelle classe d'objets. Le modèle final, résultant d'une analyse statistique de la population d'apprentissage, apporte alors une connaissance statistique d'une certaine classe d'objets d'intérêt. Les propriétés attendues d'un tel modèle sont :

- la compacité. Un nombre restreint de paramètres suffit à décrire les formes et leurs variations ;
- la capacité de généralisation. Ce terme signifie que le modèle doit être apte à décrire des formes non apprises mais appartenant à la classe étudiée ;
- la spécificité. Le modèle doit décrire uniquement des instances valides de l'objet.

Dans le contexte de l'imagerie cérébrale, la modélisation statistique de formes peut être destinée à la constitution d'atlas anatomiques, voire anatomiques et fonctionnels. Dans un cadre plus général, ce type de modélisation débouche sur de nombreuses applications : segmentation, suivi, recalage, exploration de données, classification par exemple.

Ce chapitre propose un panorama des méthodes impliquées dans l'élaboration d'un modèle statistique de formes. Ces méthodes concernent la représentation des formes, leur mise en correspondance et des aspects d'analyse statistique multidimensionnelle. Les deux premiers volets permettent de construire une population d'apprentissage cohérente, que nous noterons \mathcal{P} dans la suite de ce document. Le troisième volet constitue l'étape ultime pour la dérivation du modèle.

Nous allons maintenant examiner chacun de ces trois volets successivement. Nous terminerons par la description de quelques modèles statistiques de formes proposés dans la littérature.

1.1 Représentation des formes

Une forme extraite d'une image numérique peut simplement être décrite par l'ensemble de pixels, ou de voxels dans le cas tridimensionnel, appartenant à son contour ou à sa surface. Cependant, des représentations plus structurées s'avèrent souvent plus efficaces à manipuler et en tout cas plus élégantes.

Après un bref aperçu de représentations structurelles de formes, nous nous attarderons un peu plus longuement sur les représentations paramétriques et « modales » de type fréquentiel et physique.

1.1.1 Les représentations structurelles

Les maillages

La génération d'un maillage consiste à définir une partition en éléments polygonaux (quadrilatères, triangles, hexagones, ...) afin de produire une représentation réduite et approchée de la forme. Ces polygones sont souvent dénommés facettes et leurs sommets nœuds. Un exemple bien connu de maillage est la triangulation de Delaunay, dual du diagramme de Voronoi. Différents types de maillage existent : uniforme, régulier, adaptatif, etc. Un maillage uniforme verra ses nœuds distribués uniformément sur la surface, alors qu'un maillage régulier est obtenu par division régulière des facettes. Le maillage adaptatif est *a priori* le plus attractif puisqu'il adapte sa distribution de nœuds, voire sa construction de facettes, aux zones de la forme à mailler. Le choix de tel ou tel maillage dépend évidemment de l'application envisagée et du type de formes à représenter. Cette représentation s'avère notamment utile dans le domaine de la synthèse d'images et de la compression vidéo [Marquant 00].

Les représentations médianes

La représentation médiane d'une forme est obtenue par une transformation en axe médian, encore appelée squelettisation ou « feu d'herbe ». Cette transformation vise à réduire la forme à une « ligne centrale » dénommée axe médian ou squelette. Ce dernier peut être défini comme suit. À chaque point du domaine où est définie la forme, on associe son plus proche voisin sur la forme. L'ensemble des points ayant plusieurs plus proches voisins forment alors l'axe médian. Un exemple sur un contour rectangle pourra être trouvé figure 1.1. La définition précédente implique que l'axe médian est constitué des maxima locaux de la carte des distances (image des distances à la forme). Cela ouvre une voie au calcul du squelette, mais ce dernier est également réalisable par des outils de morphologie mathématique par exemple.

Plusieurs auteurs ont adopté une telle représentation sous diverses variantes. Nous citerons simplement Pizer et sa représentation médiane « M-rep » (pour « medial representation » en anglais) [Pizer 99]. Cette représentation consiste en une séquence de primitives médianes, dénommées atomes, liées entre elles. En 2D, chaque primitive p est définie par un 4-uplet : $p = (\mathbf{x}, r, \vec{b}, \theta)$. \mathbf{x} est la position médiane équidistante de deux points du contour, c_1 et c_2 . Le vecteur \vec{b}_1 , respectivement \vec{b}_2 , pointant de \mathbf{x} vers c_1 , respectivement c_2 , est normal au contour. r est la distance de \mathbf{x} à c_1 (ou c_2). Enfin, \vec{b} est le vecteur bissecteur

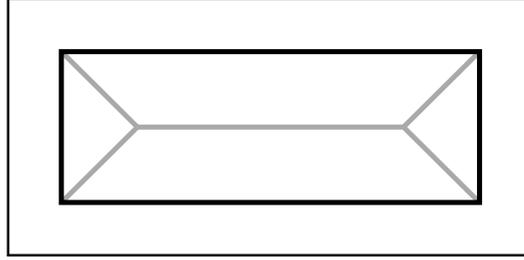


FIG. 1.1 – Représentation d'un rectangle par son axe médian (en gris clair).

des vecteurs \vec{b}_1 et \vec{b}_2 et θ l'angle entre \vec{b} et \vec{b}_1 (ou \vec{b}_2), i.e. le demi-angle entre \vec{b}_1 et \vec{b}_2 . Une forme est décomposée en sous-parties de sorte que chaque sous-partie possède un seul axe médian (ou branche). Chaque sous-partie est alors représentée par un ensemble de primitives médianes connectées entre elles par des liens « intra-partie » et les sous-parties sont connectées entre elles par des liens « inter-parties ». Cette décomposition offre une représentation hiérarchique de la forme et permet de contrôler sa granularité. Elle autorise la représentation de formes relativement complexes. Cette formulation s'étend facilement au cas tridimensionnel. En 2D ou en 3D, les représentations « M-rep » ont été employées à des fins de segmentation et de reconnaissance de formes, mais aussi de recalage notamment dans le contexte de l'imagerie médicale [Pizer 99], [Fletcher 02], et également à des fins d'analyse statistique de formes (discrimination, détection de changements pathologiques) [Pizer 99], [Styner 01a], [Styner 01b], [Gerig 02].

1.1.2 Les représentations analytiques

Nous considérons maintenant quelques formulations de représentations analytiques d'une forme. Une telle représentation est basée sur la donnée d'une fonction qui conduit soit à une équation cartésienne de la forme (typiquement $y = f(x)$ en 2D), soit à une équation implicite (typiquement $F(x,y) = 0$ en 2D et $F(x,y,z) = 0$ en 3D), soit à une représentation paramétrique. Dans ce dernier cas, on appelle paramétrisation ou paramétrage d'une courbe tridimensionnelle \mathcal{C} , une application r :

$$\begin{aligned} r : D \subset \mathbb{R} &\longrightarrow \mathbb{R}^3 \\ u &\longmapsto (x(u), y(u), z(u)) \end{aligned} \quad (1.1)$$

telle que $\mathcal{C} = r(D)$. u s'appelle le paramètre, D est le domaine de définition de r et x , y et z sont trois fonctions réelles définies sur D . \mathcal{C} est alors décrite par les équations :

$$\begin{cases} x = x(u) \\ y = y(u) \\ z = z(u) \end{cases}, \quad u \in D. \quad (1.2)$$

De façon analogue, une surface tridimensionnelle peut être décrite par un paramétrage r :

$$\begin{aligned} r : D \subset \mathbb{R}^2 &\longrightarrow \mathbb{R}^3 \\ (u,v) &\longmapsto (x(u,v), y(u,v), z(u,v)) \end{aligned} \quad (1.3)$$

La connaissance de la forme de la fonction analytique (f , F ou r selon les cas), de son domaine de définition ainsi que des paramètres éventuels intervenant dans la définition de la fonction suffisent à la description de la forme. Aussi, la segmentation ou l'extraction de structures dotées d'une telle représentation consiste en général à choisir une famille de fonctions, implicites ou paramétriques, puis à en estimer les paramètres par une méthode d'optimisation, la plus simple étant la régression linéaire. L'éventail des familles de fonctions possibles étant très large, nous nous attarderons simplement sur les descriptions qui sont, ou ont été, les plus populaires dans le domaine de la vision par ordinateur : les superquadriques, les fonctions implicites polynomiales et les fonctions de type spline.

Les superquadriques

Avant de définir les superquadriques, commençons par introduire les quadriques. Une quadrique est une surface tridimensionnelle définie par l'équation implicite $P(x,y,z) = 0$ où P est un polynôme du second degré. Les quadriques forment donc une généralisation à trois dimensions des coniques et représentent des surfaces telles que l'ellipsoïde, le parabololoïde ou l'hyperboloïde. La complexité des formes représentables par les quadriques est donc relativement limitée, d'où l'introduction des superquadriques pour la vision par ordinateur [Solina 90].

Une surface superquadrique est définie par la paramétrisation s suivante :

$$s(\theta, \phi) = \begin{pmatrix} a_1 \cos^{\epsilon_1}(\theta) \cos^{\epsilon_2}(\phi) \\ a_2 \cos^{\epsilon_1}(\theta) \sin^{\epsilon_2}(\phi) \\ a_3 \sin^{\epsilon_1}(\theta) \end{pmatrix} \quad \text{avec} \quad \begin{cases} -\pi/2 \leq \theta \leq \pi/2 \\ -\pi \leq \phi \leq \pi \end{cases} \quad (1.4)$$

ou de façon équivalente par l'équation implicite :

$$F(x,y,z) = \left(\left(\frac{x}{a_1} \right)^{2/\epsilon_2} + \left(\frac{y}{a_2} \right)^{2/\epsilon_2} \right)^{\epsilon_2/\epsilon_1} + \left(\frac{z}{a_3} \right)^{2/\epsilon_1} = 1. \quad (1.5)$$

Les paramètres a_1 , a_2 et a_3 déterminent la taille de la superquadrique selon les coordonnées x , y et z respectivement, et les paramètres ϵ_1 et ϵ_2 sa forme. Ainsi, il est possible de représenter par des superquadriques, des sphères, des cylindres, des parallélépipèdes ainsi que toutes les formes intermédiaires entre ces trois formes de base. Par exemple, ($\epsilon_1 = \epsilon_2 = 1$) entraînent une forme ellipsoïdale ; (ϵ_1 et $\epsilon_2 \ll 1$) entraînent une forme de parallélépipède ; (ϵ_1 ou $\epsilon_2 > 2$) entraînent des formes plus pincées ; etc.

Par contre, les superquadriques ne peuvent représenter des formes non symétriques. De plus, la représentation induite est ambiguë : une même forme peut être représentée par différents jeux de paramètres. Cette dernière limitation peut être atténuée en imposant des contraintes supplémentaires sur les paramètres [Solina 90]. Quant à la première, un palliatif envisageable consiste à décomposer la forme en sous-parties symétriques alors représentables par superquadriques. D'autres améliorations et extensions de cette représentation, notamment les hyperquadriques, ont été proposées [Terzopoulos 91], [Cohen 94].

Les courbes et surfaces algébriques

Une large variété de courbes et de surfaces peut être décrite à l'aide de fonctions polynomiales. Dans ce cadre, les points d'une courbe plane vérifient l'équation implicite $F(x,y) = 0$ où F est une fonction réelle de la forme :

$$\begin{aligned} F(x,y) &= \sum_{0 \leq i,j, 0 \leq i+j \leq d} a_{ij} x^i y^j \\ &= a_{00} + a_{10}x + a_{01}y + a_{20}x^2 + a_{11}xy + \dots + a_{0d}y^d. \end{aligned} \quad (1.6)$$

d est le degré du polynôme.

De manière analogue, une surface tridimensionnelle est définie par « les zéros » d'une fonction réelle de trois variables. Une courbe tridimensionnelle, intersection de deux surfaces 3D, est alors vue comme « les zéros » de deux fonctions indépendantes de trois variables [Taubin 91]. Lorsque les formes à représenter sont vraiment complexes, on peut utiliser une représentation par morceaux et représenter chaque sous-partie de l'objet par une courbe ou une surface algébrique [Taubin 91].

Plus le degré d du polynôme augmente, plus la représentation est précise mais en pratique, l'augmentation de d élève le coût calculatoire. Pour établir un compromis satisfaisant et pour recouvrir la représentation, différentes stratégies d'interpolation sont proposées (minimisation de la moyenne de la distance au carré, formulation type « eigenproblem », techniques basées sur les ensembles de niveaux, ...). Nous renvoyons le lecteur à [Taubin 91], [Keren 94], [Blane 00] pour une description plus détaillée de ces méthodes.

Les B-splines

Une autre classe de fonctions utilisée pour l'interpolation ou l'approximation d'un ensemble de points correspond aux fonctions de type spline, parmi lesquelles les fonctions B-splines sont les plus répandues pour la modélisation de courbes et de surfaces.

Une courbe B-spline est représentée de façon paramétrique par :

$$c(u) = \sum_{i=0}^{nbc-1} \mathbf{p}_i B_{i,k}(u) \quad (1.7)$$

où u , $0 \leq u \leq nbc - k + 1$, est l'abscisse curviligne de la courbe et où les \mathbf{p}_i sont les nbc points de contrôle. Le paramètre k est l'ordre de la spline et les $B_{i,k}$ sont des polynômes d'interpolation (ou fonctions de base) de degré $k - 1$ définis récursivement par :

$$B_{i,k}(u) = \frac{(u - t_i)B_{i,k-1}(u)}{t_{i+k-1} - t_i} + \frac{(t_{i+k} - u)B_{i+1,k-1}(u)}{t_{i+k} - t_{i+1}}, \quad k > 1 \quad (1.8)$$

avec pour $k = 1$:

$$\begin{cases} B_{i,1}(u) &= 1 \text{ si } t_i \leq u \leq t_{i+1} \\ &= 0 \text{ sinon.} \end{cases} \quad (1.9)$$

Les t_i , au nombre de $nbc + k$, sont appelés les nœuds et forment le vecteur nodal $\mathbf{t} = (t_i)_{i=0, \dots, nbc+k-1}$.

Ainsi, une courbe B-spline est une courbe définie par morceaux, chaque morceau étant défini sur $[t_i, t_{i+1}]$. Comme les fonctions $B_{i,k}$ sont à support local, i.e. elles sont nulles en dehors de l'intervalle $[t_i, t_{i+k}]$, k points de contrôle suffisent à définir un morceau de courbe et le déplacement d'un point de contrôle \mathbf{p}_i modifie seulement la partie de la courbe pour laquelle $u \in [t_i, t_{i+k}]$. Par ailleurs, le choix du paramètre k garantit une certaine continuité de la courbe. Si tous les nœuds sont de multiplicité 1, alors la courbe est de classe C^{k-2} . Sinon, en un nœud de multiplicité m , la courbe est de classe C^{k-1-m} . La multiplicité d'un nœud détermine la force d'attraction des points de contrôle sur la courbe. Plus elle augmente, plus la courbe se rapproche du point de contrôle associé à ce nœud. Le vecteur nodal détermine également si la courbe est ouverte ou fermée. Une définition possible de \mathbf{t} pour une courbe ouverte est :

$$t_i = \begin{cases} 0 & \text{si } 0 \leq i < k \\ i - k + 1 & \text{si } k \leq i \leq nbc - 1 \\ nbc - k + 1 & \text{si } nbc \leq i \leq nbc + k - 1. \end{cases} \quad (1.10)$$

Dans ce cas, les premier et dernier nœuds sont de multiplicité k^1 et les points de contrôle extrêmes, \mathbf{p}_0 et \mathbf{p}_{nbc-1} , appartiennent à la courbe.

En pratique, le choix de l'ordre de la spline se porte le plus souvent sur $k = 4$. Cela produit des courbes B-splines, dites cubiques², de classe C^2 . Ces dernières sont les plus usitées car l'ordre 4 s'est révélé suffisant pour un grand nombre d'applications. Une telle spline représente la courbe de courbure minimale approchant au mieux un ensemble de points.

Notons qu'il peut être intéressant d'écrire la relation (1.7) sous forme matricielle. Supposons que la courbe soit échantillonnée par nbp points de passage, alors :

$$\mathbf{c} = B\mathbf{p} \quad (1.11)$$

où $\mathbf{c} = (c(u_0) \ c(u_1) \ \dots \ c(u_{nbp-1}))^t$ et $\mathbf{p} = (\mathbf{p}_0 \ \mathbf{p}_1 \ \dots \ \mathbf{p}_{nbc-1})^t$. À l'ordre 4, cette relation se développe en :

$$\begin{bmatrix} c(u_0) \\ \vdots \\ c(u_j) \\ \vdots \\ c(u_{nbp-1}) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} B_{0,4}(u_0) & \dots & B_{i,4}(u_0) & \dots & B_{nbc-1,4}(u_0) \\ \vdots & & \vdots & & \vdots \\ B_{0,4}(u_j) & \dots & B_{i,4}(u_j) & \dots & B_{nbc-1,4}(u_j) \\ \vdots & & \vdots & & \vdots \\ B_{0,4}(u_{nbp-1}) & \dots & B_{i,4}(u_{nbp-1}) & \dots & B_{nbc-1,4}(u_{nbp-1}) \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \mathbf{p}_0 \\ \vdots \\ \mathbf{p}_i \\ \vdots \\ \mathbf{p}_{nbc-1} \end{bmatrix} \quad (1.12)$$

La paramétrisation B-spline présentée ci-dessus s'étend à la représentation de surfaces comme suit :

$$s(u,v) = \sum_{i=0}^n \sum_{j=0}^m \mathbf{p}_{i,j} B_{i,k}(u) B_{j,k}(v). \quad (1.13)$$

1. Dans la relation (1.8), on adopte la convention selon laquelle une fraction vaut 0 si son dénominateur est nul.

2. En effet, les polynômes d'interpolation sont alors de degré 3.

Les B-splines offrent de nombreux avantages pour la représentation des formes. Premièrement, les fonctions de base sont à support local. Cela implique que la position locale de la courbe dépend uniquement de quelques points de contrôle et que la modification d'un seul point de contrôle affecte la courbe localement et non globalement. Ensuite, elles garantissent un contrôle de la continuité. Enfin, elles ont la propriété d'approcher un ensemble de points par une courbe ayant une courbure moyenne minimale. Cela fait d'elles de parfaites candidates pour la représentation « naturelle » des courbes [Loncaric 98]. En conséquence, les B-splines sont bien adaptées à la modélisation d'objets de forme libre et complexe.

1.1.3 Quelques caractéristiques différentielles

Les représentations analytiques décrites ci-dessus permettent d'accéder facilement à certaines caractéristiques de la forme, comme la courbure en chaque point par exemple. De telles caractéristiques alimentent la description de la forme et, comme on le verra dans la section 1.2, s'avèrent utiles dans certains schémas de mise en correspondance de formes.

Cas des courbes

Soit \mathcal{C} une courbe plane dotée d'une paramétrisation quelconque $r(t)$ (par exemple, paramétrisation par son abscisse curviligne). Si r est dérivable, il est possible de définir en chaque point P de la courbe un trièdre $(\vec{T}, \vec{N}, \vec{B})$ formant un repère orthonormal direct appelé repère de Frénet. Le vecteur \vec{T} est le vecteur unitaire tangent, \vec{N} le vecteur unitaire normal et \vec{B} complète le repère afin qu'il soit orthonormal direct. Formellement,

$$\begin{cases} \vec{T} = \frac{r'(t)}{\|r'(t)\|} & \text{où } r'(t) = \frac{d}{dt}r(t) \\ \vec{N} = \frac{\vec{T}'}{\|\vec{T}'\|} & \text{où } \vec{T}' = \frac{d\vec{T}}{dt} \\ \vec{B} = \vec{T} \wedge \vec{N} & \text{où } \wedge \text{ désigne le produit vectoriel.} \end{cases} \quad (1.14)$$

Une illustration est disponible sur la figure 1.2. Ce trièdre permet de définir, en chaque point P , des caractéristiques propres d'une courbe telles la courbure κ ou la torsion τ . Elles sont données au travers des formules de Serret-Frénet :

$$\begin{cases} \frac{d\vec{T}}{ds} = \kappa \vec{N} \\ \frac{d\vec{B}}{ds} = -\tau \vec{N} \end{cases} \quad (1.15)$$

où s est l'abscisse curviligne de \mathcal{C} . Notons que la vitesse, v , peut également être utilisée comme caractéristique. Nous rappelons qu'elle est colinéaire au vecteur tangent et est donnée par : $v = \frac{d}{dt}r(t)$.

Cas des surfaces

Ces mêmes caractéristiques peuvent être définies en chaque point d'une surface. Il suffit pour cela de considérer un point P et le plan π passant par P contenant la normale à la

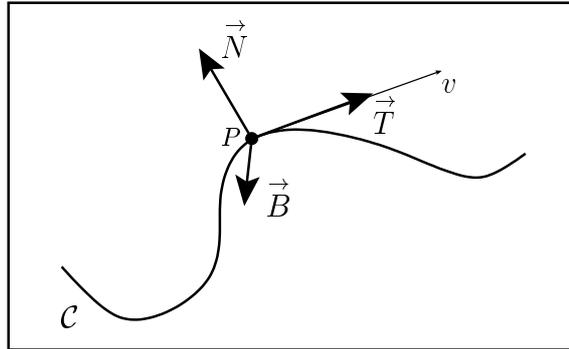


FIG. 1.2 – Le repère de Frénet en un point P d'une courbe \mathcal{C} .

surface en P . L'intersection de π et de la surface est une courbe plane, soit \mathcal{C} . Les définitions précédentes s'appliquent alors. De plus, dans le cas des surfaces, différents types de courbure sont souvent utilisés. Ainsi, la « courbure normale » en P de la surface suivant la direction \vec{T} est la courbure en P de la courbe \mathcal{C} . Les « courbures principales », au nombre de deux, sont les extremums de la courbure normale sur les plans π possibles. La « courbure moyenne » est alors définie comme la moyenne arithmétique des deux courbures principales, et la « courbure gaussienne » comme leur produit. Enfin, sont appelées « directions principales » les directions suivant lesquelles la courbure principale est extrémale.

1.1.4 Les représentations fréquentielles

L'atout majeur des représentations fréquentielles est leur aptitude à décrire une large variété de formes et qui plus est, par un petit jeu de paramètres. Elles consistent à décomposer la forme initiale sur une base de fonctions orthonormales, et produisent ainsi des paramètres de description distincts évitant la redondance. Ces descripteurs évoluent non plus dans le domaine spatial mais dans le domaine fréquentiel, ce qui autorise une représentation globale de la forme par les basses fréquences, pouvant être affinée par l'ajout de plus hautes fréquences.

Nous présentons dans cette sous-section les descripteurs de Fourier pour la représentation de courbes planes et de surfaces tridimensionnelles.

Décomposition en séries de Fourier

Soit \mathcal{C} une courbe fermée du plan. Soit $\mathcal{C}_N = (c_n)_{n=0, \dots, N-1}$ un ensemble de N points échantillonnés sur \mathcal{C} , de coordonnées cartésiennes $(x_n, y_n)^t$ et représentés par leur affixe c_n dans le plan complexe : $c_n = x_n + iy_n$. \mathcal{C}_N peut être considéré comme un signal périodique discret de période N . Il se décompose alors en la somme pondérée de fonctions de base exponentielles suivante :

$$c_n = \begin{pmatrix} x_n \\ y_n \end{pmatrix} = \sum_{\nu=0}^{N-1} \hat{c}_\nu e^{i\frac{2\pi}{N}n\nu}, \quad n = 0, \dots, N-1. \quad (1.16)$$

Les coefficients (\hat{c}_ν) , coordonnées des (c_n) dans la base orthonormale des exponentielles, sont appelés coefficients de Fourier complexes et sont obtenus par transformée de Fourier

discrète (TFD) de \mathcal{C}_N :

$$\hat{c}_\nu = \begin{pmatrix} \hat{x}_\nu \\ \hat{y}_\nu \end{pmatrix} = \frac{1}{N} \sum_{n=0}^{N-1} c_n e^{-i\frac{2\pi}{N}n\nu}, \quad \nu = 0, \dots, N-1. \quad (1.17)$$

$\hat{\mathcal{C}}_N = (\hat{c}_\nu)_{\nu=0, \dots, N-1}$ est la représentation fréquentielle, dans le domaine de Fourier, de \mathcal{C}_N . Le coefficient \hat{c}_0 donne le centroïde de la courbe ou plus exactement le barycentre de l'ensemble des N points échantillons. Les coefficients de Fourier sont ordonnés des basses aux hautes fréquences. Une approximation de la courbe peut donc être réalisée en supprimant les coefficients correspondant aux plus hautes fréquences, ce qui revient à appliquer un filtrage passe-bas sur la courbe initiale. Cela a pour effet de lisser la courbe, mais aussi de produire une représentation plus compacte de cette dernière par ses r premières harmoniques, ($0 < r \leq N$) :

$$c_n = \begin{pmatrix} x_n \\ y_n \end{pmatrix} = \sum_{\nu=0}^{r-1} \hat{c}_\nu e^{i\frac{2\pi}{N}n\nu}, \quad n = 0, \dots, N-1. \quad (1.18)$$

La courbe (c_n) est donc représentable par ses r premiers descripteurs de Fourier, $(\hat{c}_\nu)_{\nu=0, \dots, r-1}$, mais contient toujours N points. Notons cependant qu'il est possible de réduire le nombre de points de la courbe reconstruite à $N^r < N$. Ainsi, Vapillon utilise un nombre N^r de points, déterminé en fonction de r et dans le respect du théorème de Shannon³ pour la représentation multirésolution d'un contour [Vapillon 99].

La projection dans la base orthogonale des exponentielles complexes réalise la meilleure approximation au sens des moindres carrés. L'erreur d'approximation, $\varepsilon(r)$, se mesure usuellement par le rapport des erreurs quadratiques :

$$\varepsilon(r) = \frac{\sum_{\nu=r}^{N-1} |\hat{c}_\nu|^2}{\sum_{\nu=0}^{N-1} |\hat{c}_\nu|^2}. \quad (1.19)$$

Un compromis entre la précision, le degré de lissage et la compacité souhaités pour la représentation décide du nombre r de coefficients à retenir. Des considérations calculatoires peuvent notamment infléchir ce choix.

Cas des courbes ouvertes Contrairement aux courbes fermées pouvant être considérées comme un signal périodique discret de période N , une courbe ouverte $(c_n)_{n=0, \dots, N-1}$ est *a priori* non périodique. On peut cependant se ramener au cas précédent en dupliquant la courbe par effet miroir et obtenir ainsi une courbe fermée équivalente, soit $(c_n^f)_{n=0, \dots, N^f-1}$ avec $N^f = 2(N-1)$:

$$c_n^f = \begin{cases} c_n & \text{si } 0 \leq n \leq N-1 \\ c_{N^f-n} & \text{si } N \leq n \leq N^f-1. \end{cases} \quad (1.20)$$

Les descripteurs de Fourier se calculent alors de façon similaire par l'équation (1.17).

3. Le théorème de Shannon stipule que N^r doit être strictement supérieur à deux fois le nombre de coefficients retenus pour assurer la reconstruction intégrale du signal continu à partir des échantillons.

Variantes et applications L'aspect compact de la représentation par les descripteurs de Fourier a attiré de nombreux auteurs, par exemple dans le domaine de l'indexation d'images par le contenu [Rui 96], [Rui 98], mais également en imagerie médicale. Dans ce contexte, certains auteurs utilisent une décomposition de Fourier elliptique du contour de l'objet à des fins de segmentation et de reconnaissance [Staib 92], [Székely 96]. Une autre approche utilisant le développement en séries de Fourier de la représentation polaire du contour est employée dans [Meier 02] pour la mise en correspondance d'objets morphologiquement différents ou encore dans [Léger 94] pour la modélisation du contour parasternal du ventricule gauche en imagerie cardiaque. Si le développement présenté ci-dessus est le plus souvent utilisé en 2D, il peut cependant être étendu en 3D. Delibasis *et al.* proposent notamment une segmentation volumique des ventricules cérébraux représentés par des descripteurs de Fourier 3D [Delibasis 97]. Chaque coordonnée cartésienne x , y et z , est paramétrée par ses deux abscisses curvilignes (u,v) , $(u,v) \in [0,1[\times [0,1[$, et développée en série de Fourier :

$$x(u,v) = \frac{1}{N} \sum_j \sum_k \hat{x}(j,k) e^{i2\pi(ju+kv)} \quad (1.21)$$

où N est le nombre de points échantillonnés sur la surface et \hat{x} une matrice complexe.

Cependant, pour la description de surfaces tridimensionnelles, l'expansion en séries d'harmoniques sphériques est souvent préférée.

Décomposition en séries d'harmoniques sphériques

Soit une surface tridimensionnelle fermée, s , représentée par les coordonnées cartésiennes x , y et z , et paramétrée par les coordonnées polaires θ et ϕ . $\theta \in [0,\pi]$ est dénommée latitude, et $\phi \in [0,2\pi]$, longitude. Cette surface peut se décomposer sur une base de fonctions orthogonales d'harmoniques sphériques Y_l^m :

$$s(\theta,\phi) = \begin{pmatrix} x(\theta,\phi) \\ y(\theta,\phi) \\ z(\theta,\phi) \end{pmatrix} = \sum_{l=0}^{+\infty} \sum_{m=-l}^l \hat{c}_l^m Y_l^m(\theta,\phi). \quad (1.22)$$

Y_l^m est la fonction de base de degré l et d'ordre m définie par :

$$Y_l^m(\theta,\phi) = \sqrt{\frac{2l+1}{4\pi} \frac{(l-m)!}{(l+m)!}} P_l^m(\cos \theta) e^{im\phi} \quad (1.23)$$

où P_l^m est un polynôme de Legendre défini par l'équation différentielle :

$$P_l^m(x) = \frac{(-1)^m}{2^l l!} (1-x^2)^{m/2} \frac{d^{l+m}}{dx^{l+m}} (x^2-1)^l. \quad (1.24)$$

Les coefficients \hat{c}_l^m sont des vecteurs tridimensionnels complexes : $\hat{c}_l^m = (\hat{c}_{xl}^m, \hat{c}_{yl}^m, \hat{c}_{zl}^m)^t$ et sont donnés par :

$$\hat{c}_l^m = \int_0^\pi \int_0^{2\pi} s(\theta,\phi) Y_l^m(\theta,\phi) d\phi \sin \theta d\theta. \quad (1.25)$$

Dans le cas discret où la surface est échantillonnée par un nombre N de points, la fonction $s(\theta, \phi)$ n'est définie que pour ces points : $s(\theta_n, \phi_n)_{n=0, \dots, N-1}$. Les descripteurs peuvent alors être calculés de façon approchée par :

$$\hat{c}_l^m \approx \frac{4\pi}{N} \sum_{n=0}^{N-1} s(\theta_n, \phi_n) Y_l^m(\theta_n, \phi_n). \quad (1.26)$$

En pratique, la série (1.22) est tronquée en limitant l à $0 \leq l < n_l$. Comme pour la décomposition en série de Fourier, les valeurs élevées de l équivalent aux hautes fréquences. Leur troncature induit un lissage de l'objet alors que leur inclusion permet de représenter des détails plus locaux de la forme. Par ailleurs, la qualité de la surface reconstruite à partir d'un nombre limité de paramètres dépend fortement du paramétrage en coordonnées polaires. Celui-ci doit produire un échantillonnage le plus uniforme possible pour reconstruire correctement la surface [Brechtbühler 95], [Meier 02]. Cela implique également que les objets à décrire soient topologiquement équivalents à une sphère.

Autres représentations fréquentielles

La décomposition en séries de Fourier n'est pas l'unique représentation fréquentielle existante. À titre d'exemple, nous pouvons citer la transformation en cosinus discrète ou encore la transformation en ondelettes [Topiwala 98] qui sont des transformations peut-être plus volontiers exploitées dans le domaine du codage et de la compression d'images. Sans les détailler aucunement, mentionnons simplement que, à l'inverse des décompositions en séries de Fourier, la transformée en ondelettes fournit à la fois une localisation spatiale et fréquentielle.

1.1.5 Représentation modale issue de la mécanique

Dans le cadre de la modélisation physique d'un objet 3D que nous présentons ici, la forme de l'objet est perçue comme le résultat de déformations appliquées à un matériau élastique. La formulation mathématique est basée sur la méthode des éléments finis qui offre un cadre général pour simuler le comportement dynamique d'un objet. Elle considère l'objet comme un maillage d'éléments finis connectés par des nœuds et permet d'établir une relation entre les forces appliquées sur l'objet, ou au sein de l'objet, et son mouvement ou sa déformation. À chaque instant, la forme de l'objet peut être définie par un vecteur de déplacements \mathbf{U} . Les conditions d'équilibre d'un corps permettent de définir un système de « fonctions de forme » liant les déplacements d'un nœud aux déplacements relatifs de tous les autres nœuds :

$$\mathbf{u}(\mathbf{x}) = \mathbf{H}(\mathbf{x})\mathbf{U} \quad (1.27)$$

où \mathbf{H} est la matrice d'interpolation, \mathbf{u} est le vecteur de déplacement au point \mathbf{x} et \mathbf{U} contient les déplacements de tous les nœuds. Les déplacements \mathbf{U} recherchés vérifient l'équation dynamique d'équilibre :

$$\mathbf{M}\ddot{\mathbf{U}} + \mathbf{C}\dot{\mathbf{U}} + \mathbf{K}\mathbf{U} = \mathbf{R} \quad (1.28)$$

où \mathbf{M} , \mathbf{C} et \mathbf{K} sont respectivement les matrices de masse, d'amortissement et de rigidité inhérentes à l'objet. \mathbf{R} est un vecteur de force dont les entrées agissent sur chaque nœud. Ces matrices se déduisent de \mathbf{H} et de la connaissance de quelques paramètres propres à l'objet, tels que sa densité massique.

Le système (1.28) peut être résolu en découplant ses équations au moyen d'une analyse modale des déplacements, c'est-à-dire en posant le système dans la base des vecteurs propres, \mathbf{M} - et \mathbf{K} -orthogonaux, de $\mathbf{M}^{-1}\mathbf{K}$. Ces vecteurs propres, ϕ_i , et leurs valeurs propres associées, ω_i^2 , sont solutions du problème généralisé :

$$\mathbf{K}\phi_i = \omega_i^2\mathbf{M}\phi_i. \quad (1.29)$$

Cela revient à chercher les solutions harmoniques, i.e. les solutions de la forme $\phi e^{i\omega t}$ où t est la variable temporelle, du système sans force et sans amortissement. Le vecteur ϕ_i est le i^e « mode de vibration libre » du système, et la valeur propre correspondante ω_i^2 représente la i^e fréquence de vibration au carré. Ainsi, ce sont les modes correspondant aux plus petites valeurs propres qui portent le plus d'information, puisque ces dernières représentent les plus basses fréquences. On notera de plus que les premiers modes correspondent au mouvement rigide de l'objet (rotation et translation).

Les déplacements nodaux s'expriment comme des combinaisons linéaires des modes de vibration libre du système :

$$\mathbf{U} = \Phi\tilde{\mathbf{U}}$$

où $\Phi = [\phi_1 | \dots | \phi_{3n}]$, n étant le nombre de nœuds. Le système (1.28) se réécrit alors en :

$$\ddot{\tilde{\mathbf{U}}} + \mathbf{C}\dot{\tilde{\mathbf{U}}} + \Omega^2\tilde{\mathbf{U}} = \Phi^t\mathbf{R} \quad (1.30)$$

et peut être résolu de façon explicite [Pentland 91], [Nikou 99].

Applications

À l'image des représentations fréquentielles, cette représentation en modes physiques a suscité un certain nombre d'applications dans le domaine de la vision par ordinateur, notamment du fait de sa compacité. Elle a été utilisée pour des problèmes de reconnaissance de formes [Pentland 91], de mise en correspondance basée forme [Sclaroff 95] ou basée intensité [Moghaddam 96]. Elle a également été appliquée en imagerie médicale pour la segmentation et le suivi de structures déformables [Nastar 93], [Nastar 94], [Nastar 96a]. De nombreux auteurs ont aussi exploité cette représentation dans la construction de modèles statistiques, combinant ainsi une approche physique et statistique pour la modélisation de formes ou de déformations [Cootes 95a], [Nastar 96b], [Martin 98], [Subsol 98], [Nikou 99].

1.2 Mise en correspondance de formes

Objets d'une littérature abondante, les méthodes de mise en correspondance interviennent dans de nombreux domaines de vision par ordinateur : reconnaissance de formes, suivi d'objets, recalage en imagerie médicale par exemple. Deux grandes classes de méthodes se distinguent : d'un côté les méthodes photométriques basées sur l'intensité des images, de l'autre les méthodes manipulant des primitives, caractéristiques ou structures

d'intérêt extraites des images [Maintz 98]. Ici, nous focalisons notre attention sur cette seconde classe de méthodes qui permet de traiter la mise en correspondance de formes (« shape matching » en anglais). Barillot [Barillot 99] présente une classification générale de ces méthodes basées sur des structures homologues. Outre le choix des structures homologues, trois critères interviennent généralement dans l'élaboration de telles méthodes :

1. le type de transformation. Ce critère décide du choix de la transformation « superposant » une structure sur l'autre ;
2. la fonction de similarité. Elle décrit la ressemblance entre la première structure, transformée par le premier critère, et la seconde ;
3. la méthode d'optimisation. Elle recherche le maximum de la fonction de similarité.

De plus, Barillot souligne le fait que les structures homologues sont caractérisées par leur dimensionalité (dimension de leur espace de description au sens paramétrique du terme), par la dimension de leur espace d'évolution et par leur nature. Par exemple, une surface pourra être représentée par une fonction de deux variables, $f(u,v)$, évoluant dans un espace euclidien à trois dimensions. Quant à la nature de ces structures, étant donné notre sujet d'étude, nous serons plutôt intéressés par des structures de type référence anatomique, voire fonctionnelle.

Dans le contexte de l'apprentissage statistique, il s'agit pour nous de construire une base d'apprentissage cohérente, peuplée de formes se correspondant. Supposant que chaque forme S est décrite par un vecteur d'observation, l'ensemble de ces vecteurs doit être mis en correspondance point à point (correspondance dense), au sens où un point est une composante du vecteur d'observation. Le terme « mise en correspondance » recouvre deux aspects. D'un côté, il s'agit d'établir les correspondances entre les formes, c'est-à-dire de calculer les appariements entre chaque représentation. Cette phase est évidemment très dépendante de la représentation de formes choisie ainsi que du type de transformation, de la fonction de similarité choisie et de la méthode d'optimisation adoptée. De l'autre, il s'agit d'aligner la population d'apprentissage, c'est-à-dire d'ôter les différences en translation, rotation, voire mise à l'échelle, entre les instances à apprendre. Cette phase est communément dénommée « calcul de pose ». Elle peut être réalisée de façon explicite en calculant la transformation rigide, voire affine, superposant au mieux les formes. Mais elle peut aussi être implicite pour certaines représentations de formes invariantes aux transformations rigides et notamment pour des descriptions relatives à un repère intrinsèque à la structure d'intérêt.

De nombreuses stratégies sont envisageables pour résoudre le problème de la mise en correspondance. Par exemple, l'établissement des appariements et le calcul de pose peuvent être menés de manière consécutive ou alternée, la connaissance des uns facilitant la détermination de l'autre et vice-versa. Le schéma adopté dépend de la représentation des formes choisie, de la dimension de l'espace de travail (2D ou 3D), de l'application, etc.

Nous donnons maintenant quelques grandes lignes ayant guidé ou inspiré un certain nombre de travaux ou illustrant les familles de méthodes les plus classiques. Nous avons choisi de les classifier en fonction du type de représentation de forme adoptée, c'est-à-dire selon le type de primitives à mettre en correspondance. Des pointeurs supplémentaires pourront être trouvés dans l'état de l'art de Veltkamp [Veltkamp 99].

1.2.1 Ensemble fini de points

Considérons une population d'apprentissage, \mathcal{P} , où chaque forme est définie par un ensemble fini de points. Cela concerne le plus souvent des images bidimensionnelles pour lesquelles l'ensemble de points décrit le contour de l'objet d'intérêt.

Analyse de Procrustes et calcul de pose

Présumant la connaissance des correspondances, l'analyse de Procrustes permet d'aligner la population d'apprentissage, c'est-à-dire d'ôter les différences de position, d'orientation et de mise à l'échelle entre exemplaires [Goodall 91]. Elle superpose de façon optimale, au sens d'une distance euclidienne, les instances de la population d'apprentissage. Chaque forme $S_{i,i=1,\dots,n}$ de \mathcal{P} est définie par p points dans \mathbb{R}^q ($q = 2$ ou 3) et représentée par la matrice \mathbf{S}_i de dimension $p \times q$ des coordonnées cartésiennes des p points en q dimensions.

L'analyse de Procrustes ordinaire (APO) aligne deux formes S_1 et S_2 l'une sur l'autre. Elle consiste à déterminer la similitude à appliquer à S_1 afin de minimiser sa distance euclidienne à S_2 , i.e. à déterminer les paramètres s , \mathbf{R} et \mathbf{t} minimisant :

$$d_{APO}^2(S_1, S_2) = \| \mathbf{S}_2 - (s\mathbf{S}_1\mathbf{R} + \mathbf{1}_q\mathbf{t}^t) \|^2 \quad (1.31)$$

où $\mathbf{R} \in SO(q)$ est une rotation, $s \in \mathbb{R}^{+*}$ est un paramètre d'homothétie, \mathbf{t} est un vecteur $q \times 1$ de translation et $\mathbf{1}_q$ est un vecteur colonne $q \times 1$ dont tous les éléments valent 1. La solution à ce problème de minimisation est obtenue algébriquement par des techniques matricielles classiques (centrage, décomposition en valeurs singulières, etc.).

L'ensemble des instances de \mathcal{P} est aligné par une analyse de Procrustes généralisée (APG). Elle consiste à trouver les paramètres des transformations minimisant la somme des distances au carré des différences deux à deux :

$$d_{APG}^2(S_1, \dots, S_n) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sum_{j=i+1}^n \| (s_i\mathbf{S}_i\mathbf{R}_i + \mathbf{1}_q\mathbf{t}_i^t) - (s_j\mathbf{S}_j\mathbf{R}_j + \mathbf{1}_q\mathbf{t}_j^t) \|^2. \quad (1.32)$$

La résolution est cette fois menée de façon itérative.

L'analyse de Procrustes est l'une des techniques les plus classiques de calcul de pose. Différentes adaptations peuvent en être dérivées. Dans tous les cas, elle fournit la pose mais présuppose les correspondances. Il faut donc les déterminer.

Établissement des correspondances et calcul de pose

La manière la plus simple d'établir les correspondances entre formes est de les définir manuellement. Ainsi, Cootes *et al.* [Cootes 95b] sélectionnent manuellement un certain nombre de points d'intérêt, ou caractéristiques, pouvant être dépendants de l'application (e.g. centre de l'œil pour un modèle du visage) ou non (e.g. points de courbure maximale). Ces points sont interpolés de façon uniforme puis étiquetés, et fournissent alors une description du contour constante sur \mathcal{P} : le long de l'ensemble des formes, les points portant la même étiquette sont définis comme homologues. L'alignement de \mathcal{P} dans un même système d'axes est réalisé par une analyse de Procrustes légèrement modifiée. De manière

itérative, les auteurs alignent chaque forme sur la forme moyenne courante en recherchant la transformation affine minimisant la somme pondérée des distances au carré entre points homologues, cette pondération tendant à privilégier les points les plus « stables ». D'un côté, la définition manuelle des appariements permet d'inclure le savoir de l'expert ou de l'utilisateur dans le processus d'appariement. De l'autre, cette approche peut souffrir de la variabilité intra-expert et donc d'une certaine imprécision, sans compter qu'elle risque de s'avérer longue et fastidieuse. De plus, elle paraît peu réalisable pour traiter des images tridimensionnelles, ni même des formes complexes en 2D.

Méthodes automatiques

Rangarajan *et al.* proposent d'étendre l'analyse de Procrustes afin de calculer automatiquement les correspondances de façon alternée avec la pose [Rangarajan 96], [Rangarajan 97]. Les appariements sont estimés via une matrice de correspondance, \mathbf{M} , introduite dans la formulation (1.31). Un élément (i, j) de \mathbf{M} vaut 1 si le point i de S_1 est homologue au point j de S_2 , 0 sinon. L'ajout de contraintes sur \mathbf{M} force une correspondance point à point entre les deux formes mais autorise certains points à être non appariés en les qualifiant de points aberrants : typiquement, la somme d'une ligne -ou d'une colonne- de \mathbf{M} doit valoir au plus 1. L'optimisation de la nouvelle fonctionnelle est menée à l'aide de techniques type réseaux de neurones dans [Gold 98]. L'algorithme permet de recouvrer une pose affine en 2D et rigide en 3D. L'approche proposée dans [Luo 99] résulte d'une démarche similaire, mais suit une formulation différente en s'inscrivant dans un cadre statistique bayésien. Un algorithme de type EM est employé pour estimer la pose et les appariements.

L'algorithme très connu du « point le plus proche itéré » (« Iterative Closest Point » (ICP) en anglais), introduit simultanément par Besl [Besl 92] et Zhang [Zhang 92], réalise également l'appariement des points de façon automatique. Le principe consiste à déterminer, pour chaque point p du premier ensemble S_1 , le point « le plus proche » de p dans le second ensemble S_2 , au sens d'une distance euclidienne. À partir de ces appariements, une transformation rigide minimisant un critère des moindres carrés est calculée et appliquée à S_1 . Ce processus alterné est itéré jusqu'à convergence, les distances entre les deux ensembles de points étant alors inférieures à un seuil donné. Si la convergence vers un minimum local est prouvée [Besl 92] quelle que soit l'initialisation, celle vers un minimum global peut être espérée si l'initialisation est « suffisamment bonne », notamment dans le cas où la rotation est importante. D'autre part, l'appariement obtenu n'est pas bijectif : si l'ensemble des points de S_1 trouve un homologue dans S_2 , l'inverse n'est pas vrai. En effet, un même point de S_2 peut être le plus proche de plusieurs points de S_1 . Il n'est pas non plus symétrique : appairer S_1 avec S_2 ne produit pas les mêmes correspondances qu'appairer S_2 avec S_1 . Notons cependant que cet algorithme permet d'appairer un ensemble de points à d'autres types de primitives qu'un autre ensemble de points (polylignes, courbes et surfaces paramétriques, courbes et surfaces implicites notamment) à condition de définir une distance entre un point et ces primitives.

Usage d'une distance non euclidienne

Les méthodes décrites ci-dessus utilisent une similarité basée sur la distance euclidienne. Cependant, l'usage de cette distance n'est pas exclusif. Ainsi la distance de Hausdorff peut être employée pour définir les correspondances entre deux ensembles de points. La distance

de Hausdorff est une métrique sur les ensembles fermés bornés. Elle indique le degré de ressemblance entre deux ensembles de points S_1 et S_2 . Elle s'exprime ainsi :

$$H(S_1, S_2) = \max(h(S_1, S_2), h(S_2, S_1)) \quad (1.33)$$

où $h(S_1, S_2)$ est la distance de Hausdorff orientée de S_1 à S_2 :

$$h(S_1, S_2) = \max_{s_1 \in S_1} \min_{s_2 \in S_2} \|s_1 - s_2\| \quad (1.34)$$

et $\| \cdot \|$ est une norme, par exemple la norme euclidienne. La distance de Hausdorff mesure la distance du point de S_1 le plus éloigné de l'ensemble des points de S_2 et vice-versa. Il est visible que cette distance est sensible aux points aberrants. Notons également qu'une telle métrique ne peut induire une correspondance dense, plusieurs points de S_1 pouvant être proches d'un même point de S_2 . Une illustration de son utilisation peut être trouvée dans [Huttenlocher 90], [Huttenlocher 93]. Les auteurs recherchent la transformation rigide, T , à appliquer à S_2 afin de minimiser la distance de Hausdorff entre les ensembles S_1 et $T(S_2)$. Le calcul de cette distance s'appuie sur la surface de Voronoi de l'ensemble S_2 ⁴ et s'avère relativement coûteux. Le recours à des approximations de la distance de Hausdorff permet de réduire la complexité [Veltkamp 99].

Signalons également les méthodes ayant recours aux transformées en distance (« distance transforms » en anglais) [Borgefors 88], [Borgefors 96], [Cuisenaire 99]. Considérant deux images binaires, Borgefors utilise notamment la distance du chanfrein (« Chamfer distance » en anglais) pour mettre en correspondance les objets décrits dans ces images [Borgefors 88]. Cette distance est en fait une approximation de la distance euclidienne et se calcule en propageant les distances locales. La première image est transformée en une carte de distance : les pixels appartenant au contour de l'objet sont fixés à 0, et les autres se voient attribués, par propagation, une valeur rendant compte de leur éloignement au contour. L'objet dans la seconde image est approché par un polygone qui est ensuite superposé à la carte de distances précédemment calculée. Les valeurs au carré des pixels de la carte des distances auxquels se superpose le polygone sont moyennées pour fournir une « distance au contour ». Dans le cas d'une correspondance parfaite entre les deux images, cette distance est nulle. Les auteurs recherchent alors la transformation rigide à appliquer au polygone afin de minimiser cette distance. Bien que menée dans un cadre multirésolution, la minimisation requiert une initialisation correcte afin de converger vers la solution. D'ailleurs, toutes les méthodes basées sur la minimisation itérative d'une distance de similarité se heurtent au problème des minima locaux.

Enfin, nous terminons cette description par l'algorithme de Scott et Longuet-Higgins [Scott 91] qui s'appuie sur une distance gaussienne pondérée. Cette distance permet de décrire les relations entre les points. Elle est utilisée ici pour construire une matrice de proximité, \mathbf{G} , entre les deux ensembles de points S_1 et S_2 , stockant toutes les correspondances possibles :

$$G_{ij} = e^{-d_{ij}^2/2\sigma^2} \quad (1.35)$$

où i , respectivement j , indexe les points de S_1 , respectivement S_2 , et où d_{ij} est la distance euclidienne entre les points d'index i et j . Le paramètre σ contrôle l'interaction entre S_1

4. Celle-ci est définie par : $\{(x, d(x)) | x \in \mathbb{R}^2\}$ où $d(x) = \min_{s_2 \in S_2} \|x - s_2\|$.

et S_2 : une faible valeur favorise les interactions locales tandis qu'une valeur plus élevée autorise des interactions globales. Ainsi, G_{ij} vaut 0 pour un appariement faible et 1 pour un appariement optimal. La matrice \mathbf{G} subit d'abord une décomposition en valeurs singulières : $\mathbf{G} = \mathbf{T}\mathbf{D}\mathbf{U}$, puis est recomposée en une matrice \mathbf{Z} dite d'association : $\mathbf{Z} = \mathbf{T}\mathbf{E}\mathbf{U}$ où \mathbf{E} est la matrice \mathbf{D} dans laquelle les éléments diagonaux ont été remplacés par la valeur 1. La matrice \mathbf{Z} traduit le degré d'attraction entre les éléments de S_1 et S_2 . De plus, du fait de son orthogonalité, elle répond au principe d'exclusion : un point dans S_1 a au plus un homologue dans S_2 . Cet algorithme, combinant un principe de proximité et un principe d'exclusion, produit une correspondance un à un tout en autorisant des points à être non appariés, et permet de favoriser une correspondance consistante globalement.

1.2.2 Courbes et surfaces

Les méthodes de mise en correspondance de courbes ou de surfaces font généralement appel aux mêmes principes que les méthodes de mise en correspondance de points. Cela est d'autant plus vrai lorsque la courbe ou la surface est simplement considérée globalement comme un ensemble de points. Sinon, les mêmes schémas de base sont repris mais des caractéristiques spécifiques à ces structures, la courbure par exemple, y sont intégrées.

Extension des algorithmes de mise en correspondance de points

Subsol considère une ligne tridimensionnelle comme une liste ordonnée de voxels et propose une extension de l'algorithme ICP [Besl 92], [Zhang 92] afin de mettre en correspondance un ensemble de telles lignes [Subsol 95], [Subsol 98]. Le principe de l'algorithme est similaire à celui de l'ICP original et le schéma itératif est conservé (appariement de points, calcul d'une transformation par un critère des moindres carrés, application de cette transformation, etc.), mais cette fois, la transformation utilisée est non rigide. Par exemple, il compose plusieurs transformations rigides, affines et splines, afin de produire les appariements entre points puis entre ensembles de lignes. Il s'agit donc d'un recalage non rigide de courbes permettant d'établir les correspondances entre deux formes tout en tenant compte du fait qu'elles diffèrent par des transformations non rigides. Notons bien que ce sont les correspondances qui sont établies ici via une transformation non rigide et non la pose qui est calculée. Cette dernière peut-être obtenue indépendamment à partir des correspondances établies. Dans le même esprit, Szeliski *et al.* [Szeliski 96] proposent de mettre en correspondance une surface tridimensionnelle quelconque, S_1 , définie par un ensemble de points, avec un modèle de surface, S_2 , non spécifié *a priori*. Ils recherchent pour cela la transformation minimisant au sens des moindres carrés une distance entre les deux surfaces d'intérêt. Cette distance est définie au travers de la distance euclidienne minimale entre chaque point de S_1 transformé et S_2 , et est liée à la surface de Voronoi de S_2 . Son calcul est accéléré, mais approché, par l'utilisation d'une carte de distances de type « octree spline » déjà introduite dans [Lavallée 95] pour estimer la pose d'une surface 3D. Là encore, la transformation géométrique recherchée n'est plus simplement rigide mais est une composition de transformations rigide, polynomiale et spline. La minimisation est réalisée par un algorithme de Levenberg-Marquardt.

Ce type d'algorithmes peut être enrichi par l'introduction de caractéristiques propres aux courbes et surfaces.

Utilisation de caractéristiques spécifiques

Feldmar *et al.* calculent une mise en correspondance entre deux surfaces représentées par un ensemble de points tridimensionnels [Feldmar 96]. Leur algorithme est aussi une extension de l'algorithme ICP [Besl 92], [Zhang 92] mais la distance du point le plus proche n'est plus purement euclidienne. Elle inclut de plus des informations de type courbure et repère de Frénet (directions principales, ...). Comme dans [Subsol 95], [Subsol 98], la transformation calculée à chaque itération n'est plus rigide. Elle est ici affine et localement affine. Précisément, l'algorithme se déroule en trois étapes. La première consiste à déterminer le déplacement rigide « superposant » les deux formes. Elle est réalisée par l'algorithme ICP classique, à ceci près que celui-ci est initialisé par une transformation calculée à partir des points de courbure similaire et de leur repère de Frénet. La deuxième étape consiste à calculer une transformation affine améliorant cette première superposition. La distance au point le plus proche est alors redéfinie pour prendre en compte les caractéristiques telle que la courbure et les directions principales. Ce nouveau critère est optimisé par un filtre de Kalman, le schéma itératif étant toujours celui de l'ICP. Enfin, la troisième étape affine encore le résultat en calculant de façon itérative des transformations localement affines en chaque point.

Utilisant le même type de caractéristiques, Guéziec *et al.* se proposent de mettre en correspondance deux courbes tridimensionnelles représentées par une liste de voxels, mais approchées par des courbes de type B-splines non uniformes [Guéziec 94]. Cette paramétrisation permet une estimation précise de diverses caractéristiques en chaque point le long de la courbe (position, courbure, torsion, repère de Frénet). Leur méthode est basée sur un principe de hachage géométrique (« geometric hashing » en anglais) : un système de vote est instauré pour déterminer la correspondance, estimée par une mesure de similarité basée sur la courbure et la torsion, et la transformation rigide, calculée quant à elle à partir des repères de Frénet, les plus probables entre les deux courbes. Ce type de caractéristiques est également utilisé dans [Bakircioğlu 98] pour la mise en correspondance de courbes tridimensionnelles. Les appariements entre points échantillonnés sur chacune des courbes sont obtenus en minimisant une distance basée sur leur représentation de Frénet et plus précisément sur les caractéristiques de vitesse, de courbure et de torsion. La transformation recherchée est un difféomorphisme⁵ et fournit donc une correspondance point à point.

Dans [Meier 02], on retrouve l'usage d'une représentation paramétrique des objets permettant le calcul analytique de caractéristiques différentielles de manière robuste au bruit et à l'échantillonnage. Pour mettre en correspondance des objets 2D ou 3D représentés par des contours ou des surfaces fermés uniformément échantillonnés, les auteurs utilisent une paramétrisation en séries de Fourier pour les objets 2D, et en séries d'harmoniques sphériques pour les objets 3D. Les objets sont préalablement reparamétrisés de façon isotrope en coordonnées polaires [Brechtbühler 95]. L'isotropie de cette paramétrisation est importante pour ne pas introduire de biais dans le calcul des caractéristiques différentielles. Un critère de similarité entre les formes est ensuite défini dans l'espace des paramètres. Il est basé sur la distance euclidienne point à point et sur des caractéristiques différen-

5. Un difféomorphisme est une application bijective de classe C^1 et de réciproque de classe C^1 .

tielles telles les différences de normale et de courbure. Son optimisation est réalisée par la recherche, dans l'espace des paramètres, d'une transformation spatiale non rigide, également décrite par son développement en séries de Fourier. La précision du résultat dépend notamment du nombre d'harmoniques retenues. Cette méthode est à rapprocher de celle de [Tagare 95]. Pour mettre en correspondance deux courbes planes orientées, les auteurs considèrent deux cercles identiques munis d'une correspondance identité, puis cherchent à déformer, au moyen de la composée d'une application continue et différentiable par un difféomorphisme, chacun des cercles vers les deux courbes originales, ce qui permet de « transporter » les correspondances. Contrairement à l'approche de Meier *et al.*, celle-ci fournit une correspondance symétrique.

1.2.3 Représentations modales

Shapiro *et al.* introduisent l'usage de représentations modales pour la mise en correspondance de formes [Shapiro 92]. Leur approche s'inspire de l'algorithme de Scott et Longuet-Higgins [Scott 91], mais contrairement à Scott et Longuet-Higgins, ils prennent explicitement en compte la structure inhérente à chaque ensemble, justement au moyen d'une représentation modale des formes. Cette dernière s'appuie sur le calcul d'une distance intra-image. Ainsi, ils construisent une matrice, \mathbf{G} , de proximité intra-image et non plus inter-images, sur la même distance gaussienne pondérée :

$$G_{ij} = e^{-r_{ij}^2/2\sigma_x} \quad (1.36)$$

où r_{ij} est la distance euclidienne entre deux points d'un même ensemble de cardinal m et où σ_x contrôle l'interaction entre les points d'une même image. La matrice \mathbf{G} est diagonalisée par une décomposition en valeurs singulières : $\mathbf{G} = \mathbf{VDV}^t$. La matrice \mathbf{D} est diagonale d'éléments diagonaux les valeurs propres de \mathbf{G} . Les colonnes de \mathbf{V} sont les vecteurs propres associés, ou modes, et forment une nouvelle base orthogonale. Dans cette base modale, le point i est représenté par un vecteur à m coordonnées qui n'est autre que la i^e ligne de \mathbf{V} , soit \mathbf{f}_i . Cette décomposition est appliquée aux deux ensembles, S_1 de cardinal m et S_2 de cardinal n . Le problème de la différence de cardinal entre les deux ensembles de points est géré en tronquant les $|m - n|$ modes les moins significatifs de l'ensemble ayant le plus de points. Soit $\mathbf{f}_{i,1}$ et $\mathbf{f}_{j,2}$ les représentations modales du point i de S_1 et du point j de S_2 . Le degré de confiance dans l'association des points i et j est mesuré au sein de la matrice d'association \mathbf{Z} :

$$Z_{ij} = \|\mathbf{f}_{i,1} - \mathbf{f}_{j,2}\|^2 \quad (1.37)$$

où $\|\cdot\|$ désigne la norme euclidienne. Une valeur nulle de Z_{ij} indique un appariement (i,j) parfait.

L'approche présentée par Sclaroff *et al.* [Sclaroff 95] s'appuie sur la représentation modale d'un objet décrite en section (1.1.5), et est très similaire, dans l'esprit, à celle de Shapiro. La formulation de la représentation modale de Pentland [Pentland 91] est légèrement modifiée afin de calculer les matrices de masse et de rigidité, \mathbf{M} et \mathbf{K} , à partir des données image. Les auteurs calculent alors pour chaque forme S_1 et S_2 , les matrices de masse et de rigidité puis leurs modes de vibration Φ_1 et Φ_2 . Dans une telle base Φ , les déplacements du nœud i sont donnés par la ligne i et $i + m$ de la matrice Φ . Par

exemple, en 2D, la ligne i contient les déplacements en x et la ligne $i + m$ en y . Les trois premiers modes de Φ représentent le mouvement rigide, et les derniers modes portent les hautes fréquences. Les matrices Φ_1 et Φ_2 sont alors tronquées en sorte de rendre le calcul des correspondances invariant aux transformations rigides et moins sensible aux variations plus locales des formes. À partir de ces matrices tronquées, une matrice d'association \mathbf{Z} est construite :

$$Z_{ij} = \| \mathbf{u}_{i,1} - \mathbf{u}_{j,2} \|^2 + \| \mathbf{v}_{i,1} - \mathbf{v}_{j,2} \|^2 \quad (1.38)$$

où $\mathbf{u}_{k,l}$, respectivement $\mathbf{v}_{k,l}$, est le déplacement en x , respectivement y , du nœud k de la forme $S_{l,l=1,2}$.

En comparaison à l'approche de Shapiro *et al.*, la matrice de proximité n'inclut plus seulement des informations de distance, mais intègre également des propriétés élastiques des objets via leurs matrices de masse et de rigidité \mathbf{M} et \mathbf{K} .

1.2.4 Correspondance et repère intrinsèque

Comme le montrent les approches décrites ci-dessus, une façon élégante de traiter le problème de mise en correspondance de formes est de se placer dans un repère intrinsèque aux formes à recaler. Dans un tel repère, la forme devient invariante aux transformations rigides, voire aux similitudes si une normalisation en taille est intégrée. Une telle représentation de la forme pourra être qualifiée de « représentation canonique ». Le repère intrinsèque découle soit d'un calcul explicite, basé par exemple sur les axes d'inertie de la structure [Bajcsy 89], [Vranić 01a], [Vranić 01b], soit de la représentation de forme adoptée. Ainsi, une représentation par modes physiques (c.f. section 1.1.5) dont les premiers modes sont tronqués fournit une représentation canonique car ces derniers correspondent aux transformations rigides [Pentland 91], [Sclaroff 95]. De même, les premiers descripteurs issus d'une expansion en harmoniques sphériques peuvent être utilisés pour déterminer la translation, la rotation et le facteur d'homothétie permettant d'aligner l'objet dans le repère cartésien et de normaliser sa taille. Ils permettent donc de définir de nouveaux descripteurs invariants à la translation, la rotation et la mise à l'échelle, produisant ainsi une représentation canonique de l'objet [Brechtbühler 95].

Se placer dans un repère intrinsèque est équivalent à calculer la pose. Cela facilite généralement l'établissement des correspondances, qui peut alors s'avérer trivial si la représentation de la forme a été bien choisie et est pertinente. De plus, cela offre l'avantage de travailler dans un cadre local, propre à la forme, et d'être dès lors indépendant de la structure globale de laquelle la forme a été extraite.

1.3 Représentation et mise en correspondance de formes dédiées à l'apprentissage statistique

Même si les techniques décrites ci-dessus font évidemment partie des solutions envisageables pour la construction d'une population d'apprentissage, elles sont d'ordre général et s'appliquent dans bien d'autres contextes que celui de l'apprentissage statistique. Certains auteurs ont conçu des méthodes de représentation et de mise en correspondance de formes dans le but avoué de construire un modèle statistique ensuite. Celles-ci se concentrent

soit sur la génération d'une représentation constante sur la population d'apprentissage, soit sur la recherche d'une paramétrisation optimale pour la construction d'une population d'apprentissage cohérente. Par la suite, nous noterons \mathcal{P} cette population.

1.3.1 Génération automatique de « landmarks »

Hill *et al.* [Hill 00] appréhendent la construction de \mathcal{P} comme la génération automatique d'un ensemble de points caractéristiques (« landmarks » en anglais) établissant une représentation constante de l'objet. Les auteurs considèrent un ensemble d'apprentissage peuplé de contours fermés bidimensionnels décrits par une liste de pixels. Supposant la connaissance des correspondances entre deux formes, ils construisent la forme moyenne de cet ensemble par parcours ascendant d'un arbre binaire. Les feuilles de l'arbre sont les formes initiales et les nœuds parents sont construits en moyennant les deux nœuds du niveau inférieur se correspondant le mieux. Le nœud racine représente donc finalement la forme moyenne sur \mathcal{P} . Cette forme moyenne est approchée par un polygone dont les sommets fournissent les « landmarks » recherchés. Ces derniers sont propagés jusqu'aux formes originales de \mathcal{P} par un parcours descendant de l'arbre. La mise en correspondance deux à deux est réalisée par optimisation. Chaque instance de \mathcal{P} est d'abord sous-échantillonnée et approchée par un polygone. Une première correspondance basée sur la similarité des écarts normalisés entre les points pour chaque forme est estimée. Elle est ensuite affinée par un algorithme d'optimisation visant à minimiser une fonction de coût combinant l'écart entre les polygones approchant chacune des deux instances et l'écart entre leurs erreurs de représentation, ces dernières étant définies par la différence entre la forme originale et son polygone d'approximation. Les résultats obtenus sont similaires à ceux obtenus par étiquetage manuel, considéré comme référence (ou « gold standard »). Brett *et al.* étendent la méthode ci-dessus à la génération automatique de points caractéristiques sur des surfaces triangulées [Brett 00]. Ils utilisent une approximation polyédrale des surfaces et construisent également un arbre binaire pour l'identification des « landmarks ». Le schéma d'obtention de la forme moyenne et de propagation des « landmarks » est semblable. Les résultats obtenus sont satisfaisants en termes d'erreur de représentation, de compacité et de spécificité du modèle.

Frangi *et al.* adoptent une démarche relativement similaire dans le contexte plus précis de l'imagerie médicale, afin de construire des modèles statistiques 3D de formes [Frangi 01]. L'idée consistant à propager des « landmarks » d'un atlas vers les instances de \mathcal{P} est reprise. L'atlas est ici aussi la forme moyenne sur \mathcal{P} , mais la propagation est réalisée au moyen d'un recalage global non rigide [Rueckert 99]. L'atlas est construit de manière itérative : chaque exemplaire de \mathcal{P} est recalé sur une forme de référence choisie aléatoirement dans la base, puis l'ensemble des formes recalées est moyenné, et ce jusqu'à convergence. La structure d'intérêt est alors segmentée dans l'atlas et un certain nombre de ses points sont sélectionnés automatiquement générant ainsi un ensemble de « landmarks ». Cet ensemble de points est propagé sur toutes les instances de la base au moyen d'un algorithme de recalage global utilisant une mesure de similarité basée sur l'information mutuelle normalisée. Les expériences réalisées sur le noyau caudé et sur la tête de radius (os du poignet) montrent une certaine sensibilité au choix de la forme initiale au calcul de l'atlas. Il semble que l'effet exact dépende essentiellement du type de formes étudiées. De plus, la sensibilité au choix de l'algorithme de recalage n'est pas étudiée. Par contre, l'algorithme converge rapidement.

Cette méthode est très générale et permet de construire un modèle de n'importe quelle structure à condition que des points caractéristiques appropriés puissent être générés dans l'atlas.

Ces méthodes, bien que dédiées à l'apprentissage statistique, ne prennent pas explicitement en compte des critères de qualité concernant le modèle final. Certains auteurs abordent le problème sous cet angle. Plutôt que d'optimiser une mesure de « bonne mise en correspondance », ils choisissent d'optimiser une mesure de qualité du modèle final, fonction de la paramétrisation de la forme. La paramétrisation optimale fournit une représentation de la forme, induit une mise en correspondance implicite, et permet de dériver un modèle statistique optimal au sens des critères retenus.

1.3.2 Recherche d'une paramétrisation optimale au sens du modèle

Selon [Kotcheff 98], le modèle final doit satisfaire des contraintes de compacité et de spécificité. La compacité signifie que le modèle produit une représentation compacte, la spécificité est entendue au sens où le modèle décrit exclusivement des instances de la classe d'intérêt. Pour répondre à cette attente, les auteurs proposent de déterminer la pose et la paramétrisation de chaque forme minimisant le déterminant de la matrice de covariance des exemplaires de \mathcal{P} . L'optimisation porte directement sur une paramétrisation explicite des formes et est menée par un algorithme génétique. Les expériences, réalisées sur des courbes bidimensionnelles, montrent que le modèle obtenu est souvent plus compact que celui construit à la main, mais peut conduire à des erreurs de reconstruction plus importantes d'autant plus que la convergence n'est pas toujours atteinte en un nombre pourtant très élevé d'itérations (1250 par exemple).

Partant du principe que le meilleur modèle est celui qui décrit \mathcal{P} le plus efficacement possible, Davies *et al.* [Davies 01b], quant à eux, proposent de minimiser un critère issu de la théorie de l'information qui mesure la quantité d'information, en nombre de bits, nécessaire au codage du modèle. Le minimum de ce critère correspond au code de longueur minimale (« minimal description length » en anglais) et traduit une bonne compacité, spécificité et capacité de généralisation du modèle. Une paramétrisation assurant l'optimalité du critère est alors recherchée. Le choix des auteurs se porte sur une paramétrisation linéaire par morceaux, optimisée de façon récursive [Davies 01a], [Davies 02b]. En 2D, l'algorithme débute en plaçant un seul point p sur chacune des formes et en interpolant linéairement le reste de la forme. La position de p minimisant le critère est recherchée puis fixée. De nouveaux points sont alors insérés par subdivision de part et d'autre de p et le processus précédent leur est appliqué. Avant chaque évaluation du critère, une analyse de Procrustes est réalisée afin de corriger la pose. Les nœuds équivalents dans l'arbre de subdivision définissent les points homologues. Cette approche est illustrée sur différents exemples de contours fermés dans [Davies 01a], [Davies 02b] et est étendue aux surfaces 3D fermées dans [Davies 02a], [Taylor 02]. Notons que la procédure d'optimisation de la paramétrisation peut être menée en la modélisant par une somme de noyaux gaussiens dans le cas 2D et par des distributions de Cauchy dans le cas 3D, auquel cas l'optimisation consiste à trouver les paramètres de ces modèles [Davies 01b], [Davies 02a], [Taylor 02]. La construction de la paramétrisation garantit une correspondance difféomorphe entre les formes.

1.3.3 Conclusion partielle

Nous avons présenté dans les sections précédentes quelques méthodes pour représenter les formes et les mettre en correspondance, ceci afin de construire une population d'apprentissage \mathcal{P} . Les formes, envisagées comme instances de \mathcal{P} , sont destinées à être analysées statistiquement. De ce point de vue, elles sont des observations et nous pouvons considérer \mathcal{P} comme l'ensemble des réalisations d'un vecteur aléatoire \mathbf{x} représentant la forme de l'objet d'étude.

Nous présentons maintenant différentes techniques de statistique multidimensionnelle permettant d'analyser ce vecteur aléatoire.

1.4 Analyses statistiques

Les analyses statistiques linéaires consistent à transformer les données originales par une transformation linéaire optimisant un critère géométrique ou statistique. Il s'agit de trouver un changement de base optimal selon un critère donné. Les méthodes les plus répandues sont celles utilisant des statistiques du second ordre, comme l'analyse en composantes principales (ACP) que nous détaillons dans la section suivante. Il existe également des méthodes mettant en jeu des statistiques d'ordre supérieur. Parmi elles, l'analyse en composantes indépendantes (ACI), récemment développée, connaît une émergence forte.

Nous terminerons par quelques mots sur les analyses statistiques non linéaires.

1.4.1 L'analyse en composantes principales

Introduite par Karl Pearson au début du XX^e siècle, l'analyse en composantes principales est une méthode factorielle d'analyse de données multidimensionnelles. Elle détermine une décomposition d'un vecteur aléatoire \mathbf{x} en composantes décorréelées, orthogonales et ajustant au mieux la distribution de \mathbf{x} ⁶. En ce sens, les composantes sont dites « principales » et sont ordonnées par ordre décroissant selon leur degré d'ajustement.

Principe géométrique

Considérons un vecteur aléatoire réel \mathbf{x} de dimension p : $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_p)^t$, qui se réalise n fois. Alors, les n réalisations de \mathbf{x} forment un nuage de n points, dits points-individus ou observations, dans \mathbb{R}^p . L'objectif de l'ACP est de déterminer la base orthogonale ajustant au mieux ce nuage de points selon un critère géométrique. Elle détermine pour cela les directions successives de variance maximale qui correspondent également à l'optimum d'un critère géométrique (cf. figure 1.3). Ainsi, la première composante correspond à la droite d'allongement maximum, D , qui maximise la somme des distances euclidiennes au carré entre les projections sur D de tous les couples d'individus :

$$D = \arg \max_D \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n d^2(p_D(\mathbf{x}_i), p_D(\mathbf{x}_j)) \quad (1.39)$$

6. Cette décomposition est également connue sous le nom de version discrète de la *transformée de Karhunen-Lève* ou de *Transformation de Hotelling*.

