



Modèles statistiques de la forme d'organes du corps humain. Application à la reconstruction faciale

Maxime Berar

► To cite this version:

Maxime Berar. Modèles statistiques de la forme d'organes du corps humain. Application à la reconstruction faciale. Sciences de l'ingénieur [physics]. Institut National Polytechnique de Grenoble - INPG, 2007. Français. NNT : . tel-00275201

HAL Id: tel-00275201

<https://theses.hal.science/tel-00275201>

Submitted on 22 Apr 2008

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.

INSTITUT NATIONAL POLYTECHNIQUE DE GRENOBLE

N° attribué par la bibliothèque

THÈSE

pour obtenir le grade de

DOCTEUR DE L'INPG

Spécialité : « Signal Image Parole et Télécom »

préparée au Laboratoire des Images et des Signaux de Grenoble

dans le cadre de l'École Doctorale « **Electronique , Electrotechnique,
Automatique, Traitement du Signal** »

présentée et soutenue publiquement

par

Maxime BERAR

le 14/09/07

MODÈLES STATISTIQUES DE LA FORME D'ORGANES DU
CORPS HUMAIN.
APPLICATION À LA RECONSTRUCTION FACIALE

Directeurs de thèse : Michel DESVIGNES et Gérard BAILLY

JURY

Monsieur	Grégoire Malandain	Président
Madame	Isabelle Bloch	Rapporteur
Monsieur	Patrick Clarysse	Rapporteur
Monsieur	Yohan Payan	Examineur
Monsieur	Michel Desvignes	Directeur de thèse
Monsieur	Gérard Bailly	Co-directeur de thèse

Table des matières

Introduction	1
1 Atlas statistiques	7
1.1 Atlas Descriptifs	9
1.2 Atlas Statistiques	10
1.2.1 Position du Problème : construction d'un atlas statistique	11
1.2.2 Etat de l'Art	14
1.2.3 Des natures différentes	15
1.2.4 Des représentations différentes	15
1.3 Une approche similaire : la construction des clones parlants	27
1.3.1 Clones Parlants	28
1.3.2 Clones parlants multi-locuteurs	29
1.4 Méthode choisie	30
2 Méthode de Construction d'Atlas Statistiques	31
2.1 Introduction	33
2.2 Méthode de Mise en Correspondance 3D/3D par Octree-spline	34
2.2.1 Formulation du problème	35
2.2.2 Modifications de la fonction d'énergie	40
2.3 Résultats	44
2.3.1 Recalage élastique de forme de synthèse	44
2.3.2 Recalage élastique d'un maillage de visage vers un autre	50
2.3.3 Base de données "recalée et alignée" de maillages du crâne et du visage	55
2.4 Conclusion	63

3	Modélisation Statistique	65
3.1	Introduction et Motivation	67
3.2	Modélisation Statistique	68
3.2.1	Modélisation linéaire	68
3.2.2	Espaces caractéristiques	72
3.2.3	Analyse en Composantes Principales dans des Espaces caractéristiques	75
3.2.4	Analyse en Composantes Principales à Noyau	77
3.2.5	Extension aux données non centrées	78
3.2.6	ACP à Noyau Polynomial de degré 1 et ACP	79
3.2.7	Conclusion	80
3.3	La Reconstruction : Le problème de la <i>Pré-Image</i>	80
3.3.1	Rappel : modèle linéaire	81
3.3.2	La reconstruction en ACPN	82
3.4	Exemple : Modèle générique articulé du crâne	86
3.4.1	Le Mouvement de la Mâchoire	86
3.4.2	Modèle articulé du crâne	87
3.5	Conclusion	88
4	Reconstruction partielle	91
4.1	Introduction	93
4.2	Reconstruction partielle - Modèle Linéaire	96
4.2.1	Modèle Linéaire et données manquantes	96
4.2.2	Liens avec la régression	100
4.2.3	Illustration des méthodes RPS et RPC avec des données synthé- tiques linéaires	105
4.3	Reconstruction Partielle - Modèle non-linéaire	108
4.3.1	La reconstruction partielle pour l'ACP à Noyaux	108
4.3.2	Expérimentation sur des données synthétiques quadratiques	112
4.4	Expérimentation sur des données de céphalométrie 2D	126
4.4.1	Estimation d'un point céphalométrique par l'ensemble des points de la voûte crânienne et le nasion	128
4.4.2	Autres Points	134
4.5	Conclusion	135

4.6	Perspectives	136
4.6.1	Ajout d'une matrice de permutation	136
4.6.2	Prise en compte de la réalité physique des données - liens entre les coordonnées	136
5	Reconstruction Craniofaciale	137
5.1	Introduction	139
5.2	Etat de l'Art	140
5.2.1	Méthodes de reconstruction craniofaciale assistées par ordinateur	142
5.3	Construction de la base de données	147
5.4	Reconstruction par Recalage Elastique sur des données réelles	148
5.4.1	Résultat pour le crâne le plus proche	150
5.4.2	Visage moyen	151
5.5	Modélisation Statistique et Reconstruction Partielle	152
5.5.1	Reconstruction partielle linéaire sur des données de synthèse	152
5.5.2	Reconstruction partielle linéaire sur des données réelles	154
5.5.3	Reconstruction partielle non-linéaire sur des données réelles	163
5.6	Comparaison des méthodes	167
5.7	Conclusions et Perspectives	168
6	Conclusion	169
6.1	Atlas statistiques et méthode de construction	171
6.2	Modélisation statistique de formes 3D et reconstruction partielle	172
6.3	Reconstruction craniofaciale	172
6.4	Conclusion	173
	Références	175

Table des figures

1.1	Planche de <i>la Fabrica</i> de Vésale, représentations graphiques de Jean Calcar	9
1.2	Crâne et appareils de mesure craniométrique (1902)	10
1.3	Etapas de la construction d'un atlas statistique d'une structure anatomique	13
1.4	Gauche : Points céphalométriques et points caractéristiques retenus - Centre : Placement initial du patron - Droite : Placement final servant à la détection (extrait des travaux de Hutton [1])	17
1.5	Détermination des lignes communes à l'ensemble des exemplaires de l'atlas. Extrait de Subsol [2]	20
1.6	Stratégie de construction d'un atlas du cerveau. Extrait de Toga [3]	23
1.7	Reconstructions surfaciques pour la modélisation statistique du crâne d'en- fant. Extrait de Lamecker [4]	24
1.8	Image du cerveau (a) et "image moyenne" (b) de l'atlas statistique. Extrait de Rueckert [5]	26
1.9	Instances du modèle statistique de déformation du cerveau. Vues autour du corps calleux. Extrait de Rueckert [5]	26
1.10	Mise en correspondance pour la construction de clone parlant, extrait de Kuratate [6]	28
1.11	Mise en correspondance des sujets et modélisation anatomie/contrôle d'un clone parlant multilocuteur, extrait de Kuratate [6]	29
2.1	Exemple de déformation	37
2.2	Subdivision de l'octree	38
2.3	Exemple d'appariement de points entre deux visages	41
2.4	Exemple de mauvais recalage : la région des condyles (encadré)	41
2.5	Exemple schématique : distance des noeuds de la source vers la cible (gauche) et résultat de la transformation (droite)	43

2.6	Exemple schématique : Résultat souhaité (gauche) et distances des noeuds de la cible vers la source (droite)	43
2.7	Les 4 formes de synthèse générées - non décimées	45
2.8	Tentative de transformation d'un cône en sphère en utilisant l'algorithme "non symétrique"	47
2.9	Transformation d'un cône en sphère, en utilisant les deux distances locales entre maillages.	48
2.10	D'un maillage (clone parlant) à un autre	50
2.11	Passage du maillage générique (a) au maillage SSG (b)	53
2.12	Projection des maillages SSG recalés sur les images d'origine	54
2.13	Vers une base de données conjointes de maillages du crâne et du visage?	55
2.14	De l'objet binaire aux maillages génériques et sujet	56
2.15	Génération des maillages sujets	57
2.16	Génération des maillages SSG	58
2.17	Projection du maillage SSG sur le maillage sujet	59
2.18	Projection du maillage SSG sur le maillage sujet en utilisant la fonction de disparité symétrisée	60
2.19	Chaine de recalage du crâne	61
2.20	Minimum commun des maillages	62
3.1	Axes principaux d'une distribution de vecteurs en 2 dimensions	69
3.2	Approximation d'un point X par sa projection X' sur l'axe principal P	69
3.3	3 Espaces différents pour l'observation	73
3.4	Schéma du déplacement de la mâchoire (extrait de [7])	87
3.5	Variation du 7ième paramètre	88
4.1	Erreurs d'estimation de x pour différents taux de données manquantes	106
4.2	Erreurs d'estimation de b pour différents taux de données manquantes	107
4.3	Erreurs d'estimation de x (gauche) et b (droite) pour tous les jeux de données	107
4.4	Forme des données synthétiques	113
4.5	Reconstruction complète pour 1 et 2 paramètres - Modèle linéaire	114
4.6	Reconstruction partielle - Modèle linéaire	115
4.7	Projection des données par ϕ	116
4.8	Reconstruction complète pour 1 paramètre - Modèle KPCA2	117

4.9	Reconstruction complète pour 2 paramètres - Modèle KPCA2	117
4.10	Reconstruction partielle - Modèle KPCA2	118
4.11	Reconstruction partielle de y - modèle polynomial degré 3	119
4.12	Reconstruction des données en fonction de σ	121
4.13	Minima de la fonction de coût pour un même échantillon pour $\sigma = 9.10^3$ (Gauche) et $\sigma = 3.2$ (Droite)	122
4.14	Reconstruction partielle pour $\sigma = 7.5.10^3$ (Gauche) et $\sigma = 3.2$ (Droite) . .	123
4.15	Erreurs de reconstruction partielle selon le nombre de paramètres de varia- bilité - $\sigma = 9.10^3$	125
4.16	Céphalogramme, contour crânien, points réels (blanc) et estimés (noir) . .	126
4.17	Données céphalométriques	127
4.18	Un exemple de point céphalométrique : le nasion	127
4.19	Données céphalométriques : (.) points connus (x) points inconnus	128
4.20	Reconstruction (gauche) et reconstruction partielle (droite) du point cé- phalométrique par le modèle linéaire (ACP)	129
4.21	Reconstruction partielle par le modèle par noyau polynomial de degré 2 . .	130
4.22	Reconstruction (gauche) et reconstruction partielle (droite) par le modèle par noyau polynomial de degré 2. Espace d'origine (haut) et Espace projeté (Bas)	131
4.23	Reconstruction partielle par le modèle par noyau gaussien	133
4.24	Reconstruction partielle par le modèle par noyau polynomial de degré 2 pour deux autres points	134
4.25	Reconstruction partielle par le modèle par noyau polynomial de degré 2 pour deux autres points	134
5.1	Reconstruction d'un visage sur un crâne : a) scanner le crâne ; b) marquer le maillage du crâne avec des amers ; c) maillage de la peau avec les muscles attachés au crâne ; d) maillage texturé de la peau. Images tirées de [8] . . .	141
5.2	Modèle biomécanique du visage et vues du rendu [9]	143
5.3	Présentation de l'acquisition de la surface du visage et de l'épaisseur des tissus mous d'un individu.[10]	146
5.4	Construction de la base de données	148
5.5	Pour chaque individu, le vertex i correspond à un même lieu	149

5.6	Exemples de visages générés avec les parties de l'octree montrant le lieu de déformation	153
5.7	Résultats pour les données de synthèse	154
5.8	Erreur de reconstruction	156
5.9	Effets des paramètres de variations du modèle linéaire	157
5.10	Erreur de reconstruction partielle	159
5.11	répartition des erreurs de reconstruction partielle sur le visage	160
5.12	Carte de distance et histogramme d'un visage estimé sans cou ni nez . . .	161
5.13	Maillages du visage d'origine et décimé	161
5.14	Erreur de reconstruction globale pour le modèle décimé	162
5.15	Erreur d'estimation de reconstruction partielle pour le modèle décimé . . .	162
5.16	Choix du paramètre σ du modèle gaussien	164
5.17	Erreur de reconstruction pour le modèle gaussien	164
5.18	Erreur de reconstruction partielle pour le modèle gaussien	165
5.19	Exemples de reconstruction pour le modèle gaussien	166

Introduction

Contexte

La description de la forme du corps humain est l'objet d'un intérêt renouvelé. Durant la seconde moitié du siècle précédent, on pensait le champ de l'anatomie descriptive dans une période de déclin. Avec l'arrivée des systèmes d'imagerie, on accède à une représentation 3D réaliste de l'anatomie du patient in vivo, issue de modalités diverses (sonographie, tomographie à rayons X ou scanner, imagerie par résonnance magnétique, tomographie par émission de positron) qui offre de nouvelles possibilités dans la description de la forme du corps humain. La facilité d'accès à ces images tri-dimensionnelles in-vivo du corps humain permet l'étude d'un grand nombre d'individus, vivants, en action et par extension l'étude de la variabilité des individus. Ainsi, l'anatomie descriptive est en train de constituer des atlas qui ne se contentent plus de nommer et décrire les structures anatomiques (os, organes) mais intègrent aussi la variabilité de ces formes, et parfois les relations spatiales entre elles, selon les individus. L'atlas a alors pour rôle de modéliser les formes et les relations spatiales entre organes.

Du fait de la grande variabilité inter et intra anatomique des structures biologiques, l'interprétation des images médicales est difficile et demande beaucoup de précaution et une grande expérience. Les atlas sont un moyen pour faciliter cette interprétation, en particulier pour la visualisation et l'interprétation d'images 3D. Leur premier rôle est ainsi classiquement l'enseignement de l'anatomie. La richesse des images ainsi que l'interactivité proposée par les moyens techniques informatiques actuels font des atlas informatisés des outils pédagogiques performants.

Dans le cadre de l'aide à l'interprétation, une des caractéristiques essentielles des atlas informatisés et des outils de traitement d'images actuels est de permettre la mise en correspondance de l'image d'un patient et celle de l'atlas. Il s'agit de trouver une bijection entre l'espace image patient et l'espace de l'atlas. Ceci afin de contraindre l'interprétation de l'image d'un patient à un ensemble de propositions possibles et réalistes. Une des utilisations de ces atlas est alors la possibilité d'exporter les informations diverses de l'atlas sur l'image de patient, permettant ainsi l'identification automatique de points ou de zones sur l'image du patient. Une autre utilisation pratique est la détection de pathologie, lorsque l'atlas intègre la notion de variabilité des mesures. Après mise en correspondance, les mesures peuvent être comparées à celle de l'atlas et induire une information sur une éventuelle pathologie, information basée sur le non-respect de

cette variabilité autorisée. Ainsi, plusieurs équipes ont proposé des modèles pour la détection précoce de la maladie d'Alzheimer à partir d'atlas statistiques du cerveau. Plus récemment, les systèmes d'intervention robotisés ou assistés utilisent une planification pré, per et post opératoire pour optimiser les risques chirurgicaux, minimiser les séquelles potentielles, contrôler l'opération et évaluer les résultats. L'interprétation de ces images est indispensable à ce type d'activité. Par exemple, de nombreux travaux ont cherché à minimiser les doses de radiations reçues par les tissus environnant une tumeur pendant une radiothérapie.

Enfin, un autre champ immédiat d'applications de ces atlas est la simulation et la visualisation virtuelle. En orthodontie, le praticien cherche à rétablir un bon alignement des dents entre elles. La conséquence d'un désordre anatomique est souvent fonctionnelle, mais aussi esthétique. Simuler le résultat du traitement permettrait au patient et au praticien de "voir" le résultat probable de longues semaines de traitement.

D'un point de vue méthodologique, il n'existe pas de différences entre un objet ou un organe observé chez plusieurs individus présentant une grande variabilité de forme et un objet ou un organe déformable ou en mouvement observé sur un seul individu présentant lui aussi une grande variabilité de forme. "L'atlas" a donc ici pour but de modéliser le mouvement et les déformations. Dans ce cadre le rôle de l'atlas est de permettre l'analyse et le suivi du mouvement dans une séquence d'images (suivi de mains, suivi de ventricules du coeur). Une autre application très souvent utilisée de cette méthode est la synthèse de mouvements, c'est-à-dire l'animation réaliste des objets. "L'atlas" sert ainsi à l'animation réaliste de personnages ou d'objets de synthèse. En particulier, avec l'avènement de MPEG4, un grand nombre de travaux s'intéressent à la synthèse d'expressions et de mouvements faciaux : des "atlas" du visage. Associés à la simulation de la production de parole, ces "atlas" deviennent des clones parlants, utiles dans le domaine des télécommunications, des interfaces augmentées.

Position du Problème

Les objectifs de cette thèse sont la méthodologie de construction d'atlas anatomiques statistiques d'organes du corps humain et leurs utilisations pour l'identification d'objets. Par atlas anatomiques statistiques nous entendons la représentation par l'atlas de la forme de référence (en général la forme moyenne) de l'organe ainsi que de la variabilité autorisée

autour de cette forme.

Construction de l'atlas

La création d'un atlas peut se résumer au problème suivant : Comment, partant de n images d'un objet acquises indépendamment construire une forme de référence et représenter la variabilité présente dans les n exemplaires ?

On considère que la forme est ce qui reste une fois supprimés les facteurs d'échelle et de mouvements dans l'espace (translations, rotations). L'opération qui réalise cette suppression est appelée **recalage rigide**. Les divers objets repositionnés dans l'espace, il s'agit maintenant de pouvoir établir des correspondances entre ces objets, à travers des caractéristiques présentes sur tous les objets et jugées représentatives de la forme de l'objet, des caractéristiques génériques et invariables. La plus simple **mise en correspondance** possible est de prendre des points dotés d'une définition anatomique. Sur chaque individu, ces points situés à des positions différentes correspondent tous à la même définition. Le point le plus bas d'une suture entre deux os est ainsi repérable sur tous les exemplaires. Les objets mis en correspondance servent ensuite lors de la **modélisation statistique**. La modélisation statistique permet de percevoir l'ensemble des formes comme une forme moyenne et une variabilité autour de cette forme. Ainsi, la variation de la position relative des points anatomiques choisis précédemment permet de représenter la variation globale de la forme.

Utilisation de l'atlas

Notre utilisation de l'atlas se résume à la question suivante : comment, par la suite, utiliser les informations de l'atlas (formes, relations spatiales) pour reconstruire un objet ou une partie d'un objet ?

Il s'agit tout d'abord de réaliser la **mise en correspondance** de l'objet étudié avec l'atlas, plaçant ainsi l'objet étudié dans le repère de l'atlas. Les relations spatiales issues de la **modélisation statistique** de l'atlas sont ensuite appliquées à la partie connue de l'objet pour estimer la partie inconnue de l'objet. En effet, les variations autorisées autour de la forme moyenne doivent coïncider avec la partie connue de l'objet. Ces mêmes variations donnent en même temps accès à une estimation de la partie inconnue de l'objet modélisé.

L'un des objectifs de cette thèse a été la construction d'un atlas statistique de crânes et de visages à partir de données issues de scanner et son utilisation dans un but de reconstruction craniofaciale. La reconstruction craniofaciale consiste à prédire le visage à partir du crâne sec. Il s'agit donc d'une problématique de reconstruction partielle ou de données manquantes à partir d'un modèle statistique.

Plan du Mémoire

Cinq chapitres scindent ce document, que l'on peut regrouper en trois parties.

La première partie s'intéresse aux étapes de la construction d'un atlas statistique situées avant la modélisation statistique. Le premier chapitre consiste en un état de l'art de la construction d'atlas statistique, vu selon les caractéristiques de représentation choisies. Le second chapitre présente et détaille la méthode de construction choisie pour notre modèle statistique conjoint des formes du crâne et du visage.

La modélisation statistique est l'objet de la seconde partie. Les modèles linéaires issus de l'analyse en composantes principales servent d'introduction à la modélisation par analyse en composantes principales à noyaux, qui est une modélisation non-linéaire. Le lien entre les paramètres de variabilité et les données modélisées sera mis en avant lors de la reconstruction de ces données à partir des paramètres de variabilité. La reconstruction partielle est l'objet de quatrième chapitre, pour ces deux types de modélisation. La problématique similaire de la régression sera abordée et chacune des méthodes d'estimation à partir d'un modèle statistique linéaire ou non-linéaire sera illustrée : tout d'abord sur des données de synthèse puis lors de l'estimation des points céphalométriques (points caractéristiques du crâne).

Enfin, le cinquième chapitre sera entièrement consacré à la reconstruction craniofaciale. Après un état de l'art de ce domaine, nous comparerons trois méthodes. Deux de ces méthodes utilisent un modèle statistique conjoint du visage et du crâne et font appel à la reconstruction partielle vue au chapitre précédent : l'une utilise la reconstruction partielle linéaire et l'autre la reconstruction partielle non linéaire. La troisième méthode utilise les champs de déformations spatiales introduits au chapitre 1 pour extrapoler un visage à partir du crâne sec.

Chapitre 1

Atlas statistiques

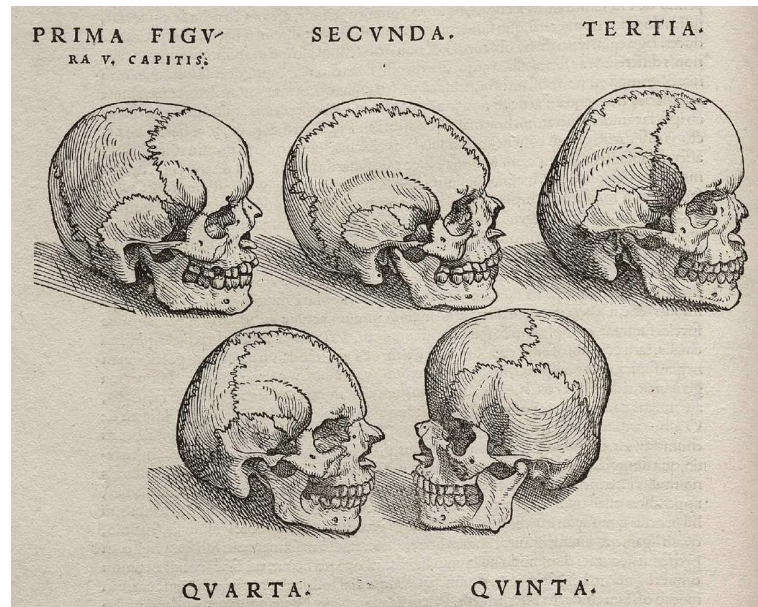


FIG. 1.1 – Planche de *la Fabrica* de Vésale, représentations graphiques de Jean Calcar

1.1 Atlas Descriptifs

L'anatomie est une science descriptive étudiant la structure, la topographie et le rapport des organes entre eux. Elle désigne à la fois la structure d'un organisme vivant et la branche de la médecine (pour l'anatomie humaine) qui étudie cette structure. Le premier atlas anatomique moderne (sur papier) est l'oeuvre d'André Vésale au début du XVI^e siècle : *De humani corporis fabrica* (1543) (figure 1.1). C'est un recueil d'anatomie descriptive, topographique, fonctionnelle et biomécanique. De nombreux autres atlas anatomiques ont ensuite vu le jour, certains plus axés sur les orientations chirurgicales de l'anatomie (le très populaire *Gray's Anatomy of the human body* 1858) d'autres sur le côté scientifique et morphologique. Au milieu du XX^e siècle, l'anatomie descriptive et la constitution d'atlas sur papier est donc un champ bien exploré de la littérature scientifique. Mais dans la plupart des cas, l'étude des organes internes est réalisée post mortem.

Avec l'apparition des systèmes d'imagerie médicale - scanographie, imagerie par résonance magnétique (IRM), médecine nucléaire (Tomographie par Emission de Mono Photonique, Tomographie par Emission de Positons) ou ultrasons (échographie) - ce

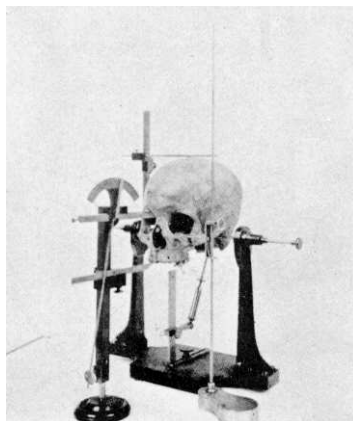


FIG. 1.2 – Crâne et appareils de mesure craniométrique (1902)

Source : Cicely D. Fawcett and Alice Lee, "A Second Study of the Variation and Correlation of the Human Skull, With Special Reference to the Naqada Crania," *Biometrika*, Vol. 1, No. 4. (Aug., 1902), pp. 408-467 : Plate IV : "Figure 2. Craniphor, Goniophor, and Scriber."

domaine médical va être révolutionné. En effet, ces systèmes permettent l'obtention de manière *non- (ou peu-) invasive* d'images in vivo réellement tridimensionnelles de l'organisme d'une très grande précision, généralement en dessous du millimètre. Les atlas papiers et leurs limitations ("leur visualisation malaisée, leur précision limitée et l'absence de données quantitatives" selon G. Subsol 1995) ont alors été remplacés par les premiers atlas informatisés (VoxelMan, ...). A partir de ces premiers atlas descriptifs informatisés, des atlas statistiques informatisés commencent à apparaître.

1.2 Atlas Statistiques

Les atlas statistiques ont pour but de résoudre l'absence d'information sur la variabilité des structures anatomiques des premiers atlas informatisés. Ils intègrent aux fonctionnalités descriptives de l'atlas, le caractère quantitatif des tables de mesures effectuées en anthropométrie ou plus largement en biométrie dès le XIX^e siècle par Paul Broca (craniométrie, illustrée par un dispositif de mesure du début du XX^e siècle figure 1.2) ou Alphonse Bertillon (anthropométrie judiciaire) en France. On peut remarquer par ailleurs que ces tables de mesures constituent déjà des atlas statistiques basés sur une représentation par points des structures à décrire.

A partir de plusieurs exemplaires d'une même structure anatomique, il s'agit tout d'abord de trouver des caractéristiques qui vont servir de repère et montrer aussi bien les ressemblances que les diversités de ces exemplaires. Ces caractéristiques doivent donc se retrouver sur tous les exemplaires (*génériques*) et être à peu près à la même position (*invariables*). Avant l'utilisation des systèmes d'imagerie médicale, les caractéristiques *génériques et invariables* les plus facilement identifiables étaient des points dotés d'une définition anatomique ou mathématique. Ces points sont appelés points caractéristiques ou amers (*landmarks*). Ils peuvent aussi être définis par des mesures entre points, c'est le cas de certains points céphalométriques pour le crâne par exemple . A l'heure actuelle, les caractéristiques génériques et invariables peuvent être variées (points, lignes, surfaces ou volumes) et dépendent du choix de représentation fait pour l'atlas statistique.

1.2.1 Position du Problème : construction d'un atlas statistique

On dispose d'un ensemble d'images tridimensionnelles (figure 1.3 (a)) d'une structure anatomique (ou de manière générale de données sur plusieurs exemplaires d'une structure anatomique) issues d'un système d'imagerie médicale. Il s'agit tout d'abord d'extraire sur chaque image de la structure anatomique des caractéristiques *génériques et invariables*. L'**extraction des caractéristiques** pose implicitement la question de leur choix et de leur détection. On peut, par exemple, considérer des surfaces caractéristiques décrites par des maillages (figure 1.3 (b)).

L'étape suivante consiste à mettre en relation les exemplaires les uns avec les autres. Il s'agit de les placer dans un repère commun à tous, dans lequel ces caractéristiques sont *génériques et invariables* : l'étape de **mise en correspondance**. Dans l'exemple illustré, on décrit les surfaces au moyen de maillages de même topologie. Un premier maillage sert de patron (ou gabarit ou *template*), que l'on exporte lors de la mise en correspondance. Le caractère commun voulu, la *topologie du maillage* (figure 1.3 (c)) se retrouve alors sur tous les exemplaires. Les sommets du maillage correspondent aux mêmes lieux de la surface sur chaque exemplaire. (C'est une hypothèse de travail, pas trop fausse quand le nombre de points est important). Le nombre de sommets et les arrêtes entre les sommets restent identiques d'un exemplaire à l'autre. Les méthodes utilisées lors de l'étape de mise en correspondance sont nombreuses et variées. Certaines ont recours à des patrons, d'autres préfèrent laisser émerger les caractéristiques dotées des bonnes propriétés. Pour

cela, les deux étapes que constituent l'extraction des caractéristiques et la mise en correspondance, peuvent être réalisées simultanément ou l'une après l'autre sans ordre obligatoire.