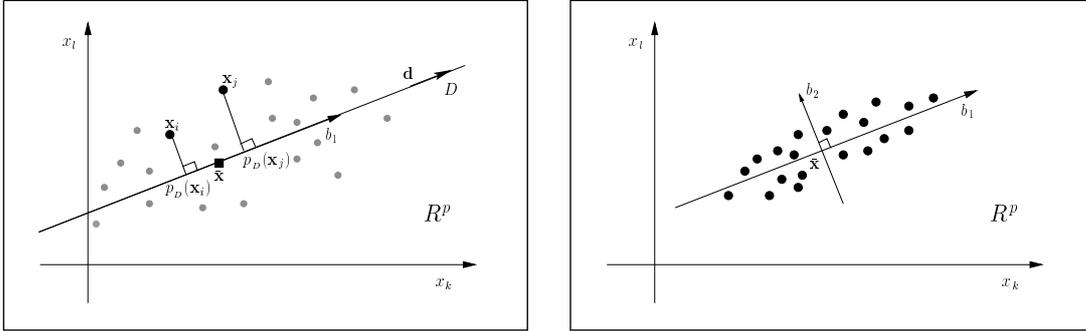


FIG. 1.3 – Principe géométrique de l'ACP. Les points représentent le nuage des n observations dans \mathbb{R}^p . À gauche, est représentée la droite d'allongement maximum D . À droite, sont représentées les deux premières directions principales du nuage de points.

où p_D désigne la projection orthogonale sur D . On peut montrer qu'il est équivalent de maximiser la moyenne des distances entre les projections des points et la projection du centre de gravité $\bar{\mathbf{x}}$ du nuage [Lebart 97] :

$$D = \arg \max_D \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n d^2(p_D(\mathbf{x}_i), p_D(\bar{\mathbf{x}})), \quad \text{où } \bar{\mathbf{x}} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i. \quad (1.40)$$

Si le vecteur $\mathbf{d} = (d_1, \dots, d_p)^t$ est le vecteur directeur unitaire de D , alors

$$d^2(p_D(\mathbf{x}_i), p_D(\bar{\mathbf{x}})) = \|p_D(\mathbf{x}_i) - p_D(\bar{\mathbf{x}})\|^2 = \|p_D(\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})\|^2 = \|(\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}}) \cdot \mathbf{d}\|^2 \quad (1.41)$$

et (1.40) se réécrit en :

$$\mathbf{d} = \arg \max_{\mathbf{d}} \frac{1}{n} \mathbf{d}^t \sum_{i=1}^n (\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})(\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})^t \mathbf{d}. \quad (1.42)$$

Le vecteur unitaire \mathbf{d} solution est le vecteur propre correspondant à la plus grande valeur propre de la matrice [Lebart 97] :

$$\mathbf{C} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})(\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})^t. \quad (1.43)$$

Il définit la première composante principale. Les composantes suivantes sont calculées de façon similaire sous contrainte d'orthogonalité avec les composantes précédemment déterminées. On aura remarqué que la matrice \mathbf{C} n'est autre que la matrice de variance-covariance des observations.

De manière générale, la base orthogonale ajustant au mieux le nuage des n points dans \mathbb{R}^p , au sens des moindres carrés, est définie par le centre de gravité de ce nuage et par les vecteurs propres de la matrice de covariance ordonnés par valeur décroissante des valeurs propres associées.

Analyse modale

Selon le principe géométrique décrit ci-dessus, la base de décomposition du vecteur aléatoire \mathbf{x} recherchée est celle définie par les vecteurs propres de la matrice de covariance \mathbf{C} :

$$\mathbf{C} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})(\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})^t, \quad \bar{\mathbf{x}} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i. \quad (1.44)$$

Elle est obtenue par diagonalisation de \mathbf{C} :

$$\mathbf{C} = \Phi \Lambda \Phi^t \quad (1.45)$$

où

$$\Phi = (\phi_1 | \dots | \phi_p) \quad \text{et} \quad \Lambda = \begin{pmatrix} \lambda_1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \lambda_2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & \lambda_p \end{pmatrix}. \quad (1.46)$$

Les $(\phi_i, \lambda_i)_{i=1, \dots, p}$ sont les vecteurs propres et valeurs propres de la matrice de covariance tels que :

$$\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_p. \quad (1.47)$$

Une matrice de covariance étant symétrique définie positive, ses vecteurs propres forment une base orthonormale :

$$\Phi^t \Phi = \mathbf{I}_p. \quad (1.48)$$

Dans cette nouvelle base, une observation \mathbf{x} s'écrit :

$$\mathbf{x} = \bar{\mathbf{x}} + \Phi \mathbf{b} \quad (1.49)$$

où $\mathbf{b} = (b_1, \dots, b_p)^t$ est le vecteur d'observation dans la nouvelle base, et

$$\mathbf{b} = \Phi^t (\mathbf{x} - \bar{\mathbf{x}}). \quad (1.50)$$

Le vecteur aléatoire \mathbf{b} est donc de moyenne nulle et a pour covariance la matrice Λ :

$$\bar{\mathbf{b}} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{b}_i = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \Phi^t (\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}}) = \frac{1}{n} \Phi^t \sum_{i=1}^n (\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}}) = \mathbf{0} \quad (1.51)$$

$$Cov(\mathbf{b}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{b}_i \mathbf{b}_i^t = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \Phi^t (\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}}) (\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})^t \Phi = \Phi^t \mathbf{C} \Phi = \Lambda. \quad (1.52)$$

Les composantes obtenues sont donc bien orthogonales (matrice Φ) et décorréelées (matrice de covariance diagonale). De plus, la relation (1.52) montre que chaque valeur propre $\lambda_i, i=1, \dots, p$ est la variance expliquée par la i^e composante. Comme $\lambda_i \geq \lambda_{i+1}$, les composantes obtenues sont effectivement ordonnées selon leur « degré d'ajustement ». Pour tout $i = 1, \dots, p$, le vecteur ϕ_i est alors le i^e mode de variation le plus significatif et le scalaire b_i est l'amplitude modale de variation associée.

Approximation modale

La décomposition obtenue permet de réaliser une approximation modale des observations et de quantifier l'erreur réalisée. Il suffit pour cela de sélectionner un certain nombre m , $m \leq p$, de modes dans la base modale pour reconstruire une observation \mathbf{x} :

$$\mathbf{x} = \bar{\mathbf{x}} + \Phi_{\mathbf{m}} \mathbf{b}_{\mathbf{m}} \quad (1.53)$$

où $\Phi_{\mathbf{m}}$ est une sous-matrice $p \times m$ de Φ contenant m vecteurs propres et $\mathbf{b}_{\mathbf{m}} = (b_1, \dots, b_m)^t$ représente une observation quelconque dans l'espace m -dimensionnel défini par les m composantes principales retenues. Cela correspond à une réduction de la dimensionalité et produit une représentation plus compacte des observations.

La non sélection du mode i engendre une erreur usuellement quantifiée par le taux de variance « perdue » sur la variance totale λ_T :

$$\frac{\lambda_i}{\lambda_T} \quad \text{où} \quad \lambda_T = \sum_{i=1}^p \lambda_i = \text{Trace}(\Lambda). \quad (1.54)$$

S'il est possible de sélectionner ou de ne pas sélectionner n'importe lequel des modes, la reconstruction de \mathbf{x} est généralement réalisée à partir des m premiers modes. Dans ce cas, la qualité de la reconstruction est mesurée par le taux de variance expliquée par les m composantes retenues :

$$\tau = \frac{\sum_{i=1}^m \lambda_i}{\lambda_T}. \quad (1.55)$$

τ est aussi appelé « taux d'inertie ». Il est une mesure globale de la qualité de la représentation sur la base modale.

Le choix de la valeur m dépend de l'application envisagée par l'utilisateur. La valeur m peut être choisie en sorte d'atteindre un taux d'inertie désiré. L'erreur d'approximation réalisée par l'ACP peut être appréhendée relativement à la qualité de la reconstruction. Si $m = p$, la reconstruction est parfaite.

Synthèse

La relation (1.49) peut également être employée pour générer de nouvelles observations. Supposons que le vecteur aléatoire \mathbf{x} suit une loi normale de moyenne et covariance empiriques $\bar{\mathbf{x}}$ et \mathbf{C} :

$$\mathbf{x} \sim \mathcal{N}(\bar{\mathbf{x}}, \mathbf{C}). \quad (1.56)$$

La densité de la loi de probabilité de \mathbf{x} est donnée par :

$$p(\mathbf{x}) = \frac{1}{(2\pi)^{p/2} |\mathbf{C}|^{1/2}} \exp \left(-\frac{1}{2} (\mathbf{x} - \bar{\mathbf{x}})^t \mathbf{C}^{-1} (\mathbf{x} - \bar{\mathbf{x}}) \right). \quad (1.57)$$

Sous cette hypothèse, le vecteur aléatoire \mathbf{b} , résultant d'une transformation linéaire du vecteur \mathbf{x} comme l'établit la relation (1.50), suit également une loi normale :

$$\mathbf{b} \sim \mathcal{N}(\mathbf{0}, \Lambda). \quad (1.58)$$

La densité du vecteur aléatoire \mathbf{b} est alors donnée par :

$$\begin{aligned} p(\mathbf{b}) &= \frac{1}{(2\pi)^{m/2} |\Lambda|^{1/2}} \exp\left(-\frac{1}{2} \mathbf{b}^t \Lambda^{-1} \mathbf{b}\right) \\ &= \frac{1}{(2\pi)^{m/2} (\prod_{i=1}^m \lambda_i)^{1/2}} \exp\left(-\frac{1}{2} \sum_{i=1}^m \frac{b_i^2}{\lambda_i}\right) \\ &= \prod_{i=1}^m \frac{1}{\sqrt{2\pi\lambda_i}} \exp\left(-\frac{b_i^2}{2\lambda_i}\right). \end{aligned} \quad (1.59)$$

Dans le cas gaussien, les amplitudes modales ne sont plus seulement décorréélées mais également indépendantes et la densité de leur loi jointe s'exprime comme le produit des densités de leurs lois marginales. De plus, le nuage de n points forme une ellipsoïde dans \mathbb{R}^p et les amplitudes modales, b_i , sont distribuées le long des axes de cet ellipsoïde. Dans le cadre d'un apprentissage statistique, la distribution de \mathbf{b} caractérise le domaine d'admissibilité de l'ensemble d'apprentissage. De nouvelles instances, conformes aux observations déjà apprises, peuvent être synthétisées en choisissant un \mathbf{b} dans des limites « admissibles ». Typiquement, l'intervalle de variation est :

$$-3\sqrt{\lambda_i} \leq b_i \leq +3\sqrt{\lambda_i}. \quad (1.60)$$

En effet, sous l'hypothèse gaussienne, $P(|b_i| \leq 3\sqrt{\lambda_i}) = 99.7\%$, et (1.60) peut alors être considéré comme une condition de représentativité de la classe d'objets d'intérêt. Notons néanmoins que lorsque l'hypothèse est violée, les formes générées ne sont plus conformes aux formes déjà apprises.

1.4.2 L'analyse en composantes indépendantes

Nous ne visons pas ici à donner une description exhaustive des tenants et aboutissants impliqués dans l'ACI, qui, depuis les travaux fondateurs de Jutten et Héroult [Jutten 87], [Jutten 91] fait l'objet d'une littérature abondante, mais plutôt à en donner quelques clés afin que le lecteur non familier puisse en saisir l'esprit. Désireux de plus amples détails, le lecteur pourra se référer à [Comon 94], [Cardoso 98], [Hyvärinen 99b], [Hyvärinen 00].

Position du problème et identifiabilité

L'analyse en composantes indépendantes consiste à rechercher une décomposition d'un vecteur aléatoire en composantes statistiquement indépendantes. Elle est souvent assimilée au problème de la séparation de sources aveugle qui en est en fait une application. À titre d'illustration, présentons le problème de la « cocktail party ». Deux personnes parlent simultanément dans une pièce, et leurs propos sont recueillis par deux microphones situés à deux endroits différents. Chacun des deux signaux enregistrés est un « mélange » des signaux originaux émis par les deux personnes. Le problème de la « cocktail party » consiste à estimer ces deux signaux originaux à partir des deux signaux enregistrés. Dans ce contexte, les signaux observés, $\mathbf{x}(t)$, sont considérés comme un « mélange » inconnu de signaux dits sources, $\mathbf{s}(t)$, supposés indépendants et non observés. Le cas le plus simple et le plus souvent traité définit le mélange comme une combinaison linéaire et considère un mélange spatial instantané, c'est-à-dire pour lequel la dimension temporelle est ignorée, décrit par une matrice \mathbf{A} appelée matrice de « mélange ». L'objectif est d'estimer conjointement la matrice \mathbf{A} et le vecteur \mathbf{s} , soit de « séparer » les sources en déterminant une matrice de « séparation », \mathbf{W} .

D'un point de vue statistique, le problème se formule de la façon suivante [Jutten 87], [Jutten 91], [Comon 94]:

L'analyse en composantes indépendantes d'un vecteur aléatoire m -dimensionnel $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_m)^T$ consiste à estimer le modèle :

$$\mathbf{x} = \mathbf{A}\mathbf{s} \quad (1.61)$$

où les variables s_i du vecteur $\mathbf{s} = (s_1, \dots, s_n)$ sont supposées indépendantes et où \mathbf{A} est une matrice $m \times n$ de « mélange »⁷.

L'hypothèse d'indépendance statistique mutuelle des sources est une hypothèse statistiquement forte. Formellement, elle signifie que, sous réserve que chaque source s_i possède une densité de probabilité $p_i(\cdot)$, la densité de probabilité jointe des sources, p , est le produit des densités de probabilité marginales $p_i(\cdot)$:

$$p(s_1, \dots, s_n) = \prod_{i=1}^{i=n} p_i(s_i). \quad (1.62)$$

Cependant, l'analyse ne garantit pas la détermination de sources indépendantes, mais plutôt de sources aussi indépendantes que possible. Le vecteur aléatoire des sources estimées, ou reconstruites, sera noté $\mathbf{y} = \hat{\mathbf{s}}$. On a: $\mathbf{y} = \mathbf{W}\mathbf{x}$ et les composantes y_i sont aussi indépendantes que possible au sens de la maximisation d'une fonction $\phi(y_1, \dots, y_n)$ mesurant l'indépendance.

D'autre part, le modèle (1.61) ne peut-être estimé que sous certaines conditions et seulement à certaines indéterminations près [Comon 94]. Une restriction fondamentale à l'estimation du modèle est qu'au plus une composante peut être gaussienne. De plus, la matrice de mélange \mathbf{A} doit être de rang plein, et le nombre d'observations doit être supérieur au nombre de sources à estimer, i.e. $m \geq n$. En pratique, m et n sont souvent pris égaux. Les matrices de mélange \mathbf{A} et de séparation \mathbf{W} sont dans ce cas l'inverse l'une de l'autre. Par ailleurs, lorsqu'aucune hypothèse supplémentaire n'est émise ni sur \mathbf{s} ni sur \mathbf{A} , c'est-à-dire dans le cas où ces deux paramètres sont parfaitement inconnus, leur identification est réalisable seulement à un facteur multiplicatif près ainsi qu'à une permutation près (transformations conservant l'indépendance). Afin de réduire la première indétermination au signe près, les variances des sources sont fixées à l'unité. Il est donc impossible de déterminer ces variances (ou énergies). La seconde indétermination n'est théoriquement pas réductible. Les composantes indépendantes ne sont donc pas ordonnées, même si certaines méthodes de résolution peuvent induire un ordre sur les composantes obtenues.

Les mesures d'indépendance

Maximiser l'indépendance statistique entre les composantes nécessite de définir une mesure d'indépendance, au sens de laquelle l'analyse deviendra alors optimale. Diverses mesures, encore appelées fonctions de contraste, ont été proposées. On en trouvera une

7. Remarque : il existe également une version bruitée du modèle ACI: $\mathbf{x} = \mathbf{A}\mathbf{s} + \mathbf{n}$ où \mathbf{n} est un vecteur aléatoire m -dimensionnel de bruit. Cependant, cette définition est peu employée car elle est beaucoup plus difficile à manipuler [Hyvärinen 99b].

présentation détaillée dans [Cardoso 98], [Cardoso 99], [Hyvärinen 99b]. Nous allons présenter deux familles de fonctions de contraste : l'une s'appuyant sur l'estimation d'un modèle au sens du maximum de vraisemblance, l'autre s'appuyant sur une notion essentielle en ACI : la non-gaussianité. Mais introduisons d'abord la divergence de Kullback-Leibler qui intervient dans la plupart de ces fonctions de contraste.

Soit P et Q deux distributions de probabilité. La divergence de Kullback-Leibler de P à Q , dans le cas où ces lois admettent des densités p et q , est donnée par :

$$K(P | Q) = \int \log \frac{p(x)}{q(x)} p(x) dx. \quad (1.63)$$

La divergence de Kullback-Leibler mesure l'écart de la distribution P à la distribution Q . Bien qu'étant une quantité positive, nulle si et seulement si $P = Q$, elle n'est pas une distance au sens strict car elle n'est pas symétrique et ne vérifie pas l'inégalité triangulaire. Par contre, elle vérifie la propriété suivante :

Soit \mathcal{M} une famille de distributions exponentielle⁸. La projection d'une distribution P sur \mathcal{M} , notée $P^{\mathcal{M}}$, est la distribution la plus proche de P dans \mathcal{M} : $P^{\mathcal{M}} = \arg \min_{Q \in \mathcal{M}} K(P | Q)$. Cette projection est unique dans le cas où \mathcal{M} est exponentielle, et pour toute distribution $Q \in \mathcal{M}$:

$$K(P | Q) = K(P | P^{\mathcal{M}}) + K(P^{\mathcal{M}} | Q). \quad (1.64)$$

Par analogie à la géométrie euclidienne, cette décomposition peut être comprise comme un théorème de Pythagore où la divergence de Kullback-Leibler jouerait le rôle du carré de la distance euclidienne [Cardoso 01]. Cette décomposition s'avère très utile pour établir des relations entre les différentes fonctions de contraste que nous allons maintenant présenter.

Une méthode populaire d'estimation d'un modèle est celle du maximum de vraisemblance. L'estimation du modèle (1.61) par la méthode du maximum de vraisemblance conduit à minimiser la fonction de contraste suivante :

$$\phi^{MV}(\mathbf{y}) = K(P_y | P_s) \quad (1.65)$$

où P_y désigne la loi des sources reconstruites $\mathbf{y} = \mathbf{W}\mathbf{x}$, et P_s la loi des sources du modèle. Si l'on suppose connue la distribution des sources, P_s , alors il s'agit de chercher la matrice \mathbf{W} telle que P_y soit le plus proche possible de P_s , c'est-à-dire de minimiser $\phi^{MV}(\mathbf{y})$ sur P_y . Cette approche est connue sous le nom de principe « Infomax ». Par contre, si aucune hypothèse n'est émise sur la distribution des sources, alors il s'agit d'estimer \mathbf{W} en sorte de maximiser l'indépendance entre les composantes y_i , i.e. de minimiser la fonction de contraste :

$$\phi^{IM}(\mathbf{y}) = K(P_y | \prod_{i=1}^{i=n} p_i(y_i)). \quad (1.66)$$

8. Une famille \mathcal{M} est dite *exponentielle* si pour toute paire d'éléments de \mathcal{M} ($P_0(X), P_1(X)$) et pour tout réel α tel que $z(\alpha) = \int P_0^{1-\alpha}(X) P_1^\alpha(X) dX < \infty$, la distribution $P_0^{1-\alpha}(X) P_1^\alpha(X) / z(\alpha)$ appartient aussi à \mathcal{M} . Les distributions gaussiennes ou produits, par exemple, sont des distributions exponentielles.

Cette divergence de Kullback-Leibler de la loi jointe à la loi produit est appelée « information mutuelle » et est une mesure de dépendance, au sens d'écart à l'indépendance.

L'autre classe de fonctions de contraste que nous présentons s'appuie sur une notion essentielle en ACI : la non-gaussianité. En effet, le théorème central-limite stipule que « la somme de variables aléatoires indépendantes de même loi tend vers une variable aléatoire gaussienne ». Intuitivement, cela tend à dire que mélanger des variables les « gaussianise », d'où l'idée de maximiser une mesure de non-gaussianité pour les séparer. La non-gaussianité $\phi^G(\mathbf{y})$ du vecteur aléatoire \mathbf{y} est l'écart à la gaussianité de ce vecteur. Elle est exprimée par la divergence de Kullback-Leibler de P_y à la loi normale de mêmes moments d'ordre 1 et 2 que \mathbf{y} :

$$\phi^G(\mathbf{y}) = K(P_y | \mathcal{N}(E[\mathbf{y}], Cov[\mathbf{y}])). \quad (1.67)$$

Cette quantité est désignée sous le terme de « négentropie », également exprimée par :

$$J(\mathbf{y}) = H(\mathbf{y}_{gauss}) - H(\mathbf{y}) \quad (1.68)$$

où H désigne l'entropie, dite différentielle dans le cas continu, ou de Shannon. Pour un vecteur aléatoire \mathbf{y} de densité $f(\mathbf{y})$, elle est donnée par :

$$H(\mathbf{y}) = - \int f(\mathbf{y}) \log f(\mathbf{y}) d\mathbf{y}. \quad (1.69)$$

L'entropie exprime le degré d'information portée par une variable. Plus cette variable est aléatoire, plus son entropie est élevée. Une variable gaussienne a l'entropie la plus élevée parmi toutes les variables de même variance. La négentropie est donc une quantité positive, nulle si et seulement si \mathbf{y} suit une loi gaussienne. Elle est de plus invariante par toute transformation linéaire inversible.

La négentropie semble être une mesure adéquate de non-gaussianité, mais sa maximisation est difficile. C'est pourquoi elle n'est pas optimisée de façon directe mais est approchée par des fonctions mettant en jeu des statistiques d'ordre supérieur. Ainsi, une mesure de non-gaussianité classiquement utilisée est le kurtosis ou cumulants d'ordre 4 :

$$kurt(y) = E[y^4] - 3E^2[y^2] \quad (1.70)$$

ou de façon plus générale des fonctions de la forme :

$$J_G(y) = (E(G(y)) - E(G(\nu)))^2 \quad (1.71)$$

où G est une fonction non quadratique deux fois différentiable, et ν une variable aléatoire gaussienne centrée-réduite. Le choix de la fonction G conduit à des estimateurs plus ou moins robustes. Des exemples de telles fonctions dont les performances se sont révélées satisfaisantes figurent dans [Hyvärinen 00], et nous y renvoyons le lecteur pour une description plus complète de ces fonctions.

Les deux classes de fonctions de contraste présentées, celles tirées de la méthode du Maximum de Vraisemblance et celles basées sur la notion de non-gaussianité, peuvent être unifiées en une seule famille de fonctions de contraste [Cardoso 01]. En effet, en utilisant la

relation (1.64), la dépendance, ou information mutuelle, se décompose en la somme de trois termes : un terme d'écart à la décorrélation $C(\mathbf{y})$, autrement dit un terme de corrélation, un terme de non-gaussianité, et un terme faisant intervenir les non-gaussianités marginales :

$$\phi^{IM}(\mathbf{y}) = C(\mathbf{y}) + \phi^G(\mathbf{y}) - \sum_i \phi^G(y_i) \quad (1.72)$$

où la corrélation $C(\mathbf{y})$ s'exprime comme un écart à la décorrélation :

$$C(\mathbf{y}) = K(\mathcal{N}(E[\mathbf{y}], Cov(\mathbf{y}) \mid \mathcal{N}(E[\mathbf{y}], Diag(Cov[\mathbf{y}]])). \quad (1.73)$$

La non-gaussianité $\phi^G(\mathbf{y})$ étant invariante par transformation linéaire, il vient :

$$\phi^{IM}(\mathbf{y}) = C(\mathbf{y}) - \sum_i \phi^G(y_i) + constante. \quad (1.74)$$

Cette décomposition suggère de définir une famille de fonctions de contraste, ϕ_w , pour tout poids positif w :

$$\phi_w(\mathbf{y}) = wC(\mathbf{y}) - \sum_i \phi^G(y_i). \quad (1.75)$$

Elle généralise différentes approches de l'analyse en composantes indépendantes que l'on retrouve selon la valeur du poids w :

- cas $w = 1$: approche classique consistant à minimiser l'information mutuelle ;
- cas $w \rightarrow 0$: approche consistant à maximiser les non-gaussianités marginales, i.e. à chercher les directions de non-gaussianité maximale. Cette approche est connue sous le nom de « projections révélatrices » (« projection pursuit » en anglais) ;
- cas $w \rightarrow +\infty$: approche dite « orthogonale ». Elle force la décorrélation et consiste à maximiser la non-gaussianité sous contrainte de décorrélation.

Algorithmes

Il existe un certain nombre d'algorithmes d'estimation du modèle ACI. Ces différentes versions varient selon la fonction de contraste choisie et le schéma adopté pour son optimisation. Leurs performances diffèrent par leur stabilité, leur vitesse de convergence et leur besoin en mémoire [Hyvärinen 99b]. Citons parmi les plus populaires dans les applications, l'algorithme « JADE » [Cardoso 93], [Cardoso 99] et l'algorithme « FastICA » [Hyvärinen 97], [Hyvärinen 99a]. Le lecteur intéressé pourra trouver un état de l'art des algorithmes d'estimation du modèle ACI dans [Hyvärinen 99b], [Hyvärinen 00]. Nous exposons ici le principe de l'algorithme FastICA.

Un prétraitement est généralement appliqué avant d'estimer effectivement les composantes indépendantes. Il consiste à centrer et blanchir les données de telle sorte que leur moyenne soit nulle et leur covariance l'identité. Ceci est classiquement réalisé au moyen d'une analyse en composantes principales. Plutôt que d'avoir à estimer une matrice de mélange \mathbf{A} quelconque, ce prétraitement réduit le problème à l'estimation d'une matrice orthogonale. La complexité s'en trouve diminuée et la convergence accélérée. Dorénavant, nous considérons les données centrées blanchies et conservons les notations introduites précédemment.

Une première version de l'algorithme FastICA consiste à estimer les composantes indépendantes une à une. Chaque composante $y_i = \mathbf{w}^t \mathbf{x}$ où \mathbf{w}^t est un vecteur ligne de la matrice de séparation \mathbf{W} et $i = 1, \dots, n$, est obtenue en maximisant un critère de non-gaussianité. Le critère utilisé est la néguentropie, $J(\mathbf{w}^t \mathbf{x})$, mesurée par l'approximation donnée en (1.71). La procédure d'optimisation s'appuie sur la méthode du point fixe et produit l'algorithme décrit par la table 1.1.

- 1 - Choisir un \mathbf{w} initial, aléatoirement par exemple, de norme unité
- 2 - $\mathbf{w} \leftarrow E\{\mathbf{x}g(\mathbf{w}^t \mathbf{x}) - g'(\mathbf{w}^t \mathbf{x})\mathbf{w}\}$ où g et g' désigne les dérivées première et seconde de la fonction non-quadratique G de l'équation (1.71)
- 3 - $\mathbf{w} \leftarrow \mathbf{w}/\|\mathbf{w}\|$
- 4 - Reprendre en 2 jusqu'à convergence.

TAB. 1.1 – *Algorithme FastICA de recherche d'une direction de non-gaussianité maximale, i.e. d'estimation d'UNE composante indépendante. En pratique, les espérances sont estimées comme une moyenne sur les échantillons de données disponibles.*

L'estimation de plusieurs composantes à la fois peut être menée de façon séquentielle ou parallèle. Dans le premier cas, l'algorithme décrit ci-dessus est exécuté autant de fois que l'on veut estimer de composantes. Pour éviter d'estimer deux fois la même composante, les sorties $y_i, i=1, \dots, n$, sont décorrélées à l'issue de chaque itération. Pour des données \mathbf{x} blanchies, cette décorrélation équivaut à une orthogonalisation réalisée par exemple, par la méthode de Gram-Schmidt. Dans le second cas, les composantes sont estimées parallèlement en s'appuyant sur un schéma d'orthogonalisation symétrique. Si m est le nombre de composantes à estimer, chacune des m composantes est estimée par l'algorithme estimant une seule composante. Une matrice \mathbf{W} est ainsi obtenue, puis orthogonalisée. Le processus est itéré jusqu'à convergence. Cette dernière version présente l'avantage de ne privilégier aucune composante sur les autres.

Applications

Une des applications les plus classiques de l'analyse en composantes indépendante est certainement celle de la séparation de sources, mentionnée ci-dessus et illustrée par le problème de la « cocktail party » [Jutten 91], [Hyvärinen 00]. Cependant, le champ d'applications de l'ACI dépasse largement le cadre du traitement audio, et touche de nombreux domaines : traitement d'images, médicales notamment, vision par ordinateur, télécommunications, ou encore économie où par exemple l'ACI est employée à l'étude de données financières afin de mettre en évidence certains phénomènes « cachés ».

Ainsi, l'ACI suscite un certain nombre de travaux en vision par ordinateur. Dans [Farid 99], elle est utilisée pour séparer des effets de lumière, comme des réflexions indésirables par exemple, du contenu intrinsèque de l'image. Cependant, cette analyse est plus largement exploitée pour extraire et construire des descripteurs caractérisant les don-

nées [Hurri 96]. De tels descripteurs sont utilisés dans des problèmes de reconnaissance de visages [Bartlett 98], [Liu 99], [Moghaddam 02], mais aussi par exemple dans le contexte de l'indexation d'images par le contenu [LeBorgne 01]. L'emploi de cette analyse est justifié par l'argument que l'information utile à ce type de tâches est celle contenue dans les statistiques d'ordre supérieur [Bartlett 98], [LeBorgne 01].

En imagerie cérébrale fonctionnelle, l'ACI est employée dans un contexte de séparation de sources pour séparer le bruit ou les artefacts, du signal réellement dû à l'activité cérébrale [Vigário 00], [Jung 01]. Vigário *et al.* émettent l'hypothèse que le bruit et artefacts, et l'activité cérébrale sont deux processus distincts, ce qui leur permet de justifier l'hypothèse d'indépendance temporelle des sources. Pour leurs expérimentations menées sur des données magnétoencéphalographiques (MEG), des artefacts sont créés artificiellement : mouvement oculaire du sujet prédéterminé, contraction musculaire contrôlée, placement d'un réveil sonore à proximité du sujet par exemple. Les résultats montrent que telle ou telle des composantes obtenues représente tel ou tel artefact -ainsi, les deux premières composantes reflètent l'activité induite par la contraction musculaire- et montrent donc l'aptitude de l'ACI à séparer ces artefacts du reste du signal. Une autre expérience tend même à montrer l'aptitude de l'ACI à séparer les potentiels évoqués somesthésique et auditif dans le cas d'une stimulation vibrotactile. On notera que l'interprétation des composantes obtenues nécessite en général une information *a priori* sur la signification des signaux à séparer.

L'ACI est également expérimentée sur des données d'imagerie par résonance magnétique fonctionnelle (IRMf). Sous une hypothèse d'indépendance spatiale, différents travaux [McKeown 98], [Jung 01], [Svensén 02] montrent la capacité de l'ACI à extraire des données des composantes significatives, i.e. composantes liées à la tâche, composantes non liées à la tâche mais physiologiquement pertinentes, composantes liées aux artefacts, ainsi qu'à détecter des activations que des techniques plus classiques dans ce domaine ignorent. L'hypothèse d'indépendance pour l'application de l'ACI à l'IRMf est discutée dans [Calhoun 01]. Les auteurs testent la pertinence de l'hypothèse d'une indépendance spatiale ou temporelle selon les protocoles expérimentaux utilisés. Selon eux, l'ACI met en évidence des structures non pertinentes si l'hypothèse est violée. Stone *et al.* [Stone 02] proposent alors d'introduire de nouvelles hypothèses pour rendre l'ACI plus robuste. Ils supposent un modèle de densité de probabilité des sources non symétrique. Ils proposent de plus d'étendre l'hypothèse d'indépendance au domaine à la fois spatial et temporel. Les composantes ne sont pas indépendantes dans l'espace et dans le temps mais offrent un compromis entre indépendance spatiale et indépendance temporelle.

Dans l'ensemble, ces différentes études sont d'un intérêt significatif pour la communauté des neurosciences, mais comme le soulignent les différents auteurs, malgré des résultats prometteurs, de plus amples investigations sont nécessaires notamment en ce qui concerne l'applicabilité et la robustesse de l'analyse, ainsi que pour élucider son interprétation.

1.4.3 Discussion ACP/ACI

Les méthodes du second ordre, telle l'ACP, prétendent trouver une décomposition satisfaisante des données en exploitant simplement les informations de moyenne et de covariance. Dans le cas de données gaussiennes, elles sont tout à fait pertinentes puisque la distribution de telles données est complètement déterminée par leur moyenne et leur covariance. Les méthodes d'ordre supérieur, telle l'ACI, n'offrent alors aucun intérêt. Dans

le cas de données non gaussiennes, la décomposition issue de l'ACP demeure correcte mais la base de décomposition obtenue n'est plus celle qui ajuste le mieux les données, au sens de l'erreur quadratique moyenne. L'ACI paraît dans ce cas mieux adaptée. Si elle s'avère performante dans certains contextes, typiquement la séparation ou l'extraction de caractéristiques, elle semble par contre d'un usage plus délicat pour l'analyse de la variabilité de formes. D'une part, l'hypothèse selon laquelle les composantes recherchées sont indépendantes n'est pas toujours facile à appréhender. D'autre part, contrairement à l'ACP, elle n'offre pas d'ordre naturel sur les composantes obtenues et s'avère d'un abord plus difficile pour l'interprétation.

L'avantage de l'ACP est que les conséquences de la violation de l'hypothèse gaussienne sont bien maîtrisées (outre son optimalité dans le cas normal évidemment). Premièrement, la compacité de la représentation pâtit de cette non-gaussianité car la qualité d'approximation d'une observation par un petit nombre de modes est amoindrie du fait que la base issue de l'ACP n'est plus optimale au sens de l'erreur quadratique moyenne. Deuxièmement, la capacité de généralisation du modèle peut également être affectée, ceci en fonction de la perte de qualité sur l'approximation. Troisièmement, la spécificité du modèle final n'est plus assurée : les formes synthétisées par variation des modes dans l'hypothétique gaussienne ne sont plus garanties d'être conformes aux instances apprises et donc représentatives de la classe d'objet étudiée. L'ACP perd donc son caractère optimal. Cependant, en pratique, bien que la gaussianité des données soit rarement testée et donc garantie, l'ACP fournit des résultats tout à fait intéressants et souvent satisfaisants en termes de compacité, capacité de généralisation et de spécificité, même si ce dernier critère s'avère difficile à évaluer dans le cas de formes complexes dont la variabilité est mal connue et pour lesquelles il peut être difficile de décider si la variabilité proposée par le modèle est réaliste ou non.

Lorsque la distribution du vecteur \mathbf{x} n'est pas linéaire, ni l'ACP, ni l'ACI ne peuvent rendre compte de façon optimale de la structure des données. Dans ce cas, on peut avoir recours à des statistiques non linéaires permettant de fournir des axes principaux non linéaires (courbes) ou d'estimer la densité de probabilité de \mathbf{x} . La figure 1.4 illustre différentes distributions et leur ajustement selon l'analyse retenue.

Dans la suite, nous décrivons brièvement quelques analyses non linéaires.

1.4.4 Les mélanges

L'approche par mélanges pour traiter des distributions non linéaires pourrait être qualifiée d'approche « linéaire par morceaux ». Elle considère en fait la distribution globale comme un mélange de distributions localement linéaires. Chacune de ces sous-distributions peut alors être analysée par une analyse linéaire. Dans le cas où chacune d'entre elles est considérée gaussienne, on parlera de « mélanges de gaussiennes ». Ce cas semble plus particulièrement adaptée aux distributions multimodales. Différentes stratégies sont envisagées. Souvent, une ACP est préalablement réalisée afin de réduire la dimensionnalité de l'espace de travail [Heap 97], [Bowden 00], [Cootes 99b], [Orwell 00]. La recherche de la partition de l'ensemble d'apprentissage est alors menée dans cet espace de dimension réduite. Elle peut être basée sur des algorithmes de clustering de type k -moyennes [Heap 97], [Bowden 00] ou sur des algorithmes de type EM permettant d'estimer les densités de probabilité de chaque sous-distribution [Moghaddam 97], [Cootes 99b], [Orwell 00], [Tipping 99].

Dans ce type d'approches, se pose notamment la question du choix du nombre de

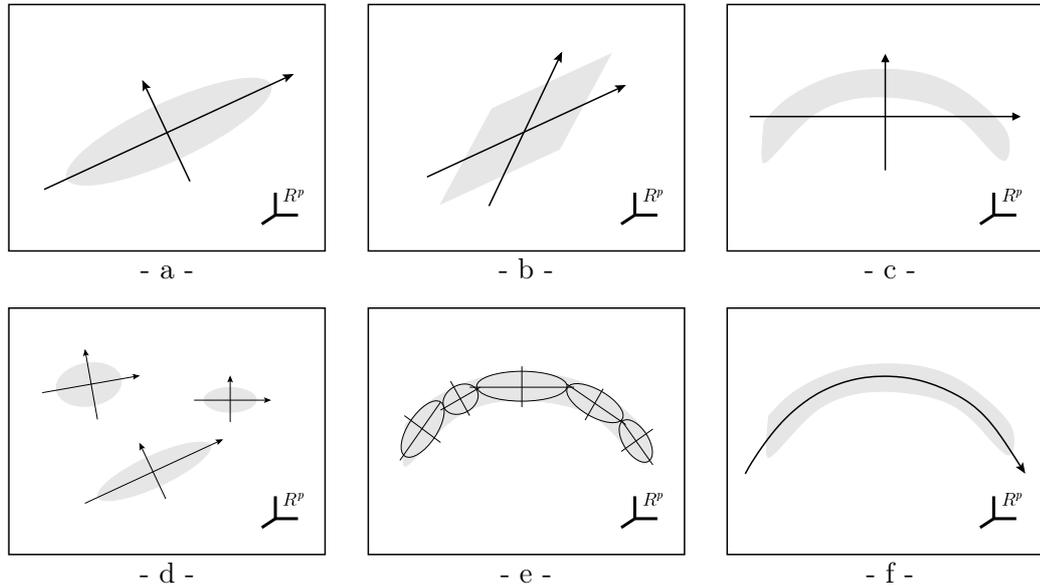


FIG. 1.4 – Ajustement d'une distribution selon l'analyse retenue. Les zones grisées représentent la distribution du vecteur aléatoire \mathbf{x} de \mathbb{R}^p . (a) ajustement par une ACP; (b) par une ACI; (c) par une ACP; (d) et (e) par un mélange de gaussiennes; (f) par une transformation non linéaire. Les figures c et f mettent en évidence le caractère non optimal de l'ACP dans le cas d'une distribution non linéaire.

composantes du mélange, à laquelle il n'est pas forcément évident de répondre, ainsi que celle du choix du nombre de composantes principales à retenir pour la définition de l'espace de travail de dimension réduite [Cootes 99b], [Orwell 00].

1.4.5 Les analyses en composantes principales non linéaires

D'un point de vue général, une analyse statistique non linéaire commence par chercher une composante principale « passant au milieu des données », c'est-à-dire minimisant la somme totale des distances entre les données et leurs projections sur cette composante. Ainsi, Hastie et *et al.* recherchent des « courbes principales » [Hastie 89]. Cette approche s'apparente fortement à de la régression non linéaire. D'ailleurs, Sozou *et al.* proposent l'intégration à un schéma d'ACP, d'une régression polynomiale pour la génération de modèles statistiques de formes [Sozou 95].

Différentes présentations d'analyses non linéaires pourront être trouvées dans [Karhunen 95], [Demartines 97], [Chalmond 99]. Nous décrivons seulement plus en détail une analyse statistique non linéaire, la « Kernel-PCA ».

L'analyse « Kernel-PCA »

L'analyse en composantes principales à fonctions de base à noyaux, dite « Kernel-PCA » en anglais et que nous dénommerons « KPCA » dans la suite, est une forme d'analyse ACP non linéaire [Schölkopf 98]. L'idée est de transformer les données originales vers un espace F dans lequel leur distribution sera de nouveau considérée linéaire et de leur appliquer

alors une ACP classique.

Soit $\mathbf{x}_{i=1,\dots,n} \in \mathbb{R}^p$ les données originales et \mathcal{T} la transformation, non linéaire en général, les plaçant dans F :

$$\begin{aligned} \mathcal{T} : \mathbb{R}^p &\longrightarrow F \\ \mathbf{x} &\longmapsto \mathcal{T}(\mathbf{x}) \end{aligned} \quad (1.76)$$

Notons que F est un espace de grande dimension, voire de dimension infinie. L'ACP des données transformées dans F revient à diagonaliser la matrice de covariance \mathbf{C} ⁹ :

$$\mathbf{C} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathcal{T}(\mathbf{x}_i) \mathcal{T}(\mathbf{x}_i)^t \quad (1.77)$$

c'est-à-dire à déterminer dans F les valeurs et vecteurs propres (λ, ϕ) tels que :

$$\lambda \phi = \mathbf{C} \phi. \quad (1.78)$$

Le point clé de KPCA est que la transformation \mathcal{T} n'a nul besoin d'être explicitée ; seul le produit scalaire sur F est requis. Ce dernier est défini par une fonction noyau \mathcal{K} :

$$\begin{aligned} \mathcal{K} : \mathbb{R}^p \times \mathbb{R}^p &\longrightarrow \mathbb{R} \\ (\mathbf{x}, \mathbf{y}) &\longmapsto \mathcal{K}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \langle \mathcal{T}(\mathbf{x}), \mathcal{T}(\mathbf{y}) \rangle \end{aligned} \quad (1.79)$$

La détermination des valeurs et vecteurs propres (λ, ϕ) tels que (1.78) est alors équivalente à la détermination des valeurs et vecteurs propres (λ, α) tels que :

$$n \lambda \alpha = \mathbf{K} \alpha \quad (1.80)$$

où \mathbf{K} est une matrice $n \times n$ de terme général $(k_{ij}) = \mathcal{K}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j)$. La résolution de (1.80) produit n vecteurs colonnes $\alpha^k = (\alpha_1^k, \dots, \alpha_n^k)^t$ de dimension n dont les valeurs propres associées λ_k sont ordonnées par valeur décroissante. Pour tout $k = 1, \dots, n$, on a :

$$\phi^k = \sum_{i=1}^n \alpha_i^k \mathcal{T}(\mathbf{x}_i). \quad (1.81)$$

Les (ϕ^k) forment une base orthogonale modale de F . Le vecteur des amplitudes modales $\mathbf{b} = (b_1, \dots, b_n)^t$, exprimant une observation \mathbf{x} dans la base modale, est extrait par projection. Pour tout $k = 1, \dots, n$:

$$b_k = \langle \phi^k, \mathcal{T}(\mathbf{x}) \rangle = \sum_{i=1}^n \alpha_i^k \langle \mathcal{T}(\mathbf{x}_i), \mathcal{T}(\mathbf{x}) \rangle = \sum_{i=1}^n \alpha_i^k \mathcal{K}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}). \quad (1.82)$$

Ainsi, l'analyse KPCA peut se dérouler sans jamais expliciter la fonction \mathcal{T} , mais en ayant recours à une fonction noyau \mathcal{K} . Le choix de \mathcal{K} détermine implicitement la fonction non linéaire \mathcal{T} et l'espace F . L'évaluation de \mathcal{K} doit correspondre à un produit scalaire dans F .

9. Par souci de simplicité, nous considérons que les données transformées sont centrées dans F . Ce point est discuté dans [Schölkopf 98] et une version de KPCA traitant des données originellement non centrées \mathbf{y} est présentée.

Les noyaux les plus populaires sont les noyaux gaussiens ($\mathcal{K}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = e^{(-\frac{\|\mathbf{x}-\mathbf{y}\|^2}{2\sigma^2})}$), polynomiaux ($\mathcal{K}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = (\mathbf{x} \cdot \mathbf{y})^d$) et sigmoïdes ($\mathcal{K}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \tanh(a(\mathbf{x} \cdot \mathbf{y}) + \theta)$). Cependant, le choix entre l'un ou l'autre dans les applications est rarement pleinement justifié ni discuté. On remarque de plus que certains d'entre eux nécessitent le réglage de paramètres.

L'analyse KPCA possède évidemment les mêmes propriétés sur F que celle présentée en section (1.4.1). Notamment, elle permet une réduction de la dimensionalité en conservant uniquement les m premiers vecteurs propres. Dans ce cas, $\mathbf{b} = (b_1, \dots, b_m)^t$ et chaque $b_{k, k=1, \dots, m}$ est donné par la relation (1.82). De plus, les composantes principales sont décorréelées, également ordonnées par la quantité de variance expliquée et l'erreur d'approximation est minimale au sens des moindres carrés. Par contre, la reconstruction d'une forme de l'espace original \mathbb{R}^p s'avère plus difficile. En effet, si \mathbf{b} a été tronqué à ses m premières composantes, rien ne garantit qu'il existe un antécédent à ce \mathbf{b} dans \mathbb{R}^p . Dans ce cas, la reconstruction est formulée comme un problème d'optimisation. Il s'agit de trouver la forme $\hat{\mathbf{x}}$ de \mathbb{R}^p telle que son image par \mathcal{T} soit la plus proche possible de la forme tronquée :

$$\hat{\mathbf{x}} = \arg \min_{\mathbb{R}^p} \| \mathcal{T}(\hat{\mathbf{x}}) - P_m \mathcal{T}(\mathbf{x}) \|^2 \quad (1.83)$$

où P_m est l'opérateur de troncature [Romdhani 99], [Mika 99].

Applications Les applications visées par KPCA sont sensiblement les mêmes que celles visées par l'ACP linéaire : modélisation de formes, extraction de caractéristiques, compression, reconstruction, ... Des efforts ont notamment été poursuivis afin d'intégrer KPCA à un modèle statistique de formes dans le contexte de la segmentation et du débruitage d'images [Romdhani 99], [Twining 01], [Twining 03]. Dans le cadre d'une formulation énergétique du problème de la segmentation d'objets 2D ou 3D, Cremers *et al.* décident de contraindre la recherche par un *a priori* statistique acquis par apprentissage [Cremers 01], [Cremers 02]. Estimant que la covariance est insuffisamment spécifique du type de formes recherché, les auteurs ont recours à KPCA pour estimer la densité de probabilité du type de formes, et pouvoir définir alors un terme d'énergie plus spécifique à l'*a priori*.

1.5 Dérivation de modèles statistiques de formes

Travaux fondateurs

La modélisation statistique de formes en traitement d'images a largement été popularisée depuis l'introduction du fameux « Point Distribution Model » (PDM) de Cootes *et al.* [Cootes 95b]. Littéralement, ce modèle est un modèle de distribution de points. Une base d'apprentissage, peuplée de formes représentées par un ensemble de points, est construite par étiquetage constant des points de chaque forme et par alignement basé sur une analyse procrustéenne (cf. section 1.2.1). Elle est ensuite analysée statistiquement par une analyse en composantes principales. Le PDM obtenu modélise alors la forme moyenne et la variabilité de la population d'apprentissage autour de cette forme moyenne, selon les modes principaux de déformation. Dans le cas où la population d'apprentissage possède une distribution gaussienne, cette variabilité est censée être représentative de la classe d'objets étudiée.

L'application privilégiée du modèle PDM est la segmentation, au sens de localisation d'objets connus, i.e. appris statistiquement, dans des images bidimensionnelles. Cette procédure est connue sous le nom d'« Active Shape Models » [Cootes 95b]. Signalons au passage que le modèle PDM a été étendu par ses auteurs à la modélisation des variations de forme et de texture (au sens d'intensité ou de couleur) pour aboutir à un modèle statistique d'apparence [Cootes 98]. La procédure de segmentation associée a dans ce cas été baptisée « Active Appearance Models ». Cependant, comme nous le verrons dans la seconde partie, un tel modèle peut avantageusement être appliqué dans d'autres contextes et notamment celui du recalage [Cootes 99a]. De façon générale, les applications envisageables sont l'extraction de caractéristiques, la segmentation, le suivi [Kervrann 94], [Kervrann 95], la morphométrie, la discrimination, ... Nous insistons sur le fait, qu'en première visée, un tel modèle permet de mettre en évidence et de caractériser les variations inhérentes à un type de structures, ce qui est en soi une information déjà précieuse, particulièrement dans le contexte de l'imagerie cérébrale où la complexité et la variabilité des formes les rendent difficilement appréhendables.

Ce type de modèle a d'ailleurs suscité un certain nombre de travaux dans le domaine. Les modèles produits ne sont pas toujours exactement des PDMs mais l'esprit demeure. En effet, la construction employée permet une « infinité » de déclinaisons si tant est qu'une représentation des formes soit disponible, une mise en correspondance établie et une analyse statistique choisie. Ainsi, de nombreux modèles ont vu le jour par option de différentes variantes de ces trois étapes. Cependant, l'ACP demeure l'analyse statistique de choix pour dériver de tels modèles, même si on note aujourd'hui l'emploi d'analyses plus variées (notamment celui de l'analyse factorielle « MAF » consistant à maximiser l'autocorrélation entre observations voisines [Larsen 01]).

Nous allons maintenant présenter quelques-uns de ces modèles, non pour en dresser une liste exhaustive, mais plutôt pour montrer l'engouement suscité et la variété des modèles imaginables.

Dérivations et applications à l'imagerie médicale

Dans [Lamecker 02], Lamecker *et al.* proposent un modèle statistique tridimensionnel du foie. La surface externe de ce dernier est représentée par un maillage triangulaire, puis divisée semi-automatiquement en quatre sous-surfaces anatomiquement significatives. La mise en correspondance s'applique séparément à chacune d'elles ; elle vise à minimiser une mesure de distortion locale entre deux surfaces homologues. Cette distortion est définie comme une homothétie et un cisaillement. L'application d'une ACP achève la construction du modèle qui sera ultérieurement employé pour la segmentation robuste du foie.

D'autres auteurs optent plus volontiers pour une représentation fréquentielle des formes. Toujours à des fins de segmentation, Székely *et al.* [Székely 96] construisent un modèle du corps calleux décrit par ses coefficients de Fourier ainsi qu'un modèle des structures profondes du cerveau (putamen, noyau caudé) décrites par des harmoniques sphériques. Dans ce dernier cas, les auteurs soulignent la difficulté de générer une paramétrisation satisfaisante de la surface d'objets à topologie sphérique. Kelemen *et al.* [Kelemen 99] poursuivent ces travaux en enrichissant le modèle de statistiques sur les profils d'intensité, orthogonaux à la surface des objets, reprenant ainsi l'idée des modèles d'apparence [Cootes 98]. Les

auteurs concluent à une amélioration de la robustesse et de la stabilité de la segmentation.

Comme signalé dans la section 1.1.5, la description de la forme par ses modes physiques a elle aussi été employée pour la construction de modèles. Subsol *et al.* proposent de construire un atlas du cerveau, représenté par un ensemble de lignes de crête [Subsol 95], [Subsol 98]. Ils utilisent une représentation de l'ensemble d'apprentissage par les premiers modes de vibration libre. Une ACP est ensuite appliquée afin de caractériser la variabilité des formes. Dans [Nikou 99], Nikou présente un modèle conjoint du crâne et du cerveau. Comme précédemment, ces structures sont dotées d'une représentation physique et seuls les modes de basse fréquence sont analysés par ACP. L'auteur présente alors une étude comparative intéressante. Il construit un second modèle, de type PDM cette fois (pour lequel le crâne et le cerveau sont définis par un ensemble de points tridimensionnels). Il conclut que le modèle physique est fortement contraint par la matrice de rigidité \mathbf{K} ce qui conduit à une représentation peu fidèle des détails de la surface, et privilégie donc le modèle purement statistique pour la représentation de formes complexes. Martin *et al.*, dans [Martin 98], bâtissent un modèle statistique pour caractériser les déformations pathologiques de structures au sein du cerveau (e.g. certaines déformations affectant un ventricule peuvent être causées par une maladie d'Alzheimer). Ils émettent l'hypothèse que les différences non pathologiques entre les sujets peuvent être modélisées par les modes physiques. À partir de là, ils proposent de normaliser la population d'apprentissage selon ce modèle physique ; les déformations résiduelles sont alors les variations pathologiques. Ces dernières sont analysées par ACP. L'hypothèse du modèle physique sous-jacent paraît relativement forte puisqu'elle suppose aux structures étudiées des propriétés d'élasticité finalement mal connues.

Rueckert *et al.* adoptent une approche différente et plus originale quant aux structures analysées [Rueckert 01]. Afin de construire un modèle statistique 3D du cerveau décrivant l'anatomie moyenne ainsi que la variabilité autour de cette anatomie moyenne, ils pratiquent une ACP sur les champs de déformation recalant de façon non rigide chaque sujet sur un sujet de référence. Ce modèle de déformation permet de bien prendre en compte la nature volumétrique du cerveau. Cependant, cette approche est dépendante de l'algorithme de recalage utilisé ainsi que du choix du sujet de référence. Nous trouverons également dans [Gee 99] une analyse statistique des champs de déformation issus d'un recalage élastique.

Des modèles de sillons corticaux ont également été proposés [LeGoualher 99], [LeGoualher 00], [Royackkers 99], [Counce 99], [Counce 01], [Tao 01], [Tao 02] ; nous y reviendrons dans la suite de ce document.

1.6 Discussion

Dans ce chapitre, nous avons présenté un panorama non exhaustif des méthodes mises en jeu pour la construction d'un modèle statistique de formes, ainsi que quelques modèles déjà élaborés. Après ce tour d'horizon, il apparaît que l'on peut imaginer et construire une multitude de modèles différents. Bien que la majorité des modèles existants soit dédiée à la segmentation, leur champ d'application n'est pas restreint à cette tâche. Nous retenons

également que :

- une représentation paramétrique ou modale de la forme décrit la forme de façon élégante et offre des facilités de manipulation ;
- l'utilisation d'un repère intrinsèque, offrant un cadre d'étude local et propre à la forme et pouvant également induire une correspondance « naturelle », est attractive ;
- malgré ses limitations, l'analyse en composantes principales possède des propriétés avantageuses.

Lors de la construction d'un modèle statistique de formes, l'étape la plus sujette à caution est certainement celle de la mise en correspondance. Le grand nombre de travaux destinés à sa résolution indique la difficulté de cette tâche. En imagerie cérébrale, cette tâche est d'autant plus difficile qu'en général, aucune vérité n'est connue pour infirmer ou affirmer sa pertinence anatomique et/ou fonctionnelle. Elle est pourtant cruciale car elle décide des relations entre les instances de la base et ainsi, introduit un biais dans le modèle lorsqu'elle est fautive. De plus, il n'est pas trivial d'établir un critère mesurant directement ses performances ; ces dernières seront plutôt évaluées implicitement au travers de la qualité du modèle final. Bien sûr, le modèle est également dépendant du choix de la représentation et de celui de l'analyse statistique, mais dans une moindre mesure car ces deux volets sont mieux maîtrisés, en termes de comportement et de limitations. Par exemple, le concepteur peut plus facilement évaluer si une représentation des formes est convenable, si elle est suffisamment précise, excessivement ou trop peu lisse, . . . pour les besoins de l'application envisagée. De même, les propriétés des analyses statistiques sont en général suffisamment bien connues pour décider d'une analyse adaptée. La mise en correspondance pose donc un problème à part : ce ne sont pas tant les techniques qui manquent, mais il arrive souvent que l'on ne sache pas comment deux structures *devraient* être mises en correspondance, et allant plus loin s'il est même pertinent d'essayer de les faire correspondre.

Comme nous l'avons déjà mentionné, en imagerie cérébrale, l'élaboration et la validation de modèles est d'autant plus délicate que la vérité terrain est souvent mal, voire très mal connue. Pourtant, nous gardons à l'esprit que si un modèle doit fournir une représentation la plus fidèle et la plus pertinente possible de la réalité, il ne peut en être qu'une simplification. Tout modèle est perfectible ; cependant, malgré des hypothèses de travail parfois fortes et des limitations inévitables, un modèle est souvent précieux car il fournit une voie d'approche à la compréhension d'une réalité souvent très complexe.

Dans la suite de ce document, nous proposons une modélisation statistique des sillons corticaux. L'accent est d'abord porté sur l'étude de la forme de ces structures, puis nous nous intéressons à leurs relations de voisinage, définies en termes de position et d'orientation relatives.

Chapitre 2

Modélisation statistique de la forme des sillons corticaux

Dans ce chapitre, nous proposons un modèle statistique de la forme des sillons corticaux, qui sont des structures d'un intérêt majeur pour l'étude du cortex cérébral. Le modèle proposé est bâti par apprentissage de la variabilité de la classe d'objets étudiée et finalement dérivé au moyen d'une analyse statistique.

Après avoir situé le contexte de notre étude, nous montrerons l'intérêt d'une modélisation statistique de la forme des sillons corticaux, puis nous développerons la méthodologie proposée en quatre points : extraction des formes d'intérêt, représentation de ces formes, construction de la population d'apprentissage intégrant notamment les aspects de mise en correspondance, application d'une analyse statistique. Nous terminerons ce chapitre par la description des expérimentations menées et des résultats obtenus.

2.1 Contexte

2.1.1 Quelques mots sur le cerveau

D'un poids moyen de 1400 à 1800 grammes, le cerveau occupe la majeure partie de la boîte crânienne. Cette dernière enferme également le cervelet, situé sous le cerveau et de nature similaire à celui-ci, et le tronc cérébral (cf. figure 2.1.a). Le cerveau est protégé par les méninges qui « tapissent » la boîte crânienne d'une part (dure-mère, arachnoïde) et qui épousent étroitement la surface externe du cerveau d'autre part (pie-mère), comme le montre la figure 2.1.b. De plus, il baigne dans un liquide emplissant l'espace entre la pie-mère et l'arachnoïde, le liquide céphalo-rachidien ou liquide cérébro-spinal. Par ailleurs, un important réseau vasculaire vient irriguer le cerveau.

Le cerveau est composé de deux hémisphères cérébraux séparés par l'espace inter-hémisphérique et reliés par le corps calleux, qui est un faisceau de fibres constituant la commissure inter-hémisphérique. Chacun des hémisphères comporte trois faces : la face supéro-latérale ou externe, la face inférieure, et la face médiane ou interne correspondant au plan inter-hémisphérique. Ceci est illustré par la figure 2.2. La fine couche externe du cerveau, d'une épaisseur de 2 à 5 mm, est appelée cortex ou écorce cérébrale ou encore

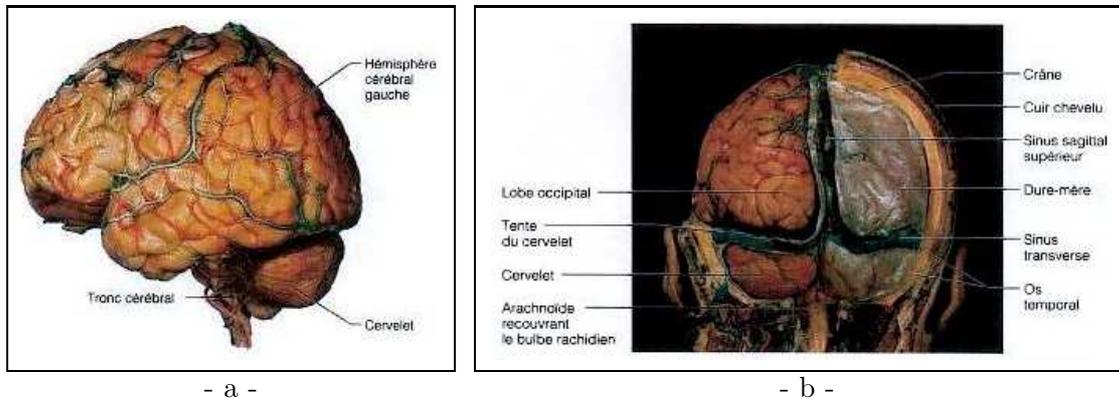


FIG. 2.1 – *Illustrations anatomiques. (a) vue latérale ; (b) vue dorsale.*
 D'après http://schwann.free.fr/etage_sus_tentorial.html.

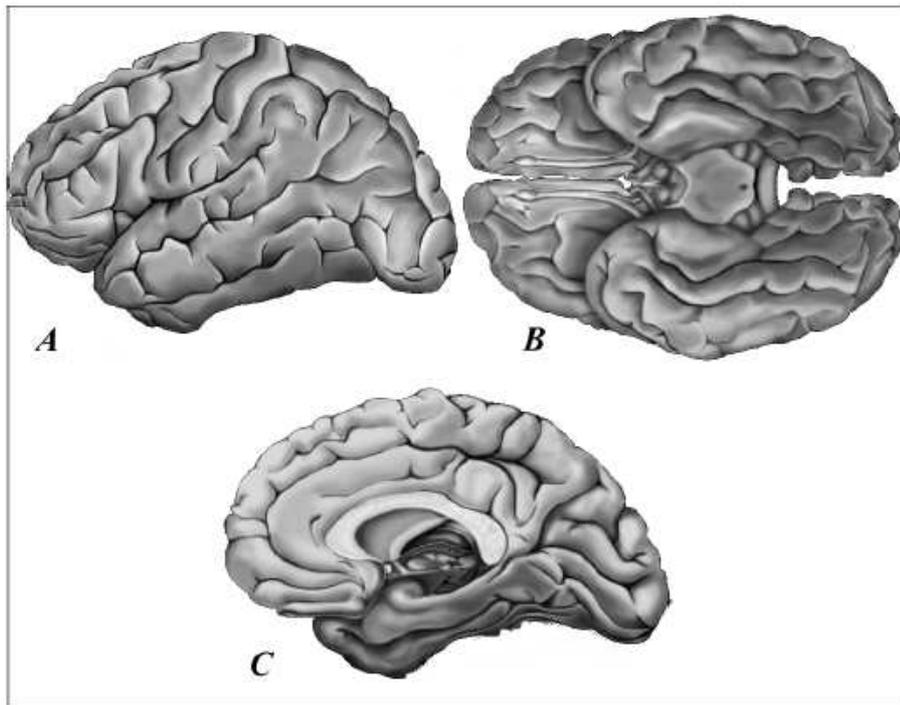


FIG. 2.2 – *Illustration montrant les trois faces des hémisphères cérébraux. (A) face supéro-latérale ; (B) face inférieure ; (C) face médiane.* D'après [LeGoulher 97a].

substance grise. Le cortex est majoritairement composé des corps cellulaires des neurones¹, dont le nombre avoisine les dix milliards, qui lui donnent cette couleur grisâtre. Sous cette couche périphérique se trouve la substance blanche. Elle contient les fibres nerveuses myélinisées² issues des cellules du cortex ou y parvenant. Elle constitue un réseau de communications inter-neurones à plus ou moins longue distance. Les fibres courtes à la surface du cortex assurent les connexions entre zones voisines. Les fibres longues, intra-hémisphériques, assurent les connexions au sein d'un même hémisphère. La communication entre les deux hémisphères est assurée par des fibres passant dans le corps calleux. Notons que les aires cérébrales non reliées par des fibres calleuses sont appelées aires primaires. À l'exception de ces aires primaires, toutes les aires sont connectées par des fibres calleuses et sont appelées aires associatives. Au sein de la substance blanche, en profondeur, sont situés des noyaux de substance grise appelés noyaux gris centraux. Enfin, au centre du cerveau, les ventricules constituent des cavités emplies de liquide céphalo-rachidien.

2.1.2 Le cortex cérébral

Le cortex cérébral est une surface très plissée. D'une part, il présente de nombreux plis s'engouffrant vers l'intérieur du cerveau ; ceux-ci sont dénommés sillons. Ce terme « sillon » est générique, mais il peut être décliné en « fissures » ou « scissures », « sillons » et « incisions » selon la taille, par ordre décroissant du sillon considéré. D'autre part, et de manière duale, il présente un certain nombre de circonvolutions, dessinées sur la surface corticale par les sillons ; celles-ci sont appelées gyri (« gyrus » au singulier). La présence de ces nombreux plissements corticaux augmente considérablement la surface du cortex par rapport à la perception que l'on en a de l'extérieur. Ainsi, seulement le tiers de la surface corticale est visible en superficie ; les deux autres tiers sont enfouis dans les sillons.

Les sillons corticaux sont des structures de forme complexe. Un sillon est composé d'une « vallée » principale, appelée âme du sillon et qui en est la partie la plus profonde, et d'un ensemble de ramifications, appelées branches, se greffant sur l'âme (cf. figure 2.3). Des remontées locales de matière blanche, correspondant à des connexions inter-gyales et dites « fibres en U », peuvent venir déformer, de façon plus ou moins marquée, le fond du sillon. On les appelle « plis de passage ». Lorsqu'un pli de passage affleure à la surface, il forme un pont de matière blanche interrompant le sillon en segments distincts. La forme d'un sillon est donc complexe ; elle est aussi variable. Les sillons diffèrent notamment par leur forme, leur position et leur profondeur. Classiquement, on distingue :

1. les sillons primaires ou sillons principaux. Ce sont les sillons les plus profonds, ils sont présents chez tous les individus (e.g. sillon central, sillon calcarin) ;
2. les sillons secondaires. Ils sont présents chez tous les individus mais leur forme et leur profondeur est beaucoup plus variable ;
3. les sillons tertiaires. Ils peuvent être caractérisés par leur faible profondeur, leur

1. Le neurone est une cellule constituant l'élément fondamental du tissu nerveux qui a pour fonctions de recevoir, de conduire, de transmettre et d'intégrer les influx nerveux. Il est principalement composé de quatre parties : le corps cellulaire (contient les chromosomes), les dendrites (faisant office de système récepteur), l'axone (fibre nerveuse servant de ligne de communication), les synapses (système émetteur).

2. La myéline est une gaine entourant certaines fibres nerveuses. Elle agit à la fois comme isolant des fibres nerveuses et comme accélérateur de la transmission de l'influx nerveux.

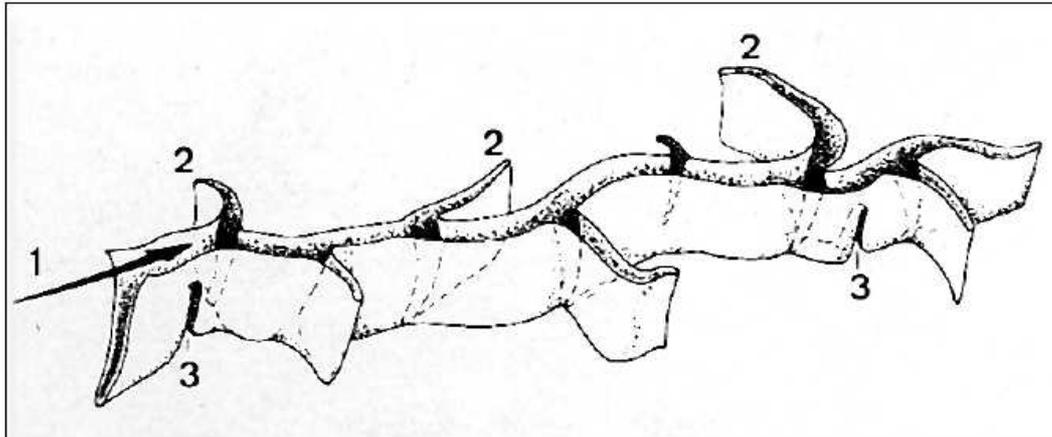


FIG. 2.3 – Illustration représentant la forme d'un sillon en profondeur. D'après [Ono 90].
 (1) Âme du sillon ; (2) branches latérales ; (3) plis de passage.

forte irrégularité et leur grande variabilité d'un sujet à l'autre. Certains d'entre eux correspondent à des branches de sillons primaires ou secondaires.

Notons que la classification des sillons est sujette à de multiples interprétations. Ainsi, dans son atlas consacré aux sillons corticaux et bâti à partir de 25 cerveaux *post mortem*, Ono [Ono 90] répertorie les sillons en deux classes : les sillons principaux, pour « large main sulci » en anglais, correspondant aux sillons primaires et secondaires, et les sillons marginaux, pour « short main sulci » en anglais, correspondant aux sillons tertiaires [Le-Goualher 97a].

Selon leur profondeur, les sillons corticaux divisent chaque hémisphère en lobes, lobules et circonvolutions. En effet, afin de s'orienter plus aisément dans le cerveau, les anatomistes se sont appuyés sur les sillons principaux pour délimiter chaque hémisphère en cinq lobes cérébraux. Ces lobes, illustrés par la figure 2.4, sont :

1. le lobe frontal ;
2. le lobe pariétal, séparé du lobe frontal par le sillon central ;
3. le lobe occipital, séparé du lobe pariétal par la fissure pariéto-occipital ;
4. le lobe temporal, séparé du lobe frontal par la vallée sylvienne ;
5. le lobe limbique, situé sur la face interne de l'hémisphère.

Notons que cette subdivision est fictive et que certaines limites inter-lobes sont marquées par des lignes imaginaires empiriques (e.g. limites à la jonction des lobes pariétal, temporal et occipital). À ces cinq lobes, s'ajoute le lobe de l'insula, zone de cortex enfouie au fond de la scissure sylvienne.

L'anatomie descriptive du cortex est donc basée sur sa décomposition en un ensemble de sillons et de gyri, et particulièrement sur son organisation sulcale, duale de celles des gyri mais plus facile à manipuler. En outre, le cortex est le lieu privilégié de l'activité fonctionnelle cérébrale et les sillons corticaux semblent posséder une certaine signification d'un point de vue fonctionnel³. On mesure alors tout l'intérêt, tant d'un point de vue

3. L'hypothèse d'une corrélation étroite entre anatomie et fonction sera par ailleurs développée au chapitre 5.

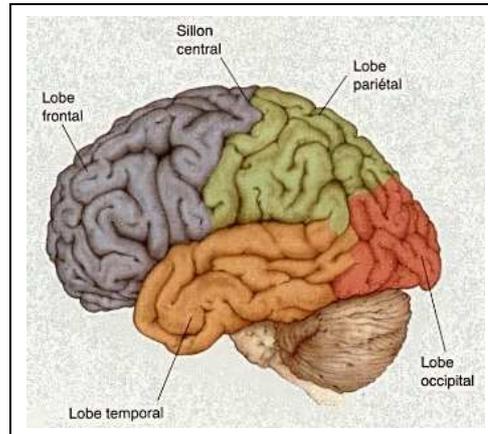


FIG. 2.4 – Les lobes cérébraux. D'après <http://www.medecine.unige.ch/~bertrand/cours1/anatomie>.

anatomique que fonctionnel, de l'étude des sillons corticaux pour l'interprétation du cortex cérébral. Cette étude offre d'autant plus d'intérêt qu'il existe une grande variabilité corticale.

2.1.3 La variabilité corticale

La variabilité corticale peut être abordée à quatre niveaux différents [Régis 94] :

1. variabilité au cours de la progression du phylum. Cette variabilité est étudiée à partir de fossiles, mais aussi à partir de la variabilité inter-espèces actuelle ;
2. variabilité ontogénétique. Il existe une variabilité liée à l'âge, se manifestant par des changements très rapides chez le fœtus mais se poursuivant tout au long de la vie ;
3. variabilité inter-individuelle. Un individu est unique et de nombreuses différences existent entre les individus (forme, fonctionnement, ...). Notamment, il existe des variabilités selon le sexe : l'homme bénéficie d'un volume cortical supérieur à celui de la femme. Cependant, le rapport volumétrique cortex/cerveau est identique chez l'homme et la femme (46%) ;
4. variabilité intra-individuelle. Les deux hémisphères cérébraux d'un individu ne sont pas identiques (asymétries inter-hémisphériques anatomiques [Régis 94] et fonctionnelles [Prima 01]).

La variabilité inter-individuelle se manifeste tant d'un point de vue structurel que morphologique. Structurellement, le nombre de plis composant l'âme d'un sillon peut varier d'un sujet à l'autre, le sillon étant continu ou interrompu selon les sujets. Par exemple, le sillon précentral est fréquemment, mais non systématiquement, interrompu. Le nombre de branches d'un sillon et leurs positions par rapport à l'âme du sillon varient également selon les individus. De même, les relations de position et d'orientation des sillons les uns par rapport aux autres sont variables, tout comme les connexions inter-sillons. Certains sillons peuvent même apparaître ou disparaître d'un individu à l'autre. Cette complexité structurelle induit le problème de l'identification, qu'elle soit manuelle ou automatique, des sillons corticaux, problème longtemps majoré par le peu d'opportunités qu'avaient les anatomistes d'observer le cortex en profondeur. Le fait qu'aucun consensus n'ait encore

pu être établi quant à une nomenclature des sillons (à l'exception des sillons primaires) témoigne de la difficulté de ce problème. Citons à cet égard les travaux [Régis 94], [Mangin 95a], [Rivière 00] qui œuvrent à la mise au point de méthodes automatiques visant à une description structurelle fine et en profondeur du cortex cérébral. Citons également le système « Neuronames Brain Hierarchy » [Bowden 95], [Neuronames], qui vise à une standardisation de la terminologie utilisée en neuroanatomie aussi bien par les cliniciens que par les neuro-ingénieurs. Ce système est depuis une dizaine d'années intégré au thésaurus du projet « Unified Medical Language System » (UMLS) dont l'objectif est la mise au point d'un langage médical unifié [Umls].

Quant à nous, nous nous sommes focalisés sur l'étude de la variabilité inter-individuelle morphologique par le biais de la modélisation statistique de la forme des sillons corticaux.

2.2 Motivations et méthodologie

Le rapide descriptif proposé dans la section précédente a permis de montrer que les sillons sont un objet d'étude de choix tant d'un point de vue anatomique que fonctionnel pour l'interprétation du cortex cérébral. Cependant, l'établissement d'une cartographie anatomique et/ou fonctionnelle s'avère difficile du fait de la complexité du réseau cortical et de la forte variabilité corticale inter-individuelle.