Enfin, à partir des exemplaires mis en correspondance, on opère une **modélisation statistique** (figure 1.3 (d)), qui consiste en premier lieu à déterminer une forme moyenne.

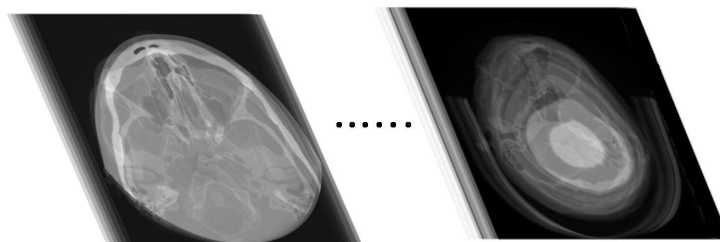
La construction d'un atlas statistique revient donc à réaliser les trois opérations suivantes :

1. Choix et détection (extraction) des caractéristiques,
2. Mise en correspondance des caractéristiques,
3. Modélisation statistique.

Choix et détection des caractéristiques - Le choix des caractéristiques est le choix de la représentation de la structure anatomique utilisée dans l'atlas. Va-t-on la représenter par des points, des lignes des surfaces, par une image tridimensionnelle ? Ce choix influe bien sûr sur la méthode de détection des caractéristiques, de même que l'étape suivante de mise en correspondance peut être implicite durant l'extraction.

Mise en correspondance - La mise en correspondance consiste à mettre dans un même repère toutes les caractéristiques des structures anatomiques extraites, à passer des caractéristiques aux caractéristiques *génériques et invariables*. De très nombreuses méthodes de mise en correspondance existent, basées pour la plupart d'entre elles sur la minimisation d'un critère de disparité entre les deux représentations. Ce critère peut être l'information mutuelle entre les deux images, ou la distance entre les surfaces. Ce critère doit être le plus indépendant possible de la représentation choisie.

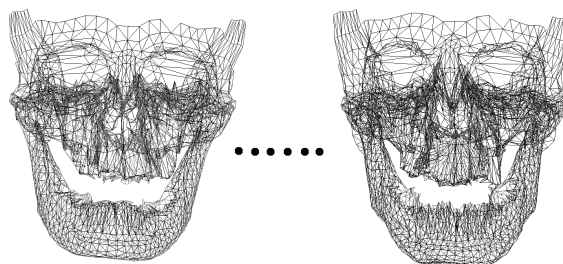
Modélisation statistique - Une fois les exemplaires de la structure représentés par des caractéristiques *génériques et invariables*, on peut effectuer une modélisation statistique : il s'agit alors de trouver une forme moyenne et de modéliser ensuite les variations autour de cette forme moyenne.



(a) D'un ensemble d'images tridimensionnelles



(b) à une représentation commune



(c) mise en correspondance



(d) pour la modélisation statistique

FIG. 1.3 – Etapes de la construction d'un atlas statistique d'une structure anatomique

Reprenons maintenant, un schéma de construction d’atlas statistiques [2] et celui de la construction d’un modèle statistique de forme [11]. Tout d’abord le schéma de construction d’atlas anatomiques morphologiques, proposé par G. Subsol [2] :

1. Choix et détection des caractéristiques
 - Détection des lignes de crêtes
2. Mise en correspondance des caractéristiques
 - Extraction des caractéristiques communes (Structure de l’atlas)
 - *les lignes de crêtes communes à l’ensemble des exemplaires*
3. Modélisation statistique
 - Moyenne des caractéristique communes (Géométrie de l’atlas)
 - Analyse des caractéristiques communes (Variations des caractéristiques)

Puis celui utilisé par T. Cootes [11] pour replacer un patient dans le repère de l’atlas utilisant des modèles de formes actifs.

1. Choix et détection des caractéristiques *génériques et invariables*
 - *les points sélectionnés*
2. Mise en correspondance des caractéristiques
 - Utilisation du profil d’intensité des points
3. Modélisation statistique

1.2.2 Etat de l’Art

On peut classer les atlas statistiques réalisés selon 3 axes : le degré d’automatisation utilisé dans la construction de l’atlas (1), la nature de la structure anatomique décrite (2) et la dimension de la représentation des caractéristiques (3). Le premier axe tient au degré d’automatisation utilisé dans la construction de l’atlas. Mais, à l’heure où la plupart des atlas statistiques ou des modèles statistiques de forme actuels utilisent une grande part d’automatisation, il nous a semblé plus pertinent de prendre comme axes de classification la nature de la structure anatomique décrite d’une part et la dimension de la représentation des caractéristiques d’autre part. Nous présumons que l’atlas est construit à partir d’images tridimensionnelles ou d’objets extraits, segmentés, localisés dans des images tridimensionnelles. Cette classification des différents atlas statistiques réalisés est résumée dans le tableau 1.1. On se limite ici aux atlas statistiques anatomiques.

Représentation Nature	Points	lignes & surfaces	volume
Rigide	céphalométrie [21, 22, 23, 24, 25]	crâne [12, 2, 4] vertèbres [13] mandibule [14, 15] os pelvien [16] dents [26]	
Elastique	corps caeux [11]	cerveau [3, 27] foie [28, 29]	cerveau [17, 18, 19, 5, 20]
Elastique et articulée (qui se meuvent et se déforment)		coeur [30, 31], clones parlants [33, 34, 35] ...	poumons [32]

TAB. 1.1 – Bibliographie organisée d’atlas statistiques

1.2.3 Des natures différentes

Les structures anatomiques sont de différentes natures. Il existe des atlas statistiques du cerveau, du coeur, du crâne, des vertèbres, du foie, des mandibules, des poumons [12, 2, 4, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 5, 20] . On peut donc mettre en place une première classification selon la nature de la structure anatomique :

- objets rigides : le crâne, les vertèbres, la mandibule, les dents ;
- objets élastiques : le cerveau, le foie ;
- objets élastiques et articulés (qui se déforment ou se meuvent) : le coeur, le visage durant le geste articulatoire.

1.2.4 Des représentations différentes

Une structure anatomique peut être représentée par différentes caractéristiques communes génériques et invariables : ensemble de points, lignes, surfaces ou volumes. Il peut cependant y avoir une différence entre la représentation choisie pour l’atlas statistique et celle utilisée par la méthode de mise en correspondance. Ainsi certains atlas statistiques constitués de points résultent d’une mise en correspondance basée sur l’intensité des voxels des images.

C’est la représentation utilisée dans l’atlas que nous allons privilégier lors de la description de la littérature existante. Dans le cas où un atlas décrit par des points résulterait d’une

mise en correspondance basée sur l'intensité des images, c'est la représentation par points caractéristiques dans l'atlas et non les caractéristiques utilisées (l'intensité) dans la méthode de mise en correspondance qui seront prises en compte. Enfin, certains atlas cumulent les représentations, points et lignes, lignes et surfaces ... Nous utiliserons alors celle de plus haute dimension, qui a le plus de coordonnées déficientes. Par exemple un point décrit par 3 coordonnées ne possède aucune coordonnée déficiente. Les différents niveaux de représentations peuvent être perçus pour les objets géométriques en terme de coordonnées déficientes : de 0 (points) à 1 (lignes) puis 2 (surfaces) [12].

La table 1.1 classe selon les différentes natures et représentations des atlas statistiques d'organes de la littérature. Les paragraphes suivants reprennent cette table par colonnes, i-e par mode de représentation. Celle-ci inclut des objets assimilables à des atlas statistiques, les modèles statistiques de forme [11] qui propose la description de la forme d'un organe par sa forme moyenne et l'ensemble de variations autorisées autour de celle-ci. De même, certains des travaux présentés ici, s'arrêtent pour la modélisation statistique à la construction de la forme moyenne. Nous les considérerons comme des atlas statistiques d'ordre zéro.

Représentation par des points caractéristiques

La représentation par des points caractéristiques est la représentation utilisée traditionnellement. Elle est encore très utilisée car les points caractéristiques permettent une modélisation statistique simple de la forme à caractériser. Des exemples d'atlas statistiques assez anciens sous forme de points caractéristiques sont par exemple les atlas de céphalométrie avec les atlas Ann Arbor [21] (études menées en 1953 et 1966), de Cleveland [22] (1931 et 1959), de Londres [23] (1952 et 1993) et de Philadelphie [24] (1948 et 1968) dans le monde anglo-saxon ou les travaux de Delaire [25] en France. Les points caractéristiques dits céphalométriques sont repérés sur des radiographies de crânes (en 2D) ou issus de constructions mathématiques entre ces points. Une céphalométrie tridimensionnelle est en cours de développement à l'heure actuelle [36].

La détection automatique des points céphalométriques a fait l'objet de nombreux travaux, notamment ceux de Hutton [1] basés sur un modèle statistique de forme dit actif introduit par Cootes [37]. Elle suit alors les étapes définies précédemment. Les points céphalométriques (nasion, porion, selle turcique) y sont appariés à des points placés sur les zones de

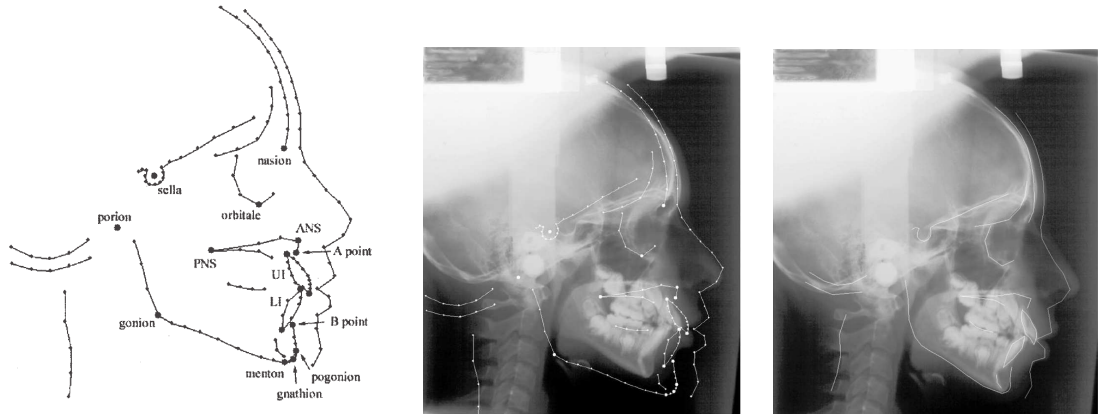


FIG. 1.4 – Gauche : Points céphalométriques et points caractéristiques retenus - Centre : Placement initial du patron - Droite : Placement final servant à la détection (extrait des travaux de Hutton [1])

fort gradients comme on peut le voir figure 1.4 (*choix et détection des caractéristiques*). La forme moyenne du modèle est tout d'abord déterminée et les exemplaires alignés en employant la méthode de Procrustes. Ensuite le modèle est construit par une Analyse en Composante Principale (ACP) (*modélisation statistique*). Les points utilisés lors de la construction du modèle ont été déterminés à la main (*choix et détection des caractéristiques*, mise en correspondance implicite) mais la détection des points sur les exemplaires de test est faite au moyen d'un modèle de forme actif (*mise en correspondance, modélisation statistique*). Chaque point possède une variabilité de position, une déformation, déterminée par le modèle statistique et liée à des modes de variation. On associe de même à chaque point un profil d'intensité appris lors de la construction du modèle. Confronté à la détection des points sur un nouvel exemplaire, il s'agit de modifier le modèle à partir de sa forme moyenne de manière à faire coller le profil d'intensité appris tout en restant dans les variations de positions autorisées. Dans le cas des travaux de Hutton, la nature de certains points (porion, selle turcique) éloignés des zones de contour aboutit à une précision insuffisante dans leur détermination.

La représentation des formes par des modèles de forme actifs (*Active Shape Model* [37]) introduite et développée par Cootes à partir 1994 est basée sur une représentation par points caractéristiques et a été appliquée à de nombreux cas d'organes principalement comme aide à la segmentation en imagerie médicale [11] et étendue au domaine de la parole audiovisuelle [38]. Bien qu'appliqués essentiellement sur des images en 2

dimensions, les modèles de forme actifs ne dépendent pas du nombre de dimensions de l'objet à modéliser. A la variabilité de position de chaque point obtenue par Analyse en Composantes Principales, on associe un profil d'intensité local corrélant ainsi les informations de position et d'intensité. Les modèles d'apparence [11] introduits plus tard dans une veine similaire associent à la variabilité de position, une variabilité de l'intensité calculée sur l'ensemble de l'image, un modèle statistique de la texture.

Les travaux d'analyse de formes en morphométrie, basés sur l'étude de points caractéristiques (*landmarks*) sont basés sur les mêmes étapes initiales, souvent effectuées de pair de part la nature des points caractéristiques choisis. Par contre, la modélisation statistique y est remplacée par une étape d'analyse statistique, qui peut nécessiter la détermination d'une forme moyenne.

Représentation par des lignes et surfaces caractéristiques

L'une des remarques faites à la représentation par points est d'oublier la forme entre les points. Cette forme peut-elle être mieux représentée par des lignes caractéristiques, des surfaces caractéristiques ?

◦ *Bookstein : Représentation par points, lignes et surfaces*

Les travaux de Cutting et Bookstein [12] utilisent une représentation basée à la fois sur des points caractéristiques, des lignes caractéristiques et des surfaces caractéristiques, prenant ainsi en compte la forme entre les points. La création de l'atlas s'appuie sur un patron, atlas réalisé sur un individu, et par une mise en correspondance successive de chaque niveau de représentation réutilisant les résultats des mises en correspondance des niveaux de représentations précédents. Ainsi, la détermination des points caractéristiques est effectuée à la main sur chaque exemplaire puis une mise en correspondance du patron par "thin plate spline" est effectuée : certaines courbes caractéristiques (lignes ridges) présentes sur le patron sont alors extraites automatiquement de l'image. A partir de ces lignes caractéristiques, d'autres lignes caractéristiques (géodésiques) sont alors déterminées ainsi que des morceaux de surface. Les étapes de *choix et détection des caractéristiques* et de *mise en correspondance* sont réalisées successivement par niveau de représentation, par des méthodes adaptées à ces niveaux.

Lors du calcul de la forme moyenne, la même stratégie de calcul par niveaux successifs de

représentation est utilisée : les points caractéristiques sont d'abord recalés vers l'espace de forme selon les méthodes habituelles en morphométrie (Procrustes), puis les courbes caractéristiques sont déformées vers cet espace de forme et moyennées dans cet espace. Enfin, les points de contrôle des morceaux de surface sont alors à leur tour moyennés. La forme moyenne finale est un maillage de la surface doté des différents niveaux de représentation qui peut être réutilisé à son tour comme patron.

La prise en compte des différents niveaux de représentation réalisée de manière itérative est une approche hiérarchique qui facilite la mise en correspondance des différents niveaux de représentation. En effet, les méthodes de mise en correspondance reposent souvent sur la minimisation d'une fonctionnelle adaptée. Si à chaque niveau de représentation correspond un terme de la fonctionnelle, l'équilibre entre ceux-ci est d'une détermination complexe. Cependant, chaque niveau de représentation s'appuie sur le précédent, multipliant ainsi le risque d'erreurs, et in-fine sur une détermination manuelle des points et un bon patron de départ.

◦ *Représentation ~~Par~~ lignes caractéristiques*

Ce sont ces inconvénients que Subsol a évité : la création de l'atlas y est entièrement automatique et la mise en correspondance ne passe pas par l'adaptation d'un patron aux données. La méthode proposée par G. Subsol [2] est basée sur l'extraction de toutes les lignes de crêtes de la structure anatomique à décrire par l'algorithme "Marching Lines " (en référence à l'algorithme "Marching Cubes" pour l'extraction de maillages). Cette méthode qui se veut générale a été appliquée au crâne et au cerveau. Les lignes extraites correspondent aux plus fortes courbures de l'objet et sont similaires aux courbes caractéristiques de l'exemple précédent. On les retrouve pour le crâne au niveau des orbites, de la mandibule ... des repères souvent utilisés pour déterminer la position de points caractéristiques. La particularité de cette extraction est que les caractéristiques extraites ne sont pas alors génériques et invariables.

C'est en effet lors de la phase de mise en correspondance que l'on ne retient que les lignes de crêtes communes à l'ensemble des exemplaires de l'atlas (figure 1.5). Cette mise en correspondance, réalisée après discrétisation des lignes extraites est basée sur une adaptation de l'algorithme Iterative Closest Point [39, 40]. Ce processus de recalage introduit par Besl [39] et Zhang [40] est très proche d'une résolution itérative des

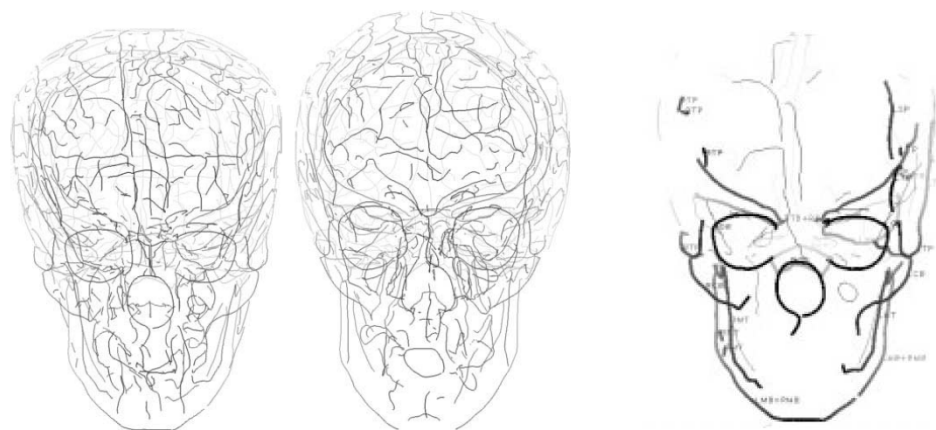


FIG. 1.5 – Détermination des lignes communes à l'ensemble des exemplaires de l'atlas. Extrait de Subsol [2]

équations de la dynamique d'un modèle déformable. Il détermine des paires de points les plus proches et calcule ensuite la transformation de ces paires. Les positions des points sont alors mises à jour et le processus itéré jusqu'à ce que la distance carrée moyenne ou l'erreur de recalage des points soit stable dans une certaine tolérance. A la fin de cette mise en correspondance des différents exemplaires, les caractéristiques communes sont extraites au moyen d'un graphe topologique et conservée comme caractéristiques de l'atlas, génériques et invariables.

Ces caractéristiques communes sont utilisées ensuite dans le modèle statistique construit par analyse modale après "normalisation géométrique" (suppression des transformations rigides entre les exemplaires).

L'originalité de ces travaux est dans le caractère générique de la méthode qui ne pré-suppose pas un "patron" (*template*) de la forme préétabli ou une nature de la structure anatomique à décrire et dans l'analyse modale comme espace de modélisation. Ce patron émerge de l'ensemble des données d'apprentissage et suppose l'existence d'un modèle unique pour représenter la population. Cependant cette méthode prend le risque de voir se réduire fortement le nombre de lignes caractéristiques finales, qui définiront l'atlas, avec l'augmentation du nombre d'exemplaires servant à la construction de l'atlas.

Par ailleurs, les lignes "ridges" ont aussi été utilisées pour la mise en correspondance lors d'une étude longitudinale de la mandibule par [14] (2000). Cette fois-ci, la représen-

tation choisie est directement celle d'un maillage choisi comme référence ou patron et déformé selon le champ déterminé par la méthode de mise en correspondance.

◦ *Représentation par surfaces caractéristiques*

De nombreux atlas ou modèles statistiques de formes utilisent une représentation de la forme par une ou des surfaces modélisées par des maillages. L'hypothèse nécessaire à l'étape de la modélisation statistique est : chaque vertex du maillage à l'issue de l'étape de mise en correspondance est un point qui s'il n'est pas caractéristique (pas de correspondance biologique), représente le même lieu sur chaque exemplaire. Ces points sont alors appelés des **points semi-caractéristiques** (*semilandmarks*) et ont été introduits par Bookstein [41] : *Semilandmarks are points that do not have names, but correspond across all the cases as images of the same point of their average, so one can carry out statistics just as if they were landmark points.*

Sandor et Leahy [27] utilisent une stratégie comparable aux deux premières étapes de la création d'un atlas statistique anatomique (pas d'étape de modélisation) pour exporter un étiquetage du cerveau réalisé sur un individu sain. La représentation choisie est une représentation "patron" du cerveau par une surface à base de B-splines, dans laquelle les points de contrôle servent de semi-landmarks. La mise en correspondance vers la surface à étiqueter se fait par une adaptation 3D de la méthode des contours actifs ("snakes" Kass 88) et l'usage de versions basse définition des surfaces comme étape intermédiaire de la mise en correspondance. Exporter l'étiquetage, le "patron", les points de contrôle de la surface, les vertex d'un maillage est souvent la solution choisie dans les représentations en surface, solution qui est basée sur la notion de semi-landmarks.

Le but de l'atlas 3D déformable et probabiliste du cerveau créé par Toga et Thompson en 1996 [3] est de détecter et quantifier la déviation anatomique d'un individu par rapport à une anatomie "normale" définie par une base de données d'individus sains. Cet atlas produit des cartes de probabilités dans le but, par exemple, de quantifier l'impact de tumeurs métastatiques ainsi que des cartes de la variabilité locale des formes. Il s'appuie sur une représentation par surfaces des cortex externes, surfaces extraites

en utilisant l'algorithme de surfaces actives 3D de MacDonald et al. (1993-1994), qui consiste à déformer un maillage de sphère haute définition dans la configuration du cortex. L'homéomorphisme entre une sphère et la surface externe du cortex sera utilisée par la suite dans la mise en correspondance des éléments de l'atlas et constitue la représentation implicite de l'atlas. Les sulci et les surfaces internes du cortex sont modélisés par des surfaces paramétriques (feuilles 3D) reliées à la surface externe selon un "patron" préalablement défini et par des courbes sur la sphère. Des points caractéristiques anatomiques présents sur ces courbes sont utilisés lors de la création du "patron", afin d'assurer la correspondance de ces surfaces internes entre les exemplaires.

Le but de cet atlas n'est pas d'aboutir à une forme moyenne et à un ensemble de variations autour de cette forme mais de quantifier la déviation anatomique d'un individu par rapport aux exemplaires de la base de données. La stratégie de construction est donc la suivante : l'ensemble des déformations volumétriques entre le nouvel individu et les exemplaires de la base de données est calculé (figure 1.6 I, II) et utilisé pour quantifier les déformations. Les différences de topographies sont alors représentées sous la forme d'un champ de vecteur de transformation dans l'espace sphérique analogue à l'espace de la surface externe (et dans d'autres espaces reliés à cette surface pour les structures internes). L'ensemble de transformations en résultant encode la distribution dans l'espace sphérique de points caractéristiques (anatomiques) (figure 1.6 III). Leur dispersion est utilisée pour déterminer la vraisemblance de régions locales de l'anatomie du nouvel individu (figure 1.6 IV). L'équivalence entre la sphère et la surface externe du cerveau permet de revenir dans l'espace de l'individu.

Si l'on se réfère au schéma de construction d'atlas statistique défini précédemment (1. Choix et extraction des caractéristiques, 2. Mise en correspondance, 3. Modélisation statistique), on observe que la fonction probabiliste de l'atlas du cerveau n'intervient que dans l'étape de modélisation statistique et dans l'usage multiple de l'étape de mise en correspondance. La notion de repère commun introduite par la mise en correspondance est toujours valide et est présente à la fois dans le choix de représentation stéréotaxique de la surface externe du cerveau et dans la re-projection dans l'espace de l'individu. Les noeuds des surfaces paramétriques sont bien sûr des semi-landmarks. Cette remarque peut par ailleurs s'appliquer à d'autres utilisations et atlas présentés par Toga dans [42] (applications à l'étude de la maladie d'Alzheimer, études sur le développement du cerveau ...). La stratégie de construction reste inchangée mais les modélisations statistiques ou

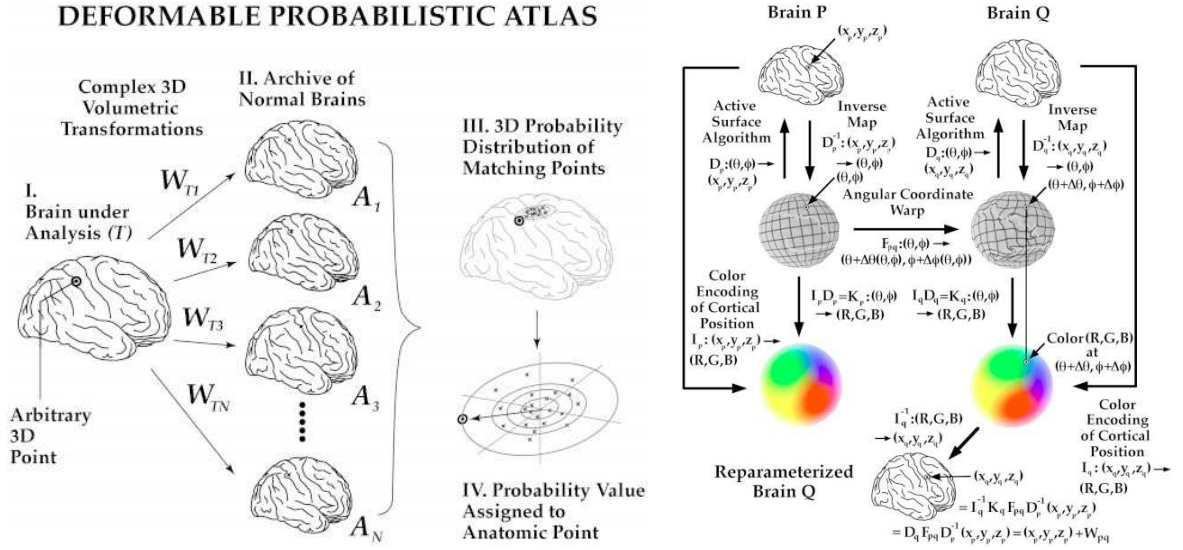


FIG. 1.6 – Stratégie de construction d'un atlas du cerveau. Extrait de Toga [3]

les mises en correspondance s'effectuent différemment.

Les différents travaux de Lamecker séparent les maillages de la structure anatomique étudiée (crâne [4], mandibule [15], foie [28], os pelvien [16] ...) en morceaux de surfaces topologiquement équivalents à des disques (figure 1.7). Ces morceaux de surface sont déterminés par quelques points caractéristiques, qui définissent des plans ou des zones d'influences. Toutes ont la même signification sémantique. Une fois une région transformée en disque, son maillage peut alors être échangé avec celui d'une référence ou d'un patron (ou servir de référence pour un autre exemplaire de la base de données).

Ces travaux ont pour spécificité le découpage en régions analogues à un plan (que l'on peut rapprocher de l'analogie entre la surface externe du cerveau et une sphère utilisée par Toga précédemment) pour la mise en correspondance et la détermination de semi-landmarks utilisés dans la modélisation statistique. De plus, le modèle statistique du crâne a fait l'objet d'une première application clinique en 2006 ([4]).

Fleute et al. [13] sont à l'origine d'un modèle statistique de forme du fémur, utilisant un patron, choisi parmi les exemplaires utilisés pour la construction du modèle. Les exemplaires sont représentés sous forme de surfaces (maillages ou ensemble de points semi-caractéristiques différents d'un exemplaire à l'autre). La mise en correspondance volumique effectuée sous critère de minimisation des distances entre le patron et l'exem-

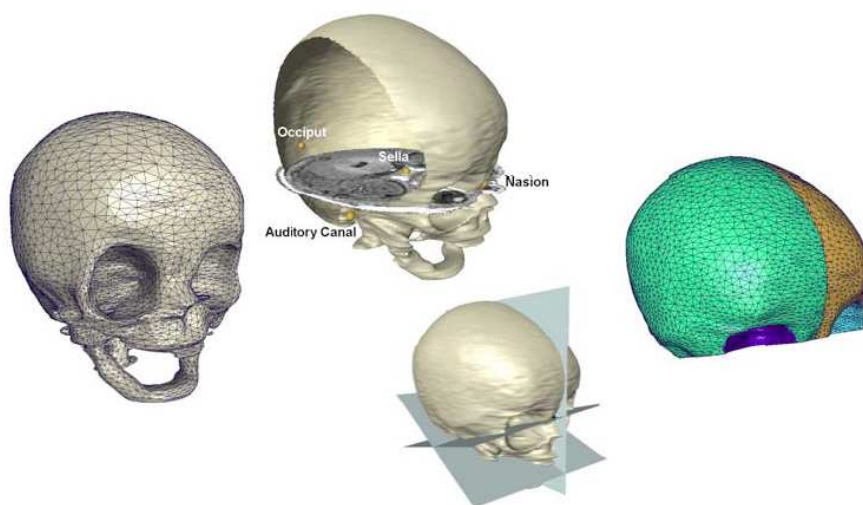


FIG. 1.7 – Reconstructions surfaciques pour la modélisation statistique du crâne d'enfant. Extrait de Lamecker [4]

Gauche : Reconstruction surfacique issue d'une segmentation interactive. Centre : Points caractéristiques déterminant les points de coupe des plans. Droite : Régions finales utilisées dans l'analyse statistique

plaire utilise l'algorithme développé par Szelinski et Lavallée [43] basé sur un *octree*. La forme moyenne est calculée itérativement en transformant successivement les formes de l'apprentissage vers la forme moyenne et en recalculant la forme moyenne à partir des formes transformées.