Usuellement, l'état des connaissances anatomiques et fonctionnelles est présenté sous forme d'atlas. Les premiers atlas, à support papier, sont constitués de planches anatomiques sur lesquelles sont décrites les localisations de différentes structures. Très utiles, ils se heurtent néanmoins à de fortes limitations [Subsol 95] : lecture et interprétation malaisées découlant notamment de leur structure bidimensionnelle, précision limitée, évolutivité quasi-nulle, incompatibilité des différents atlas papiers. Une dernière limitation, mais non des moindres, résulte du fait qu'un atlas est généralement élaboré à partir de l'observation d'un nombre très restreint de sujets, voire d'un unique sujet. Par exemple, l'atlas de Talairach [Talairach 67] repose sur l'examen *post mortem* de l'hémisphère droit du cerveau d'une femme âgée d'une soixantaine d'années. De tels atlas s'avèrent alors inaptes à la description de la variabilité inter-individuelle.

L'étude de la variabilité inter-individuelle requiert des méthodes de comparaison inter-sujets, c'est-à-dire des méthodes de mise en correspondance inter-sujets. Les techniques de recalage, au demeurant fort nombreuses [Maintz 98], ont vocation à exprimer les individus, tout ou partie, dans un système de repérage unique, ce dernier pouvant être défini géométriquement ou par un atlas pré-établi ou encore par un sujet de référence. En la matière, le célèbre référentiel de Talairach [Talairach 88] demeure un standard (cf. figure 2.5). Sa construction est basée sur la localisation dans le plan inter-hémisphérique de deux points anatomiques : les commissures antérieure (CA) et postérieure (CP). L'axe CA-CP et les axes du plan inter-hémisphérique perpendiculaires à CA-CP en CA et CP définissent un système d'axes propres au cerveau permettant la localisation de structures. Par extension de ce référentiel, Talairach définit un quadrillage proportionnel du cerveau permettant la comparaison de sujets distincts. Il s'agit d'une boîte englobant le cerveau et divisée en 12 sous-volumes sur la base de CA-CP. La normalisation de différents cerveaux est réalisée par une transformation affine par morceaux (un morceau par sous-volume). Le report de

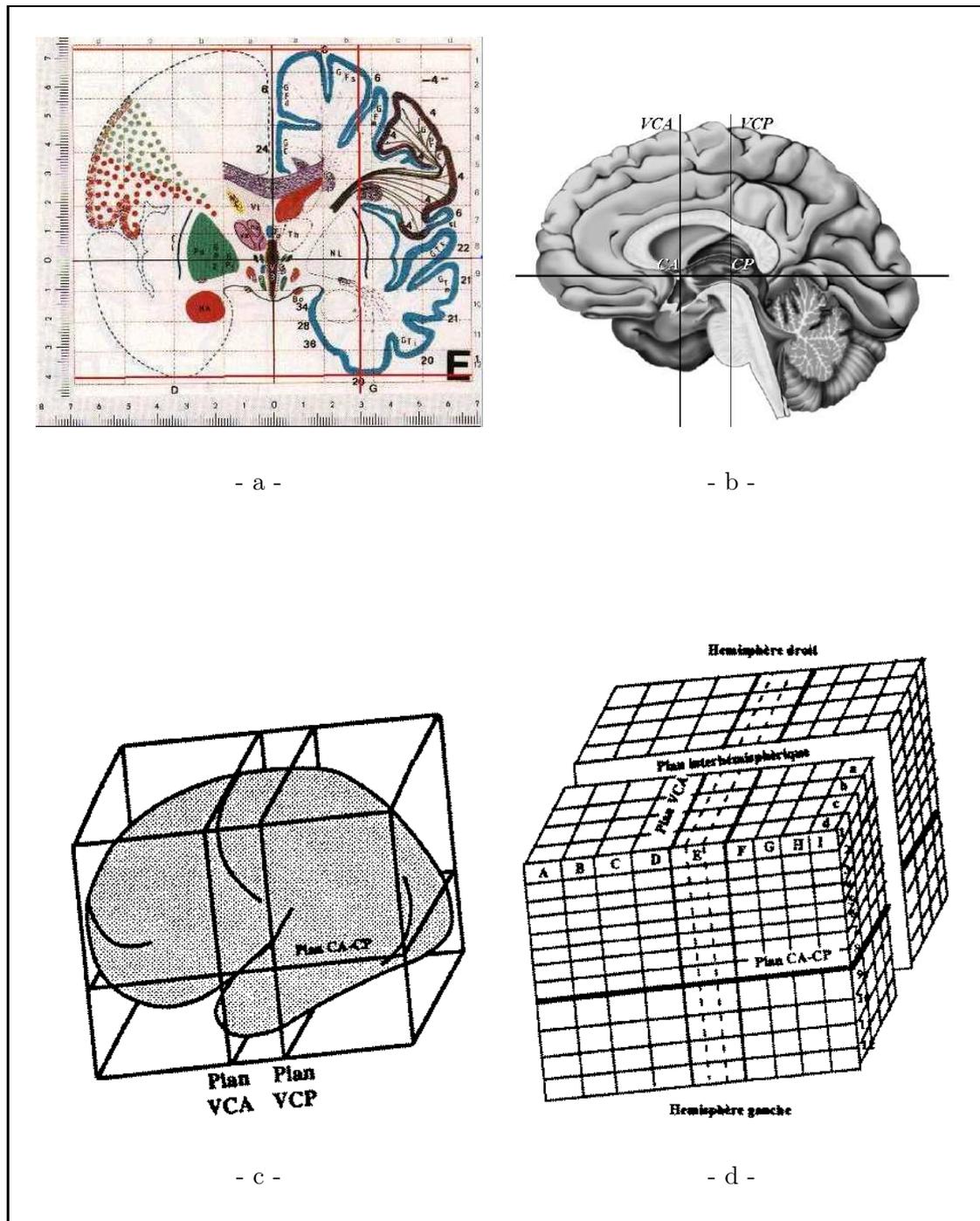


FIG. 2.5 – Les atlas de Talairach [Talairach 67], [Talairach 88]. (a) une planche de l’atlas de Talairach ; (b) définition du repère de Talairach basé sur la localisation des commissures antérieure et postérieure (CA et CP) visibles dans le plan inter-hémisphérique ; (c-d) principe du quadrillage proportionnel de Talairach : douze sous-volumes, six par hémisphère, sont définis à partir des dimensions de la boîte englobante du cerveau.

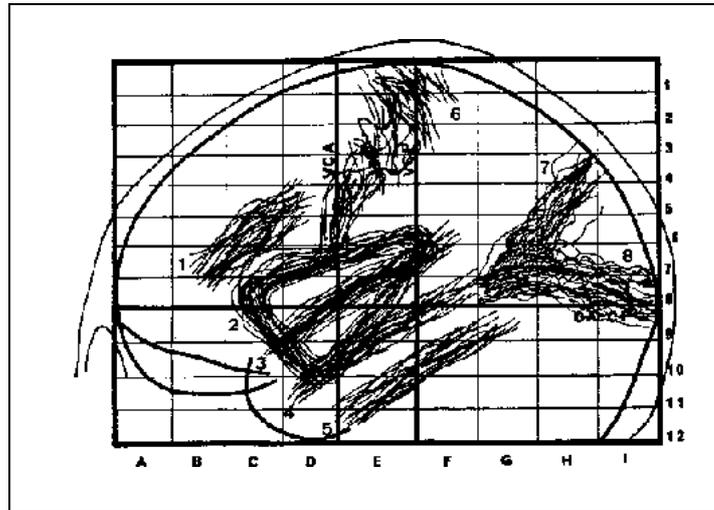


FIG. 2.6 – Variabilité de la localisation de la trace externe de quelques grandes structures dans le repère proportionnel de Talairach.

traces externes sulcales dans le repère proportionnel de Talairach a mis en évidence des variations de position de plusieurs centimètres, comme l'illustre la figure 2.6. Cependant, si la méthode du quadrillage proportionnel de Talairach est reconnue pour compenser de façon précise la variabilité inter-individuelle à proximité des points CA et CP, par exemple au niveau des structures profondes et des structures ventriculaires, elle se révèle plus incertaine dans les zones corticales.

L'avènement des techniques d'imagerie moderne permettant l'acquisition *in vivo* d'images cérébrales tridimensionnelles de plusieurs sujets, le développement d'outils de traitement de ces images et l'utilisation de méthodes d'analyse statistique multidimensionnelle permettant l'analyse des flots de données ainsi générés, rendent aujourd'hui possible la construction d'atlas anatomiques et/ou fonctionnels probabilistes. De tels atlas peuvent par exemple indiquer des probabilités d'occurrence et de localisation d'une forme donnée ou décrire statistiquement les déviations de la forme d'une structure donnée par rapport à un modèle moyen. Ils sont alors aptes à rendre compte de la variabilité inter-individuelle.

La modélisation statistique de la forme des sillons corticaux s'inscrit parfaitement dans ce contexte. La méthodologie que nous proposons pour construire un modèle statistique des sillons s'apparente à celle du PDM (cf. section 1.5). Toutefois, l'apprentissage s'appuie sur une représentation paramétrique de la forme d'intérêt et sur la définition d'un repère local, intrinsèque à cette forme. Une analyse statistique est alors appliquée pour dériver le modèle.

Les sections suivantes exposent ces différents aspects. La phase d'apprentissage est décrite en s'intéressant tout d'abord à l'extraction des sillons corticaux et à leur représentation, puis à la construction proprement dite de la population d'apprentissage faisant notamment intervenir les aspects de mise en correspondance. Les aspects d'analyse statistique sont ensuite abordés. Nous terminons ce chapitre par la présentation de résultats.

2.3 Extraction des sillons corticaux

Dans cette section, nous donnons quelques éléments d'état de l'art sur la segmentation des sillons avant de décrire plus avant la méthode que nous avons employée pour réaliser leur extraction.

2.3.1 Éléments d'état de l'art

La segmentation des sillons corticaux a fait l'objet d'un certain nombre de travaux, différant bien sûr par les techniques utilisées mais surtout par la façon dont les auteurs « conçoivent » un sillon. Ainsi, un sillon est tantôt assimilé à sa trace externe, tantôt à une région sulcale ou à un bassin, tantôt à une surface. Notons qu'en règle générale, un préalable à l'extraction des sillons est la segmentation du cerveau. Une revue des méthodes de segmentation s'intéressant plus précisément à la segmentation du cortex pourra être trouvée dans [Cointepas 99].

Dans [Counce 99], [Counce 01], les auteurs considèrent le sillon comme sa trace externe. À partir d'une segmentation du cerveau, un ensemble de points est automatiquement localisé sur les fissures sulcales de l'enveloppe corticale par utilisation d'outils de morphologie mathématique. Cette représentation étant établie pour un ensemble de sillons sur une base de 22 sujets, un modèle statistique de type PDM est bâti. Une mise en correspondance point à point est réalisée par un algorithme ICP intégrant des contraintes géométriques locales pour accroître ses performances. De nouveaux exemplaires sont alors segmentés par une recherche de type « Active Shape Models » (cf. section 1.5). Tao *et al.* [Tao 01], [Tao 02] utilisent également une représentation unidimensionnelle des sillons, mais préfèrent une représentation sphérique du cortex. Les courbes représentant les sillons sont extraites manuellement puis projetées sur la sphère unité conduisant ainsi à une représentation paramétrique des sillons. Un modèle statistique dédié à la segmentation de nouveaux sillons est alors construit sur cette sphère unité.

De telles représentations apparaissent quelque peu réductrices pour l'étude de la variabilité corticale inter-individuelle. En effet, elles ne rendent pas compte de toute la partie enfouie du cortex qui en représente pourtant environ les deux-tiers. Dans [Royackkers 99], les auteurs ont aussi opté pour une modélisation des sillons par des courbes suivant leurs traces externes, mais ont adjoint une information de profondeur en chaque point de la courbe afin de compenser la non prise en compte de la partie enfouie du cortex. De plus, des caractéristiques supplémentaires, telles que des paramètres de position, de continuité, de longueur et d'orientation, viennent décrire le sillon. Cependant, une représentation plus complète de la partie profonde d'un sillon peut être obtenue.

Rettmann *et al.* proposent une représentation du cortex en régions sulcales et régions gyrales [Rettmann 02]. Les régions sulcales décrivent un « U », ou un « V », correspondant aux « parois » internes des plis corticaux. La segmentation est réalisée par un algorithme de ligne de partage des eaux (« watershed » en anglais) s'appuyant sur une distance géodésique. Le problème de la sursegmentation, i.e. une région unique est segmentée en plusieurs régions distinctes, induit par ce type d'algorithmes est résolu par une étape de fusion des régions obtenues. L'identification des sillons segmentés est réalisée manuellement à la fin du

processus de segmentation. Cette approche s'apparente à celle de Lohmann [Lohmann 98], [Lohmann 00] dans laquelle une description structurelle de la topographie corticale est recherchée. Ces travaux sont basés sur l'hypothèse que la variabilité inter-individuelle sulcale décroît avec la profondeur. Les sillons sont représentés par un ensemble de sous-structures dénommées « bassins sulcaux », qui sont des régions volumétriques définies comme des concavités dans la surface de la matière blanche. Leur extraction est réalisée par une approche de type croissance de régions. Le fait d'ôter la matière grise accentue les sillons notamment en profondeur et conduit, selon les auteurs, à une meilleure localisation des sillons.

Une autre manière d'accéder à la partie profonde du cortex est de représenter les sillons par leur surface médiane. Cette approche conduit de surcroît à une visualisation plus aisée en trois dimensions.

Dans [Vaillant 96], Vaillant *et al.* recherchent une représentation paramétrique de cette surface. Un modèle actif est initialisé sur la trace externe du sillon et évolue vers son fond. Les traces externes sont déterminées par le minimum de courbure principale de la surface externe du cerveau préalablement paramétrée [Davatzikos 95]. Le modèle évolue alors sous l'action de deux forces l'étirant vers le fond du sillon tout en le maintenant sur la surface médiane. Une extraction des surfaces médianes des sillons est également proposée dans [Renault 01], [Desvignes 02]. Elle est basée sur la notion de courbure et de lignes de crête. La méthode développée permet de calculer ces caractéristiques sur une approximation continue du volume d'origine et offre ainsi l'avantage de s'affranchir de la segmentation préalable du cerveau.

Visant à une description structurelle fine du réseau cortical, Mangin *et al.* [Mangin 95a], [Mangin 95b] proposent une segmentation des sillons en surfaces topologiquement élémentaires en s'appuyant sur la classification topologique définie par Malandain [Malandain 92], [Malandain 93]. Ces surfaces sont ensuite surdécoupées au niveau des connexions possibles des racines sulcales. Cette segmentation est intégrée à un système complexe d'étiquetage automatique des sillons fondé sur l'utilisation jointe de réseaux neuronaux pour l'apprentissage, et de champs de Markov pour la reconnaissance [Mangin 95c], [Rivière 00].

Nous décrivons maintenant plus en détail l'approche que nous avons retenue pour l'extraction et la représentation des sillons corticaux. Notre choix a été principalement motivé par le fait qu'elle rend compte de la topographie profonde du cortex et qu'elle en fournit une représentation paramétrique, sous forme de « rubans ».

2.3.2 La méthode du ruban actif

L'extraction et la représentation des sillons corticaux que nous utilisons résultent de travaux antérieurs réalisés au pôle d'imagerie médicale rennais [LeGoualher 97a], [LeGoualher 97b].

Les sillons sont extraits des volumes IRM par une méthode dite « méthode du ruban actif » produisant une représentation paramétrique de la surface médiane du sillon. Cette dernière est entendue comme étant la surface partant du fond du sillon vers l'extérieur du cerveau et pseudo-normale à l'enveloppe externe du cerveau.

Plusieurs étapes sont nécessaires à cette segmentation. Une série de prétraitements est tout d'abord réalisée afin d'extraire une région d'intérêt définie par la matière grise et le liquide céphalo-rachidien inclus dans ses replis.

1. Le processus débute par la segmentation du cerveau consistant à localiser l'interface matière grise/liquide céphalo-rachidien. Une approche contour doublée d'une recherche en composantes connexes est adoptée. Les contours sont tout d'abord détectés par application d'un filtre de lissage-dérivation de Marr-Hildreth⁴ et l'image filtrée est binarisée. Sur cette carte binaire, une procédure de croissance de régions initialisée par un germe situé à l'intérieur du cerveau recherche l'ensemble des voxels connexes au point germe selon un certain voisinage. Cette recherche est contrainte par un taux de connexité minimal fixé ici à 85%, et signifiant donc qu'un voxel sera inclus dans la région si 85% de ses voisins appartiennent au cerveau, et par deux seuils haut et bas d'intensité permettant de briser les connexions parasites. Un masque binaire du cerveau est alors obtenu. Il est étendu en affectant un coefficient d'appartenance floue inversement proportionnel à la dérivée seconde de la fonction d'intensité, aux voxels voisins de la frontière détectée afin de gérer l'incertitude sur la localisation exacte de l'interface. La segmentation du cerveau est achevée en multipliant le volume original par ce masque flou. Cette dernière opération permet notamment d'augmenter le contraste entre le cerveau et le liquide céphalo-rachidien.
2. Les tissus sont ensuite classifiés en trois classes : matière blanche, matière grise et liquide céphalo-rachidien, par une méthode basée région [Lachmann 92], ce qui permet d'extraire la région d'intérêt définie par la matière grise et le liquide céphalo-rachidien inclus dans ses replis.

Notons que des approches alternatives peuvent être utilisés pour réaliser ces prétraitements. Par exemple, on trouvera dans [Baillard 00], [Baillard 01] une méthode basée sur les ensembles de niveaux (« level sets » en anglais) permettant d'extraire cette région d'intérêt. Cette approche intègre notamment des modèles de distribution de probabilité des intensités des différentes classes présentes dans le volume afin de guider l'évolution de l'hypersurface.

Après cette phase de prétraitement, la détection des sillons se déroule comme suit.

1. La région d'intérêt est décomposée en sillons et gyri par application, en chacun de ses points, d'un opérateur de géométrie différentielle : l'opérateur ML_{vv} (pour L_{vv} moyen) [Florack 92]. Cet opérateur est relatif à la notion de courbure. Il est lié aux courbures principales de la surface d'intensité constante et son signe permet de différencier les sillons des gyri. En effet, une valeur positive du ML_{vv} caractérise la crête d'un gyrus alors qu'une valeur négative caractérise le fond d'un sillon.
2. Après une squelettisation opérée en surface, cette partition gyri/sillon produit la topographie superficielle du cortex, c'est-à-dire les traces externes des sillons corticaux. Ces traces externes servent alors à initialiser un modèle actif destiné à extraire la surface d'intérêt. La clé de ce processus réside dans le fait que ce modèle actif évolue d'une dimension un (courbe active) à une dimension deux (surface active). En effet, un ensemble de trois potentiels est défini de telle sorte que la courbe initiale, positionnée sur la partie superficielle du sillon, évolue vers le fond du sillon. La première

4. Ce filtre, aussi appelé « LoG » pour « Laplacian of Gaussian », lisse l'image afin de réduire la sensibilité au bruit et recherche les passages par zéro du laplacien de la fonction d'intensité, i.e. les points d'inflexion du profil d'intensité.

force attire la courbe initiale vers le fond du sillon. Elle est définie comme la distance de la courbe à la partie superficielle de la surface du cerveau. La deuxième force, définie comme la distance de la courbe au point du sillon le plus proche, contraint la courbe à rester dans le sillon. La troisième est définie comme le Lvv moyen et permet d'affiner la segmentation en forçant la courbe à suivre la surface médiane du sillon correspondant aux valeurs maximales du $MLvv$.

3. L'ensemble des positions successives de la courbe initialise alors une surface active. Cette dernière, une fois optimisée, décrit la surface médiane du sillon.

Le choix de la paramétrisation s'est porté sur une surface de type B-spline cubique, ce qui est bien adapté à la modélisation d'objets de forme libre.

Ici, l'identification des sillons corticaux est réalisée manuellement : à l'issue de l'étape de squelettisation, les traces externes sont étiquetées par un expert. Notons à ce propos que les travaux présentés dans [LeGoualher 99] proposent une procédure d'étiquetage automatique des sillons à l'aide d'atlas.

2.4 Représentation des sillons corticaux

Nous disposons donc d'une représentation paramétrique des formes d'intérêt au travers de la modélisation par surfaces B-splines cubiques. La spline paramétrée par ses abscisses curvilignes u et v est décrite par nbp points de passage appartenant à la surface, et $nbc = nbc_u \times nbc_v$ points de contrôle où nbc_u , respectivement nbc_v , est le nombre de points de contrôle dans la direction associée au paramètre u , respectivement v . La direction paramétrique u représente la longueur du sillon tandis que la direction v représente sa profondeur. Le nombre nbp de points de passage est obtenu en subdivisant régulièrement la courbe initialisée sur la trace externe du sillon en intervalles de 1 mm. Il reste constant durant toute la procédure de segmentation. Le nombre de points de contrôle est alors déterminé selon la finesse et le degré de lissage souhaités pour la représentation. Pour une représentation fine d'une courbe, le rapport nbc/nbp , appelé facteur de lissage, sera pris égal à 1 ou proche de 1. Plus ce rapport est faible, plus la courbe est lisse. En pratique, le facteur de lissage a été choisi à $nbc/nbp = 1/24$, ce qui offre un bon compromis entre le lissage de la surface et la qualité de la segmentation.

Un sillon pourra être représenté par les points de passage de la spline le modélisant ou par les points de contrôle. Disposant de l'une de ces deux représentations, son pendant est obtenu par la relation (1.11) que nous rappelons :

$$\mathbf{c} = B\mathbf{p} \tag{2.1}$$

où B est la matrice de la spline, \mathbf{c} contient les coordonnées des points de passage et \mathbf{p} contient les coordonnées des points de contrôle (cf. section 1.1.2). La donnée des nbc points de contrôle et la connaissance de B définit complètement la surface sulcale. L'avantage majeur d'utiliser les points de contrôle réside dans leur aptitude à représenter la surface de manière plus compacte que les points de passage tout en en garantissant une représentation équivalente, sous réserve de disposer de B .

2.5 Construction de la population d'apprentissage

La représentation des formes étant choisie, il s'agit maintenant de constituer une population d'apprentissage, \mathcal{P} , cohérente au sens où elle sert d'entrée à l'analyse statistique. Cela signifie que la population d'apprentissage doit pouvoir être définie par un vecteur aléatoire de p variables se réalisant n fois, les n réalisations étant les instances de la base d'apprentissage. En d'autres termes, cela induit deux contraintes fortes sur la construction de \mathcal{P} :

1. chaque instance doit être définie par p variables, i.e. chaque forme doit être définie par le même nombre de points de contrôle ;
2. toutes les instances doivent être exprimées dans un référentiel unique.

La représentation paramétrique choisie facilite la satisfaction de ces deux contraintes et permet de dériver de manière simple une correspondance point à point. La satisfaction de la première contrainte passe par un rééchantillonnage des formes. La satisfaction de la seconde est réalisée en alignant l'ensemble des exemplaires sur un système d'axes commun, c'est-à-dire en procédant à un recalage de la base d'apprentissage. Pour ce faire, nous proposons une approche locale basée sur la définition d'un repère intrinsèque à la forme « sillon », sur lequel l'alignement est réalisé par un **recalage local rigide**. Nous nous plaçons délibérément dans ce cadre local, propre à la structure d'intérêt et réalisons ainsi une indépendance par rapport à une structure plus globale, comme un cerveau de référence par exemple. À l'issue de ces deux étapes, la mise en correspondance est dérivée de la paramétrisation en émettant l'hypothèse que la paramétrisation choisie induit une mise en correspondance « naturelle ».

Nous présentons maintenant le recalage local rigide, le rééchantillonnage et la mise en correspondance.

2.5.1 Repère intrinsèque et recalage local rigide

Initialement, chaque sillon est exprimé dans un repère image qui est différent d'un sujet à l'autre. Le principe est d'exprimer chaque sillon dans son propre système de coordonnées qui soit, par construction, équivalent pour tous les exemplaires de la base. Dans la suite, ce repère sera indifféremment dénommé « repère local » ou « repère intrinsèque ». La construction que nous en proposons est basée sur les axes d'inertie de la surface sulcale définie par les nbp points de passage.

Considérons un sillon S . Soit $\mathcal{R}(O, \mathbf{u}, \mathbf{v}, \mathbf{w})$ le repère image dans lequel il est initialement exprimé et $\mathcal{R}_s(O_s, \mathbf{u}_s, \mathbf{v}_s, \mathbf{w}_s)$ son repère local. Les axes \mathbf{u}_s , \mathbf{v}_s et \mathbf{w}_s sont définis comme les axes d'inertie de la surface sulcale. Ils sont déterminés en sorte que \mathbf{u}_s suive la longueur du sillon, \mathbf{v}_s la profondeur et que \mathbf{w}_s soit normal au « plan sulcal ». Cette discrimination est réalisée en considérant que \mathbf{u}_s , respectivement \mathbf{v}_s , est l'axe d'inertie le plus colinéaire à la moyenne des nbc_u , respectivement nbc_v , droites pseudo-parallèles, chacune d'entre elles étant définie par les deux extrémités d'une ligne de sillon dans la direction u , respectivement v . L'ambiguïté sur le sens de ces vecteurs est levée du fait que les sillons sont toujours extraits dans le même sens, depuis leur trace externe jusqu'à leur fond. Le vecteur \mathbf{w}_s est alors obtenu par produit vectoriel, $\mathbf{w}_s = (\mathbf{u}_s \wedge \mathbf{v}_s)$, de sorte que le repère \mathcal{R}_s soit direct. L'origine O_s est définie comme le centre de gravité du sillon. Notons que ce dernier peut

ne pas appartenir à la surface sulcale. La construction de ce repère local \mathcal{R}_s est illustrée par la figure 2.7.

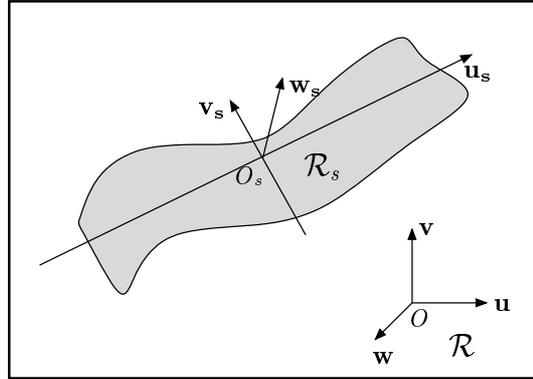


FIG. 2.7 – Illustration schématique du repère intrinsèque à un sillon (surface grisée). Le repère \mathcal{R} désigne le repère image dans lequel le sillon est initialement exprimé, le repère \mathcal{R}_s est le repère local au sillon.

Exprimer le sillon S dans son repère intrinsèque \mathcal{R}_s revient à lui appliquer la transformation rigide, i.e. la composition d'une rotation par une translation, définie par la matrice \mathbf{M} de changement de repère de \mathcal{R}_s vers \mathcal{R} . En effet,

$$S_{/\mathcal{R}_s} = \mathbf{M}S_{/\mathcal{R}} \quad (2.2)$$

où $S_{/\mathcal{R}}$ désigne le sillon exprimé dans le repère \mathcal{R} .

Soit \mathbf{R} la matrice de rotation et \mathbf{t} le vecteur de translation définissant le changement de base inverse, \mathbf{M}^{-1} , de \mathcal{R} vers \mathcal{R}_s . En coordonnées homogènes, \mathbf{M}^{-1} est donnée par :

$$\mathbf{M}^{-1} = \begin{pmatrix} \mathbf{R} & \mathbf{t} \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \text{ où } \mathbf{R} = \begin{pmatrix} \mathbf{u}_s & \mathbf{v}_s & \mathbf{w}_s \end{pmatrix} \text{ et } \mathbf{t} = \overrightarrow{OO_s}. \quad (2.3)$$

Alors, la matrice \mathbf{R} étant orthogonale, on a :

$$\mathbf{M} = \begin{pmatrix} \mathbf{R}^t & -\mathbf{R}^t\mathbf{t} \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}. \quad (2.4)$$

Cette transformation rigide, spécifiée par la matrice \mathbf{M} , définit le recalage local rigide évoqué ci-dessus et que nous noterons LR dans la suite. Elle est déterminée pour chaque sujet et appliquée au sillon associé. La population d'apprentissage se trouve alors alignée sur le repère \mathcal{R}_s intrinsèque à la forme « sillon ».

Commentaire

Le recalage LR est purement rigide et ne considère aucun facteur d'homothétie. En effet, les données image étant acquises à la même échelle, la variation inter-individuelle relative

à la taille sera ainsi capturée par le modèle de formes. Certains auteurs considèrent que la forme d'un objet doit être affranchie des différences en translation, rotation et homothétie, ce qui peut être obtenu par exemple, par analyse procrustéenne [LeGoualher 00] ou encore par normalisation dans le repère de Talairach [LeGoualher 99]. À l'inverse, nous considérons que la taille est un effet à intégrer dans un modèle de formes visant à l'étude de la variabilité inter-individuelle.

2.5.2 Rééchantillonnage des sillons

Afin de définir chaque instance de la population d'apprentissage par un même nombre de points, un rééchantillonnage des surfaces est effectué. Celui-ci est facilité par la représentation paramétrique utilisée qui rend notamment possible le rééchantillonnage sur chaque axe.

Cas des sillons continus

Lorsque tous les sillons de la base sont continus, l'exemplaire décrit avec le plus grand nombre de points de passage, nbp_{max} , est recherché. Toutes les autres instances sont alors suréchantillonnées avec nbp_{max} points de passage. En théorie, ce rééchantillonnage modifie la forme discrète de la surface. Cependant, compte-tenu du fort échantillonnage initial (pas de 1 mm) et du suréchantillonnage effectué, les formes initiales sont préservées en pratique.

Cas des sillons interrompus

Lorsque tous les sillons de la base sont interrompus et décrit par le même nombre de segments, nous rééchantillons chaque segment comme décrit dans le cas continu. Ceci est possible du fait que nous disposons d'un étiquetage de chaque morceau, par exemple inférieur/supérieur pour le sillon précentral ou antérieur/postérieur pour le sillon temporal.

Lorsque la base d'apprentissage possède à la fois des sillons interrompus et des sillons continus, nous procédons à un rééchantillonnage « proportionnel ».

Pour simplifier l'exposé, considérons que les sillons interrompus sont constitués uniquement de deux segments i et j , de profondeur p_i et p_j , et de longueur l_i et l_j . La profondeur d'un sillon continu k est notée p_k et sa longueur l_k . Alors :

- soit p_m la profondeur maximale sur la base d'apprentissage \mathcal{P} , $p_m = \max_{\mathcal{P}}\{p_i, p_j, p_k\}$.
Nous suréchantillons les exemplaires de \mathcal{P} en profondeur de sorte qu'ils soient décrits par p_m points de passage sur l'axe de profondeur ;
- soit l_m la longueur maximale sur la base d'apprentissage, $l_m = \max_{\mathcal{P}}\{l_i + l_j, l_k\}$.
Alors,
 - si $l_m = l_i + l_j$, chaque sillon continu k est échantillonné par un facteur $\frac{l_m}{l_k}$ pour atteindre une longueur de l_m ,
 - sinon, pour chaque sillon interrompu, ses deux segments sont suréchantillonnés par un facteur $\frac{l_m}{l_i + l_j}$.

Ce procédé est généralisable au cas où les sillons interrompus comportent plus de deux segments.

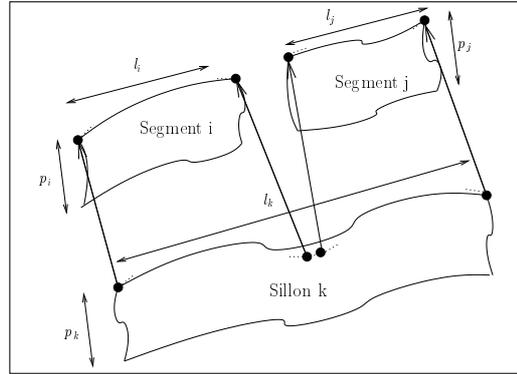


FIG. 2.8 – Rééchantillonnage et mise en correspondance dans le cas où un sillon interrompu est homologue à un sillon continu. Les points noirs sont portés par la grille des points de contrôle du sillon (en pointillé).

2.5.3 Mise en correspondance

Les exemplaires de la base d'apprentissage étant alignés dans \mathcal{R}_s et leurs points de passage rééchantillonnés, l'ensemble des points de contrôle associé est calculé pour chaque sillon avec un facteur de lissage de $1/24$ (cf. section 2.4). La mise en correspondance entre deux sillons A et B est alors réalisée comme suit : chaque point de contrôle de A est apparié avec le point de contrôle de B de même abscisse curviligne.

La figure 2.8 illustre cette mise en correspondance dans le cas où un sillon interrompu est homologue à un sillon continu.

2.5.4 Discussion

La mise en correspondance que nous proposons sous-entend que nous émettions une double hypothèse :

1. une correspondance entre deux sillons corticaux provenant de sujets distincts, de topologie différente de surcroît, a du sens ;
2. une telle correspondance peut être établie à partir du paramétrage de la forme « sillon ».

Sa pertinence anatomique, fonctionnelle, physiologique, etc. ne peut être garantie. D'autres approches ont été proposées par différents auteurs, mais elles souffrent des mêmes incertitudes. Ainsi, Chui *et al.* ont proposé un algorithme robuste d'appariement de points conduisant à une correspondance point à point entre points sulcaux [Chui 99]. Caunce *et al.* utilisent un algorithme de type ICP, Collins *et al.* utilisent une distance du chanfrein pour définir la correspondance entre sillons [Collins 98] tandis que Vaillant *et al.* s'appuient sur la courbure des traces externes des sillons [Vaillant 99].

L'hétérogénéité de ces différentes techniques met en évidence le manque de connaissance anatomique et/ou fonctionnelle sur laquelle s'appuyer pour établir la « bonne » correspondance entre les sillons corticaux de sujets distincts. Tantôt basées sur la notion de courbure, tantôt sur la notion de distance, tantôt dérivées de la paramétrisation, toutes ces techniques contiennent un certain arbitraire. Pour éliminer cet arbitraire, il faudrait

pouvoir s'appuyer sur un modèle « physiologique » sous-jacent guidant la mise en correspondance ou tout au moins définissant ce qu'est une « bonne » correspondance. À l'heure actuelle et à notre connaissance, un tel modèle demeure inconnu. Des informations cytoarchitectoniques pourraient peut-être fournir en revanche des indices de bonne mise en correspondance. Cependant, ce type d'informations microscopiques restent inaccessibles *in vivo* avec les imageurs actuels.

Dérivant de la représentation de la forme, la mise en correspondance que nous proposons a l'avantage d'être simple et de conduire à une population d'apprentissage cohérente pour l'analyse statistique.

2.6 Analyse statistique

2.6.1 Quelle analyse choisir?

L'analyse statistique de la population d'apprentissage est l'étape ultime de la construction du modèle. Le modèle produit doit être apte à décrire et caractériser la forme d'un sillon cortical dans toute sa variabilité afin justement d'appréhender la variabilité morphologique inter-individuelle. Parmi les analyses statistiques multidimensionnelles existantes (voir notamment les quelques exemples présentés au chapitre 1), nous avons choisi l'analyse en composantes principales (ACP). En effet, cette analyse permet de caractériser la variabilité inhérente à la population d'apprentissage en révélant les modes principaux de déformation relativement à une forme de référence, qui est classiquement la forme moyenne. Elle produit une base de décomposition orthogonale dans laquelle les variables représentant la forme sont décorréélées, ce qui élimine la redondance d'information. De plus, elle fournit un ordre sur les composantes obtenues, utile d'une part à la caractérisation et maintenant d'autre part à une approximation modale permettant une représentation compacte de la forme. Enfin, elle permet « d'extrapoler » les déformations observées (sous l'hypothèse gaussienne) et ainsi de dépasser le cadre restreint de la population d'apprentissage. Si cette population est suffisamment représentative de la classe d'objets étudiée, la variabilité de cette classe est alors bien modélisée.

Cette analyse a été exposée dans la section 1.4.1, nous en rappelons ici les points essentiels.

2.6.2 L'ACP en bref

Soit \mathcal{P} la population d'apprentissage composée de n instances, $\mathbf{x}_i \in \mathcal{P}$ une forme, $\bar{\mathbf{x}}$ la forme moyenne sur \mathcal{P} , \mathbf{C} la matrice de covariance. Une forme $\mathbf{x}_i, i=1\dots n$ est représentée par les nb points de contrôle de la spline qui modélise la surface médiane du sillon et donc par un vecteur d'observation de $p = 3 \times nb$ variables :

$$\mathbf{x}_i = (x_{i_1}, y_{i_1}, z_{i_1}, \dots, x_{i_{nb}}, y_{i_{nb}}, z_{i_{nb}})^t. \quad (2.5)$$

La forme moyenne et la matrice de covariance sont données par :

$$\bar{\mathbf{x}} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i, \quad (2.6)$$

$$\mathbf{C} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n d\mathbf{x}_i d\mathbf{x}_i^t \text{ avec } d\mathbf{x}_i = \mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}}. \quad (2.7)$$

La diagonalisation de la matrice de covariance \mathbf{C} produit la base modale Φ :

$$\mathbf{C} = \Phi \Lambda \Phi^t \text{ où } \Lambda = \text{diag}(\lambda_1, \dots, \lambda_p) \text{ avec } \lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_p. \quad (2.8)$$

Une approximation modale peut être réalisée en conservant uniquement les m premiers modes. Une forme approchée s'écrit alors :

$$\mathbf{x} = \bar{\mathbf{x}} + \Phi_{\mathbf{m}} \mathbf{b}_{\mathbf{m}} \quad (2.9)$$

et on a :

$$\mathbf{b}_{\mathbf{m}} = \Phi_{\mathbf{m}}^t (\mathbf{x} - \bar{\mathbf{x}}) \quad (2.10)$$

où $\Phi_{\mathbf{m}}$ est une sous-matrice de Φ contenant les m premiers vecteurs propres de \mathbf{C} définissant la base d'approximation modale. Le vecteur des amplitudes modales de déformations $\mathbf{b}_{\mathbf{m}} = (b_1, \dots, b_m)^t$ représente une forme dans l'espace m -dimensionnel défini par les composantes principales retenues. Il fournit une représentation compacte de la forme ($m < p$ voire $m \ll p$).

La qualité de la représentation obtenue sur la base tronquée peut être évaluée par le pourcentage de variance relatif aux m premiers modes, i.e. par le pourcentage d'inertie totale expliquée τ_p :

$$\tau_p = \frac{\sum_{i=1}^m \lambda_i}{\lambda_T} \times 100 \quad \text{où} \quad \lambda_T = \sum_{i=1}^p \lambda_i. \quad (2.11)$$

La relation (2.9) peut également être employée pour générer de nouvelles observations. Cependant, $\mathbf{b}_{\mathbf{m}}$ doit être contraint afin de représenter des formes admissibles, i.e. conformes aux instances apprises. Supposant que la distribution des \mathbf{x}_i est gaussienne l'intervalle de variation de chaque $b_{i, i=1..m}$, est typiquement tel que :

$$-3\sqrt{\lambda_i} \leq b_i \leq +3\sqrt{\lambda_i}. \quad (2.12)$$

Sous l'hypothèse $\mathbf{x}_i \sim \mathcal{N}(\bar{\mathbf{x}}, \mathbf{C})$, $b_i \sim \mathcal{N}(0, \lambda_i)$ et donc $P(|b_i| \leq 3\sqrt{\lambda_i}) = 99.7\%$. Ainsi, (2.12) peut être considérée comme une condition de représentativité de la classe d'objets d'intérêt. En pratique, cela revient à parcourir « presque toute la gaussienne », ce qui peut devenir excessif notamment lorsque la distribution initiale est relativement creuse. Notons alors que l'on a, sous les mêmes hypothèses : $P(|b_i| \leq 2\sqrt{\lambda_i}) = 95.5\%$ et $P(|b_i| \leq \sqrt{\lambda_i}) = 68.3\%$. L'exploration de ces domaines fournit un indicateur de la variabilité de la classe étudiée, indicateur d'autant plus fiable que \mathcal{P} est de cardinal suffisant, représentative de cette classe et distribuée selon une loi gaussienne évidemment.

2.6.3 Remarque : cas où $n \ll p$

En pratique, il arrive souvent que le nombre d'échantillons disponible soit très inférieur à la dimension du vecteur d'observation. Ce cas se produit d'autant plus souvent en imagerie cérébrale que la quantité de données à traiter est importante alors qu'il s'avère bien difficile de constituer de grandes bases de données. En tout cas, peu de laboratoires de recherche en disposent. Nous nous situons dans ce cas comme nous le verrons dans la partie expérimentale.

Quoiqu'il en soit, dans le cas où $n \ll p$, une petite astuce de calcul permet de réduire le coût calculatoire de la diagonalisation de la matrice de covariance \mathbf{C} de taille $p \times p$ en se ramenant à la diagonalisation d'une matrice de taille $n \times n$. Ceci est exposé en annexe A.

Précisons également que dans le cas $n < p$, le nombre de modes significatifs, c'est-à-dire associés à une valeur propre non nulle, ne peut excéder $(n - 1)$.

2.7 Expérimentations et résultats

Nous allons maintenant mener une étude expérimentale sur des données réelles. Après avoir présenté les données utilisées, nous illustrons la construction des populations d'apprentissage. Nous évaluons alors les performances du modèle proposé en terme de capacité, de capacité de généralisation et de spécificité.

2.7.1 Les données

Les expérimentations ont été menées sur une base de 18 sujets volontaires, tous mâles, âgés de 35 ± 10 ans, droitiers et sains. Les acquisitions ont été réalisées par une étude T1-MR SPGR 3D et les sillons ont été extraits à l'Institut Neurologique de Montréal par G. Le Goualher. Pour chaque sujet et chaque hémisphère, six sillons majeurs sont disponibles : les sillons précentral, central, postcentral, frontal supérieur, temporal supérieur et la fissure sylvienne.

Nous présentons dans cette partie expérimentale le modèle statistique des sillons central, précentral et postcentral de l'hémisphère gauche. Dans notre base de données, chaque sillon est représenté par une centaine de points de contrôle et seuls certains exemplaires du sillon précentral sont interrompus. La figure 2.9 montre un exemplaire de chacune des formes étudiées.

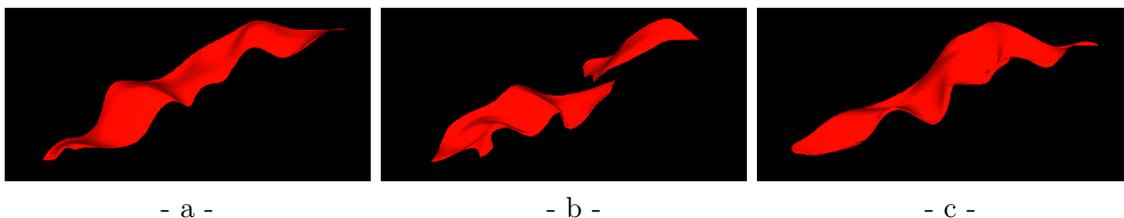


FIG. 2.9 – Un exemplaire de chaque forme étudiée. (a) un sillon central gauche, (b) un sillon précentral gauche interrompu, (c) un sillon postcentral gauche.

2.7.2 Rejet des exemplaires « aberrants »

L'examen visuel de la base de données nous a poussés à éliminer certains sillons manifestement incorrectement segmentés. Afin d'éliminer ces sujets le plus objectivement possible, nous avons construit pour chaque base d'apprentissage le modèle correspondant et examiné la contribution apportée par chaque individu à chaque mode [Saporta 90], [Lebart 97].

Considérons le i^e mode. Soit b_i^k la coordonnée de l'individu k sur ce mode. La valeur propre λ_i étant la variance portée par l'axe i , on a :

$$\frac{\sum_{k=1}^n (b_i^k)^2}{n} = \lambda_i \quad (2.13)$$

où n est le nombre d'individus.

La contribution $Cr(i,k)$ de l'individu k à la composante principale i est alors définie par :

$$Cr(i,k) = \frac{1}{n} \frac{(b_i^k)^2}{\lambda_i} \quad (2.14)$$

et on a :

$$\sum_{k=1}^n Cr(i,k) = 1. \quad (2.15)$$

Les individus qui participent le plus à la détermination d'un axe sont les plus excentrés de la moyenne. En conséquence, un individu prédominant un axe de façon disproportionnée peut être considéré comme un « intrus ». De deux choses l'une, soit la segmentation a échoué et l'exemplaire n'est pas conforme, soit il est conforme mais atypique au sein de la base de données. Ce cas peut notamment se produire si l'apprentissage est réalisé sur une population de trop faible cardinal et/ou non représentative.

Si un individu apporte une contribution excessive, particulièrement aux premiers modes, il introduit un facteur d'instabilité : son retrait de la base modifie profondément le résultat de l'analyse. Il est alors préférable de l'éliminer. La quantification du terme « excessif » a été réalisée de manière empirique. Nous avons cherché un compromis entre l'élimination des instances clairement aberrantes et la conservation du maximum d'exemplaires possible. Finalement, nous avons fixé un « seuil flou » à 25%, signifiant qu'un individu contribuant à 25%, voire à 30%, aux premiers modes est *a priori* conservé dans la base. Ceci est à moduler avec l'observation visuelle et la prise en compte du cardinal de la population. En effet, une contribution de 25% sur une base de 18 sujets ne signifie pas la même chose que sur une base de 100 ou 1000 individus. Ce procédé de sélection n'implique pas que les exemplaires retenus pour réaliser l'apprentissage soient exempts d'erreurs de segmentation par exemple, mais au moins sont éliminées les instances introduisant de façon certaine une instabilité dans l'apprentissage.

Nous procédons maintenant à l'examen des trois bases d'apprentissage considérées : la base des sillons centraux gauches, la base des sillons précentraux gauches et enfin la base des sillons postcentraux gauches.

Examen de la base des sillons centraux gauches

La figure 2.10.a montre une contribution acceptable de chaque individu au premier mode, celle-ci étant toujours inférieure à 25%. La figure 2.10.b présente les contributions des différents individus à chacun des modes. Au vu de ces contributions et des sillons observés, l'ensemble des 18 sujets de la base a été conservé pour la modélisation statistique du sillon central gauche.

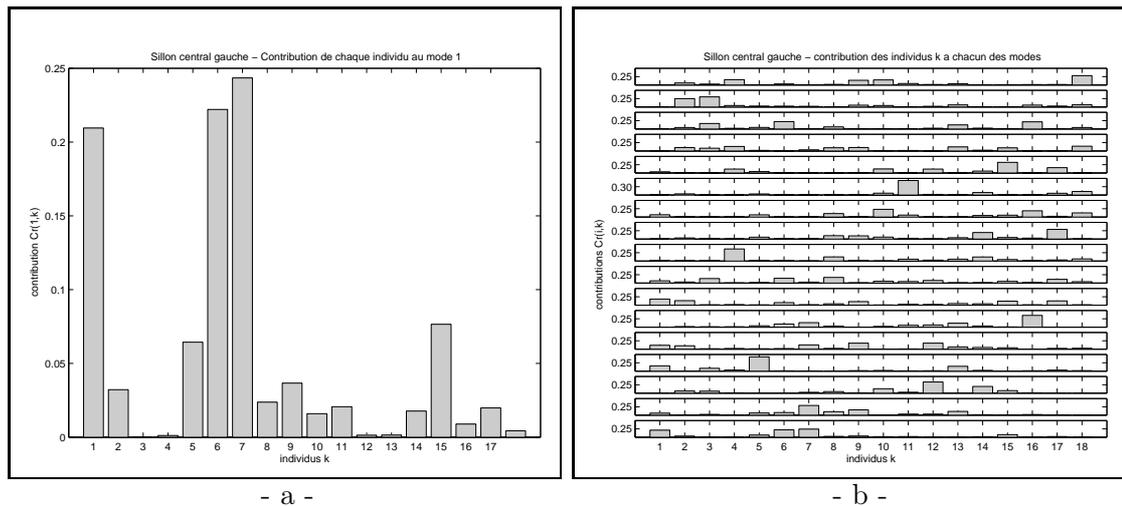


FIG. 2.10 – Contribution des individus k au mode i sur la base du sillon central gauche. (a) contribution de chaque individu au premier mode; (b) contribution des individus k à chacun des 17 modes. L'histogramme inférieur correspond au premier mode tandis que l'histogramme supérieur correspond au dernier mode, c'est-à-dire au mode 17.

Examen de la base des sillons précentraux gauches

L'individu numéro 16 apparaît fortement prédominant dans la détermination du premier mode (cf. figure 2.11.a); il est donc éliminé. Les contributions calculées sur la base privée de ce sujet (cf. figure 2.11.b) montrent de nouveau une disproportion exagérée entre les individus, due cette fois au sujet 14; ce dernier est donc aussi éliminé. Les figures 2.11.c et 2.11.d présentent les contributions des différents individus non éliminés à chacun des modes. Leur répartition est plus homogène. Nous conservons donc cette base et traiterons 16 sillons précentraux.

Visuellement, il apparaît que les sillons éliminés ici sont sous-segmentés.

Examen de la base des sillons postcentraux gauches

La figure 2.12 met en évidence une contribution excessive de l'individu 16 au premier mode. Sa suppression conduit à une répartition plus uniforme des contributions aux modes de la nouvelle base comme le montre la figure 2.13.a. Cependant, après observation visuelle des sillons, les individus 5 et 11 semblent être mal segmentés à leurs extrémités. L'examen des contributions aux modes 2 et 3 corroborent cette impression visuelle (cf. figures 2.13.b

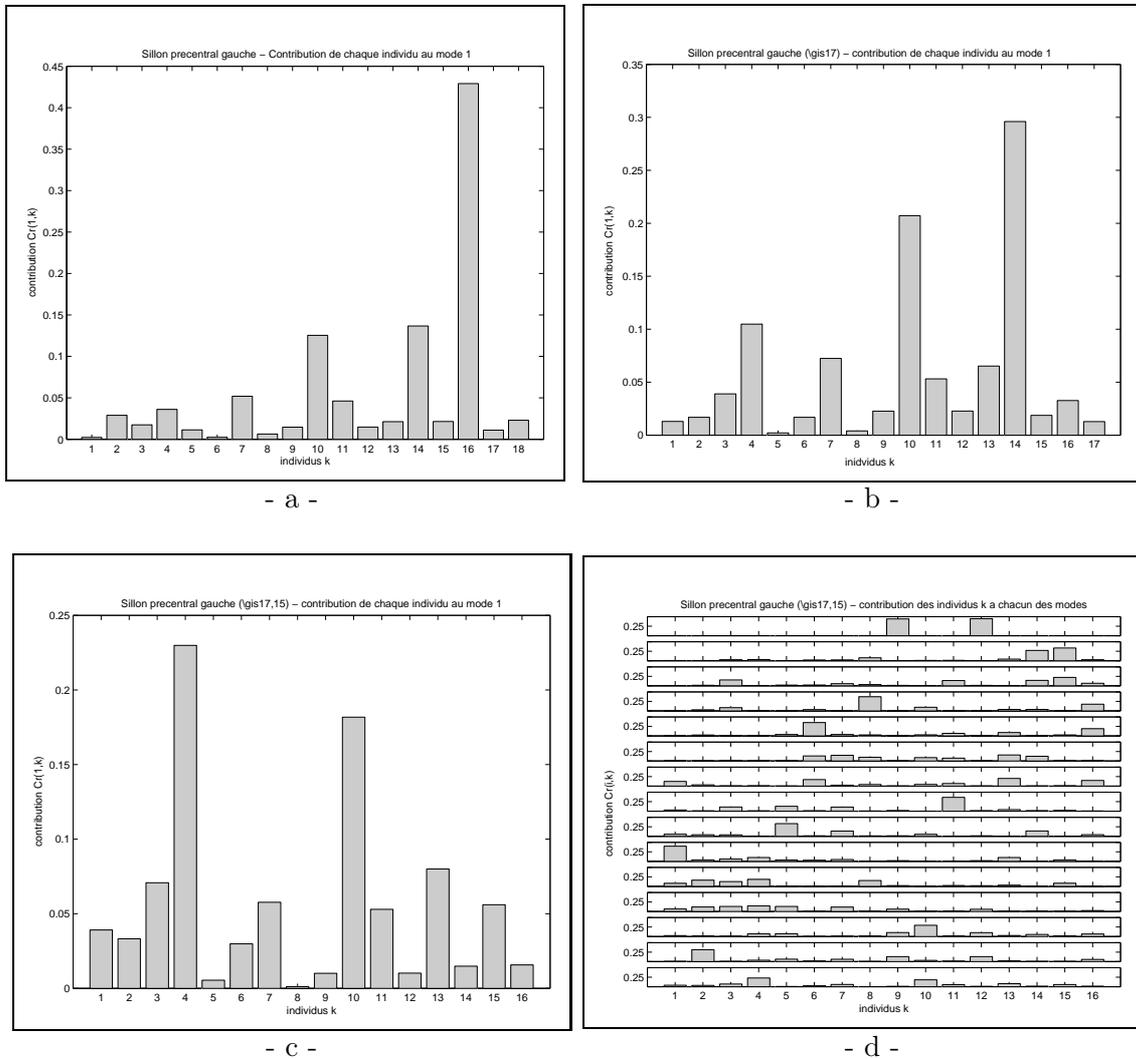


FIG. 2.11 – Contribution des individus k au mode i sur la base du sillon précentral gauche. (a) contribution de chaque individu au premier mode calculée sur la base initiale; (b) contribution de chaque individu au premier mode calculée sur la base initiale privée de l'individu 16; (c) contribution de chaque individu au premier mode calculée sur la base initiale privée des individus 16 et 14; (d) contribution des individus k à chacun des 15 modes calculés sur la base finale, i.e. sur la base originale privée des individus 16 et 14. Sur cette figure, l'histogramme présenté sur la ligne inférieure correspond au premier mode, et celui présenté sur la ligne supérieure au dernier mode (mode 15).

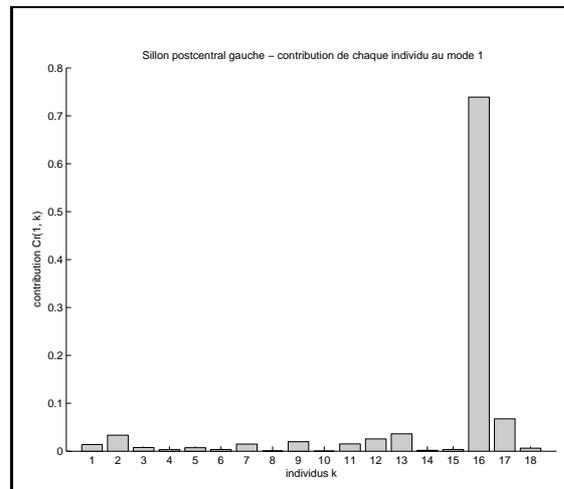


FIG. 2.12 – Contribution des individus k au premier mode sur la base du sillon postcentral gauche. L'individu 16 est exagérément contributif à la détermination de ce mode.

et 2.13.c). Aussi avons-nous décidé d'exclure ces deux sujets de la base. La population d'apprentissage relative au sillon postcentral comptera donc 15 exemplaires. La figure 2.13.d présente les contributions finales des 15 individus retenus à chacun des modes.

2.7.3 Population d'apprentissage et modèle moyen

Les exemplaires de chacune des trois populations d'apprentissage d'intérêt étant maintenant déterminés, ils sont rééchantillonnés et recalés rigidement vers le repère intrinsèque comme décrit en section 2.5. La figure 2.14 présente les populations d'apprentissage ainsi obtenues.

Sur ces populations d'apprentissage, l'analyse statistique est appliquée et le modèle dérivé. La figure 2.15 montre les sillons moyens correspondant à chacune de ces populations. Ils sont relativement lisses. On remarque un « décrochage » assez marqué sur la forme moyenne du sillon précentral. Celui-ci semble correspondre aux interruptions présentes sur certains instances du sillon précentral. Il est vrai que la visualisation du sillon précentral moyen est un peu « artificielle » puisqu'elle montre un sillon moyen continu alors que la base est composée à la fois de sillons interrompus et de sillons continus, ce qui a par ailleurs été pris en compte dans la procédure de mise en correspondance. Cependant, ce décrochage montre que la caractéristique « interruption » apparaît sur le modèle moyen.

Examinons maintenant le comportement du modèle statistique bâti en termes de capacité, de capacité de généralisation et de spécificité.

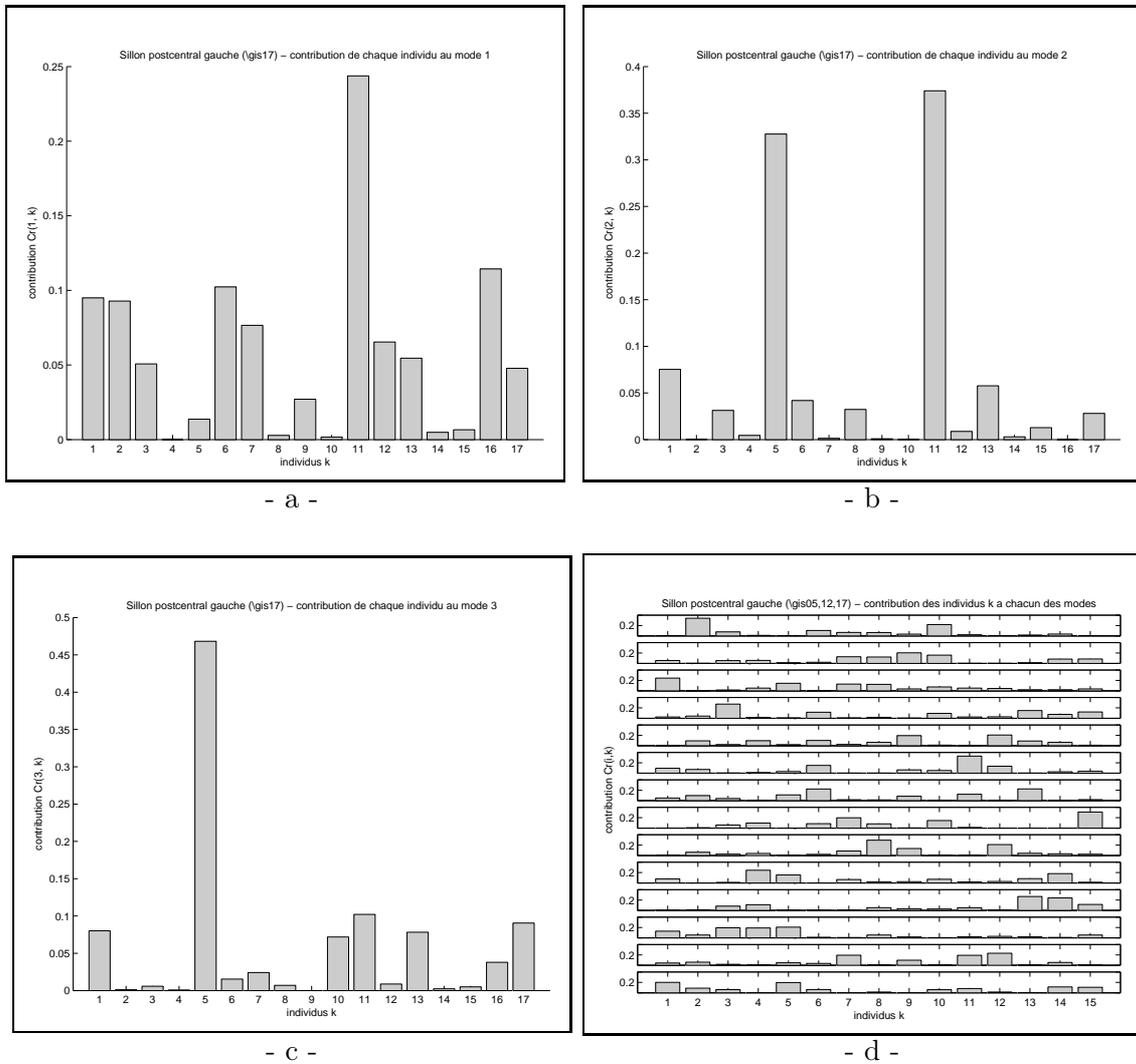


FIG. 2.13 – Contribution des individus k aux modes issus de la base des sillons postcentraux gauches, privée de l'individu 16. (a) contribution de chaque individu au premier mode ; (b) contribution de chaque individu au deuxième mode ; (c) contribution de chaque individu au troisième mode. Les sillons des individus 5 et 11 sont exclus de la base. (d) contributions finales des 15 individus retenus à chacun des modes. Sur cette figure, l'histogramme présenté sur la ligne inférieure correspond au premier mode, et celui présenté sur la ligne supérieure au dernier mode (mode 14).

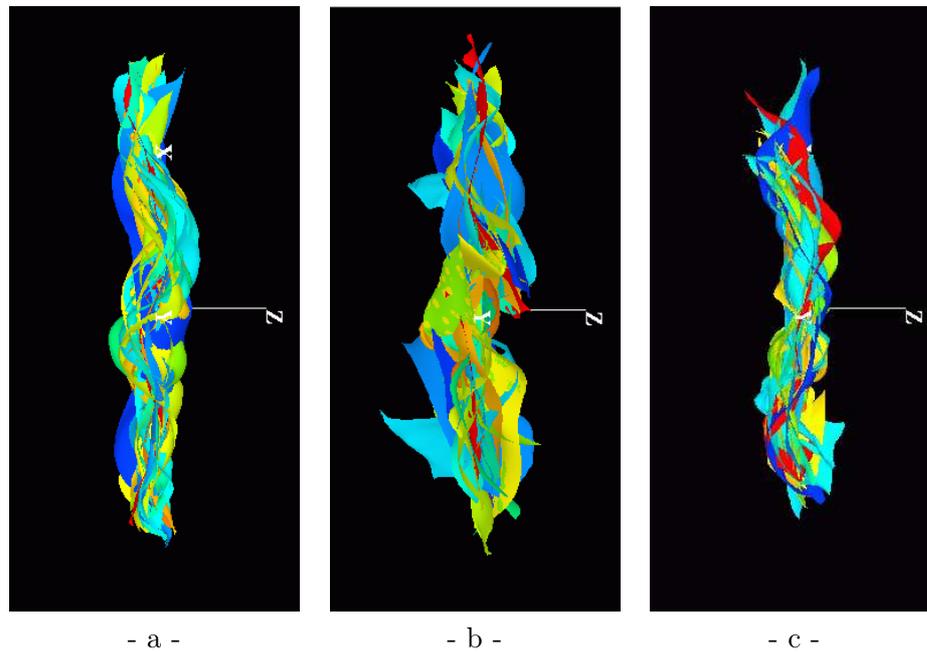


FIG. 2.14 – Les populations d'apprentissage recalées rigidement dans le repère local. (a) base du sillon central gauche ; (b) base du sillon précentral gauche ; (c) base du sillon postcentral gauche. Sommairement, l'axe x suit la direction pied-tête, l'axe y est orienté vers l'extérieur du cerveau et l'axe z suit la direction antero-postérieure.

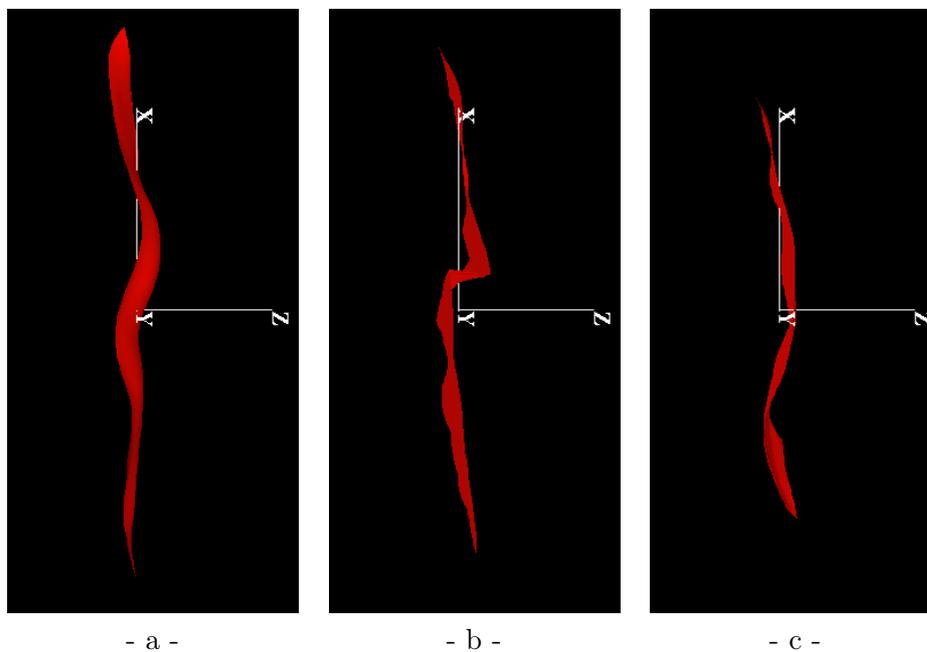


FIG. 2.15 – Le sillon moyen de chaque forme étudiée. (a) le sillon central gauche moyen ; (b) le sillon précentral gauche moyen ; (c) le sillon postcentral gauche moyen.

2.7.4 Étude de la compacité

La compacité est l'aptitude du modèle à représenter la forme de façon synthétique sans perte notable d'information, c'est-à-dire ici à représenter correctement la forme par un nombre restreint de modes. Rappelons que lorsque le nombre n d'exemplaires disponibles est inférieur au nombre de variables, le nombre de modes significatifs ne peut excéder $n - 1$.

Le pourcentage d'inertie totale expliquée, τ_p , fournit une mesure globale de la qualité numérique de la reconstitution selon le nombre de modes retenus, i.e. de la qualité de la représentation dans l'espace défini par les composantes principales retenues. Il est donc une mesure de compacité en ce sens.

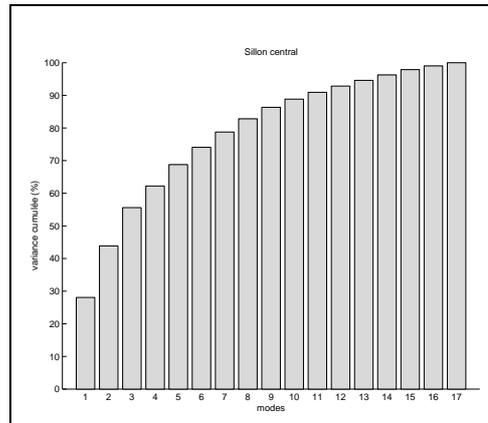
Pour chacune des trois formes étudiées, la figure 2.16 donne le pourcentage de variance cumulée en fonction du nombre de modes retenus. Elle montre la prédominance des premiers modes. Globalement, le premier mode explique à lui seul environ 30% de la variance totale (28% pour le sillon central, 27% pour le sillon précentral et 37% pour le sillon postcentral). Les cinq premiers modes portent environ 70% de la variance totale (69% pour le sillon central, 75% et 74% pour les sillons pré- et postcentraux) et environ 90% de la variance totale s'exprime sur la première petite dizaine de premiers modes (11, 8 et 9 pour les sillons central, précentral et postcentral respectivement).

La base d'approximation modale obtenue permet donc une représentation compacte des sillons des populations d'apprentissage considérées. Cependant, il est évident que les résultats précités sont fortement dépendants des caractéristiques des populations d'apprentissage analysées, et notamment de leur cardinal. Afin d'étudier plus avant la corrélation entre la compacité de la représentation et le cardinal de \mathcal{P} , nous procédons à un test de « convergence ». Ce test vise à déterminer si la dimension de la base modale réalisant un taux d'inertie donné se stabilise lorsque le nombre d'exemplaires de \mathcal{P} augmente.

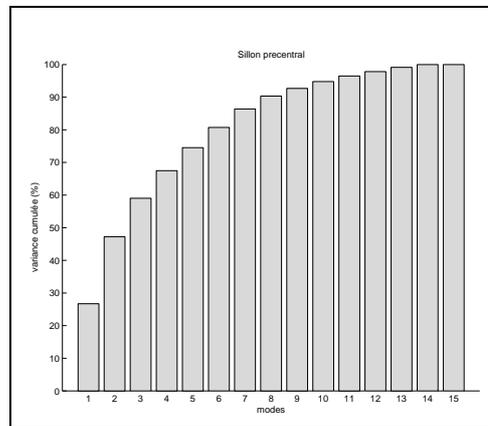
Considérons une population d'apprentissage \mathcal{P} de cardinal n et une population d'apprentissage \mathcal{P}' de cardinal n' partie de \mathcal{P} : $\mathcal{P}' \subset \mathcal{P}$ et $n' \leq n$. \mathcal{P}' est construite par un tirage aléatoire sans remise de n' instances parmi les n éléments de \mathcal{P} . Elle est alors analysée statistiquement par ACP et la variance relative à chaque mode est déterminée. Pour un n' donné, ce processus est itéré N fois afin de moyenner les mesures obtenues à chaque tirage. L'expérience complète est ensuite reconduite pour un intervalle de valeurs de n' , par exemple de $n/2$ à n . Finalement, on obtient la dimension de la base modale réalisant en moyenne un taux d'inertie donné en fonction du cardinal de la population d'apprentissage.

Pour mener ce test, nous avons utilisé une base de données annexe constituée de 68 sillons centraux gauches. Nous avons choisi de ne pas utiliser cette base dans le reste des expérimentations car elle n'existe que pour le sillon central d'une part et que d'autre part il s'agit de sillons recalés dans le référentiel de Talairach. Or, comme nous l'avons précisé plus haut, nous avons pris le parti de travailler sur des données brutes non normalisées.

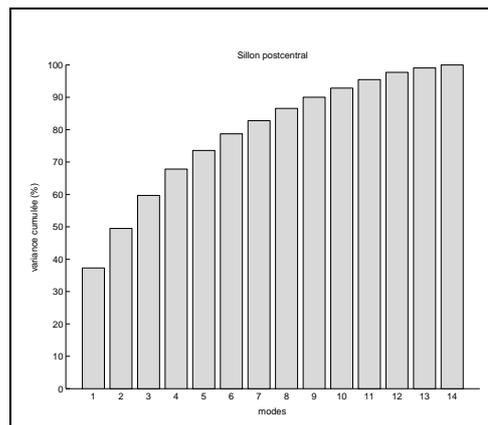
La dimension de la base modale nécessaire à la prise en compte de 70%, 90% et 95% de la variance totale, en fonction du cardinal de la population d'apprentissage est tracée sur la figure 2.17. Bien que le nombre de modes croisse moins vite que le nombre de formes, aucune convergence ne peut être observée.



- a -



- b -



- c -

FIG. 2.16 – Évolution du pourcentage de variance cumulée, $\tau_p = \frac{\sum_{i=1}^m \lambda_i}{\lambda_T} \times 100$, en fonction du nombre de modes retenus. La population d'apprentissage est constituée : (a) de 18 sillons centraux gauches ; (b) de 16 sillons précentraux gauches ; (c) de 15 sillons postcentraux gauches.

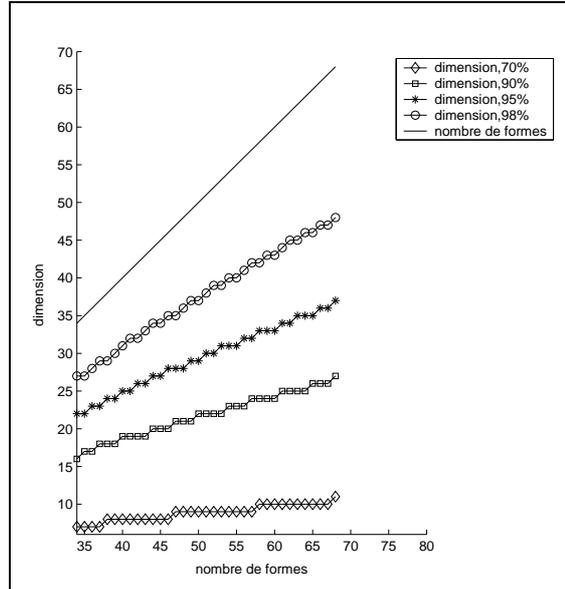


FIG. 2.17 – Dimension de la base modale en fonction du cardinal de la population d'apprentissage, nécessaire à l'expression de 70% de la variance totale, de 90% de la variance totale, de 95% de la variance totale et de 98% de la variance totale. La ligne noire indique le nombre de formes.

Remarque sur le choix de N

Ci-dessus, le tirage sans remise de n' éléments parmi n éléments de \mathcal{P} pour constituer \mathcal{P}' est réalisé N fois. Il y a théoriquement :

$$\mathcal{C}_n^{n'} = \frac{n!}{n!(n-n')!} \quad (2.16)$$

combinaisons possibles différentes pour constituer \mathcal{P}' .

Par conséquent, afin d'obtenir une moyenne fiable, il semble raisonnable de choisir N de l'ordre de grandeur de $\mathcal{C}_n^{n'}$. Cependant, un tel choix entraîne des temps de calcul prohibitifs. À titre d'exemple, $\mathcal{C}_{68}^{50} > 1.10^{16}$! Aussi, un pré-test sur une base restreinte de 18 éléments a été réalisé afin de déterminer une valeur de N acceptable. L'expérience a été menée pour $n' = 12$ et $N \in \{10, 20, 30, 40, 50, 100, 500, 800, 1000, 5000, 10000, 15000, 18564\}$ sachant que $\mathcal{C}_{18}^{12} = 18564$. Une stabilité de l'inertie expliquée par chaque mode à une précision de 0.5 apparaît dès $N = 10^5$; une stabilité de l'inertie expliquée par chaque mode à une précision de 0.2 apparaît à partir de 100 itérations⁶. En pratique, nous avons réalisé 5000 tirages à moyenner (pour les cas où $\mathcal{C}_n^{n'} > 5000$ avec $n = 68$) sachant qu'ici une très grande précision est inutile, l'allure « asymptotique » de la courbe étant plus importante.

5. Par exemple, le premier mode explique 31.5 ± 0.5 % de la variance totale quel que soit $N \geq 10$.

6. Par exemple, le premier mode explique 31.75 ± 0.2 % de la variance totale quel que soit $N \geq 100$.

2.7.5 Étude de la capacité de généralisation

La capacité de généralisation d'un modèle est son aptitude à représenter des formes non apprises mais appartenant à la classe étudiée.

Pour étudier le comportement du modèle proposé à cet égard, nous réalisons un test de « leave-one-out ». Ce test consiste à exclure tour à tour chaque instance de la population et à la reconstituer sur la base modale issue de la population initiale privée de cette instance. Après quoi, nous mesurons la capacité de généralisation au moyen de l'erreur de reconstitution.

Soit \mathbf{x}_e^p et \mathbf{x}_e^c les vecteurs des points de passage et de contrôle représentant l'exemplaire exclu. Alors, sur la base modale Φ , l'exemplaire exclu est représenté par le vecteur \mathbf{b}_e :

$$\mathbf{b}_e = \Phi^t(\bar{\mathbf{x}} - \mathbf{x}_e^c) \quad (2.17)$$

où Φ et $\bar{\mathbf{x}}$ sont relatifs à $\mathcal{P} \setminus \{\mathbf{x}_e^c\}$. Soit \mathbf{x}_r^c le vecteur des points de contrôle représentant l'exemplaire exclu reconstruit sur la base modale tronquée à ses m premiers modes, $\Phi_{\mathbf{m}}$:

$$\mathbf{x}_r^c = \bar{\mathbf{x}} + \Phi_{\mathbf{m}} \mathbf{b}_{\mathbf{m},e} \quad (2.18)$$

où $\mathbf{b}_{\mathbf{m},e}$ est le vecteur \mathbf{b}_e tronqué à ses m premières coordonnées, i.e. la représentation de l'exemplaire exclu sur la base d'approximation modale issue de la population d'apprentissage $\mathcal{P} \setminus \{\mathbf{x}_e^c\}$.

Soit \mathbf{x}_r^p le vecteur des points de passage correspondant à \mathbf{x}_r^c . Pour une instance exclue donnée i , l'erreur de reconstitution ϵ_i est mesurée par :

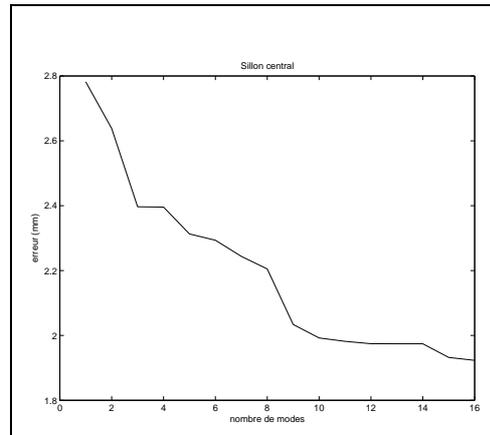
$$\epsilon_i = \frac{1}{nbp} \|\mathbf{x}_r^p - \mathbf{x}_e^p\| \quad (2.19)$$

où $\|\cdot\|$ désigne la norme euclidienne calculée point de passage à point de passage (et non pas coordonnée à coordonnée) et où nbp est le nombre de points de passage. L'erreur de reconstitution totale ϵ_T est obtenue en moyennant les ϵ_i calculées en excluant tour à tour chacune des n instances de la base \mathcal{P} :

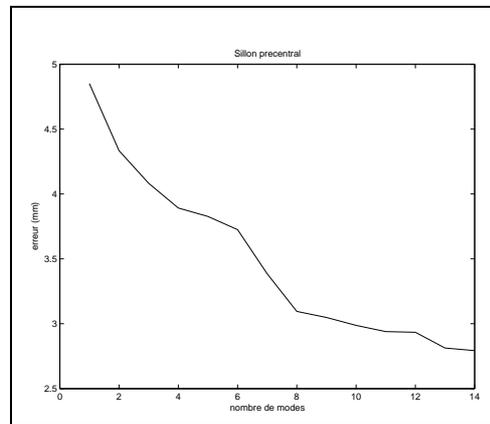
$$\epsilon_T = \frac{\sum_{i=1}^n \epsilon_i}{n}. \quad (2.20)$$

L'erreur ϵ_T étant dépendante du nombre de modes retenus, m , elle est calculée pour chaque $m \in \{1, \dots, \leq n-1\}$. La figure 2.18 présente l'évolution de ϵ_T en fonction de la dimension de la base d'approximation modale pour chacune des trois populations d'apprentissage considérées (base des 18 sillons centraux gauches, base des 16 sillons précentraux gauches et base des 15 sillons postcentraux gauches).

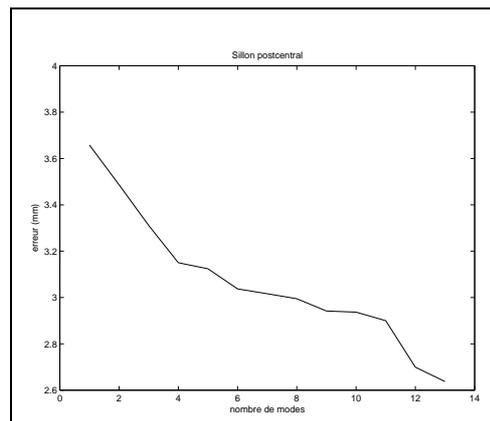
Les erreurs obtenues apparaissent relativement importantes, notamment par rapport à la résolution de l'image qui est de l'ordre du millimètre. Cependant, l'allure générale des courbes, inversement proportionnelles au nombre de modes de variation, montre que l'ajout de chacun des modes diminue l'erreur. Par conséquent, les modes obtenus sont significatifs pour l'instance exclue. Toutefois, nous notons un aplatissement au niveau du mode 4 sur la courbe correspondant au sillon central (cf. figure 2.18.a) ; ceci traduit un très faible apport de ce mode pour la reconstitution du sillon central gauche.



- a -



- b -



- c -

FIG. 2.18 – Test de « leave-one-out » : erreur de reconstruction (en mm) en fonction de la dimension de la base d'approximation modale. La population d'apprentissage \mathcal{P} est constituée : (a) de 18 sillons centraux gauches ; (b) de 16 sillons précentraux gauches ; (c) de 15 sillons postcentraux gauches.

2.7.6 Étude de la spécificité

La spécificité d'un modèle se caractérise par le fait que le modèle représente exclusivement des instances de la classe d'intérêt. Cette qualité est évaluée en observant si les formes synthétisées à partir de la variabilité apprise (cf. relation (2.12)) sont réalistes et conformes à la classe étudiée. Ceci est objectivement difficilement mesurable et quantifiable. Aussi nous contenterons-nous d'un examen visuel des formes générées.

Au préalable, soulignons que lorsque la distribution de \mathcal{P} est gaussienne et suffisamment pleine, les instances générées sont théoriquement en conformité avec les instances apprises. Dans le cas contraire, la spécificité du modèle n'est plus théoriquement garantie. Une forte non-gaussianité de \mathcal{P} accroît donc le risque de synthétiser des formes « illicites ». Dans le cas gaussien, les amplitudes modales de déformation b_i sont indépendantes puisque décorréliées dans le cas général. Si une forte dépendance est observable entre ces variables, alors il est certain que l'hypothèse gaussienne n'est pas valide. La figure 2.19 présente la projection de la population d'apprentissage sur le plan principal, c'est-à-dire la distribution jointe des amplitudes modales de déformation relatives aux deux premiers modes, soit b_1 et b_2 , pour chacune des bases étudiées. Concernant les sillons central et précentral, le manque de structure nette du nuage projeté suggère que les amplitudes modales de déformation considérées puissent être considérées comme indépendantes. Bien que ce test ne soit pas très formel et ne garantisse pas l'indépendance des b_i , il a un côté « rassurant » et n'infirme pas radicalement l'hypothèse gaussienne. En ce qui concerne le sillon postcentral, le nuage projeté ne présente pas de structure très caractéristique, mais néanmoins certaines relations privilégiées semblent apparaître entre quelques sillons. Il se peut qu'elles correspondent à des relations non linéaires entre les instances de la population d'apprentissage. Le modèle bâti ne peut les capturer et les instances générées sont moins probables, voire « illicites ».

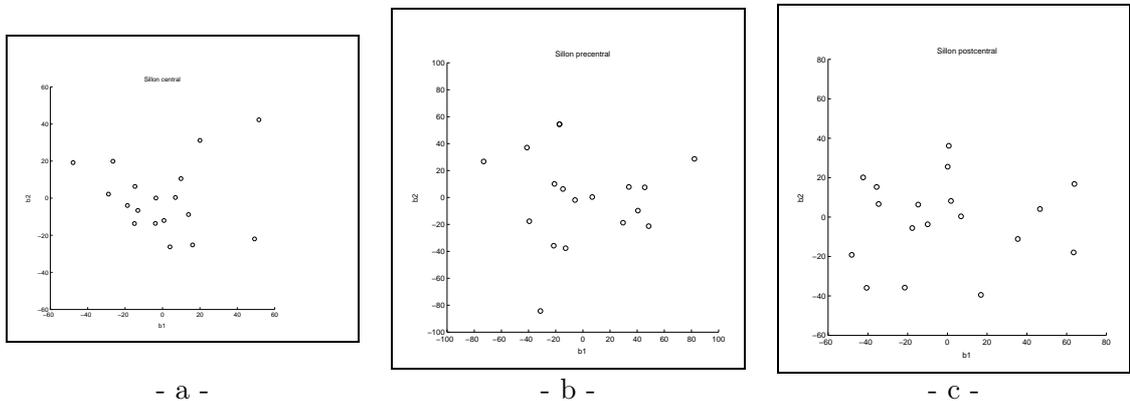


FIG. 2.19 – Distributions jointes de b_1 et b_2 , les amplitudes modales de déformation relatives aux deux premiers modes. La base d'apprentissage \mathcal{P} est constituée : (a) de 18 sillons centraux gauches ; (b) de 16 sillons précentraux gauches ; (c) de 15 sillons postcentraux gauches.

Les formes synthétisées pour chacune des trois classes étudiées sont présentées sur les figures 2.20, 2.21, 2.22 et 2.23. Nous pouvons y visualiser les effets des variations selon le premier mode, selon le second mode et selon un mode « mineur » (le quinzième mode pour

le sillon central et le douzième mode pour les sillons précentral et postcentral). Pour chacune des classes considérées, le premier mode porte manifestement une information de type « taille ». En ce qui concerne le sillon central et selon le premier mode, on peut observer un effet de contraction le long de l'axe x ainsi qu'une déformation en « S ». Celle-ci apparaît de façon plus nette encore sur le deuxième mode. Alors que l'on observe également un effet de contraction le long de l'axe x par variation selon le premier mode pour le sillon précentral, les variations selon le second mode entraînent plutôt un effet de « balancement » autour de l'axe x . De même, mais de façon encore plus marquée, les formes de sillon postcentral synthétisées selon le premier mode présentent de fortes variations en taille. Sur les premier et deuxième modes, il apparaît une extrémité de sillon assez large et allant même jusqu'à se recourber. Cette caractéristique semble un peu suspecte. Elle peut résulter d'un réel manque de spécificité du modèle, mais aussi témoigner de caractéristiques « anormales » présentes dans la population d'apprentissage, par exemple d'erreur de segmentation. Même si ces dernières ne sont pas systématiques, elles peuvent influencer sur les premiers modes du fait du faible cardinal de la population apprise. En ce qui concerne les modes 15 pour le sillon central et 12 pour les sillons pré- et post-centraux, les sillons générés sont quasiment superposés au sillon moyen, ce qui met en évidence une influence minimale de ces modes.

À l'exception de la réserve émise sur le cas du sillon postcentral, les formes synthétisées paraissent plausibles et traduisent alors une spécificité acceptable du modèle. Elles font notamment ressortir certaines caractéristiques intéressantes, comme la déformation en « S » du sillon central.

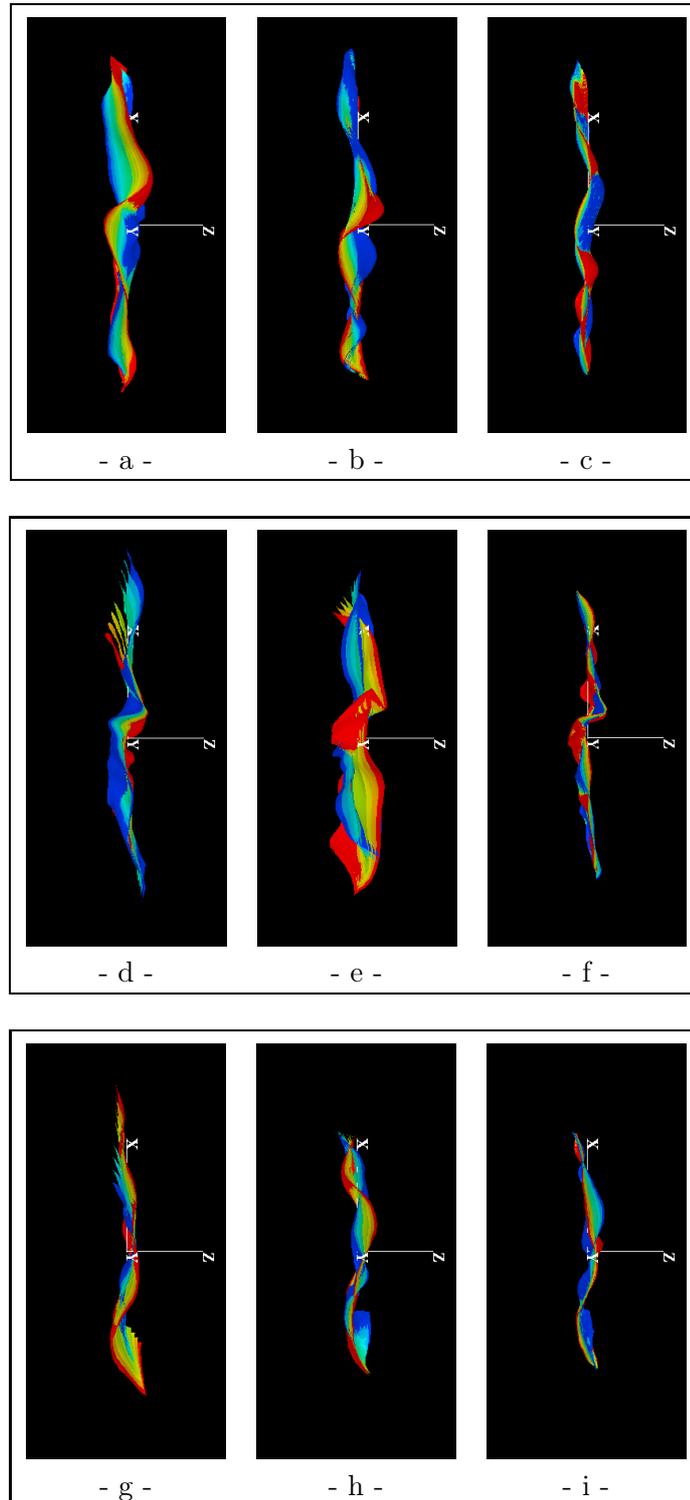


FIG. 2.20 – Synthèse de formes et spécificité : effets des variations des amplitudes modales de déformation sur la forme du sillon central (a-c), du sillon précentral (d-f) et du sillon postcentral (g-i). Génération de formes autour du sillon moyen selon le premier mode (a), (d) et (g) ; selon le deuxième mode (b), (e) et (h) ; selon le quinzième (c) et douzième mode (f), (i). Les formes synthétisées sont superposées et une couleur est attribuée à chaque forme.

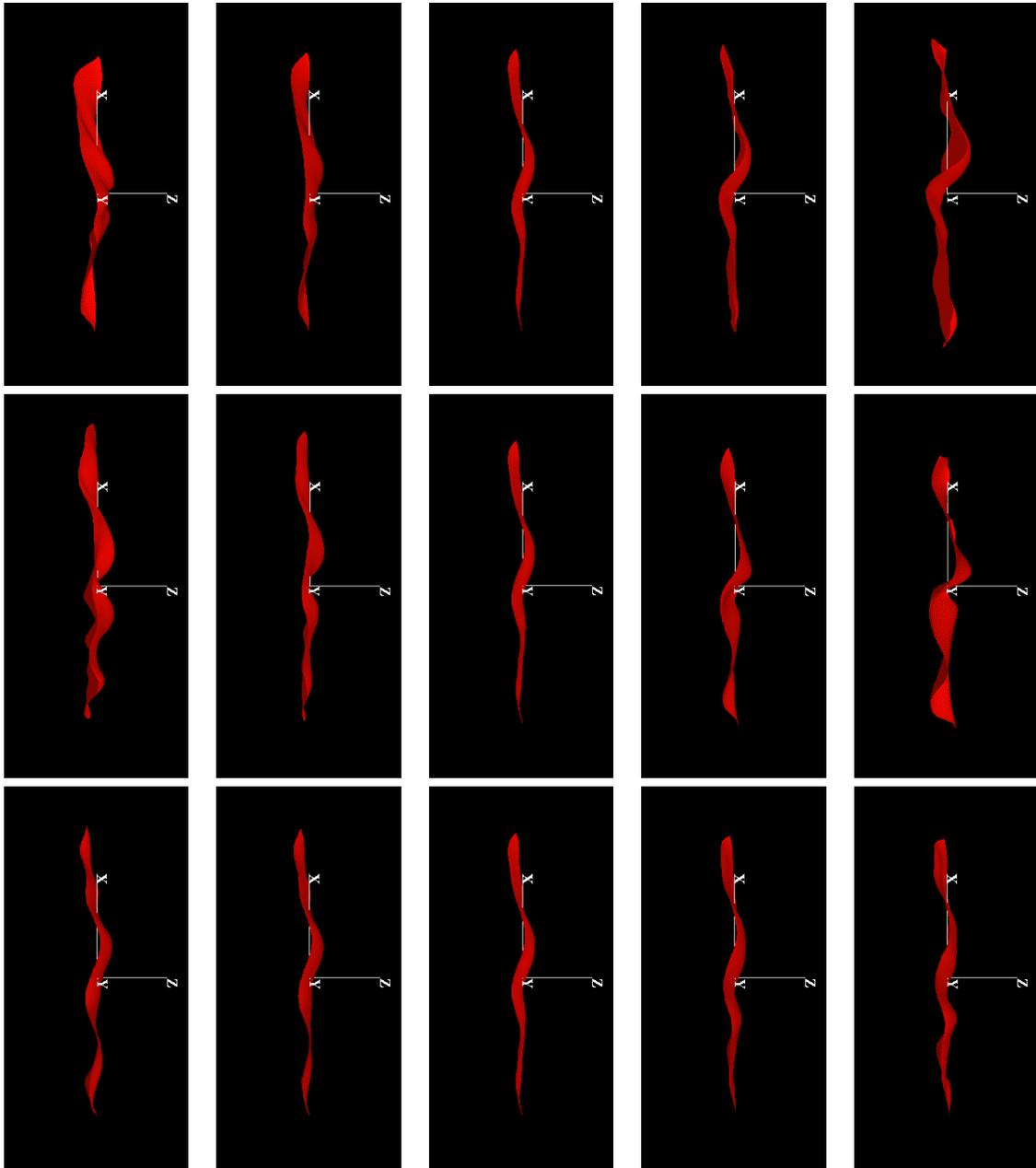


FIG. 2.21 – *Synthèse de formes et spécificité : effets des variations des amplitudes modales de déformation sur la forme du **sillon central**. En haut, génération de formes autour du sillon moyen selon le premier mode : $-3\sqrt{\lambda_1} \leq b_1 \leq +3\sqrt{\lambda_1}$; au milieu, selon le deuxième mode : $-3\sqrt{\lambda_2} \leq b_2 \leq +3\sqrt{\lambda_2}$; en bas, selon le quinzième mode : $-3\sqrt{\lambda_{15}} \leq b_{15} \leq +3\sqrt{\lambda_{15}}$. La colonne centrale présente la forme moyenne.*

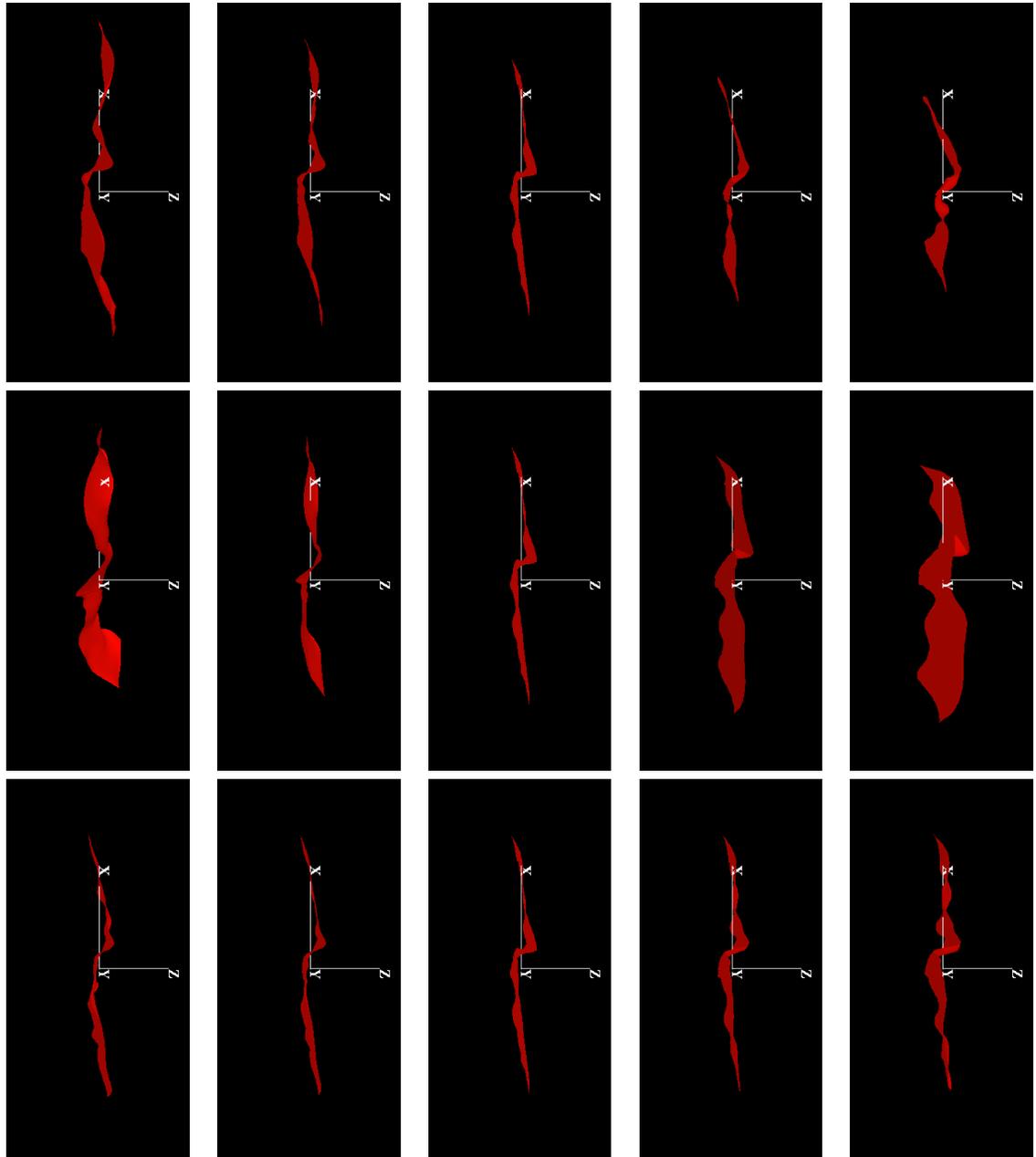


FIG. 2.22 – *Synthèse de formes et spécificité : effets des variations des amplitudes modales de déformation sur la forme du **sillon précentral**. En haut, génération de formes autour du sillon moyen selon le premier mode : $-2\sqrt{\lambda_1} \leq b_1 \leq +2\sqrt{\lambda_1}$; au milieu, selon le deuxième mode : $-2\sqrt{\lambda_2} \leq b_2 \leq +2\sqrt{\lambda_2}$; en bas, selon le douzième mode : $-2\sqrt{\lambda_{12}} \leq b_{12} \leq +2\sqrt{\lambda_{12}}$. La colonne centrale présente la forme moyenne.*

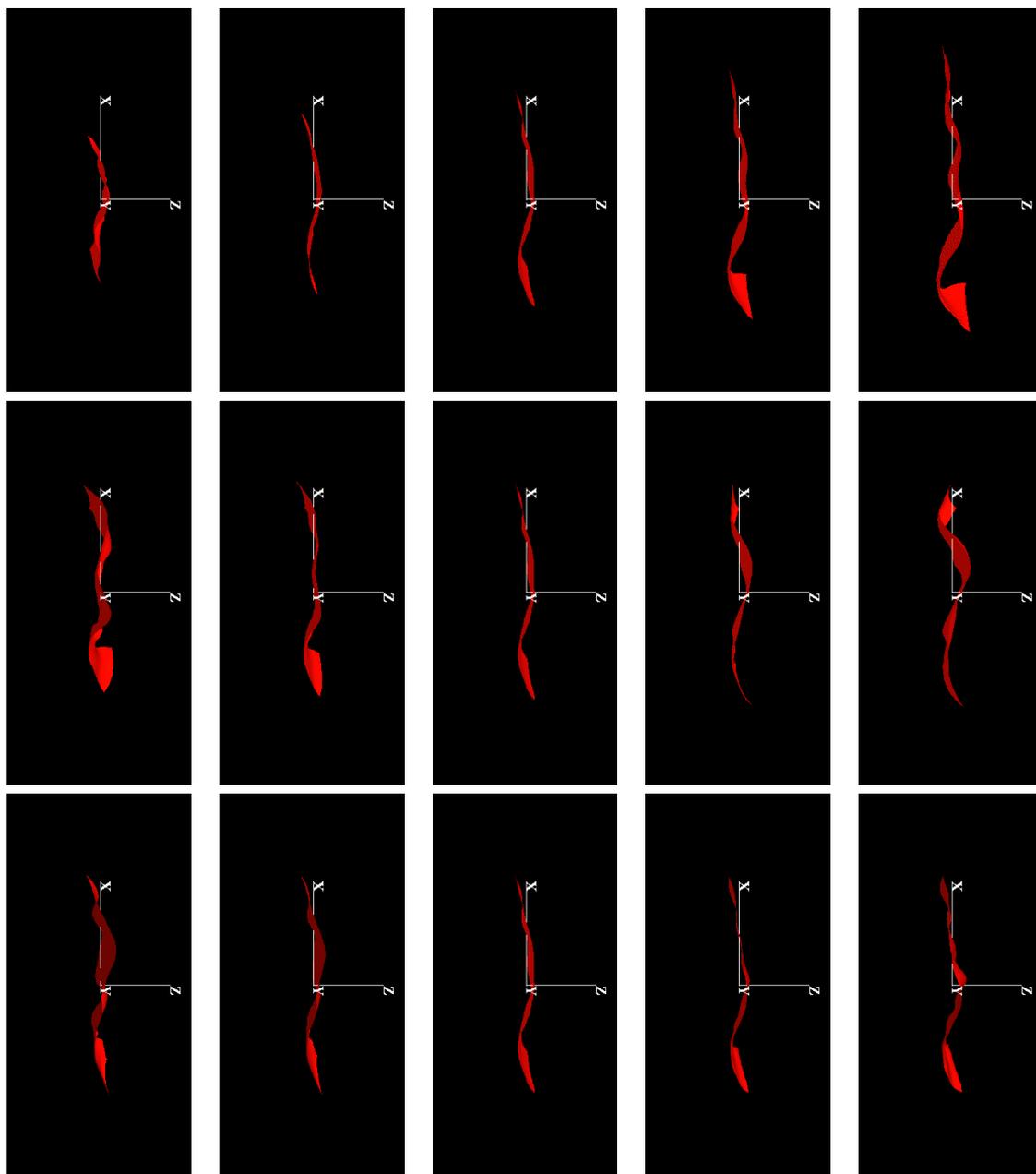


FIG. 2.23 – *Synthèse de formes et spécificité : effets des variations des amplitudes modales de déformation sur la forme du **sillon postcentral**. En haut, génération de formes autour du sillon moyen selon le premier mode : $-2\sqrt{\lambda_1} \leq b_1 \leq +2\sqrt{\lambda_1}$; au milieu, selon le deuxième mode : $-2\sqrt{\lambda_2} \leq b_2 \leq +2\sqrt{\lambda_2}$; en bas, selon le douzième mode : $-2\sqrt{\lambda_{12}} \leq b_{12} \leq +2\sqrt{\lambda_{12}}$. La colonne centrale présente la forme moyenne.*

2.8 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté une méthode de modélisation statistique de la forme des sillons corticaux. Celle-ci repose sur un apprentissage de la variabilité morphologique inter-individuelle. Nous avons opté pour une représentation paramétrique des formes permettant de bien prendre en compte la topographie profonde du cortex cérébral. Nous avons ensuite défini un repère intrinsèque à la forme sillon, nous plaçant ainsi dans un cadre d'étude local, propre à la forme d'intérêt, et cohérent pour l'analyse statistique.

Les expérimentations ont été menées sur une base de 18 sujets. Nous nous sommes attachés à sélectionner les instances participant à l'apprentissage selon un critère objectif. Le choix du seuil demeure en revanche tout à fait empirique et la décision conditionnelle à un examen visuel. Les résultats obtenus montrent un comportement satisfaisant du modèle en termes de compacité et de capacité de généralisation. Il semble également se comporter assez correctement en termes de spécificité, les formes générées paraissant plausibles (avec une réserve tout de même pour le cas du sillon postcentral).

Cependant, compte tenu de l'importante dimensionalité des données et du faible nombre d'échantillons disponibles pour les expérimentations, les qualités du modèle ne peuvent être définitivement entérinées. Une validation du modèle, mettant en jeu des bases de données expérimentales beaucoup plus larges, est nécessaire.

Malgré ces limitations, la modélisation statistique proposée ouvre plusieurs applications intéressantes comme nous le verrons dans la seconde partie de ce document.

Chapitre 3

Modélisation statistique des relations géométriques d'un couple de sillons corticaux

3.1 Introduction

Ce chapitre s'inscrit dans la continuité du chapitre précédent et poursuit l'analyse de la variabilité anatomique sulcale inter-individuelle. Nous nous intéressons ici à la modélisation statistique, pour un hémisphère, d'un ensemble de sillons principaux et en particulier des relations entre sillons au sein de cet ensemble. Nous considérons des relations de nature géométrique : il s'agit d'appréhender, par le biais d'un modèle probabiliste, la façon dont ces sillons principaux sont positionnés et orientés les uns par rapport aux autres. Notons que dans ce contexte l'aspect forme n'est pas traité. En effet, nous considérons différents types de variabilité et décomposons la variabilité anatomique sulcale inter-individuelle en d'un côté les aspects de forme, et de l'autre les aspects de position et d'orientation.

L'aspect forme a été modélisé par le modèle statistique présenté au chapitre 2 qui traite de la forme d'un sillon particulier sans prendre en compte les possibles influences des autres sillons. Nous proposons maintenant d'aborder ces interactions, mais seulement d'un point de vue « position, orientation ». Cela suppose que nous émettions l'hypothèse que les aspects forme/position et orientation sont décorrélés et donc analysables séparément, et aussi que les interactions entre sillons se jouent au niveau de la position et de l'orientation, et non de la forme. Ces hypothèses sont certainement réductrices mais elles permettent d'aborder l'analyse de la variabilité sulcale inter-individuelle de façon hiérarchique.

Nous modélisons donc la variabilité anatomique sulcale inter-individuelle en plusieurs niveaux de décomposition :

1. la variabilité de la forme d'un sillon ;
2. la variabilité des interactions entre sillons en termes d'orientation et de position ;
3. la variabilité de l'ensemble de sillons, également en termes d'orientation et de position.

Le niveau 1 a été étudié au chapitre précédent ; le niveau 2 fait l'objet de ce chapitre. Il consiste à mesurer la variabilité de la position et de l'orientation d'un ensemble de sillons les uns par rapport aux autres, c'est-à-dire la variabilité de leurs positions et orientations *relatives*. Cela implique de définir une référence intrinsèque à cet ensemble de sillons, afin

de l'affranchir d'une dépendance par rapport au cerveau. Le niveau 3 consiste à mesurer la variabilité de la position et de l'orientation d'un ensemble de sillons au sein du cerveau. Cela implique de déterminer une référence extrinsèque permettant d'ancrer l'ensemble dans le cerveau.

Pour modéliser un ensemble d'objets ainsi que les relations entre ces objets, une structure de graphe apparaît naturellement être appropriée. Usuellement, les nœuds représentent les objets et les arcs indiquent une interaction directe et privilégiée entre deux nœuds adjacents et décrivent leur relation. Dans la section suivante, nous citons quelques travaux proposant des graphes modélisant un ensemble de sillons, la plupart d'entre eux étant dédiés à l'étiquetage automatique des sillons corticaux. Si nous pouvons également envisager une telle application, notre travail s'inscrit avant tout dans le contexte de la constitution d'atlas probabilistes et vise en premier lieu à l'observation et à la caractérisation de la variabilité sulcale inter-individuelle, précisément ici en termes de position et d'orientation relatives. Dans la section 3.3, nous présentons le graphe de relations inter-sillons que nous proposons. Celui-ci n'est pas entièrement traité dans ce travail, qui est restreint à l'analyse d'un couple. Nous exposons l'approche proposée pour la modélisation statistique des relations géométriques entre deux sillons, en termes de position et d'orientation relatives. Cette modélisation est basée sur un apprentissage de la variabilité. Nous définissons tout d'abord une représentation appropriée des données au travers d'un vecteur d'observation afin de constituer la population d'apprentissage que nous notons \mathcal{P} . Nous analysons ensuite ces observations au moyen d'une analyse statistique multidimensionnelle et présentons les résultats obtenus. Avant de clore ce chapitre, nous disons quelques mots sur l'extension de la méthode à l'analyse complète du graphe et illustrons la modélisation de niveau 3 évoquée ci-dessus. Enfin, en guise de perspective, nous abordons l'aspect étiquetage automatique des sillons qui peut être vu comme une application de la modélisation statistique proposée.

3.2 Éléments d'état de l'art

Certains travaux sur la modélisation d'ensembles de sillons, voire des relations entre sillons, ont déjà été proposés. Nous en donnons un bref aperçu dans cette section.

Comme nous l'avons exposé au chapitre précédent, Caunce *et al.* [Caunce 99], [Caunce 01] construisent un modèle statistique d'un ensemble de sillons corticaux, basé sur une représentation par leurs traces externes. Cependant, dans ces travaux, la variabilité inter-individuelle des relations au sein de l'ensemble des sillons considéré n'est pas explicitement étudiée. Dans [Lohmann 00], Lohmann *et al.* proposent une modélisation statistique des positions d'un ensemble de sillons corticaux. La position d'un sillon est définie par les centres de gravité des bassins sulcaux le représentant. Après alignement de la base d'apprentissage dans l'espace stéréotaxique et normalisation par la taille, un modèle de type « Point Distribution Model » [Cootes 95b] des positions est dérivé. C'est donc la variabilité en position d'un ensemble de sillons qui est étudiée, et les relations entre sillons ne sont pas explicitement modélisées.

Une façon d'intégrer ces interactions et ainsi de modéliser la variabilité corticale de façon plus complète est de modéliser le cortex par un graphe dans lequel les nœuds représentent les sillons et les arcs les interactions entre ces sillons [Lohmann 98], [LeGoualher 98], [LeGoualher 99], [Mangin 95a], [Mangin 95b], [Rivière 00], [Royackkers 99].

Lohmann *et al.*, s'appuyant toujours sur une représentation des sillons corticaux par bassins sulcaux, proposent une structure de graphe pour modéliser également les relations spatiales entre sillons dans [Lohmann 98]. Ayant préalablement recalé les données dans un repère basé sur les commissures antérieure et postérieure (CA et CP), les auteurs définissent les nœuds du graphe comme les positions des bassins sulcaux, positions représentées par les centroïdes de ces mêmes bassins, et les arcs comme les relations entre sillons. Trois relations sont proposées. Les deux premières sont « antérieur/postérieur » et « supérieur/inférieur » et définissent ainsi qualitativement les positions relatives des sillons considérés. La troisième est un paramètre de connectivité entre bassins sulcaux. Le graphe obtenu est alors exploité dans une procédure de « graph matching » [Ballard 82] pour réaliser l'étiquetage automatique des sillons.

Royackkers *et al.* présentent une étude de la variabilité corticale au travers d'un graphe dans [Royackkers 99] avec également pour objectif, à terme, de réaliser la reconnaissance automatique des sillons. Le graphe de la topographie corticale qu'ils proposent est un graphe complet, i.e. un graphe dans lequel tous les nœuds sont reliés deux à deux. Ces derniers représentent les sillons corticaux, modélisés ici par leur trace externe. Des attributs supplémentaires leur sont associés : chaque sillon est caractérisé par des paramètres de profondeur, par des paramètres de position qui sont les points extrêmes de la courbe représentant le sillon, son centre de gravité et son point médian, et par des paramètres de continuité, de longueur et d'orientation. Les relations entre sillons considérés sont modélisées par les arcs. Elles décrivent la position et l'orientation relatives de deux sillons ainsi que leur connectivité. La position relative est définie par la distance et le vecteur entre deux points homologues parmi ceux caractérisant la position, tandis que l'orientation relative de deux sillons est définie comme le produit scalaire des deux vecteurs principaux normalisés des sillons considérés. Remarquons que cette définition ne définit pas complètement une orientation relative mais indique plutôt un « degré de parallélisme » entre les deux sillons considérés. Le troisième paramètre caractérisant les relations entre deux sillons est la connectivité. Elle est définie par la donnée du « plus fort » point de contact entre deux courbes. Les auteurs construisent alors un modèle statistique de ce graphe. Une population d'apprentissage est constituée. La mise en correspondance est réalisée en recalant les sujets de la base d'apprentissage vers un sujet cible par une transformation non linéaire et après normalisation dans le référentiel de Talairach¹. Des statistiques d'ordre 1 et 2 sont alors calculées sur différentes caractéristiques du graphe, telle que la longueur d'un sillon par exemple.

Une description très fine du réseau cortical au moyen d'un graphe est proposée dans [Mangin 95a], [Mangin 95c], [Rivière 00]. Les sillons étant représentés dans ces travaux par un ensemble de surfaces élémentaires, chaque nœud du graphe correspond à une telle surface. Les attributs associés à un nœud sont nombreux : liste des voxels composant la surface élémentaire, liste des voxels de fonds, liste des voxels de branches, boîte englobante, profondeurs minimale et maximale, taille, etc. Les arcs décrivent les relations entre nœuds adjacents. Les auteurs distinguent différents types de relations : jonction topologique, pli de passage, externe, corticale, corticale pure. Les attributs associés aux arcs varient en fonction du type de relation considérée. Notons que dans ces travaux, tous les attributs sont décrits dans le repère de Talairach. Ce graphe est dédié à l'étiquetage automatique

1. Ces travaux étant dédiés à l'étiquetage automatique des sillons corticaux, le sujet cible a été choisi comme étant le sujet à étiqueter.

des sillons corticaux [Rivière 00].

Les travaux présentés ci-dessus varient selon les définitions et représentations choisies pour les sillons et leurs interactions, les attributs adjoints au graphe, aux noeuds et aux arcs. Ces diverses définitions dépendent de l'application envisagée. Le plus souvent, ces travaux sont dédiés à l'étiquetage automatique des sillons, mais ce type de modélisation peut également être exploité pour la caractérisation de la variabilité sulcale inter-individuelle.

Nous présentons maintenant le graphe de relations inter-sillons que nous proposons.

3.3 Présentation du graphe

3.3.1 Le graphe

Pour un hémisphère, nous fixons un graphe des relations inter-sillons *a priori*.

Les sillons que nous considérons sont les six sillons principaux suivants : le sillon central (C), le sillon précentral (PréC), le sillon postcentral (PostC), le sillon latéral (L) aussi appelé fissure sylvienne, le sillon frontal supérieur (FS) et le sillon temporal supérieur (TS). Ils sont extraits des volumes IRM par la méthode du ruban actif décrite en section 2.3.2. Leur forme est donc représentée par une surface de type B-spline cubique correspondant à leur surface médian et leurs étiquettes leur sont attribuées manuellement lors du processus d'extraction. La figure 3.1 présente un exemple de ces six sillons extraits de l'hémisphère gauche d'un sujet.

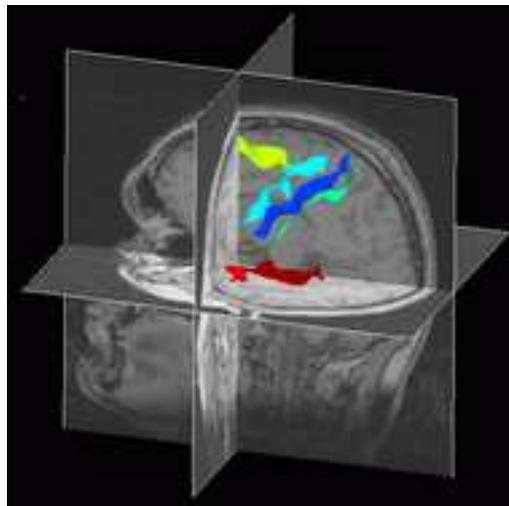


FIG. 3.1 – Exemple extrait de l'hémisphère gauche d'un sujet des six sillons considérés dans le graphe. Le sillon central (C) est représenté en bleu foncé ; le sillon précentral (PréC) est représenté en bleu clair ; le sillon postcentral (PostC) est représenté en vert ; le sillon latéral (L) est représenté en orange ; le sillon frontal supérieur (FS) est représenté en jaune et le sillon temporal supérieur (TS) est représenté en rouge.

À l'instar des approches décrites dans la section précédente, un nœud du graphe représente un sillon. Le graphe que nous proposons n'est pas complet : tous les nœuds ne sont

pas adjacents. Seuls les nœuds correspondant à des « sillons voisins » sont reliés par un arc. Nous considérons comme voisins les sillons central et précentral, les sillons central et postcentral, les sillons précentral et frontal supérieur, le sillon latéral avec les sillons précentral, central, postcentral et temporal supérieur. Cette structure de graphe est résumée sur la figure 3.2.

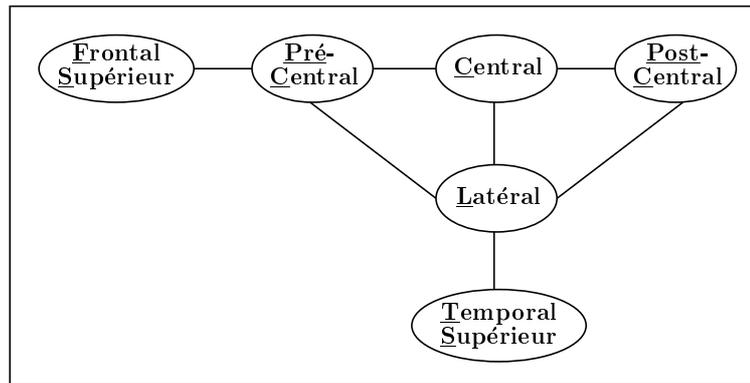


FIG. 3.2 – Graphe de relations entre sillons majeurs pour un hémisphère. Six sillons majeurs sont considérés : le sillon frontal supérieur (FS), le sillon précentral (PréC), le sillon central (C), le sillon postcentral (PostC), le sillon latéral ou fissure sylvienne (L) et le sillon temporal supérieur (TS).

Ces relations « arbitraires » correspondent à une proximité spatiale mais possèdent également une signification anatomique. Un couple de nœuds adjacents peut en effet être interprété comme un gyrus ou un pli de passage. Ainsi, le couple (C,PréC) modélise le gyrus précentral, le couple (C,PostC) le gyrus postcentral et le couple (L,TS) le gyrus temporal supérieur. Les relations entre les nœuds (FS,PréC), (PréC,L), (C,L) et (PostC,L) sont quant à elles assimilées à des plis de passage.

3.3.2 Les nœuds

Un nœud du graphe représente un sillon cortical. Plusieurs attributs lui sont associés. Il s'agit de :

- un ensemble d'attributs primaires indispensables tels que l'hémisphère duquel il a été extrait et son nom par exemple ;
- sa forme, même si elle n'est pas prise en compte dans la modélisation des interactions. Comme nous l'avons déjà mentionné, la forme d'un sillon est représentée par une surface B-spline, initialement exprimée dans le repère de l'IRM. De cet attribut peuvent être calculées différentes caractéristiques relatives notamment aux dimensions du sillon, par exemple la profondeur maximale et minimale, la longueur moyenne, etc. mais également relatives à la position et à l'orientation du sillon comme son centre de gravité et ses axes d'inertie, qui définissent d'ailleurs l'attribut suivant ;
- sa position et son orientation. Ces notions n'étant pas absolues, mais relatives à un repère, les attributs de position et d'orientation sont à définir dans un *repère donné*.

Par exemple, ce repère peut être le repère image, i.e. le repère de l'IRM, ou un repère propre au cerveau comme le référentiel de Talairach. Dans le repère image, la position et l'orientation d'un sillon sont définies par le repère local du sillon, \mathcal{R}_s , présenté en section 2.5.1. L'origine de ce repère local, définie par le centre de gravité du sillon, spécifie la position du sillon dans le repère image. Les trois axes de ce repère, qui sont les axes d'inertie du sillon, définissent l'orientation du sillon dans le repère image.

- les transformations permettant d'effectuer différents recalages comme celle permettant le passage du repère image au repère local.

3.3.3 Les arcs

Le graphe proposé n'étant pas complet, un arc porte en premier lieu une information binaire : il indique une dépendance directe entre deux nœuds. De plus, à un arc est associé un attribut correspondant à la « distance » entre deux nœuds. Une telle distance doit encoder la position et l'orientation relatives des deux sillons correspondant à ces nœuds. Elle est donc à définir en ces termes. Nous reviendrons sur cette définition dans la section suivante.

3.3.4 Conclusion partielle

L'analyse de la variabilité inter-individuelle des relations géométriques entre les sillons, que nous avons introduite comme analyse de niveau 2, consiste donc en l'analyse de la variabilité des arcs du graphe. L'analyse des nœuds du graphe, quant à elle, correspond à l'analyse de niveau 3, c'est-à-dire à l'analyse de la variabilité des positions et orientations d'un ensemble de sillons. Elle ne prend pas explicitement en compte les interactions existant au sein de l'ensemble.

Dans les sections suivantes, nous développons la modélisation statistique d'un couple de sillons voisins. Il s'agit d'analyser l'arc reliant ces deux sillons et décrivant leur relation géométrique. Nous insistons d'abord sur les aspects de repérage intrinsèque versus extrinsèque. Puis, nous proposons la définition d'une distance en position et en orientation entre deux sillons afin de définir un vecteur d'observation et de réaliser ainsi l'apprentissage. Nous présentons ensuite l'analyse statistique utilisée et enfin les résultats obtenus.

3.4 Analyse d'un couple

Un couple est un sous-graphe du graphe présenté ci-dessus, composé de deux nœuds adjacents \mathbf{n}_A et \mathbf{n}_B correspondant aux sillons voisins A et B . L'analyse d'un couple vise à modéliser la variabilité inter-individuelle de la position et de l'orientation relatives de deux sillons voisins, c'est-à-dire de la distance en position et en orientation entre deux sillons voisins. La démarche adoptée est similaire à celle du chapitre précédent : le modèle est construit par apprentissage et finalement dérivé au moyen d'une analyse statistique.

Apprendre la variabilité d'une classe d'objets à partir d'un ensemble d'observations requiert tout d'abord de définir ce qu'est le vecteur d'observation pour cette classe d'objets. Étant donné que la position et l'orientation d'un sillon dans le repère image \mathcal{R} sont représentées par son repère local \mathcal{R}_s , la position et l'orientation d'un couple dans \mathcal{R} sont donc représentées par la paire des repères locaux des sillons A et B , soit $(\mathcal{R}_A, \mathcal{R}_B)$. La relation

à modéliser entre les sillons A et B est alors représentée par « la distance entre les repères \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B ». À l'inverse d'une distance telle que la norme euclidienne entre deux points de l'espace euclidien, cette distance en position et en orientation entre les repères \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B est dépendante du repère dans lequel les objets sont exprimés, qui est initialement le repère image \mathcal{R} dans notre cas. Or ce repère image est différent d'un sujet à l'autre. Par conséquent, la constitution de la population d'apprentissage \mathcal{P} nécessite une mise en correspondance consistant en :

- la définition d'un repère commun à tous les sujets, soit \mathcal{R}_c ;
- la définition d'une distance dans \mathcal{R}_c , entre les repères \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B , qui soit invariante à la translation et à la rotation de $(\mathcal{R}_A, \mathcal{R}_B)$.

Le choix d'un repère \mathcal{R}_c extrinsèque au couple ne convient pas. En effet, soit \mathcal{R}_e ce repère commun extrinsèque. Alors l'analyse de $(\mathcal{R}_A, \mathcal{R}_B)$ dans \mathcal{R}_e ne permet pas de modéliser la variabilité en termes de positions et d'orientation relatives, puisqu'elle modélise la position et l'orientation de deux sillons dans \mathcal{R}_e . Ainsi, deux couples ayant une configuration interne identique pourront être interprétés comme différents dans \mathcal{R}_e . En guise d'exemple, la position relative entre des deux sillons, i.e. la distance en position, est typiquement représentée par le vecteur $\overrightarrow{O_a O_b}$ où O_a et O_b désignent respectivement les origines des repères \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B . La figure 3.3 montre deux couples, exprimés chacun dans leur repère image, et positionnés identiquement l'un par rapport à l'autre. Pourtant, après recalage, ils ne se superposent pas forcément dans \mathcal{R}_e : la distance $\overrightarrow{O_a O_b}$ est différente pour les deux couples car elle n'est pas invariante à la translation et à la rotation de $(\mathcal{R}_A, \mathcal{R}_B)$ dans \mathcal{R}_e .

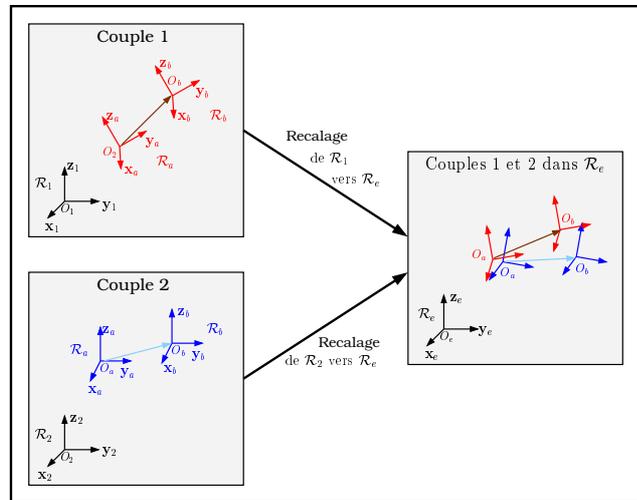


FIG. 3.3 – Les couples 1 et 2 ont une configuration interne identique. Pourtant, la position relative exprimée par le vecteur entre O_a et O_b apparaît différente lorsque le référentiel est extrinsèque au couple.

En conséquence, nous proposons de définir \mathcal{R}_c comme un repère intrinsèque au couple. Le choix d'un tel repère intrinsèque peut se porter sur l'un des repères locaux du couple (A, B), soit \mathcal{R}_A ou \mathcal{R}_B . Cependant, cela implique de privilégier un des deux sillons par rapport à l'autre en le désignant sillon de référence et par suite d'orienter le graphe. Aussi, avons-nous opté pour une construction plus symétrique de ce repère, que nous dénomme-

rons par la suite « repère local médian ».

Nous décrivons maintenant la construction de ce repère ainsi que la définition, du vecteur d'observation représentant la distance en position et en orientation entre les repères locaux \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B ; ce qui nous amènera à la constitution d'une population d'apprentissage \mathcal{P} cohérente pour l'analyse statistique à laquelle nous procéderons dans la section suivante.

3.5 Représentation des données et apprentissage

3.5.1 Repère local médian

Considérons une paire de sillons (A, B) . La construction du repère local médian, intrinsèque au couple (A, B) , est illustrée par la figure 3.4 et décrite ci-dessous.

Soit $\mathcal{R}_A(O_a, \mathbf{x}_a, \mathbf{y}_a, \mathbf{z}_a)$ le repère local du sillon A et $\mathcal{R}_B(O_b, \mathbf{x}_b, \mathbf{y}_b, \mathbf{z}_b)$ le repère local du sillon B , tous deux construits comme exposé en section 2.5.1². Soit $\mathcal{R}_M(O_m, \mathbf{x}_m, \mathbf{y}_m, \mathbf{z}_m)$ le repère local médian, intrinsèque au couple (A, B) .

Alors, l'origine O_m est tout d'abord définie comme le milieu de $[O_a O_b]$. L'axe \mathbf{z}_m est ensuite défini par la moyenne normalisée des vecteurs \mathbf{z}_a et \mathbf{z}_b :

$$\mathbf{z}_m = \frac{\mathbf{z}_a + \mathbf{z}_b}{\|\mathbf{z}_a + \mathbf{z}_b\|} \quad (3.1)$$

où $\|\cdot\|$ désigne la norme euclidienne.

Notons π le plan normal à \mathbf{z}_m et passant par O_m . Alors les vecteurs \mathbf{x}_m et \mathbf{y}_m sont déduits des projections, \mathbf{x}_p et \mathbf{y}_p , de $(\mathbf{x}_a + \mathbf{x}_b)$ et $(\mathbf{y}_a + \mathbf{y}_b)$ sur π . Soit α l'angle entre \mathbf{x}_p et \mathbf{y}_p dans le plan π orienté par \mathbf{z}_m , et soit $\beta = (\pi - \alpha)/2$. Alors :

$$\begin{cases} \mathbf{x}_m = \mathbf{R}_{/\mathbf{z}_m, -\beta}(\mathbf{x}_p) \\ \mathbf{y}_m = \mathbf{R}_{/\mathbf{z}_m, \beta}(\mathbf{y}_p) \end{cases} \quad (3.2)$$

où $\mathbf{R}_{/\mathbf{z}_m, \beta}$ est la matrice de rotation définie par l'axe \mathbf{z}_m et l'angle β . Une telle matrice de rotation est obtenue aisément par la formule de Rodrigues. Ainsi, pour un axe \mathbf{n} , $\mathbf{n} = (n_x, n_y, n_z)^t$, et un angle ω , la matrice de rotation $\mathbf{R}_{/\mathbf{n}, \omega}$ d'axe \mathbf{n} et d'angle ω est donnée par :

$$\mathbf{R}_{/\mathbf{n}, \omega} = \mathbf{I} + \sin(\omega)\Gamma(\mathbf{n}) + (1 - \cos(\omega))\Gamma^2(\mathbf{n}) \quad (3.3)$$

où \mathbf{I} est la matrice identité et $\Gamma(\mathbf{n})$ est « la matrice produit vectoriel » :

$$\Gamma(\mathbf{n}) = \begin{pmatrix} 0 & -n_z & n_y \\ n_z & 0 & -n_x \\ -n_y & n_x & 0 \end{pmatrix}. \quad (3.4)$$

2. Pour mémoire, l'origine du repère local d'un sillon est définie par le centre de gravité de ce sillon et les axes par ses axes d'inertie.

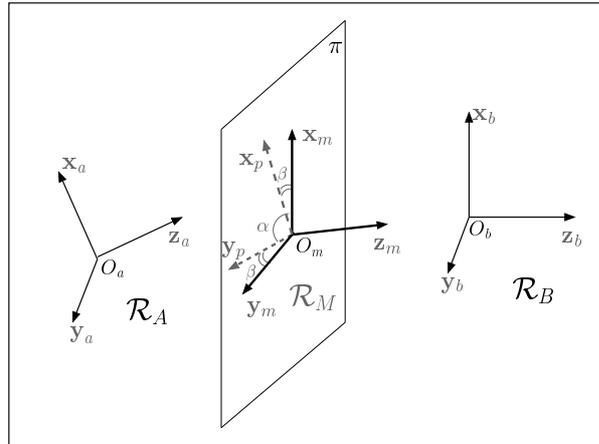


FIG. 3.4 – Construction du repère local médian, \mathcal{R}_M , intrinsèque au couple de sillons (A, B) . Les repères \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B sont les repères locaux des sillons A et B respectivement.

3.5.2 Définition du vecteur d'observation

Le vecteur d'observation représente la distance en position et en orientation entre les repères locaux des sillons A et B . Comment définir cette distance ?

L'expression des repères locaux \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B dans \mathcal{R}_M est une représentation envisageable de la position et de l'orientation relatives des sillons A et B . Cependant, cette représentation directe des repères locaux dans \mathcal{R}_M , consistant en trois vecteurs et une origine, n'est pas adaptée à l'analyse statistique puisque la moyenne de repères orthogonaux ne conserve pas l'orthogonalité. C'est pourquoi, nous proposons de définir la distance en position et en orientation de \mathcal{R}_A à \mathcal{R}_B dans \mathcal{R}_M par les paramètres des transformations amenant \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B sur \mathcal{R}_M . Ces transformations sont des transformations rigides composées de translations et de rotations tridimensionnelles, la translation étant associée à la position et la rotation à l'orientation. En trois dimensions, la rotation, qui est définie par une matrice orthonormale, est usuellement manipulée sous sa forme matricielle. Toutefois, cette forme soulève l'inconvénient majeur, similaire à la représentation envisagée plus haut : la moyenne de matrices de rotation n'est pas en général une rotation. Il en va de même avec la représentation de la rotation par quaternion unitaire, puisque la moyenne de quaternions unitaires ne représente pas en général une rotation. L'usage des outils de géométrie riemannienne [Pennec 98] est une alternative qu'il pourrait être intéressant d'approfondir dans ce contexte. Cependant, nous optons ici pour une définition géométrique simple du vecteur d'observation basée sur le calcul des angles d'Euler. Nous utilisons donc la représentation d'une rotation par axe et angle, et l'employons à la fois pour définir l'orientation et la position relatives des repères \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B . Les paramètres calculés définissent une transformation amenant \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B sur \mathcal{R}_M et permettent donc de complètement positionner et orienter les repères \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B l'un par rapport à l'autre. Nous détaillons maintenant le calcul de ces paramètres, constitutifs du vecteur d'observation.

Soit $\mathcal{B}_f(\mathbf{x}_f, \mathbf{y}_f, \mathbf{z}_f)$ et $\mathcal{B}(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{z})$ deux bases orthonormales. Alors, considérant la base \mathcal{B}_f comme fixe, appliquer la composition de trois rotations définies par les axes de \mathcal{B}_f et des

angles adéquats, ψ , ϕ and θ , transforme \mathcal{B} sur \mathcal{B}_f :

$$\mathcal{B}_f = \mathbf{R}_{/z_f, \theta} \mathbf{R}_{/y_f, \phi} \mathbf{R}_{/x_f, \psi}(\mathcal{B}), \quad (3.5)$$

ce qui est illustré par la figure 3.5.

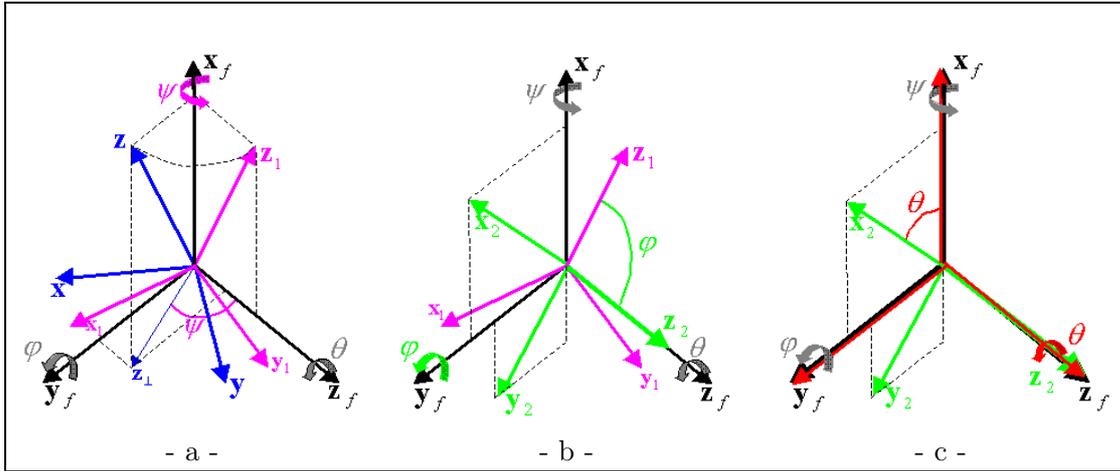


FIG. 3.5 – Transformation de la base orthonormale $\mathcal{B}(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{z})$, en bleu, en la base $\mathcal{B}_f(\mathbf{x}_f, \mathbf{y}_f, \mathbf{z}_f)$, en noir, par la composition de trois rotations autour des axes de \mathcal{B}_f considérés comme fixes. (a) La base $(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{z})$, en bleu, est transformée en $(\mathbf{x}_1, \mathbf{y}_1, \mathbf{z}_1)$, en rose, par la rotation d'axe \mathbf{x}_f et d'angle ψ ; (b) la base $(\mathbf{x}_1, \mathbf{y}_1, \mathbf{z}_1)$, en rose, est transformée en $(\mathbf{x}_2, \mathbf{y}_2, \mathbf{z}_2)$, en vert, par la rotation d'axe \mathbf{x}_f et d'angle ϕ ; (c) la base $(\mathbf{x}_2, \mathbf{y}_2, \mathbf{z}_2)$, en vert, est finalement transformée par la rotation d'axe \mathbf{z}_f et d'angle θ , en rouge, et se superpose à \mathcal{B}_f , en noir.

Les angles ψ , ϕ et θ sont les angles d'Euler et sont définis comme suit par leur sinus et cosinus.

Soit $\mathbf{z}_\perp = (\mathbf{z} \cdot \mathbf{y}_f) \mathbf{y}_f + (\mathbf{z} \cdot \mathbf{z}_f) \mathbf{z}_f$, où « \cdot » dénote le produit scalaire. Nous utiliserons « \wedge » pour dénoter le produit vectoriel dans la suite.

Si $\|\mathbf{z}_\perp\| \neq 0$, alors :

$$\left\{ \begin{array}{l} \cos(\psi) = \frac{\mathbf{z} \cdot \mathbf{z}_f}{\|\mathbf{z}_\perp\|}, \\ \sin(\psi) = \frac{(\mathbf{z}_\perp \wedge \mathbf{z}_f) \cdot \mathbf{x}_f}{\|\mathbf{z}_\perp\|}, \\ \cos(\phi) = \mathbf{z}_1 \cdot \mathbf{z}_f, \\ \sin(\phi) = (\mathbf{z}_1 \wedge \mathbf{z}_f) \cdot \mathbf{y}_f \text{ où } \mathbf{z}_1 = \mathbf{R}_{/x_f, \psi}(\mathbf{z}), \\ \cos(\theta) = \mathbf{x}_2 \cdot \mathbf{x}_f, \\ \sin(\theta) = (\mathbf{x}_2 \wedge \mathbf{x}_f) \cdot \mathbf{z}_f \text{ où } \mathbf{x}_2 = \mathbf{R}_{/y_f, \phi} \mathbf{R}_{/x_f, \psi}(\mathbf{x}). \end{array} \right. \quad (3.6)$$

Sinon, ψ est indéterminé car $\mathbf{z} = \pm \mathbf{x}_f$. On pose alors $\psi = 0$, et ϕ et θ sont définis comme ci-dessus.

Ainsi, calculer les six angles d'Euler $\psi_{\mathcal{R}_A}$, $\phi_{\mathcal{R}_A}$, $\theta_{\mathcal{R}_A}$ et $\psi_{\mathcal{R}_B}$, $\phi_{\mathcal{R}_B}$, $\theta_{\mathcal{R}_B}$ définis tels que :

$$\begin{cases} (\mathbf{x}_m, \mathbf{y}_m, \mathbf{z}_m) = \mathbf{R}_{/z_m, \theta_{\mathcal{R}_A}} \mathbf{R}_{/y_m, \phi_{\mathcal{R}_A}} \mathbf{R}_{/x_m, \psi_{\mathcal{R}_A}} (\mathbf{x}_a, \mathbf{y}_a, \mathbf{z}_a) \\ (\mathbf{x}_m, \mathbf{y}_m, \mathbf{z}_m) = \mathbf{R}_{/z_m, \theta_{\mathcal{R}_B}} \mathbf{R}_{/y_m, \phi_{\mathcal{R}_B}} \mathbf{R}_{/x_m, \psi_{\mathcal{R}_B}} (\mathbf{x}_b, \mathbf{y}_b, \mathbf{z}_b) \end{cases} \quad (3.7)$$

permet de complètement définir l'orientation des sillons A et B dans \mathcal{R}_M .

En ce qui concerne la position, nous utilisons également des angles d'Euler pour la déterminer. Soit ψ_{O_a} , ϕ_{O_a} et θ_{O_a} les angles d'Euler définissant la direction de $\overrightarrow{O_m O_a}$. Ils sont définis tels que :

$$\mathbf{z}_m = \mathbf{R}_{/z_m, \theta_{O_a}} \mathbf{R}_{/y_m, \phi_{O_a}} \mathbf{R}_{/x_m, \psi_{O_a}} \left(\frac{\overrightarrow{O_m O_a}}{\|\overrightarrow{O_m O_a}\|} \right). \quad (3.8)$$

Notons que dans ce cas, $\theta_{O_a} = 0$. Par conséquent, seuls ψ_{O_a} et ϕ_{O_a} sont utilisés pour caractériser la direction du vecteur $\overrightarrow{O_m O_a}$. Soit d la distance entre O_m et l'origine des repères locaux, $d = \|\overrightarrow{O_m O_a}\| = \|\overrightarrow{O_m O_b}\|$. Alors, connaître d , ψ_{O_a} , ϕ_{O_a} permet de complètement définir la position du sillon A dans \mathcal{R}_M . La position du sillon B par rapport à \mathcal{R}_M est calculée de façon analogue et caractérisée par d , ψ_{O_b} et ϕ_{O_b} .

Finalement, le vecteur d'observation encodant l'orientation et la position relatives de deux sillons voisins est :

$$\mathbf{e} = (d, \psi_{O_a}, \phi_{O_a}, \psi_{O_b}, \phi_{O_b}, \psi_{\mathcal{R}_A}, \phi_{\mathcal{R}_A}, \theta_{\mathcal{R}_A}, \psi_{\mathcal{R}_B}, \phi_{\mathcal{R}_B}, \theta_{\mathcal{R}_B}). \quad (3.9)$$

Notons que pour un \mathbf{e} donné, l'origine et les axes de \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B peuvent être complètement recouverts du fait de la réversibilité de la relation (3.5) :

$$\mathcal{B} = \mathbf{R}_{/x_f, -\psi} \mathbf{R}_{/y_f, -\phi} \mathbf{R}_{/z_f, -\theta} (\mathcal{B}_f). \quad (3.10)$$

3.6 L'analyse en composantes principales normée

Pour analyser les variations d'orientation et de position entre deux sillons sur une population et par ce biais modéliser la variabilité inter-individuelle au niveau du couple considéré, nous avons de nouveau choisi d'utiliser une analyse en composantes principales (ACP). En effet, une telle analyse révèle les modes principaux de déformation relativement à l'observation moyenne. Elle permet de représenter les données dans une nouvelle base, également orthogonale mais qui supprime la redondance d'information des données originales au sens où les variables exprimées dans la nouvelle base sont décorréelées.

Étant donné que le vecteur \mathbf{e} caractérisant la position et l'orientation relatives de deux sillons n'est pas homogène au sens où la première composante est une distance alors que les autres sont des angles, nous utilisons une analyse en composantes principales normée, que nous noterons ACP-normée. Cette technique est appropriée lorsque les variables n'ont pas la même unité. En effet, l'ACP-normée consiste à diagonaliser la matrice de covariance des données centrées-réduites, i.e. la matrice de corrélation, plutôt que la matrice de covariance des données originales comme le fait l'ACP classique. Ainsi, la distance entre deux individus ne dépend pas de l'unité des variables et un équilibre entre toutes les variables est établi puisque elles sont toutes de variance unité [Saporta 90].

Nous présentons brièvement cette analyse qui techniquement, se déroule identiquement à l'ACP que nous avons détaillée en section 1.4.1.

3.6.1 Analyse

Soit \mathcal{P} la base d'apprentissage constituée de n observations $\mathbf{e}_{i,i=1\dots n}$, définies par p variables. Dans notre cas, une observation \mathbf{e}_i est définie par (3.9) et $p = 11$.

Soit $\mathbf{E} = (e_{ij})$ la matrice de taille $n \times p$ des observations et $\bar{\mathbf{e}}$ le vecteur d'observation moyen :

$$\bar{\mathbf{e}} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{i=n} \mathbf{e}_i. \quad (3.11)$$

Soit $\mathbf{D}_{1/\sigma}$ la matrice diagonale de taille $p \times p$ des inverses des écarts-type σ_j des variables originales, $\sigma_j^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{i=n} (e_{ij} - \bar{e}_j)^2$. Alors, la matrice \mathbf{X} des données centrées-réduites est :

$$\mathbf{X} = (\mathbf{E} - \mathbf{1}\bar{\mathbf{e}})\mathbf{D}_{1/\sigma} \quad (3.12)$$

où $\mathbf{1}$ est le vecteur $n \times 1$ dont toutes les composantes valent un. La diagonalisation de la matrice de covariance des données-centrées réduites, \mathbf{C} , produit la base modale \mathbf{U} :

$$\mathbf{C} = \frac{1}{n} \mathbf{X}^t \mathbf{X} = \mathbf{U} \Lambda \mathbf{U}^t, \text{ où } \Lambda = \text{diag}(\lambda_1, \dots, \lambda_p) \text{ avec } \lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_p. \quad (3.13)$$

Dans cette base, les observations $\mathbf{f}_{i,i=1\dots n}$ s'écrivent sous forme matricielle :

$$\mathbf{F} = \mathbf{X} \mathbf{U} \quad (3.14)$$

où \mathbf{F} est donc une matrice $n \times p$ dont les n lignes, $\mathbf{f}_{i,i=1\dots n}$, sont les individus exprimés dans la base modale.

De la relation (3.14), il vient la formule de reconstruction suivante :

$$\mathbf{e} = \bar{\mathbf{e}} + \mathbf{f} \mathbf{U}^t \mathbf{D}_{1/\sigma}^{-1} \quad (3.15)$$

où \mathbf{e} et $\mathbf{f} = (f_1, \dots, f_p)$ est une observation quelconque exprimée dans la base originale et dans la base modale respectivement.

3.6.2 Synthèse

La relation (3.15) peut être utilisée pour générer de nouvelles instances, non observées, de la classe d'objets étudiée.

En premier lieu, comme la valeur propre λ_j représente la variance le long du j^{e} mode, une approximation modale est réalisée en retenant uniquement les m ($m \leq p$) premiers vecteurs propres de la base modale \mathbf{U} . La qualité de la représentation modale est alors mesurée par la proportion τ de la variance totale, λ_T , expliquée par les m modes retenus :

$$\tau = \frac{\sum_{j=1}^{j=m} \lambda_j}{\lambda_T} \quad \text{où} \quad \lambda_T = \sum_{j=1}^{j=p} \lambda_j. \quad (3.16)$$

En second lieu, sous l'hypothèse que la distribution des observations centrées-réduites \mathbf{x} est gaussienne, i.e. $\mathbf{x} \sim \mathcal{N}(0, \mathbf{C})$, il vient $\mathbf{f}_i \sim \mathcal{N}(0, \Lambda)$ et $f_j \sim \mathcal{N}(0, \lambda_j)$. Par conséquent, de nouvelles instances conformes aux observations apprises peuvent être synthétisées par la variation de $f_{j,j=1,\dots,m}$ dans un intervalle adéquat qui est typiquement tel que :

$$-3\sqrt{\lambda_j} \leq f_j \leq +3\sqrt{\lambda_j}. \quad (3.17)$$

En effet, si $f_j \sim \mathcal{N}(0, \lambda_j)$, alors $P(|f_j| \leq 3\sqrt{\lambda_j}) = 99.7\%$, et ainsi (3.17) peut être considérée comme une condition de représentativité de la classe d'objets d'intérêt.

3.7 Expérimentations

3.7.1 Les données

Nous menons quelques expérimentations sur la population de 18 sujets introduite au chapitre précédent. Pour mémoire, les sujets sont des volontaires mâles âgés de 35 ± 10 ans, droitiers et sains ayant réalisé une étude T1-MR SPGR 3D. Les six sillons majeurs constitutifs du graphe ont été extraits de chaque hémisphère. Il s'agit du sillon frontal supérieur (FS), du sillon précentral (PréC), du sillon central (C), du sillon postcentral (PostC), de la fissure sylvienne (L) et du sillon temporal supérieur (TS).

Nous présentons dans cette partie expérimentale le modèle statistique des relations géométriques des couples (C,PréC), (C,PostC), (L,TS) de l'hémisphère gauche. Au préalable, nous examinons les bases d'apprentissage correspondant aux six sillons du graphe afin de sélectionner les exemplaires à prendre en compte dans l'apprentissage.

3.7.2 Sélection des exemplaires de la base d'apprentissage

La position et l'orientation d'un sillon dans le repère image sont encodées par le repère local du sillon et donc calculées à partir de la forme du sillon. Par conséquent, à l'instar du modèle de formes présenté au chapitre précédent, le modèle des relations géométriques entre sillons peut être biaisé si le processus d'extraction a incorrectement segmenté le sillon. Aussi, nous examinons la population d'apprentissage afin d'éliminer d'éventuelles instances aberrantes, le rejet étant basé sur la forme et non sur le vecteur d'observation défini ci-dessus.