Ces travaux permettent une représentation des structures anatomiques par des surfaces plus générales que les surfaces utilisées précédemment, mais la densité du nombre de vertex des maillages influe grandement sur les résultats de la déformation. Les modèles statistiques construits sont alors basés sur des semi-landmarks, les sommets du maillage "patron".

Les travaux de Frangi [30, 31] utilisent la représentation en surface d'un maillage obtenu par Marching Cubes [44] puis décimé comme représentation finale de l'atlas. Auparavant, une représentation volumique par images étiquetées est utilisée. L'atlas est construit itérativement en utilisant des mesures de similarité basées sur l'étiquetage des images. La mise en correspondance des images vers l'atlas en construction s'effectue au moyen d'une transformation volumique non-rigide multirésolution basée sur des B-splines [45, 46]. L'atlas en construction est en fait à chaque itération l'image "moyenne", dans l'espace de la distance euclidienne signée de l'image étiquetée. Le processus est itéré jusqu'à stabilisa-

tion de cette image "moyenne", qui devient l'atlas. Les vertex du maillage extrait de cet atlas sont ensuite considérés comme des points semi-caractéristiques, sont remis en correspondance sur les exemplaires au moyen de la même transformation que précédemment et servent par la suite à la construction d'un modèle statistique de forme. La spécificité de ces travaux est à chercher dans l'objet étudié qui est multiple (deux ventricules du coeur), dans le passage par des images étiquetées, donc dépendant d'une étape de segmentation et dans la vérification d'une convergence de la forme de l'atlas lors de la construction de l'atlas statistique.

Les atlas statistiques basés sur une représentation par surfaces constituent une grande part des représentations utilisées, la plus fréquente pour des objets rigides. En dehors des travaux de Bookstein et dans une moindre mesure de Toga et Thompson, la représentation par surface n'inclut pas de représentations par lignes séparées ou traitées selon un schéma propre. Par contre, il est toujours fait recours à des semi-landmarks qu'ils soient point de contrôle de surfaces déformables ou vertex du maillage, lors du passage à la modélisation statistique ou anatomique.

Le volume comme représentation caractéristique

Les atlas basés sur une représentation caractéristique en volume ne permettent plus la représentation directe de la variabilité de la forme. En effet, le volume comme caractéristique revient à considérer une image comme "forme moyenne" (par exemple voir figure 1.8 pour une image moyenne). La variabilité entre les exemplaires est alors accessible à travers la variabilité des déformations d'un exemplaire (image) à un autre, ou la variabilité d'une quantité autre attachée au voxel (probabilité d'appartenance à une région, par exemple à la matière grise ou blanche).

◦ *Champs de déformations et modèles statistiques de déformation*

Ainsi, les travaux de Ruckert et al. [5] sur la construction d'un modèle statistique de la déformation du cerveau s'appuient sur une forme moyenne qui est une image 3D et des modes de variations issus de l'analyse statistique des champs de déformations. La mise en correspondance est réalisée par un recalage non-rigide à base de déformations de forme libre (*free form deformations*) [45]. Les points de contrôle de la déformation servent alors de support à l'analyse statistique du champ de déformation comme on peut

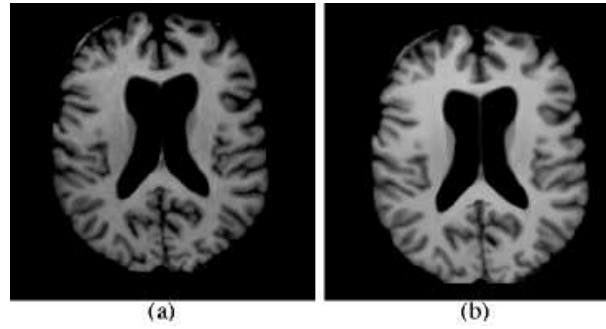


FIG. 1.8 – Image du cerveau (a) et "image moyenne" (b) de l'atlas statistique. Extrait de Rueckert [5]

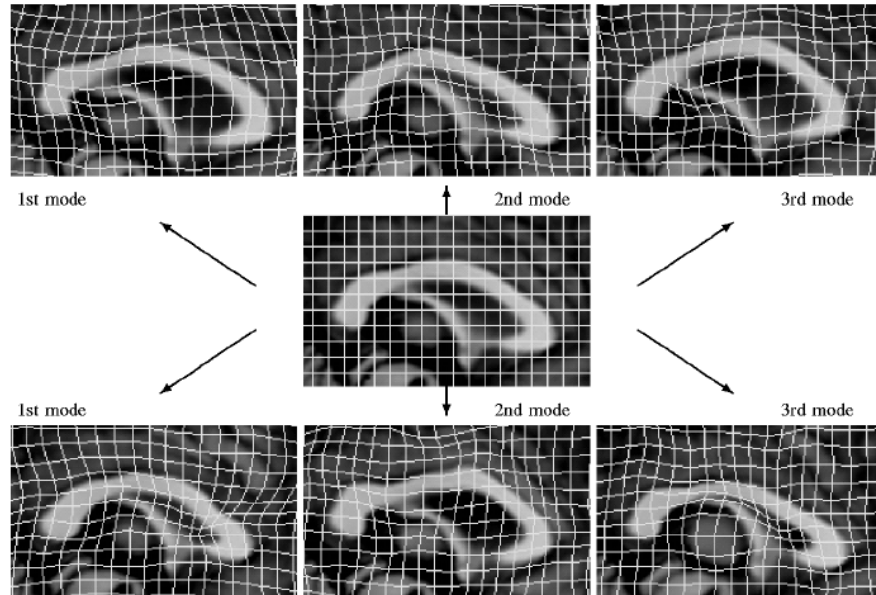


FIG. 1.9 – Instances du modèle statistique de déformation du cerveau. Vues autour du corps calleux. Extrait de Rueckert [5]

Haut et Bas : de Gauche à Droite : Effets des premiers modes de transformation sur le corps calleux.

Centre : Forme moyenne du corps calleux

le voir sur la figure 1.9.

Cette approche consistant à modéliser la variabilité de la forme à travers la variabilité du champ de déformation se retrouve dans de nombreux travaux portant sur des images de l'hippocampe (Cseransky 98 [47]), du corps calleux (en 2D, Davatzikos 96 [48]) et trouve son origine notamment dans les travaux de Grenander et Miller ([49]). De même,

on peut aussi rapprocher de cette approche les travaux de Bookstein [50, 51] utilisant des cartes de déformations pour étudier la variabilité de la forme, par exemple entre des patients atteints de schizophrénie et un groupe de contrôle. Cependant, la représentation sous-jacente à ces travaux est une représentation par points caractéristiques.

Une autre manière de modéliser la variabilité de déformations entre les exemplaires à modéliser est de considérer la forme se déformant selon des propriétés issues de la mécanique des fluides. Christensen et al. [19] déforment une image "patron" segmentée et labellisée (atlas électronique) vers d'autres images dans le but d'exporter les informations présentes sur l'atlas. La mise en correspondance des images est assurée hiérarchiquement et est fondée sur des modèles de mécanique des fluides basés sur des propriétés d'élasticité et de fluidité.

Li et al. [32] construisent un atlas du poumon, dont la "forme" moyenne est une image (3D). La mise en correspondance entre les différentes images et une image "patron" est basée sur une transformation volumique basée à la fois sur des points caractéristiques (points de séparations des branches des poumons) et sur la consistance entre les images (calcul de la similarité entre les deux images dans les deux sens, entre l'image cible et l'image déformée). La "forme" moyenne est construite en déformant l'image "patron" par la moyenne des transformations.

1.3 Une approche similaire : la construction des clones parlants

La communauté d'imagerie par ordinateur a toujours cherché à reproduire de manière réaliste les mouvements du visage associés à la parole, aux expressions faciales, ou à la mastication (Parke (1975 1982 1996), Platt (1981), Waters (1986 1992)). Une des approches utilisées est basée sur la simulation des muscles sous-jacents aux mouvements faciaux. Une autre approche anime directement la surface du visage représentée par un objet 3D, au moyen de paramètres de contrôle. Cette approche dans la construction de modèle de visage comporte de nombreuses similitudes avec la construction d'atlas statistiques.



FIG. 1.10 – Mise en correspondance pour la construction de clone parlant, extrait de Kuratate [6]

1.3.1 Clones Parlants

En effet, le développement des technologies de captures de mouvement (Qualysis, Viscon, Optotrax) a permis le recueil de données de mouvements faciaux, pouvant servir au développement de clones parlant des individus correspondant aux données. Le but est alors d'obtenir une modélisation statistique du visage (souvent représenté par un maillage), à partir des données collectées permettant la reproduction des gestes observés. Ces données peuvent prendre la forme de points de chair (pastilles de couleurs collées sur le visage) [52], d'images vidéos ou de données de scanners externes [53]. A ces données recueillies automatiquement peuvent s'ajouter les points caractéristiques faciles à positionner par un expert (nez, vermillons), mesures par ailleurs sujettes à variations [54].

La construction de ces clones parlants reprend alors les étapes définies précédemment pour la construction d'atlas statistique en changeant le champ d'étude final. Il ne s'agit pas de modéliser la variabilité anatomique inter-sujet mais intra-sujet. Les différentes images ou données correspondent aux mêmes organes, en mouvement lors de la production de la parole. Si le choix et la détection des caractéristiques communes ainsi que la mise en correspondance sont souvent réalisés par le système de mesure, certaines méthodes de construction de clones parlant ont recours à un patron, afin de compléter l'information donnée par les points de chair. Ainsi de nombreux travaux [6, 35] s'appuient sur un maillage que l'on met en correspondance entre les différentes positions faciales (figure 1.10).

Le but de la modélisation statistique est bien sûr différent, puisqu'il s'agit de relier ces mouvements du visage aux paroles prononcées ou encore de trouver le nombre de degrés

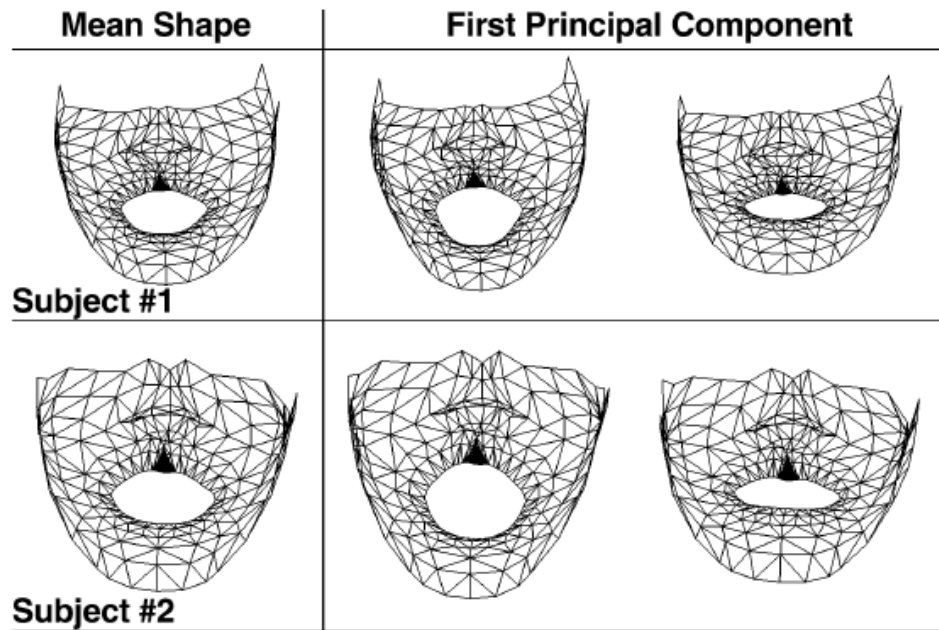


FIG. 1.11 – Mise en correspondance des sujets et modélisation anatomie/contrôle d'un clone parlant multilocuteur, extrait de Kuratate [6]

Gauche : Maillages adaptés à l'anatomie des sujets (locuteurs) dans une position neutre pour la parole.

Centre et Droite : Effets du premier mode de variations du clone parlant sur les maillages des sujets

de liberté suffisants à la production de l'ensemble des mouvements enregistrés (par contre les outils de modélisation restent en grande partie les mêmes).

On peut néanmoins remarquer que dans le cas d'images d'un même sujet dans des positions différentes, la partie de recalage dans l'espace de forme est facilement réalisée à partir des parties (quasi)-immobiles du sujet (pointe du nez, oreilles).

1.3.2 Clones parlants multi-locuteurs

Dans le cas de clones parlants réalisés à partir de plusieurs sujets [6] ou de l'adaptation d'un clone parlant à l'anatomie d'individus [33, 34], la mise en correspondance devient inter-sujet et est alors identique à celle de la construction d'atlas statistiques. Ainsi, on retrouve la notion d'atlas statistiques à travers la notion d'espace de visages introduite par Turk et Pentland [55], étendue à la 3D par Blanz et Vetter [54] et reprise depuis par Müller et al. [35] : l'espace des variabilités anatomiques des divers individus qui vont

être clonés. L'un des problèmes qui se posent alors lors de la mise en correspondance inter-sujet est la continuité de la notion de points de chair pour des clones parlants multi-locuteurs. Si certains de ces points de chair sont des amers naturels (vermillons, coins des yeux, nez) dont l'étiquetage manuel peut être réalisé par des experts, les autres points nécessaires (sur les joues notamment) ne peuvent être étiquetés. On retrouve alors souvent l'emploi d'un maillage patron adapté aux spécificités de l'application (la densité des zones est alors plus (lèvres) ou moins importante (front)). Par exemple, Kuratate [6] utilise sur tous les individus étudiés un même maillage (figure 1.11). La modélisation statistique si elle est réalisée sur l'ensemble des individus dans toutes les positions de parole doit par contre prendre en compte les deux fonctions contrôle et anatomie.

1.4 Méthode choisie

Les représentations en volume ne donnent pas directement accès à la variabilité de forme que nous cherchons à modéliser, nous avons donc choisi une représentation surfacique des formes à modéliser. De par les méthodes de modélisation statistique que nous voulions utiliser (ACP, KPCA) et leurs applications (prédiction d'une partie de l'objet modélisé), l'accès à des points semi-caractéristiques nous a fait privilégier l'emploi de maillages. Des maillages patrons ont été choisis, extérieurs aux données utilisées, afin de contrôler la densité et la répartition des sommets du maillage. Ces patrons sont issus du domaine de la parole audiovisuelle (Pighin [53]) et du projet d'atlas anatomique Visible Man [56].

De plus, nous avons à notre disposition l'algorithme développé par Lavallée [43] pour réaliser l'étape de mise en correspondance. Cet algorithme assure le recalage élastique de nuages de points entre eux, de nuages de points à des surfaces et de surfaces entre elles. La méthode de construction choisie est au final très proche de celle de Franji, à l'exception du choix de maillages "patron" extérieurs au jeu de données et bien-sûr dans une certaine continuité de ceux de Fleute et al. [13].

Chapitre 2

Méthode de Construction d'Atlas Statistiques

2.1 Introduction

La construction d'un atlas statistique revient à réaliser les trois opérations suivantes :

1. Choix et détection (extraction) des caractéristiques
2. Mise en correspondance des caractéristiques
3. Modélisation statistique

Nous avons choisi une représentation surfacique (en maillage) des formes. Il s'agit pour nous de mettre en correspondance nos objets par l'intermédiaire de maillages patron. Nous avons à notre disposition l'algorithme développé par Lavallée [43] pour réaliser cette étape. Les deux premières opérations de la construction de l'atlas (Extraction des caractéristiques, Mise en correspondance des caractéristique) vont donc être réalisées de concert lors de l'opération de **mise en correspondance**. L'hypothèse des *semi-landmarks* permettra ensuite la modélisation statistique.

Ce chapitre présentera tout d'abord l'algorithme de mise en correspondance utilisé ainsi que les modifications que nous avons apportées à celui-ci. Les résultats concernant la construction d'un atlas statistique de visages et de crânes et des expérimentations sur des visages articulés concluront ce chapitre.

La Mise en Correspondance

De manière générale, un problème de mise en correspondance (aussi appelé recalage ou *registration* ou *matching* en anglais) consiste à trouver la transformation géométrique permettant d'adapter un ensemble de données A à la forme d'un ensemble de données B . De nombreuses méthodes ont été proposées dans le domaine de la vision par ordinateur ou de l'imagerie médicale. Ainsi, de nombreux états de l'art ont été publiés en commençant par celui de Brown [57] sur le recalage d'image. Une classification complète des méthodes de recalage en imagerie médicale a été proposée par Maintz [58]. Dans son mémoire d'habilitation à diriger des recherches, Malandain [59] souligne l'importance de ce thème de recherche particulièrement en imagerie médicale. Un état de l'art récent non-exhaustif du recalage élastique est présent dans la thèse de Noblet [60](2006). Des états de l'art du recalage d'image par domaines d'application ont aussi été réalisés : par exemple en imagerie cardiaque par Mäkelä [61].

Le recalage de surfaces est un sous-problème du recalage d'image traité notamment par

Audette [62], d'un point de vue algorithmique et par Montagnat [63], d'un point de vue mathématique et computationnel.

De manière générale, il s'agit de répondre à trois questions selon Audette [62] :

1. Quelle est la nature de la relation entre les objets à recaler ?
2. Quel type d'information extraire et comment organiser cette information ?
3. Comment exploiter l'information ?

Ces trois questions peuvent être déclinées en trois étapes :

1. choix de la transformation
2. élaboration de la représentation de la surface et des critères de similarité
3. recalage et optimisation globale

Ces étapes peuvent être redéfinies de la manière suivante, en séparant la deuxième étape en deux étapes (Chabanas [64]) :

1. définition d'une relation
2. représentation des données
3. définition d'une fonction d'énergie (ou de similarité, disparité)
4. optimisation de cette fonction d'énergie

2.2 Méthode de Mise en Correspondance 3D/3D par Octree-spline

De nombreuses méthodes existent, différentes sur la représentation de la transformation, la fonction de coût et la résolution, comme nous avons pu le voir succinctement dans le chapitre précédent lors de la description des méthodes de construction d'atlas statistique. Nous présentons ici la méthode octree-spline développée par Szelinski et Lavallée [43], que nous avons utilisée et modifiée pour notre travail. Cette méthode a été utilisée dans de nombreux travaux, notamment les travaux de thèse de Fleute [65] ou de Chabanas [64]. La spécificité de cette méthode de recalage élastique 3D/3D tient à la représentation de la déformation élastique, qui est calculée à l'aide d'un *octree-spline*, une structure polynomiale par morceaux, adaptative et hiérarchique.

2.2.1 Formulation du problème

La formulation mathématique du problème se présente aisément dans le cadre recalage d'un nuage de points sur une surface. Même si la méthode peut être utilisée avec des données de natures différentes (par exemple un recalage de deux nuages de points ou de deux surfaces) la formulation reste identique, seul le calcul de la distance sera différent. Le plus souvent, les données les moins denses sont déformées vers les données les plus denses. Si c'est le modèle le plus dense qui doit être déformé (par exemple un atlas sur quelques points acquis sur la forme individuelle), la transformation T est d'abord calculée entre les données individuelles et l'atlas, mais c'est l'atlas qui est déformé par la transformation pseudo-inverse T^{-1} . Le problème de mise en correspondance 3D/3D est d'estimer le vecteur de paramètres p de la transformation T qui associe un ensemble de points de surface $q_i, i = 1..N$ dans un référentiel Ref_A à une surface S dans un référentiel Ref_B . Le but est de trouver les paramètres p tels que les points transformés $r_i = T(q_i, p)$ soient tous sur la surface S . Ce problème complexe n'admet généralement pas de solution analytique. Une formulation de type moindre-carrés est donc proposée, en définissant la fonction d'énergie E suivante :

$$E(p) = \sum_{i=1}^N \frac{1}{\sigma^2} [dist(T(q_i, p), S)]^2 + R(p) \quad (2.1)$$

où $dist(T(q_i, p), S) = dist(r_i, S)$ est la distance entre les points transformés et la surface S , σ^2 est la variance associée à la mesure i , et $R(p)$ est une fonction de régularisation de la déformation. D'autres contraintes peuvent être rajoutées à la fonction d'énergie selon les applications, par exemple pour assurer un appariement sur certains points.

Transformation T et octree-spline

La transformation T est ici une composition de deux transformations, une transformation rigide globale T_g et un ensemble de transformations élastiques locales T_l .

$$T(q_i, p) = T_g(T_l(q_i, p), p) \quad (2.2)$$

T_g est représentée classiquement par une transformation rigide à 6 degrés de liberté, trois paramètres de translation et trois angles d'Euler pour la matrice de rotation (auxquels on peut choisir d'ajouter les facteurs d'échelle). La représentation de l'ensemble des

déformations locales est assurée à l'aide d'un octree-spline.

Définition de l'octree Un octree est une décomposition de l'espace en une grille cubique adaptative. En partant de la boîte englobant la surface S , chaque volume cubique est subdivisé en huit sous-cubes (d'où le nom d'octree) de manière récursive. Cette grille n'a pas besoin d'être uniforme : une maille de l'octree n'est subdivisée que si elle contient encore des données et que la résolution maximale (ou profondeur) n'a pas été atteinte. On obtient ainsi une subdivision plus précise autour de la surface et plus grossière lorsqu'on s'éloigne de la surface. Pour des raisons de régularité, des mailles voisines ne peuvent pas avoir un niveau de subdivision trop différent. Certaines sont donc subdivisées même si elles ne contiennent plus de données, car leurs mailles voisines sont de profondeur plus importante. Cette contrainte assure un champ de déformations plus continu sur l'ensemble du volume 3D.

Représentation des transformations locales T_l L'octree ainsi construit sert à représenter les déformations locales T_l . A chaque sommet de l'octree est donc associé un vecteur déplacement $u_{j,k,l} = (u_x, u_y, u_z)_{j,k,l}^t$ (figure 2.1), qui fait partie des paramètres p de la transformation totale T à déterminer. Le déplacement local à appliquer en un point quelconque est calculé par interpolation des vecteurs déplacement situés aux sommets de la maille de l'octree qui contient ce point. L'interpolation utilisée est basée sur le produit tensoriel volumétrique de fonctions B-splines. Une transformation locale en un point $q_i = (x_i, y_i, z_i)$ s'écrit donc :

$$T_l(q_i, p) = q_i + \sum_{j,k,l} u_{j,k,l} B_j(x_i) B_k(y_i) B_l(z_i) \quad (2.3)$$

où les B_s sont les fonctions B-splines de base pour chaque direction, et les $u_{j,k,l}$ les vecteurs déplacement coefficients de l'interpolation spline (inclus dans le vecteur paramètre p recherché). Les fonctions B-spline de base ont un support réduit. Les paramètres $u_{j,k,l}$ situés aux mailles de l'octree contenant le point contribuent donc majoritairement à la déformation du point q_i .

Une représentation mathématique de ces transformations élastiques locales avec un vec-

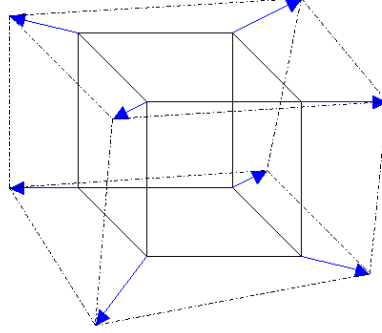


FIG. 2.1 – Exemple de déformation

teur paramètre, par ailleurs appelées transformations trilinéaires, est la suivante :

$$T_l(q_i, p) = \begin{bmatrix} p_{00} & p_{01} & \cdots & p_{07} \\ p_{10} & p_{11} & \cdots & p_{17} \\ p_{20} & p_{21} & \cdots & p_{27} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} 1 & x_i & y_i & z_i & x_i y_i & x_i z_i & y_i z_i & x_i y_i z_i \end{bmatrix}^t \quad (2.4)$$

Les 24 degrés de libertés du paramètre p correspondent bien aux 8 coins du cube pouvant se déplacer dans 3 dimensions.

Minimisation multi-niveaux La minimisation de la fonction de disparité est réalisée itérativement, en subdivisant de plus en plus l'octree à chaque étape comme présenté sur la figure 2.2. Au départ, les points à transformer sont placés dans une grille assez grossière, et l'algorithme de minimisation est appliqué avec le jeu de paramètres p correspondant à ce niveau de subdivision. A l'étape suivante, l'octree est subdivisé augmentant alors le nombre de paramètres. De nouveaux vecteurs déplacements sont interpolés aux nouveaux noeuds créés. une nouvelle minimisation est ensuite réalisée. Ceci est répété jusqu'à ce que la profondeur maximale de l'octree ait été atteinte.

Calcul de la distance

Dans le cas le plus courant, une distance euclidienne est utilisée. Si le problème consiste à mettre en correspondance deux nuages de points, la distance d'un point r_i à S est définie par la distance euclidienne minimale entre r_i et l'ensemble de points de S . Si S est une surface (par exemple triangulaire), on peut retenir la distance minimale entre r_i et son

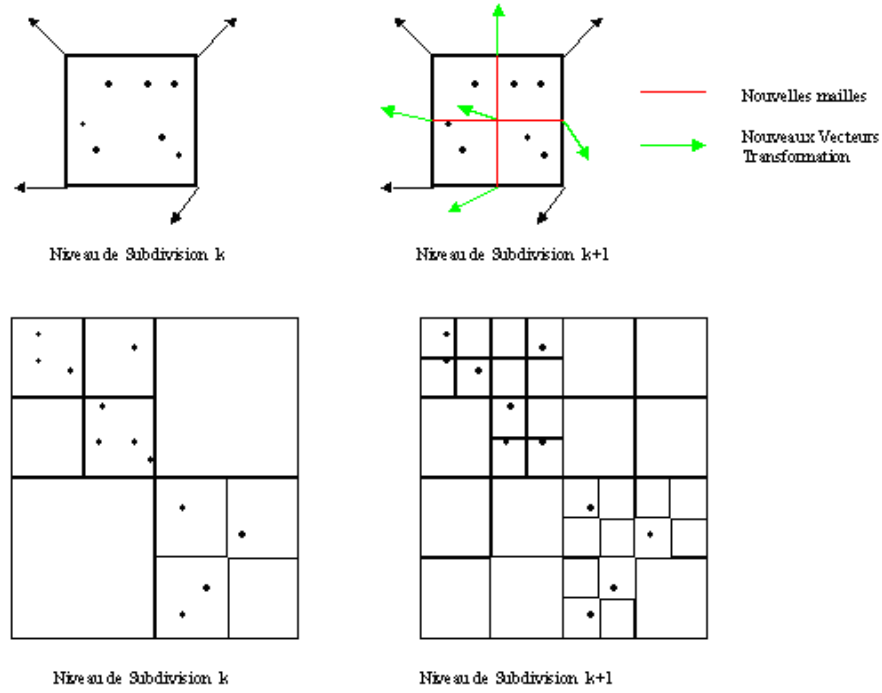


FIG. 2.2 – Subdivision de l'octree

projeté sur S . De très nombreuses expressions de distance existent, dépendant de la nature des données et du problème à traiter. Une bonne illustration des problèmes à traiter est proposée dans [65].