De la même manière qu'au chapitre précédent, nous effectuons l'épuration de la population d'apprentissage par un examen visuel des sillons conjointement à un examen des contributions de chaque individu à chaque mode. Nous rappelons (cf. section 2.7.2) que la contribution $Cr(i,k)$ de l'individu k au mode i est définie par :

$$Cr(i,k) = \frac{1}{n} \frac{(b_i^k)^2}{\lambda_i} \quad (3.18)$$

où n est le nombre d'individus, b_i^k est la coordonnée de l'individu k sur le mode i et λ_i est la variance portée par le i^e mode.

Les bases des sillons centraux, précentraux et postcentraux ayant été examinées au chapitre précédent, nous en conservons les exemplaires alors retenus. Pour rappel, ont été sélectionnées 18 instances de sillon central, 16 instances de sillon précentral et 15 instances de sillon postcentral ; ce qui produit une base de 14 sujets pour lesquels les trois sillons de la région centrale sont exploitables.

Examinons maintenant, pour chacun des six sillons considérés, la population d'apprentissage correspondante issue de ces 14 sujets. Les contributions associées sont présentées sur les figures 3.6 et 3.7.

Au vu de ces contributions et de l'examen visuel des sillons, nous avons décidé de conserver l'ensemble des exemplaires issus des 14 sujets. En effet, quel que soit le sillon considéré, la contribution maximale d'un individu au premier mode oscille autour de 25%. Il est vrai

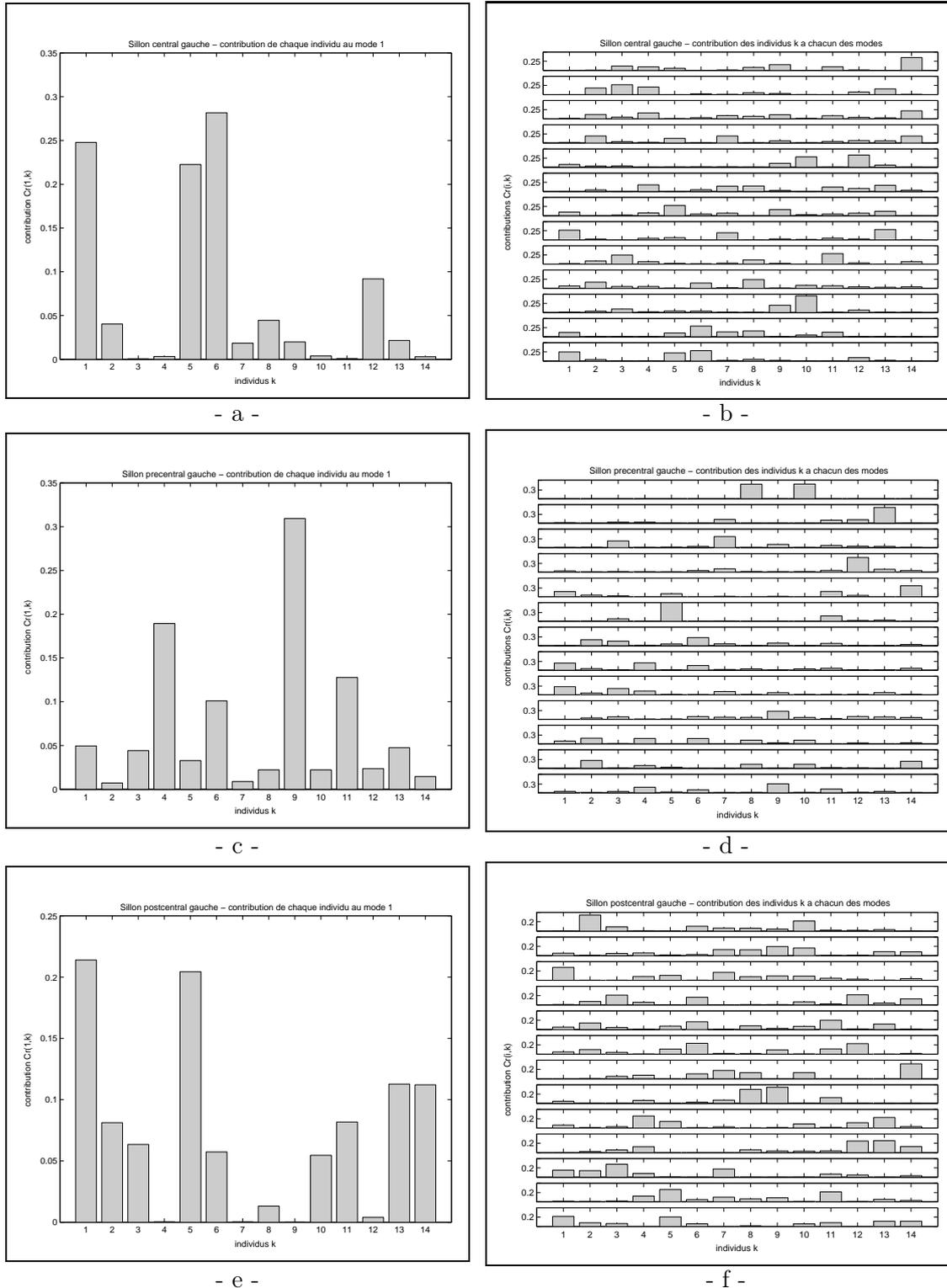


FIG. 3.6 – Contribution des individus k au premier mode (à gauche) et à chacun des modes (à droite), relativement à la base des 14 sillons centraux examinés (a) et (b) ; relativement à la base des 14 sillons précentraux examinés (c) et (d) ; relativement à la base des 14 sillons postcentraux examinés (e) et (f). Pour chacune des figure (b), (d) et (f), la ligne inférieure correspond au premier mode tandis que la ligne supérieure correspond au dernier mode (mode 13 ici).

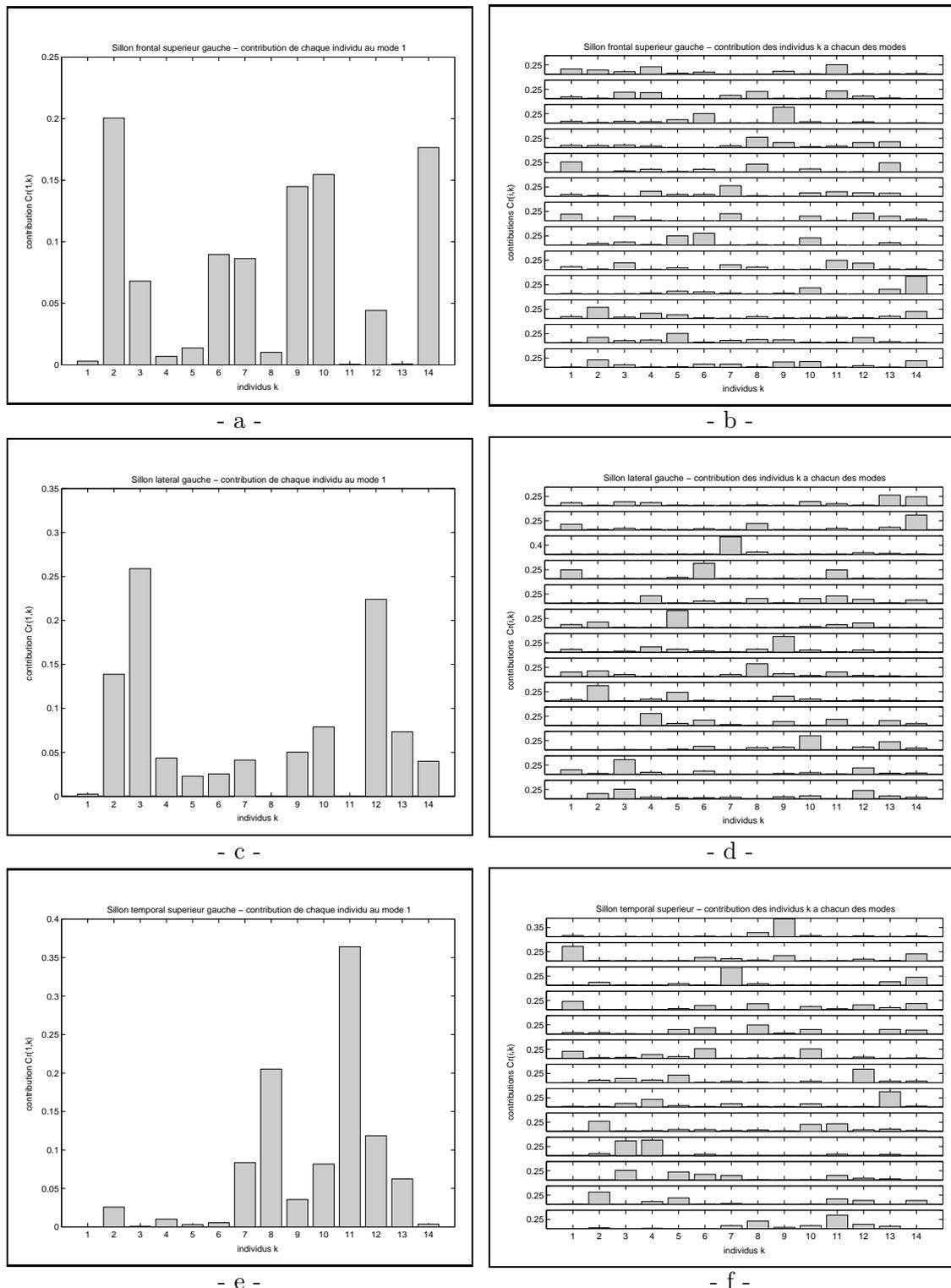


FIG. 3.7 – Contribution des individus k au premier mode (à gauche) et à chacun des modes (à droite), relativement à la base des 14 sillons frontaux supérieurs examinés (a) et (b) ; relativement à la base des 14 sillons latéraux examinés (c) et (d) ; relativement à la base des 14 sillons temporaux supérieurs examinés (e) et (f). Pour chacune des figure (b), (d) et (f), la ligne inférieure correspond au premier mode tandis que la ligne supérieure correspond au dernier mode (mode 13 ici).

que la contribution de l'individu 11 de la base relative au sillon temporel supérieur dépasse 35%, ce qui peut sembler relativement important. Toutefois, il est à souligner que sur une population constituée de seulement 14 individus, cette contribution n'est pas rédhibitoire. En effet, plus le cardinal de la population est faible comparativement au nombre de variables utilisées, plus un individu peut dominer un mode. Sur de telles bases, l'élimination d'un individu « limite » peut aussi avoir pour effet d'accentuer la prépondérance d'un individu conservé. D'autre part, les six bases sont examinées simultanément et l'expulsion d'un sillon de l'une de ces six populations rejaille sur les cinq autres. Il s'agit donc d'établir un compromis gérant au mieux l'ensemble des six bases. Par conséquent, d'un point de vue global, l'examen des contributions de chaque individu au premier mode de la base issue de chacune des six populations d'apprentissage considérées ne décide de l'expulsion d'aucun individu. L'examen de l'ensemble des contributions aux modes suivants nous amène à une conclusion identique. Nous conservons donc pour les six populations d'apprentissage, les sillons issus des 14 sujets évoqués plus haut.

3.7.3 Résultats

Les différents repères intrinsèques ont tout d'abord été déterminés. Pour chaque nœud du graphe et chaque sujet, le repère local intrinsèque à la forme sillon a été calculé dans le repère image, et pour chaque paire de sillons du graphe et chaque sujet, le repère local médian a également été calculé dans ce même repère image. La figure 3.8 offre un exemple de graphe tiré de l'hémisphère d'un sujet de la population d'apprentissage et montre les six sillons considérés ainsi que les repères intrinsèques à chaque paire de nœuds adjacents.

Les expériences concernant la modélisation statistique ont été menées sur les paires (C,PréC), (C,PostC) et (L,TS) de l'hémisphère gauche.

Pour chaque paire considérée, la table 3.1 présente le pourcentage de variance cumulée selon le nombre de modes retenus.

Modes	(C, PréC)	(C, PostC)	(L, TS)
1	36.5	40.8	35.6
2	60.3	69.8	64.06
3	81.1	83.9	86.3
4	95.5	93.5	94.0
5	98.0	98.7	98.5
6	99.8	99.9	99.9
7	100	100	100

TAB. 3.1 – Pourcentage, τ_p , de variance cumulée selon le nombre de modes retenus, m , pour les paires (C, PréC), (C, PostC) et (L, TS); $\tau_p = \frac{\sum_{j=1}^m \lambda_j}{\lambda_T} \times 100$.

Nous remarquons que pour chaque paire analysée, la variance totale est expliquée par sept modes alors que les données originales sont exprimées par $p = 11$ variables. Effectivement, le vecteur d'observation \mathbf{e} est redondant au sens où quatre angles parmi les dix définissant ce vecteur peuvent être exprimés, par construction, comme une combinaison

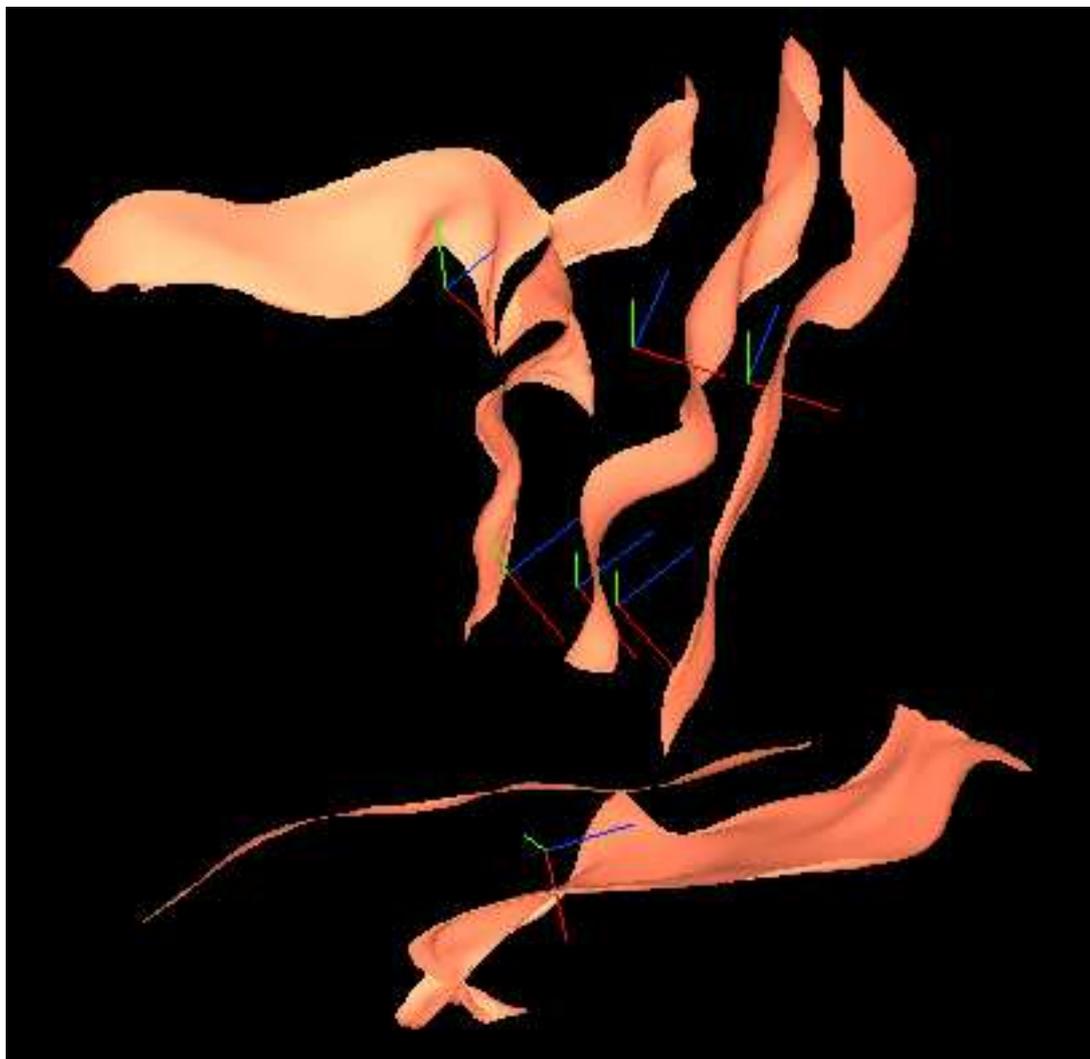


FIG. 3.8 – Exemple de graphe tiré de l'hémisphère gauche d'un sujet de la population d'apprentissage. Les six sillons sont de gauche à droite, puis de haut en bas : le sillon frontal supérieur (FS), le sillon précentral (PréC), le sillon central (C), le sillon postcentral (PostC), le sillon latéral (L) et le sillon temporal supérieur (TS). Les repères sont les repères locaux médians intrinsèques à chaque paire de nœuds adjacents du graphe. L'axe x est représenté en bleu, l'axe y en vert et l'axe z en rouge.

linéaire des autres. Précisément, nous avons :

$$\begin{cases} \psi_{\mathcal{R}_B} &= -\psi_{\mathcal{R}_A}, \\ \phi_{\mathcal{R}_B} &= -\phi_{\mathcal{R}_A}, \\ \psi_{O_b} &= \psi_{O_a} - \pi, \\ \phi_{O_b} &= -\phi_{O_a}. \end{cases} \quad (3.19)$$

D'autre part, les taux d'inertie obtenus indiquent une bonne qualité de la représentation modale par un faible nombre de paramètres. Si cet aspect de compacité de la modélisation est important pour des applications particulières, nous sommes également intéressés par l'observation de la variabilité inter-individuelle des relations géométriques entre deux sillons. Les variations des amplitudes modales de déformation relatives aux trois premiers modes dans l'intervalle $[-2\sqrt{\lambda}, +2\sqrt{\lambda}]$ génèrent des exemplaires présentés sur la figure 3.9. La variabilité observée à partir de la population d'apprentissage indique une stabilité de l'orientation relative et met en évidence une variabilité de position relative plus importante. Il est vrai que les sillons considérés sont d'ailleurs a priori « quasi-parallèles ».

La modélisation de la variabilité des paires de sillons que nous avons considérés est pertinente par elle-même puisque ces sillons quasi-parallèles modélisent des gyri. Par exemple, les sillons central et postcentral bordent le gyrus postcentral, et modéliser leur interaction est une façon de modéliser la variabilité du gyrus. En ce qui concerne les autres arcs, étant donné qu'ils correspondent à des plis de passage, leur modélisation trouve plutôt son intérêt dans l'étude du graphe complet.

3.8 Du couple au graphe

Nous avons développé ci-dessus l'analyse d'un couple de sillons afin de modéliser la variabilité inter-individuelle sulcale en termes de position et d'orientation relatives. L'extension directe de notre approche à l'étude du graphe entier n'a pas été menée. Nous exposons quels objectifs elle vise et à quelles difficultés elle se heurte.

Plaçons-nous dans un cas simplifié et considérons un graphe à trois nœuds A , B et C , et deux arcs : (A,B) et (B,C) , tel que celui présenté sur la figure 3.10. Le nœud B est donc commun aux couples (A,B) et (B,C) . L'objectif est de modéliser la variabilité intrinsèque du triplet (A,B,C) en termes de position et d'orientation.

L'approche présentée ci-dessus permet l'analyse du couple (A,B) d'un côté et du couple (B,C) de l'autre. Le problème qui se pose est de « fusionner » ces deux analyses afin de saisir la variabilité intrinsèque du triplet (A,B,C) . En d'autres termes, il s'agit de formaliser l'influence du nœud C sur l'interaction (A,B) (et vice-versa, du nœud A sur (B,C)). Cette influence peut par exemple se traduire ainsi : une configuration du couple (A,B) , synthétisée à partir de la variabilité apprise sur ce couple, devient impossible du fait d'un positionnement donné du nœud C relativement au nœud B . Si l'on se place au nœud commun B , cela revient à dire que l'on peut modéliser le positionnement de B relativement à celui de A et, indépendamment, relativement à celui de C . La question qui se pose est alors : « Comment modéliser le positionnement de B relativement à celui de A et de C

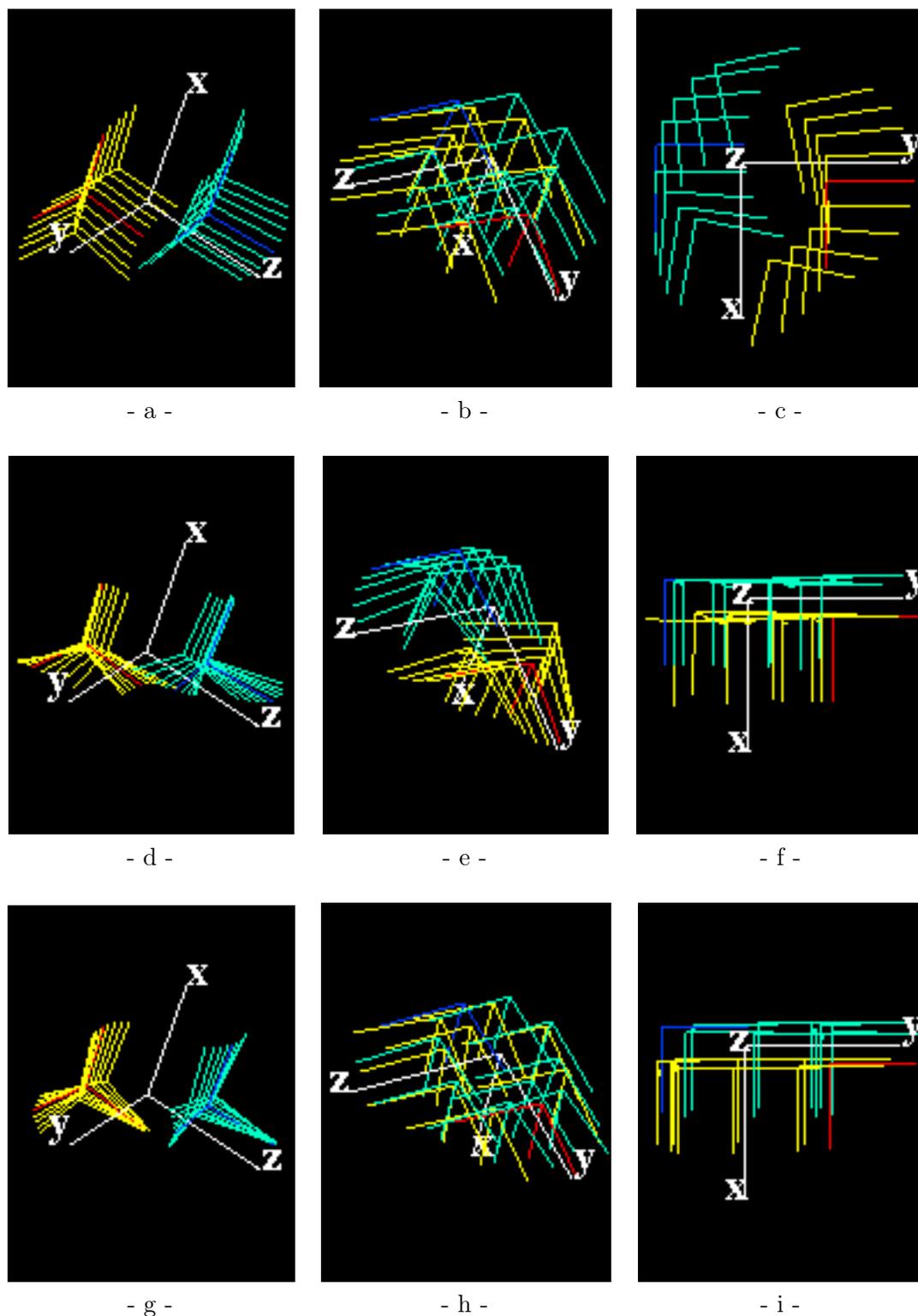


FIG. 3.9 – Effets des variations des amplitudes modales de déformation sur la position et l'orientation relatives des paires de sillons (A,B) considérées. Pour toutes les figures, le code des couleurs est le suivant : en blanc : repère local médian au couple (A,B), en bleu : repère local moyen du sillon A, en rouge : repère local moyen du sillon B, en vert : repères locaux synthétisés correspondant au sillon A et en jaune : repères locaux synthétisés correspondant au sillon B.

(a-c) génération de couples (A,B) autour de l'observation moyenne selon le premier mode : $-2\sqrt{\lambda_1} \leq \mathbf{f}_1 \leq +2\sqrt{\lambda_1}$; (d-f) selon le deuxième mode : $-2\sqrt{\lambda_2} \leq \mathbf{f}_2 \leq +2\sqrt{\lambda_2}$; (g-i) : selon le troisième mode : $-2\sqrt{\lambda_3} \leq \mathbf{f}_3 \leq +2\sqrt{\lambda_3}$. Les paires (A,B) considérées sont : (a,d,g) le couple (C, PréC) ; (b,e,h) le couple (C, PostC) ; (c,f,i) le couple (L, TS).

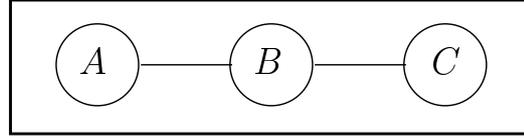


FIG. 3.10 – Graphe composé de trois nœuds A , B et C , et deux arcs : (A,B) et (B,C) .

simultanément? ».

L'analyse d'un couple telle que nous l'avons proposée ne peut pas être exploitée pour résoudre ce problème. En effet, les deux vecteurs aléatoires représentant les couples (A,B) et (B,C) respectivement, sont par définition relatifs à deux repères différents qui sont les repères locaux médians de chacun des couples. Ils ne peuvent donc être analysés de manière jointe. Par conséquent, les relations (A,B) et (B,C) sont à définir dans un même et unique repère, soit \mathcal{R}_c . L'analyse dépend alors complètement du choix de \mathcal{R}_c . Comme nous l'avons souligné en section 3.4, un référencement extrinsèque du graphe ne peut pas convenir pour effectuer l'analyse désirée. Considérons alors la définition d'un repère intrinsèque au graphe.

Pour un couple, le repère intrinsèque est satisfaisant, mais sa définition ne permet pas l'extension de l'analyse à un nœud supplémentaire. La construction d'un repère propre à trois nœuds, quatre nœuds, \dots , n nœuds peut être envisagée. Cependant, cette solution ne paraît ni très attractive, ni vraiment satisfaisante. En effet, la définition de ces repères peut s'avérer délicate géométriquement. De plus, cela induit un graphe très spécifique, peu évolutif et dont la gestion s'avère lourde. Si l'on considère un unique repère \mathcal{R}_c intrinsèque à tout le graphe, il nous faut également en imaginer une construction pertinente. Par ailleurs, ce repère intrinsèque au graphe demeure en quelque sorte extrinsèque aux relations entre deux sillons. Par exemple, pour l'analyse d'un couple, ce repère sera forcément un peu moins bien ajusté que le repère médian, puisque non spécifique au couple. L'idéal serait de pouvoir définir une distance qui soit pour chaque arc du graphe indépendante d'un quelconque repère.

Le recours à une référence extrinsèque au graphe est bien sûr possible, mais dans ce cas nous abordons l'analyse présentée comme analyse de niveau 3 dans l'introduction. **Cette analyse porte sur la position et l'orientation de l'ensemble de sillons considérés dans ce repère et ne modélise pas spécifiquement les interactions entre les sillons.**

À titre d'illustration, nous proposons de réaliser cette modélisation dans un repère commun global, repère image d'un sujet de la base choisi comme référence. L'ensemble des observations est alors recalé sur ce repère. Nous avons retenu un recalage global basé intensité et consistant à maximiser l'information mutuelle [Collignon 95], [Viola 95]. Dans ce repère, la position et l'orientation de chaque sillon du graphe est représentée par les paramètres de la transformation amenant le repère local du sillon exprimé dans \mathcal{R}_c sur \mathcal{R}_c . Ces paramètres sont calculés comme décrit en section 3.5.2. Le vecteur d'observation représentant la position et l'orientation d'un sillon dans \mathcal{R}_c est donc :

$$\mathbf{e}_s = (d_s, \psi_{O_s}, \phi_{O_s}, \psi_{\mathcal{R}_s}, \phi_{\mathcal{R}_s}, \theta_{\mathcal{R}_s}). \quad (3.20)$$

Le vecteur d'observation à analyser pour la modélisation du graphe résulte de la conca-

ténation des vecteurs d'observation correspondant à chacun des sillons considérés dans le graphe. Dans notre cas, cela produit un vecteur d'observation à $p = 36$ composantes. L'analyse statistique se déroule alors de façon tout à fait analogue à celle réalisée sur le couple.

La figure 3.11 présente les taux d'inertie obtenus selon le nombre de modes retenus. La figure 3.12 montre les effets des variations des amplitudes modales le long du premier mode.

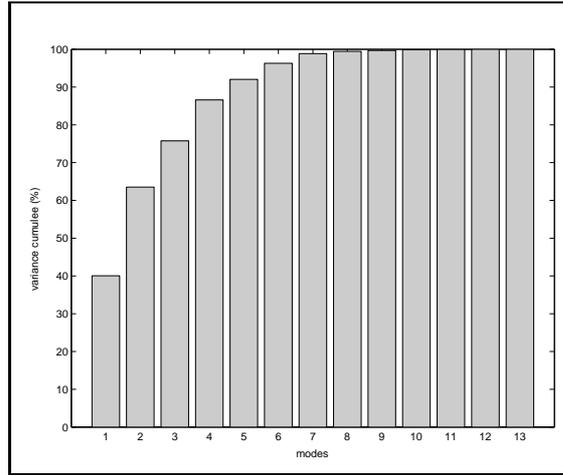


FIG. 3.11 – Pourcentage, τ_p , de variance cumulée selon le nombre de modes retenus, m , $\tau_p = \frac{\sum_{j=1}^m \lambda_j}{\lambda_T} \times 100$.

3.9 Perspective d'application

La modélisation statistique de la position et de l'orientation d'un sillon au sein d'un repère extrinsèque \mathcal{R}_c peut être exploitée à des fins d'étiquetage automatique des sillons. Par exemple, l'étiquetage peut être réalisé dans un cadre bayésien par une méthode de classification supervisée. Bien que ceci n'ait pas été implémenté, nous en exposons ici le principe.

Considérons une instance de sillon inconnue, \mathbf{e} , exprimée dans \mathcal{R}_c , à laquelle on souhaite attribuer une étiquette c . L'ensemble des étiquettes possibles \mathcal{C} correspond aux six classes de sillons déjà présentés et préalablement apprises : $\mathcal{C} = \{c_i\}_{i=1,\dots,6} = \{C, \text{PréC}, \text{PostC}, \text{FS}, \text{L}, \text{TS}\}$. Alors, une règle de décision basée sur le critère du maximum *a posteriori* (MAP) consiste à attribuer à \mathbf{e} l'étiquette c telle que :

$$c = \arg \max_{c_i} P(c_i | \mathbf{e}). \quad (3.21)$$

$P(c_i | \mathbf{e})$ est la probabilité *a posteriori* de la classe c_i sachant l'observation \mathbf{e} et est exprimée selon la formule de Bayes par :

$$P(c_i | \mathbf{e}) = \frac{P(\mathbf{e} | c_i)P(c_i)}{\sum_i P(\mathbf{e} | c_i)P(c_i)} \quad (3.22)$$

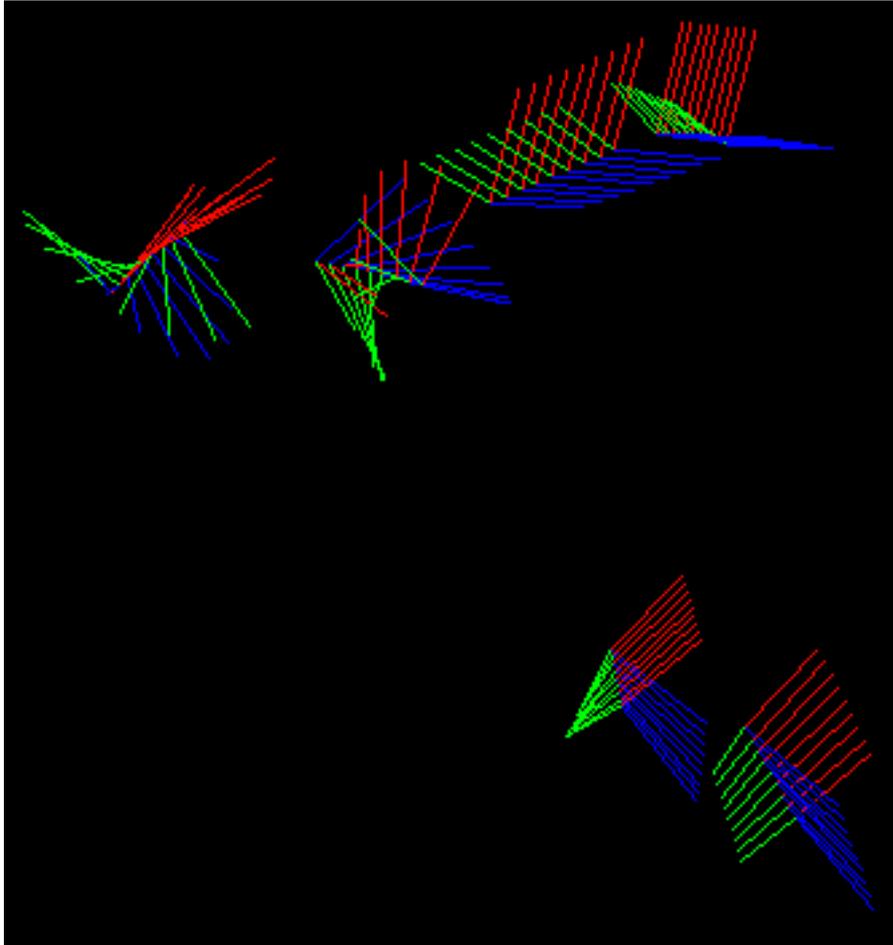


FIG. 3.12 – *Illustration de la modélisation du graphe complet basée sur un référencement extrinsèque : effets de la variation des amplitudes modales selon le premier mode.*

où $P(c_i)$ est la probabilité *a priori* de la classe c_i , et où $P(\mathbf{e} | c_i)$ est la vraisemblance de l'observation. Ces deux probabilités sont à déterminer. D'une part, dans le contexte de cette application, les classes peuvent être considérées équiprobables. La loi *a priori* peut donc être choisie uniforme :

$$P(c_i) = 1/6 \quad \forall i = 1, \dots, 6. \quad (3.23)$$

D'autre part, sous l'hypothèse que la distribution de probabilité, P_{c_i} , des exemplaires participant à l'apprentissage de chaque classe est gaussienne, la vraisemblance est donnée par la valeur de la fonction de densité de P_{c_i} au point \mathbf{e} :

$$P(\mathbf{e} | c_i) = \frac{1}{(2\pi)^{p/2} |\mathbf{C}_{c_i}|^{1/2}} \exp \left(-\frac{1}{2} (\mathbf{e} - \bar{\mathbf{e}}_{c_i})^t \mathbf{C}_{c_i}^{-1} (\mathbf{e} - \bar{\mathbf{e}}_{c_i}) \right) \quad (3.24)$$

où $\bar{\mathbf{e}}_{c_i}$ et \mathbf{C}_{c_i} sont les moyenne et covariance empiriques de la classe c_i apprise à partir de p instances.

La règle de décision donnée par la relation (3.21) s'écrit alors :

$$c = \arg \max_{c_i} P(\mathbf{e} | c_i). \quad (3.25)$$

3.10 Conclusion

La modélisation statistique proposée dans ce chapitre est une contribution originale au problème incomplètement résolu de la constitution d'atlas probabilistes anatomiques au sens où elle traite des couples de sillons corticaux et appréhende quantitativement leur variabilité en termes de position et d'orientation *relatives*.

Cette modélisation est menée par apprentissage. L'approche repose sur la définition d'une distance en position et orientation entre deux sillons exprimés dans un repère intrinsèque. Pour définir cette distance, nous avons recouru à des principes géométriques simples. Soulignons à ce propos qu'il n'est pas trivial de définir un vecteur d'observation décrivant des orientations, et donc des rotations tridimensionnelles qui soit adapté à la phase d'analyse statistique. Les résultats concernant la modélisation statistique des couples ont été menés sur des paires de sillons modélisant des gyri. Ils montrent une bonne compacité de la représentation modale obtenue, à interpréter bien sûr au regard du cardinal de la population d'apprentissage qui, s'il n'est pas très élevé, est au moins supérieur au nombre de variables utilisées dans ce cas. Ils indiquent également une certaine stabilité de l'orientation relative des paires considérées.

Le modèle proposé demeure incomplet et ne traite pas le graphe entièrement. Une perspective nécessaire serait donc d'apporter une solution à l'analyse des positions et orientations relatives des paires de sillons adjacents contraintes par les observations voisines. Cela pose d'une part le problème du choix d'un repère et d'autre part, mais de manière liée, peut supposer la nécessité d'une définition différente du vecteur d'observation. Les illustrations proposées, bien que n'atteignant pas l'objectif fixé, laissent apercevoir l'intérêt d'une telle modélisation pour la caractérisation de la variabilité inter-individuelle, et potentiellement pour des applications telles que l'étiquetage automatique des sillons corticaux. Évidemment, il serait également intéressant de combiner le modèle de formes et de position/orientation.

Deuxième partie

Modélisation statistique de formes en imagerie cérébrale : applications

Introduction

Les modèles statistiques de formes sont généralement exploités à des fins de segmentation. Dans cette thèse, nous avons développé des applications centrées autour du thème du recalage d'une part et s'inscrivant dans le contexte de l'investigation du système visuel humain d'autre part.

Cette seconde partie comporte trois chapitres :

Chapitre 4 La première application présentée participe au projet d'évaluation de méthodes de recalage global inter-sujets mené au sein de l'équipe Vista. La modélisation statistique de la forme des sillons corticaux y est utilisée pour définir un critère local de comparaison entre les méthodes.

Chapitre 5 Ce chapitre propose une méthode de recalage locale et non linéaire de données fonctionnelles multi-sujets pour la construction d'un atlas probabiliste anatomique et fonctionnel, exploitant la connaissance statistique acquise lors la modélisation des sillons corticaux.

Chapitre 6 Ce dernier chapitre illustre la méthodologie employée dans le contexte de l'investigation du système visuel humain. Nous employons ici un schéma méthodologique identique à celui proposé au chapitre 2, afin de bâtir un modèle statistique de cartes dépliées représentant les frontières d'aires visuelles primaires abritées dans le cortex occipital.

Chapitre 4

Évaluation de méthodes de recalage inter-sujets

L'application de la modélisation statistique de la forme des sillons corticaux présentée au chapitre 2 que nous avons envisagée en premier lieu participe au projet d'évaluation de différentes méthodes de recalage global inter-sujets mené au sein de l'équipe Vista de l'Irisa sous la conduite de Pierre Hellier et de Christian Barillot. Le lecteur pourra trouver une synthèse exhaustive de ces travaux dans [Hellier 00], [Hellier 01b], [Hellier 03]. Nous en retraçons ici succinctement la trame, notre contribution portant essentiellement sur l'utilisation de la modélisation statistique présentée au chapitre 2 dans ce contexte.

4.1 Introduction

Les méthodes de recalage inter-sujets offrent un moyen de comparaison entre différents individus et sont en cela nécessaires à la constitution d'atlas anatomiques, voire anatomiques et fonctionnels. Elles consistent à déterminer la transformation, ou le champ dense de déformation, superposant au mieux, au sens d'une similarité à définir, le cerveau d'un sujet sur un cerveau de référence. On distingue usuellement deux catégories de méthodes de recalage global inter-sujets. D'un côté, nous trouvons les méthodes photométriques basées sur l'intensité des images, de l'autre des méthodes s'appuyant sur des amers locaux. Chacune de ces approches présente ses propres atouts et limitations, mais la supériorité de l'une sur l'autre n'a jamais été réellement établie. De plus, au sein de chacune de ces classes, de nombreuses variantes ont été développées selon les amers utilisés, la fonction de similarité employée, les hypothèses émises, le schéma d'optimisation adopté, etc. Ainsi, devant la prolifération de ces méthodes de recalage [Maintz 98], un cadre d'évaluation et de comparaison ouvert à toutes les méthodes s'avère plus qu'opportun.

L'objectif du projet d'évaluation est de faire le point sur les performances respectives de différentes méthodes de recalage inter-sujets selon un certain nombre de critères, afin de mieux cerner notamment l'influence des hypothèses émises, et d'être mieux à même d'apprécier le comportement des différentes méthodes en regard des critères examinés. Cela pose le problème de la définition et de la validation des critères employés, une méthode pouvant s'avérer plus ou moins pertinente qu'une autre selon le critère retenu. Dans ce projet, les critères développés se sont essentiellement focalisés sur la qualité du recalage

dans les zones corticales. D'une part, des études antérieures ont déjà étudié l'impact de différents recalages sur les structures cérébrales profondes [Collins 97]. D'autre part, il est important de mieux estimer le comportement des méthodes de recalage dans des zones offrant un intérêt particulier tant d'un point de vue anatomique que fonctionnel, comme les zones corticales qui sont de plus très variables d'un individu à l'autre.

Dans la suite de ce chapitre, nous présentons les méthodes participant à l'évaluation. Puis, nous décrivons les données sur lesquelles les expérimentations ont été menées et exposons le cadre d'évaluation. Nous présentons alors les critères proposés, avec d'un côté un ensemble de critères globaux s'intéressant à tout le volume recalé et de l'autre des critères locaux, basés sur les amers anatomiques que sont les sillons corticaux. C'est dans cette seconde classe de critères qu'intervient la modélisation statistique de la forme des sillons corticaux présentée au chapitre 2. Les conclusions quant aux résultats issus des différents critères sont données au fil de l'exposé.

4.2 Les méthodes évaluées

À ce jour, six méthodes de recalage global inter-sujets, développées au sein de différentes équipes de recherche, ont participé à ce projet d'évaluation. Il s'agit de :

- **méthode A.** Cette méthode désigne l'algorithme ANIMAL [Collins 97]. Les sujets sont préalablement recalés dans un repère stéréotaxique par une transformation rigide [Collins 94]. Une transformation non linéaire, visant à maximiser une mesure de similarité basée sur la corrélation des gradients de l'image, est ensuite estimée à l'aide d'un algorithme multirésolution. Notons que les champs de déformation expérimentés ici ont été calculés à une résolution de 4 mm ;
- **méthode D.** Il s'agit de l'algorithme des « démons » [Thirion 98]. Les volumes sont tout d'abord grossièrement alignés par une transformation rigide puis affine. L'algorithme recherche ensuite une transformation non-linéaire en estimant les forces exercés par les « démons » en chaque point du volume, tout en régularisant le champ de déformation obtenu ;
- **méthode I.** Il s'agit de l'algorithme de recalage linéaire élastique de Christensen *et al.* [Christensen 01]. Les auteurs imposent une contrainte de bijectivité en estimant conjointement la transformation d'un sujet vers l'autre et son inverse ;
- **méthode M.** Cette méthode fournit une transformation rigide issue de la maximisation de l'information mutuelle [Collignon 95], [Viola 95], l'optimisation étant réalisée par un algorithme de Powell ;
- **méthode P.** La méthode P est une méthode affine par morceaux basée sur le quadrillage proportionnel de Talairach [Talairach 88]. Une transformation affine est calculée sur chacun des douze sous-volumes (six par hémisphère) définis par ce quadrillage proportionnel ;
- **méthode R.** Il s'agit d'une méthode non linéaire globale, basée sur le flot optique et sur un schéma d'optimisation robuste permettant d'estimer un champ dense de vecteurs de déformation [Hellier 01c]. Ce champ est calculé avec une grille de résolution de 1 mm.

Notons que la méthode M a été implémentée par le projet Vista selon les travaux publiés dans [Collignon 95], [Viola 95].

4.3 Données et cadre d'évaluation

Les expérimentations ont été menées sur une base de 18 sujets volontaires, tous mâles, âgés de 35 ± 10 ans, droitiers et sains. Les acquisitions des volumes IRM ont été réalisées par une étude T1-MR SPGR 3D (système GE 1.5T, coupes sagittales). Les données IRM brutes ont été interpolées de manière linéaire afin d'obtenir une résolution voxelique isotropique, qui est de l'ordre du millimètre. Pour chaque sujet, la dimension du volume est $256 \times 256 \times s$ où s est le nombre de coupes et est spécifique à chaque sujet.

Pour chaque sujet et chaque hémisphère, six sillons majeurs ont été extraits des volumes IRM par la méthode du « ruban actif » [LeGoualher 97a] (cf. section 2.3.2). Il s'agit des sillons précentral, central, postcentral, frontal supérieur, temporal supérieur et latéral, également dénommé fissure sylvienne.

Sur cette base de données commune, chaque équipe participante a calculé les champs de déformation par son propre algorithme de recalage, entre le cerveau de chaque sujet et le cerveau de référence, qui est un cerveau de la base choisi arbitrairement parmi les 18 sujets. Signalons dès à présent que le recalage d'un sujet a échoué par la méthode A et que ce dernier a été éliminé des expérimentations concernant cette méthode. Ensuite, l'équipe Vista de l'Irisa a collecté les différents champs de déformations et procédé à l'évaluation. Pour chaque critère, la structure concernée de chaque sujet est systématiquement déformée par la transformation, ou le champ de déformation, correspondant à chacune des six méthodes, puis le critère est évalué.

Les critères retenus ont été définis dans le souci qu'ils soient indépendants, autant que possible, des algorithmes de recalage à évaluer. Ils visent à déterminer la capacité des différents algorithmes à aligner des caractéristiques non utilisées dans le processus du recalage et anatomiquement significatives. Malgré les imperfections inévitables des critères proposés, la comparaison entre les méthodes sur la base de ces critères est cohérente puisque toutes les méthodes sont traitées de manière égale.

Nous présentons maintenant les critères établis et les résultats associés en commençant par les critères globaux, puis nous exposons l'étude réalisée à partir de critères locaux.

4.4 Critères globaux

4.4.1 Présentation des critères

Les critères globaux ont été définis afin d'estimer comment se superposent les volumes sources déformés au volume cible. Trois critères sont proposés :

1. le premier critère porte sur le volume moyen des volumes déformés. Une observation visuelle permet d'abord de comparer ce volume moyen au sujet de référence. Plusieurs mesures de similarité sont ensuite calculées entre le volume moyen et le masque de segmentation du cerveau du sujet de référence. Il s'agit de l'erreur quadratique moyenne, de l'information mutuelle et de la corrélation. Soulignons que ce critère est en partie lié aux mesures de similarité employées dans chacune des méthodes à l'exception de P ;

2. le second critère considère le recouvrement des tissus gris/blanc. Pour chaque sujet, la matière grise et la matière blanche sont déformées vers le sujet de référence en utilisant le champ de déformation ou la transformation correspondant à chaque méthode et une interpolation trilineaire. Le recouvrement est alors évalué par le biais d'une mesure de performance totale [VanBemmel 97];
3. le troisième critère teste la corrélation entre le Lvv déformé de chaque sujet et le Lvv du sujet de référence. L'opérateur Lvv [Florack 92] est relatif à la notion de courbure. Il est lié aux courbures principales de la surface d'intensité constante et son signe permet de différencier les sillons des gyri lorsqu'il est appliqué à une région d'intérêt définie par la matière grise et le liquide céphalo-rachidien inclus dans ses replis [LeGoualher 97a].

Un quatrième critère est proposé. Il consiste à examiner le jacobien de la transformation afin de caractériser d'éventuelles singularités du champ de déformation [Christensen 01].

4.4.2 Présentation des résultats

Selon le premier critère, une distinction semble se profiler entre les méthodes D et R d'un côté, et les méthodes A, I, M et P de l'autre. En termes de recouvrement des tissus, c'est-à-dire selon le second critère, les méthodes D, I, P et R produisent des résultats sensiblement équivalents et meilleurs que les méthodes A et M. Un test statistique réalisé sur ces résultats conclut à une différence significative entre les méthodes. En ce qui concerne le troisième critère, toutes les méthodes produisent des résultats assez peu satisfaisants, la corrélation moyenne du Lvv n'excédant pas le 0.43 obtenu par la méthode D. Une différence significative apparaît entre les méthodes suite à un test statistique : la méthode M est très inférieure tandis que la méthode D se distingue par ses meilleures, bien que toutes relatives, performances. Le quatrième critère indique que toutes les méthodes ont un Jacobien positif à l'exception de la méthode D.

4.4.3 Conclusion partielle

Au vu des résultats précités, une distinction entre les méthodes rigides et non rigides apparaît, la méthode M produisant le plus souvent les résultats les moins satisfaisants. La méthode A, bien que non rigide, se distingue également par des performances inférieures selon les critères retenus. Toutefois, il faut rappeler que les champs de déformations correspondant à cette méthode ont été calculés à une grille de résolution de seulement 4 mm. Ce constat laisse penser que les résultats sont liés au nombre de degrés de liberté de chaque méthode. En effet, les méthodes sont sommairement ordonnées sensiblement identiquement selon leur nombre de degrés de liberté et selon les résultats obtenus respectivement aux critères globaux, c'est-à-dire par ordre croissant : M, P, A, I, R et D.

Notons également que les faibles performances obtenues en regard du troisième critère semble indiquer que les zones corticales sont mal recalées et ce quelle que soit la méthode considérée. Cet aspect est maintenant examiné plus précisément par l'évaluation de critères locaux portant sur les sillons corticaux.

4.5 Critères locaux

Les critères locaux visent à estimer la qualité du recalage dans les zones corticales, et s'intéressent plus particulièrement aux amers anatomiques que sont les sillons corticaux. Ces derniers sont représentés par leur surface médiane extraite des volumes IRM par la méthode du « ruban actif » qui en produit une représentation paramétrique sous forme d'une surface B-spline cubique, comme décrit en section 2.3.2.

Les critères locaux reposent d'une part sur des mesures de distances entre les sillons déformés et le sillon de référence, et d'autre part sur une analyse statistique des formes recalées. Préalablement à cette évaluation numérique, les sillons déformés sont examinés visuellement.

4.5.1 Visualisation des sillons recalés

La figure 4.1 montre les sillons centraux gauches de chacun des sujets de la base recalés vers le sujet de référence au moyen de la transformation relative à chacune des six méthodes considérées.

Nous notons tout d'abord que l'ensemble des sillons déformés semble globalement assez similaire d'une méthode à l'autre. De plus, la dispersion observée apparaît relativement importante, même si les sillons centraux recalés sont quasiment systématiquement positionnés entre les sillons précentral et postcentral du sujet de référence.

4.5.2 Distances entre sillons recalés et sillon de référence

Le calcul de distances entre sillons implique qu'une mise en correspondance a été préalablement réalisée. Cette mise en correspondance est établie comme exposé en section 2.5.3. Les sillons étant paramétrés par une surface B-spline et exprimés dans un repère commun qui est celui du sujet de référence, ils sont rééchantillonnés selon le même principe de telle sorte que chaque sillon déformé possède le même nombre de points que le sillon du sujet de référence. Alors, chaque point de contrôle d'un sillon est apparié avec le point de contrôle du sillon correspondant du sujet de référence ayant les mêmes abscisses curvilignes.

Quatre distances sont calculées :

1. la distance point de contrôle à point de contrôle entre un sillon déformé et le sillon du sujet de référence, notée D_1 ;
2. la distance entre les centres de gravité des sillons, notée D_2 ;
3. la distance entre les points d'un sillon déformé et leurs points les plus proches sur le sillon correspondant du sujet de référence, notée D_3 . Cette distance équivaut à considérer une mise en correspondance différente entre deux sillons : l'homologue d'un point p_A du sillon A n'est plus le point du sillon B de même abscisse curviligne, mais le point de B le plus proche de p_A . Notons que cette mise en correspondance n'est pas symétrique : mettre en correspondance A avec B ne produit pas les mêmes appariements que mettre en correspondance B avec A .
4. la distance de Hausdorff, notée D_4 . La distance de Hausdorff, $H(A,B)$, entre deux ensembles de points A et B est donnée par :

$$H(A,B) = \max(h(A,B), h(B,A)) \quad (4.1)$$

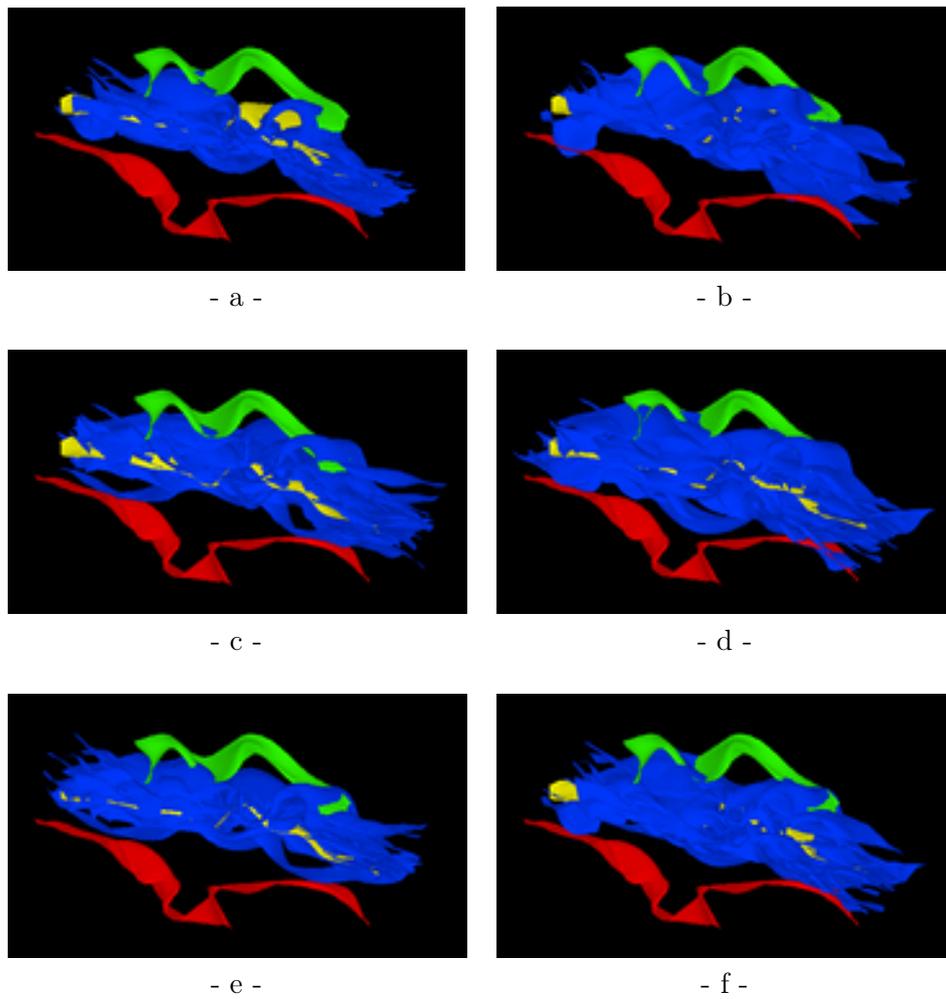


FIG. 4.1 – Pour chacune des méthodes considérées, visualisation des sillons centraux gauches de la base de données déformés vers le sujet de référence. En jaune, rouge et vert sont représentés respectivement les sillons central, précentral et postcentral du sujet de référence. Les sillons en bleu sont les sillons déformés par : (a) la méthode A ; (b) la méthode D ; (c) la méthode I ; (d) la méthode M ; (e) la méthode P ; (f) la méthode R.

où $h(A,B)$ est la distance de Hausdorff orientée de A à B :

$$h(A,B) = \max_{a \in A} \min_{b \in B} \|a - b\|. \quad (4.2)$$

La distance de Hausdorff mesure donc la distance du point de A le plus éloigné de l'ensemble des points de B et vice-versa.

La moyenne de chacune de ces distances sur tous les sillons et tous les sujets est ensuite calculée afin de produire une mesure compacte de dissimilarité entre les sillons déformés par chacune des méthodes et le sillon correspondant du sujet de référence. Les résultats obtenus sont présentés en table 4.1.

Méthode	D_1	D_2	D_3	D_4
A	9.9	7.3	4.2	16.4
D	10.3	7.7	4.3	17.9
I	11.4	9.0	5.4	19.1
M	11.5	9.1	5.8	18.7
P	10.7	8.2	4.9	18.2
R	10.8	8.3	4.8	17.7

TAB. 4.1 – *Distance moyenne (en voxels) entre les sillons recalés et le sillon correspondant du sujet de référence. La moyenne est calculée sur tous les sujets et tous les sillons.*

Nous remarquons tout d'abord que quelle que soit la méthode utilisée, les méthodes « se classent » à peu près dans le même ordre avec A et D en tête et I et M en queue. Cependant, les différences observées sont trop faibles pour entériner un tel classement, d'autant plus qu'un test statistique ne met pas clairement en évidence de différence significative entre les méthodes. Sur la base de ce critère, il apparaît donc difficile de les différencier.

Il est vrai qu'il n'est pas trivial d'estimer la dissimilarité entre deux sillons, en l'occurrence un sillon déformé et le sillon du sujet de référence. En effet, différents aspects entrent en compte et une mesure de distance ne peut que partiellement les appréhender. Par exemple, le sillon recalé peut être relativement bien superposé au sillon de référence en termes de position mais demeurer très différent en termes de forme. À l'inverse, le sillon recalé peut être morphologiquement très semblable au sillon de référence mais relativement mal superposé. Pour examiner plus avant ces différences, nous avons réalisé une analyse statistique des formes des sillons recalées.

4.5.3 Analyse statistique des formes des sillons recalés

Principe

Dans cette étude, nous considérons l'ensemble des instances d'une classe s de sillons, par exemple la classe du sillon central, recalées par une méthode donnée, m , comme une population d'apprentissage que nous notons \mathcal{P}_m^s . Nous analysons alors statistiquement cette population au moyen d'une analyse en composantes principales (ACP). Le principe est de caractériser la déformation entre un sillon déformé $\mathbf{x}^s \in \mathcal{P}_m^s$ et le sillon du sujet de référence \mathbf{x}_{ref}^s correspondant, \mathbf{x}^s et \mathbf{x}_{ref}^s étant tous deux exprimés dans le repère image du

sujet de référence. Par conséquent, contrairement à l'ACP classique, la forme de référence n'est pas la moyenne des instances de la population d'apprentissage mais le sillon \mathbf{x}_{ref}^s . Formellement, cela consiste à diagonaliser la matrice de covariance \mathbf{C} donnée par :

$$\mathbf{C} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{i=n} (\mathbf{x}_i^s - \mathbf{x}_{ref}^s)(\mathbf{x}_i^s - \mathbf{x}_{ref}^s)^t \quad (4.3)$$

où n est le cardinal de \mathcal{P}_m^s et \mathbf{x}_i^s une instance de \mathcal{P}_m^s . Les vecteurs propres de cette matrice décrivent alors les modes principaux de déformation. L'importance relative d'un mode est donnée par le pourcentage de variance expliquée par ce mode, soit :

$$\frac{\lambda}{\sum_{i=1}^{i=p} \lambda_i} \times 100 \quad (4.4)$$

où λ est la valeur propre associée à ce mode et où p est la dimension du vecteur d'observation \mathbf{x}^s .

Résultats

Nous examinons ici l'impact des différents recalages sur les classes s des sillons central, frontal supérieur et latéral. Pour chacune des méthodes participantes m , nous procédons à l'analyse statistique de \mathcal{P}_m^s comme décrit ci-dessus, avec $m \in \{1, \dots, 6\}$ et $s \in \{\text{central, frontal supérieur, latéral}\}$.

Nous donnons en table 4.2 la trace de la matrice de covariance relative à chacune des méthodes et à chacune des classes considérées. Cette mesure reflète la dispersion des ins-

Méthode	central	frontal supérieur	latéral
A	547	736	1172
D	675	767	1046
I	723	907	1121
M	621	622	1373
P	510	859	1233
R	735	741	1064

TAB. 4.2 – Trace de la matrice de covariance pour chacune des six méthodes et pour trois classes de sillons. Cette trace est normalisée par le cardinal de la population d'apprentissage correspondante.

tances de la population \mathcal{P}_m^s autour du sillon de référence \mathbf{x}_{ref}^s . Les traces obtenues sont grossièrement du même ordre de grandeur pour toutes les méthodes, mais pas pour autant équivalentes. Si l'on ordonne les méthodes de la trace la moins élevée à la trace la plus élevée, nous remarquons que ce classement diffère d'un sillon à l'autre. Par exemple, la méthode M produit la plus forte dispersion en ce qui concerne le sillon latéral alors qu'elle produit la plus faible dispersion en ce qui concerne le sillon frontal supérieur. Notons que la méthode P conduit à une dispersion plus faible que toutes les autres méthodes pour le sillon central. Ceci peut s'expliquer de par la construction de cette méthode qui s'appuie sur la localisation des commissures antérieure et postérieure et qui est donc supposée être

plus précise dans la région centrale.

Pour chaque population d'apprentissage \mathcal{P}_m^s considérée, la figure 4.2 exhibe la décroissance de la variance expliquée selon chaque mode. Seuls figurent les six premiers modes, les modes suivants expliquant une proportion de variance minimale (inférieure à 3%). L'observation globale de cette figure indique tout d'abord un comportement relativement similaire des méthodes non rigides A, D, I et R. Elle indique également que l'importance relative du premier mode est forte quelle que soit la méthode considérée puisque systématiquement supérieure à 45%. Nous remarquons qu'elle est supérieure à celle observée au chapitre 2 qui était de l'ordre de 30%. Pour éclairer ce constat, il faut noter deux différences majeures entre ces deux études :

1. l'étude menée au chapitre 2 porte sur les formes originales qui ne subissent aucune transformation non rigide ;
2. la présente étude caractérise la déformation entre un sillon déformé vers un sujet de référence et le sillon correspondant de ce sujet de référence, contrairement à l'étude du chapitre 2 qui utilise la forme moyenne comme référence.

D'autre part, si l'on observe la figure 4.2.a relative au sillon central, il apparaît que l'importance relative du premier mode est plus élevée pour les méthodes non rigides A, D, I et R. Par contre, la figure 4.2.c relative au sillon latéral, montre une prédominance du premier mode plus importante pour la méthode M.

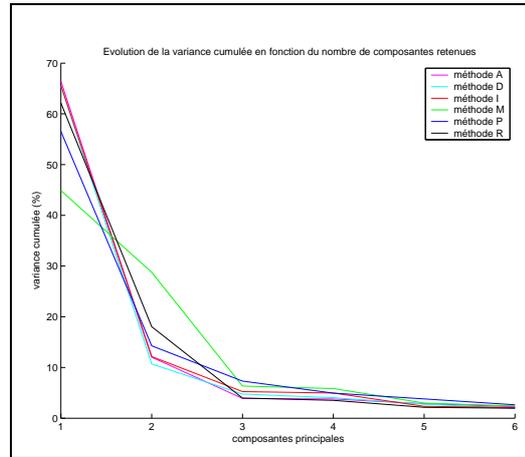
En conséquence, l'analyse statistique que nous avons réalisée ne permet pas d'établir de différence majeure quant à la qualité du recalage des sillons corticaux par les différentes méthodes.

4.5.4 Conclusion partielle

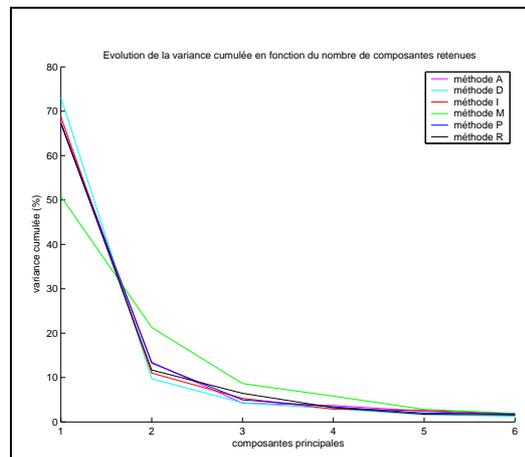
Dans cette section, nous avons présenté un ensemble de critères locaux afin d'estimer la qualité du recalage des sillons corticaux par les différentes méthodes examinées. Tant l'observation visuelle des sillons déformés que l'évaluation numérique portant d'un côté sur des distances entre formes et de l'autre sur une analyse statistique des formes recalées, n'a permis de dégager une supériorité systématique d'une méthode ou d'une classe de méthodes sur une autre. Les critères mis en œuvre pourront être jugés insuffisamment discriminants. Pourtant, la cohérence des résultats issus de l'ensemble de ces critères locaux penche en faveur de l'hypothèse contraire.

4.6 Conclusion

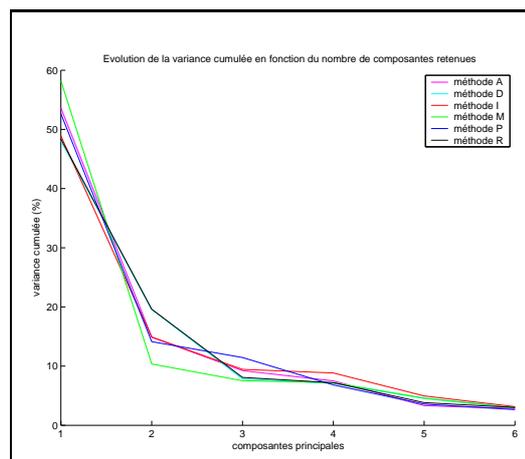
Nous avons présenté dans ce chapitre une application de la modélisation statistique des formes proposée au chapitre 2. Cette application s'inscrit dans le cadre d'un projet d'évaluation de méthodes de recalage global inter-sujets. Six méthodes ont participé à ce projet. Elles ont été évaluées sur une base de 18 sujets au moyen d'un ensemble de critères globaux et locaux. Le choix et la définition de ces critères ont été guidés dans le souci d'estimer plus particulièrement la qualité du recalage dans les zones corticales et notamment au niveau des sillons corticaux. L'évaluation portant sur les critères globaux



- a -



- b -



- c -

FIG. 4.2 – Importance relative de chaque mode donnée par : $\frac{\lambda}{\sum_{i=1}^p \lambda_i} \times 100$ selon chaque méthode et pour la classe (a) du sillon central gauche ; (b) du sillon frontal supérieur gauche ; (c) du sillon latéral.

met en avant de meilleures performances des méthodes non rigides et semble indiquer une corrélation entre la qualité du recalage selon les critères retenus et le nombre de degrés de liberté de la transformation. En revanche, l'évaluation portant sur les critères locaux amène à la conclusion surprenante que les méthodes non rigides ne sont pas nécessairement les plus performantes respectivement aux critères retenus. Par conséquent, une méthode de recalage basée uniquement sur l'intensité des voxels des volumes à recaler n'est que partiellement apte à appréhender la très forte variabilité corticale inter-individuelle. Ceci milite en faveur de méthodes hybrides intégrant des contraintes anatomiques dans la formulation du recalage [Collins 96], [Hellier 01a], [Cachier 01], [Johnson 02].

Pour clore ce chapitre, signalons que ce projet d'évaluation peut encore être enrichi, que ce soit par de nouvelles méthodes participantes ou de nouveaux critères. Notamment, une extension en cours particulièrement intéressante est d'étudier l'impact de différentes méthodes de recalage inter-sujets sur des données fonctionnelles [Hellier 02].

Chapitre 5

Recalage fonctionnel inter-individuel

5.1 Introduction

L'application présentée dans ce chapitre s'inscrit dans le cadre du recalage de données anatomiques et fonctionnelles, c'est-à-dire de données multi-sujets multi-modalités, par exemple imagerie par résonance magnétique (IRM) pour des données anatomiques, magnétoencéphalographie (MEG) ou imagerie par résonance magnétique fonctionnelle (IRMf) pour des données fonctionnelles. Tandis que l'imagerie anatomique permet de visualiser la morphologie du cerveau, ses différents tissus, etc., l'imagerie fonctionnelle permet de localiser l'activité cérébrale. Elles produisent des informations complémentaires pouvant être exploitées pour établir une cartographie du cerveau humain ou construire des atlas anatomiques et fonctionnels [Evans 92], [Mazziotta 95], [Toga 97], [Thompson 00]. De tels atlas sont particulièrement destinés à rendre compte de la variabilité inter-individuelle. Leur constitution nécessite tout d'abord de collecter une base de sujets de laquelle pourront être extraites à la fois des informations anatomiques et des informations fonctionnelles, puis d'élaborer des méthodes permettant la comparaison entre différents individus. Ces méthodes, usuellement désignées sous le terme de « méthodes de recalage », constituent un domaine de recherche particulièrement actif [Maintz 98]. Dans [Barillot 99], Barillot aborde la problématique des méthodes de recalage basées sur l'utilisation de repères globaux versus les méthodes de recalage basées sur des repères locaux. La nature de ces deux approches est fondamentalement différente, comme l'illustre la figure 5.1, et elles conduisent à des atlas probabilistes définis dans des espaces différents.

Les méthodes de recalage global sont les plus classiques. Elles recherchent une transformation recalant les cerveaux des différents sujets de la base vers un cerveau cible, ou cerveau de référence, pouvant être par exemple un des cerveaux de la base. La déformation calculée peut alors être appliquée à n'importe quel point du cerveau source, le recalant ainsi vers son homologue dans le cerveau cible. Le recalage est généralement réalisé par optimisation d'une mesure de similarité entre les cerveaux à recaler. Un critère de similarité basé sur l'intensité offre l'avantage d'exploiter toute l'information disponible. Par contre, comme nous l'avons constaté au chapitre précédent, ce type de critère rencontre des difficultés à bien recaler certaines régions, notamment les zones corticales pour lesquelles la variabilité inter-individuelle est très élevée [Hellier 01b], [Hellier 03]. De ce point de vue, les méthodes exploitant de façon explicite des informations anatomiques en recalant

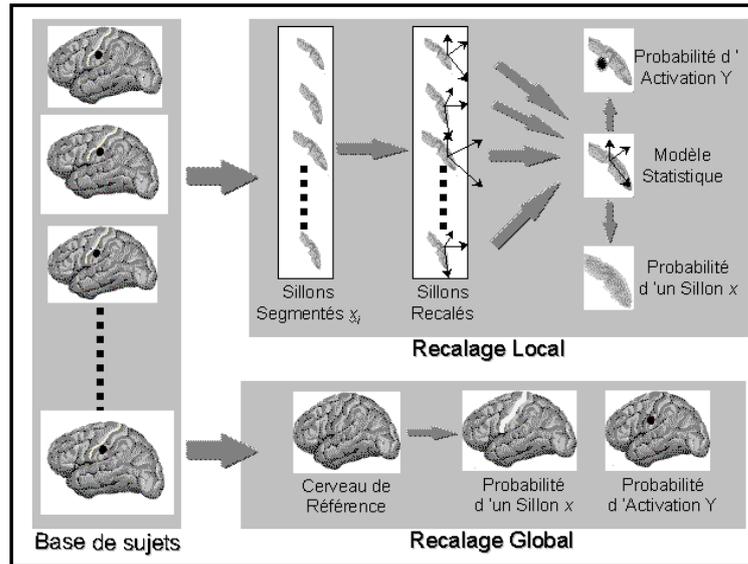


FIG. 5.1 – Exemple de constitution d'atlas probabilistes anatomiques et fonctionnels selon deux méthodologies concurrentes : le « Recalage Global » et le « Recalage Local ». D'après [Barillot 99].

des structures anatomiques particulières sont attractives. Toutefois, ces méthodes peinent notamment à définir un nombre suffisant d'amers reproductibles pour définir une transformation globale dense (qui possède un nombre élevé de degrés de liberté) et appréhender la forte variabilité inter-individuelle.

Dans ce chapitre, nous explorons l'approche dénommée « Recalage Local » sur la figure 5.1. Cette approche est locale au sens où elle considère une structure anatomique particulière, par exemple les sillons corticaux, et qu'elle utilise un référencement local, intrinsèque à la structure considérée. Elle appréhende la variabilité inter-individuelle par le biais d'un modèle statistique de ces structures anatomiques, tel que celui proposé au chapitre 2 pour le cas des sillons corticaux. L'atlas dérivé de cette approche peut par exemple se traduire par des probabilités de localisation d'activations fonctionnelles autour d'un modèle anatomique moyen.

Concrètement, nous proposons ici de recalcr des données fonctionnelles multi-sujets, présentées sous formes de dipôles MEG, sur la base de contraintes anatomiques, les sillons corticaux, et de les exprimer dans un référentiel commun lié au modèle anatomique des sillons. Cette démarche suppose qu'il existe une corrélation entre l'anatomie et la fonction et qu'une part de la variabilité fonctionnelle est encodée sur la variabilité anatomique. Dans la section suivante, nous rappelons les arguments majeurs étayant l'hypothèse d'une corrélation anatomo-fonctionnelle. Nous exposons ensuite la méthode proposée. Nous en donnons d'abord le principe avant de la décrire de manière plus technique. Enfin, nous présentons les résultats obtenus et les comparons à ceux obtenus par des méthodes globales linéaires et non linéaires plus classiques.

5.2 Corrélation anatomo-fonctionnelle

L'hypothèse d'une corrélation entre l'anatomie et la fonction remonte au début du XIX^e siècle. Ainsi, la théorie de la phrénologie, introduite par Gall, arguait qu'il était possible de déterminer les qualités morales et intellectuelles d'un individu, telles que la gaieté ou les dispositions pour le calcul, en observant la morphologie de son crâne. De cette pratique abusive, a perduré l'idée que certaines fonctions mentales puissent être associées à des zones spécifiques du cerveau. Sans pour autant prôner un localisationnisme pur des fonctions cérébrales, plusieurs arguments militent en faveur de l'existence d'une corrélation anatomo-fonctionnelle.

En 1861, Paul Broca met en évidence le rôle d'une zone corticale particulière dans le langage articulé. Il remarque à l'observation du cerveau *post mortem* d'un patient atteint d'aphémie¹, une lésion sur le lobe frontal gauche. Répété sur des patients atteints de troubles similaires, ce procédé de corrélation clinico-pathologique corrobore la première observation, accréditant ainsi l'hypothèse d'une localisation corticale du langage et par extension, d'autres fonctions cognitives.

En 1909, suite à l'observation de l'aspect et de l'agencement des neurones à partir d'études microscopiques de dissections, Brodmann établit une cartographie cytoarchitectonique du cortex. Cette carte, exposée en figure 5.2, montre une correspondance entre certaines aires cytoarchitectoniques et certaines aires fonctionnelles. Par exemple, les aires visuelles, abritées dans le cortex occipital, correspondent aux aires 17, 18 et 19 de Brodmann; les aires somesthésiques correspondent aux aires 1 et 3 tandis les aires motrices correspondent aux aires 4 et 6. Cette carte montre également que des limites d'aires cy-

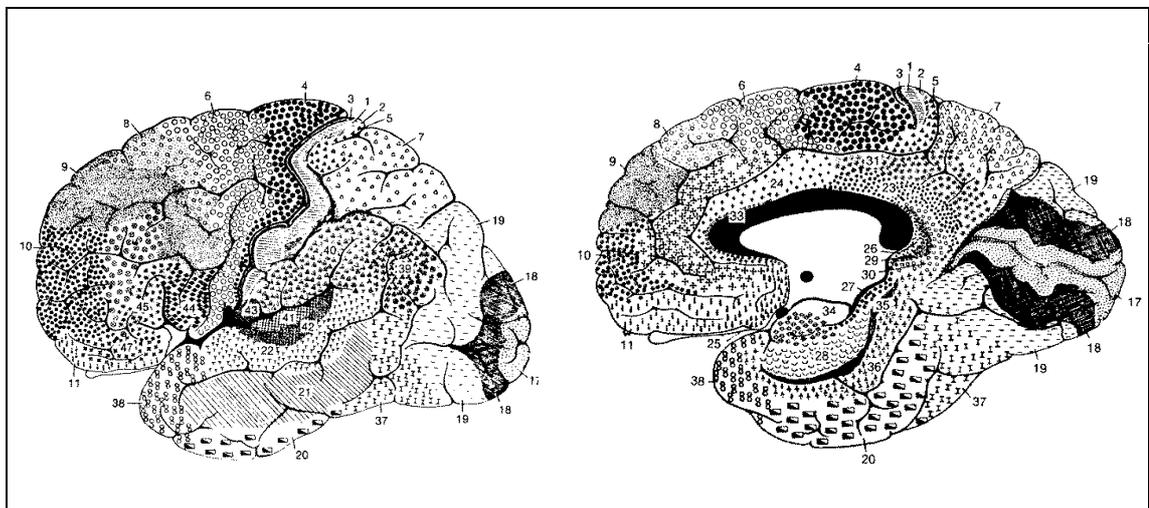


FIG. 5.2 – La cartographie cytoarchitectonique de Brodmann [Brodmann 09].

toarchitectoniques correspondent à un sillon, ce qui laisse penser que les sillons, ou que certains sillons, *pourraient* être des limites anatomiques permettant d'établir une localisation *a priori* de certaines zones fonctionnelles. Ainsi, le sillon central sépare le cortex

1. L'aphémie est une altération du langage portant sur l'articulation et se traduisant parfois par une perte de parole. Elle est aujourd'hui appelée aphasie de Broca.

somesthésique du cortex moteur. Mais si ce lien est *a priori* manifeste pour certaines aires primaires, il apparaît nettement moins flagrant, et pour le moins contesté, lorsque l'on considère les aires associatives.

Cependant, des cartographies fonctionnelles ont pu être établies à la fois chez l'animal et chez l'homme pour certaines zones primaires.

L'étude de Welker et Seidenstein sur le raton laveur [Welker 59], portant sur la variabilité inter-individuelle de la forme des sillons de l'aire somesthésique primaire, a montré une correspondance entre chaque territoire cutané périphérique et l'anatomie sulco-gyrale. Un sillon, s'il existe, sépare systématiquement la représentation corticale de deux récepteurs tactiles distincts de la patte du raton laveur, i.e. la représentation corticale d'un récepteur spécifique ne peut pas être interrompue par un sillon. En revanche, deux représentations corticales de récepteurs distincts ne sont pas systématiquement séparées par un sillon. Cette expérience peut laisser supposer que la présence d'un sillon chez un sujet induit une cartographie fonctionnelle locale qui vaut pour tous les sujets, même pour ceux ne possédant pas ce sillon.

Chez l'homme, une cartographie des aires motrices et somesthésiques a été établie par Penfield et Rasmussen à l'occasion d'études sur l'épilepsie [Penfield 50]. Elle indique une correspondance topologique entre les parties du corps et leurs représentations sur le cortex : deux zones corporelles voisines « se projettent » sur deux zones corticales voisines. Cette propriété répond au nom de « somatotopie ». De plus, une représentation schématique prenant en compte l'étendue spatiale des zones corticales associées à une partie du corps est proposée sous la forme d'un homoncule que l'on peut admirer sur la figure 5.3. De telles propriétés sont également vérifiées pour le cortex visuel et sont dites dans ce cas « propriétés de rétinotopie ». Ainsi, une partie de la rétine est représentée de manière ordonnée sur la surface corticale². Le cortex auditif possède lui aussi des propriétés similaires désignées sous le terme de « tonotopie ».

Conclusion partielle

Sous l'hypothèse d'une corrélation anatomo-fonctionnelle, il apparaît donc raisonnable de considérer les sillons corticaux comme des amers anatomiques pertinents pour la mise en correspondance de données fonctionnelles.

5.3 Méthode de recalage fonctionnel inter-individuel

5.3.1 Principe de la méthode

Au chapitre 2, nous avons construit un modèle statistique de la forme des sillons corticaux. Ce modèle est bâti dans un repère local, \mathcal{R}_s , intrinsèque à la forme sillon, cette dernière étant représentée par le vecteur des points de contrôle modélisant la surface médiane du sillon. Dans \mathcal{R}_s , la forme moyenne est donc calculée et les modes principaux de déformation sont dérivés. Une forme quelconque \mathbf{x} s'écrit alors (cf. section 2.6.2) :

$$\mathbf{x} = \bar{\mathbf{x}} + \Phi_{\mathbf{m}} \mathbf{b}_{\mathbf{m}} \quad (5.1)$$

2. Nous y reviendrons d'ailleurs au chapitre 6.

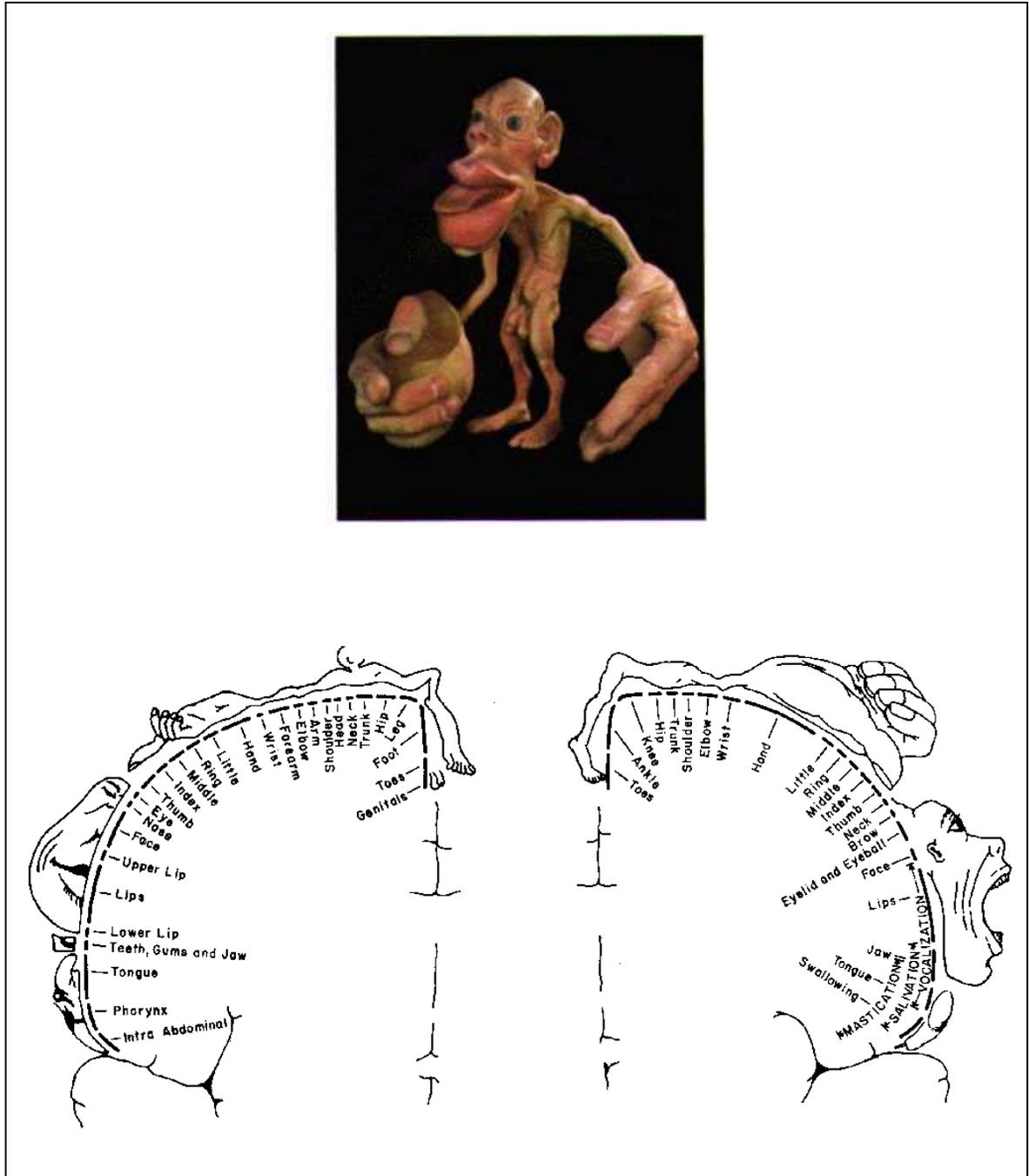


FIG. 5.3 – Les homoncules de Penfield [Penfield 50]. La figure du bas illustre la somatotopie des aires somesthésiques (à gauche) et motrices (à droite).

où $\bar{\mathbf{x}}$ désigne la forme moyenne, $\Phi_{\mathbf{m}}$ est la matrice définissant la base de représentation modale (par m modes), et $\mathbf{b}_{\mathbf{m}}$ est le vecteur de dimension m des amplitudes modales de déformation. Il représente la forme dans l'espace défini par les m premiers modes de déformation.

Le vecteur $(-\Phi_{\mathbf{m}}\mathbf{b}_{\mathbf{m}})$ peut donc être interprété comme un « champ de déformation » entre la forme \mathbf{x} et la forme moyenne $\bar{\mathbf{x}}$. Il s'applique en chaque point de \mathbf{x} et le déforme vers son point homologue sur $\bar{\mathbf{x}}$. Cependant, ce champ de déformation est défini uniquement pour les points de l'espace repéré par \mathcal{R}_s appartenant à la forme \mathbf{x} . Le principe de la méthode consiste à étendre ce champ de déformation à un voisinage du sillon \mathbf{x} . Il devient ainsi applicable à tout point de ce voisinage et permet de recalculer des données originellement situées dans le voisinage d'un sillon particulier d'un cerveau particulier vers un « espace moyen », relatif à la forme moyenne $\bar{\mathbf{x}}$.

Si l'on considère un ensemble de sujets, le recalage des données fonctionnelles est réalisé en deux temps. Un premier recalage consiste à exprimer ces données dans un repère cible qui est le repère intrinsèque \mathcal{R}_s à la forme sillon. C'est ce que nous avons appelé le recalage local rigide (LR) présenté en section 2.5.1. Les données sont alors recalées dans ce que l'on pourrait appeler de façon imagée un « espace local ». Dans un second temps, ces données sont recalées vers la forme moyenne et sont en ce sens recalées dans un « espace moyen ».

En résumé, l'approche proposée consiste à recalculer des données fonctionnelles sur la base d'amers anatomiques. Les hypothèses de travail sous-jacentes sont :

- les sillons corticaux sont des amers anatomiques pertinents pour l'étude fonctionnelle. Cette hypothèse a été discutée plus haut ;
- il existe une variabilité inter-individuelle fonctionnelle dont au moins une part peut être encodée par la variabilité anatomique. Cela implique qu'une autre part en est décorrélée et ne peut être réduite par une normalisation anatomique.

Le recalage proposé vise à modéliser la variabilité anatomique potentiellement inhérente à la variabilité fonctionnelle et à l'en soustraire afin de la réduire. Il est basé sur l'extension du champ de déformation et consiste à interpoler les voisinages spatiaux des sillons source et cible. Nous avons opté pour cela pour une interpolation par thin-plate spline [Duchon 76], [Bookstein 89], [Rohr 96] dont la fonction d'interpolation associe parfaitement les deux ensembles de points homologues et est de classe C^2 .

5.3.2 Interpolation par thin-plate splines

L'utilisation de l'interpolation par thin-plate splines à des fins de recalage en imagerie médicale a d'abord été proposée par Bookstein. Dans [Bookstein 89], il propose une méthode algébrique pour décrire les déformations spécifiées par deux ensembles de points homologues de l'espace euclidien. Cette méthode produit une fonction d'interpolation f qui transforme le premier ensemble de points, l'ensemble source, sur le second, l'ensemble cible. De plus, cette fonction f est définie partout dans l'espace euclidien, et en particulier dans un voisinage des points source, de sorte qu'elle peut être appliquée à un point quelconque de « l'espace source » pour trouver son homologue dans « l'espace cible ».

Soit $\mathcal{P} = \{P_i(x_i, y_i, z_i), i = 1, \dots, n\}$ l'ensemble des points source dans l'espace euclidien et $\mathcal{V} = \{V_i = (x'_i, y'_i, z'_i), i = 1, \dots, n\}$ l'ensemble des points cible. Soit $r_{ij} = |P_i - P_j|$ la

distance euclidienne entre deux points source P_i et P_j . Alors la fonction f est la somme de deux termes : une partie affine déterminant son comportement à l'infini et une partie non linéaire qui est asymptotiquement horizontale :

$$f(x,y,z) = a_1 + a_x x + a_y y + a_z z + \sum_{j=1}^n w_j U(|P_j - (x,y,z)|) \quad (5.2)$$

où

- la fonction de base U est la solution fondamentale de l'équation biharmonique $\Delta^2 U = \delta(0,0,0)$, δ désignant la fonction de Kronecker. On peut montrer [Bookstein 93] que l'équation d'une plaque mince uniforme et originellement plate puis déformée par de petits déplacements est directement lié à l'équation biharmonique. La fonction U est dépendante de la dimension de son espace de définition. Ainsi, en 3D, la fonction U est $U(r) = |r|$, tandis que $U(r) = r^2 \ln r$ en 2D et $U(r) = |r|^3$ en 1D ;
- les coefficients $\mathbf{a} = (a_1, a_x, a_y, a_z)^t$ et $\mathbf{w} = (w_1, w_2, \dots, w_n)^t$ sont les solutions du système linéaire :

$$\begin{cases} \mathbf{K}\mathbf{w} + \mathbf{P}\mathbf{a} = \mathbf{v} \\ \mathbf{P}^t \mathbf{w} = 0 \end{cases}, \quad (5.3)$$

où la matrice \mathbf{K} est une matrice $n \times n$ de terme général $(U(r_{ij}))_{1 \leq i, j \leq n}$, la matrice \mathbf{P} est définie par l'ensemble des points source :

$$\mathbf{P} = \begin{pmatrix} 1 & x_1 & y_1 & z_1 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ 1 & x_n & y_n & z_n \end{pmatrix}, \quad (5.4)$$

et \mathbf{v} est un vecteur contenant une coordonnée de l'ensemble cible. Par exemple, $\mathbf{v} = (x'_1, \dots, x'_n)$, ce qui implique que (5.2) doit être exprimée pour $f_x(x,y,z)$, $f_y(x,y,z)$ et $f_z(x,y,z)$, et que le système (5.3) doit être résolu pour chacune des trois coordonnées x' , y' et z' .

5.3.3 Extension du champ de déformation

La fonction f est calculée à partir d'une forme de sillon \mathbf{x} et de la forme moyenne $\bar{\mathbf{x}}$, ces deux formes étant définies par leurs points de contrôle et appariées point de contrôle à point de contrôle comme décrit en section 2.4 et 2.5. La forme \mathbf{x} est considérée comme l'ensemble source et la forme moyenne comme l'ensemble cible. Le champ de déformation $(-\Phi_{\mathbf{m}} \mathbf{b}_{\mathbf{m}})$ entre \mathbf{x} et $\bar{\mathbf{x}}$ correspond alors à la restriction de f à \mathbf{x} , et le champ de déformation étendu s'interprète par les éléments de $(\mathbf{w} | \mathbf{a})$. Il est désormais défini également à l'extérieur de la forme source \mathbf{x} . Nous pouvons donc l'appliquer aux points appartenant à un certain voisinage de la forme source \mathbf{x} pour les recalcr vers la forme moyenne $\bar{\mathbf{x}}$.

5.3.4 Spécification du voisinage d'un sillon

La fonction f est définie sur \mathbb{R}^3 mais doit être appliquée seulement dans un voisinage de la contrainte. En effet, nous sommes intéressés par la propagation de la déformation sur

tout « l'intervalle d'influence » du sillon d'intérêt et non pas sur tout le cerveau. Il est donc souhaitable de pouvoir limiter explicitement l'influence de l'interpolation par thin-plate spline à un voisinage prédéfini du sillon concerné. En pratique, un tel voisinage pourrait être les gyri adjacents au sillon par exemple.

La spécification du voisinage d'un sillon est réalisée en définissant un volume englobant parallélépipédique, V , spécifiant le voisinage. Cependant, dans le but de préserver la continuité de la transformation, nous définissons un volume flou au travers duquel la déformation s'annule de façon continue. Ce volume flou peut être décrit au moyen d'une fonction, μ_V , définie ainsi :

$$\begin{aligned} \mu_V : \quad \mathbb{R}^3 &\longrightarrow \mathbb{R} \\ X = (x,y,z) &\longmapsto \mu_{V_x}(x) \cdot \mu_{V_y}(y) \cdot \mu_{V_z}(z) \end{aligned} \quad (5.5)$$

où les fonctions μ_{V_i} ont les propriétés suivantes :

- définies sur \mathbb{R} ;
- C^2 , i.e. deux fois différentiable et de dérivée seconde continue ;
- décroissantes sur \mathbb{R}^+ ;
- paires (cette dernière propriété est suffisante lorsque l'on travaille dans l'espace local - elle permet de définir un voisinage symétrique par rapport au repère local) ;
- $\exists t \in \mathbb{R}^{+*}$ tel que $\mu_{V_i}''(t) = 0$, μ_{V_i}'' étant la dérivée seconde de μ_{V_i} .

V_x , V_y et V_z spécifient les limites de la boîte englobante dans les directions x , y et z . Par exemple, si $V_x = [-t_x, t_x]$ alors μ_{V_x} sera choisie telle que $\mu_{V_x}''(t_x) = 0$.

Étant donné une telle fonction μ_V , soit un point $X = (x,y,z) \in \mathbb{R}^3$ et $X_f = (x_f, y_f, z_f)$ son point image issu de l'interpolation par thin-plate spline limitée à un voisinage V . Alors :

$$X_f = f(X) \cdot \mu_V(X) + X \cdot \mu_{\bar{V}}(X) \quad (5.6)$$

où $\mu_{\bar{V}} = 1 - \mu_V$.

La figure 5.4 donne quelques exemples de choix de fonctions μ_V :

1. $\forall t \in \mathbb{R}, \mu_V^{(1)}(t) = \frac{1}{1+kt^2}, k > 0$;
 2. $\forall t \in \mathbb{R}, \mu_V^{(2)}(t) = \begin{cases} 1 & \text{si } 0 \leq |t| \leq a, \\ \frac{1}{2} - \frac{1}{2} \sin[\frac{\pi}{b-a}(|t| - \frac{a+b}{2})] & \text{si } a \leq |t| \leq b, \\ 0 & \text{si } b \leq |t|, \end{cases}$
- avec a et $b \in \mathbb{R}^+$ tels que $a < b$;
3. $\forall t \in \mathbb{R}, \mu_V^{(3)}(t) = e^{-kt^2}, k > 0$.

Nous avons simulé un ensemble de points source et de points cible, représentés en figure 5.5.a et calculé la fonction f correspondant à ces deux ensembles. La figure 5.5.b montre le résultat de l'application de f sur la grille entière. Bien que la déformation s'affaiblisse en s'éloignant de la contrainte, elle demeure influente. Par contre, les figures 5.5.c et 5.5.d illustrent l'effet de l'application de la restriction de f à un voisinage pré-spécifié par une fonction porte pour la figure 5.5.c et par une fonction μ_V pour la figure 5.5.d. La limitation de la déformation au moyen d'une fonction porte est effective mais ne préserve pas la continuité. Au contraire, la restriction de l'interpolation au voisinage de la contrainte

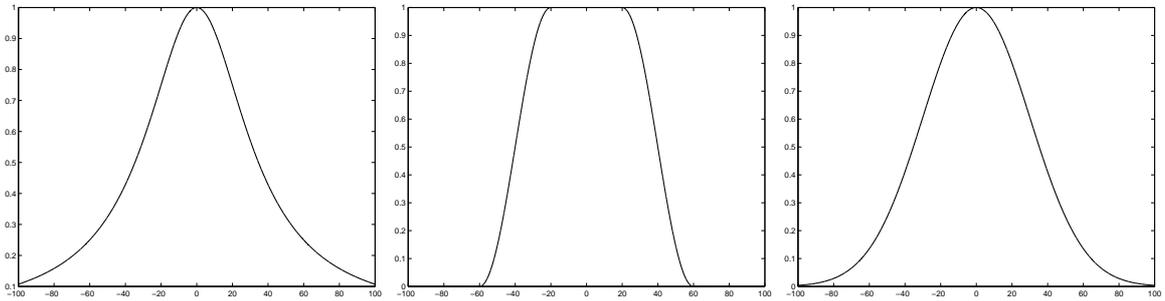


FIG. 5.4 – Exemples de fonctions μ_V . De gauche à droite : $\mu_V^{(1)}$ (fonction inverse) telle que $\mu_V^{(1)''}(20) = 0$; $\mu_V^{(2)}$ (fonction sinus) telle que $\mu_V^{(2)''}(40) = 0$; $\mu_V^{(3)}$ (fonction exponentielle) telle que $\mu_V^{(3)''}(30) = 0$.

par une fonction μ_V est effective et préserve la continuité, comme le montre la figure 5.5.d.

La « boîte englobante floue » jouera un rôle si des données hors du voisinage du sillon doivent être traitées ou encore si plusieurs champs de déformation provenant de différents sillons doivent être utilisés par exemple. Le choix de μ_V ainsi que le réglage des limites de la boîte englobante définissant la « zone d'influence » du sillon incombe à un expert. Cependant, quelques règles simples peuvent être proposées selon l'application. Par exemple, si l'on considère le voisinage d'un sillon comme ses gyri adjacents, t_z peut être défini par l'épaisseur d'un gyrus, cette dernière pouvant être définie par la distance entre les centres de gravité des deux sillons adjacents.

5.4 Expérimentations et résultats

La modélisation statistique des structures anatomiques telles que les sillons corticaux, combinée avec une extrapolation des déformations, peut maintenant être utilisée pour recalculer des activations fonctionnelles de manière locale et non linéaire en utilisant la méthode décrite ci-dessus. Dans la suite, nous noterons NLL cette méthode.

Les données fonctionnelles considérées ici sont des données de magnétoencéphalographie (MEG). Après avoir dit un mot sur cette modalité d'imagerie fonctionnelle, nous présentons plus précisément les données utilisées. Puis, nous menons une étude comparative mettant en jeu des méthodes globales de recalage aussi bien linéaires que non linéaires, afin d'évaluer notre approche. Nous terminons par quelques expérimentations complémentaires sur la méthode NLL.

5.4.1 Un mot sur la magnétoencéphalographie (MEG)

Cette section introduit la magnétoencéphalographie de manière très succincte. Pour une présentation plus approfondie de cette modalité d'imagerie fonctionnelle, nous renvoyons le lecteur à [Baillet 98] et [Cointepas 99] par exemple.

Toute tâche génère une activité cérébrale se traduisant par une modification de l'ac-

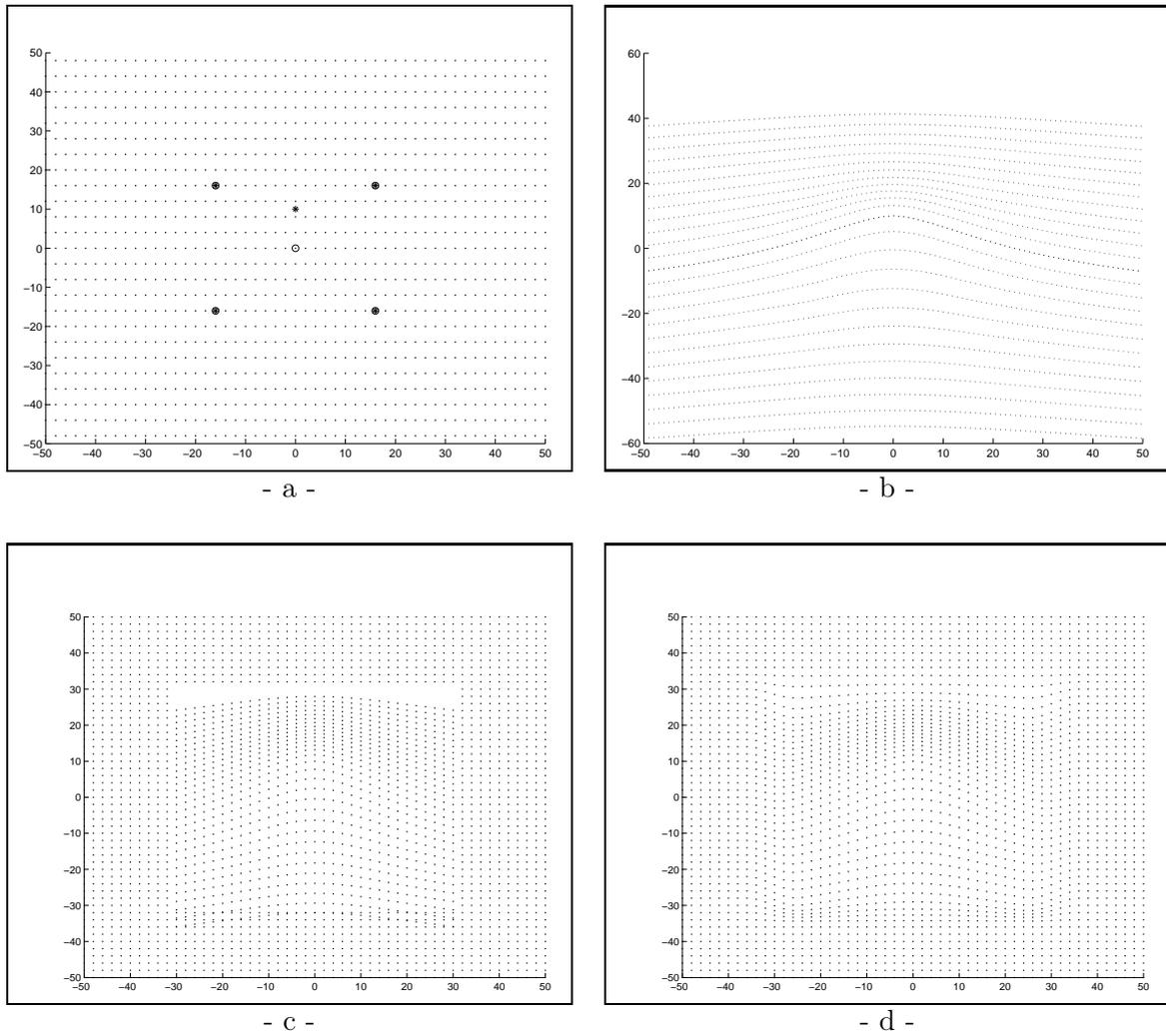


FIG. 5.5 – (a) Données simulées : les cercles sont les points source, les astérisques sont les points cibles et les points représentent la grille initiale ; (b) la grille initiale est déformée en appliquant la fonction f calculée à partir des ensembles de points source et cible ; (c) l'application de la fonction f est restreinte par une fonction non continue (fonction porte) ; (d) l'application de f est restreinte par une fonction continue, en l'occurrence la fonction sinus présentée plus haut, i.e. $\mu_V^{(2)}$.

tivité électrique au sein du cerveau. Cela induit des différences de potentiels, mais aussi des champs magnétiques. La magnétoencéphalographie enregistre ces flux de champs magnétiques et fournit alors une mesure de l'activité cérébrale. En général, la zone cérébrale active est représentée par un dipôle (dipôle équivalent ayant généré le champ magnétique mesuré).

Usuellement en magnétoencéphalographie, l'activité cérébrale est mesurée indirectement en surface. La résolution d'un problème inverse, bien que fondamentalement mal posé, permet alors de localiser les sources. Les images produites bénéficient d'une résolution temporelle élevée (de l'ordre de la milliseconde), mais leur résolution spatiale n'est pas exceptionnelle (précision de quelques millimètres).

5.4.2 Les données

Les données à recalculer sont des dipôles MEG correspondant à une activation somesthésique de trois des doigts de la main droite, précisément le pouce, l'index et l'auriculaire. Ces données proviennent de 15 volontaires parmi les 18 sujets de la base utilisée dans la première partie de ce document. Cette base est constituée de 18 sujets mâles, âgés de 35 ± 10 ans, droitiers et sains et dont les volumes IRM correspondants ont été acquis par une étude T1-MR SPGR 3D. Les dipôles MEG ont été reconstruits par un algorithme spatiotemporel [Schwartz 99] et sélectionnés en choisissant le dipôle le plus significatif dans une fenêtre de 45 ± 15 ms. Par conséquent, trois dipôles, un pour chaque doigt, sont disponibles pour chacun des 15 volontaires.

Notre objectif n'étant pas d'expliquer des processus physiologiques complexes mais plutôt d'étudier le comportement de la méthode de recalage proposée, ce paradigme est tout à fait approprié. Il est en effet simple et bien maîtrisé. Ainsi, les dipôles considérés obéissent *a priori* à une organisation somatotopique. Comme indiqué sur l'homoncule de Penfield (cf. figure 5.3), les dipôles doivent en premier lieu être situés dans la région du sillon central et plus précisément dans le gyrus postcentral. Précisons également qu'étant issus de stimuli sur la main droite, ces dipôles sont localisés dans l'hémisphère gauche. En second lieu, ils doivent être ordonnés sur le gyrus de façon identique au travers de la base, i.e. de l'auriculaire au pouce en passant par l'index selon la direction tête-pied.

En dépit de la simplicité du protocole, la reconstruction des sources en MEG [Schwartz 99] et le recalage MEG/IRM [Schwartz 96] demeurent une tâche extrêmement difficile, et les positions des dipôles MEG peuvent être entachées d'erreur. Les sources d'erreurs potentielles proviennent donc du recalage MEG/IRM, de la localisation des sources, mais également de la précision de la machine et du bougé du sujet. Ainsi, certains dipôles de la base sont à l'évidence mal localisés, comme ceux situés du mauvais côté du sillon par exemple. Cependant, nous avons décidé de conserver l'ensemble des dipôles lors de nos expérimentations. De plus, les dipôles appartenant aux gyri adjacents au sillon central gauche sont considérés appartenir au voisinage de ce sillon.

5.4.3 Étude comparative

Dans cette partie, nous appliquons le recalage local non linéaire proposé aux données MEG présentées ci-dessus et comparons ses performances à celles de méthodes de recalage global inter-individuel plus classiques. Après avoir présenté plus précisément les méthodes participantes, nous définissons des critères d'évaluation, puis analysons les résultats obtenus.

Les méthodes

Six méthodes sont considérées dans cette étude comparative, trois locales relatives à l'approche proposée, et trois globales.

Les trois méthodes locales sont :

- la méthode de recalage local rigide, notée LR, présentée en section 2.5.1. Cette méthode est définie via un changement de repère et consiste à positionner chaque dipôle initialement exprimé dans son repère image, dans le repère local \mathcal{R}_s intrinsèque à la forme sillon ;
- la méthode locale non linéaire, notée NLL, proposée dans ce chapitre. Les dipôles sont d'abord recalés dans \mathcal{R}_s par la méthode LR. Puis, le modèle statistique du sillon central gauche étant construit (cf. chapitre 2), nous calculons pour chaque sujet le champ de déformation étendu ($\mathbf{w} \mid \mathbf{a}$) entre \mathbf{x} , le sillon central gauche de ce sujet, et $\bar{\mathbf{x}}$, le sillon central gauche moyen. Nous l'appliquons alors à chacun des trois dipôles de ce sujet.

Nous présentons deux tests différant par le nombre de modes, m , utilisé dans la construction du champ de déformation ($-\Phi_m \mathbf{b}_m$), et par conséquent dans la reconstruction du sillon \mathbf{x} :

- le premier est réalisé avec tous les modes ($m = 17$). La méthode NLL appliquée dans ce cas est notée NLL1,
- le second test est réalisé avec seulement cinq modes. La méthode NLL appliquée dans ce cas est alors notée NLL2.

Les trois méthodes globales considérées recherchent une transformation globale, i.e. à appliquer à tout le volume, entre le volume source et le volume cible, la cible étant un sujet de la base choisi comme référence. Elles diffèrent notamment par la mesure de similarité utilisée et le type de transformation recherché. Ces trois méthodes sont :

- une méthode globale rigide, notée GR. GR recherche à maximiser l'information mutuelle [Collignon 95], [Viola 95] ;
- une méthode globale affine par morceaux, notée QP, qui n'est autre que le recalage basé sur le quadrillage proportionnel de Talairach [Talairach 88]. Une transformation affine est calculée sur chacun des douze sous-volumes (six par hémisphère) définis par le quadrillage proportionnel de Talairach ;
- une méthode non linéaire globale, notée NLG. Il s'agit d'une méthode basée sur le flot optique et sur un schéma d'optimisation robuste permettant d'estimer un champ dense de vecteurs de déformation [Hellier 01c]. Ce champ est calculé avec une grille de résolution de 1 mm.

La transformation, ou le champ de déformation, issue de chacune des trois méthodes de recalage global inter-individuel GR, QP et NLG, est appliquée aux dipôles MEG. Ceux-ci se trouvent alors exprimés dans le repère image du sujet de référence. À des fins de comparaison, nous repositionnons ces dipôles recalés dans le repère local au moyen de la méthode LR. Les résultats concernant les méthodes locales ainsi que les méthodes globales sont donc exprimés dans un même repère : le repère local. Toutes les méthodes étant traitées également par rapport au recalage local rigide LR, celui-ci servira de référence. Dans la suite, tout élément relatif à un repère sera référencé par le repère local sans que nous le précisions systématiquement.

Finalement, l'étude comparative porte sur six méthodes : trois méthodes locales, LR, NLL1 et NLL2, et trois méthodes globales, GR, QP et NLG.

Les critères

Nous attendons d'une méthode de recalage qu'elle réduise les dissimilarités existant au sein des données originales. En ce qui concerne les dipôles à recalés ici, ces dissimilarités se manifestent typiquement en termes de localisation. Aussi, les critères pour lesquels nous avons opté afin d'évaluer comparativement les performances des méthodes de recalage présentées ci-dessus, sont-ils essentiellement des mesures de dispersion concernant la position des dipôles recalés.

Critère visuel Le premier critère s'appuie sur l'observation visuelle des dipôles recalés.

Mesures objectives de dispersion Ensuite, nous calculons la matrice de covariance des localisations des dipôles ainsi que son déterminant. Cela permet l'étude de la variance des positions des dipôles selon chaque axe et fournit une mesure objective compacte de la dispersion tridimensionnelle des dipôles recalés.

Étude statistique Enfin, nous menons une étude statistique pour déterminer si les méthodes examinées produisent des résultats significativement différents au sens statistique du terme. Cette étude est basée sur des tests d'hypothèses qui permettent de confronter deux hypothèses et de décider de la validité de l'une d'elles. Soit H_0 et H_1 deux hypothèses, dont une et une seule est vraie. Ayant formulé H_0 , H_1 peut être aussi simple que « non H_0 ». La décision, induite par le résultat du test, consiste à choisir H_0 ou H_1 . Au préalable, la probabilité α de choisir H_1 alors que H_0 est vraie doit être fixée, les valeurs de α étant usuellement 0.01, 0.05 ou 0.1. En d'autres termes, si l'hypothèse H_0 a seulement une probabilité α de se produire alors elle est rejetée et l'hypothèse H_1 est acceptée.

Nous utilisons le test ANOVA (pour « ANalysis Of VAriance » en anglais) et les tests de Fisher-Snedecor et de Student [Saporta 90]. L'ANOVA est utilisée pour déterminer s'il existe des différences significatives entre plusieurs populations. Elle teste l'égalité des moyennes des échantillons à l'aide d'un critère s'appuyant sur les variances inter- et intra-échantillons. Le test de Fisher-Snedecor et Student, quant à lui, est censé déterminer si deux échantillons, supposés indépendants, proviennent d'une même population respectivement à une variable étudiée. Il teste d'abord l'égalité de leurs variances par le test de Fisher-Snedecor, puis l'égalité de leurs moyennes, par le test de Student, dans le cas où les variances ont été déclarées égales. Notons que les tests ANOVA et de Fisher-Snedecor

supposent que la variable étudiée suit une loi gaussienne sur tous les échantillons, alors que le test de Student est robuste à un changement de loi.

Dans la suite, nous considérons un groupe de dipôles correspondant à un doigt donné et recalés par une méthode de recalage donnée, comme un échantillon. Alors, pour un doigt donné, l'application de chacune des six méthodes de recalage testées produit six échantillons, et l'hypothèse d'indépendance entre échantillons peut raisonnablement être admise. Notons que pour un doigt donné, l'ANOVA considère les six échantillons à la fois alors que les tests de Fisher-Snedecor et de Student les analysent deux par deux. Cela signifie que les tests doivent être répétés pour chacun des trois doigts, et pour chaque couple de méthodes possible dans le cas des tests de Fisher-Snedecor et de Student. Par conséquent, la réalisation de ces tests permet une comparaison globale des méthodes par l'ANOVA et une comparaison deux à deux dans le cas des tests de Fisher-Snedecor et Student.

Nous avons examiné la localisation des dipôles en étudiant séparément leurs coordonnées x , y et z . Pour examiner la dispersion des dipôles, nous avons étudié la distribution de la distance, le long de chaque axe, entre un dipôle et son dipôle moyen, soit les variables $\sqrt{(x - \bar{x})^2}$, $\sqrt{(y - \bar{y})^2}$ et $\sqrt{(z - \bar{z})^2}$.

Au préalable, nous avons testé la validité de l'hypothèse gaussienne pour chaque distribution par examen de son coefficient d'asymétrie, γ_1 , et d'aplatissement, γ_2 . Ceux-ci sont donnés par :

$$\gamma_1 = \frac{\mu_3}{\sigma^3} \quad (5.7)$$

et

$$\gamma_2 = \frac{\mu_4}{\sigma^4} \quad (5.8)$$

où μ_k désigne le moment centré d'ordre k et σ l'écart-type. Les coefficients γ_1 et γ_2 valent respectivement 0 et 3 pour une distribution normale. Les tests réalisés, s'ils s'avèrent positifs, ne garantissent pas que la distribution considérée soit gaussienne. En revanche, s'ils s'avèrent négatifs, la distribution ne peut être considérée comme gaussienne.

Présentation des résultats

Critère visuel La figure 5.6 montre les dipôles correspondant à l'activation somesthésique du pouce recalés par chacune des six méthodes. Nous observons que la méthode NLL regroupe les dipôles autour du plan du sillon moyen tandis que les méthodes globales semblent conduire à des dispersions assez similaires.

Mesures objectives de dispersion Les tables 5.1 et 5.2 présentent respectivement le déterminant de la matrice de covariance des localisations des dipôles MEG et l'écart-type³ de ces localisations selon les axes x , y et z . Ces mesures confirment l'observation visuelle.

3. Nous avons préféré présenter l'écart-type selon chaque axe plutôt que la variance car il s'exprime dans la même unité que les dimensions du sillon, i.e. le mm.

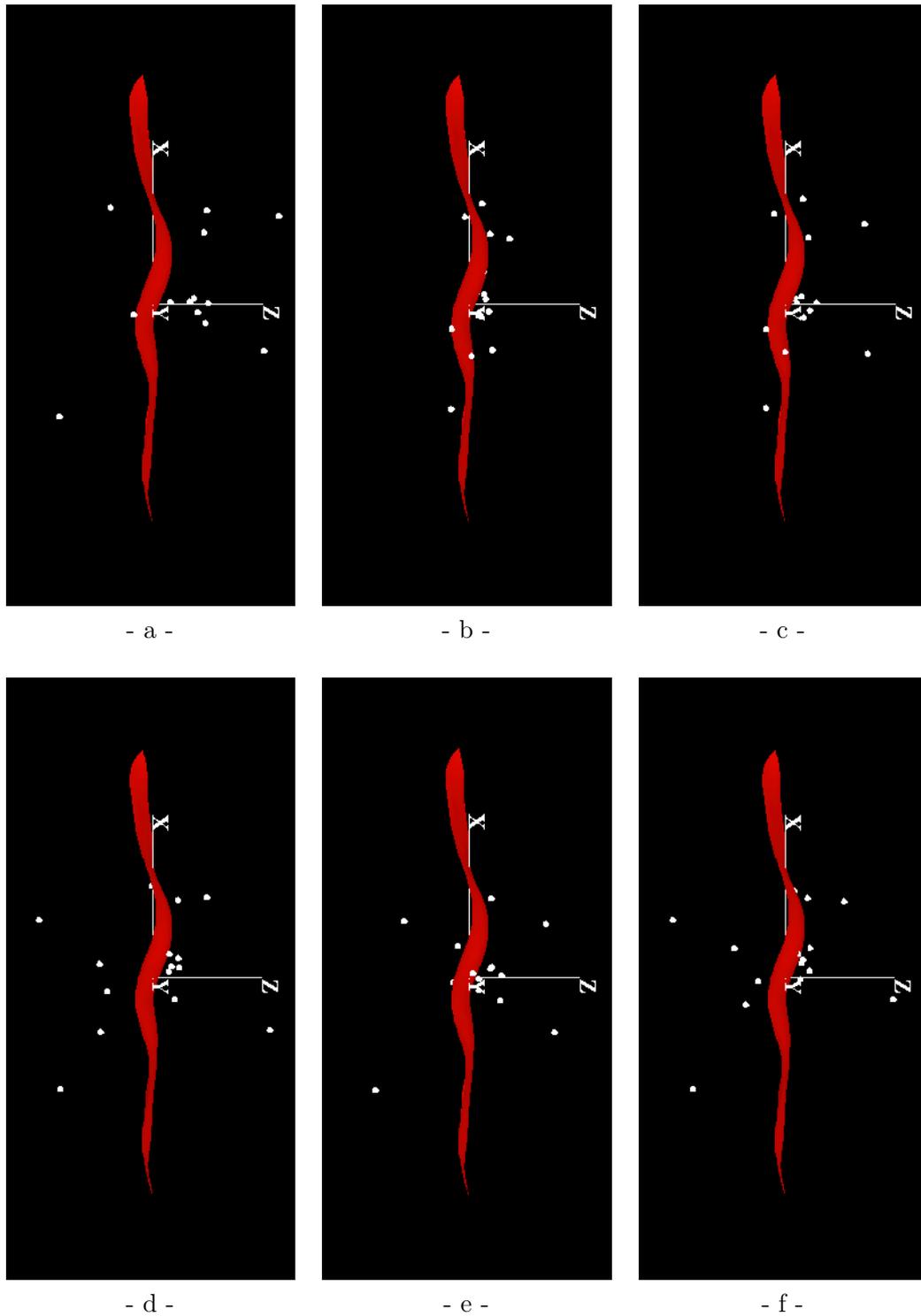


FIG. 5.6 – Recalage des dipôles MEG correspondant à une activation somesthésique du pouce par chacune des six méthodes de recalage. Le sillon représenté est le sillon central gauche moyen. (a) méthode LR : les dipôles sont recalés de manière rigide ; (b-c) méthode NLL : les dipôles sont recalés par le champ de déformation étendu, (b) $m = 17$, (c) $m = 5$; (d-f) les dipôles sont recalés par une méthode globale : (d) méthode GR, (e) méthode QP, (f) méthode NLG.

<i>Méthodes locales</i>	LR	NLL1 (m=17)	NLL2 (m=5)
pouce	217671	6439	30793
index	292114	13479	45125
auriculaire	343260	18735	91921
<i>Méthodes globales</i>	GR	QP	NLG
pouce	175873	65201	119487
index	241181	112660	245742
auriculaire	268867	98649	270147

TAB. 5.1 – Déterminant de la matrice de covariance des localisations des dipôles MEG pour des activations somesthésiques (pouce, index, auriculaire) après recalage par les méthodes locales : recalage local rigide (LR), recalage basé sur l'interpolation par thin-plate spline (NLL1 pour $m=17$ et NLL2 pour $m=5$), et après recalage par les méthodes globales (GR, QP, NLG).

<i>Méthodes locales</i>	LR			NLL1 ($m = 17$)			NLL2 ($m = 5$)		
pouce	10.33	5.78	9.77	9.90	5.26	2.66	10.15	5.22	5.19
index	10.07	6.11	9.40	9.44	5.98	2.38	9.77	5.73	4.06
auriculaire	10.32	6.67	10.28	9.73	6.35	2.81	9.94	6.39	5.56
<i>Méthodes globales</i>	GR			QP			NLG		
pouce	9.85	4.71	10.45	8.84	3.88	7.96	8.91	4.77	9.90
index	9.86	5.38	9.78	9.17	5.15	7.96	9.26	6.19	9.13
auriculaire	10.04	5.55	10.37	9.36	4.91	7.25	9.61	6.16	9.84

TAB. 5.2 – Écart-type en x , y et z des localisations des dipôles MEG pour des activations somesthésiques (pouce, index, auriculaire) après recalage local rigide (LR), recalage basé sur l'interpolation par thin-plate spline (NLL) pour $m = 17$ et $m = 5$, et recalage global (méthodes GR, QP, NLG). L'unité est le mm, sachant que les dimensions en longueur (axe x), profondeur (axe y) et épaisseur (axe z) d'une boîte englobant un sillon sont respectivement de l'ordre de 100, 30 et 23 mm.

	γ_1 min/max	γ_2 min/max		γ_1 min/max	γ_2 min/max
x_{pouce}	0.0005/0.842	2.457/4.044	$\sqrt{(x - \bar{x})^2}_{pouce}$	0.484/1.350	2.074/4.523
x_{index}	0.481/1.429	3.967/5.602	$\sqrt{(x - \bar{x})^2}_{index}$	1.415/2.109	3.986/7.036
x_{auric}	0.656/1.332	4.023/5.268	$\sqrt{(x - \bar{x})^2}_{auric}$	1.638/2.325	4.931/8.193

	γ_1 min/max	γ_2 min/max		γ_1 min/max	γ_2 min/max
y_{pouce}	0.047/0.500	2.538/4.108	$\sqrt{(y - \bar{y})^2}_{pouce}$	0.887/1.306	3.089/4.072
y_{index}	0.231/1.383	2.459/4.683	$\sqrt{(y - \bar{y})^2}_{index}$	0.609/1.698	1.948/5.724
y_{auric}	0.166/0.784	2.085/4.649	$\sqrt{(y - \bar{y})^2}_{auric}$	0.463/1.718	2.128/3.700

	γ_1 min/max	γ_2 min/max		γ_1 min/max	γ_2 min/max
z_{pouce}	0.159/0.980	2.816/3.503	$\sqrt{(z - \bar{z})^2}_{pouce}$	0.970/1.083	2.524/2.913
z_{index}	0.161/0.875	2.340/3.384	$\sqrt{(z - \bar{z})^2}_{index}$	0.554/1.153	1.957/3.807
z_{auric}	0.059/0.883	2.440/2.831	$\sqrt{(z - \bar{z})^2}_{auric}$	0.576/0.997	2.124/2.769

TAB. 5.3 – Minimum et maximum sur les six échantillons considérés et pour chaque doigt (pouce, index, auriculaire) des coefficients d'asymétrie, γ_1 , et d'aplatissement, γ_2 , relativement aux variables suivantes : x , y , z et $\sqrt{(x - \bar{x})^2}$, $\sqrt{(y - \bar{y})^2}$, $\sqrt{(z - \bar{z})^2}$. Nous rappelons qu'un échantillon est constitué des dipôles correspondant à un doigt donné et recalés par une méthode donnée. Pour une distribution gaussienne, $\gamma_1 = 0$ et $\gamma_2 = 3$. Pour un échantillon de cardinal égal à 15, le coefficient d'asymétrie empirique doit être inférieur à la valeur critique v_s , qui est $v_s = 0.851$ pour $\alpha = 0.05$ et $v_s = 1.272$ pour $\alpha = 0.1$; le coefficient d'aplatissement empirique doit être compris entre 1.72 et 4.13 pour $\alpha = 0.05$.

Le déterminant indique une dispersion moindre pour la méthode NLL. L'écart-type le long des axes x , y et particulièrement z est considérablement réduit. Cependant, nous notons une dispersion plus faible pour la méthode QP que pour les méthodes GR et NLG. Concernant la méthode NLL appliquée avec un nombre restreint de modes (cas $m = 5$), la dispersion des dipôles observée, en accord avec le déterminant de la matrice de covariance, est plus importante que dans le cas où tous les modes sont conservés, mais toujours plus faible que celle observée dans le cas de la méthode LR.

Étude statistique La table 5.3 présente les résultats concernant les tests de gaussianité de chacune des variables étudiées. Les tests ANOVA et de Fisher-Snedecor et de Student ont été menés en conséquence. Les résultats des tests de Fisher-Snedecor et de Student sont présentés sur les figures 5.4, 5.5 et 5.6.

Nous dressons ici les constatations principales pouvant en être tirées.

Très peu de différences significatives entre les méthodes apparaissent en ce qui concerne les distributions relatives aux axes x et y . Nous notons une différence légère avec $\alpha = 0.05$ pour la distribution en y du pouce entre NLL1 et QP et avec $\alpha = 0.1$ entre LR et QP, NLL2 et QP, NLG et QP. Nous notons également une différence avec $\alpha = 0.1$ entre QP et

	x_{pouce}	y_{pouce}	z_{pouce}	z_{index}	z_{auric}	$\sqrt{(z - \bar{z})^2}_{pouce}$	$\sqrt{(z - \bar{z})^2}_{index}$	$\sqrt{(z - \bar{z})^2}_{auric}$
LR/NLL1	1.09	1.21	13.44	15.54	13.42	12.03	12.15	12.93
LR/NLL2	1.03	1.23	3.54	5.35	3.42	2.73	4.06	2.73
LR/GR	1.10	1.51	1.14	1.08	1.02	1.01	1.41	1.02
LR/QP	1.36	<i>2.22</i>	1.51	1.39	2.01	1.17	1.14	<i>2.19</i>
LR/NLG	1.34	1.47	1.03	1.06	1.09	1.01	1.25	1.05
NLL1/NLL2	1.05	1.02	3.79	2.90	3.93	4.41	2.99	4.74
NLL1/GR	1.09	1.25	15.37	16.81	13.66	12.14	17.13	13.16
NLL1/QP	1.25	1.84	8.91	11.14	6.68	10.31	10.67	5.89
NLL1/NLG	1.23	1.22	13.79	14.64	12.30	11.93	15.16	12.30
NLL2/GR	1.06	1.23	4.05	5.79	3.48	2.75	5.72	2.77
NLL2/QP	1.32	1.81	<i>2.35</i>	3.84	1.70	<i>2.34</i>	3.56	1.24
NLL2/NLG	1.30	1.20	3.64	5.05	3.13	2.70	5.07	2.59
GR/QP	1.24	1.47	1.72	1.51	<i>2.04</i>	1.18	1.61	<i>2.23</i>
GR/NLG	1.22	1.03	1.11	1.15	1.11	1.02	1.13	1.07
QP/NLG	1.01	1.51	1.55	1.31	1.84	1.16	1.42	<i>2.09</i>

TAB. 5.4 – Valeurs de la variable de Fisher-Snedecor, F^* , pour les tests réalisés sur chaque paire de méthodes de recalage (LR, NLL1, NLL2, GR, QP et NLG) relativement aux variables : x et y (pour les échantillons du pouce), z et $\sqrt{(z - \bar{z})^2}$ (pour les échantillons du pouce, de l'index et de l'auriculaire). Étant donné deux échantillons de cardinal n et ayant pour variances empiriques σ_1^2 et σ_2^2 , alors $F^* = F_{n-1}^* = \frac{\sigma_1^2}{\sigma_2^2}$; et ces deux échantillons sont significativement différents si $F^* > F_{14}$ avec $F_{14} = 2.48$ pour $\alpha = 0.05$ et $F_{14} = 2.02$ pour $\alpha = 0.1$. Les nombres en gras, respectivement en italique, indiquent une différence significative pour $\alpha = 0.05$, respectivement pour $\alpha = 0.1$.

	x_{pouce}	x_{index}	$x_{auriculaire}$	y_{pouce}	y_{index}	$y_{auriculaire}$
LR/NLL1	0.098	0.114	0.086	0.663	0.529	0.426
LR/NLL2	0.027	0.013	0.045	0.418	0.350	0.240
LR/GR	0.054	0.068	0.056	0.650	0.480	0.642
LR/QP	0.134	0.196	0.279	1.442	1.034	1.212
LR/NLG	0.344	0.310	0.222	0.085	0.074	0.035
NLL1/NLL2	0.071	0.129	0.135	0.261	0.192	0.189
NLL1/GR	0.044	0.045	0.030	1.420	1.049	1.126
NLL1/QP	0.032	0.084	0.197	2.329	1.621	<i>1.740</i>
NLL1/NLG	0.457	0.440	0.318	0.640	0.454	0.407
NLL2/GR	0.027	0.087	0.103	1.152	0.870	0.920
NLL2/QP	0.106	0.213	0.332	<i>2.044</i>	1.453	1.521
NLL2/NLG	0.376	0.302	0.179	0.370	0.273	0.213
GR/QP	0.079	0.128	0.224	0.852	0.584	0.603
GR/NLG	0.411	0.384	0.283	0.813	0.560	0.711
QP/NLG	0.518	0.530	0.523	<i>1.737</i>	1.114	1.316

TAB. 5.5 – Valeurs de la variable de Student, T^* , pour les tests réalisés sur chaque paire de méthodes de recalage (LR, NLL1, NLL2, GR, QP et NLG) relativement aux variables : x et y (pour les échantillons du pouce, de l'index et de l'auriculaire). Étant donné deux échantillons de cardinal n et de moyenne empirique \bar{x}_1 et \bar{x}_2 , et de variances empiriques σ_1^2 et σ_2^2 , alors $T^* = T_{2(n-1)}^* = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{\sqrt{(\sigma_1^2 + \sigma_2^2)}} \sqrt{(n-1)}$; et ces deux échantillons sont significativement différents si $T^* > T_{28}$ avec $T_{28} = 2.048$ pour $\alpha = 0.05$ et $T_{28} = 1.701$ pour $\alpha = 0.1$. Les nombres en gras, respectivement en italique, indiquent une différence significative pour $\alpha = 0.05$, respectivement pour $\alpha = 0.1$.

	$\sqrt{(x - \bar{x})^2}_{pouce}$	$\sqrt{(x - \bar{x})^2}_{index}$	$\sqrt{(x - \bar{x})^2}_{auric}$	$\sqrt{(y - \bar{y})^2}_{pouce}$	$\sqrt{(y - \bar{y})^2}_{index}$	$\sqrt{(y - \bar{y})^2}_{auric}$
LR/NLL2	0.052	0.212	0.147	0.115	0.264	0.148
LR/GR	0.279	0.033	0.054	0.807	0.499	0.841
LR/QP	0.704	0.256	0.194	1.189	0.560	1.450
LR/NLG	0.689	0.385	0.432	0.436	0.020	0.139
NLL1/NLL2	0.076	0.166	0.287	0.236	0.482	0.235
NLL1/GR	0.159	0.425	0.382	1.029	0.741	0.434
NLL1/QP	0.590	0.145	0.268	1.538	0.818	1.027
NLL1/NLG	0.576	0.002	0.002	0.621	0.215	0.266
NLL2/GR	0.231	0.251	0.096	0.770	0.234	0.712
NLL2/QP	0.658	0.031	0.038	1.209	0.287	1.339
NLL2/NLG	0.643	0.167	0.292	0.357	0.243	0.018
GR/QP	0.412	0.300	0.140	0.317	0.046	0.637
GR/NLG	0.399	0.431	0.388	0.453	0.477	0.780
QP/NLG	0.011	0.146	0.274	0.867	0.536	1.452

TAB. 5.6 – Valeurs de la variable de Student, T^* , pour les tests réalisés sur chaque paire de méthodes de recalage (LR, NLL1, NLL2, GR, QP et NLG) relativement aux variables : $\sqrt{(x - \bar{x})^2}$ and $\sqrt{(y - \bar{y})^2}$ (pour les échantillons du pouce, de l'index et de l'auriculaire). Étant donné deux échantillons de cardinal n et de moyenne empirique \bar{x}_1 et \bar{x}_2 , et de variances empiriques σ_1^2 et σ_2^2 , alors $T^* = T_{2(n-1)}^* = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{\sqrt{(\sigma_1^2 + \sigma_2^2)}} \sqrt{(n-1)}$; et ces deux échantillons sont significativement différents si $T^* > T_{28}$ avec $T_{28} = 2.048$ pour $\alpha = 0.05$ et $T_{28} = 1.701$ pour $\alpha = 0.1$. Les nombres en gras, respectivement en italique, indiquent une différence significative pour $\alpha = 0.05$, respectivement pour $\alpha = 0.1$.

NLL1 pour la distribution en y de l'auriculaire.

Par contre, un test ANOVA pratiqué sur les distributions relatives à l'axe des z met en évidence une différence significative entre les méthodes pour $\alpha = 0.05$, comme le montre la table 5.7.

$\sqrt{(z - \bar{z})^2}_{pouce}$	3.42
$\sqrt{(z - \bar{z})^2}_{index}$	3.91
$\sqrt{(z - \bar{z})^2}_{little}$	3.68

TAB. 5.7 – Valeurs F^* issues de l'ANOVA pour des tests pratiqués sur les six échantillons correspondant aux six méthodes de recalage (LR, NLL1, NLL2, GR, QP, NLG) pour chacun des trois doigts par rapport à la variable $\sqrt{(z - \bar{z})^2}$. On conclut à une différence significative entre les méthodes si $F^* > F$ avec $F = 2.33$ à $\alpha = 0.05$.

De plus, des comparaisons deux à deux révèlent une différence significative entre la méthode NLL et toutes les autres pour $\alpha = 0.05$, sauf entre NLL2 et QP pour le pouce où une différence apparaît mais seulement à $\alpha = 0.1$ et pour l'auriculaire où aucune différence n'apparaît. Nous constatons également une différence entre la méthode QP et les méthodes LR, GR et NLG pour l'auriculaire à $\alpha = 0.1$.

Discussion

Nous avons donc constaté une différence significative entre les méthodes locales et les méthodes globales. Le cas de la méthode QP, qui se distingue des autres méthodes globales peut être éclairé du fait que la méthode QP est par construction pertinente et précise dans la région centrale. Elle repose en effet sur la localisation des points anatomiques CA-CP. Pour éclairer les différences observées entre les méthodes globales et la méthode NLL, il faut souligner que les méthodes globales GR, QP et NLG reposent plus sur des informations de luminance que sur des informations anatomiques, alors que la méthode NLL s'appuie fortement sur des contraintes anatomiques. Cela va dans le sens des travaux introduisant des contraintes anatomiques locales dans le processus de recalage global [Collins 96], [Helier 01a], [Cachier 01], [Johnson 02].

En ce qui concerne la méthode NLL, le regroupement dans la direction z était prévisible car la déformation est normale au plan du sillon moyen dans ce système de coordonnées. La déformation anatomique observée entre les deux sillons est en effet plus importante le long de cet axe et la méthode NLL est spécifiquement conçue pour l'interpoler entre les deux sillons.

Le cas $m = 5$ montre l'intérêt et la pertinence d'une représentation compacte des formes puisque la dispersion des dipôles observée est certes plus grande qu'avec tous les modes ($m = 17$), mais toujours plus faible que celle observée dans le cas de la méthode LR. Conserver seulement cinq modes dans la construction de $(-\Phi_m \mathbf{b}_m)$ peut être considéré comme une approximation de la forme individuelle originale, régularisée par l'apprentissage statistique. Cette approximation conserve la « forme principale » du sillon caractérisant le sujet et rejette les caractéristiques atypiques présentes dans la base. Ces caractéristiques peuvent provenir d'erreurs de traitement comme par exemple des erreurs de segmentation non systématiques, ainsi que de caractéristiques morphologiques non typiques présentes

dans l'ensemble d'apprentissage.

L'hypothèse sous-jacente à cette étude, arguant qu'une part de la variabilité inter-individuelle fonctionnelle est encodée dans la variabilité anatomique, argue également qu'une part en est décorrélée et ne peut être réduite par une normalisation anatomique. Les résultats montrent que la méthode NLL réduit effectivement la variabilité fonctionnelle inter-sujets observée initialement. La variabilité résiduelle que nous observons résulte de cette variabilité irréductible et bien sûr d'erreurs accumulées tout au long de la chaîne de traitement (recalage multimodal, reconstruction des dipôles, etc.).

5.4.4 Expérimentations complémentaires sur la méthode NLL

Nous menons maintenant quelques expérimentations complémentaires concernant la méthode NLL. Nous examinons tout d'abord l'influence du paramètre m , qui est le nombre de modes utilisés dans le calcul du champ de déformation. Puis, nous observons l'allure des dipôles recalés en regard de la somatotopie attendue. Enfin, nous nous intéressons au comportement de la méthode lorsque la contrainte sillon \mathbf{x} est une instance non observée déduite de la variabilité apprise.

Influence du paramètre de régularisation, m

Le paramètre m correspondant au nombre de modes utilisés dans la construction du champ de déformation ($-\Phi_{\mathbf{m}}\mathbf{b}_{\mathbf{m}}$), et donc dans la reconstruction du sillon \mathbf{x} , peut être interprété comme un paramètre de régularisation comme nous l'avons déjà mentionné. En effet, conserver seulement m modes conduit à une approximation de la forme individuelle originale dont les caractéristiques les moins conformes à l'ensemble d'apprentissage sont rejetées, mais dont la « forme principale » est préservée. L'incrément des modes dans la reconstruction « ré-individualise » la forme considérée.

La figure 5.7 présente le déterminant de la matrice de covariance des localisations des dipôles recalés par la méthode NLL en fonction du nombre de modes retenus. Notons que le cas $m = 0$ équivaut à la méthode LR et que le cas $m = 17$ correspond à la méthode NLL1. La dispersion mesurée par ce déterminant est inversement proportionnelle au nombre de modes utilisés et diminue d'autant plus vite que les valeurs de m sont faibles. Ce résultat généralise les observations réalisées ci-dessus pour le cas $m = 5$. Il montre ainsi l'intérêt et la pertinence d'une représentation compacte de formes, qui peut s'avérer particulièrement utile pour le traitement de larges bases de données. La question qui se pose alors est celle du choix du nombre de modes, m , à conserver. Le taux d'inertie peut se révéler être un indice utile à la détermination de m . En effet, l'évolution de ce taux est comparable à celle du déterminant. Ainsi, d'après les résultats obtenus au chapitre 2, section 2.7.4, six modes expliquent 74% de la variance totale, neuf modes 86%, 11 modes 90% et 14 modes 96%. Le choix de m pourra donc être induit par le taux d'inertie désiré. En d'autres termes, le recalage des données fonctionnelles sera contraint par un certain « pourcentage des variations anatomiques totales expliquées ».

Remarque Nous remarquons sur la figure 5.7 que la décroissance du déterminant est très faible entre les modes 3 et 4. Ceci est à mettre en rapport avec l'étude de la capacité de généralisation du modèle statistique du sillon central gauche réalisée en section 2.7.5.

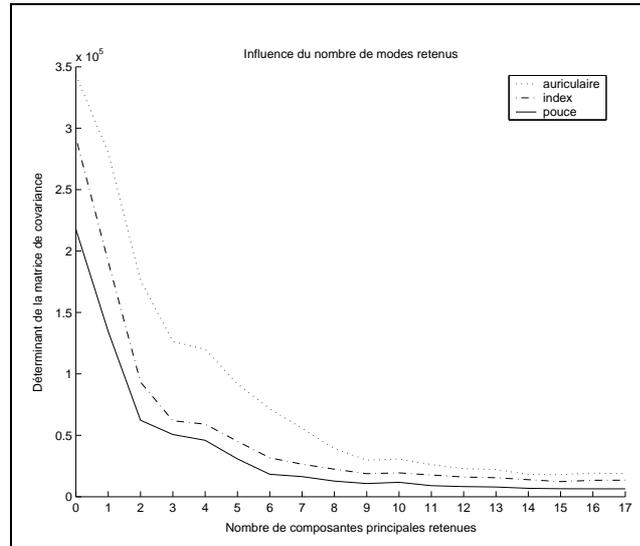


FIG. 5.7 – Déterminant de la matrice de covariance des localisations des dipôles recalés par la méthode NLL en fonction du nombre de modes retenus et pour chacun des doigts considérés (auriculaire, index, pouce).

En effet, nous y avons remarqué que le mode 4 se révélait très peu informatif pour la reconstitution du sillon central gauche. Par conséquent, la reconstruction du sillon \mathbf{x} avec 3 et 4 modes conduit à deux formes très similaires, ce qui explique le relatif aplatissement observé sur la figure 5.7.

Somatotopie

La figure 5.8 montre les dipôles correspondant à chaque doigt recalés par la méthode NLL1. Ces dipôles sont correctement localisés par rapport au doigt concerné : l'organisation somatotopique est donc préservée.

Calcul du champ de déformation à partir d'instances synthétisées

Le recalage ne s'effectue plus ici vers la forme moyenne, mais vers une forme synthétisée issue de l'apprentissage. Précisément, le champ est calculé entre \mathbf{x} , le sillon central d'un sujet, et \mathbf{x}_c une forme synthétisée à partir de la modélisation. Ici, nous avons considéré le premier mode et \mathbf{x}_c s'écrit :

$$\mathbf{x}_c = \bar{\mathbf{x}} + \Phi_1 b_1 \quad \text{où} \quad b_1 \in [-3\sqrt{\lambda_1}, +3\sqrt{\lambda_1}]. \quad (5.9)$$

Pour chaque sujet, un tel champ est calculé puis appliqué aux dipôles associés, ce calcul étant itéré pour un certain nombre de b_1 dans l'intervalle $[-3\sqrt{\lambda_1}, +3\sqrt{\lambda_1}]$.

La figure 5.9 présente les dipôles ainsi recalés. Il est intéressant d'observer sur cette figure que les dipôles recalés suivent les « bosses » du sillon central synthétisé.

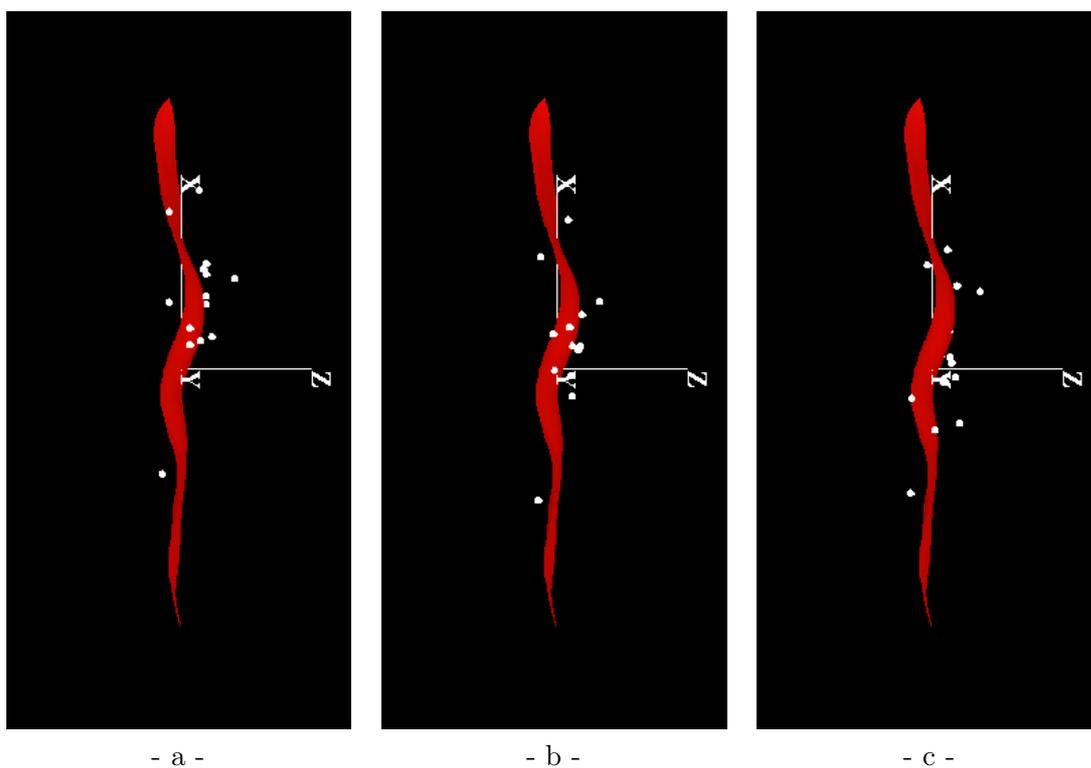


FIG. 5.8 – *Illustration de l'organisation somatotopique des dipôles recalés par la méthode NLL1. Les dipôles correspondant à chaque doigt sont ordonnés. (a) les dipôles recalés correspondant à l'auriculaire ; (b) les dipôles recalés correspondant à l'index ; (c) les dipôles recalés correspondant au pouce.*

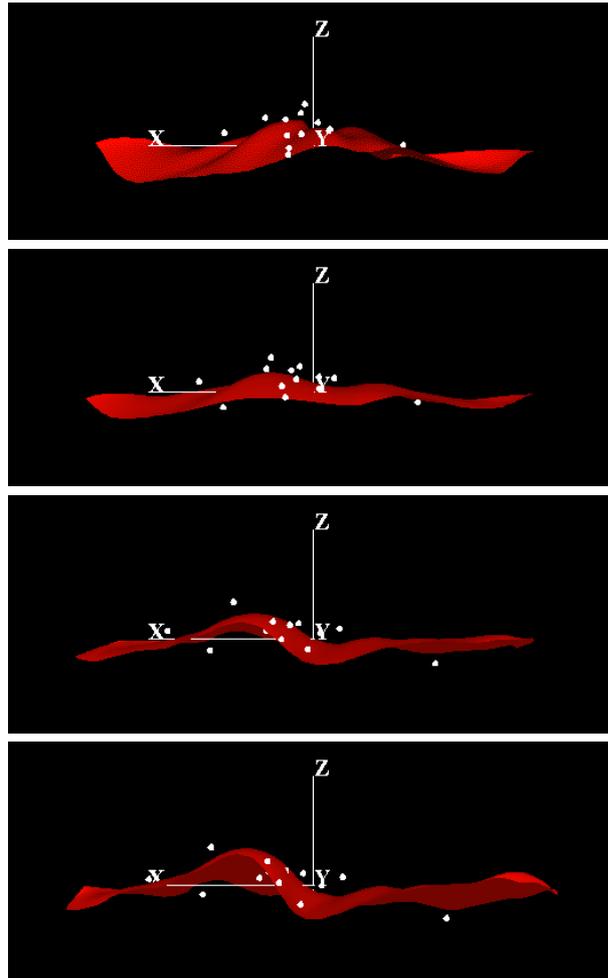


FIG. 5.9 – Dipôles correspondant à une activation de l'index recalés par la méthode *NLL* en utilisant une instance synthétisée \mathbf{x}_c comme sillon cible dans le calcul du champ de déformation. Le sillon \mathbf{x}_c est représenté en rouge sur chacune des figures. On a : $\mathbf{x}_c = \bar{\mathbf{x}} + \Phi_1 b_1$. De haut en bas, b_1 varie de $-3\sqrt{\lambda_1}$ à $+3\sqrt{\lambda_1}$.

5.5 Conclusion

Dans le contexte de l'étude de la variabilité anatomo-fonctionnelle, nous avons proposé une méthode pour construire un atlas probabiliste anatomique et fonctionnel local. Cette méthode est une méthode de recalage fonctionnel inter-individuel locale et non linéaire, basée sur les amers anatomiques que sont les sillons corticaux. Elle suppose qu'une part de la variabilité fonctionnelle inter-individuelle est encodée sur la variabilité anatomique, l'autre part en étant décorrélée et donc irréductible par normalisation anatomique. Elle introduit alors une connaissance statistique d'ordre anatomique dans le recalage fonctionnel inter-individuel, via l'exploitation de la modélisation statistique des sillons corticaux proposée au chapitre 2.