Pour accélérer les calculs, et quand cela est possible (c'est le cas des distances euclidiennes), une carte de distance est définie. Il s'agit en fait d'un octree comme celui utilisé pour représenter les fonctions de déformation locales T_l , mais les informations stockées aux sommets de l'octree sont cette fois les distances entre ces sommets et la surface S . Le calcul d'un point à la surface est donc obtenu par interpolation linéaire entre les distances des sommets de la maille de l'octree contenant ce point. C'est cette méthode que nous utilisons en pratique.

Gestion des outliers

Si la distance d'un point à la surface est supérieure à un seuil limite, fixé en fonction de la taille des données, on considère que ce point n'a pas de correspondant acceptable

sur la surface. Il est alors considéré comme une donnée aberrante ("outlier") et n'est pas retenu dans le calcul de la fonction d'énergie.

Paramètres de régularisation

Suivant Szelinski et Lavallée [43], deux termes de régularisation de la déformation de l'octree sont ajoutés. Le premier terme R_0 tend à minimiser la norme de chaque vecteur attaché à un sommet de la grille, en fonction du niveau de subdivision. Le but est d'éviter des déplacements trop importants pendant une étape de minimisation.

$$R_0(u_{jkl}) = H(u_{jkl}) \|u_{jkl}\|^2 \quad (2.5)$$

$H(u_{jkl}) = h_j + h_k + h_l$, où les h_s sont les longueurs des arêtes de l'octree qui partent du noeud jkl . Seuls trois voisins sont considérés pour un vecteur u_{jkl} . La relation avec les noeuds restants est en fait prise en compte dans le calcul de R_0 en ces noeuds.

Le second terme R_1 minimise la différence entre un vecteur déplacement et les vecteurs déplacements qui l'entourent dans l'octree, pondérés par la distance entre les sommets voisins. Ce critère évite que des points voisins soient déplacés dans des directions trop différentes, ce qui aurait pour effet de ne pas conserver la forme initiale des données. Pour chaque vecteur, le terme de régularisation avec ses trois voisins dans les directions X,Y,Z est défini comme suit :

$$R_1(u_{jkl}) = (h_j \|u_{j+1,k,l} - u_{jkl}\|^2 + h_k \|u_{j,k+1,l} - u_{jkl}\|^2 + h_l \|u_{j,k,l+1} - u_{jkl}\|^2) \quad (2.6)$$

Ces critères de régularisation sont pondérés dans la fonction de disparité globale. En leur donnant plus d'importance, la conservation de la forme initiale des données à transformer est favorisée, au détriment de leur adéquation avec S . Si au contraire, on donne peu d'importance à ces paramètres, les données vont se recalculer au mieux sur la surface, mais des déformations importantes par rapport à la forme initiale sont acceptées.

Résolution du problème de minimisation

L'expression complète de la fonction d'énergie s'écrit :

$$E(p) = \sum_{i=1}^n \frac{1}{\sigma^2} [\text{dist}(T(q_i, p), S)]^2 + \rho_0 \sum_{jkl} R_0(u_{jkl}) + \rho_1 \sum_{jkl} R_1(u_{jkl}) \quad (2.7)$$

où les vecteurs u_{jkl} sont inclus dans le vecteur de paramètre p . Les coefficients ρ_0 et ρ_1 permettent de pondérer les critères de régularisation. Le problème est de trouver les paramètres p^* minimisant $E(p)$:

$$E(p^*) = \min_p E(p) \quad (2.8)$$

Ce problème de minimisation aux moindres carrés non-linéaire est résolu à l'aide de l'algorithme Levenberg-Marquardt [66], choisi pour ses bonnes propriétés de convergence. La première étape consiste à déterminer les paramètres de la transformation rigide globale T_g . Puis les paramètres élastiques sont estimés. Le problème de minimisation est résolu pour chaque niveau de subdivision de l'octree. Une fois la solution trouvée, l'octree est subdivisée et l'opération réitérée, la solution de l'itération précédente étant prise comme position initiale, et ce jusqu'à ce que la profondeur maximale de l'octree ait été atteinte.

2.2.2 Modifications de la fonction d'énergie

Sans modifier le principe de la méthode, il est possible de mieux recaler les formes A et B , soit en utilisant des informations supplémentaires (appariement de points), soit en prenant en compte certains effets dus à la dissimilarité des densités des objets. En effet, on peut vouloir une équivalence exacte entre certains vertex du maillage (notamment pour des points caractéristiques comme les points marqués sur la figure 2.3) ou se retrouver avec des régions mal recalées du fait de la dissimilarité des densités des maillages. Si ces régions sont composées de nombreux points, le fait d'en apparier certains n'est alors pas suffisant pour obtenir une bonne mise en correspondance, comme c'est le cas de la région des condyles sur la figure 2.4.

Appariement de points

On peut choisir d'apparier des points deux à deux entre les deux formes en les considérant comme des amers ou comme des points semi-caractéristique. A m points q_i de la surface S_q correspondent m points r_i de la surface S_r (comme illustré figure 2.3). Leur appariement ajoute un nouveau terme à la fonction d'énergie :

$$E(p) = \sum_{i=1}^n \frac{1}{\sigma^2} [\text{dist}(T(q_i, p), S_r)]^2 + \sum_{i_m=1, i_m \neq i}^m \frac{\alpha}{\sigma_m^2} [\text{dist}(T(q_{i_m}, p), r_{i_m})]^2 + \rho_0 \sum_{jkl} R_0(u_{jkl}) + \rho_1 \sum_{jkl} R_1(u_{jkl}) \quad (2.9)$$

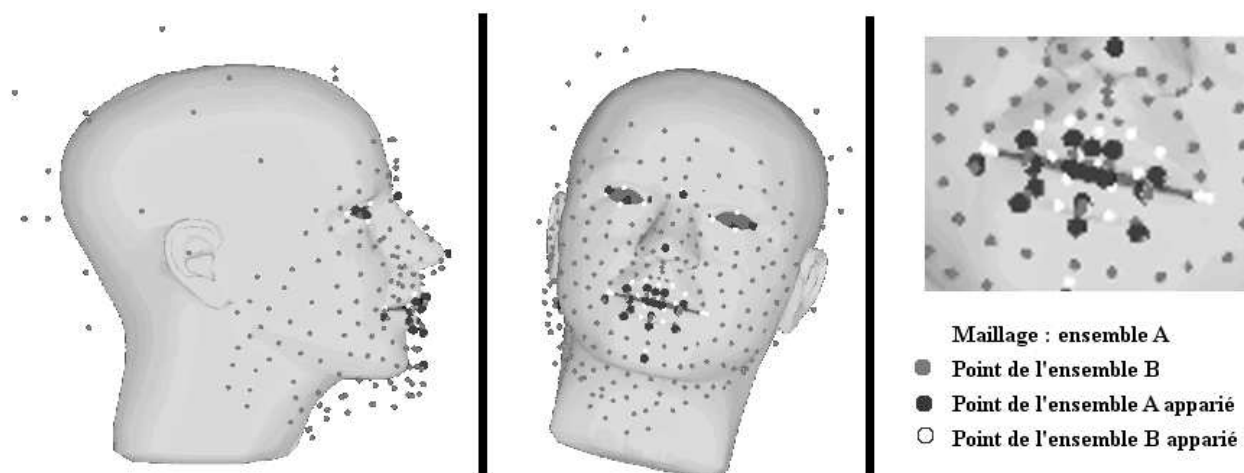


FIG. 2.3 – Exemple d'appariement de points entre deux visages

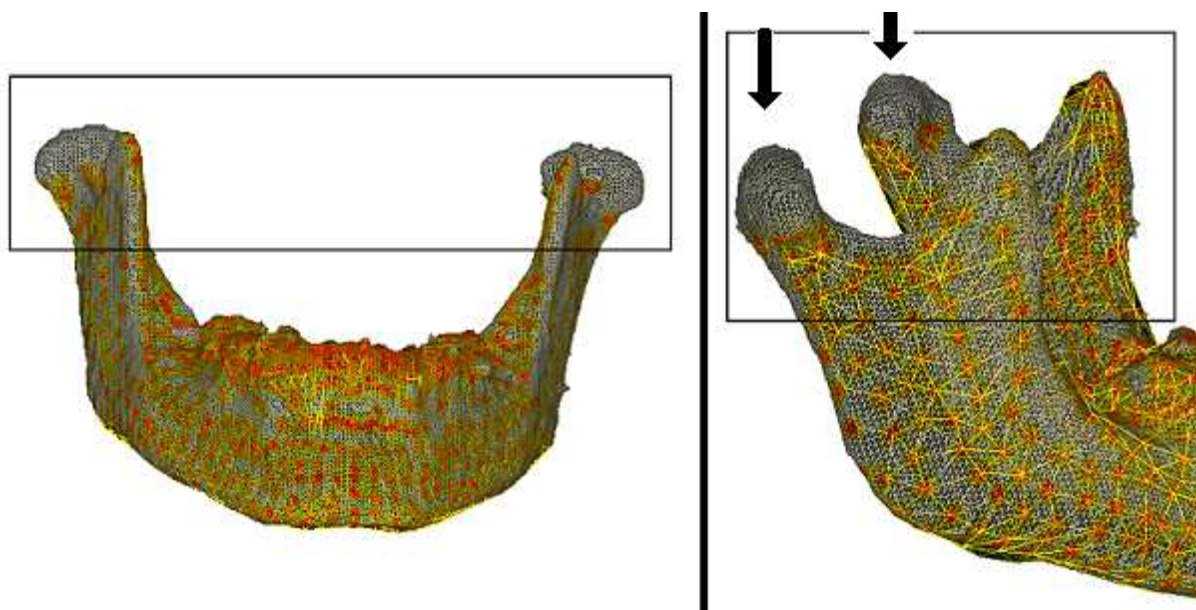


FIG. 2.4 – Exemple de mauvais recalage : la région des condyles (encadré)

Le maillage présenté en couleur est recalé sur le maillage en gris. Si la plupart des régions sont bien recalées, la mise en correspondance des régions des condyles (flèches) n'a pas du tout été effectuée à cause de la dissimilarité des densités des maillages.

avec α , paramètre réglant le poids relatif des points appariés face aux autres points. Selon la valeur de α et le rapport entre le nombre de points appariés et le nombre total de points, on peut guider le recalage et contrôler ainsi certaines des mises en correspondance sur les voisinages des points appariés. Si tous les points sont appariés (pour les deux maillages), la mise en correspondance est alors déjà résolue. Si un maillage est entièrement apparié à un autre (auquel il reste des points libres) plus dense, le résultat souhaité est alors de l'ordre du changement d'échelle du maillage vers une densité plus importante.

Symétrisation des distances points-surface

Les descriptions des objets sous forme de maillage ou de nuages de points peuvent posséder des densités très différentes. Cette dissimilarité ainsi que l'usage de distances point-surface a pour conséquence des erreurs dans la mise en correspondance des deux surfaces. En effet, lors du calcul de la transformation, ce sont les points des surfaces qui sont transformés.

Prenons l'exemple schématique présenté figure 2.5 et suivantes : soient deux courbes définies par des noeuds et des segments. La courbe à transformer (ou courbe source) est moins dense que la courbe cible. Pour chaque noeud servant d'élément de base au calcul de la transformation, on détermine le point de la courbe cible le plus proche. Suivant ces indications, on arrive au résultat donné figure 2.5 : la courbe transformée ne retranscrit pas la région de haute courbure de la courbe cible de manière satisfaisante. On souhaite une courbe transformée plus semblable à celle présentée figure 2.6. Comment l'obtenir ? Les informations nécessaires sont données par les distances entre les noeuds de la courbe cible et la courbe source (figure 2.6).

On voit donc qu'une bonne mise en correspondance peut être faite en utilisant la transformation inverse de la transformation calculée pour déformer la courbe la plus dense (cible) vers la courbe la moins dense (source). Mais on utilise alors beaucoup plus de points lors du calcul de la transformation et on ne prend en compte qu'un seul des deux ensembles de points. La solution à ce problème est d'utiliser une dissimilarité symétrique comme par exemple [67] utilisant à la fois la distance des noeuds de la surface la plus dense vers la surface la moins dense et la distance des noeuds de la surface la moins dense vers la surface la plus dense.

Pour une surface S_r (qui ne sera pas transformée) plus dense que l'ensemble des points q_i de la surface S_q , il existe plusieurs points r_i qui ont un même point q_i comme point

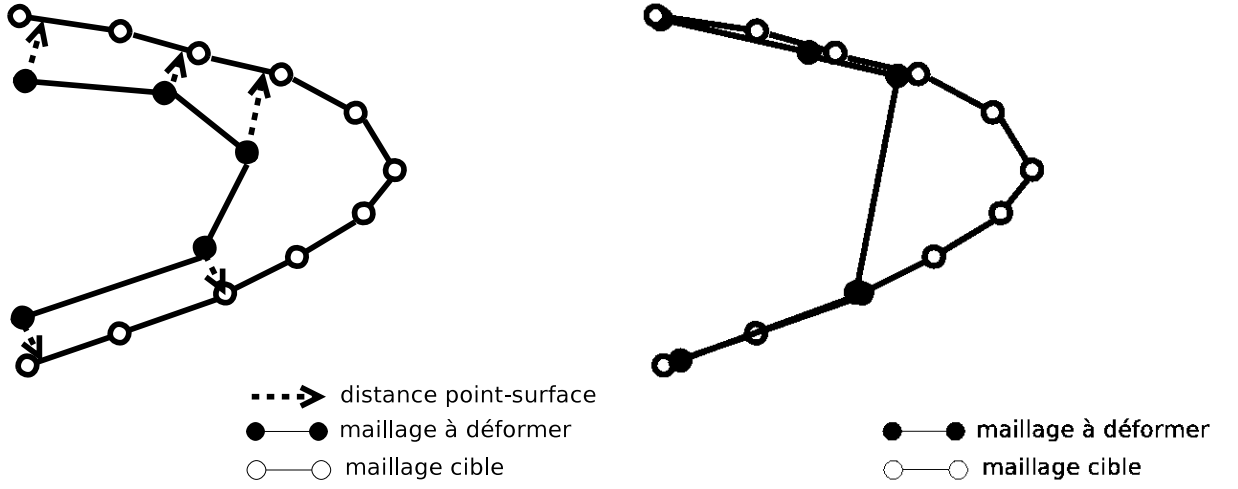


FIG. 2.5 – Exemple schématique : distance des noeuds de la source vers la cible (gauche) et résultat de la transformation (droite)

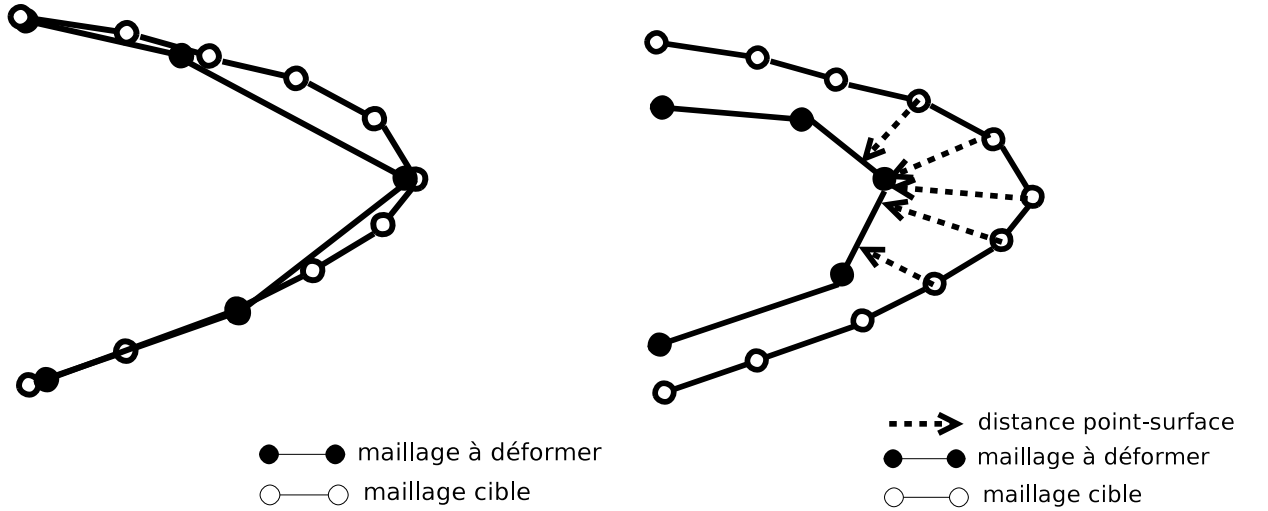


FIG. 2.6 – Exemple schématique : Résultat souhaité (gauche) et distances des noeuds de la cible vers la source (droite)

le plus proche. On peut appeler ces points les antécédents de q_i . Il nous faut faire intervenir l'ensemble des distances des antécédents r_i de q_i au point q_i dans la fonction de minimisation. Dans notre cas, cela revient à apparier au point q_i le barycentre des points r_i , respectant ainsi les densités relatives de chaque ensemble de points. Ce n'est pas une solution optimale, le barycentre des antécédents d'un point pouvant ne pas se trouver sur

la surface S_r . On choisit néanmoins de faire intervenir un nouveau terme de distance basé sur la pseudo-inverse, qui réalise cette solution :

$$\sum_{i=1}^{card(S_r)} [dist(T^{-1}(r_i, p), S_q)]^2 \quad (2.10)$$

Afin de contraindre le transformé du point à se situer sur la surface, on pourrait faire intervenir un paramètre de poids sur ce terme de distance qui diminuera au fur et à mesure des subdivisions, rendant le terme de symétrisation nul dans les dernières itérations du calcul de la transformation. La solution proche que nous avons adoptée consiste à appliquer aux résultats de la mise en correspondance "symétrique" une mise en correspondance "disymétrique", ce qui revient à avoir le terme de symétrisation nul dans les dernières itérations du calcul de la transformation. La fonction d'énergie prend donc la forme suivante (prenant en compte la contrainte d'appariement définie au paragraphe précédent) :

$$\begin{aligned} E(p) = & \sum_{i=1, i \notin S_A}^{card(S_q)} \frac{1}{\sigma_q^2} [dist(T(q_i, p), S_r)]^2 + \sum_{i=1, i \notin S_A}^{card(S_r)} \frac{1}{\sigma_r^2} [dist(T^{-1}(r_i, p), S_q)]^2 \\ & + \sum_{i=1, i \in S_A}^{card(S_A)} \frac{\alpha}{\sigma_m^2} [dist(T(q_i, p), r_i)]^2 \\ & + \rho_0 \sum_{jkl} R_0(u_{jkl}) + \rho_1 \sum_{jkl} R_1(u_{jkl}) \end{aligned} \quad (2.11)$$

2.3 Résultats

2.3.1 Recalage élastique de forme de synthèse

Cette partie a pour but de montrer l'influence du terme de symétrisation des distances point-surface. Il compare sur des formes de synthèses le résultat des deux fonctions de minimisation (avec ou sans symétrisation des distances points-surfaces). Quatre formes de synthèse sont utilisées à des densités de maillages différentes : une sphère, un cône, un anneau coupé sur un tronçon et un cube (figure 2.7). Les maillages ont été générés par pile d'images noires et blanches reconstruites par l'algorithme du Marching Cube. Les propriétés des objets ne sont donc pas conservées : le maillage de la sphère est moins dense sur ces deux calottes, et les invariances aux rotations ont disparu. Pour chaque forme, il existe une version décimée pour prendre en compte les différences de densités. Toutes

Forme	Nombre de vert.	Décimation	Taille (mm)
Sphère	28209	4778	rayon : 20
Cube	1114	202	arrête : 23
Anneau	7993	1182	rayons 13 et 16
Cône	5839	1098	hauteur 40 / base 8

TAB. 2.1 – Caractéristiques des 4 formes

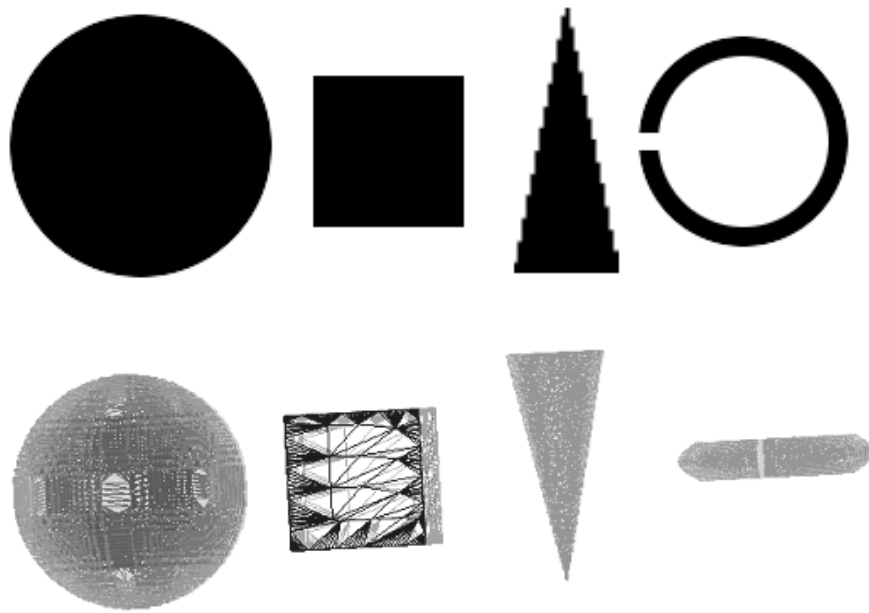


FIG. 2.7 – Les 4 formes de synthèse générées - non décimées

les formes ont la même topologie (l'anneau a été coupé pour respecter cette contrainte) mais les transformations pour passer de l'un à l'autre sont plus ou moins complexes. Pour chaque forme, le tableau 2.1 présente les informations suivantes : le nombre de sommets, la taille de l'objet (arête du cube, rayon de la sphère, du tore, hauteur et largeur de la base du cône).

Les résultats des différentes distances suite aux transformations des objets les uns en les autres à l'aide de l'algorithme initial (sans symétrisation des distances points-surfaces) sont présentés dans le tableau 2.2 selon les 4 cas rencontrés par différence de densité. On peut donc observer deux expériences à densités égales (les deux premières parties du tableau 2.2 et deux expériences à densités inégales (les deux dernières parties du tableau

Haute densité vs haute densité					
Forme	Sens	Sphère	Cube	Anneau	Cône
Sphère	T		4.15	5.11	4.38
	T^{-1}		2.59	3.38	11.43
Cube	T	4.06		4.61	2.59
	T^{-1}	5.77		10.26	18.72
Anneau	T	1.98	3.77		2.93
	T^{-1}	35.82	9.36		32.44
Cône	T	1.55	2.70	5.90	
	T^{-1}	35.86	28.90	8.84	

Basse densité vs basse densité					
Forme	Sens	Sphère	Cube	Anneau	Cône
Sphère	T		8.77	4.90	4.27
	T^{-1}		6.32	3.61	13.49
Cube	T	2.65		1.96	2.58
	T^{-1}	11.13		7.90	24.56
Anneau	T	1.03	9.41		2.24
	T^{-1}	34.8	11.54		30.29
Cône	T	1.57	2.26	3.52	
	T^{-1}	36.69	31.33	9.98	

Basse densité vs haute densité					
Forme	Sens	Sphère	Cube	Anneau	Cône
Sphère	T	0.00	3.32	5.26	3.61
	T^{-1}	1.83	21.74	10.04	14.41
Cube	T	3.19	0.00	1.50	2.11
	T^{-1}	11.94	6.47	10.44	25.00
Anneau	T	1.96	5.42	0.00	3.36
	T^{-1}	34.59	14.51	2.84	31.45
Cône	T	1.00	1.45	3.92	0.00
	T^{-1}	36.42	28.73	10.05	3.70

Haute densité vs basse densité					
Forme	Sens	Sphère	Cube	Anneau	Cône
Sphère	T	1.83	10.09	5.10	5.13
	T^{-1}	0.00	5.67	3.28	12.16
Cube	T	4.28	6.47	4.43	3.80
	T^{-1}	5.41	0.00	10.17	20.99
Anneau	T	1.93	9.44	2.84	2.31
	T^{-1}	35.32	10.71	0.00	29.37
Cône	T	1.51	1.86	5.86	3.70
	T^{-1}	35.75	31.40	9.91	0.00

TAB. 2.2 – Distances maximales entre objets : méthode d'origine
 T : Distance Source-Cible T^{-1} : Distance Cible-Source

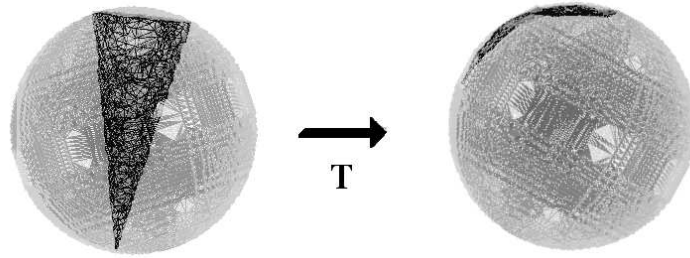


FIG. 2.8 – Tentative de transformation d'un cône en sphère en utilisant l'algorithme "non symétrique"

2.2). Les distances calculées sont entre l'objet transformé "source" (colonne) et l'objet "cible" (ligne).

1. Quelles que soient les densités, plus l'écart entre les deux distances (Source-Cible et Cible-Source) est grand, moins la forme de l'objet transformé est proche de celle de l'objet source. On observe tout d'abord les résultats à densités équivalentes.

2. A densités équivalentes

Les seules transformations réalisées de manière satisfaisante sont la transformation de la sphère en cube et inversement. Ce sont deux formes proches l'une de l'autre et les deux distances calculées sont aussi du même ordre de grandeur.

Par ailleurs, on observe un comportement où la distance Source-Cible est très faible et la distance Cible-Source est élevée (par exemple la transformation du cône vers la sphère : Source-Cible : 1,55 mm Cible-Source : 35,86 mm). La distance Cible-Source (35,86 mm) est supérieure à la moitié de la taille de la cible (20 mm). Le résultat de la transformation est alors aplati sur une partie de la forme Cible (figure 2.8) : la distance Source-Cible est calculée de la forme aplatie vers la surface Cible, elle est donc numériquement très faible, alors que la distance Cible-Source prend en compte tous les points de la Source, certains très éloignés de la forme Cible. Ce résultat se retrouve pour les transformations suivantes : transformations du cône vers la sphère, vers le cube, transformations de l'anneau coupé vers la sphère, vers le cône, transformations de la sphère, du cube vers le cône, quelles que soient les densités des objets.

3. A densités différentes

On retrouve le même type de résultat que précédemment, mais on peut en plus

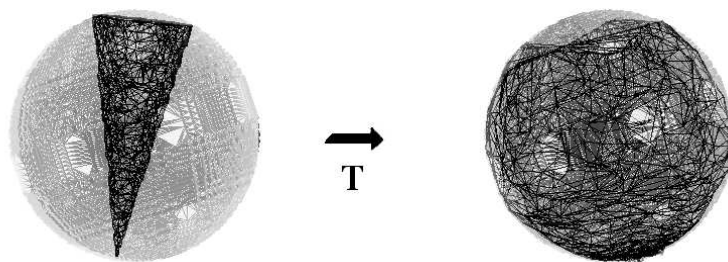


FIG. 2.9 – Transformation d'un cône en sphère, en utilisant les deux distances locales entre maillages.

vérifier le bon fonctionnement de l'algorithme en transformant un maillage décimé vers son maillage d'origine et réciproquement. Les résultats obtenus en transformant un maillage et un maillage décimé sont identiques. On retrouve bien une distance nulle entre le maillage décimé et le maillage original (le maillage décimé est un sous ensemble du maillage d'origine).

4. Cas de la sphère haute densité comme source

Toutes les formes sont incluses dans la sphère et le nombre de points très supérieur permet d'englober l'objet. Les résultats obtenus se rapprochent fortement de la cible, ce qui se traduit par des distances maximales proches (Source Cible : 5,11, Cible Source : 5,50).

L'ajout du terme de "symétrisation" des distances point-surface donne les résultats présentés au tableau 2.3. Les deux distances tendent à s'homogénéiser, comme on peut le remarquer avec leurs moyennes, ce qui confirme l'efficacité de cette méthode de recalage (que l'on peut aussi constater sur la figure 2.9). Cependant dans le cas de formes de topologies trop différentes, on observe toujours des différences importantes entre les deux sens (Anneau, Cône).

Haute densité vs haute densité					
Forme	Sens	Sphère	Cube	Anneau	Cône
Sphère	T		4.34	5.02	4.39
	T^{-1}		2.35	3.31	8.49
Cube	T	4.15		3.22	3.76
	T^{-1}	6.27		4.52	10.24
Anneau	T	3.66	6.77		2.34
	T^{-1}	19.56	9.36		20.03
Cône	T	9.10	2.06	6.14	
	T^{-1}	14.17	19.36	8.73	

Basse densité vs basse densité					
Forme	Sens	Sphère	Cube	Anneau	Cône
Sphère	T		8.94	5.00	3.74
	T^{-1}		5.26	3.28	8.59
Cube	T	2.79		1.59	2.98
	T^{-1}	9.03		4.70	4.50
Anneau	T	3.67	9.41		2.47
	T^{-1}	10.22	11.59		16.35
Cône	T	5.11	4.06	4.59	
	T^{-1}	10.28	16.79	5.58	

Haute densité vs basse densité					
Forme	Sens	Sphère	Cube	Anneau	Cône
Sphère	T	1.83	9.54	5.39	5.02
	T^{-1}	0.00	5.06	3.31	9.58
Cube	T	5.09	6.47	3.54	4.12
	T^{-1}	6.71	0.00	3.07	11.45
Anneau	T	2.27	9.44	2.84	2.53
	T^{-1}	22.30	10.72	0.00	24.87
Cône	T	5.70	2.76	5.12	3.71
	T^{-1}	23.76	25.36	8.24	0.05

Basse densité vs haute densité					
Forme	Sens	Sphère	Cube	Anneau	Cône
Sphère	T	0.00	5.44	5.63	3.15
	T^{-1}	1.83	11.97	3.04	9.42
Cube	T	4.11	0.54	1.84	7.17
	T^{-1}	8.36	6.03	4.52	5.24
Anneau	T	3.94	5.68	0.00	1.95
	T^{-1}	12.84	10.79	2.84	16.43
Cône	T	3.79	2.57	4.39	0.00
	T^{-1}	7.81	3.32	4.42	3.69

TAB. 2.3 – Distances maximales entre objets : méthode symétrisée
 T : Distance Source-Cible T^{-1} : Distance Cible-Source

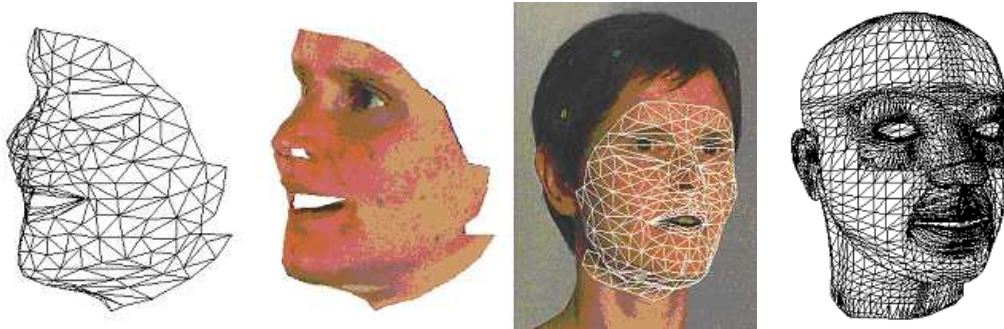


FIG. 2.10 – D'un maillage (clone parlant) à un autre

2.3.2 Recalage élastique d'un maillage de visage vers un autre

Le but de ces travaux est de passer de plusieurs configurations de maillages de visages d'un même sujet correspondant à différentes formes articulatoires sur un même maillage de plus haute densité (figure 2.10). Pour cela, on utilise l'algorithme du *Mesh-Matching* défini précédemment, avec la fonction de disparité prenant en compte une liste de points appariés.

On dispose d'un corpus du sujet : des ensembles de maillages déformés selon des positions de la parole (visèmes), où chaque vertex correspond à des billes collées sur le visage (voir figure 2.10), issu de travaux antérieurs (décrits notamment dans Bailly 2003 [68]). La variation de la position de la bille entre deux positions reflète les déplacements des tissus mous du visage. Les vertex de ces maillages constituent donc des points caractéristiques du visage, appelés points de chair. La mise en correspondance intra-sujet entre deux positions est donc assurée par le protocole expérimental. Cependant, lors de la capture des données, le positionnement relatif des billes entre deux locuteurs peut varier. On ne peut donc pas établir de mise en correspondance inter-sujets en se basant sur ces maillages. Le but est donc de pouvoir établir une future mise en correspondance inter-locuteur au moyen d'un maillage commun de plus haute densité tout en gardant la mise en correspondance intra-locuteur.

La mise en correspondance du maillage commun haute densité vers le corpus des maillages du sujet dans différentes positions se fait au moyen des étapes suivantes :

1. mise en correspondance du maillage commun haute densité vers le maillage sujet en position neutre.

2. incrustation (i.e. ajout) des vertex du maillage sujet en position neutre au maillage commun déformé (en position neutre) obtenu.
3. création d'une liste d'appariement entre les vertex incrustés du maillage commun et les vertex du maillage sujet.
4. Mise en correspondance des différentes positions : recalage du maillage commun doté des points incrustés vers les maillages sujets dans une position en utilisant la liste d'appariement.
5. Réutilisation de la transformation calculée sur le maillage commun (sans les points incrustés).

On dispose d'un corpus sujet de 116 positions. Le maillage commun utilisé est issu des travaux de F. Pighin [53] (figure 2.10) créé pour la parole audiovisuelle. Les maillages haute densité correspondant aux différentes formes articulatoires seront dénommés maillages **SSG** (maillages **S**pécifiques au **S**ujet et **G**énériques).

Recalage élastique en position neutre

Si cette étape a pour but d'assurer la mise en correspondance de deux maillages de densités différentes et de forme différentes, il s'agit néanmoins de les choisir dans une même position, afin de séparer l'anatomie de la position (ou du contrôle). Les deux maillages correspondent donc à deux anatomies différentes mais dans une même position (dite neutre). A ce stade, le calcul de la transformation est contraint par un ensemble de points appariés tels que les coins des yeux, le bout du nez, la pointe du menton, les lèvres qui sont identifiables sur les deux maillages (figure 2.11). On trouve une distance entre les deux maillages inférieure en moyenne au millimètre. L'appariement améliore considérablement les résultats du recalage des surfaces comme on peut le constater dans le tableau 2.4. Les distances les plus importantes se situent au niveau des lèvres. Comme d'autres systèmes de mise en correspondance ont déjà été développés pour cette partie du visage, les vertex des lèvres ne seront pas pris en compte dans les futures

	Itération 1		Itération 2	
Contrainte	Tous les points	Points appariés	Tous les points	Points appariés
Pas d'appar.	0.86(4.54)	5.49(14.51)	0.62(3.74)	5.25(13.24)
Appar. - poid=1	0.74(5.85)	1.97(5.22)	0.56(3.47)	1.35(3.78)
Appar. - poid=10	0.79(3.94)	2.05(5.05)	0.56(3.50)	1.35(3.78)

TAB. 2.4 – Distances moyennes (maximales) entre vertices des maillages SSG et sujet dans la position neutre

applications utilisant les maillages communs. Deux itérations de l'algorithme de recalage sont suffisantes pour obtenir la convergence du recalage.

A la fin de cette étape, on incruste les vertex du maillage sujet dans le maillage haute densité commun (sauf s'il existe un vertex du maillage SSG suffisamment proche ($<1\text{mm}$), on prend alors le vertex déjà présent comme équivalent) créant un maillage haute densité incrusté. On crée aussi une liste d'appariement entre ces vertex incrustés et ceux du maillage sujet.

Mise en correspondance intra-sujet

Il s'agit maintenant de maintenir la mise en correspondance intra-locuteur tout en exportant la connectivité du maillage haute densité. Pour cela on dispose des maillages sujets dans toutes les positions, du maillage haute densité, de sa version incrustée, tous deux en position neutre et d'une liste d'appariement entre les vertex incrustés et les vertex des maillages sujets.

Pour chaque position, on veut recaler le maillage haute densité incrusté en position neutre vers le maillage sujet sous la contrainte que la distance entre les vertex appariés soit minimale. On recalc donc les deux maillages en utilisant la fonction de disparité avec liste d'appariement, avec un poids de la distance liée à la liste très supérieur à la distance point-surface des vertex non-appariés. Ensuite, on réutilise la transformation calculée sur le maillage haute densité en position neutre. Le résultat est présenté dans le tableau 2.5. Les distances maximales sont présentes en haut du crâne pour les points non-appariés et au niveau du coin des lèvres pour les points appariés. La projection d'un maillage haute densité obtenu sur les images d'origines est présentée figure 2.12.

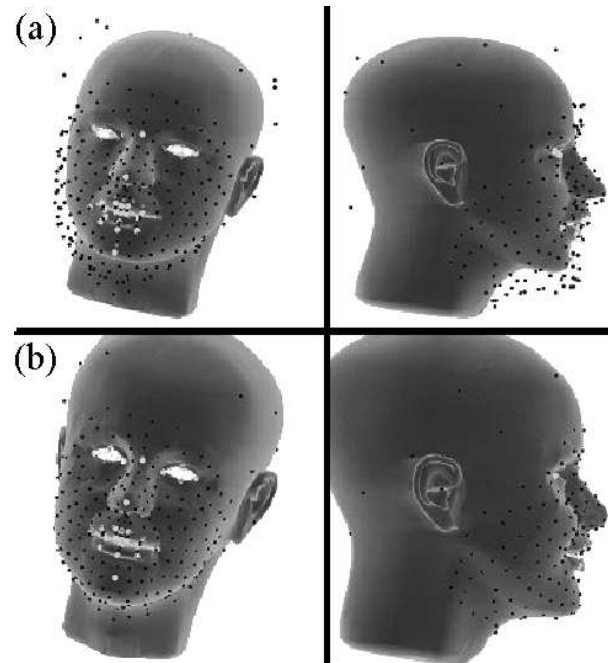


FIG. 2.11 – Passage du maillage générique (a) au maillage SSG (b)

Points	non-appariés	appariés
Distance moyenne (mm)	0.42	1.05
Distance max. (mm)	2.30	2.34

TAB. 2.5 – Résultat du recalage intra-sujet

Conclusion

La mise en correspondance intra-sujet permet d'utiliser le recalage élastique pour le suivi de petites déformations locales. L'appariement assure une mise en correspondance de meilleure qualité et prend en compte la réalité physique des points de chair. Cette méthode a été par la suite utilisée pour recaler le même maillage haute densité sur les maillages de deux autres sujets disponibles dans 96 positions. Cette mise en correspondance inter-sujet avec le même maillage haute densité est nécessaire si l'on veut concevoir une modélisation conjointe de l'anatomie et du contrôle (positions) des deux sujets. Dans ce même but, nous avons réalisé l'adaptation de la mandibule d'un des sujets vers l'anatomie d'un autre sujet, par l'intermédiaire des transformations calculées lors des



FIG. 2.12 – Projection des maillages SSG recalés sur les images d'origine

mises en correspondance entre les visages. La mandibule est en effet un os important pour le geste articulaire. Comme montré figure 2.13, il s'agit simplement d'appliquer des suites de transformations et de transformations inverses aux maillages pour passer d'une anatomie à une autre. Cette application de l'algorithme de mise en correspondance surestime bien sûr les propriétés des transformations élastiques générées. Les hypothèses liées à l'utilisation des déformations globales sont en effet très différentes de celles nécessaires au suivi de petites déformations locales.

L'insertion pour chaque sujet de structures anatomiques telles que la mandibule ou le crâne nécessite de concevoir au préalable un modèle statistique statique de ces structures et du visage à partir de très nombreux individus. La construction d'une base de données "recalée et alignée" de maillages du crâne et du visage abordée au paragraphe suivant en est la première étape.

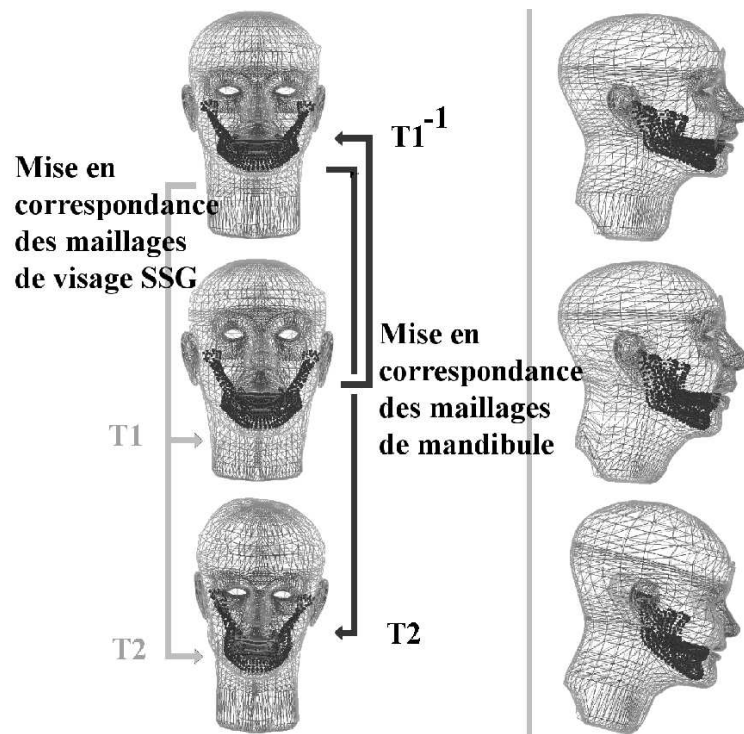


FIG. 2.13 – Vers une base de données conjointes de maillages du crâne et du visage ?

2.3.3 Base de données "recalée et alignée" de maillages du crâne et du visage

La création d'une base de données conjointe du crâne et du visage est la première étape de notre méthode de reconstruction cranio-faciale (présentée au chapitre 5). Cette base pourra par ailleurs servir pour d'autres applications, par exemple dans le domaine de la parole audiovisuelle. Pour la créer, il a fallu partir d'images 3D issues de scanners (coupes coronales pour des têtes partielles) et arriver à des maillages de même connectivité afin que tous les points puissent être considérés comme des amers lors de la modélisation ultérieure (voir figure 2.14).

L'identification des différents types de maillages dans les parties suivantes reprend certains des termes utilisés précédemment :



FIG. 2.14 – De l’objet binaire aux maillages génériques et sujet

Gauche : données scanners brutes
 (les coupes mi-sagittales et axiales ont été reconstruites)
 Centre : Exemple de maillage sujet du crâne et de la mandibule
 Droite : Maillages génériques du crâne et de la mandibule

- les maillages obtenus après l’étape de segmentation seront désignés par le terme de **maillage sujet**.
- les maillages de référence seront désignés par le terme **maillage générique**.
- les maillages combinant après l’étape de mise en correspondance la forme des maillages sujets et la connectivité des maillages génériques seront désignés par le terme maillage générique spécifique aux sujets soit **maillage SSG**.

Obtention des maillages sujets

Nous disposons de 16 ensembles de coupes coronales de scanners des têtes partielles. Le minimum commun à ces 16 individus constituera notre base de données du crâne, de la mandibule et du visage. Dans un premier temps, il faut séparer pour chaque sujet, les trois objets (crâne, mandibule, visage) dans chaque image 3D. Comme chaque sujet ouvre différemment la bouche sur chaque scanner, il est plus judicieux de séparer la mâchoire du crâne, afin d’assurer une meilleure mise en correspondance de la mâchoire ou pour créer une base de données de mâchoire seule. Trois volumes binaires correspondant à chaque objet sont donc créés et reconstruits séparément (voir figure 2.15).

L’utilisation d’un seuillage en intensité suffit à séparer les volumes correspondant aux tissus mous du visage de ceux correspondant aux structures osseuses. En effet, le niveau de gris des pixels des tissus mous est très différent de celui des structures osseuses et de celui de l’air. Il y a toutefois le problème des artefacts dus aux propriétés métalliques des

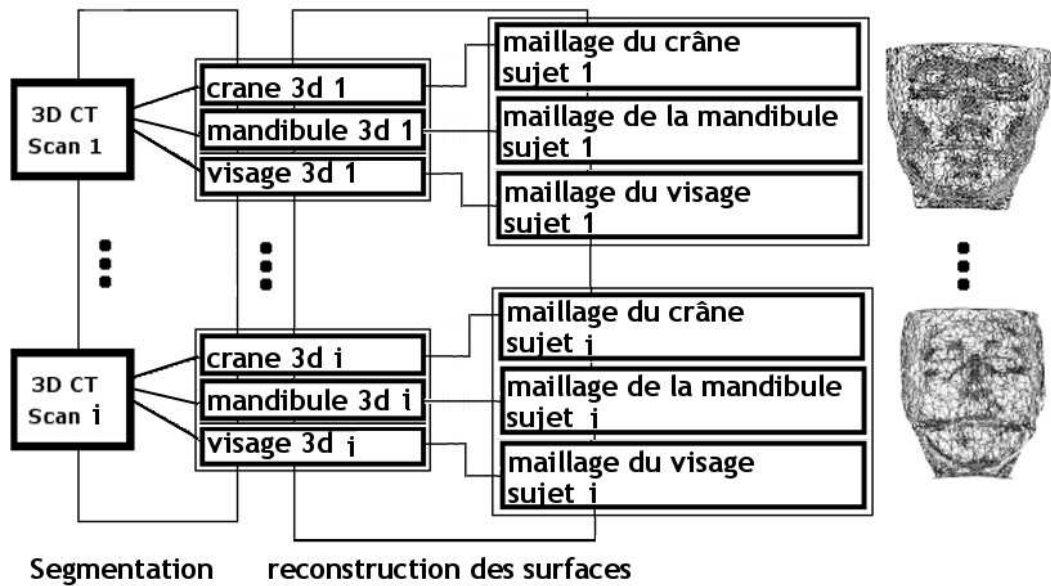


FIG. 2.15 – Génération des maillages sujets

plombages des sujets qui rayonnent lors de la prise du scanner. Actuellement, il est nécessaire de les extraire manuellement des coupes avant traitement. Ces artefacts éliminent les dents des volumes binaires.

La forme du visage à reconstruire est sa surface extérieure. Le niveau de l'air autour est très faible, le volume binaire correspondant à cette surface est le résultat d'un seuillage en intensité suivi d'une fermeture morphologique.

Le seuil à utiliser pour segmenter les surfaces osseuses est plus délicat à régler. Généralement il peut rester des trous (par exemple au niveau du plancher de l'orbite). Le résultat du seuillage doit ensuite être séparé entre le volume de la mâchoire et celui du crâne. Un algorithme de segmentation par croissance de régions suffit à séparer les deux objets, cependant les régions des condyles et des dents (où il y a contact) sont vérifiées et corrigées manuellement si nécessaire.

Pour chaque sujet, on dispose donc de trois volumes binaires correspondant à chaque objet. Les surfaces extérieures de ces volumes sont ensuite reconstruites en utilisant la méthode des Marching Cubes de Lorensen [44]. Les maillages obtenus par l'algorithme du Marching Cube présentent les particularités suivantes : le nombre de triangles constituant leurs surfaces est très élevé et tous ont une connectivité différente.

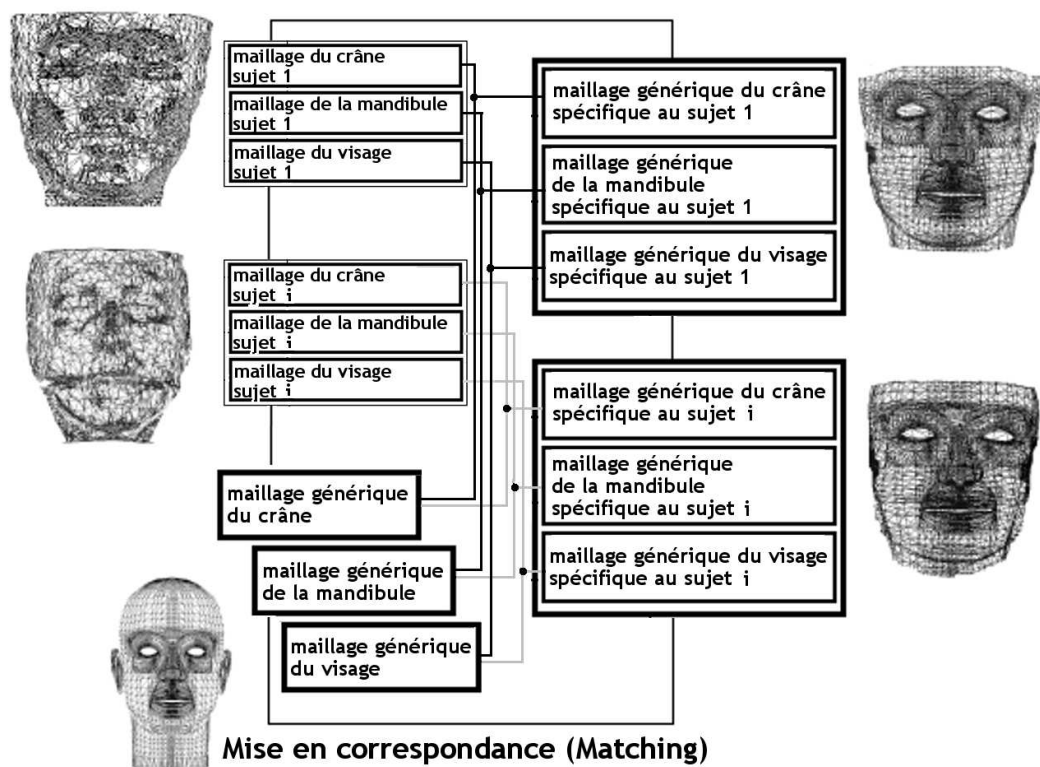


FIG. 2.16 – Génération des maillages SSG

Mise en correspondance sur des maillages génériques

L'étape suivante est la mise en correspondance de tous ces maillages sujets de connectivités différentes. Une solution possible est de recaler élastiquement un même maillage sur chacun d'eux. La connectivité de ce maillage "de référence" (maillage générique) se propagera sur les formes de chaque sujet et l'on obtiendra donc des maillages "de référence" ayant les formes spécifiques à chaque sujet (maillages SSG). Tous ces maillages SSG partageront bien la même connectivité et sous un modèle raisonnable de déformation, on peut considérer que chaque vertex des maillages SSG représente un même point semi-caractéristique.

On dispose de trois maillages génériques, basés sur des lignes de plus fortes courbures et construits manuellement. Le maillage de visage provient de la parole audiovisuelle (des travaux de F. Pighin), ce qui explique sa forte densité dans les zones prédictives d'information de la communication (les yeux, la bouche). Les maillages du crâne et de la mâchoire

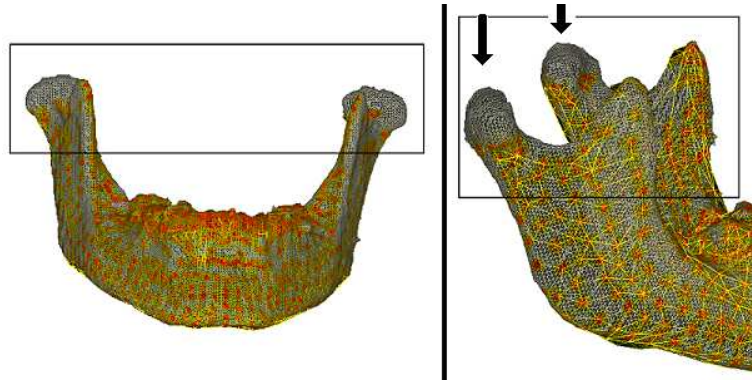


FIG. 2.17 – Projection du maillage SSG sur le maillage sujet

Rouge : moins de 1 mm
Orange : moins de 2 mm

sont ceux de la Visible Woman. Pour chaque maillage de chaque sujet, on réalise la mise en correspondance du maillage générique vers le maillage sujet.

Le recalage élastique des différents maillages se fera au moyen de l'algorithme défini précédemment en utilisant les différentes fonctions d'énergie possibles (figure 2.16).

Obtention des maillages SSG de la mandibule Pour chaque sujet, on dispose des mandibules entières, mais les dents ne sont pas présentes pour tous les individus à cause des artefacts de dépôts métalliques. Les dents ne seront donc pas dans le minimum commun qui définira la base de données.

Le résultat des recalages du maillage générique de mandibule sur les maillages sujet avec une fonction de disparité non-symétrique donne un résultat avec des erreurs d'appariements de régions. Les régions des condyles (figure 2.17), de l'angle gonial sont l'objet de nombreuses erreurs. Ceci est dû aux formes présentant de fortes courbures et aux disparités des densités entre maillages sujets et maillage générique (les maillages sujets sont environ trente fois plus dense que les maillages génériques) et cela peut être constaté en calculant les distances réciproques point-surface (tableau 2.6).

Si on utilise la fonction de disparité symétrique, les distances entre les maillage SSG et les maillages sujets sont alors considérablement réduites (tableau 2.6) et les maillages SSG obtenus peuvent être considérés pour la base de données. Les distances les plus impor-

Sens	SSG->Sujet	Sujet->SSG
Distances	Moyenne(mm)(Maximale(mm))	Moyenne(mm)(Maximale(mm))
Fonction univoque	1.27(9.28)	5.80(56.87)
Fonction symétrisée	1.33(8.42)	2.57(22.78)

TAB. 2.6 – Distances moyennes et maximales entre les maillages SSG et sujet de la mandibule

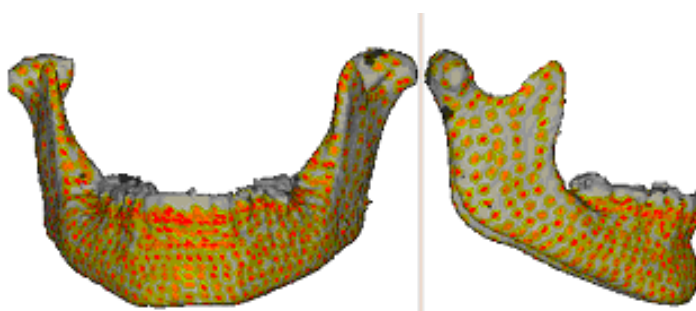


FIG. 2.18 – Projection du maillage SSG sur le maillage sujet en utilisant la fonction de disparité symétrisée

Rouge : moins de 1 mm
Orange : moins de 2 mm

tantes se situent au niveau des dents et au niveau du processus coronoïde (figure 2.18). Les distances moyennes obtenues peuvent être considérées comme le bruit du recalage, lié à la différence de densité.

Obtention des maillages SSG du crâne et du visage Les scanners ayant été pris dans des positions différentes et sur des volumes de têtes différents, on dispose seulement de crânes et de têtes partiels car l'irradiation du volume du cerveau est à éviter autant que faire se peut. La partie de la face est toujours présente mais le front peut être de taille différente pour chaque maillage sujet. Le maillage générique de crâne est un maillage complet. Le recalage élastiquement sur les maillages sujets revient à apparier le haut du crâne avec des zones inexistantes. Un recalage du crâne partiel vers le crâne complet avec une "distance" non-symétrique est possible, mais contredit la règle de bonne marche de l'algorithme qui veut que l'on déforme le moins dense vers le plus dense.

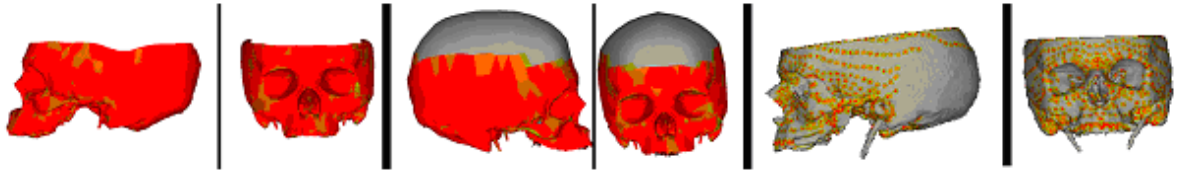


FIG. 2.19 – Chaîne de recalage du crâne

Rouge : moins de 1 mm ; Orange : moins de 2 mm ; Jaune : moins de 5 mm

Distances	Moyenne (mm)	Maximale (mm)
Mandibule	2	8
Crâne	4	36
Visage	1	5

TAB. 2.7 – Distances moyennes (maximales) entre vertex des maillages SSG et sujet

Pour résoudre ce problème, on passe par des maillages génériques intermédiaires. Ceux-ci sont des maillages génériques, coupés pour correspondre aux maillages sujets. On génère donc des SSG partiels, chacun représentant une sous partie du maillage générique. Par contre les vertex communs désignent bien les mêmes lieux.