Comparée à des méthodes de recalage inter-individuel globales plus classiques, elle s'est avérée capable de réduire la variabilité fonctionnelle inter-sujets observée au travers des données MEG. Par contre, la méthode NLL proposée ici ne fournit pas de transformation bijective. Bien que ce soit également le cas de la plupart des méthodes de recalage globales non linéaires denses, certains travaux récents s'attachent à introduire des contraintes spécifiques dans la formulation du recalage afin de forcer la bijectivité [Christensen 01].

Par ailleurs, on peut se demander ce que devrait être le volume d'intérêt à associer à un sillon. Nous avons considéré que les dipôles étudiés, étant supposés être localisés dans le gyrus postcentral, sont « suffisamment proches » du sillon central pour appartenir à sa zone d'influence. Toutefois, nous avons proposé un moyen de définir explicitement ce voisinage, spécification incombant à l'utilisateur selon l'application envisagée. Si sommairement on peut considérer que le voisinage d'un sillon s'étend à ses gyri adjacents, une meilleure compréhension des processus cérébraux, tant anatomiques que fonctionnels et physiologiques, est nécessaire pour répondre rigoureusement à ce type de question.

Une extension intéressante et quasi-immédiate de la méthode consisterait à intégrer une double contrainte dans le recalage. En effet, si l'on considère que nos dipôles MEG sont sous l'influence du sillon central, il semble également raisonnable de penser qu'ils sont également sous l'influence du sillon postcentral. Considérant que la paire (sillon central, sillon postcentral) modélise le gyrus postcentral, nous pourrions fusionner les activations fonctionnelles dans un repère lié au gyrus postcentral moyen. Cette extension fait directement appel à la modélisation statistique des couples de sillons présentée au chapitre 3. Le recalage pourra alors être modulé selon le nombre de modes retenus à la fois pour définir la position et l'orientation relative du couple et pour définir la forme des sillons.

Signalons enfin que le recalage proposé ici n'est pas spécifique aux dipôles MEG et peut s'appliquer à d'autres modalités d'imagerie fonctionnelle, telle que l'IRMf par exemple.

Chapitre 6

Modélisation statistique de formes pour l'investigation du système visuel humain

Dans ce chapitre, nous présentons une application de la modélisation statistique de formes à des frontières fonctionnelles délimitant les aires visuelles rétinotopiques chez l'homme. Les données étudiées nous ont été fournies par Michel Dojat de l'unité Inserm U438 de Grenoble. Dans le cadre de l'investigation du système visuel humain, cette équipe s'intéresse à deux aspects particuliers de la vision humaine : la localisation et le rôle des aires visuelles de bas niveau, qu'elle explore au moyen d'études en IRMf.

Après avoir introduit le contexte de cette application, nous décrivons brièvement le procédé de délimitation des aires visuelles développé au sein de l'unité Inserm U438. Nous proposons alors une modélisation statistique des données extraites.

6.1 Contexte

Cette section vise à donner quelques éléments permettant de situer le contexte de cette application. Elle n'a donc rien d'exhaustif et nous renvoyons le lecteur à [Dijat 99], [Warnking 02a] pour un état de l'art détaillé et une exposition des problématiques et méthodes mises en jeu dans ce domaine.

6.1.1 Du champ visuel au cortex visuel

Après avoir traversé la cornée, l'iris et le cristallin, les rayons lumineux viennent frapper la rétine (cf. figure 6.1.a). Une image inversée de notre champ visuel se forme sur cette très fine membrane. Chaque hémichamp se projette sur la demi-rétine nasale de même côté et sur la demi-rétine temporale du côté opposé. Par exemple, le champ visuel gauche se projette sur les demi-rétines nasale gauche et temporale droite (cf. figure 6.1.b). La rétine transforme alors le flux lumineux en influx nerveux. L'information visuelle chemine par les deux nerfs optiques jusqu'à leur point de croisement appelé chiasma. Les informations provenant de chaque hémichamp se rejoignent donc au niveau du chiasma, sans toutefois s'y mélanger : seules les fibres nerveuses issues de la rétine nasale s'y entrecroisent. L'in-

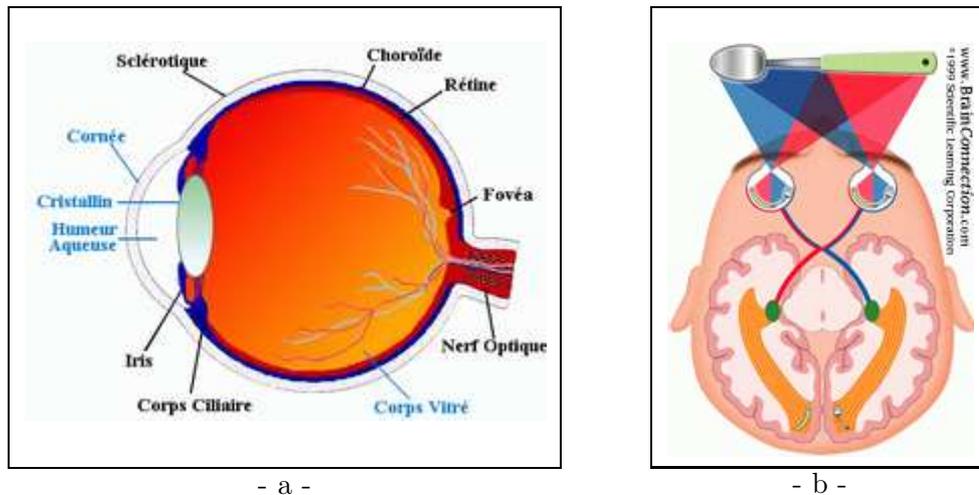


FIG. 6.1 – (a) schéma de l'œil ¹; (b) le cheminement de l'information visuelle depuis le champ visuel jusqu'au cortex visuel primaire situé dans le lobe occipital ².

formation visuelle poursuit ensuite son itinéraire à travers chaque hémisphère vers le corps genouillé latéral, encore dit corps géniculé, pour être finalement projetée sur le cortex visuel primaire situé dans le lobe occipital. En conséquence, chaque hémichamp visuel est traité par le cortex visuel de l'hémisphère controlatéral. La figure 6.1.b illustre ce cheminement de l'information visuelle.

6.1.2 Les aires visuelles

Le cortex visuel est composé de différentes aires visuelles. Celles-ci sont connectées entre elles et interagissent au cours du traitement de l'information visuelle. Leur nombre exact, approximativement une trentaine, ainsi que leur rôle précis dans le traitement distribué de l'information visuelle ne sont pas encore parfaitement établis. En outre, la localisation et la dénomination des aires demeurent l'objet de controverses [Zeki 03].

Les aires concernées dans cette étude sont des aires visuelles principales situées dans le lobe occipital. Il s'agit de :

- l'aire V1 ou cortex visuel primaire. Elle est située le long de la scissure calcarine. Cette aire réceptionne toute l'information visuelle et pourrait sommairement être comparée à un centre de tri : elle reçoit les informations visuelles du corps genouillé latéral et les renvoie vers d'autres aires visuelles pour un traitement plus spécialisé. Néanmoins, elle commence le traitement de la couleur, du mouvement et de la forme ;
 - l'aire V2. Elle entoure V1. Sa partie supérieure est appelée V2 dorsal, notée V2d, et sa partie inférieure V2 ventral, notée V2v. Cette aire est sensible à la couleur, à la forme et à la direction du mouvement.
- V1 et V2 représentent les aires dites de bas-niveau ;

1. D'après <http://www.ifrance.com/tpesurloptique/schema.html>

2. D'après <http://www.brainconnection.com/topics/?main=gal/vision-home>

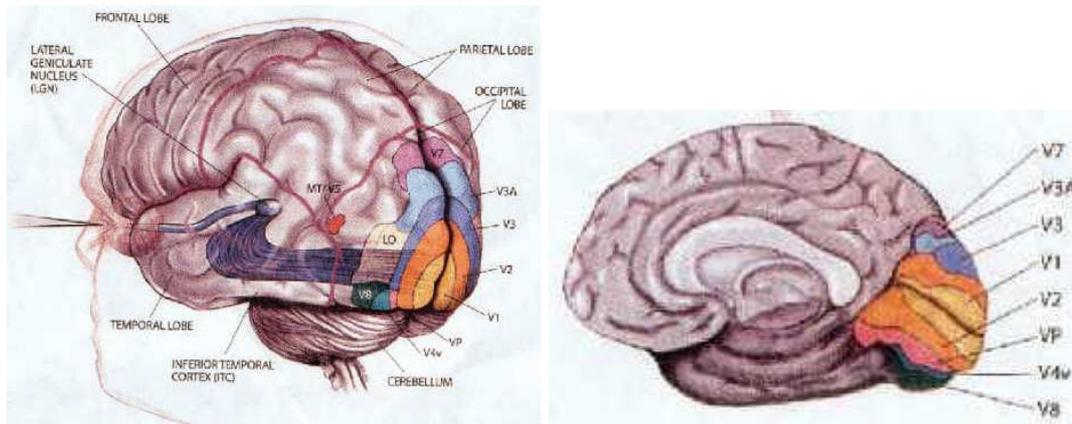


FIG. 6.2 – Les aires visuelles (selon [Hadjikhani 98]).

- l'aire V3. Elle est supérieure à V2 dorsal. Elle est sensible à l'orientation, au mouvement et au contraste mais elle n'est pas sensible à la couleur ;
- l'aire VP. Elle est antérieure à V2 ventral. Parfois appelée V3 ventral, elle est cependant considérée aujourd'hui comme une aire distincte de V3. Ses propriétés fonctionnelles sont assez mal connues ;
- l'aire V3A. Ainsi appelée car considérée comme Accessoire de l'aire V3, elle en est pourtant fonctionnellement distincte. Toutefois, elle présente certaines similitudes avec V3, notamment par sa forte sensibilité aux faibles contrastes ;
- l'aire V4. Elle est située dans la partie inférieure du lobe occipital et borde l'aire VP. Notons que seule sa partie ventrale a pu être localisée. Sa dénomination varie selon les auteurs (V8 [Hadjikhani 98], V4 [Zeki 03] ou V4h [Wade 02]) et son rôle exact est toujours discuté bien que sa sensibilité à la couleur soit généralement acceptée. Dans la suite, nous utiliserons la dénomination V4.

Ces différentes aires sont représentées sur la figure 6.2. Leur spécialisation est donnée ici à titre indicatif et n'est pas exclusive. Cependant, cette description succincte des aires visuelles met en évidence la distinction entre les aires dorsales et ventrales situées de part et d'autre de la scissure calcarine. Dans ce contexte fonctionnel, ce sillon semble être un amer anatomique significatif. Les aires supérieures (zones pariétales) sont donc les aires dorsales et les aires inférieures (zones temporales) les aires ventrales. Selon la stimulation visuelle émise, l'information visuelle empruntera de préférence la « voie ventrale » ou la « voie dorsale », i.e. sera traitée par les aires ventrales ou dorsales. Il est classiquement mais non unanimement admis que la vision spatiale (mouvement, position) est principalement associée à la voie dorsale, dite dans ce cas « voie où », alors que la vision des objets (forme, couleur) est associée à la voie ventrale, dite dans ce cas « voie quoi ».

La propriété de rétinotopie

À l'image des aires primaires auditives, motrices et sensibles, les aires corticales visuelles ont une organisation géométrique propre. On parle alors de rétinotopie. Warnking [Warnking 02a] la définit de la façon suivante : « La rétinotopie est la propriété d'une aire

visuelle qui consiste à représenter une partie de la rétine (et donc du champ visuel) de manière ordonnée sur la surface corticale. [...] elle constitue un homéomorphisme entre une partie du champ visuel et la surface corticale au sein de cette aire ». En d'autres termes, une stimulation par deux points, adjacents dans le champ visuel, active deux points voisins de la surface corticale.

Concrètement ...

Supposons que le champ visuel soit muni d'un repère imaginaire, d'origine le centre du regard et d'axes un méridien horizontal et un méridien vertical.

La description faite au paragraphe suivant est illustrée par les figures 6.3 et 6.6.

Une stimulation au centre du champ visuel active la partie la plus postérieure du cortex visuel primaire tandis qu'une stimulation plus périphérique du champ visuel excite une zone plus antérieure de la surface corticale. Par conséquent, la fovéa¹ est représentée près du pôle occipital. Notons que la zone fovéale est sur-représentée en taille sur la surface corticale par rapport à des zones périphériques. D'autre part, le méridien horizontal est projeté sur le fond de la scissure calcarine et le quart de champ visuel supérieur, respectivement inférieur, est projeté sur la partie inférieure, respectivement supérieure, de la scissure calcarine. Le méridien vertical est représenté aux frontières entre V1 et V2. Pour les aires autres que V1, des propriétés analogues ont été établies. Le quart de champ supérieur, respectivement inférieur, se projette sur les aires ventrales, respectivement dorsales. Par contre, la représentation des méridiens est « alternée » : le méridien horizontal est représenté aux frontières V2d/V3 et V2v/VP, tandis que le méridien vertical, pour sa partie inférieure et supérieure respectivement, est représenté aux frontières V3/V3A et VP/V4. L'orientation du champ visuel est donc inversée, au sens d'image miroir, entre aires adjacentes. On notera également que V3A ne représente pas seulement le quart de champ inférieur mais l'hémichamp complet.

L'aspect centre-périphérie et l'aspect « passage de méridiens » intervenant en rétino-topie peuvent être encodés par deux caractéristiques du champ visuel : l'excentricité et l'angle polaire. Un point du champ visuel sera donc représenté par deux coordonnées polaires : son excentricité, r et son angle polaire, α .

6.2 Procédé de délinéation

Nous donnons ici le principe de la méthode de délinéation des aires visuelles de bas niveau d'un sujet humain, ayant permis d'extraire les données que nous allons traiter dans la section suivante. Cette méthode est expliquée en détail dans la thèse de Jan Warnking [Warnking 02a]. Elle s'appuie sur les propriétés rétino-topiques décrites précédemment. En particulier, elle exploite la représentation des méridiens verticaux et horizontaux sur la surface corticale et plus précisément, le fait que la représentation locale du champ visuel change d'orientation entre aires visuelles adjacentes.

La tâche de délinéation nécessite au préalable l'acquisition de données anatomiques et fonctionnelles. En raison de sa précision de localisation des activations neuronales par

1. La fovéa, minuscule « tache » de la rétine, est quasiment située sur l'axe optique et de ce fait responsable de la vision centrale (voir figure 6.1). Elle permet une vision très précise (détails, ...) dans des conditions de forte luminosité (éclairage diurne).

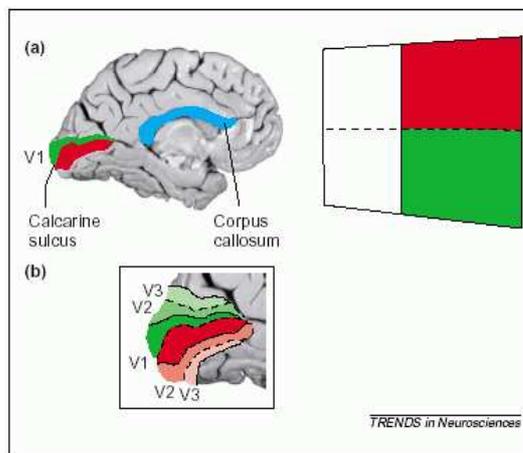


FIG. 6.3 – Représentation du champ visuel dans le cortex visuel. (a) représentation de l'hémichamp droit dans V1: le quart de champ visuel supérieur - en rouge - est projeté sur la partie inférieure de la scissure calcarine et le quart de champ visuel inférieur - en vert - est projeté sur la partie supérieure de la scissure calcarine; (b) représentation des aires V1 à V3, les tons rouges, respectivement verts, indiquant la représentation du quadrant supérieur, respectivement inférieur. La représentation du méridien horizontal sur le cortex visuel est indiquée par des lignes pointillées, celle du méridien vertical par des lignes continues. D'après [Zeki 03].

rapport à l'anatomie, l'IMRf a été choisie comme modalité d'imagerie fonctionnelle. La résolution spatiale est ici de $3 \times 3 \times 4 \text{ mm}^3$ et les séquences d'acquisition sont de type PRESTO 3D. Les données anatomiques ont quant à elles été acquises à haute résolution (environ 1 mm^3) à raison de trois acquisitions par sujet, moyennées afin d'en augmenter le contraste.

Trois étapes majeures constituent la méthode. Dans un premier temps, une étude fonctionnelle tridimensionnelle est réalisée. La réponse (signal BOLD) à des stimuli parcourant périodiquement le champ visuel est enregistrée. Parallèlement, les données anatomiques sont traitées afin d'obtenir une représentation surfacique plane du centre de la matière grise, zone où sont attendues les activations fonctionnelles. Une représentation bidimensionnelle est préférable dans ce contexte pour des raisons de visualisation. Enfin, les données anatomiques et fonctionnelles ainsi prétraitées sont fusionnées en une carte unique dépliée de laquelle sont extraites les bordures des aires visuelles.

6.2.1 Étude fonctionnelle tridimensionnelle

Les stimuli ont été élaborés en sorte qu'il soit possible de déterminer les coordonnées du champ visuel en chaque point de la surface corticale. D'un côté, un anneau en expansion et en contraction permet d'encoder l'excentricité du champ visuel; de l'autre, deux portions de disque diamétralement opposées et animées d'un mouvement de rotation permettent d'encoder l'angle polaire. Tous deux sont texturés par un damier coloré, comme le montre la figure 6.4. Le sujet doit en fixer le centre.

Les activations fonctionnelles suscitées en réponse à ces stimuli sont dans un premier

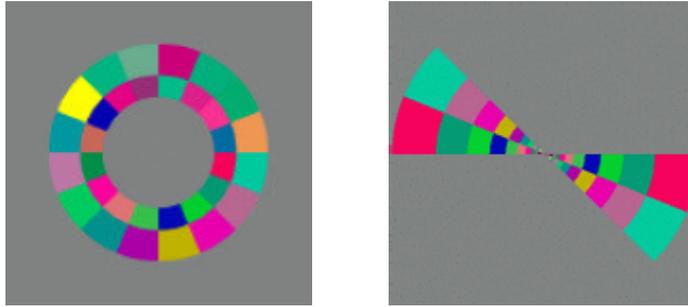


FIG. 6.4 – *Les stimuli utilisés. À gauche, un anneau en expansion et en contraction ; à droite, deux portions de disque diamétralement opposées animées d'un mouvement de rotation. Ces illustrations ont été fournies par Michel Dojat, Inserm U438, Grenoble.*

temps traitées en trois dimensions. Pour chaque voxel, la réponse en phase et en amplitude ainsi que l'incertitude associée sont estimées dans le domaine fréquentiel de Fourier. Des cartes de phase et d'amplitude sont générées pour chaque position encodée du champ visuel.

Parallèlement, à partir des volumes anatomiques, est menée la construction d'un modèle de la surface corticale visant à une représentation bidimensionnelle du centre de la matière grise.

6.2.2 Modélisation de la surface corticale d'intérêt

Les différents tissus, matière grise (MG), matière blanche (MB) et liquide céphalo-rachidien (LCR), sont tout d'abord segmentés par un algorithme de type croissance de régions. L'interface MB/MG est ensuite dilatée afin d'extraire le centre de la matière grise. À l'issue de cette procédure automatique, la surface est rectifiée manuellement pour assurer une topologie correcte au modèle final.

Cette surface est alors dépliée pour en obtenir une représentation bidimensionnelle et rendre ainsi la visualisation plus aisée. L'algorithme de dépliement utilisé [GuérinDugué 00] est un algorithme de déflation qui, contrairement aux algorithmes de gonflement, permet de voir toute la surface à la fois, mais nécessite des coupes si la surface à déplier est trop grande. Par conséquent, pour chaque hémisphère, seule la région délimitant, par deux plans de coupe orthogonaux positionnés manuellement, la zone occipitale d'intérêt, est aplanie. Cette région étant de taille restreinte, aucune coupe n'est nécessaire de sorte que la connectivité originale est conservée.

Pour effectuer le dépliement, l'interface MG/MB de la région d'intérêt est modélisée par une surface triangulée qui approche le centre de la matière grise. Les nœuds sont tout d'abord projetés sur le plan défini par les deux premières composantes principales de leur distribution. Puis, la position de ces projections est raffinée itérativement sur la base d'un critère comparant les distances inter-nœuds dans le plan et les distances géodésiques inter-nœuds dans le volume. L'algorithme converge rapidement vers une surface dépliée peu distordue.

6.2.3 Délimitation des aires visuelles

À l'issue de ces deux étapes, une représentation surfacique de la réponse corticale peut être obtenue. Les voxels sont projetés sur les nœuds les plus proches et les projections interpolées par lissage gaussien le long de la surface².

Les aires visuelles sont alors délimitées au moyen d'une mesure appelée « rapport local du champ visuel », notée *RCV* :

$$RCV = \frac{\partial(\phi_r, \phi_\alpha)}{\partial(u, v)} \quad (6.1)$$

$$= \frac{\partial\phi_r}{\partial u} \cdot \frac{\partial\phi_\alpha}{\partial v} - \frac{\partial\phi_r}{\partial v} \cdot \frac{\partial\phi_\alpha}{\partial u} \quad (6.2)$$

où (ϕ_r, ϕ_α) sont les phases des réponses observées correspondant aux coordonnées polaires (r, α) du champ visuel, la surface corticale étant localement paramétrée par (u, v) . Cette quantité *RCV* n'est autre que le Jacobien des fonctions $(\phi_r(u, v), \phi_\alpha(u, v))$. Géométriquement, il s'interprète pour un élément de surface donné, comme le rapport de l'aire orientée mesurée en coordonnées (ϕ_r, ϕ_α) sur l'aire mesurée en coordonnées (u, v) . Ses passages par zéro indiquent donc un changement d'orientation de la représentation du champ visuel. En conséquence, les bordures recherchées correspondent au niveau zéro du *RCV*. De plus, une incertitude quant aux lignes délimitées peut être estimée par la zone correspondant à des valeurs de *RCV* proches de zéro.

Quelques exemples de cartes dépliées faisant figurer les bordures calculées par cette méthode sont exposés figure 6.5. La bonne reproductibilité des cartes obtenues a été démontrée dans [Warnking 02b].

6.3 Motivations

Le procédé de délimitation décrit ci-dessus permet donc d'extraire les délimitations des aires visuelles d'un sujet individuel. Or ces positions connaissent une forte variabilité d'un sujet à l'autre. C'est pourquoi il est intéressant d'en construire un modèle statistique afin d'établir à terme un atlas probabiliste surfacique des aires visuelles.

6.4 Modélisation statistique des frontières des aires visuelles

Nous appliquons aux frontières des aires visuelles la même méthodologie que celle présentée au chapitre 2. Après avoir doté les lignes d'une représentation paramétrique, nous proposons un repère local, intrinsèque à la structure carte dépliée, dans lequel la mise en correspondance est considérée comme implicite. Nous utilisons alors une analyse en composantes principales pour bâtir le modèle statistique final.

² Le problème de la superposition IRMf et données anatomiques est résolu implicitement du fait de l'utilisation de séquences de type PRESTO 3D qui réduit la distortion.

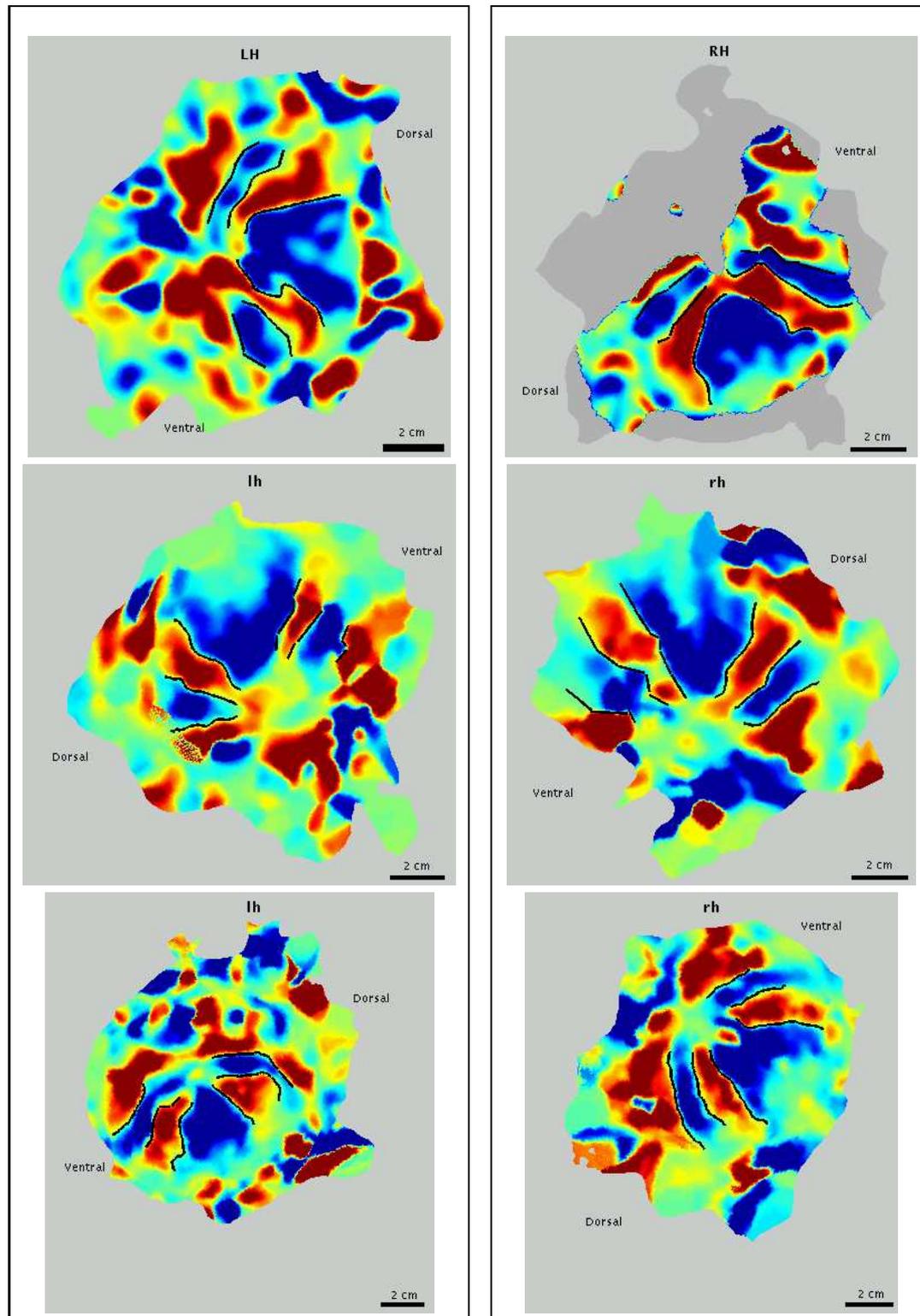


FIG. 6.5 – Exemples de cartes dépliées pour chacun des hémisphères de trois sujets. Les activations fonctionnelles sont projetées en fausses couleurs et les bordures des aires visuelles apparaissent en noir. D'après [Warnking 02b].

6.4.1 La population d'apprentissage

La méthode d'extraction décrite ci-dessus fournit des lignes marquant les frontières des aires visuelles de bas-niveau sous forme d'ensemble de points. Avant toute chose, nous avons pris soin d'ordonner l'ensemble de points correspondant à chaque ligne, de sorte que le parcours des échantillons successifs décrit naturellement une courbe ouverte (au sens où on l'entend habituellement). De plus, nous avons opté pour un sens de parcours constant et orienté chaque ligne dans la direction postérieure-antérieure.

Ces lignes ouvertes sont de forme variable, du fait de la variabilité naturelle mais aussi du processus d'extraction, tantôt plus rectilignes et brisées, tantôt plus courbes et lisses. De plus, l'échantillonnage initial n'est pas régulier : l'écart entre les échantillons successifs n'est pas constant sur une courbe, certaines portions de courbes, comme des parties quasi-rectilignes par exemple, sont clairement suréchantillonnées par rapport aux autres, des interruptions nettes apparaissent. Cependant, ces dernières ne sont pas fonctionnellement significatives. Au vu de telles conditions, nous avons choisi de modéliser chaque ligne par une courbe B-spline cubique (cf. section 1.1.2). Une telle paramétrisation est adaptée car :

- elle se prête bien à la représentation d'une large variété de courbes. Dans notre cas, il est important de pouvoir paramétrer identiquement une ligne très rectiligne et une ligne plus courbe. Bien que le cas d'une ligne rectiligne brisée ne soit pas « biologiquement » très réaliste, il est présent dans la base de données et doit donc pouvoir être traité. Même si une courbe B-spline ne capte pas parfaitement ces portions de courbes de classe C^0 , comme celles formant un angle droit par exemple, elle offre une solution satisfaisante pour représenter à la fois les lignes les plus brisées et les lignes les plus lisses de la base ;
- elle garantit un échantillonnage régulier des lignes et permet de plus de l'obtenir de façon « propre » ;
- de ce fait, elle permet également d'interpoler les données manquantes et de remédier aux interruptions.

Rééchantillonnage d'une ligne

Soit une ligne \mathcal{L} décrite par nbp points de coordonnées cartésiennes $(x_j, y_j)^t, j=0, \dots, nbp-1$ échantillonnés de façon non régulière. Afin de rééchantillonner \mathcal{L} régulièrement, nous déterminons la courbe B-spline cubique l'approchant au mieux. Nous rappelons qu'une courbe B-spline cubique ouverte est définie par son ordre $k, k = 4$, un ensemble de nbc points de contrôle \mathbf{p}_i et un vecteur nodal \mathbf{t} de taille $nbc + k$ donné par la relation (1.10).

Soit $\mathcal{C} : c(u)$ la courbe B-spline paramétrée par son abscisse curviligne recherchée, i.e. telle que $c(u_j) = (x_j, y_j)^t$ pour tout $j = 0, \dots, nbp - 1$. Le rééchantillonnage se déroule en trois étapes :

1. calcul des abscisses curvilignes (u_j) associées à l'échantillonnage non régulier initial ;
2. calcul de la matrice de la spline et des points de contrôle correspondant aux (u_j) calculées en 1. ;
3. génération des nouveaux points de passage, échantillonnés régulièrement.

Les abscisses curvilignes (u_j) de \mathcal{C} sont données par :

$$\begin{cases} u_0 = 0 \\ u_j = u_{j-1} + L(j-1, j) \cdot \frac{nbk-k+1}{S} \quad \forall j = 1, \dots, nbp-1 \end{cases} \quad (6.3)$$

où $L(j-1, j)$ est la distance euclidienne entre deux échantillons successifs de la courbe :

$$L(j-1, j) = \sqrt{(x_{j-1} - x_j)^2 + (y_{j-1} - y_j)^2} \quad (6.4)$$

et S la longueur totale de la courbe : $S = \sum_{j=1}^{nbp-1} L(j-1, j)$. Notons que dans le cas d'un échantillonnage régulier, (6.3) se simplifie en :

$$u_j = j \cdot \frac{nbk-k+1}{nbp-1} \quad \forall j = 0, \dots, nbp-1. \quad (6.5)$$

La matrice de la spline, $B = (B_{i,k}(u_j))_{\substack{0 \leq i \leq nbk-1 \\ 0 \leq j \leq nbp-1}}$, de taille $nbp \times nbk$, liant les points de passage aux points de contrôle (cf. relation (1.11)) est calculée en appliquant la définition (1.8). Un ensemble de nbk points de contrôle est alors obtenu en « inversant » la relation (1.11) :

$$\begin{aligned} \mathbf{p} &= (B^t B)^{-1} B^t \mathbf{c} & \text{où } \mathbf{p} &= (\mathbf{p}_i),_{i=0, \dots, nbk-1} \\ & & \text{et } \mathbf{c} &= (c(u_j)),_{j=0, \dots, nbp-1}. \end{aligned} \quad (6.6)$$

Signalons que la matrice B étant dépendante des observations, la matrice $(B^t B)$ peut ne pas être inversible. En pratique, il s'est avéré possible de choisir un nombre de points de contrôle permettant l'inversion. À partir de ce jeu de points de contrôle et d'une matrice de spline B^r , de taille $nbp^r \times nbk$, calculée cette fois-ci pour un échantillonnage régulier de l'abscisse curviligne, $(u_j^r)_{j=0, \dots, nbp^r-1}$, un nouvel ensemble de nbp^r points de passage est généré :

$$\mathbf{c}^r = B^r \mathbf{p}. \quad (6.7)$$

L'ensemble de points $\mathbf{c}^r = (c^r(u_0^r) \dots c^r(u_{nbp^r-1}^r))^t$ échantillonne alors régulièrement la courbe \mathcal{L} .

Représentation des lignes

Pour chacune des six frontières (V1/V2d, V1/V2v, V2d/V3, V2v/VP, V3/V3A et VP/V4), le nombre d'échantillons $nbp_{l,t=1, \dots, 6}^r$ est fixé de façon ad hoc afin d'obtenir une représentation satisfaisante de cette frontière pour l'ensemble des sujets. Dans le cas où la frontière possède un nombre initial d'échantillons du même ordre pour tous les sujets, chaque frontière est sur-échantillonnée sur l'exemplaire le plus échantillonné. Dans le cas contraire, les frontières très sur-échantillonnées (il s'agit de frontières généralement rectilignes ne nécessitant pas un tel nombre de points pour être correctement représentées) sont sous-échantillonnées par un nombre d'échantillons plus « raisonnable », compromis entre le nombre d'échantillons de cette frontière sur l'ensemble des sujets. Finalement, la valeur choisie de nbp_l^r ne conduit jamais à un sous-échantillonnage effectif de la ligne originale.

Nous avons donc modélisé chacune des six lignes d'intérêt par $nbp_{l,l=1,\dots,6}^r$ échantillons d'une courbe B-spline. Une telle ligne peut avantageusement être représentée par le jeu des $nb_{l,l=1,\dots,6}^r$ points de contrôle $\mathbf{p}^{r,l}$ associés à ces nouveaux échantillons. C'est cette représentation par points de contrôle qui sera exploitée dans la phase d'analyse statistique.

Mise en correspondance

Les lignes étant maintenant échantillonnées de façon adéquate, nous les exprimons dans un système de coordonnées commun à tous les sujets. Ce système est bâti localement pour chaque carte et représente un repère intrinsèque à la structure « ensemble des six frontières d'intérêt ».

Soit $\mathcal{R}_l(O_l, \mathbf{i}_1, \mathbf{i}_2)$ le repère local à chaque carte. \mathcal{R}_l est déterminé de façon géométrique uniquement à partir des frontières de V1 (lignes V1d et V1v). Ce choix est motivé par le fait que le degré de confiance accordé à la localisation de ces deux lignes est supérieur. Si l'extraction des frontières entre V2 et V3-VP est encore fiable, la localisation des frontières V3/V3A et VP/V4 s'avère plus ardue et donc plus incertaine³.

L'axe des abscisses est défini comme la bissectrice des axes d'inertie de V1d et V1v et suit la direction postéro-antérieure. Cet axe bénéficie d'une certaine signification anatomique et fonctionnelle. Il est raisonnable de penser qu'il réalise une séparation entre les aires ventrales et les aires dorsales et qu'il s'approche de la représentation du méridien horizontal dans V1, autrement dit qu'il suit approximativement le fond du sillon calcarin, sillon qui n'est pas délimité sur les données disponibles. L'axe des ordonnées est orthogonal à l'axe des abscisses et pointe vers les aires dorsales pour l'hémisphère gauche et vers les aires ventrales pour l'hémisphère droit. Enfin, l'origine du repère local est définie comme le point de concours des axes d'inertie de V1d et V1v. La figure 6.6 illustre une carte dépliée schématique comportant les six frontières d'intérêt et le repère local pour l'hémisphère gauche.

Pour chaque sujet, une transformation rigide (rotation + translation) est calculée afin d'exprimer les bordures dans le repère local \mathcal{R}_l . Cette transformation rigide, exprimée par une matrice \mathbf{M} , n'est autre que l'inverse du changement de repère du repère local vers le repère original $\mathcal{R}(O, \mathbf{i}_1, \mathbf{i}_2)$. On a donc, en coordonnées homogènes :

$$\mathbf{M}^{-1} = \begin{pmatrix} \mathbf{R} & \mathbf{t} \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \text{ avec } \mathbf{R} = \begin{pmatrix} l_{1x} & -l_{1y} \\ l_{1y} & l_{1x} \end{pmatrix} \text{ et } \mathbf{t} = \overrightarrow{OO_l}. \quad (6.8)$$

La matrice de rotation \mathbf{R} étant orthogonale, il vient :

$$\mathbf{M} = \begin{pmatrix} \mathbf{R}^t & -\mathbf{R}^t \mathbf{t} \\ 0 & 1 \end{pmatrix}. \quad (6.9)$$

Pour chaque sujet, cette transformation rigide est appliquée à tous les points de chacune des lignes. Ainsi, les cartes de tous les sujets sont alignées, par transformation rigide, sur un système d'axes intrinsèque à leur structure. La mise en correspondance d'une frontière l consiste à appairer les points d'abscisse curviligne identique. Par exemple, cela conduit à mettre en correspondance les extrémités des courbes.

3. En effet, le signal IRMf significatif est plus important dans V1 et diminue au profit du bruit lorsque l'on s'éloigne de cette aire.

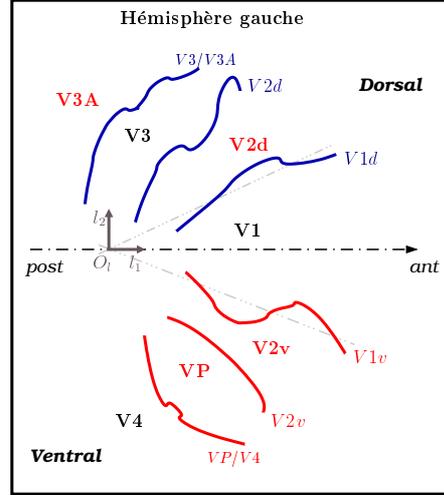


FIG. 6.6 – Illustration schématique d'une carte dépliée de l'hémisphère gauche faisant figurer les six frontières d'intérêt et le repère local.

6.4.2 L'analyse statistique

Soit \mathcal{P} la population d'apprentissage comportant N instances de cartes $\mathbf{x}_{i,i=1,\dots,N}$, rééchantillonnées et recalées de la manière décrite ci-dessus. Une carte quelconque \mathbf{x} est représentée par le vecteur des points de contrôle des splines représentant chacune des six frontières d'intérêt :

$$\mathbf{x} = (x_0^{r,1}, y_0^{r,1}, \dots, x_{nbc_1-1}^{r,1}, y_{nbc_1-1}^{r,1}, \dots, x_0^{r,6}, y_0^{r,6}, \dots, x_{nbc_6-1}^{r,6}, y_{nbc_6-1}^{r,6})^t \quad (6.10)$$

où $(x_i^{r,l}, y_i^{r,l})_{i=0,\dots,nbc_l-1} = \mathbf{p}^{r,l}$ sont les nbc_l^r points de contrôle de la l^e ligne de la carte ($l = 1, \dots, 6$).

Nous appliquons sur \mathcal{P} une analyse en composantes principales (ACP) dont une description détaillée pourra être trouvée section 1.4.1. Cette analyse permet de caractériser les variations inhérentes à la population d'apprentissage et d'extraire les modes principaux de déformation relativement à la carte moyenne. Brièvement, l'ACP consiste à exprimer les observations dans une nouvelle base orthogonale d'origine la carte moyenne $\bar{\mathbf{x}}$ et d'axes les vecteurs propres, ou modes, de la matrice de covariance \mathbf{C} des observations. Une approximation des observations originales peut être réalisée en tronquant un certain nombre de ces modes. L'observation reconstruite s'écrit alors :

$$\mathbf{x} = \bar{\mathbf{x}} + \Phi_{\mathbf{m}} \mathbf{b}_{\mathbf{m}} \quad (6.11)$$

où m désigne le nombre de modes conservés, $\Phi_{\mathbf{m}}$ la matrice des modes tronquée et $\mathbf{b}_{\mathbf{m}} = (b_i)_{i=1,\dots,m}$ le vecteur représentant l'observation originale dans la base modale, tronqué à m coordonnées. La qualité de la reconstruction est mesurée par :

$$\tau = \frac{\sum_{i=1}^m \lambda_i}{\lambda_T} \quad (6.12)$$

où λ_i est la i^e valeur propre, par ordre décroissant, de la matrice \mathbf{C} et correspond à la variance expliquée par le i^e mode.

Sous l'hypothèse que les éléments de \mathcal{P} sont distribués normalement, la variation des $b_{i,i=1,\dots,m}$ dans un intervalle du type :

$$-3\sqrt{\lambda_i} \leq b_i \leq +3\sqrt{\lambda_i} \quad (6.13)$$

fournit une indication sur la variabilité de la classe d'objets étudiée. Cette indication sera d'autant plus fiable et réaliste que la base d'apprentissage est peuplée d'un nombre conséquent d'exemplaires représentatifs.

6.5 Quelques résultats

Nous présentons maintenant quelques résultats obtenus sur une base d'apprentissage constituée de huit sujets. L'extraction de la frontière VP/V4 ayant échoué pour l'un d'eux à droite, seulement sept sujets ont été utilisés pour l'hémisphère droit.

6.5.1 Rééchantillonnage

Chaque frontière a été rééchantillonnée par la procédure décrite ci-dessus. De façon empirique, nous avons fixé le nombre nbc de points de contrôle générés à partir des nbp points originaux à $nbc = nbp/2$ dans le cas général et à $nbc = nbp/4$ dans le cas où l'inversion échouait (5 cas sur 90). En théorie, la représentation est d'autant plus fine que le rapport nbc/nbp est proche de 1. En pratique, étant donné la non-uniformité de l'échantillonnage d'une courbe, nous avons trouvé qu'un rapport de 2 était suffisant et qu'un rapport de 4, bien que moins précis, restait encore satisfaisant. La figure 6.7 présente quelques exemples de courbes rééchantillonnées auxquelles sont superposés les échantillons originaux. Ils indiquent une très bonne conservation de la forme originale globale et de sa position. Pour quantifier l'erreur réalisée, nous avons calculé la distance de Hausdorff entre les lignes rééchantillonnées et les lignes initiales, pour chaque frontière et chaque sujet. La distance de Hausdorff entre deux ensembles de points S_1 et S_2 est donnée par :

$$H(S_1, S_2) = \max(h(S_1, S_2), h(S_2, S_1)) \quad (6.14)$$

où $h(S_1, S_2)$ est la distance de Hausdorff orientée de S_1 à S_2 :

$$h(S_1, S_2) = \max_{s_1 \in S_1} \min_{s_2 \in S_2} \|s_1 - s_2\| \quad (6.15)$$

et $\| \cdot \|$ est une norme, que nous avons prise euclidienne. La distance de Hausdorff mesure la distance du point de S_1 le plus éloigné de l'ensemble des points de S_2 et vice-versa. Par conséquent, elle est sensible à une erreur grossière et fournit en quelque sorte l'erreur maximale de rééchantillonnage. La moyenne de cette distance sur l'ensemble des sujets, ainsi que son écart-type est présentée table 6.1. On constate que l'erreur est faible et stable au travers de la base. Notons d'ailleurs que ce type d'erreur (heureusement faible - mais toujours non nulle puisqu'il s'agit d'un rééchantillonnage -) est peu pénalisant car s'il est important de préserver la forme globale, il est plus primordial de respecter les positions des frontières.

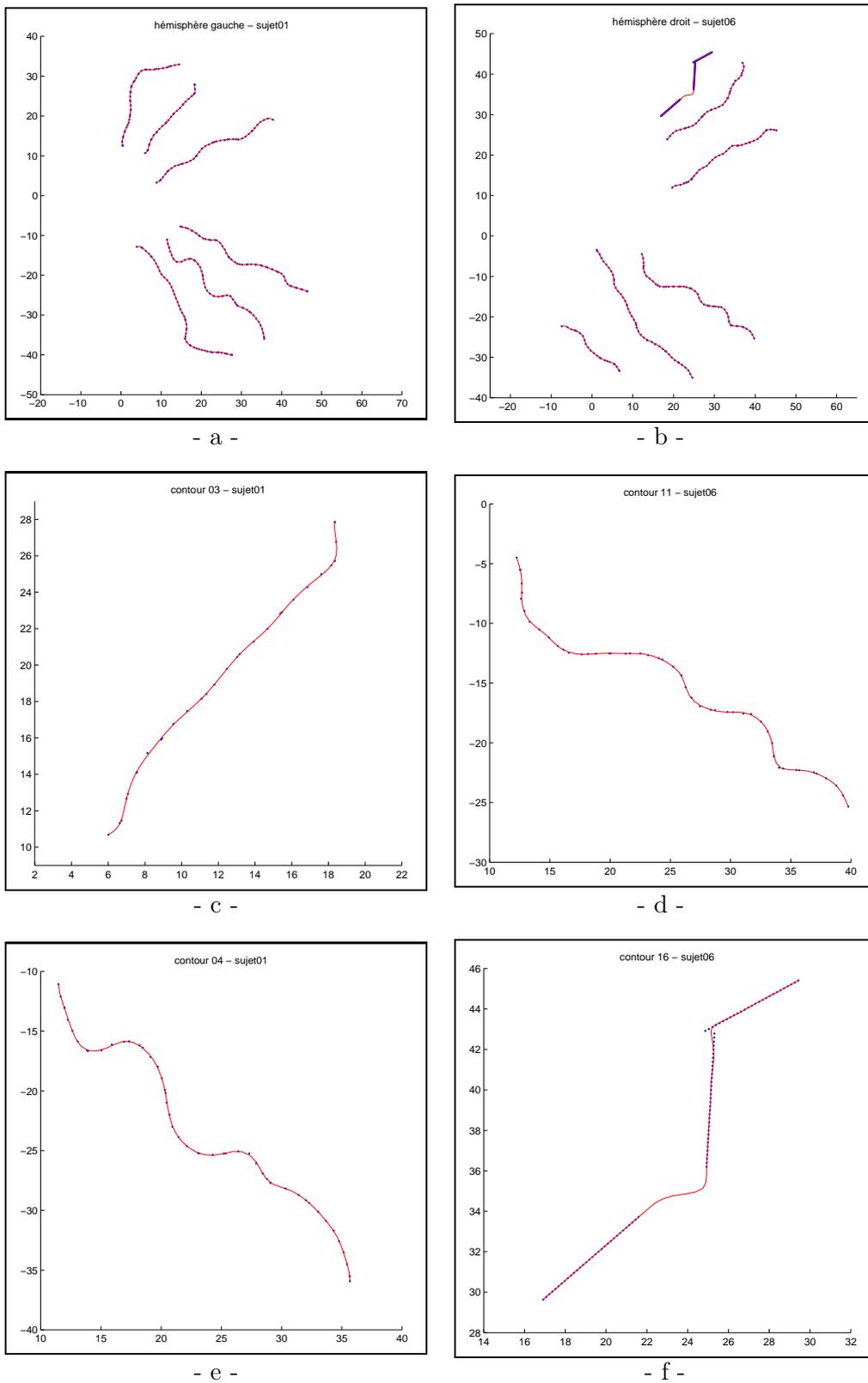


FIG. 6.7 – Rééchantillonnage. (a) et (b) : les six frontières d'un sujet délinées pour l'hémisphère gauche (a) et droit (b). Les points bleus sont les échantillons originaux et les lignes rouges, les frontières rééchantillonnées. De (c) à (f), zoom sur quatre frontières particulières : (c) et (e) : V2d et V2v de l'hémisphère gauche ; (d) et (f) : V1d et VP/V4 de l'hémisphère droit. Cette dernière frontière a été rééchantillonnée avec un rapport $nbc = nbp/4$.

Frontières	Hémisphère gauche	Hémisphère droit
V1/V2d	0.562 ± 0.009	0.561 ± 0.004
V1/V2v	0.603 ± 0.010	0.770 ± 0.073
V2d/V3	0.620 ± 0.019	0.571 ± 0.005
V2v/VP	0.612 ± 0.026	0.573 ± 0.019
V3/V3A	0.480 ± 0.020	0.586 ± 0.011
VP/V4	0.522 ± 0.016	0.587 ± 0.100

TAB. 6.1 – Pour chaque frontière et chaque hémisphère, moyenne et écart-type sur tous les sujets de la distance de Hausdorff, en mm, entre les lignes originales et les lignes rééchantillonnées.

6.5.2 Recalage local

La figure 6.8 montre les frontières recalées localement dans le repère intrinsèque pour les deux hémisphères. On peut observer une variabilité relativement importante au sein

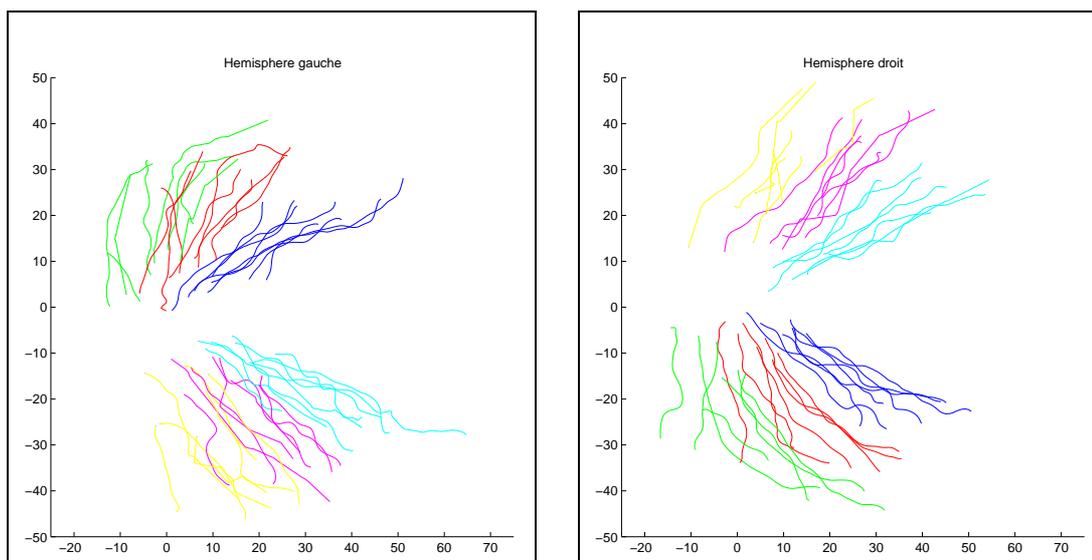


FIG. 6.8 – Les populations d'apprentissage correspondant aux hémisphères gauche et droit, recalées dans le repère local. V1d est représentée en bleu, V1v en cyan, V2d en rouge, V2v en magenta, V3/V3A en vert et VP/V4 en jaune.

de ces populations d'apprentissage, particulièrement en position. Cette variabilité s'accroît d'autant plus que l'on s'éloigne de V1.

6.5.3 Analyse statistique

L'analyse statistique a été menée sur les points de contrôle des frontières précédemment rééchantillonnées et recalées. Nous avons choisi un nombre de points de contrôle, nbc , tel que $nbc/nbp = 4$. Ce choix produit un vecteur d'observation de 90 points et donc de 180

variables. Nous avons cherché ici à conserver une représentation correcte des lignes tout en évitant une dimensionalité du vecteur d'observation trop considérable étant donné le faible nombre d'exemplaires disponibles dans la population d'apprentissage.

La table 6.2 exhibe le pourcentage de variance cumulée pour chaque hémisphère selon le nombre de modes retenus. Le premier mode est fortement prépondérant. La figure 6.9

Modes	Hémisphère gauche	Hémisphère droit
1	70.2	60.0
2	84.1	82.6
3	89.8	90.0
4	94.2	95.1
5	96.7	98.6
6	98.8	100
7	100	100

TAB. 6.2 – Pourcentage, τ_p , de variance cumulée selon le nombre de modes retenus pour les hémisphères gauche et droit; $\tau_p = \frac{\sum_{i=1}^m \lambda_i}{\lambda_T} \times 100$.

montre les variations générées autour de la carte moyenne selon le premier mode. On observe une variabilité à la fois de la forme des bordures et de leurs positions. Cependant, la variation en position apparaît plus flagrante.

Soulignons que ces résultats, bien qu'intéressants, sont à interpréter à la lumière du cardinal de la population d'apprentissage et dans le cadre expérimental restreint décrit ici, leur portée est limitée.

6.6 Discussion et perspectives

Nous avons proposé dans ce chapitre une approche à la modélisation statistique des frontières des aires visuelles de bas-niveau. Nous insistons sur le fait qu'il s'agit d'une étude préliminaire et que de plus amples investigations sont nécessaires à la validation d'un tel modèle.

La paramétrisation des lignes proposée semble adaptée. Cependant, une expérimentation plus approfondie serait la bienvenue pour en déterminer les paramètres optimaux, en particulier le nombre de points de passage à utiliser lors du rééchantillonnage et le nombre de points de contrôle à utiliser pour l'analyse statistique.

La définition du repère local a été contrainte par les informations disponibles actuellement. Il serait intéressant de construire ce repère à partir d'informations anatomiques et fonctionnelles. Si l'on peut considérer que l'axe des abscisses proposé s'approche du fond de la scissure calcarine, il serait pourtant préférable de réellement se baser sur cet amer. Cependant, il est relativement difficile de segmenter ce sillon calcarin et pour l'instant, il ne fait pas partie de notre base de données. L'origine est ici déterminée par un critère géométrique à défaut d'informations fonctionnelles supplémentaires. Sa définition pourrait être en effet contrainte par des considérations fonctionnelles. Par exemple, elle pourrait être extraite d'une zone (car il y a une incertitude) répondant à une excentricité et un

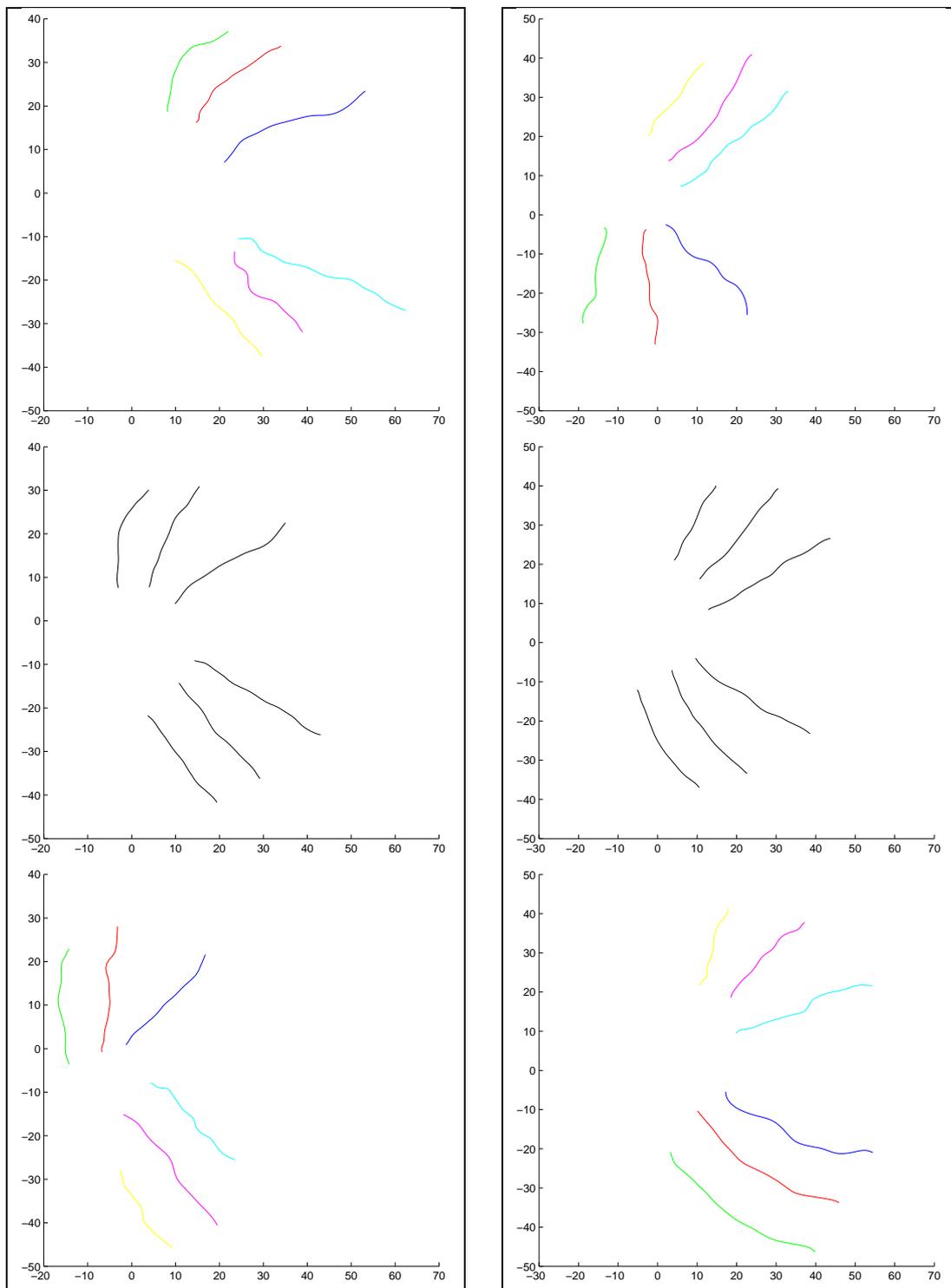


FIG. 6.9 – Variations du premier mode autour de la carte moyenne: $-2\sqrt{\lambda_1} \leq b_1 \leq +2\sqrt{\lambda_1}$, pour l'hémisphère gauche (colonne de gauche) et pour l'hémisphère droit (colonne de droite). La ligne centrale (en noir) représente la carte moyenne, V1d est représentée en bleu, V1v en cyan, V2d en rouge, V2v en magenta, V3/V3A en vert et VP/V4 en jaune.

angle polaire prédéfinis. L'utilisation de la représentation de la fovéa sur la surface corticale pourrait peut être une solution. Bien que cette représentation ne soit pas ponctuelle, elle pourrait servir de base à la définition de l'origine. Ces remaniements nécessitent bien sûr que les informations en question soient à disposition, ce qui malheureusement n'est pas le cas à ce jour.

La mise en correspondance est dépendante du processus d'extraction, de la paramétrisation et de la définition du repère local. Dans le cas où l'extraction a partiellement échoué de sorte que certaines frontières sont en partie tronquées, cette mise en correspondance n'est pas adaptée et introduit un biais dans le modèle. La gestion de la mise en correspondance dans ce cas de données manquantes non systématique est difficile. Au moins deux voies sont à explorer : améliorer la robustesse de l'extraction ou utiliser un appariement basé distance, bien que la pertinence de ce dernier ne soit pas non plus systématiquement garantie.

En dépit des limitations précitées, cette application montre que notre méthodologie de modélisation statistique des formes est générique et non pas spécifique aux sillons corticaux. En elle-même, la portée effective actuelle de cette application est limitée puisque la validation n'a pu être menée de façon poussée notamment du fait du faible cardinal de la population d'apprentissage. Cependant, la voie est « débroussaillée » pour permettre une étude plus approfondie et les perspectives offertes sont d'un réel intérêt. Notamment, il peut être envisagé de recalibrer les activations fonctionnelles de sujets distincts en empruntant une démarche méthodologique analogue à celle décrite dans le chapitre 5, i.e. en utilisant l'approche par thin-plate splines pour effectuer le recalage des cartes fonctionnelles sous la contrainte des limites des aires visuelles. Également, il peut être envisagé d'appliquer cet atlas statistique, par exemple à partir d'un amer anatomique comme la scissure calcarine, à des sujets non délinés pour assister le processus de délinéation.

Conclusion générale

Cette thèse a traité de la modélisation statistique de formes en imagerie cérébrale.

Dans une première partie, nous avons tout d'abord présenté un état de l'art des méthodologies mises en jeu pour l'élaboration de modèles statistiques de formes. En aval de l'extraction des formes, ces méthodologies concernent d'une part la représentation des formes et leur mise en correspondance permettant la constitution d'une population d'apprentissage, et d'autre part elles impliquent des techniques d'analyse statistique de données multidimensionnelles, permettant de dériver le modèle final depuis la population d'apprentissage. Cette étude bibliographique a montré l'intérêt d'une représentation paramétrique de la forme, de l'usage d'un repère intrinsèque à la structure d'intérêt et du choix de l'analyse en composantes principales.

Nous avons alors proposé un modèle statistique de la forme des sillons corticaux. Celui-ci s'appuie sur une représentation par des surfaces B-splines cubiques et sur la définition d'un repère intrinsèque à la forme sillon. Ces deux aspects nous permettent d'établir une mise en correspondance simple basée sur la paramétrisation de la forme. L'application d'une analyse en composantes principales achève la construction du modèle. Les expérimentations ont été menées sur une base de 18 sujets. Dans ce cadre expérimental, nous nous sommes efforcés de sélectionner les sujets participant à l'apprentissage de la manière la plus objective possible. Le modèle a alors été évalué en termes de compacité, capacité de généralisation et spécificité. Les résultats obtenus apparaissent satisfaisants en regard des populations étudiées.

Nous avons ensuite étendu ce cadre de modélisation à un ensemble de sillons principaux et étudié les relations entre sillons au sein de cet ensemble. Pour cela, nous avons abordé l'analyse de la variabilité sulcale inter-individuelle de façon hiérarchique sous deux hypothèses : d'une part, les aspects forme/position et orientation sont décorrélés, d'autre part les interactions entre sillons portent sur la position et l'orientation, et non sur la forme. Nous avons proposé un graphe de six sillons majeurs représentant les relations de voisinage entre sillons. Le travail présenté ici porte sur un sous-graphe. Il traite des couples de sillons corticaux et modélise leur variabilité en termes de position et d'orientation relatives. L'approche repose sur la définition d'une distance en position et en orientation entre deux sillons exprimés dans un repère intrinsèque. Les résultats obtenus montrent une bonne compacité de la représentation modale obtenue et indiquent une certaine stabilité de l'orientation relative des paires considérées qui modélisent en l'occurrence des gyri.

Dans une seconde partie, nous avons développé trois applications relatives à la modélisation statistique de la forme des sillons corticaux.

La première d'entre elles s'inscrit dans le cadre du projet d'évaluation de méthodes de recalage global inter-sujets mené au sein de l'équipe d'accueil. Cette évaluation est articulée autour d'un ensemble de critères globaux et locaux, visant en particulier à apprécier les performances des différents recalages dans les zones corticales. Dans ce contexte, notre contribution concerne la définition de critères locaux exploitant la modélisation statistique de la forme des sillons corticaux. Les conclusions générales relatives à cette étude indiquent que les méthodes non rigides sont les plus performantes selon les critères globaux, et de façon plus surprenante que les différentes méthodes de recalage, rigides ou non-rigides, ont un comportement relativement similaire quant au recalage des sillons corticaux. Ce constat plaide en faveur de l'introduction de contraintes anatomiques dans la formulation du recalage global.

Le recalage d'activations fonctionnelles multi-sujets présenté ensuite constitue une application de la modélisation statistique de la forme des sillons corticaux dans le contexte de la construction d'un atlas probabiliste anatomique et fonctionnel local. L'approche repose sur l'hypothèse que la variabilité fonctionnelle inter-individuelle est partiellement encodée par la variabilité anatomique inter-individuelle. Il s'agit d'une approche locale et non linéaire consistant à étendre le champ de déformation issu de la modélisation statistique à un voisinage spatial d'un sillon considéré, afin de recalquer des activations fonctionnelles multi-sujets associées à ce sillon dans un référentiel unique lié à un modèle anatomique moyen. Comparé à des méthodes globales rigides et non rigides, le recalage proposé s'est révélé apte à réduire la variabilité fonctionnelle inter-individuelle observée. Comme ci-dessus, ce constat indique qu'il serait judicieux de faire coopérer les approches de recalage global et local.

Enfin, dans le dernier chapitre de ce document, nous nous sommes intéressés à un autre contexte qui est celui de l'investigation du système visuel humain et avons proposé une modélisation statistique de la forme de frontières fonctionnelles délimitant les aires visuelles de bas-niveau. La démarche employée est tout à fait analogue à celle proposée au chapitre 2 et montre ainsi que cette dernière n'est pas spécifique au cas des sillons corticaux. Elle repose sur une représentation paramétrique des structures d'intérêt, également par des B-splines cubiques, et sur la définition d'un repère intrinsèque à ces structures, le modèle étant là aussi finalement dérivé par l'application d'une analyse en composantes principales.

Différents aspects inhérents aux approches proposées peuvent être approfondis afin d'améliorer le travail effectué et d'ouvrir de nouvelles applications.

Une des difficultés fondamentales à la construction d'un modèle statistique de formes en imagerie cérébrale concerne la mise en correspondance de la population d'apprentissage. Nous avons opté pour un schéma de mise en correspondance calqué sur la paramétrisation des formes d'intérêt. Si les résultats issus des applications subséquentes ne mettent pas en défaut cette mise en correspondance, il serait néanmoins intéressant d'effectuer une étude comparative de l'impact de méthodes de mise en correspondance concurrentes sur la qualité du modèle final. La validité des hypothèses émises par les différentes méthodes en serait éclairée.

En ce qui concerne la représentation des formes, une paramétrisation par B-splines cubiques s'est avérée bien adaptée, que ce soit pour la modélisation de la forme des sillons corticaux ou pour la modélisation des frontières des aires visuelles. Elle n'est bien sûr pas exclusive. Les représentations fréquentielles, notamment celles basées sur les descripteurs

de Fourier, forment une classe de représentation séduisante. Elles seraient particulièrement adaptées à la modélisation de structures telles que les ventricules. À ce propos, la modélisation statistique n'est pas limitée à des structures « physiques ». En guise d'illustration, il pourrait être intéressant de mener une étude statistique sur des champs de vecteurs issus de recalage globaux inter-sujets afin de déterminer d'éventuelles directions privilégiées de déformation par exemple.

Sur les aspects de modélisation des positions et orientations relatives au sein d'un ensemble de sillons, l'extension au graphe doit être effectivement menée. Une application naturelle de cette modélisation est l'étiquetage automatique des sillons corticaux. Si pour cela il peut être envisagé d'exploiter également la connaissance statistique acquise sur la forme, il est fort probable que l'information de position et d'orientation soit suffisante à l'identification des sillons principaux considérés. Le schéma d'étiquetage pourra utiliser l'information de position et d'orientation d'un sillon au sein d'un repère extrinsèque mais aussi l'information contextuelle apportée par la connaissance des relations de voisinage.

Par ailleurs, il serait intéressant d'exploiter la modélisation statistique proposée pour un couple de sillons afin d'enrichir le schéma de recalage fonctionnel inter-individuel local en y intégrant la double contrainte constituée des deux sillons du couple. Le recalage des activations fonctionnelles pourrait alors être contraint par le nombre de modes retenus pour définir la position et l'orientation du couple et pour définir la forme des sillons.

La modélisation statistique des aires visuelles mériterait elle aussi quelques approfondissements. Elle bénéficierait certainement d'un supplément d'informations fonctionnelles dans la définition du repère intrinsèque. De plus, de manière analogue à ce qui a été proposé pour les activations fonctionnelles en MEG, il peut être envisagé de réaliser un recalage inter-sujets des cartes dépliées en utilisant les frontières modélisées comme contraintes. L'atlas probabiliste surfacique des aires visuelles considérées ainsi construit pourra par exemple assister de nouvelles délinéations.

Notons ici que l'aspect segmentation, bien qu'application de prédilection des modèles statistiques de formes, n'a pas été abordé dans ces travaux. Il est pourtant tout à fait envisageable, et est même en cours de développement par Cybèle Ciofalo, doctorante au sein du projet Vista, et dont les travaux de thèse concernent notamment la segmentation de structures cérébrales par le formalisme des ensembles de niveaux (« level sets » en anglais). Dans ce cadre, une approche coopérative ensemble de niveaux/modèle statistique de formes est donc envisagée. La procédure de segmentation peut bénéficier du modèle statistique à deux niveaux : pour l'initialisation d'une part et pour guider l'évolution de l'hypersurface d'autre part, soit en utilisant les informations issues du modèle de formes pour délimiter une zone de recherche restreinte, soit en intégrant directement ces informations dans la définition de la fonction vitesse. Réciproquement, le modèle statistique peut être enrichi de nouveaux exemplaires segmentés pour réaliser l'apprentissage entraînant ainsi un « bouclage » entre les deux approches.

Enfin, un problème crucial à la modélisation statistique et récurrent dans nos cadres expérimentaux est celui du cardinal de la population d'apprentissage. Si une base de 18 sujets est d'un certain point de vue déjà conséquente, elle est cependant insuffisante pour espérer valider un modèle traitant de données de grande dimensionalité. Une validation effective des méthodes proposées nécessite donc la mise à disposition de larges bases de données. Citons dans ce contexte le projet NeuroBase, dans le cadre d'une Action Concertée Incitative « Télémédecine et technologies pour la santé », auquel nous avons eu l'occasion

de participer durant cette thèse. Ce projet a pour objectif d'étudier la faisabilité d'une mise en commun, depuis plusieurs sites, de données et également de méthodes au travers du réseau Internet et de proposer un prototype d'une telle plate-forme. D'une part, nos travaux bénéficieraient des fruits d'un tel projet en ayant accès à un plus grand nombre de données. D'autre part, ce type de système requiert des descriptions compactes de formes afin d'interroger les bases de données au moyen d'une requête. La modélisation statistique fournit des descripteurs de formes qui ont leur rôle à jouer dans l'évolution de tels systèmes.

La validation sur de telles bases de données est nécessaire pour conférer aux approches proposées une utilité « clinique ». Disposant d'importantes bases de données et sous réserve que le modèle s'avère satisfaisant dans ce cadre expérimental élargi, les approches proposées ici peuvent être utilisées dans de nombreuses applications, telles que la morphométrie ou la recherche de sous-groupes au sein d'une population.

Annexes

Annexe A

Diagonalisation de la matrice de covariance dans le cas où $n \ll p$

Nous décrivons dans cette annexe une « astuce » de calcul permettant de réduire le coût calculatoire lorsque $n \ll p$, i.e. lorsque le nombre d'individus est très inférieur au nombre de variables [Cootes 95b].

Dans le cas $n \ll p$, le nombre de valeurs propres non nulles de la matrice de covariance ne peut excéder $(n - 1)$. Il y a donc au plus $(n - 1)$ modes. Par conséquent, il n'est pas nécessaire de calculer les p valeurs et vecteurs propres de la matrice de covariance.

Soit $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_p)^t$ le vecteur aléatoire d'observation, la matrice de covariance \mathbf{C} de taille $p \times p$ est donnée par :

$$\mathbf{C} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})(\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}})^t \quad \text{avec} \quad \bar{\mathbf{x}} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i \quad (\text{A.1})$$

ou encore par :

$$\mathbf{C} = \frac{1}{n} \mathbf{D} \mathbf{D}^t \quad (\text{A.2})$$

où \mathbf{D} est la matrice $p \times n$ des données centrées de terme général $D_{ij} = (x_{ij} - \bar{x}_{ij})_{\substack{1 \leq i \leq n \\ j \leq j \leq p}}$.

Ceci est le schéma classique, l'astuce consiste à diagonaliser une matrice de taille très inférieure à \mathbf{D} , soit \mathbf{T} de taille $n \times n$:

$$\mathbf{T} = \frac{1}{n} \mathbf{D}^t \mathbf{D}. \quad (\text{A.3})$$

Soit (Ψ_i, γ_i) les vecteurs propres normalisés et valeurs propres associées de \mathbf{T} . Alors, pour tout $i = 1, \dots, n$:

$$\mathbf{T} \Psi_i = \gamma_i \Psi_i \quad (\text{A.4})$$

soit, pour tout $i = 1, \dots, n$:

$$\frac{1}{n} \mathbf{D}^t \mathbf{D} \Psi_i = \gamma_i \Psi_i. \quad (\text{A.5})$$

En prémultipliant par \mathbf{D} , il vient :

$$\frac{1}{n}\mathbf{D}\mathbf{D}^t\mathbf{D}\Psi_i = \mathbf{D}\gamma_i\Psi_i \quad (\text{A.6})$$

$$\mathbf{C}(\mathbf{D}\Psi_i) = \gamma_i(\mathbf{D}\Psi_i) \quad (\text{A.7})$$

Par conséquent, $(\mathbf{D}\Psi_i, \gamma_i)$ sont vecteurs et valeurs propres de \mathbf{C} . Après normalisation, on obtient les n vecteurs orthonormaux unitaires de \mathbf{C} :

$$\Phi_i = \frac{1}{\sqrt{\gamma_i \cdot n}}\mathbf{D}\Psi_i \quad (\text{A.8})$$

dont la valeur propre associée est $\lambda_i = \gamma_i$.