On déforme ensuite le maillage générique vers chaque maillage SSG partiel. Cette transformation ajoute très peu de bruit car les vertex des SSG partiels sont contenus dans le maillage générique. Les déformations des parties non communes comme la voûte crânienne sont certes extrapolées par l'algorithme durant cette étape, mais ces parties ne seront pas dans la base de données finale. On peut voir les maillages obtenus aux différentes étapes ainsi que les cartes de distances correspondantes figure 2.19.

Les distances maximales entre maillages sujets et SSG du crâne se situent sous les pics de calcification présents à la base du crâne (partie encadrée figure 2.19). Les processus styloïdes présentent une grande variabilité individuelle et sont souvent seulement partiellement extraits durant la segmentation des objets. Les distances moyennes obtenues pour le crâne sont de 4 mm (voir tableau 2.7), la différence de densité entre les deux objets est assez importante.

Les maillages SSG du visage sont obtenus en utilisant la même procédure que pour les

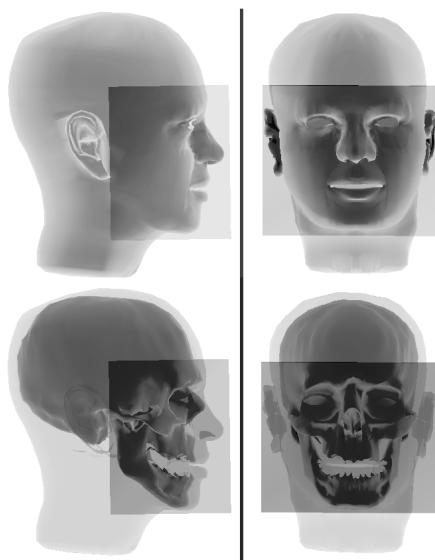


FIG. 2.20 – Minimum commun des maillages

maillages SSG crâne. Les distances maximales se trouvent au niveau des limites des visages dues au caractère partiel des scanners. Les distances moyennes et maximales entre maillages sujet et SSG sont présentées dans le tableau 2.7. Contrairement aux mandibules ou aux crânes, il n’y a pas de partie particulière du visage plus fautive que les autres après recalage. On peut cependant guider le recalage du nez par l’ajout d’une liste de vertex appariés pour contraindre un peu le modèle générique et s’assurer d’une meilleure déformation comme dans la partie précédente.

Alignement du minimum commun à tous les maillages

Dans un premier temps, on prend le minimum commun à l’ensemble des maillages en écartant les vertex des maillages non-inclus dans les boîtes correspondant à l’image scanner originale voir figure 2.20. Les maillages SSG sont ensuite alignés avec le crâne moyen comme référence en utilisant la méthode Procrustes. On utilise les transformations rigides calculées pour aligner ensuite les mandibules et les visages. Cette méthode permet de prendre en compte les différences d’ouverture de la bouche des sujets. Ces différences ne sont pas présentes au niveau des crânes, leur alignement est donc plus pertinent que celui des formes complètes (l’ensemble des maillages du crâne, de la mandibule et du visage) où l’anatomie et le geste sont mélangés. Les maillages des mandibules et des visages sont

replacés ensuite selon leurs positions relatives aux maillages de crânes. Dans le cadre d'un modèle de la mandibule seule (du visage seul), il faut bien sûr aligner les mandibules (les visages) entre elles (eux).

Conclusion

Une fois alignés les divers éléments de la base de données vont servir à la construction d'un modèle statistique de forme. Les résultats de celui-ci seront limités par le bruit introduit par la chaîne d'obtention des maillages SSG. Un recalage élastique direct entre les données sous forme d'images 3D et le maillage générique serait peut-être, dans ce cas précis, plus efficace.

Plus qu'une autre méthode de recalage, c'est lors de la capture des données et sur leur nature qu'il faut être plus exigeant : pas de plombage sur les sujets, même position de mâchoires. Cela permettrait d'éviter une grande partie des retouches manuelles nécessitées par la présence d'artefacts et d'assurer un meilleur alignement des sujets.

On peut aussi penser à des maillages génériques différents proposant par exemple plusieurs niveaux de densité ou ayant certains vertex identifiés comme points caractéristiques que l'on pourrait alors apparier aux résultats d'une procédure automatique d'extraction ou à des relevés effectués par un expert. Aux cartes de distance s'ajouterait alors une mesure qualitative sur l'erreur en ces points caractéristiques (même si la mesure de ces points possède elle aussi une certaine variation).

2.4 Conclusion

Construire un modèle de la variabilité statistique d'une forme nécessite d'éliminer toutes les informations des données qui relèvent du mouvement dans l'espace ou de l'échelle : c'est le recalage rigide. Quelquefois, ces formes sont trop complexes. On choisit alors de les décrire par des ensembles de points, des maillages et il faut décrire toutes les réalisations possibles ou connues de cette forme (nos données) à l'aide des mêmes objets, comme on les décrirait avec les mêmes termes : c'est l'étape de mise en correspondance. Nous avons présenté dans ce chapitre une méthode de mise en correspondance, basée sur les travaux de Lavallée. Nous l'avons modifiée afin de l'adapter aux problèmes rencontrés lors de la construction d'un atlas du crâne et du visage ou à la construction de clones parlants.

Le recalage élastique et la mise en correspondance ont donc été appliqués à des problématiques diverses : la mise en correspondance intra-sujet et le suivi de déformations locales, la mise en correspondance inter-sujet dans le cadre de la construction de la base de données de crânes et de visages. Ces deux applications ont fait l'objet de publications [69, 70] et un chapitre de livre [71]

A chaque fois, ces étapes de mise en correspondance et de recalage rigide ont eu pour but d'amener à la construction de modèle : clones parlants générés par Analyse en Composantes Principales (ACP) guidée, ou modèles statistiques du crâne, de la mâchoire ou du crâne et du visage construits en utilisant des ACP (linéaires) ou des ACP à Noyaux . La modélisation statistique est l'objet du prochain chapitre mais le recalage élastique sera de nouveau utilisé pour l'application de reconstruction cranio-faciale présentée au chapitre 5.

Chapitre 3

Modélisation Statistique

3.1 Introduction et Motivation

Dans ce chapitre, nous nous intéresserons tout d'abord à la réduction de données de hautes dimensions. En effet, il peut être intéressant de réduire à un petit nombre de caractéristiques la description d'un ensemble de données. Il est alors plus facile de les classer, de séparer le bruit du signal, ou encore de les compresser.

Dans son article [72], Jain résume différentes méthodes utilisées pour l'extraction de caractéristiques à partir d'un ensemble de données. L'extraction de caractéristiques consiste à déterminer un sous-espace de dimension n_0 , avec $n_0 < n$, dimension de l'espace d'origine. Deux familles de méthodes peuvent être utilisées : les méthodes linéaires et les méthodes non linéaires.

Les méthodes linéaires telles que l'Analyse en Composantes Principales (ACP), l'analyse factorielle et l'analyse linéaire discriminante ont beaucoup été utilisées dans le domaine de la reconnaissance des formes aussi bien pour l'extraction des caractéristiques, que pour la réduction de la dimension de l'espace des caractéristiques. La méthode la plus répandue pour l'extraction des caractéristiques est l'ACP. C'est une modélisation paramétrique gaussienne des données.

Les méthodes utilisées dans le cadre non linéaire sont multiples. Ainsi l'Analyse en Composantes Principales à Noyau (ACPN) projette les données dans un espace caractéristique à l'aide de fonctions de projection définies de manière explicite ou non et réalise une ACP dans cet espace.

Parmi les autres méthodes, Chalmond et Girard [73] proposent une méthode non linéaire d'analyse d'un ensemble de données, pour ensuite proposer une méthode d'apprentissage d'un modèle. On distingue aussi l'analyse multidimensionnelle. Cette analyse vise à représenter un espace multidimensionnel par un espace à deux ou trois dimensions. La matrice des distances de l'espace d'origine de dimension n doit alors être préservée le plus possible dans le nouvel espace de projection. Il existe de nombreuses fonctions permettant d'évaluer la performance de la projection. La plus répandue est celle introduite par Sammon et Niemann [74, 75]. Cette analyse a cependant un grand inconvénient. Elle ne permet pas d'explicitement une fonction de projection. Il est donc impossible d'introduire une nouvelle forme dans la projection à effectuer. Une nouvelle projection doit alors être calculée. Certains travaux se sont intéressés à une solution qui permettrait de pallier ce problème en utilisant une interpolation linéaire ou encore les réseaux de neurones.

Quelque soit la modélisation choisie et le modèle construit, on souhaite pouvoir passer des données originales aux principales caractéristiques et inversement reconstruire les données originales à partir des caractéristiques principales. C'est la **reconstruction**, assimilable à un problème d'antécédent ou de *Pré-Image*.

Plan

La première partie de ce chapitre sera consacrée à la modélisation statistique, c'est-à-dire dans notre cas : à l'Analyse en Composantes Principales et aux ACP à Noyaux (et donc aux notions de fonctions de projection et d'espaces caractéristiques) à partir de la littérature.

Ensuite le problème de la reconstruction sera exposé. Nous y présenteront en particulier des solutions pour les ACP à noyaux.

Enfin ce chapitre se terminera par l'application originale à la modélisation par ACP à Noyaux d'un organe articulé le crâne que nous avons effectué.

3.2 Modélisation Statistique

3.2.1 Modélisation linéaire

L'Analyse en Composantes Principales (ACP) est une technique efficace pour extraire la structure d'ensemble de données de hautes dimensions. Son application peut être faite en résolvant un problème d'équation aux valeurs propres ou en utilisant des algorithmes itératifs estimant les composantes principales.

Une présentation de la littérature existante a été réalisée notamment par Jolliffe (1986) [76] ou Diamantaras et Kung (1996)[77]. Certains papiers classiques sont dus à Pearson (1901), Hotelling (1933) ou Karhunen (1946). L'ACP est une transformation orthogonale du système de coordonnées dans lequel les données sont décrites. Les nouvelles valeurs des coordonnées dans lesquelles les données sont représentées sont appelées les principales composantes. Très souvent, un petit nombre de composantes principales est suffisant pour représenter la structure des données, ce qui explique son usage en compression, en débruitage ...

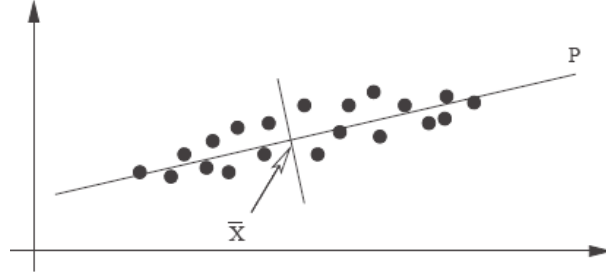


FIG. 3.1 – Axes principaux d’une distribution de vecteurs en 2 dimensions

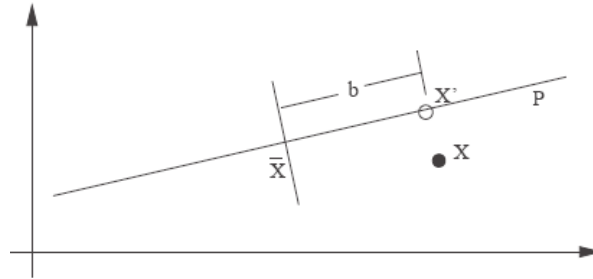


FIG. 3.2 – Approximation d’un point X par sa projection X' sur l’axe principal P

On dispose de M ensembles de points caractéristiques $X^{(i)} = \{x_j^{(i)}\}_{j \in \{1, \dots, n\}}$ centrés dans un espace de forme commun de dimension n . Une forme est représentée par un vecteur de n coordonnées réelles. Ces vecteurs forment une distribution dans l’espace $n \times M$. Si on arrive à modéliser ou estimer cette distribution, il sera alors possible de décider si une nouvelle forme inconnue correspond à la classe de formes apprises.

Dans le cadre des modèles paramétriques de la forme $X = f(b)$, où b est le vecteur contenant les paramètres du modèle, le problème est simplifié en réduisant la dimension des données à une dimension $t < n$. Les données forment un nuage de points de taille $n \times M$. L’ACP permet de calculer les axes principaux de ce nuage, permettant ainsi à l’axe principal d’approximer chacun des points de l’ensemble d’origine en utilisant un modèle défini par moins de $n \times M$ paramètres.

La figure 3.1 présente les deux axes principaux d’une distribution bidimensionnelle de vecteurs. P correspond à l’axe principal, et $\bar{X}$ est le vecteur forme moyen.

La figure 3.2 illustre l’approximation des données en deux dimensions sur un espace

de dimension un. Tout X peut être approximé par le point qui lui est le plus proche sur l'axe principal P . On peut alors dire que $X \approx X' = \bar{X} + bP$, où b est la distance qui relie le vecteur moyen $\bar{X}$ au vecteur projeté sur l'axe principal X' .

De quelle manière faut-il choisir la dimension t ? Il existe plusieurs façons pour effectuer ce choix. La plus simple consiste à choisir t de manière à préserver une proportion donnée de la variance existante dans l'ensemble d'apprentissage, la variance exprimant la dispersion des données initiales. Si λ_i sont les valeurs propres de la matrice de la covariance des données, chaque valeur propre exprime la variance des données autour de la moyenne dans la direction donnée par le vecteur propre associée. La variance totale de l'ensemble d'apprentissage est la somme de ses valeurs propres.

On peut alors choisir les t plus grandes valeurs propres telles que :

$$\sum_{i=1}^t \lambda_i = f \sum_{i=1}^n \lambda_i \quad (3.1)$$

où f correspond à la proportion de la variance totale que l'on souhaite représenter. Si la proportion désirée est de 95%, alors $f = 0,95$.

Une autre manière de choisir t consiste à dire que si σ_N^2 est le bruit associé aux mesures des points positionnés, alors on peut choisir le plus grand t tel que :

$$\lambda_t > \sigma_N^2 \quad (3.2)$$

Une troisième approche consiste à choisir suffisamment de modes pour que le modèle puisse approximer chacun des exemples de l'ensemble d'apprentissage en restant assez précis. Des critères de précision sont alors formulés. La méthode consiste à construire plusieurs modèles, chacun contenant un mode de plus que le précédent. A chaque étape on teste le modèle en vérifiant ses performances à représenter l'ensemble d'apprentissage. On choisit alors le premier modèle répondant au critère de précision posé.

Analyse en Composantes Principales

Voici l'algorithme standard de l'Analyse en Composantes Principales (ACP). Etant donné un ensemble d'observations centrées :

$$X^{(j)} \in \mathbb{R}^n, j \in \{1, \dots, M\}, \sum_{j=1}^M X^{(j)} = 0,$$

l'ACP diagonalise la matrice de covariance :

$$C = \frac{1}{M-1} \sum_{j=1}^M X^{(j)} (X^{(j)})^T \quad (3.3)$$

Pour cela, il faut résoudre l'équation aux valeurs propres

$$\lambda v = Cv \quad (3.4)$$

pour les valeurs propres $\lambda \geq 0$ et les vecteurs propres $v \in \mathbb{R}^n / \{0\}$.

Comme

$$\lambda v = Cv = \frac{1}{M-1} \sum_{j=1}^M (X^{(j)} \bullet v) X^{(j)}, \quad (3.5)$$

toutes les solutions v avec $\lambda \neq 0$ doivent se situer entre $\{X^{(1)}, \dots, X^{(M)}\}$. L'équation 3.4 est alors équivalente à :

$$\lambda (X^{(j)} \bullet v) = (X^{(j)} \bullet Cv) \quad \forall j = \{1, \dots, M\}. \quad (3.6)$$

On peut alors approximer chaque forme $X^{(j)}$ de l'ensemble d'apprentissage par $\tilde{X}^{(j)}$:

$$\tilde{X}^{(j)} = V b_j \quad (3.7)$$

où V est la matrice des t premiers vecteurs propres v et b_j les composantes principales, un vecteur de dimension t donné par la projection des données sur les axes déterminés par les principales valeurs propres. A l'axe v_k , $k \in \{1, \dots, t\}$ correspond la composante principale b_k :

$$b_k = v_k \bullet X^{(j)} \quad (3.8)$$

Présenté sous forme matricielle, la projection des données sur les principales composantes donne le système suivant :

$$\begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_t \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_{1,1} & \dots & V_{1,M} \\ \vdots & \dots & \vdots \\ V_{t,1} & \dots & V_{t,M} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_1 \\ X_2 \\ \vdots \\ X_M \end{bmatrix} \quad (3.9)$$

Le modèle linéaire obtenu prend la forme suivante :

$$\begin{bmatrix} X_1 \\ X_2 \\ \vdots \\ X_M \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_{1,1} & \cdots & V_{t,1} \\ \vdots & \cdots & \vdots \\ V_{1,M} & \cdots & V_{t,M} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_t \end{bmatrix} \quad (3.10)$$

Autres méthodes

L'ACP n'utilise que les caractéristiques les plus importantes (vecteurs propres dont les valeurs propres associées sont les plus évidentes), l'ensemble des données est approximé par un sous-espace linéaire utilisant le critère de minimisation de la moyenne des carrés des erreurs. D'autres méthodes telles que l'analyse en composantes indépendantes (ACI) s'avèrent plus appropriées pour des données dont la distribution est non-gaussienne. Elles ne reposent pas sur les propriétés de second ordre des données. L'ACI est efficace pour extraire des combinaisons de caractéristiques linéaires qui définissent des classes différentes. Cette classification est possible si au plus une des classes présente une distribution gaussienne. L'ACP est une méthode non-supervisée d'extraction de caractéristiques linéaires. L'analyse discriminante utilise en revanche les connaissances a priori sur la forme de chacune des catégories pour extraire les caractéristiques les plus discriminantes. La séparation entre les classes est assurée en remplaçant la matrice de covariance utilisée dans l'ACP par une mesure de séparabilité générale telle que le critère de Fischer. Le résultat est obtenu en cherchant les vecteurs propres de la matrice $S_w^{-1}S_b$. Cette matrice est le produit de l'inverse de la matrice de dispersion intra-classes (S_w) et la matrice de dispersion inter-classes (S_b).

3.2.2 Espaces caractéristiques

La description de données par un modèle linéaire n'est pas toujours efficace ou possible. Ainsi, dans le cas simple de données quadratiques, les relations linéaires ne situent pas au niveau des données elle-même mais dans leurs carrés respectifs. En projetant les données avec une fonction polynomiale de degré 2, on peut dans l'espace de projection décrire avec les outils de la modélisation linéaire les relations non-linéaires entre les données dans l'espace d'origine.

Il s'agit de fait de réaliser une ACP dans des espaces caractéristiques. L'inconvénient

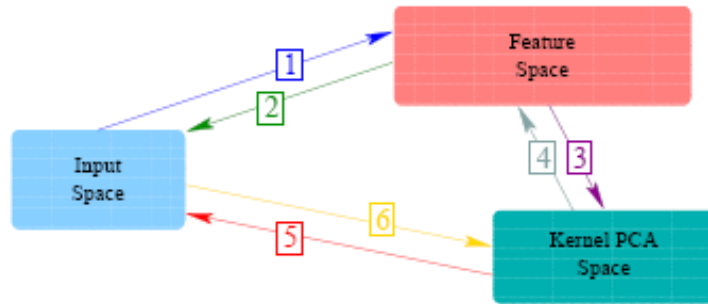


FIG. 3.3 – 3 Espaces différents pour l’observation

de cette solution est de devoir connaître a priori la fonction de projection et de réaliser la projection des données. De plus, la dimension des données projetées peut augmenter (comme dans notre cas de projection avec une fonction polynomiale de degré 2).

L’Analyse en Composantes Principales à Noyaux, présentée par Schöpkopf en 1997 [78], est une solution à ces inconvénients. Elle permet d’obtenir les composantes principales de certains espaces de projection sans avoir à exprimer directement cette projection au moyen de ce que l’on nomme *l’astuce noyau*. Les fonctions noyaux définissent uniquement le produit scalaire dans l’espace caractéristique.

On peut donc considérer un troisième espace, *l’espace noyau*, qui est celui de l’observation directe de ces caractéristiques en plus de l’espace d’origine des données et l’espace des données projetées. Les liens reliant les données d’origine, les données projetées et les principales caractéristiques s’expriment alors sur 3 espaces différents et à travers 6 relations, comme présenté schématiquement figure 3.3 (ce schéma est issu de [79]).

Le premier espace est l’espace d’origine des données, défini par les données de l’apprentissage. Le second espace est l’espace caractéristique dans lequel ces données sont projetées. Le dernier espace est l’espace auquel on a accès au moyen des fonctions noyaux, dans lequel sont définies les composantes principales. Ces 3 espaces définissent 6 relations permettant de passer d’un espace à l’autre.

- La première relation (1) de l’espace d’origine vers l’espace caractéristique est une projection. La fonction de projection qui lui correspond peut être définie de manière

explicite et est alors de dimension connue ou donnée implicitement par la fonction noyau associée. Sa dimension peut être infinie. Ainsi les noyaux polynomiaux possèdent des fonctions de projection connue et de dimension connue, alors que les noyaux gaussiens ne possèdent pas de fonction de projection associée explicite et correspondent à une projection dans un espace de dimension infinie.

- La relation (2) revient à déterminer l'inverse de la fonction de projection. On peut remarquer que même pour des noyaux simples (noyaux polynomiaux), il n'existe pas toujours d'antécédents correspondant aux données de l'espace caractéristique ... Si l'on effectue dans l'espace caractéristique une ACP linéaire (relation (3)), on est alors en mesure de déterminer les principales caractéristiques des données projetées, situées dans l'espace noyau.
- La relation (4) correspond à la reconstruction des données projetées.
- Par ailleurs, si l'on ne connaît que l'expression du produit scalaire dans l'espace caractéristique, les fonctions noyaux permettent d'accéder à l'espace noyau. L'Analyse en Composantes Principales à Noyaux correspond donc à la relation (6).
- Enfin, la relation (5) revient à reconstruire directement les données dans l'espace d'origine à partir des composantes principales. Le problème d'antécédents de ces composantes reste toujours posé, c'est le problème de la Pré-Image.

Dans la suite de cette section, nous poserons d'abord le problème de l'Analyse en Composantes Principales dans un Espace caractéristique, en nous appuyant sur la présentation de l'ACP effectuée précédemment, reprenant l'article fondateur de B. Schölkopf. L'obtention des caractéristiques principales prendra ainsi le chemin des relations (1) et (3).

Puis nous verrons comment obtenir les caractéristiques principales en ne connaissant que l'expression du produit scalaire dans l'espace caractéristique, définissant la relation (6) : l'ACPN. On sait en effet que pour tout algorithme exprimé uniquement en termes de produit scalaire, i.e. sans usage explicite des variables elles-mêmes, les méthodes à noyaux permettent de construire des versions non-linéaires de l'algorithme. C'est l'astuce noyau (ou *kernel trick*). Cette propriété a été très largement utilisée dans les Séparateurs à

Vastes Marges par Vapnik.

Une dernière partie s'intéressera au problème du centrage dans les espaces caractéristiques.

3.2.3 Analyse en Composantes Principales dans des Espaces caractéristiques

Soit l'expression des composantes principales dans l'espace d'un autre produit scalaire F , lié à l'espace d'origine par une projection non-linéaire ϕ .

$$\phi : \mathbb{R}^N \rightarrow F, x \mapsto X. \quad (3.11)$$

On remarque que *l'espace caractéristique* F est de dimension quelconque, dépendant de la fonction de projection utilisée. Ici et dans la partie qui va suivre, les symboles majuscules sont utilisés pour les éléments de F , alors que les symboles minuscules dénotent les éléments de $\mathbb{R}^N$.

Nous nous plaçons dans le cas de données centrées : $\sum_{k=1}^M \phi(x_k) = 0$.

La matrice de covariance dans F prend alors la forme suivante :

$$\bar{C} = \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M \phi(x_j) \phi(x_j)^T \quad (3.12)$$

On doit maintenant déterminer les valeurs propres $\lambda \geq 0$ et les vecteurs propres $V \in F/\{0\}$ satisfaisant

$$\lambda V = \bar{C}V. \quad (3.13)$$

Comme dans le cas de l'ACP dans un espace linéaire (3.2.1), toutes les solutions V avec $\lambda \neq 0$ se situent entre $\phi(x_1) \dots \phi(x_M)$. Cela a deux conséquences utiles. Tout d'abord, on peut considérer que l'ensemble d'équations suivant équivaut à l'équation 3.13 :

$$\lambda(\phi(x_k) \bullet V) = (\phi(x_k) \bullet \bar{C}V) \quad \forall k = 1, \dots, M \quad (3.14)$$

et ensuite, qu'il existe des coefficients $\alpha_i (i = 1, \dots, M)$ tels que

$$V = \sum_{i=1}^M \alpha_i \phi(x_i) \quad (3.15)$$

En combinant les équations 3.14 et 3.15, on obtient

$$\lambda \sum_{i=1}^M \alpha_i (\phi(x_k) \bullet \phi(x_i)) = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M \alpha_i \left(\phi(x_k) \bullet \sum_{i=1}^M \phi(x_j) (\phi(x_j) \bullet \phi(x_i)) \right) \quad \forall k = 1, \dots, M \quad (3.16)$$

Soit la matrice K de taille $M \times M$ dont les éléments sont définis par :

$$K_{ij} := (\phi(x_i) \bullet \phi(x_j)), \quad (3.17)$$

On a donc :

$$M\lambda K\boldsymbol{\alpha} = K^2\boldsymbol{\alpha} \quad (3.18)$$

où $\boldsymbol{\alpha}$ représente le vecteur colonne d'entrées $\alpha_1, \dots, \alpha_M$. Pour trouver les solutions de l'équation 3.18, il faut résoudre le problème de valeurs propres suivant :

$$M\lambda\boldsymbol{\alpha} = K\boldsymbol{\alpha} \quad (3.19)$$

pour les valeurs propres non nulles.

Soient $\lambda_1 \leq \lambda_2 \leq \dots \leq \lambda_M$, les valeurs propres de K , solutions de $M\lambda$ (eq. 3.19), et $a^1, \dots, a^M$ l'ensemble correspondant de vecteurs propres avec λ_p la première valeur propre non nulle. On normalise $a^P, \dots, a^M$ en obligeant les vecteurs correspondants dans F à être normalisés :

$$(V_k \bullet V_k) = 1 \quad \forall k = p, \dots, M. \quad (3.20)$$

A l'ordre de 3.15 et 3.19, ceci se transforme en condition de normalisation pour $a^P, \dots, a^M$:

$$1 = \sum_{i,j=1}^M a_i^k a_j^k (\phi(x_i) \bullet \phi(x_j)) = \sum_{i,j=1}^M a_i^k a_j^k K_{ij} \quad (3.21)$$

Qui se traduit par :

$$\alpha_i^k = \frac{a_i^k}{\sqrt{\lambda_k}} \quad (3.22)$$

Pour extraire les composantes principales β_k , on a besoin de calculer la projection sur les vecteurs propres V^k dans F ($k = p, \dots, M$). Soit x , un point d'image $\phi(x)$ dans F , alors

$$\beta_k = V^k \bullet \phi(x) = \sum_{i=1}^M \alpha_i^k (\phi(x_i) \bullet \phi(x)) \quad (3.23)$$

permet d'obtenir les principales composantes non linéaires β_k correspondant à ϕ .

Il y donc 3 étapes pour obtenir les principales composantes non linéaires :

1. calculer la matrice K .
2. calculer ses vecteurs propres et les normaliser dans F .
3. calculer la projection d'un point de test de l'espace d'entrée sur ses vecteurs propres.

Pour conclure cette section, on peut remarquer qu'à aucune étape, la fonction de projection n'est utilisée explicitement, et que l'on a donc seulement besoin de connaître le produit scalaire entre deux entrées projetées : $\phi(x_i) \bullet \phi(x_j)$. L'astuce noyau (*kernel trick*) est donc applicable : en utilisant un noyau satisfaisant aux conditions de Mercer, la procédure décrite ci-dessus correspond exactement à une ACP standard dans un espace caractéristique de grande dimension, à ceci près qu'on n'effectue pas de calculs coûteux dans cet espace.

3.2.4 Analyse en Composantes Principales à Noyau

Passage à l'astuce noyau

Soit ϕ une fonction de projection de $\mathbb{R}^N \rightarrow F$ et k le noyau de Mercer associé tel que pour $x, y \in \mathbb{R}^N$, $k(x, y) = \phi(x) \bullet \phi(y)$. On reprend les trois étapes définies au paragraphe précédent.

1. On calcule les éléments de K : $K_{ij} = k(x_i, x_j)$.
2. Les vecteurs α sont obtenus en diagonalisant K et en normalisant les vecteurs propres.
3. Les paramètres de variation β correspondant aux principales composantes non linéaires pour l'individu x s'expriment de la manière suivante :

$$\beta_t = \sum_{i=1}^M \alpha_i^t k(x_i, x) \quad (3.24)$$

Que faire avec l'ACPN ?

Les premières applications présentant l'ACPN étaient pour la plupart des applications de classification à partir de l'extraction des composantes principales (exprimées dans l'espace des caractéristiques) [80], au moyen de noyaux polynomiaux de degré inférieur ou

égal à 4. Ce n'est qu'une fois appliqué à des problèmes de compression, de débruitage ou d'interprétation que la problématique de la **reconstruction des données**, aussi nommé *Pré-Image*, est apparue [81]. Comment déterminer les données de l'espace d'origine qui correspondent à telles composantes principales ? Ou pour revenir au schéma des 3 espaces, comment définir la relation (5) ?

De même la définition d'une mesure de distance dans l'espace des caractéristiques reste problématique [82]. L'usage des noyaux gaussiens fut d'abord privilégié [83], notamment dans les premiers modèles de forme active utilisant l'ACPN [79] avec des corrections apportées par [84]. Le problème de la Pré-Image a été reposé plus récemment en 2004 [85] [86] et des applications mêlant multiéchelle et ACPN sont apparues [87].

Les problèmes restant posés sont l'optimisation des paramètres du noyau, la stabilité de la reconstruction et la prédiction de données partiellement connues. Comment reconstruire des données dans l'espace d'origine à partir des caractéristiques estimées, en ne connaissant qu'une partie des données ?

3.2.5 Extension aux données non centrées

Les équations de l'ACP concernent des données centrées, ce qui n'est pas en général le cas des données $\phi(x_i)$. Par contre, quels que soient ϕ et un ensemble d'observations $x_1, \dots, x_M$, les points $\tilde{\phi}(x_i)$ définis par

$$\tilde{\phi}(x_i) = \phi(x_i) - \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M \phi(x_i) \quad (3.25)$$

sont centrés. Les hypothèses de la partie précédente sont alors valides, et on peut définir la matrice de covariance et $\tilde{K}_{ij} = (\tilde{\phi}(x_i) \bullet \tilde{\phi}(x_j))$ dans F . L'équation aux valeurs propres devient :

$$M\lambda\alpha = \tilde{K}\alpha \quad (3.26)$$

Puisque les données centrées $\tilde{\phi}(x_i)$ ne sont pas connues, on ne peut pas calculer $\tilde{K}$ directement. Cependant, on peut l'exprimer en fonction de sa contrepartie non-centré K :

$$\begin{aligned} \tilde{K}_{ij} &= \left(\left(\phi(x_i) - \frac{1}{M} \sum_{m=1}^M \phi(x_m) \right) \bullet \left(\phi(x_j) - \frac{1}{M} \sum_{n=1}^M \phi(x_n) \right) \right) \\ &= K_{ij} - \frac{1}{M} \sum_{m=1}^M 1_{im} K_{mj} - \frac{1}{M} \sum_{n=1}^M 1_{in} K_{nj} + \frac{1}{M^2} \sum_{m,n=1}^M 1_{im} K_{mn} 1_{nj} \\ &= (K - 1_M K - K 1_M + 1_M K 1_M)_{ij} \end{aligned} \quad (3.27)$$

avec $1_{ij} = 1$ pour tout i, j , $(1_M)_{ij} = 1/M$.

Pour les noyaux de Mercer, on peut définir :

$$\begin{aligned} \tilde{k}(x, y) &= \tilde{\phi}(x) \bullet \tilde{\phi}(y) \\ &= \left(\phi(x) - \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M \phi(x_i) \right) \bullet \left(\phi(y) - \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M \phi(x_i) \right) \\ &= k(x, y) - \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M k(x, x_i) - \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M k(y, x_i) + \frac{1}{M^2} \sum_{i,j=1}^M k(x_i, x_j) \\ &= k(x, y) - \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M k(x, x_i) - \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M k(y, x_i) + \frac{1}{M^2} \sum_{i,j=1}^M K_{ij} \end{aligned} \quad (3.28)$$

Dans le cas particulier de $k(x, x_i)$ nécessaire à l'extraction des composantes non linéaires, on obtient la forme suivante :

$$\tilde{k}(x, x_i) = k(x, x_i) - \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M k(x, x_j) - \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M K_{ij} + \frac{1}{M^2} \sum_{i,j=1}^M K_{ij} \quad (3.29)$$

On peut ainsi définir les composantes non-linéaires dans l'espace centré :

$$\tilde{\beta} = V^k \bullet \tilde{\phi}(x) = \sum_{i=1}^M \alpha_i^k (\tilde{\phi}(x_i) \bullet \tilde{\phi}(x)) = \sum_{i=1}^M \alpha_i^k \tilde{k}(x, x_i) \quad (3.30)$$

3.2.6 ACP à Noyau Polynomial de degré 1 et ACP

L'usage d'un noyau polynomial de degré 1 revient à utiliser comme fonction de projection Φ l'identité. L'ACP à Noyau Polynomial de degré 1 et l'ACP sont donc deux descriptions identiques, utilisant un formalisme différent. Les paramètres de variabilité de l'ACPN sont donnés par la formule suivante :

$$\beta_k = V^k \bullet x = \sum_{i=1}^M \alpha_i^k (x_i \bullet x) \quad (3.31)$$

Présentée sous forme matricielle :

$$\begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \vdots \\ \beta_t \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sum_{i=1}^M \alpha_i^1 x_{i,1} & \cdots & \sum_{i=1}^M \alpha_i^1 x_{i,M} \\ \vdots & \cdots & \vdots \\ \sum_{i=1}^M \alpha_i^t x_{i,1} & \cdots & \sum_{i=1}^M \alpha_i^t x_{i,M} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_M \end{bmatrix} \quad (3.32)$$

On obtient un système comparable à celui issu de l'ACP :

$$\begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_t \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_{1,1} & \cdots & V_{1,M} \\ \vdots & \cdots & \vdots \\ V_{t,1} & \cdots & V_{t,M} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_M \end{bmatrix} \quad (3.33)$$

et on peut poser l'égalité suivante entre les différents éléments de la matrice :

$$V_{k,j} = \sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{i,j} \quad k \in [1 \ t], \ j \in [1 \ M] \quad (3.34)$$

Nous utiliserons ces deux formalismes pour vérifier les résultats donnés dans le cas du problème de la reconstruction et dans celui de la reconstruction partielle, qui seront respectivement développés dans la suite de ce chapitre et dans le chapitre suivant.

3.2.7 Conclusion

Dans cette section, nous nous sommes intéressés à l'obtention des principales caractéristiques ou composantes de données de hautes dimensions ou de données non-linéaires. Il reste à faire le chemin inverse et obtenir les données d'origines ou leurs approximations à partir de ces principales caractéristiques. Ce problème est appelé reconstruction et est un problème de détermination de l'antécédent (*Pré-Image*) des principales caractéristiques. Il constitue l'objet de la prochaine section.

3.3 La Reconstruction : Le problème de la *Pré-Image*

La reconstruction consiste à retrouver l'échantillon de départ à partir des composantes principales (linéaires ou non-linéaires) déterminées par ACP(N) et des coefficients du

modèle. Ce sont les relations (5) et (2) de la figure 3.3. Dans le cas de composantes exprimées dans F , l'existence d'un antécédent n'est pas toujours assurée, car la fonction de projection n'est pas toujours bijective. Cette étape est essentielle dans le cas d'application en compression, débruitage, ou lors de la construction d'un modèle de forme actif [83],[84],[85],[86].

Souvent, il n'est pas nécessaire de connaître toutes les composantes principales pour obtenir une reconstruction très proche des données originales. Les composantes principales sont alors séparées entre un espace signal et un espace bruit. Cette propriété permet d'exprimer les données à partir seulement des composantes de l'espace signal, la reconstruction correspond alors au débruitage des données. En réduisant le nombre de composantes utilisées, on est à même d'exprimer les données en utilisant un nombre réduit d'information. Les composantes principales sont aussi appelées modes de variations.

3.3.1 Rappel : modèle linéaire

Pour modéliser un objet dont nous possédons un ensemble d'échantillons d'apprentissage, on réalise une ACP qui nous donne une forme moyenne et des vecteurs propres. Tout individu X appartenant à ce modèle peut être perçu à travers la forme moyenne ($\bar{X}$) de l'ensemble d'apprentissage et des variations linéaires (b) guidées par les vecteurs propres (V) de la matrice de covariance. Il s'écrit alors sous la forme :

$$\begin{bmatrix} X_1 \\ X_2 \\ \vdots \\ X_N \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \bar{X}_1 \\ \bar{X}_2 \\ \vdots \\ \bar{X}_N \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} V_{1,1} & \dots & V_{1,M} \\ \vdots & \dots & \vdots \\ V_{N,1} & \dots & V_{N,M} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_M \end{bmatrix} \quad (3.35)$$

Les paramètres b_i sont les paramètres de variabilité. Cette équation indique que toute instance de l'objet est décrite par ses variations (définies par l'ACP) autour de la forme moyenne. Les modes de variations sont ordonnés en fonction de la part de la variance de leurs valeurs propres. De plus, on considère qu'un individu appartient au modèle si $b_i < 3\lambda_i$.

La reconstruction consiste à déterminer X connaissant $b, \bar{X}, V$. Dans le cas où t valeurs propres suffisent à exprimer l'intégralité de la variance de l'ensemble d'apprentissage (ou

la partie des individus ne relevant pas du bruit), le modèle peut être réduit à :

$$\begin{bmatrix} X_1 \\ X_2 \\ \vdots \\ X_N \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \bar{X}_1 \\ \bar{X}_2 \\ \vdots \\ \bar{X}_N \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} V_{1,1} & \dots & V_{1,t} \\ \vdots & \dots & \vdots \\ V_{N,1} & \dots & V_{N,t} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_t \end{bmatrix} \quad (3.36)$$

L'erreur de reconstruction est alors donnée par $|X - \bar{X} - Vb|$.

3.3.2 La reconstruction en ACPN

Dans le cadre de l'ACPN [85, 86], la reconstruction de $z \in \mathbb{R}$ se fait à partir des composantes α du modèle, des échantillons de la base d'apprentissage du modèle x_i ($i = 1 \dots M$) et des paramètres de variabilité β . Il s'agit de retrouver l'antécédent $f \in \mathbb{I}$ de la reconstruction effectuée dans l'espace caractéristique F . Cet antécédent n'existant pas de manière certaine, on cherche le point f de l'espace initial qui minimise la distance entre $\phi(f)$ et la projection de notre forme réduite à ses premières composantes $P_N \phi(z)$.

$$\begin{aligned} \min_{f \in \mathbb{I}} \|\phi(f) - P_N \phi(z)\| = \\ \min_{f \in \mathbb{I}} \|\phi(f)\|^2 - 2\phi(f) \bullet P_N \phi(z) + \|P_N \phi(z)\|^2 \end{aligned} \quad (3.37)$$

En utilisant le formalisme noyau on arrive à la forme suivante

$$\min_{f \in \mathbb{I}} \left\| k(f, f) - 2 \sum_{k=1}^N \beta_k \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k k(f, x_i) \right) + \Omega \right\| \quad (3.38)$$

Cette minimisation dépend de la forme du noyau choisi. Cependant le dernier terme Ω de la quantité à minimiser est constant et les paramètres de variabilité β sont connus a priori. Soit ρ la quantité à minimiser.

$$\rho(f) = k(f, f) - 2 \sum_{k=1}^N \beta_k \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k k(f, x_i) \right) + \Omega \quad (3.39)$$

PréImages pour les Noyaux Gaussiens

Pour un noyau Gaussien, $k(x, y) = e^{-\frac{\|x-y\|^2}{c}}$, $k(f, f)$ est constant quel que soit f . On déduit de (3.37) qu'il faut maximiser :

$$\rho(f) = \sum_{i=1}^M \gamma_i k(f, x_i) + \Omega' \quad (3.40)$$

avec $\gamma_i = \sum_{k=1}^N \beta_k \alpha_i^k$ (pour un Ω' n'influençant pas f). Pour un extremum, le gradient en z doit s'annuler.

$$\nabla_f \rho(f) = \sum_{i=1}^M \gamma_i k'(\|f - x_i\|^2)(f - x_i) = 0 \quad (3.41)$$

Ce qui impose la condition nécessaire suivante pour un extremum $f = \sum_i \delta_i x_i / \sum_i \delta_i$ avec $\delta_i = \gamma_i k'(\|f - x_i\|^2)$. Pour un noyau gaussien, on obtient :

$$f = \frac{\sum_{i=1}^M \left(e^{\frac{\|f - x_i\|^2}{c}} (\sum_{k=1}^N \beta_k \alpha_i^k) x_i \right)}{\sum_{i=1}^M \left(e^{\frac{\|f - x_i\|^2}{c}} (\sum_{k=1}^N \beta_k \alpha_i^k) \right)} \quad (3.42)$$

On remarque que le dénominateur est égal à $\phi(f) \bullet P_N \phi(x)$. Sous l'hypothèse que $P_N \phi(x) \neq 0$, on a alors $\phi(x) \bullet P_N \phi(x) = (P_N \phi(x) \bullet P_N \phi(x)) > 0$. Il existe donc un voisinage de l'extremum dans lequel le dénominateur ne s'annule pas et pour lequel on peut utiliser un schéma itératif du type :

$$f_{t+1} = \frac{\sum_{i=1}^M \left(e^{\frac{\|f_t - x_i\|^2}{c}} (\sum_{k=1}^N \beta_k \alpha_i^k) x_i \right)}{\sum_{i=1}^M \left(e^{\frac{\|f_t - x_i\|^2}{c}} (\sum_{k=1}^N \beta_k \alpha_i^k) \right)} \quad (3.43)$$

La convergence et la stabilité de ce schéma itératif ne sont pas toujours assurées. Dans le cas d'un noyau gaussien peu discriminant (ie $k(x_i, y) \approx 1 \forall y$), le résultat tendra vers une même valeur "moyenne". De même, si le noyau est trop discriminant (ie $k(x_i, y) \approx 0 \forall y \neq x_i$), de nombreuses instabilités sont à prévoir.

Pré-images pour les Noyaux Polynomiaux

Pour un noyau polynomial, on a $k(x, y) = (x \bullet y + 1)^d$, l'équation (3.37) devient :

$$\min_{f \in \mathbb{I}} \left\| (1 + f \bullet f)^d - 2 \sum_{i=1}^M \gamma_i (1 + f \bullet x_i)^d \right\| \quad (3.44)$$

Pour un extremum $\rho(f)$ doit s'annuler :

$$\nabla_f \rho(f) = 2f(1 + f \bullet f)^{d-1} - 2 \sum_{i=1}^M \gamma_i (1 + f \bullet x_i)^{d-1} x_i = 0 \quad (3.45)$$

Ce qui impose la condition nécessaire pour un extremum :

$$f = \sum_{i=1}^M \gamma_i \frac{(1 + f \bullet x_i)^{d-1}}{(1 + f \bullet f)^{d-1}} x_i \quad (3.46)$$

On remarque que le dénominateur est toujours positif. Comme pour le noyau gaussien, cette minimisation peut être résolue itérativement par la méthode du point fixe.

$$f_{t+1} = \sum_{i=1}^M \left(\left(\sum_{k=1}^N \beta_k \alpha_i^k \right) \left(\frac{f_t \bullet x_i + 1}{f_t \bullet f_t + 1} \right)^{d-1} x_i \right) \quad (3.47)$$

◦ *Noyaux Polynomiaux de degré 1*

L'expression 3.44 s'écrit pour $d = 1$

$$\min_{f \in \mathbb{I}} \left\| (1 + f \bullet f) - 2 \sum_{i=1}^M \gamma_i (1 + f \bullet x_i) \right\| \quad (3.48)$$

de même, l'équation 3.45 devient

$$\nabla_f \rho(f) = 2f - 2 \sum_{i=1}^M \gamma_i x_i = 0 \quad (3.49)$$

soit la solution suivante :

$$f = \sum_{i=1}^M \gamma_i x_i \quad (3.50)$$

avec $\gamma_i = \sum_{k=1}^N \beta_k \alpha_i^k$

$$f = \sum_{i=1}^M \left(\sum_{k=1}^N \beta_k \alpha_i^k \right) x_i \quad (3.51)$$

En utilisant l'équation 3.34 pour passer au formalisme de l'ACP, on retrouve bien la définition de la reconstruction pour l'ACP.

$$f = \sum_{k=1}^N \beta_k \sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_i = \sum_{k=1}^N \beta_k V_k \quad (3.52)$$

◦ *Noyaux Polynomiaux de degré 2*

L'expression 3.44 s'écrit pour $d = 2$

$$\min_{f \in \mathbb{I}} \left\| (1 + f \bullet f)^2 - 2 \sum_{i=1}^M \gamma_i (1 + f \bullet x_i)^2 \right\| \quad (3.53)$$

de même, l'équation 3.45 devient

$$\nabla_f \rho(f) = 2f(1 + f \bullet f) - 2 \sum_{i=1}^M \gamma_i (1 + f \bullet x_i) x_i = 0 \quad (3.54)$$

soit l'équation de degré 3 suivante :

$$f^3 + (1 - \sum_{i=1}^M \gamma_i x_i^2) f - \sum_{i=1}^M \gamma_i x_i = 0 \quad (3.55)$$

Pré-Images dans un Espace Recentré

Du fait que les données projetées peuvent être recentrées, il faut dans ces cas pratiques utiliser les versions recentrées des fonctions de projection $\tilde{\phi}$ et noyau $\tilde{k}$.

$$\begin{aligned} \min_{f \in \mathbb{I}} \|\phi(f) - P_N \phi(z)\| &= \\ \min_{f \in \mathbb{I}} \|\tilde{\phi}(f) - P_N \tilde{\phi}(z) + \Omega_c\| &= \\ \min_{f \in \mathbb{I}} \left\| \tilde{k}(f, f) - 2 \sum_{k=1}^N \beta_k \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k \tilde{k}(f, x_i) \right) + \Omega'_c \right\| & \end{aligned} \quad (3.56)$$

Effectuer la minimisation dans l'espace recentré ou l'espace d'origine revient à minimiser une expression similaire. Toutefois, l'expression des dérivées des noyaux diffère et certaines propriétés disparaissent. On a désormais :

$$\rho(f) = \tilde{k}(f, f) - 2 \sum_{i=1}^M \gamma_i \tilde{k}(f, x_i) + \Omega'_c \quad (3.57)$$

avec $\gamma_i = \sum_{k=1}^N \beta_k \alpha_i^k$.

Si on exprime seulement les parties variables des noyaux recentrés, on a :

$$\text{var} \tilde{k}(x, x) = k(x, x) - \frac{2}{M} \sum_{j=1}^M k(x, x_j) \quad (3.58)$$

$$\text{var} \tilde{k}(x, x_i) = k(x, x_i) - \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M k(x, x_j) \quad (3.59)$$

L'expression précédente peut donc s'écrire :

$$\rho(f) = k(f, f) - \frac{2}{M} \sum_{j=1}^M k(f, x_j) - 2 \sum_{i=1}^M \gamma_i (k(f, x_i) - \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M k(f, x_j)) + \Omega'_c \quad (3.60)$$

$$\rho(f) = k(f, f) - 2 \sum_{i=1}^M k(f, x_i) \left(\gamma_i + \frac{1}{M} (1 - \sum_{j=1}^M \gamma_j) \right) + \Omega'_c \quad (3.61)$$

On retrouve donc le même type de minimisation, à la normalisation des coefficients γ près.

$$\rho(f) = k(f, f) - 2 \sum_{i=1}^M \tilde{\gamma}_i k(f, x_i) + \Omega'_c \quad (3.62)$$

$$\tilde{\gamma}_i = \gamma_i + \frac{1}{M} (1 - \sum_{j=1}^M \gamma_j) \quad (3.63)$$

3.4 Exemple : Modèle générique articulé du crâne

Dans cet exemple, nous illustrons la capacité de l'ACPN à modéliser des phénomènes réels. L'objectif est ici de modéliser à l'aide d'un faible nombre de paramètres le mouvement articulé de la mâchoire.

Afin de séparer l'anatomie du contrôle, on aimerait estimer la position de la mandibule indépendamment de sa forme. Cela prendrait en compte le caractère articulé des données et du modèle. En effet, les positions des mandibules des individus ayant servi à l'obtention des maillages génériques spécifiques aux sujets ne sont pas normalisées lors des scanners. La position de la mâchoire est un paramètre non-linéaire, on choisit donc d'appliquer l'ACPN plutôt qu'une ACP linéaire, afin de séparer les informations de position de la mâchoire des informations de forme.

3.4.1 Le Mouvement de la Mâchoire

Le mouvement de la mâchoire est un mouvement libre, restreint par la structure des muscles, des ligaments, les os et la morphologie des dents. A la fois lors de la parole et lors de la mastication, le mouvement de la mandibule intègre une combinaison de rotations et de translations, qui peut être décrite par seulement 4 degrés de liberté [88] (orientation du plan sagittal, positions horizontales et verticales, et orientation du plan coronal). Durant l'ouverture de la mâchoire, la mandibule tourne vers le bas et se translate vers l'avant et le bas. Lors de la fermeture, le motif s'inverse. Des mouvements latéraux sont observés, principalement lors de fermeture de la mâchoire pendant la mastication.

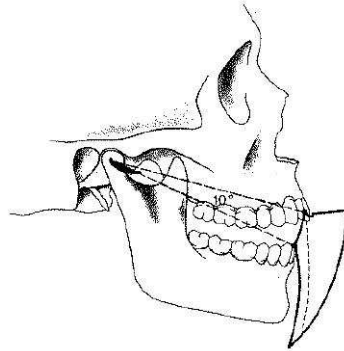


FIG. 3.4 – Schéma du déplacement de la mâchoire (extraite de [7])

Ces mouvements pouvant être décrits par 4 paramètres linéaires [89], nous espérons déterminer un paramètre non-linéaire décrivant les mouvements de la mâchoire, réduisant ainsi les degrés de liberté du mouvement de la mâchoire à un seul paramètre non-linéaire. Les données réelles étant limitées, on génère des données de synthèse, utilisant le modèle linéaire généré précédemment pour créer des variations anatomiques. Un mouvement simplifié de la mâchoire est produit, respectant la figure de Posselt [7] (figure 3.4). Ce mouvement est composé d'une rotation dans le plan mi-sagittal (d'amplitude très faible [88]) et de translations horizontales et verticales. On néglige les mouvements latéraux (non utiles pour la parole).

3.4.2 Modèle articulé du crâne

A partir des maillages recueillis dans le chapitre précédent, on réalise un ensemble de crânes de 4 individus dans 3 différentes positions de mâchoire, situées dans la figure de Poselt. Une modélisation en ACPN avec des noyaux gaussiens est utilisée et on cherche à corréler les valeurs de paramètres obtenus avec les angles d'ouverture donnés à la mâchoire ou avec les variations d'anatomie entre les individus.

Seuls 7 modes sont nécessaires pour représenter plus de 95% de la variance des échantillons de la base de données. Les trois premiers paramètres semblent être reliés aux variations de la forme du crâne, les trois suivants aux variations de forme de la mandibule. Cependant on remarque que de petits mouvements de la mandibule sont aussi décrits par ces paramètres. Par contre le septième paramètre décrit les mouvements de la mandibule sans aucune

variation de l'anatomie (figure 3.5). Le mouvement décrit par sa variation est proche de celui décrit par la figure 3.4.

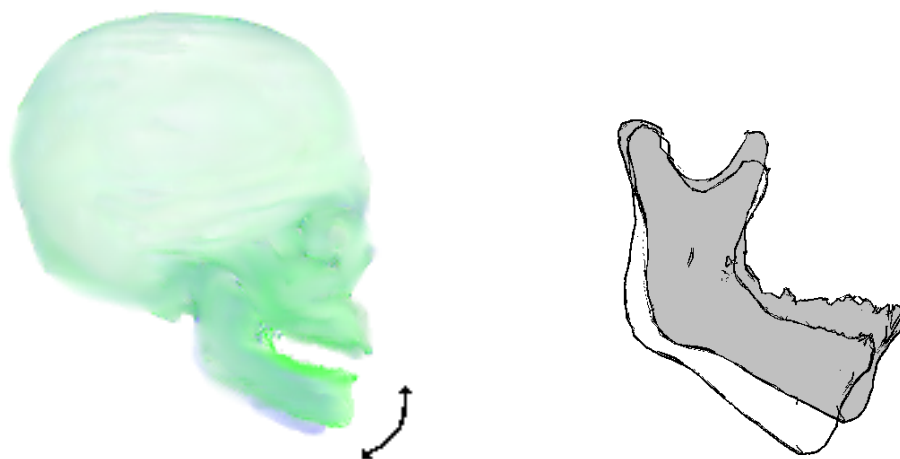


FIG. 3.5 – Variation du 7ième paramètre

3.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous nous sommes intéressés à l'extraction de la structure de données de hautes dimensions. En effet, il est intéressant de réduire à un petit nombre de caractéristiques la description d'un ensemble de données.

Parmi les méthodes non-linéaires, l'Analyse en Composantes Principales à Noyau (ACPN) projette les données dans un espace caractéristique à l'aide de fonctions de projection définies de manière explicite ou non et réalise une Analyse en Composantes Principales dans cet espace. Nous avons appliqué cette méthode à la modélisation d'un organe articulé (le crâne), à partir de quelques données mises en mouvement artificiellement. Cette modélisation s'est caractérisée par l'obtention d'un paramètre de variabilité propre au mouvement de la mandibule. La séparation aveugle des facteurs de forme et de mouvement est une des aptitudes nécessaires à la modélisation statistique des organes articulés.

La question de la **reconstruction** des données, exposée à ce chapitre pour l'ACP et l'ACP à Noyaux, sera élargie au chapitre suivant à la question de la **reconstruction**

partielle. Disposant du modèle statistique et d'une part seulement de la forme (la partie connue), comment prédire conjointement des paramètres décrivant la forme complète et la partie inconnue de la forme ?

Chapitre 4

Reconstruction partielle

4.1 Introduction

Nous nous sommes intéressés au problème de la modélisation statistique d'objets à des fins de reconnaissance. Un des axes les plus intéressants de ce point de vue a été initié par les eigenfaces de Pentland pour la classification de visages [55] et la représentation modale [90]. Les travaux de Cootes, sur les Active Shape Models (ASM) [91] et les Active Appearance Models (AAM) [92] ont ensuite introduit la notion de modèle statistique dans le processus de segmentation.

L'avantage essentiel d'un modèle est qu'il nous donne un pouvoir de compréhension des données déjà existantes, ainsi que de prédiction ou de généralisation des données futures. Il permet ainsi de raisonner sur cette représentation, de l'utiliser à des fins différentes.

L'image ou l'objet est représenté sous la forme d'un vecteur de scalaires, ce qui est une des contraintes les plus fortes de ces techniques. Par exemple, une forme sera représentée par un contour échantillonné par un nombre restreint de N points, appelés, sommets. Les coordonnées de ces sommets sont concaténées dans un vecteur. Une forme ou image est alors représentée par ce vecteur de $2N$ composantes en 2D ($3N$ en 3D) et correspond à un point dans l'espace vectoriel de même dimension que ce vecteur. L'ensemble d'apprentissage est constitué des formes et apparences disponibles de l'objet ou de l'image. Cet ensemble forme un nuage de points dans cet espace vectoriel.

Les modélisations statistiques, fondées sur une analyse en composantes principales de l'ensemble de données d'apprentissage, effectuent une réduction de l'espace de représentation, surtout dans le cas d'images. L'ACP définit un sous espace vectoriel pour lequel les axes (vecteurs propres) principaux, ordonnés selon les valeurs propres, mettent en évidence la structure, linéaire dans ce cas, des données. Les faibles valeurs propres correspondent en général à des informations inutiles, i.e. du bruit, et les axes correspondants peuvent être supprimés. De ce fait, un faible nombre de paramètres permet de définir et donc de reconstruire une forme ou une image. En traitement d'images et reconnaissance de formes, les applications classiques, sans être exhaustif, sont la compression de données, le débruitage, les contours actifs statistiques, la classification, la détection ou la synthèse et l'animation. Proche de notre problème, nous avons étendu ce formalisme de modélisation statistique et son utilisation au problème des données partiellement visibles.