Table des figures

1.1	Représentation d'un rectangle par son axe médian (en gris clair).	17
1.2	Le repère de Frénet en un point P d'une courbe \mathcal{C}	22
1.3	Principe géométrique de l'ACP. Les points représentent le nuage des n observations dans \mathbb{R}^p . À gauche, est représentée la droite d'allongement maximum D . À droite, sont représentées les deux premières directions principales du nuage de points.	38
1.4	Ajustement d'une distribution selon l'analyse retenue. Les zones grisées représentent la distribution du vecteur aléatoire \mathbf{x} de \mathbb{R}^p . (a) ajustement par une ACP; (b) par une ACI; (c) par une ACP; (d) et (e) par un mélange de gaussiennes; (f) par une transformation non linéaire. Les figures c et f mettent en évidence le caractère non optimal de l'ACP dans le cas d'une distribution non linéaire.	49
2.1	Illustrations anatomiques. (a) vue latérale; (b) vue dorsale. D'après http://schwann.free.fr/etage_sus_tentorial.html	56
2.2	Illustration montrant les trois faces des hémisphères cérébraux. (A) face supéro-latérale; (B) face inférieure; (C) face médiane. D'après [LeGoualher 97a].	56
2.3	Illustration représentant la forme d'un sillon en profondeur. D'après [Ono 90]. (1) Âme du sillon; (2) branches latérales; (3) plis de passage.	58
2.4	Les lobes cérébraux. D'après http://www.medecine.unige.ch/~bertrand/cours1/anatomie	59
2.5	Les atlas de Talairach [Talairach 67], [Talairach 88]. (a) une planche de l'atlas de Talairach; (b) définition du repère de Talairach basé sur la localisation des commissures antérieure et postérieure (CA et CP) visibles dans le plan inter-hémisphérique; (c-d) principe du quadrillage proportionnel de Talairach: douze sous-volumes, six par hémisphère, sont définis à partir des dimensions de la boîte englobante du cerveau.	61
2.6	Variabilité de la localisation de la trace externe de quelques grandes structures dans le repère proportionnel de Talairach.	62
2.7	Illustration schématique du repère intrinsèque à un sillon (surface grisée). Le repère \mathcal{R} désigne le repère image dans lequel le sillon est initialement exprimé, le repère \mathcal{R}_s est le repère local au sillon.	68
2.8	Rééchantillonnage et mise en correspondance dans le cas où un sillon interrompu est homologue à un sillon continu. Les points noirs sont portés par la grille des points de contrôle du sillon (en pointillé).	70

2.9	Un exemplaire de chaque forme étudiée. (a) un sillon central gauche, (b) un sillon précentral gauche interrompu, (c) un sillon postcentral gauche. . .	73
2.10	Contribution des individus k au mode i sur la base du sillon central gauche. (a) contribution de chaque individu au premier mode; (b) contribution des individus k à chacun des 17 modes. L'histogramme inférieur correspond au premier mode tandis que l'histogramme supérieur correspond au dernier mode, c'est-à-dire au mode 17.	75
2.11	Contribution des individus k au mode i sur la base du sillon précentral gauche. (a) contribution de chaque individu au premier mode calculée sur la base initiale; (b) contribution de chaque individu au premier mode calculée sur la base initiale privée de l'individu 16; (c) contribution de chaque individu au premier mode calculée sur la base initiale privée des individus 16 et 14; (d) contribution des individus k à chacun des 15 modes calculés sur la base finale, i.e. sur la base originale privée des individus 16 et 14. Sur cette figure, l'histogramme présenté sur la ligne inférieure correspond au premier mode, et celui présenté sur la ligne supérieure au dernier mode (mode 15).	76
2.12	Contribution des individus k au premier mode sur la base du sillon postcentral gauche. L'individu 16 est exagérément contributif à la détermination de ce mode.	77
2.13	Contribution des individus k aux modes issus de la base des sillons postcentraux gauches, privée de l'individu 16. (a) contribution de chaque individu au premier mode; (b) contribution de chaque individu au deuxième mode; (c) contribution de chaque individu au troisième mode. Les sillons des individus 5 et 11 sont exclus de la base. (d) contributions finales des 15 individus retenus à chacun des modes. Sur cette figure, l'histogramme présenté sur la ligne inférieure correspond au premier mode, et celui présenté sur la ligne supérieure au dernier mode (mode 14).	78
2.14	Les populations d'apprentissage recalées rigidement dans le repère local. (a) base du sillon central gauche; (b) base du sillon précentral gauche; (c) base du sillon postcentral gauche. Sommairement, l'axe x suit la direction pied-tête, l'axe y est orienté vers l'extérieur du cerveau et l'axe z suit la direction antero-postérieure.	79
2.15	Le sillon moyen de chaque forme étudiée. (a) le sillon central gauche moyen; (b) le sillon précentral gauche moyen; (c) le sillon postcentral gauche moyen.	79
2.16	Évolution du pourcentage de variance cumulée, $\tau_p = \frac{\sum_{i=1}^m \lambda_i}{\lambda_T} \times 100$, en fonction du nombre de modes retenus. La population d'apprentissage est constituée: (a) de 18 sillons centraux gauches; (b) de 16 sillons précentraux gauches; (c) de 15 sillons postcentraux gauches.	81
2.17	Dimension de la base modale en fonction du cardinal de la population d'apprentissage, nécessaire à l'expression de 70% de la variance totale, de 90% de la variance totale, de 95% de la variance totale et de 98% de la variance totale. La ligne noire indique le nombre de formes.	82

2.18	Test de « leave-one-out » : erreur de reconstruction (en mm) en fonction de la dimension de la base d'approximation modale. La population d'apprentissage \mathcal{P} est constituée : (a) de 18 sillons centraux gauches ; (b) de 16 sillons précentraux gauches ; (c) de 15 sillons postcentraux gauches.	84
2.19	Distributions jointes de b_1 et b_2 , les amplitudes modales de déformation relatives aux deux premiers modes. La base d'apprentissage \mathcal{P} est constituée : (a) de 18 sillons centraux gauches ; (b) de 16 sillons précentraux gauches ; (c) de 15 sillons postcentraux gauches.	85
2.20	Synthèse de formes et spécificité : effets des variations des amplitudes modales de déformation sur la forme du sillon central (a-c), du sillon précentral (d-f) et du sillon postcentral (g-i). Génération de formes autour du sillon moyen selon le premier mode (a), (d) et (g) ; selon le deuxième mode (b), (e) et (h) ; selon le quinzième (c) et douzième mode (f), (i). Les formes synthétisées sont superposées et une couleur est attribuée à chaque forme.	87
2.21	Synthèse de formes et spécificité : effets des variations des amplitudes modales de déformation sur la forme du sillon central . En haut, génération de formes autour du sillon moyen selon le premier mode : $-3\sqrt{\lambda_1} \leq b_1 \leq +3\sqrt{\lambda_1}$; au milieu, selon le deuxième mode : $-3\sqrt{\lambda_2} \leq b_2 \leq +3\sqrt{\lambda_2}$; en bas, selon le quinzième mode : $-3\sqrt{\lambda_{15}} \leq b_{15} \leq +3\sqrt{\lambda_{15}}$. La colonne centrale présente la forme moyenne.	88
2.22	Synthèse de formes et spécificité : effets des variations des amplitudes modales de déformation sur la forme du sillon précentral . En haut, génération de formes autour du sillon moyen selon le premier mode : $-2\sqrt{\lambda_1} \leq b_1 \leq +2\sqrt{\lambda_1}$; au milieu, selon le deuxième mode : $-2\sqrt{\lambda_2} \leq b_2 \leq +2\sqrt{\lambda_2}$; en bas, selon le douzième mode : $-2\sqrt{\lambda_{12}} \leq b_{12} \leq +2\sqrt{\lambda_{12}}$. La colonne centrale présente la forme moyenne.	89
2.23	Synthèse de formes et spécificité : effets des variations des amplitudes modales de déformation sur la forme du sillon postcentral . En haut, génération de formes autour du sillon moyen selon le premier mode : $-2\sqrt{\lambda_1} \leq b_1 \leq +2\sqrt{\lambda_1}$; au milieu, selon le deuxième mode : $-2\sqrt{\lambda_2} \leq b_2 \leq +2\sqrt{\lambda_2}$; en bas, selon le douzième mode : $-2\sqrt{\lambda_{12}} \leq b_{12} \leq +2\sqrt{\lambda_{12}}$. La colonne centrale présente la forme moyenne.	90
3.1	Exemple extrait de l'hémisphère gauche d'un sujet des six sillons considérés dans le graphe. Le sillon central (C) est représenté en bleu foncé ; le sillon précentral (PréC) est représenté en bleu clair ; le sillon postcentral (PostC) est représenté en vert ; le sillon latéral (L) est représenté en orangé ; le sillon frontal supérieur (FS) est représenté en jaune et le sillon temporal supérieur (TS) est représenté en rouge.	96
3.2	Graphe de relations entre sillons majeurs pour un hémisphère. Six sillons majeurs sont considérés : le sillon frontal supérieur (FS), le sillon précentral (PréC), le sillon central (C), le sillon postcentral (PostC), le sillon latéral ou fissure sylvienne (L) et le sillon temporal supérieur (TS).	97
3.3	Les couples 1 et 2 ont une configuration interne identique. Pourtant, la position relative exprimée par le vecteur entre O_a et O_b apparaît différente lorsque le référencement est extrinsèque au couple.	99

- 3.4 Construction du repère local médian, \mathcal{R}_M , intrinsèque au couple de sillons (A, B) . Les repères \mathcal{R}_A et \mathcal{R}_B sont les repères locaux des sillons A et B respectivement. 101
- 3.5 Transformation de la base orthonormale $\mathcal{B}(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{z})$, en bleu, en la base $\mathcal{B}_f(\mathbf{x}_f, \mathbf{y}_f, \mathbf{z}_f)$, en noir, par la composition de trois rotations autour des axes de \mathcal{B}_f considérés comme fixes. (a) La base $(\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{z})$, en bleu, est transformée en $(\mathbf{x}_1, \mathbf{y}_1, \mathbf{z}_1)$, en rose, par la rotation d'axe \mathbf{x}_f et d'angle ψ ; (b) la base $(\mathbf{x}_1, \mathbf{y}_1, \mathbf{z}_1)$, en rose, est transformée en $(\mathbf{x}_2, \mathbf{y}_2, \mathbf{z}_2)$, en vert, par la rotation d'axe \mathbf{x}_f et d'angle ϕ ; (c) la base $(\mathbf{x}_2, \mathbf{y}_2, \mathbf{z}_2)$, en vert, est finalement transformée par la rotation d'axe \mathbf{z}_f et d'angle θ , en rouge, et se superpose à \mathcal{B}_f , en noir. 102
- 3.6 Contribution des individus k au premier mode (à gauche) et à chacun des modes (à droite), relativement à la base des 14 sillons centraux examinés (a) et (b); relativement à la base des 14 sillons précentraux examinés (c) et (d); relativement à la base des 14 sillons postcentraux examinés (e) et (f). Pour chacune des figure (b), (d) et (f), la ligne inférieure correspond au premier mode tandis que la ligne supérieure correspond au dernier mode (mode 13 ici). 106
- 3.7 Contribution des individus k au premier mode (à gauche) et à chacun des modes (à droite), relativement à la base des 14 sillons frontaux supérieurs examinés (a) et (b); relativement à la base des 14 sillons latéraux examinés (c) et (d); relativement à la base des 14 sillons temporaux supérieurs examinés (e) et (f). Pour chacune des figure (b), (d) et (f), la ligne inférieure correspond au premier mode tandis que la ligne supérieure correspond au dernier mode (mode 13 ici). 107
- 3.8 Exemple de graphe tiré de l'hémisphère gauche d'un sujet de la population d'apprentissage. Les six sillons sont de gauche à droite, puis de haut en bas : le sillon frontal supérieur (FS), le sillon précentral (PréC), le sillon central (C), le sillon postcentral (PostC), le sillon latéral (L) et le sillon temporal supérieur (TS). Les repères sont les repères locaux médians intrinsèques à chaque paire de nœuds adjacents du graphe. L'axe x est représenté en bleu, l'axe y en vert et l'axe z en rouge. 109
- 3.9 Effets des variations des amplitudes modales de déformation sur la position et l'orientation relatives des paires de sillons (A, B) considérées. Pour toutes les figures, le code des couleurs est le suivant : en blanc : repère local médian au couple (A, B) , en bleu : repère local moyen du sillon A , en rouge : repère local moyen du sillon B , en vert : repères locaux synthétisés correspondant au sillon A et en jaune : repères locaux synthétisés correspondant au sillon B .
(a-c) génération de couples (A, B) autour de l'observation moyenne selon le premier mode : $-2\sqrt{\lambda_1} \leq \mathbf{f}_1 \leq +2\sqrt{\lambda_1}$; (d-f) selon le deuxième mode : $-2\sqrt{\lambda_2} \leq \mathbf{f}_2 \leq +2\sqrt{\lambda_2}$; (g-i) : selon le troisième mode : $-2\sqrt{\lambda_3} \leq \mathbf{f}_3 \leq +2\sqrt{\lambda_3}$. Les paires (A, B) considérées sont : (a, d, g) le couple (C, PréC); (b, e, h) le couple (C, PostC); (c, f, i) le couple (L, TS). 111
- 3.10 Graphe composé de trois nœuds A, B et C , et deux arcs : (A, B) et (B, C) . 112

3.11	Pourcentage, τ_p , de variance cumulée selon le nombre de modes retenus, m , $\tau_p = \frac{\sum_{j=1}^{j=m} \lambda_j}{\lambda_T} \times 100$	113
3.12	Illustration de la modélisation du graphe complet basée sur un référencement extrinsèque : effets de la variation des amplitudes modales selon le premier mode.	114
4.1	Pour chacune des méthodes considérées, visualisation des sillons centraux gauches de la base de données déformés vers le sujet de référence. En jaune, rouge et vert sont représentés respectivement les sillons central, précentral et postcentral du sujet de référence. Les sillons en bleu sont les sillons déformés par : (a) la méthode A ; (b) la méthode D ; (c) la méthode I ; (d) la méthode M ; (e) la méthode P ; (f) la méthode R.	126
4.2	Importance relative de chaque mode donnée par : $\frac{\lambda}{\sum_{i=1}^p \lambda_i} \times 100$ selon chaque méthode et pour la classe (a) du sillon central gauche ; (b) du sillon frontal supérieur gauche ; (c) du sillon latéral.	130
5.1	Exemple de constitution d'atlas probabilistes anatomiques et fonctionnels selon deux méthodologies concurrentes : le « Recalage Global » et le « Re- calage Local ». D'après [Barillot 99].	134
5.2	La cartographie cytoarchitectonique de Brodmann [Brodmann 09].	135
5.3	Les homoncules de Penfield [Penfield 50]. La figure du bas illustre la soma- tologie des aires somesthésiques (à gauche) et motrices (à droite).	137
5.4	Exemples de fonctions μ_V . De gauche à droite : $\mu_V^{(1)}$ (fonction inverse) telle que $\mu_V^{(1)''}(20) = 0$; $\mu_V^{(2)}$ (fonction sinus) telle que $\mu_V^{(2)''}(40) = 0$; $\mu_V^{(3)}$ (fonc- tion exponentielle) telle que $\mu_V^{(3)''}(30) = 0$	141
5.5	(a) Données simulées : les cercles sont les points source, les astérisques sont les points cibles et les points représentent la grille initiale ; (b) la grille ini- tiale est déformée en appliquant la fonction f calculée à partir des ensembles de points source et cible ; (c) l'application de la fonction f est restreinte par une fonction non continue (fonction porte) ; (d) l'application de f est res- treinte par une fonction continue, en l'occurrence la fonction sinus présentée plus haut, i.e. $\mu_V^{(2)}$	142
5.6	Recalage des dipôles MEG correspondant à une activation somesthésique du pouce par chacune des six méthodes de recalage. Le sillon représenté est le sillon central gauche moyen. (a) méthode LR : les dipôles sont recalés de manière rigide ; (b-c) méthode NLL : les dipôles sont recalés par le champ de déformation étendu, (b) $m = 17$, (c) $m = 5$; (d-f) les dipôles sont recalés par une méthode globale : (d) méthode GR, (e) méthode QP, (f) méthode NLG.	147
5.7	Déterminant de la matrice de covariance des localisations des dipôles recalés par la méthode NLL en fonction du nombre de modes retenus et pour chacun des doigts considérés (auriculaire, index, pouce).	155

5.8	Illustration de l'organisation somatotopique des dipôles recalés par la méthode NLL1. Les dipôles correspondant à chaque doigt sont ordonnés. (a) les dipôles recalés correspondant à l'auriculaire ; (b) les dipôles recalés correspondant à l'index ; (c) les dipôles recalés correspondant au pouce.	156
5.9	Dipôles correspondant à une activation de l'index recalés par la méthode NLL en utilisant une instance synthétisée \mathbf{x}_c comme sillon cible dans le calcul du champ de déformation. Le sillon \mathbf{x}_c est représenté en rouge sur chacune des figures. On a : $\mathbf{x}_c = \bar{\mathbf{x}} + \Phi_1 b_1$. De haut en bas, b_1 varie de $-3\sqrt{\lambda_1}$ à $+3\sqrt{\lambda_1}$	157
6.1	(a) schéma de l'œil ¹ ; (b) le cheminement de l'information visuelle depuis le champ visuel jusqu'au cortex visuel primaire situé dans le lobe occipital ² .	160
6.2	Les aires visuelles (selon [Hadjikhani 98]).	161
6.3	Représentation du champ visuel dans le cortex visuel. (a) représentation de l'hémichamp droit dans V1 : le quart de champ visuel supérieur - en rouge - est projeté sur la partie inférieure de la scissure calcarine et le quart de champ visuel inférieur - en vert - est projeté sur la partie supérieure de la scissure calcarine ; (b) représentation des aires V1 à V3, les tons rouges, respectivement verts, indiquant la représentation du quadrant supérieur, respectivement inférieur. La représentation du méridien horizontal sur le cortex visuel est indiquée par des lignes pointillées, celle du méridien vertical par des lignes continues. D'après [Zeki 03].	163
6.4	Les stimuli utilisés. À gauche, un anneau en expansion et en contraction ; à droite, deux portions de disque diamétralement opposées animées d'un mouvement de rotation. Ces illustrations ont été fournies par Michel Dojat, Inserm U438, Grenoble.	164
6.5	Exemples de cartes dépliées pour chacun des hémisphères de trois sujets. Les activations fonctionnelles sont projetées en fausses couleurs et les bordures des aires visuelles apparaissent en noir. D'après [Warnking 02b].	166
6.6	Illustration schématique d'une carte dépliée de l'hémisphère gauche faisant figurer les six frontières d'intérêt et le repère local.	170
6.7	Rééchantillonnage. (a) et (b) : les six frontières d'un sujet délinées pour l'hémisphère gauche (a) et droit (b). Les points bleus sont les échantillons originaux et les lignes rouges, les frontières rééchantillonnées. De (c) à (f), zoom sur quatre frontières particulières : (c) et (e) : V2d et V2v de l'hémisphère gauche ; (d) et (f) : V1d et VP/V4 de l'hémisphère droit. Cette dernière frontière a été rééchantillonnée avec un rapport $nbc = nbp/4$	172
6.8	Les populations d'apprentissage correspondant aux hémisphères gauche et droit, recalées dans le repère local. V1d est représentée en bleu, V1v en cyan, V2d en rouge, V2v en magenta, V3/V3A en vert et VP/V4 en jaune.	173
6.9	Variations du premier mode autour de la carte moyenne : $-2\sqrt{\lambda_1} \leq b_1 \leq +2\sqrt{\lambda_1}$, pour l'hémisphère gauche (colonne de gauche) et pour l'hémisphère droit (colonne de droite). La ligne centrale (en noir) représente la carte moyenne, V1d est représentée en bleu, V1v en cyan, V2d en rouge, V2v en magenta, V3/V3A en vert et VP/V4 en jaune.	175

Liste des tableaux

- 1.1 Algorithme FastICA de recherche d'une direction de non-gaussianité maximale, i.e. d'estimation d'UNE composante indépendante. En pratique, les espérances sont estimées comme une moyenne sur les échantillons de données disponibles. 46
- 3.1 Pourcentage, τ_p , de variance cumulée selon le nombre de modes retenus, m , pour les paires (C, PréC), (C, PostC) et (L, TS); $\tau_p = \frac{\sum_{j=1}^m \lambda_j}{\lambda_T} \times 100$ 108
- 4.1 Distance moyenne (en voxels) entre les sillons recalés et le sillon correspondant du sujet de référence. La moyenne est calculée sur tous les sujets et tous les sillons. 127
- 4.2 Trace de la matrice de covariance pour chacune des six méthodes et pour trois classes de sillons. Cette trace est normalisée par le cardinal de la population d'apprentissage correspondante. 128
- 5.1 Déterminant de la matrice de covariance des localisations des dipôles MEG pour des activations somesthésiques (pouce, index, auriculaire) après recalage par les méthodes locales : recalage local rigide (LR), recalage basé sur l'interpolation par thin-plate spline (NLL1 pour $m=17$ et NLL2 pour $m=5$), et après recalage par les méthodes globales (GR, QP, NLG). 148
- 5.2 Écart-type en x , y et z des localisations des dipôles MEG pour des activations somesthésiques (pouce, index, auriculaire) après recalage local rigide (LR), recalage basé sur l'interpolation par thin-plate spline (NLL) pour $m = 17$ et $m = 5$, et recalage global (méthodes GR, QP, NLG). L'unité est le mm, sachant que les dimensions en longueur (axe x), profondeur (axe y) et épaisseur (axe z) d'une boîte englobant un sillon sont respectivement de l'ordre de 100, 30 et 23 mm. 148

- 5.3 Minimum et maximum sur les six échantillons considérés et pour chaque doigt (pouce, index, auriculaire) des coefficients d'asymétrie, γ_1 , et d'aplatissement, γ_2 , relativement aux variables suivantes: x, y, z et $\sqrt{(x - \bar{x})^2}, \sqrt{(y - \bar{y})^2}, \sqrt{(z - \bar{z})^2}$. Nous rappelons qu'un échantillon est constitué des dipôles correspondant à un doigt donné et recalés par une méthode donnée. Pour une distribution gaussienne, $\gamma_1 = 0$ et $\gamma_2 = 3$. Pour un échantillon de cardinal égal à 15, le coefficient d'asymétrie empirique doit être inférieur à la valeur critique v_s , qui est $v_s = 0.851$ pour $\alpha = 0.05$ et $v_s = 1.272$ pour $\alpha = 0.1$; le coefficient d'aplatissement empirique doit être compris entre 1.72 et 4.13 pour $\alpha = 0.05$ 149
- 5.4 Valeurs de la variable de Fisher-Snedecor, F^* , pour les tests réalisés sur chaque paire de méthodes de recalage (LR, NLL1, NLL2, GR, QP et NLG) relativement aux variables: x et y (pour les échantillons du pouce), z et $\sqrt{(z - \bar{z})^2}$ (pour les échantillons du pouce, de l'index et de l'auriculaire). Étant donné deux échantillons de cardinal n et ayant pour variances empiriques σ_1^2 et σ_2^2 , alors $F^* = F_{n-1}^* = \frac{\sigma_1^2}{\sigma_2^2}$; et ces deux échantillons sont significativement différents si $F^* > F_{14}$ avec $F_{14} = 2.48$ pour $\alpha = 0.05$ et $F_{14} = 2.02$ pour $\alpha = 0.1$. Les nombres en gras, respectivement en italique, indiquent une différence significative pour $\alpha = 0.05$, respectivement pour $\alpha = 0.1$ 150
- 5.5 Valeurs de la variable de Student, T^* , pour les tests réalisés sur chaque paire de méthodes de recalage (LR, NLL1, NLL2, GR, QP et NLG) relativement aux variables: x et y (pour les échantillons du pouce, de l'index et de l'auriculaire). Étant donné deux échantillons de cardinal n et de moyenne empirique \bar{x}_1 et \bar{x}_2 , et de variances empiriques σ_1^2 et σ_2^2 , alors $T^* = T_{2(n-1)}^* = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{\sqrt{(\sigma_1^2 + \sigma_2^2)}} \sqrt{(n - 1)}$; et ces deux échantillons sont significativement différents si $T^* > T_{28}$ avec $T_{28} = 2.048$ pour $\alpha = 0.05$ et $T_{28} = 1.701$ pour $\alpha = 0.1$. Les nombres en gras, respectivement en italique, indiquent une différence significative pour $\alpha = 0.05$, respectivement pour $\alpha = 0.1$ 151
- 5.6 Valeurs de la variable de Student, T^* , pour les tests réalisés sur chaque paire de méthodes de recalage (LR, NLL1, NLL2, GR, QP et NLG) relativement aux variables: $\sqrt{(x - \bar{x})^2}$ and $\sqrt{(y - \bar{y})^2}$ (pour les échantillons du pouce, de l'index et de l'auriculaire). Étant donné deux échantillons de cardinal n et de moyenne empirique \bar{x}_1 et \bar{x}_2 , et de variances empiriques σ_1^2 et σ_2^2 , alors $T^* = T_{2(n-1)}^* = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{\sqrt{(\sigma_1^2 + \sigma_2^2)}} \sqrt{(n - 1)}$; et ces deux échantillons sont significativement différents si $T^* > T_{28}$ avec $T_{28} = 2.048$ pour $\alpha = 0.05$ et $T_{28} = 1.701$ pour $\alpha = 0.1$. Les nombres en gras, respectivement en italique, indiquent une différence significative pour $\alpha = 0.05$, respectivement pour $\alpha = 0.1$ 152
- 5.7 Valeurs F^* issues de l'ANOVA pour des tests pratiqués sur les six échantillons correspondant aux six méthodes de recalage (LR, NLL1, NLL2, GR, QP, NLG) pour chacun des trois doigts par rapport à la variable $\sqrt{(z - \bar{z})^2}$. On conclut à une différence significative entre les méthodes si $F^* > F$ avec $F = 2.33$ à $\alpha = 0.05$ 153

-
- 6.1 Pour chaque frontière et chaque hémisphère, moyenne et écart-type sur tous les sujets de la distance de Hausdorff, en mm, entre les lignes originales et les lignes rééchantillonnées. 173
- 6.2 Pourcentage, τ_p , de variance cumulée selon le nombre de modes retenus pour les hémisphères gauche et droit ; $\tau_p = \frac{\sum_{i=1}^m \lambda_i}{\lambda_T} \times 100$ 174

Bibliographie

- [Baillard 00] C. Baillard, C. Barillot, P. Bouthemy. – *Robust adaptative segmentation of 3D medical images with level sets*. – Rapport de Recherche n4071, INRIA, Novembre 2000.
- [Baillard 01] C. Baillard, P. Hellier, C. Barillot. – Segmentation of brain 3D MR images using level sets and dense registration. *Medical Image Analysis*, 5(3):185–194, 2001.
- [Baillet 98] S. Baillet. – *Vers une imagerie fonctionnelle de l'électrophysiologie corticale. Modélisation markovienne pour l'estimation des sources de l'électro/magnétoencéphalographie et évaluations expérimentales*. – PhD. Thesis, Université Paris XI, 1998.
- [Bajcsy 89] R. Bajcsy, S. Kovacic. – Multiresolution elastic matching. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 46:1–21, 1989.
- [Bakircioğlu 98] M. Bakircioğlu, U. Grenander, N. Khaneja, M.I. Miller. – Curve matching on brain surfaces using Frénet distance metrics. *Human Brain Mapping*, 6(5):329–331, 1998.
- [Ballard 82] D. Ballard, C.M. Brown. – *Computer Vision*. – Prentice Hall, Englewood Cliffs, New Jersey, 1982.
- [Barillot 99] C. Barillot. – *Fusion de données et imagerie 3D en médecine*. – Université de Rennes 1, IRISA, Habilitation à diriger des recherches, 1999.
- [Bartlett 98] M.S. Bartlett, H.M. Lades, T.J. Sejnowski. – Independent component representations for face recognition. – *Proc. of the SPIE: Conference on Human Vision and Electronic Imaging III*, vol. 3299, pp. 528–539, 1998.
- [Besl 92] P.J. Besl, N.D. McKay. – A method for registration of 3-d shapes. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(2):239–255, 1992.
- [Blane 00] M.M. Blane, Z. Lei, H. Çivi, D.B. Cooper. – The 3l algorithm for fitting implicit polynomial curves and surfaces to data. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 22(3):298–313, 2000.
- [Bookstein 89] F. Bookstein. – Principal warps: thin-plate splines and the decomposition of deformations. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 11(6):567–585, 1989.
- [Bookstein 93] F.L. Bookstein, D.K. Green. – A feature space for derivatives of deformations. – *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, vol. 687 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 1–16, 1993.

- [Borgefors 88] G. Borgefors. – Hierarchical chamfer matching: a parametric edge matching algorithm. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 10(6):849–865, 1988.
- [Borgefors 96] G. Borgefors. – On digital distance transforms in three dimensions. *Computer Vision and Image Understanding*, 64(3):368–376, 1996.
- [Bowden 95] D.M. Bowden, R.F. Martin. – NeuroNames Brain Hierarchy. *NeuroImage*, 2:63–83, 1995.
- [Bowden 00] R. Bowden, T.A. Mitchell, M. Sarhadi. – Non-linear statistical models for the 3D reconstruction of human pose and motion from monocular image sequences. *Image and Vision Computing*, 18:729–737, 2000.
- [Brechtbühler 95] C. Brechtbühler, G. Gerig, O. Kübler. – Parametrization of closed surfaces for 3-D shape description. *Computer Vision and Image Understanding*, 61(2):154–170, 1995.
- [Brett 00] A.D. Brett, C.J. Taylor. – A method of automated landmark generation for automated 3D PDM construction. *Image and Vision Computing*, 18:739–748, 2000.
- [Brodmann 09] K. Brodmann. – *Vergleichende Lokalisationlehre de Grosshirnrinde*. – Barth, Leipzig, 1909.
- [Cachier 01] P. Cachier, J-F. Mangin, X. Pennec, D. Rivière, D. Papadopoulos-Orfanos, J. Régis, N. Ayache. – Multisubject non-rigid registration of brain mri using intensity and geometric features. – W. Niessen, M. Viergever (édité par), *Proc. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 2208 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 734–742. Springer, 2001.
- [Calhoun 01] V.D. Calhoun, T. Adali, G.D. Pearlson, J.J. Pekar. – Spatial and temporal independent component analysis of functional MRI data containing a pair of task-related waveforms. *Human Brain Mapping*, 13:43–53, 2001.
- [Cardoso 93] J-F. Cardoso, A. Souloumiac. – Blind beamforming for non Gaussian signals. *IEE Proceedings-F*, 140(6):362–370, 1993.
- [Cardoso 98] J-F. Cardoso. – Blind signal separation: statistical principles. *Proceedings of the IEEE*, 9(10):2009–2025, October 1998.
- [Cardoso 99] J-F. Cardoso. – High-order contrasts for independent component analysis. *Neural Computation*, 11(1):157–192, 1999.
- [Cardoso 01] J-F. Cardoso. – The three easy routes to independent component analysis; contrasts and geometry. – *Proc. of the ICA 2001 workshop*, pp. 1–6, San Diego, December 2001.
- [Counce 99] A. Counce, C.J. Taylor. – Using local geometry to build 3D sulcal models. – Kuba *et al.* (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, vol. 1613 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 196–209. Springer, 1999.
- [Counce 01] A. Counce, C.J. Taylor. – Building 3D sulcal models using local geometry. *Medical Image Analysis*, 5:69–80, 2001.
- [Chalmond 99] B. Chalmond, S.C. Girard. – Nonlinear modeling of scattered multivariate data and its application to shape change. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 21(5):422–432, 1999.

- [Christensen 01] G.E. Christensen, H.J. Johnson. – Consistent image registration. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 20(7):568–582, 2001.
- [Chui 99] H. Chui, J. Rambo, J. Duncan, R. Schultz, A. Rangarajan. – Registration of cortical anatomical structures via robust 3d point matching. – A. Kuba, *et al.* (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, vol. 1613 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 168–181. Springer, 1999.
- [Cohen 94] I. Cohen, L.D Cohen. – *A hybrid hyperquadric model for 2-D and 3-D data fitting*. – Rapport de recherche n2188, INRIA, January 1994.
- [Cointepas 99] Y. Cointepas. – *Modélisation homotopique et segmentation tridimensionnelles du cortex cérébral à partir d'IRM pour la résolution des problèmes directs et inverses en EEG et MEG*. – PhD. Thesis, École Nationale Supérieure des Télécommunications, Paris, 1999.
- [Collignon 95] A. Collignon, D. Vandermeulen, P. Suetens, G. Marchal. – 3d multi-modality medical image registration using feature space clustering. – *Proc. Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine*, pp. 195–204, Nice, France, 1995.
- [Collins 94] L. Collins. – *3D Model-based segmentation of individual brain structures from magnetic resonance imaging data*. – PhD. Thesis, Mc Gill University, Montreal, 1994.
- [Collins 96] L. Collins, G. Le Goualher, R. Venugopal, A. Caramanos, A. Evans, C. Barillot. – Cortical constraints for non-linear cortical registration. – *Proc. Visualization in Biomedical Computing*, vol. 1131 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 307–316, 1996.
- [Collins 97] L. Collins, A. Evans. – Animal: validation and applications of non-linear registration-based segmentation. *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 8(11):1271–1294, 1997.
- [Collins 98] D.L. Collins, G. Le Goualher, A.C. Evans. – Non-linear cerebral registration with sulcal constraints. – W.M. Wells, *et al.* (édité par), *Proc. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 1496 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 974–984. Springer, 1998.
- [Comon 94] P. Comon. – Independent component analysis, a new concept? *Signal Processing*, 36:287–314, 1994.
- [Cootes 95a] T.F. Cootes, C.J. Taylor. – Combining point distribution models with shape models based on finite element analysis. *Image and Vision Computing*, 13(5):403–409, 1995.
- [Cootes 95b] T.F. Cootes, C.J. Taylor, D.H. Cooper, J. Graham. – Active shape models - their training and application. *Computer Vision and Image Understanding*, 61(1):38–59, 1995.
- [Cootes 98] T.F. Cootes, G.J. Edwards, C.J. Taylor. – Active appearance models. – H. Burkhardt, B. Neumann (édité par), *Proc. European Conference on Computer Vision*, vol. 1407 of *Lecture Notes in Computer Science*. Springer, 1998.
- [Cootes 99a] T.F. Cootes, C. Beeston, G.J. Edwards, C.J. Taylor. – A unified framework for atlas matching using active appearance models. – A. Kuba,

- et al.* (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, vol. 1613 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 322–333. Springer, 1999.
- [Cootes 99b] T.F. Cootes, C.J. Taylor. – A mixture model for representing shape variation. *Image and Vision Computing*, 17:567–573, 1999.
- [Cremers 01] D. Cremers, T. Kohlberger, C. Schnörr. – Nonlinear shape statistics via kernel spaces. – B. Radig, S. Florczyk (édité par), *Pattern Recognition*, vol. 2191 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 269–276. Springer, 2001.
- [Cremers 02] D. Cremers, T. Kohlberger, C. Schnörr. – Nonlinear shape statistics in Mumford-Shah based segmentation. – A. Heyden, *et. al* (édité par), *Proc. European Conference on Computer Vision*, vol. 2352 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 93–108. Springer, 2002.
- [Cuisenaire 99] O. Cuisenaire, B. Macq. – Fast euclidean distance transformation by propagation using multiple neighborhoods. *Computer Vision and Image Understanding*, 76(2):163–172, November 1999.
- [Davatzikos 95] C. Davatzikos, R.N. Bryan. – Using a deformable surface model to obtain a shape representation of the cortex. – *Proc. IEEE. Computer Vision Symp.*, pp. 212–217, 1995.
- [Davies 01a] R.H. Davies, T.F. Cootes, C.J. Taylor. – A minimum description length approach to statistical shape modelling. – M.F. Insana, R.M. Leahy (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, vol. 2082 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 50–63. Springer, 2001.
- [Davies 01b] R.H. Davies, Cootes. T.F., C.J. Twining, C.J. Taylor. – An information theoretic approach to statistical shape modeling. – *Proc. British Machine Vision Conference*, pp. 3–12, 2001.
- [Davies 02a] R.H. Davies, Twining C.J., T.F. Cootes, J.C. Waterton, C.J. Taylor. – 3D statistical shape models using direct optimisation of description length. – A. Heyden, *et. al* (édité par), *Proc. European Conference on Computer Vision*, number 2352 in *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 3–20. Springer, 2002.
- [Davies 02b] R.H. Davies, C.J. Twining, T.F. Cootes, J.C. Waterton, C.J. Taylor. – A minimum description length approach to statistical shape modeling. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 21(5):525–537, 2002.
- [Delibasis 97] K. Delibasis, P.E. Undrill, G.G. Cameron. – Designing Fourier descriptor-based geometric models for object interpretation in medical images using genetic algorithms. *Computer Vision and Image Understanding*, 66(3):286–300, June 1997.
- [Demartines 97] P. Demartines, J. Héroult. – Curvilinear component analysis: a self-organizing neural network for nonlinear mapping of data sets. *IEEE Trans. on Neural Networks*, 8(1):148–154, 1997.
- [Desvignes 02] M. Desvignes. – *Mesures et modélisation de la variabilité en analyse d’images et reconnaissance de formes*. – Université de Caen, GREYC, Habilitation à diriger des recherches, 2002.
- [Dojat 99] M. Dojat. – *Systèmes cognitifs pour le traitement d’informations cliniques*

- ou biologiques.* – Université Joseph Fourier - Grenoble 1, Habilitation à diriger des recherches, 1999.
- [Duchon 76] J. Duchon. – Interpolation des fonctions de deux variables suivant le principe de la flexion des plaques minces. *RAIRO Analyse Numérique*, 10:5–12, 1976.
- [Evans 92] A. Evans, L. Collins, B. Milner. – An MRI-based stereotaxic atlas from 250 young normal subjects. – *Soc. Neuroscience abstract*, vol. 18, p. 408, 1992.
- [Farid 99] H. Farid, E.H. Adelson. – Separating reflections and lighting using independent component analysis. – *Proc. Computer Vision and Pattern Recognition*, vol. 1, pp. 262–267, 1999.
- [Feldmar 96] J. Feldmar, N. Ayache. – Rigid, affine and locally affine registration of free-form surfaces. *International Journal of Computer Vision*, 18(2):99–119, 1996.
- [Fletcher 02] P.T. Fletcher, S. Pizer, G. Gash, A. S. Joshi. – Deformable M-rep segmentation of object complexes. – *IEEE Int. Symp. on Biomedical Imaging*, pp. 26–29, 2002.
- [Florack 92] L. Florack, B. Romeny, J. Koenderink, M. Viergever. – Scale and the differential structures of images. *Image and Vision Computing*, 10:376–388, 1992.
- [Frangi 01] A. Frangi, D. Rueckert, J. Schnabel, W. Niessen. – Automatic 3D ASM construction via atlas-based landmarking and volumetric elastic registration. – M.F. Insana, R.M. Leahy (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, vol. 2082 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 78–91. Springer, 2001.
- [Gee 99] J. Gee. – On matching brain volumes. *Pattern Recognition*, 32:99–111, 1999.
- [Gerig 02] G. Gerig, M. Styner, G. Székely. – Statistical shape models for segmentation and structural analysis. – *IEEE Int. Symp. on Biomedical Imaging*, pp. 18–21, 2002.
- [Gold 98] S. Gold, A. Rangarajan, C-P. Lu, S. Pappu, E. Mjolsness. – New algorithms for 2D and 3D point matching: pose estimation and correspondence. *Pattern Recognition*, 31(8):1019–1031, 1998.
- [Goodall 91] C. Goodall. – Procrustes methods in the statistical analysis of shape. *J.R. Statist. Soc. B*, 53(2):285–239, 1991.
- [GuérinDugué 00] A. Guérin-Dugué, S. Olympeff, J. Gisert-Lopez, A. Chéhikian, J. Warnking, C. Rubin, C. Segebarth. – Représentation plane du cortex visuel en imagerie fonctionnelle à résonance magnétique. – *12^e congrès de Reconnaissance des Formes et Intelligence Artificielle, RFIA*, vol. 2, pp. 29–38, 2000.
- [Guéziec 94] A. Guéziec, N. Ayache. – Smoothing and matching of 3-D space curves. *International Journal of Computer Vision*, 12(1):79–104, 1994.
- [Hadjikhani 98] N. Hadjikhani, A.K. Liu, A.M. Dale, P. Cavanagh, R.B.H. Tootell. – Retinotopy and color sensitivity in human visual cortical area v8. *Nature Neuroscience*, 1(3):235–241, 1998.

- [Hastie 89] T. Hastie, W. Stuetzle. – Principal curves. *Journal of the American Statistical Association*, 84(406):502–516, 1989.
- [Heap 97] T. Heap, D. Hogg. – Improving specificity in PDMs using a hierarchical approach. – *Proc. British Machine Vision Conference*, pp. 80–89, 1997.
- [Hellier 00] P. Hellier. – *Recalage non rigide en imagerie cérébrale : méthodes et validation*. – PhD. Thesis, Université de Rennes1, 2000.
- [Hellier 01a] P. Hellier, C. Barillot. – Cooperation between local and global approaches to register brain images. – *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, vol. 2082 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 315–328, Davis, USA, June 2001.
- [Hellier 01b] P. Hellier, C. Barillot, I. Corouge, B. Gibaud, G. Le Goualher, D.L. Collins, A. Evans, G. Malandain, N. Ayache. – Retrospective evaluation of inter-subject brain registration. – W. Niessen, M. Viergever (édité par), *Proc. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 2208 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 258–265. Springer-Verlag, 2001.
- [Hellier 01c] P. Hellier, C. Barillot, E. Mémin, P. Pérez. – Hierarchical estimation of a dense deformation field for 3d robust registration. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 20(5):388–402, 2001.
- [Hellier 02] P. Hellier, J. Ashburner, I. Corouge, C. Barillot, K.J. Friston. – Inter subject registration of functional and anatomical data using SPM. – *Proc. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 2489 in *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 590–597, 2002.
- [Hellier 03] P. Hellier, C. Barillot, I. Corouge, B. Gibaud, G. Le Goualher, D.L. Collins, A. Evans, G. Malandain, N. Ayache, G.E. Christensen, H.J. Johnson. – Retrospective evaluation of inter-subject brain registration. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, in press, 2003.
- [Hill 00] A. Hill, C.J. Taylor, A.D. Brett. – A framework for automatic landmark identification using a new method of nonrigid correspondence. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 22(3):241–251, 2000.
- [Hurri 96] J. Hurri, A. Hyvärinen, J. Karhunen, E. Oja. – Image feature extraction using independent component analysis. – *Proc. of the IEEE Nordic Signal Processing Symposium*, pp. 475–478, 1996.
- [Huttenlocher 90] D.P. Huttenlocher, K. Kedem. – Efficiently computing the minimum Hausdorff distance for point sets under translation. – *Proc. of the 6th ACM Symp. on Computational Geometry*, pp. 340–349, 1990.
- [Huttenlocher 93] D.P. Huttenlocher, G.A. Klanderman, W.J. Rucklidge. – Comparing images using the Hausdorff distance. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 15(9):850–963, 1993.
- [Hyvärinen 97] A. Hyvärinen, E. Oja. – A fast fixed-point algorithm for independent component analysis. *Neural Computation*, 9(7):1483–1492, 1997.
- [Hyvärinen 99a] A. Hyvärinen. – Fast and robust fixed-point algorithms for independent component analysis. *IEEE Transactions on Neural Networks*, 10(3):626–634, 1999.

- [Hyvärinen 99b] A. Hyvärinen. – Survey on independent component analysis. *Neural Computing Surveys*, 2:94–128, 1999.
- [Hyvärinen 00] A. Hyvärinen, E. Oja. – Independent component analysis: algorithms and applications. *Neural Networks*, 13:411–430, 2000.
- [Johnson 02] H.J. Johnson, G.E. Christensen. – Consistent landmark and intensity-based image registration. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 5(21):450–461, 2002.
- [Jung 01] T.P. Jung, S. Makeig, M.J. McKeown, A.J. Bell, T.W Lee, T.J. Sejnowski. – Imaging brain dynamics using independent component analysis. *Proceedings of the IEEE*, 89(7):1107–1122, 2001.
- [Jutten 87] C. Jutten. – *Calcul neuromimétique et traitement du signal - Analyse en composantes indépendantes*. – PhD. Thesis, Université scientifique et médicale - Institut National Polytechnique de Grenoble, 1987.
- [Jutten 91] C. Jutten, J. Héroult. – Blind separation of sources, part i: An adaptive algorithm based on neuromimetic architecture. *Signal Processing*, 24:1–10, 1991.
- [Karhunen 95] J. Karhunen, J. Joutsensalo. – Generalizations of principal component analysis, optimization problems and neural networks. *Neural Networks*, 8(4):549–562, 1995.
- [Kelemen 99] A. Kelemen, G. Székely, G. Gerig. – Elastic model-based segmentation of 3-D neuroradiological data sets. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 18(10):828–839, 1999.
- [Keren 94] D. Keren, D. Cooper, J. Subrahmonia. – Describing complicated objects by implicit polynomials. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 16(1):38–53, 1994.
- [Kervrann 94] C. Kervrann, F. Heitz. – A hierarchical statistical framework for the segmentation of deformable objects in image sequences. – *Proc. Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 724–728, 1994.
- [Kervrann 95] C. Kervrann. – *Modèles statistiques pour la segmentation et le suivi de structures déformables bidimensionnelles dans une séquence d’images*. – PhD. Thesis, Université de Rennes I, 1995.
- [Kotcheff 98] A.C.W Kotcheff, C.J. Taylor. – Automatic construction of eigenshape models by direct optimization. *Medical Image Analysis*, 2(4):303–314, 1998.
- [Lachmann 92] F. Lachmann, C. Barillot. – Brain tissue classification from MRI data by means of texture analysis. – *Proc. of SPIE Medical Imaging:Image Processing*, vol. 1652, pp. 72–83, 1992.
- [Lamecker 02] H. Lamecker, T. Lange, M. Seebass. – A statistical shape model for the liver. – T. Dohi, R. Kikinis (édité par), *Proc. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 2489 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 412–427. Springer, 2002.
- [Larsen 01] R. Larsen, H. Eiriksson, M.B. Stegmann. – Q-maf shape decomposition. – W. Niessen, M. Viergever (édité par), *Proc. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 2208 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 837–844. Springer, 2001.

- [Lavallée 95] S. Lavallée, R. Szeliski. – Recovering the position and orientation of free-form objects from image contours using 3D distance maps. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(4):378–390, 1995.
- [Lebart 97] L. Lebart, A. Morineau, M. Piron. – *Statistique exploratoire multidimensionnelle*. – 1997.
- [LeBorgne 01] H. Le Borgne, A. Guérin-Dugué. – Propriétés des détecteurs corticaux extraits des scènes naturelles par analyse en composantes indépendantes. *Valgo*, 01-01, 2001.
- [LeGoualher 97a] G. Le Goualher. – *Modélisation de structures anatomiques cérébrales pour l'aide à l'interprétation d'images médicales et à la fusion de données*. – PhD. Thesis, Université de Rennes 1, 1997.
- [LeGoualher 97b] G. Le Goualher, C. Barillot, Y. Bizais. – Modeling cortical sulci with active ribbons. *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 8(11):1295–1315, 1997.
- [LeGoualher 98] G. Le Goualher, D.L. Collins, C. Barillot, A.C. Evans. – Automatic identification of cortical sulci using a 3D probabilistic atlas. – W.M. et al. Wells (édité par), *Proc. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 1496 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 509–518. Springer, 1998.
- [LeGoualher 99] G. Le Goualher, E. Procyk, L. Collins, R. Venegopal, C. Barillot, A. Evans. – Automated extraction and variability analysis of sulcal neuroanatomy. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 18(3):206–217, 1999.
- [LeGoualher 00] G. Le Goualher, A-M. Argenti, M. Duyme, W.F.C. Baaré, H.E. Hulshoff Pol, D.I. Boomsma, A. Zouaoui, C. Barillot, A.C. Evans. – Statistical sulcal shape comparisons: application to the detection of genetic encoding of the central sulcus shape. *NeuroImage*, 11:564–574, 2000.
- [Léger 94] C. Léger, J. Thiel, R. Lédée, F. Patat, L. Pourcelot. – Modélisation de Fourier du contour parasternal du ventricule gauche. *Traitement du Signal*, 11(2):155–169, 1994.
- [Liu 99] C. Liu, H. Wechsler. – Comparative assessment of independent component analysis ICA for face recognition. – *Proc. Conf. Audio- and Video-based Biometric Person Authentication*, 1999.
- [Lohmann 98] G. Lohmann, D.Y. von Cramon. – Automatic detection and labelling of the human cortical folds in magnetic resonance data sets. – H. Burkhardt, B. Neumann (édité par), *Proc. European Conference on Computer Vision*, vol. 1407 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 369–381. Springer, 1998.
- [Lohmann 00] G. Lohmann, D.Y. von Cramon. – Automatic labelling of the human cortical surface using sulcal basins. *Medical Image Analysis*, 4:179–188, 2000.
- [Loncaric 98] S. Loncaric. – A survey of shape analysis techniques. *Pattern Recognition*, 31(8):983–1001, 1998.
- [Luo 99] B. Luo, E.R. Hancock. – Matching point-sets using Procrustes alignment and the EM algorithm. – *Proc. British Machine Vision Conference*, pp. 43–52, 1999.

- [Maintz 98] J.B.A. Maintz, M.A. Viergever. – A survey of medical image registration. *Medical Image Analysis*, 2(1):1–36, 1998.
- [Malandain 92] G. Malandain. – *Filtrage, topologie et mise en correspondance d'images médicales multidimensionnelles*. – PhD. Thesis, École Centrale Paris, 1992.
- [Malandain 93] G. Malandain, G. Bertrand, N. Ayache. – Topological segmentation of discrete surfaces. *International Journal of Computer Vision*, 10(2):183–197, 1993.
- [Mangin 95a] J-F. Mangin. – *Mise en correspondance d'images médicales 3D multi-modalités multi-individus pour la corrélation anatomo-fonctionnelle cérébrale*. – PhD. Thesis, École Nationale Supérieure des Télécommunications, 1995.
- [Mangin 95b] J-F. Mangin, F. Tupin, V. Frouin, I. Bloch, R. Rougetet, J. Régis, J. López-Krahe. – Deformable topological models for segmentation of 3D medical images. – Y. Bizais, C. Barillot, R. Di Paola (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, pp. 153–164, Brest, June 1995. Kluwer academic publishers.
- [Mangin 95c] J.F. Mangin, J. Régis, I. Bloch, V. Frouin, Y. Samson, J. Lopez-Krahe. – A MRF based random graph modelling the human cortical topography. – N. Ayache (édité par), *Proc. Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medecine*, vol. 905 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 177–183. Springer, 1995.
- [Marquant 00] G. Marquant. – *Représentation par maillage adaptatif déformable pour la manipulation et la communication d'objets video*. – PhD. Thesis, Université de Rennes I, December 2000.
- [Martin 98] J. Martin, A. Pentland, S. Sclaroff, R. Kikinis. – Characterization of neuropathological shape deformations. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 20(2):97–112, 1998.
- [Mazziotta 95] J. Mazziotta, A. Toga, A. Evans, P. Fox, J. Lancaster. – A probabilistic atlas of the human brain: theory and rationale for its development. *NeuroImage*, 2:89–101, 1995.
- [McInerney 96] T. McInerney, D. Terzopoulos. – Deformable models in medical image analysis: a survey. *Medical Image Analysis*, 1(2):91–108, 1996.
- [McKeown 98] M.J. McKeown, S. Makeig, G.G. Brown, T.P. Jung, S.S. Kindermann, A.J. Bell, T.J. Sejnowski. – Analysis of fMRI data by blind separation into independent spatial components. *Human Brain Mapping*, 6(3):160–188, 1998.
- [Meier 02] D. Meier, E. Fisher. – Paramater space warping: shape-based correspondence between morphologically different objects. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 21(1):31–47, 2002.
- [Mika 99] S. Mika, B. Schölkopf, A. Smola, K-R. Müller, M. Scholz, G. Rätsch. – Kernel PCA and de-noising in feature spaces. – M.S. Kearns, S.A. Solla, D.A. Cohn (édité par), *Advances in Neural Information Processing Systems*, vol. 11, pp. 536–542. MIT Press, 1999.

- [Moghaddam 96] B. Moghaddam, C. Nastar, A. Pentland. – A bayesian similarity measure for direct image matching. – *Proc. International Conference on Pattern Recognition*, 1996.
- [Moghaddam 97] B. Moghaddam, A. Pentland. – Probabilistic visual learning for object representation. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 19(7):696–710, 1997.
- [Moghaddam 02] B. Moghaddam. – Principal manifolds and probabilistic subspaces for visual recognition. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 24(6):780–788, 2002.
- [Nastar 93] C. Nastar, N. Ayache. – Fast segmentation, tracking and analysis of deformable objects. – *Proc. IEEE International Conference on Computer Vision*, pp. 275–279, 1993.
- [Nastar 94] C. Nastar. – Vibration modes for nonrigid motion analysis in 3D images. – *Proc. European Conference on Computer Vision*, pp. 231–236, 1994.
- [Nastar 96a] C. Nastar, N. Ayache. – Frequency-based nonrigid motion analysis: application to four dimensional medical images. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 18(11):1067–1079, 1996.
- [Nastar 96b] C. Nastar, B. Moghaddam, A. Pentland. – Generalized image matching: statistical learning of physically-based deformations. – *Proc. European Conference on Computer Vision*, 1996.
- [Neuronames] <http://rprcsgi.rprc.washington.edu/neuronames/title.html>.
- [Nikou 99] C. Nikou. – *Contribution au recalage d'images médicales multimodales : approches par fonction de similarité robustes et modèles déformables sous contraintes statistiques*. – PhD. Thesis, Université Louis Pasteur-Strasbourg I, 1999.
- [Ono 90] M. Ono, S. Kubik, C.D. Abernathy. – *Atlas of the cerebral sulci*. – Georg Thieme Verlag, 1990.
- [Orwell 00] J. Orwell, D. Greenhill, J.D. Rymel, G.A. Jones. – Modelling profiles with a mixture of Gaussians. – *Proc. IEEE International Conference on Image Processing*, 2000.
- [Penfield 50] W. Penfield, T. Rassmussen. – *The cerebral cortex of man*. – Macmillan, 1950.
- [Pennec 98] X. Pennec. – *Computing the mean of geometric features. Application to the mean rotation*. – Rapport de Recherche n3371, INRIA, 1998.
- [Pentland 91] A. Pentland, S. Sclaroff. – Closed-form solutions for physically based shape modeling and recognition. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(7):715–729, 1991.
- [Pizer 99] S. Pizer, D.S. Fritsch, P.A. Yushkevich, V.E. Johnson, E.L. Chaney. – Segmentation, registration, and measurement of shape variation via image object shape. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 18(10):851–865, 1999.
- [Prima 01] S. Prima. – *Étude de la symétrie bilatérale en imagerie cérébrale volumique*. – PhD. Thesis, Université de Paris XI, 2001.
- [Rangarajan 96] A. Rangarajan, E. Mjolsness, S. Pappu, L. Davachi, P.S. Goldman-Rakic, J.S. Duncan. – A robust point matching algorithm for autoradiograph

- alignment. – *Proc. Visualization in Biomedical Computing*, vol. 1131 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 277–286, 1996.
- [Rangarajan 97] A. Rangarajan, H. Chui, F.L. Bookstein. – The softassign procrustes matching algorithm. – *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, pp. 29–42, 1997.
- [Renault 01] C. Renault. – *Courbures et lignes de crête sur des images en niveau de gris. Étude comparative et application aux sillons corticaux*. – PhD. Thesis, Université de Caen, 2001.
- [Rettmann 02] M.E. Rettmann, X.H. Han, C. Xu, J.L. Prince. – Automated sulcal segmentation using watersheds on the cortical surface. *NeuroImage*, 15:329–344, 2002.
- [Régis 94] J. Régis. – *Anatomie sulcale profonde et cartographie fonctionnelle du cortex cérébral*. – PhD. Thesis, Faculté de Médecine de Marseille, 1994.
- [Rivière 00] D. Rivière. – *Apprentissage de la variabilité inter-individuelle de l'anatomie corticale cérébrale pour la reconnaissance automatique des sillons*. – PhD. Thesis, Université d'Evry-Val d'Essonne, 2000.
- [Rohr 96] K. Rohr, H.S. Stiehl, R. Sprengel, W. Beil, T.M. Buzug, Weese J., M.H. Kuhn. – Point-based elastic registration of medical image data using approximating thin-plate splines. – *Proc. Visualization in Biomedical Computing*, pp. 297–306, 1996.
- [Romdhani 99] S. Romdhani, S. Gong, A. Psarrou. – A multi-view nonlinear active shape model using kernel PCA. – *Proc. British Machine Vision Conference*, pp. 483–492, 1999.
- [Royackkers 99] N. Royackkers, M. Desvignes, H. Fawal, M. Revenu. – Detection and statistical analysis of human cortical sulci. *NeuroImage*, 10:625–641, 1999.
- [Rueckert 99] D. Rueckert, L.I. Sonoda, C. Hayes, D.L.G. Hill, M.O. Leach, D.J. Hawkes. – Non-rigid registration using free-form deformations: Applications to breast MR images. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 18(8):712–721, 1999.
- [Rueckert 01] D. Rueckert, A.F. Frangi, J.A. Schnabel. – Automatic construction of 3D statistical deformation models using non-rigid registration. – W. Niessen, M. Viergever (édité par), *Proc. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 2208 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 77–84. Springer, 2001.
- [Rui 96] Y. Rui, A.C. She, T. Huang. – Modified Fourier descriptors for shape representation - A practical approach. – *Proc. of First Int. Workshop on Image Databases and Multi Media Search*, 1996.
- [Rui 98] Y. Rui, A.C. She, T.S. Huang. – A modified Fourier descriptor for shape matching in MARS. – S.K. Chang (édité par), *Image Databases and Multimedia Search*, vol. 8 of *Series of Software Engn. and Knowledge Engn.*, pp. 165–180. World Scientific Publishing, Singapore, 1998.
- [Saporta 90] G. Saporta. – *Probabilités, analyse des données et statistiques*. – Technip, 1990.
- [Schölkopf 98] B. Schölkopf, A. Smola, K-B. Müller. – Nonlinear component analysis

- as a kernel eigenvalue problem. *Neural Computation*, 10(5):1299–1319, 1998.
- [Schwartz 96] D. Schwartz, E. Poiseau, D. Lemoine, C. Barillot. – Registration of MEG/EEG data with 3D MRI: Methodology and precision issues. *Brain Topography*, 9(2), 1996.
- [Schwartz 99] D. Schwartz, D. Badier, JM. Bihoué, A. Bouliou. – Evaluation with realistic sources of a new MEG-EEG spatio-temporal localization approach. *Brain Topography*, 11(4):279–289, 1999.
- [Sclaroff 95] S. Sclaroff, A.P. Pentland. – Modal matching for correspondence and recognition. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(6):545–561, June 1995.
- [Scott 91] G. Scott, H. Longuet-Higgins. – An algorithm for associating the features of two images. – *Proc. Royal Soc. of London*, vol. B244, pp. 258–265, 1991.
- [Shapiro 92] L.S. Shapiro, J.M. Brady. – Feature-based correspondence: an eigenvector approach. *Image and Vision Computing*, 10(5):283–288, 1992.
- [Solina 90] F. Solina, R. Bajcsy. – Recovery of parametric models from range images: the case of superquadrics with global deformations. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(2):131–146, 1990.
- [Sozou 95] P.D. Sozou, T.F. Cootes, C.J. Taylor, E.C. Di Mauro. – Non-linear generalization of point distribution models using polynomial regression. *Image and Vision Computing*, 13(5):451–457, 1995.
- [Staib 92] L.H. Staib, J.S. Duncan. – Boundary finding with parametrically deformable models. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(11):1061–1075, 1992.
- [Stone 02] J.V. Stone, J. Porrill, N.R. Porter, I.D. Wilkinson. – Spatiotemporal independent component analysis of event-related fMRI data using skewed probability density functions. *NeuroImage*, 15:407–421, 2002.
- [Styner 01a] M. Styner, G. Gerig. – Medial models incorporating object variability for 3D shape analysis. – M.F. Insana, R.M. Leahy (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, vol. 2082 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 502–516. Springer, 2001.
- [Styner 01b] M. Styner, G. Gerig. – Three-dimensional medial shape representation incorporating object variability. – *Proc. Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 651–656, 2001.
- [Subsol 95] G. Subsol. – *Construction automatique d'atlas anatomiques morphométriques à partir d'images médicales tridimensionnelles*. – PhD. Thesis, Ecole Centrale de Paris, 1995.
- [Subsol 98] G. Subsol, J-P. Thirion, N. Ayache. – A scheme for automatically building three-dimensional morphometric anatomical atlases: application to a skull atlas. *Medical Image Analysis*, 2(1):37–60, 1998.
- [Svensén 02] M. Svensén, F. Kruggel, H. Benali. – ICA of fMRI group study data. *NeuroImage*, 16:551–563, 2002.
- [Szeliski 96] R. Szeliski, S. Lavallée. – Matching 3-D anatomical surfaces with non-rigid deformations using octree-splines. *International Journal of Computer Vision*, 18(2):171–186, 1996.

- [Székely 96] G. Székely, A. Kelemen, C. Brechbühler, G. Gerig. – Segmentation of 2-D and 3-D objects from MRI volume data using constrained elastic deformations of flexible Fourier contour and surface models. *Medical Image Analysis*, 1(1):19–34, 1996.
- [Tagare 95] H.D. Tagare, D. O’Shea, A. Rangarajan. – A geometric criterion for shape-based non-rigid correspondence. – *Proc. IEEE International Conference on Computer Vision*, pp. 434–439, 1995.
- [Talairach 67] J. Talairach, G. Szikla, P. Tournoux, A. Prosalenti, M. Bornas-Ferrier. – *Atlas d’anatomie stéréotaxique du télencéphale*. – Masson, Paris, 1967.
- [Talairach 88] J. Talairach, P. Tournoux. – *Co-planar stereotaxic atlas of the human brain*. – Georg Thieme Verlag, Stuttgart, 1988.
- [Tao 01] X. Tao, X. Han, M.E. Rettmann, J.L. Prince, C. Davatzikos. – Statistical study on cortical sulci of human brains. – M.F. Insana, R.M. Leahy (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, vol. 2082 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 475–487. Springer, 2001.
- [Tao 02] X. Tao, J.L. Prince, C. Davatzikos. – Using a statistical shape model to extract sulcal curves on the outer cortex of the human brain. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 21(5):513–524, 2002.
- [Taubin 91] G. Taubin. – Estimation of planar curves, surfaces, and nonplanar space curves defined by implicit equations with applications to edge and range image segmentation. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(11):1115–1138, 1991.
- [Taylor 02] C.J. Taylor, T.F. Cootes, R.H. Davies, C. Twining. – Learning to interpret medical images. – *Proc. of the IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, pp. 34–37, 2002.
- [Terzopoulos 91] D. Terzopoulos, D. Metaxas. – Dynamic 3D models with local and global deformations: deformable superquadrics. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(7):703–714, 1991.
- [Thirion 98] J-P. Thirion. – Image matching as a diffusion process: an analogy with Maxwell’s demons. *Medical Image Analysis*, 2(3):243–260, 1998.
- [Thompson 00] P.M. Thompson, R.P. Woods, M.S. Mega, Toga A.W. – Mathematical/computational challenges in creating deformable and probabilistic atlases of the human brain. *Human Brain Mapping*, 9:81–92, 2000.
- [Tipping 99] M.E. Tipping, C.M. Bishop. – Mixtures of probabilistic principal component analysers. *Neural Computation*, 11(2):443–482, 1999.
- [Toga 97] A.W. Toga, A. Coldkorn, K. Ambach, K. Chao, B.C. Quinn, P. Yao. – Postmortem cryosectioning as an anatomic reference for human brain mapping. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 21(2):131–141, 1997.
- [Topiwala 98] P.N. Topiwala (édité par). – *Wavelet image and video compression*. – Kluwer Academic Publishers, 1998.
- [Twining 01] C.J. Twining, C.J. Taylor. – Kernel principal component analysis and the construction of non-linear active shape models. – *Proc. British Machine Vision Conference*, vol. 1, pp. 23–32, 2001.

- [Twining 03] C.J. Twining, C.J. Taylor. – The use of kernel principal component analysis to model data distributions. *Pattern Recognition*, 36(1):217–227, 2003.
- [Umls] <http://www.nlm.nih.gov/research/umls/>.
- [Vaillant 96] M. Vaillant, C. Davatzikos. – Finding parametric representations of the cortical sulci using an active contour model. *Medical Image Analysis*, 1(4):295–315, 1996.
- [Vaillant 99] M. Vaillant, C. Davatzikos. – Hierarchical matching of cortical features for deformable brain image registration. – A. et al. Kuba (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, vol. 1613 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 182–195. Springer, 1999.
- [VanBemmel 97] J.H. Van Bemmel, M.A. Musen. – *Handbook of medical informatics*. – Springer, URL: <http://www.mieur.nl/mihandbook>, 1997.
- [Vapillon 99] A. Vapillon. – *Mesure et analyse de la déformation: du contour à l'image*. – PhD. Thesis, Université Joseph Fourier-Grenoble 1, 1999.
- [Veltkamp 99] R.C. Veltkamp, M. Hagedoorn. – *State-of-the-art in shape matching*. – Rapport de recherche, Utrecht University, the Netherlands, 1999.
- [Vigário 00] R. Vigário, E. Oja. – Independence: a new criterion for the analysis of the electromagnetic fields in the global brain? *Neural Networks*, 13:891–907, 2000.
- [Viola 95] P. Viola, W. Wells. – Alignment by maximization of mutual information. – *Proc. IEEE International Conference on Computer Vision*, pp. 15–23, 1995.
- [Vranić 01a] D.V. Vranić, D. Saupe. – 3D shape descriptor based on 3D Fourier transform. – K. Fazekas (édité par), *Proc. of EURASIP Conf. on Digital Signal Processing for Multimedia Communications and Services (ECMCS 2001)*, pp. 271–274, 2001.
- [Vranić 01b] D.V. Vranić, D. Saupe, J. Richter. – Tools for 3D-object retrieval: Karhunen-Loeve transform and spherical harmonics. – J-L. Dugelay, K. Rose (édité par), *Proc. IEEE 2001 Workshop Multimedia Signal Processing*, pp. 293–298, 2001.
- [Wade 02] A.R. Wade, A.A. Brewer, J.W Rieger, B.A. Wandell. – Functional measurements of human ventral occipital cortex: retinotopy and colour. *Philosophical Trans. of the Royal Society. Series B. (London)*, 357(1424):963–973, 2002.
- [Warnking 02a] J. Warnking. – *Délinéation des aires visuelles rétiniotopiques chez l'homme par IRM fonctionnelle*. – PhD. Thesis, Université Joseph Fourier - Grenoble 1, 2002.
- [Warnking 02b] J. Warnking, M. Dojat, A. Guérin-Dugué, C. Delon-Martin, S. Olympeiff, N. Richard, A. Chéhikian, C. Segebarth. – fMRI retinotopic mapping - step by step. *NeuroImage*, 17(4):1665–1685, 2002.
- [Welker 59] W.I. Welker, S. Seidenstein. – Somatic sensory representation in the cerebral cortex of the racoon (procyon lotor). *J. Comp. Neurol.*, pp. 459–501, 1959.

- [Zeki 03] S. Zeki. – Improbable areas in the visual brain. *Trends in Neurosciences*, 26(1):23–26, 2003.
- [Zhang 92] Z. Zhang. – *Iterative point matching for registration of free-form curves*. – Rapport de Recherche n1658, INRIA, 1992.

Publications

Revues

I. Corouge, P. Hellier, B. Gibaud et C. Barillot. – **Inter-individual functional mapping: a non linear local approach.** – *NeuroImage*, à paraître.

P. Hellier, C. Barillot, I. Corouge, B. Gibaud, G. Le Goualher, D.L. Collins, A. Evans, G. Malandain, N. Ayache, G.E. Christensen et H.J. Johnson. – **Retrospective evaluation of inter-subject registration.** – *IEEE Transactions on Medical Imaging*, à paraître.

Congrès internationaux

I. Corouge et C. Barillot. – **Statistical modeling of pairs of sulci in the context of neuroimaging probabilistic atlas.** – Dans *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, MICCAI'02*, LNCS 2489, pages 655-662, Tokyo, Japon, Septembre 2002.

P. Hellier, J. Ashburner, I. Corouge, C. Barillot et K.J. Friston. – **Inter subject registration of functional and anatomical data using SPM.** Dans *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, MICCAI'02*, LNCS 2489, pages 590-587, Tokyo, Japon, Septembre 2002.

C. Barillot, P. Hellier et I. Corouge. – **Non Rigid Registration in Neuroimaging: from a Retrospective Evaluation of Global Approaches to New Advances in Local and Hybrid Methods.** – Dans *Proc. of IEEE International Symposium on Biomedical Imaging, ISBI'02*, Washington, D.C, USA, Juillet 2002.

I. Corouge et C. Barillot. – **Use of a probabilistic shape model for non-linear registration of 3D scattered data.** – Dans *Proc. of IEEE International Conference on Image Processing, ICIP'2001*, pages 149-152, Thessalonique, Grèce, Octobre 2001.

I. Corouge, C. Barillot, P. Hellier, P. Toulouse et B. Gibaud. – **Non-linear Local Registration of Functional Data.** – Dans *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention 2001, MICCAI'01*, LNCS 2208, pages 948-956, Utrecht, Pays-Bas, Octobre 2001.

P. Hellier, C. Barillot, I. Corouge, B. Gibaud, G. Le Goualher, L. Collins, A. Evans, G. Malandain et N. Ayache. – **Retrospective evaluation of inter-subject brain registration.** – Dans *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention 2001, MICCAI'01*, LNCS 2208, pages 258-265, Utrecht, Pays-Bas, Octobre 2001.

I. Corouge, P. Hellier, P. Toulouse et B. Gibaud et C. Barillot. – **A new inter-individual functional mapping scheme based on a local non linear registration.** – Dans *Proc. of Human Brain Mapping, HBM'2001, NeuroImage*, volume 16, page 100, Brighton, Royaume-Uni, Juin 2001.

Congrès nationaux

I. Corouge et C. Barillot. – **Utilisation d'un modèle probabiliste de formes pour le recalage non-linéaire de données 3D.** – Dans *Actes des journées francophones des jeunes chercheurs en analyse d'images et perception visuelle, ORASIS'2001*, pages 145-154, Cahors, Juin 2001.

Rapport de Recherche

I. Corouge, P. Hellier, B. Gibaud et C. Barillot. – **A local approach for inter-individual functional registration** – *Rapport de Recherche INRIA*, No4415, Mars 2002.

Résumé

Cette thèse traite de la modélisation statistique de formes en imagerie cérébrale.

Dans une première partie, nous proposons un modèle statistique de la forme des sillons corticaux. Le modèle est bâti par apprentissage à partir de sillons extraits d'images IRM et dotés d'une représentation paramétrique. La définition d'un repère intrinsèque à la forme sillon permet d'aligner l'ensemble des formes extraites et de construire une population d'apprentissage cohérente sur laquelle appliquer une analyse en composantes principales afin de dériver le modèle. Ce modèle statistique est ensuite étendu à un graphe de sillons afin de décrire non plus seulement les caractéristiques morphologiques d'un sillon, mais aussi les relations de position et d'orientation entre sillons principaux. L'analyse présentée ici porte sur un sous-graphe défini par un couple de sillons.

Dans une seconde partie, trois applications de la modélisation proposée sont envisagées. D'une part, nous l'utilisons dans un cadre d'évaluation de méthodes de recalage global inter-sujets. Pratiquée sur des amers locaux, l'analyse statistique fournit un indicateur de la similarité des formes au sein des populations recalées, et produit un critère de comparaison entre les méthodes. D'autre part, nous exploitons la connaissance statistique apportée par le modèle sur les sillons dans le contexte de la construction d'atlas anatomiques et fonctionnels. Nous proposons une méthode locale et non-linéaire de recalage inter-sujets de données fonctionnelles, exprimées sous forme de dipôles MEG (localisations d'activations fonctionnelles), basée sur la modélisation des amers anatomiques que sont les sillons corticaux. Expérimentée sur une population de 18 sujets, cette méthode s'est avérée apte à réduire la variabilité fonctionnelle inter-individuelle observée. Enfin, nous appliquons la méthodologie proposée dans le cas des sillons à la modélisation statistique de la forme de frontières fonctionnelles délimitant des aires visuelles de bas-niveau.

Mots clefs : Imagerie cérébrale, sillons corticaux, imagerie fonctionnelle, aires visuelles, atlas probabilistes, recalage, analyse de formes, modèle de formes, analyse statistique multivariée.

Abstract

This thesis comes within the scope of statistical shape modeling in 3D cerebral imaging.

In a first part, we propose a statistical shape model of cortical sulci. The model is built from a training population of sulci extracted from MRI volumes with a parametric representation. A coordinate system intrinsic to a sulcus shape is defined in order to align the training population, on which is then performed a principal components analysis. This statistical modeling is extended to a sulci graph in order to describe not only the morphological features of one sulcus, but also the relationships in terms of relative position and orientation between major sulci. The analysis we present is concerned with a reduced graph defined by a pair of sulci.

In a second part, three applications are considered. On the one hand, we take part to an evaluation project of inter-subjects brain registration methods. When performed on local landmarks, the statistical analysis provides a similarity measure between registered shapes, and thus provides a comparison criterion between methods. On the other hand, we exploit the statistical knowledge acquired by the sulci modeling in the context of anatomical and functional atlases building. More precisely, we propose a fusion scheme, local and non-linear, to register inter-subjects functional data (MEG dipoles) toward a single coordinate system linked to the anatomical model of cortical sulci. Experimented on a database of 18 subjects, this method has been shown to reduce the observed inter-individual functional variability. Last, the methodology proposed to model cortical sulci shape is applied to functional borders shape delimiting low-order visual areas.

Keywords: Cerebral imaging, cortical sulci, functional imaging, visual areas, probabilistic atlases, registration, shape analysis, shape model, multivariate statistical analysis.