La modélisation par ACP est une représentation linéaire par un faible nombre de variables. Dans de nombreux cas, les liens entre données ne sont pas linéaires et nous avons

aussi abordé les modélisations statistiques non linéaires sous l'angle de l'Analyse en Composantes Principales à Noyaux, issue des travaux de Vapnik sur la classification et des méthodes à noyaux. Le formalisme proposé à partir de l'ACP (linéaire) sera alors développé dans le cas de l'ACP à Noyaux (gaussiens et polynomiaux).

Une deuxième manière de voir le problème des données partiellement visibles est la prédiction de données à partir d'autres données connues. C'est la classique régression, avec les différentes variantes, dont les exemples dans le domaine économique, médical, l'assurance, l'analyse spectrométrique ou chimométrie sont fréquents. La principale difficulté posée par la régression linéaire est la colinéarité des données, qui rend le système instable. Elle est combattue par des formes plus élaborées telles que la régression sur composantes principales, la *Partial Least Regression* ou la *ridge regression*. Nous établirons les liens existant entre le formalisme de régression et celui de la modélisation statistique linéaire que nous avons proposée.

Une des facultés remarquables du système visuel humain est sa capacité à apprendre et à reconnaître des objets dans des environnements complexes. Il est remarquable de pouvoir effectivement identifier rapidement un même objet sous des couleurs ou dans des contextes différents. Dans une certaine mesure, nous sommes donc capable de retrouver des structures particulières dans des vastes ensembles de données (ou des relations spatiales dans le cas de coordonnées spatiales). La notion de structure peut être soit linéaire (la corrélation entre variables), soit non linéaire. Dans ce cas, nous nous heurtons à des difficultés simples (la malédiction de la dimensionalité) :

1. Plus on a de caractéristiques et plus il est probable d'y trouver l'information dont on a besoin, mais également d'y trouver du bruit.
2. Plus le nombre de caractéristiques est grand, plus il nous faudra d'entrées dans la base d'exemples pour des raisons de précision.

Il faut donc éliminer les variables inutiles et mettre les autres en valeur.

Les phénomènes physiques sont en général gouvernés par un petit nombre de variables devant le nombre d'observations. La redondance de la chaîne d'acquisition (bruit, faible variation des variables, variables corrélées), les techniques de réduction de la dimension permettent d'apprendre un modèle composé d'un faible nombre de variables.

Ce modèle peut être ensuite utilisé :

1. A des fins de classification. C'est à dire associer un label ou une information sé-

mantique à l'objet ou l'image. Dans ce cas, les techniques développées sont issues de l'analyse des données (séparateurs linéaires, LDA, SVM, etc...). Il s'agit alors de déterminer les paramètres du modèle à partir de l'image ou de l'objet initial et de classer ces paramètres par rapport à notre modèle.

2. pour la synthèse d'image, le débruitage ou la compression. Il utilise alors la notion de reconstruction, qui consiste à retrouver l'image ou l'objet initial à partir des valeurs des variables du modèle qui sont connues et à éliminer les variables inutiles.

Nous nous plaçons ici dans une situation intermédiaire où une partie de l'objet ou de l'image est connue et où nous devons déterminer, grâce à cette partie connue, à fois les paramètres du modèle et la partie manquante de l'objet. Dans la suite, ceci s'appellera la **reconstruction partielle**.

La reconstruction partielle a donc pour but d'estimer conjointement une partie inconnue des données dans l'espace d'origine et les paramètres de variabilité. Elle ne s'exprime donc pas à travers les relations proposées figure 3.3. Que ce soit en linéaire ou en non-linéaire, on peut plutôt la concevoir comme une boucle partant de et arrivant à l'espace d'origine.

Plan

Ce chapitre s'articule de la manière suivante :

1. La **reconstruction partielle pour un modèle linéaire** : théorie, liens avec la régression et illustration par des données de synthèse.
2. La **reconstruction partielle pour un modèle non-linéaire** : théorie et illustration par des données de synthèse.
3. **Application à des données réelles**

Ce chapitre est le résultat de travaux personnels publiés en conférences internationales [93, 94].

4.2 Reconstruction partielle - Modèle Linéaire

4.2.1 Modèle Linéaire et données manquantes

Soit un modèle linéaire décrit par sa forme moyenne $\bar{C}$ et les vecteurs propres V_i de la matrice de covariance de la base d'apprentissage. On peut décrire toute instance de l'objet à travers ce modèle. Soit C la partie connue et X la partie inconnue d'une instance de l'objet :

$$\begin{bmatrix} C_1 \\ \vdots \\ C_m \\ X_1 \\ \vdots \\ X_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \bar{C}_1 \\ \vdots \\ \bar{C}_m \\ \bar{C}_{m+1} \\ \vdots \\ \bar{C}_{n+m} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} V_{1,1} & \dots & V_{1,t} \\ \vdots & \dots & \vdots \\ V_{m,1} & \dots & V_{m,t} \\ V_{m+1,1} & \dots & V_{m+1,t} \\ \vdots & \dots & \vdots \\ V_{n+m,1} & \dots & V_{n+m,t} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_t \end{bmatrix} \quad (4.1)$$

Dans le cas où les n dernières coordonnées $(x_1, \dots, x_n)$ sont inconnues, on a alors un système composé de $t + n$ inconnues pour $n + m$ équations.

Ce système peut être exprimé sous forme matricielle avec les parties V_C de V et $\bar{C}_C$ de $\bar{C}$ correspondant aux données connues et les parties V_X de V et $\bar{C}_X$ de $\bar{C}$ aux données inconnues :

$$\begin{bmatrix} C \\ X \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \bar{C}_C \\ \bar{C}_X \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} V_C \\ V_X \end{bmatrix} [B] \quad (4.2)$$

Pour $t > m$, ce système est sous-déterminé et ne peut être résolu.

Reconstruction Partielle Simplifiée - RPS

Après reformulation de notre système, nous pouvons déterminer le vecteur b par les m premières équations.

$$\begin{bmatrix} C_1 - \bar{C}_1 \\ \vdots \\ C_m - \bar{C}_m \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_{1,1} & \dots & V_{1,t} \\ \vdots & \dots & \vdots \\ V_{m,1} & \dots & V_{m,t} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_t \end{bmatrix} \quad (4.3)$$

Si V_C ($V(1 \dots t, 1 \dots m)$) est inversible (ou en passant par une pseudo-inverse), on obtient pour b la solution suivante :

$$\begin{bmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_{1,1} & \dots & V_{1,n} \\ \vdots & \dots & \vdots \\ V_{m,1} & \dots & V_{m,n} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} C_1 - \bar{C}_1 \\ \vdots \\ C_m - \bar{C}_m \end{bmatrix} \quad (4.4)$$

Une fois b déterminé, les n dernières équations permettent de déterminer X .

$$\begin{bmatrix} X_1 \\ \vdots \\ X_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \bar{C}_{m+1} \\ \vdots \\ \bar{C}_{n+m} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} V_{m+1,1} & \dots & V_{m+1,n} \\ \vdots & \dots & \vdots \\ V_{n+m,1} & \dots & V_{n+m,n} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_n \end{bmatrix} \quad (4.5)$$

On remarque que la partie de V_X correspondant aux données manquantes n'intervient pas dans le calcul des paramètres de variabilité b . Si l'on exprime le résultat sous forme matricielle, on obtient les équations suivantes (4.6) :

$$\begin{aligned} RPS : \quad & B = V_C^{-1}(C - \bar{C}) \\ & X = \bar{C}_X + V_X V_C^{-1}(C - \bar{C}) \end{aligned} \quad (4.6)$$

Pour $t=m$, la solution est exacte. On a $n + m$ inconnues pour $n + m$ équations. La Reconstruction Partielle Simple (RPS) est donc une extension de ce cas.

Reconstruction Partielle Complète - RPC

La Reconstruction Partielle Complète (RPC) prend en compte le caractère surdéterminé du système pour $t < m$. La solution est alors donnée par une minimisation au sens des moindres carrés.

Le système peut s'exprimer sous la forme suivante :

$$\begin{bmatrix} C_1 - \bar{C}_1 \\ \vdots \\ C_m - \bar{C}_m \\ -\bar{C}_{m+1} \\ \vdots \\ -\bar{C}_{n+m} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_{1,1} & \dots & V_{1,t} & 0 & \dots & 0 \\ \vdots & \dots & \vdots & \vdots & \dots & \vdots \\ V_{n,1} & \dots & V_{n,t} & 0 & \dots & 0 \\ V_{n+1,1} & \dots & V_{n+1,t} & -1 & \dots & 0 \\ \vdots & \dots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ V_{n+m,1} & \dots & V_{n+m,t} & 0 & \dots & -1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_t \\ X_1 \\ \vdots \\ X_n \end{bmatrix} \quad (4.7)$$

On repose le système précédent (pour des données centrées) sous forme matricielle :

$$\begin{bmatrix} C \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_C & 0 \\ V_X & -Id \end{bmatrix} \begin{bmatrix} B \\ X \end{bmatrix} \text{ ou } T = MZ \quad (4.8)$$

La fonction de coût associée à la minimisation de l'équation précédente est :

$$J(B, X) = [C - V_C B \quad -X + V_X B] \begin{bmatrix} C - V_C B \\ -X + V_X B \end{bmatrix} \quad (4.9)$$

qui s'écrit

$$\begin{aligned} J(Z) &= \|T - MZ\|^2 \\ &= T'T - T'MZ - Z'M'T + Z'M'MZ \\ &= T'T - 2T'MZ + Z'M'MZ \end{aligned} \quad (4.10)$$

Comme $[V_C V_X]$ est une base orthonormée, $M'M$ prend la forme suivante :

$$M'M = \begin{bmatrix} V'_C & V'_X \\ 0 & -1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} V_C & 0 \\ V_X & -1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Id & -V'_X \\ -V_X & Id \end{bmatrix} \quad (4.11)$$

On a donc :

$$J(B, X) = C'C - 2B'V'_C C + X'X - 2B'V'_X X + B'B \quad (4.12)$$

Si les dérivées respectives par rapport à B et X sont nulles :

$$\begin{aligned} \frac{\partial J(B, X)}{\partial B} &= -2V'_C C + 2B - 2V'_X X = 0 \\ B &= V'_C C + V'_X X \end{aligned} \quad (4.13)$$

$$\begin{aligned} \frac{\partial J(B, X)}{\partial X} &= -2V_X B + 2X = 0 \\ X &= V_X B \end{aligned} \quad (4.14)$$

d'où les équations suivantes (4.15), comparables aux équations de la RPS (4.6) :

$$\begin{aligned} RPC \quad B &= (Id - V'_X V_X)^{-1} V'_C (C - \bar{C}_C) \\ X &= \bar{C}_X + V_X (Id - V'_X V_X)^{-1} V'_C C \end{aligned} \quad (4.15)$$

Remarques :

- La matrice $[Id - V_X' V_X]$ est toujours inversible, car symétrique et positive.
- Les éléments diagonaux de $[Id - V_X' V_X]$ sont égaux à $1 - \sum_{i=n+1}^{n+m} V_d(i)^2$ avec V_d le dième vecteur propre. La base des vecteurs propres (V) étant orthonormée, on a $1 - \sum_{i=n+1}^{n+m} V_d(i)^2 = \sum_{i=1}^n V_d(i)^2$.
- Les autres éléments de $[Id - V_X' V_X]$ sont égaux à $-\sum_{i=n+1}^{n+m} V_d(i) V_e(i)$ avec V_d et V_e deux vecteurs propres différents. La base des vecteurs propres (V) étant orthonormée, on a $-\sum_{i=n+1}^{n+m} V_d(i) V_e(i) = \sum_{i=1}^n V_d(i) V_e(i)$.

Donc la matrice $[Id - V_X' V_X]$ est égale à $V_C' V_C$ et l'équation 4.15 peut aussi s'écrire :

$$\begin{aligned} RPC \quad B &= (V_C' V_C)^{-1} V_C' (C - \bar{C}_C) \\ X &= \bar{C}_X + V_X (V_C' V_C)^{-1} V_C' C \end{aligned} \quad (4.16)$$

Il est donc possible de trouver une solution X appartenant à notre modèle, dont une partie C est connue a priori.

Reconstruction Partielle Régularisée - RPR

La version précédente ne contient aucune contrainte sur les valeurs des paramètres du modèle. De ce fait en présence de bruit sur les données connues, les solutions minimales peuvent être éloignées de la solution réelle. Par exemple, si dans la partie connue se trouve une valeur aberrante, la solution trouvée sera très éloignée du modèle.

L'hypothèse classique est de contraindre les paramètres de variabilité b à rester dans l'hypothèse gaussienne, i.e. $-3\lambda_i < b_i < 3\lambda_i$. Une première régularisation possible est donc de saturer les paramètres à $\pm 3\lambda_i$. Une deuxième fonction de régularisation consiste à pondérer la fonction de coût définissant l'écart minimal avec un coût dépendant des valeurs des paramètres b_i . Le terme à utiliser doit être positif et prendre en considération la dispersion sur l'axe associé. Les paramètres d'un axe sur lequel la dispersion est forte (grande valeur de λ) seront normalement plus grands que les axes à faibles valeurs propres. On utilise donc $\sum_i \frac{b_i}{\lambda_i^2}$. La fonction de coût associée à la minimisation est alors :

$$J(Z) = \|T - MZ\|^2 + \Lambda_{-1} B' B \quad (4.17)$$

avec Λ_{-1} matrice diagonale contenant l'inverse des valeurs propres de l'équation aux valeurs propres. Les conditions nécessaires à un minimum donne les équations suivantes :

$$\begin{aligned} RPR \quad B &= (Id - \Lambda_{-1} - V_X' V_X)^{-1} V_C' C \\ X &= V_X (Id - \Lambda_{-1} - V_X' V_X)^{-1} V_C' C \end{aligned} \quad (4.18)$$

4.2.2 Liens avec la régression

La régression cherche à établir un lien entre deux ensembles de variables, que l'on peut associer à nos données connues et inconnues. Ce lien entre les données est souvent considéré comme linéaire et le nombre d'inconnues variable. De nombreux échantillons ou réalisations des deux ensembles sont disponibles.

Trois méthodes de régression seront transposées dans notre formalisme issu de la modélisation afin de comparer les résultats théoriques obtenus entre ces méthodes et l'approche données manquantes issue de l'usage d'un modèle statistique linéaire (sous-jacent dans la régression) : la régression linéaire, la régression en composantes principales et la régression par analyse des valeurs latentes. Pour toutes ces méthodes la dimension de la variable inconnue x sera 1 pour faciliter la comparaison entre les méthodes.

Rappel : Principes et problèmes de la régression linéaire

On cherche classiquement à expliquer la relation entre 2 variables x et y [95], où x est la variable connue ou explicative et y la variable dépendante ou expliquée. Dans notre formalisme x correspond aux données connues C , y aux données manquantes ou inconnues x . Pour x de dimension 1, on cherche à décrire x en fonction de C sous la forme suivante :

$$x = b_0 + \sum_{j=1}^p b_j C_j + \epsilon \quad (4.19)$$

La solution donnée par les moindres carrés est définie ainsi :

$$\hat{x} = Cb \quad (4.20)$$

Les coefficients de régression b sont déterminés par l'équation suivante sur la base d'apprentissage :

$$b = (C' C)^{-1} C' x \quad (4.21)$$

$$\hat{x} = C(C'C)^{-1}C'x \quad (4.22)$$

Les deux problèmes essentiels posés par la régression linéaire classique sont mathématiquement visibles dans cette formule.

Premièrement $C'C$ n'est pas forcément inversible : c'est le problème de la colinéarité (ou de la multicollinéarité) où les variables sont quasi-colinéaires du fait du bruit associé aux données [96, 97].

Deuxièmement si $C'x$ est mal conditionné le système est inconstant et instable. C'est le cas lorsque les valeurs de x n'ont pas assez de variabilité.

Toutes les méthodes de régression tentent de résoudre ces deux problèmes.

Comparaison avec les données manquantes

Le formalisme de la régression étant transposé par rapport à celui utilisé précédemment, on obtient donc le modèle issu de la régression suivant :

$$\beta_R = x'C(C'C)^{-1} \quad (4.23)$$

que l'on peut comparer à la formule trouvée précédemment dans le cas d'une partie inconnue de dimension 1 :

$$\beta_M = V_X(V'_C V_C)^{-1}V'_C$$

Par définition on a : $C'C = nV_C\Delta_p V'_C$ et $x'C = nV_X\Delta_p V'_C$ avec Δ_p matrice diagonale contenant les p valeurs propres de la matrice de covariance. $C'C$ et $x'C$ correspondent en effet à des blocs de la matrice de covariance au coefficient $\frac{1}{n}$ prêt. L'équation de la régression devient :

$$\beta_R = V_X\Delta_p V'_C(V_C\Delta_p V'_C)^{-1} \quad (4.24)$$

Les deux termes $(V'_C V_C)^{-1}V'_C$ et $\Delta_p V'_C(V_C\Delta_p V'_C)^{-1}$ sont les transposés l'un de l'autre, pour des valeurs propres equiréparties ($\Delta_p = Id_p$). La prise en compte de la colinéarité n'est pas effectuée dans le cadre de la régression linéaire. Si les matrices V_C sont inversibles (ce qu'elles ne sont pas forcément), on obtient le résultat suivant :

$$\beta_R = V_X\Delta_p V'_C V_C^{-1} \Delta_p^{-1} V_C^{-1} \quad (4.25)$$

$$\beta_R = V_X V_C^{-1} \quad (4.26)$$

qui conserve aussi l'orthogonalité de la base, résultat que l'on obtiendrait aussi par les données manquantes avec cette simplification.

Régression par composantes principales

L'objectif de la régression par composantes principales [95] est de réduire le problème de la colinéarité (ie $C'C$ inversible). La première étape de la régression par composantes principales consiste à appliquer une analyse en composantes principales aux données connues (C), par exemple des échantillons de calibrations, par le biais d'une décomposition en valeurs singulières. (Afin de pouvoir comparer les formalismes de la régression et ceux de la modélisation, les formules de la régression en composantes principales ont été transposées.)

$$C = V_{\hat{C}} \Delta_{\hat{C}} U_{\hat{C}}^t \quad (4.27)$$

Avec C , matrice $n \times m$ (m échantillons de n coordonnées), $V_{\hat{C}}$ de taille $n \times n$, $\Delta_{\hat{C}}$ de taille $m \times m$ et $U_{\hat{C}}$ de taille $m \times m$, en assumant que $m > n$. Les matrices sont ensuite tronquées au pseudo-rang de C p , le nombre de composantes observables indépendamment. C'est cette troncature qui permet de supprimer la colinéarité. Les matrices tronquées sont différenciées par les signes $\sim$.

On pose alors $\tilde{T} = \tilde{\Delta}_{\hat{C}} U_{\hat{C}}^t$ ce qui revient en terme de modélisation à :

$$C = \tilde{V}_{\hat{C}} \tilde{T} + E \quad (4.28)$$

On retrouve bien là la définition d'un modèle linéaire, avec $\tilde{T}$ correspondant aux paramètres de variabilité. La régression est menée à bien en projetant les données inconnues x dans le sous-espace déterminé par l'ACP. Elle assume un modèle de la forme suivante :

$$x = q\tilde{T} + f \quad (4.29)$$

La solution au sens des moindres carrés à ce problème est donnée par :

$$\hat{q} = x\tilde{T}^t(\tilde{T}^t\tilde{T})^{-1} = x\tilde{U}\tilde{\Delta}_{\hat{C}}^{-1} \quad (4.30)$$

Lors de la prédiction, on a :

$$\hat{t} = \tilde{V}_{\hat{C}}' \hat{C} \quad (4.31)$$

Etape 1 : estimation des paramètres de variabilité.

$$\hat{x} = \hat{q}\hat{t} \quad (4.32)$$

Etape 2 : estimation de la partie inconnue à partir des paramètres de variabilité et de la relation apprise entre la partie inconnue et la partie connue ($\hat{q}$).

Le plus souvent, l'étape intermédiaire de calcul des paramètres de variabilité est intégrée directement à l'estimation des données manquantes :

$$\hat{x} = \hat{b}\hat{C} \quad (4.33)$$

$$\hat{b} = \hat{q}\tilde{V}'_{\hat{C}} = x\tilde{U}_{\hat{C}}\tilde{\Delta}_{\hat{C}}^{-1}\tilde{V}'_{\hat{C}} \quad (4.34)$$

$\hat{b}$ est à comparer à $\beta_M = V_X(V'_C V_C)^{-1}V'_C$ qui a le même rôle dans le cas du modèle linéaire avec données manquantes. Outre la présence de l'inverse de la matrice de valeurs propres $\tilde{\Delta}_{\hat{C}}$, la différence essentielle se situe dans le fait que les matrices des vecteurs propres V_C et $\tilde{V}_{\hat{C}}$ ne décrivent pas les mêmes espaces.

Régression par moindres carrés partiels (PLS)

Dans la régression PLS, la construction des composantes est influencée à la fois par les données prédictives (connues) (C) et à prédire (inconnues) (x). Comme dans notre solution, la régression PLS mène itérativement une ACP sur l'ensemble des variables connues, sous la contrainte que ces variables sont aussi utiles que possibles pour prédire la partie inconnue. Les composantes PLS sont optimisées pour être prédictives de x alors que les composantes principales (issues de l'ACP) ne font qu'extraire le maximum de variance des prédicteurs sans tenir compte de x , dans le cas de la régression en composantes principales.

$$t = wC \quad (4.35)$$

On maximise le critère de Tucker : $\max cov^2(x, wC)$. La solution utilisée est de prendre les w_{1j} proportionnels aux covariances $cov(x, C_j)$. On a donc :

$$x = b_1 t_1 + x_1 \quad (4.36)$$

On réitère le procédé : régression de x_1 sur les résidus des c_j avec t_1 . etc ...

Cette méthode de régression n'est pas comparable avec notre formalisme, bien que les idées de base soient similaires. De plus, le problème de colinéarité entre prédicteurs n'est pas pris en compte.

Régression par Analyse des Valeurs Latentes

La régression par analyse des valeurs latentes (LRR) [98, 99] est une approche de régression développée pour répondre aux problèmes engendrés par une éventuelle quasi-colinéarité entre prédicteurs. Elle repose sur l'ACP de la matrice concaténant les données

connues (prédicatives) et inconnues (à prédire). On obtient donc un modèle similaire à celui obtenu par la Reconstruction Partielle Complète (équations 4.15).

$$[C|x]^t = Vb \quad (4.37)$$

On peut de même partitionner les vecteurs propres en V_C et V_X . Le vecteur de regression est alors donné par :

$$\hat{b} = V_X(V_C'V_C)^{-1}V_C' \quad (4.38)$$

Le vecteur régression obtenu par la régression par analyse des valeurs latentes correspond donc à la solution trouvée pour le modèle linéaire avec données manquantes. Une extension du principe LRR a également été proposée. Le modèle, appelé modèle de régression sur composantes principales contraintes est construit à partir d'un tableau concaténant l'information à prédire, affectée d'un coefficient de pondération α , et l'information prédictrice pondérée d'un coefficient $1 - \alpha$.

La Régression ridge

Pour traiter le problème de la colinéarité i.e. la quasi-inversibilité de $C'C$, la régression ridge [95] utilise le fait que si $C'C$ est mal conditionné (i.e. $\frac{\lambda_1}{\lambda_n}$ très grand) alors $C'C + \lambda Id$ (de valeurs propres $\lambda_1 + \lambda$ à $\lambda_n + \lambda$) ne l'est pas. La régression ridge peut être vue comme une approche bayésienne de la régression, comme une régression à coefficients bornés (minimisation de $\|x - bC\|^2$ sous $\|b\|^2 < coef^2$) ou encore comme utilisant un estimateur d'erreur minimale. Les coefficients trouvés sont de la forme :

$$b_{ridge} = xC(C'C + kId)^{-1} \quad (4.39)$$

Conclusions

Dans le cas de données inconnues de dimension 1, notre modèle statistique linéaire avec données manquantes est donc proche de la régression par valeurs latentes, qui se trouve peu utilisée. La présentation sous forme de modèle statistique présente l'avantage de raisonner explicitement sur le modèle et son utilisation. Ce formalisme gère aussi les problèmes de colinéarité des prédicteurs et des prédictions. En particulier, il permet de s'intéresser à la synthèse de formes ce que ne permet pas la régression. Il permet aussi d'envisager un ordre quelconque des prédicteurs.

Par ailleurs, ce formalisme nous a permis d'intégrer facilement une méthode explicite de régularisation, qui assure une certaine stabilité au modèle, même dans le cas de bruit important sur les données.

4.2.3 Illustration des méthodes RPS et RPC avec des données synthétiques linéaires

Protocole

Nous pouvons générer des jeux de données respectant les contraintes du modèle linéaire ($C = Vb$). On génère chaque jeu à partir d'une base orthonormée de 1000 vecteurs (V) et de 200 vecteurs aléatoires (b) de taille 20 suivant une distribution gaussienne. Avec ces deux éléments, on obtient une base d'apprentissage et une base de test, chacune composée de 100 individus définis sur 1000 coordonnées et décrits par 20 paramètres. Chaque paramètre de variabilité a la même importance (même valeurs propres). Enfin, nous avons généré 100 jeux de données différents.

On peut calculer trois erreurs lors d'une reconstruction partielle :

1. l'erreur de reconstruction de la partie connue
2. l'erreur de reconstruction partielle (de la partie inconnue)
3. l'erreur d'estimation des paramètres de variabilité

La détermination des paramètres de variabilité b conditionne celle de la partie manquante X quelle que soit la méthode de reconstruction partielle (RPS, RPC) utilisée. On dispose donc de 2 espaces de calcul de l'erreur relative aux données manquantes.

Le ratio entre les données connues et inconnues influe sur la précision des estimations des paramètres de variabilité et de la partie inconnue. Nous avons fait varier ce ratio, des ratios de 10%, 50% et 90 % de données inconnues, ainsi que le nombre de paramètres de variabilité conservé par le modèle.

Résultats

Les résultats de la méthode RPC (équation 4.15) sont donc comparés aux résultats donnés par la méthode RPS (équation 4.6).

Les figures 4.1 et 4.2 montrent respectivement l'erreur d'estimation des données manquantes X et des paramètres de variabilité b pour 3 taux de données manquantes différents (10%, 50%, 90%), pour un nombre de paramètres variables (de 1 à 20 comme le

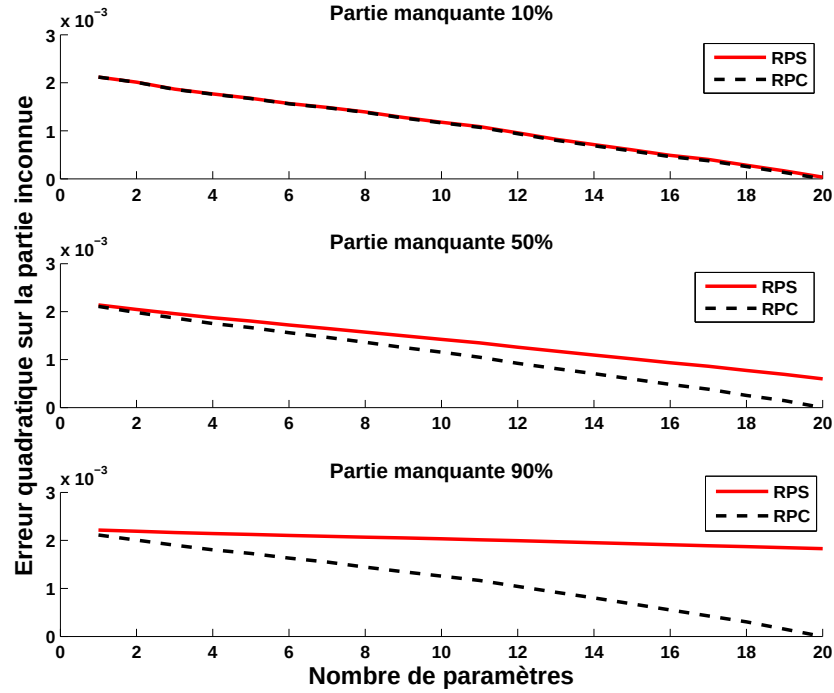
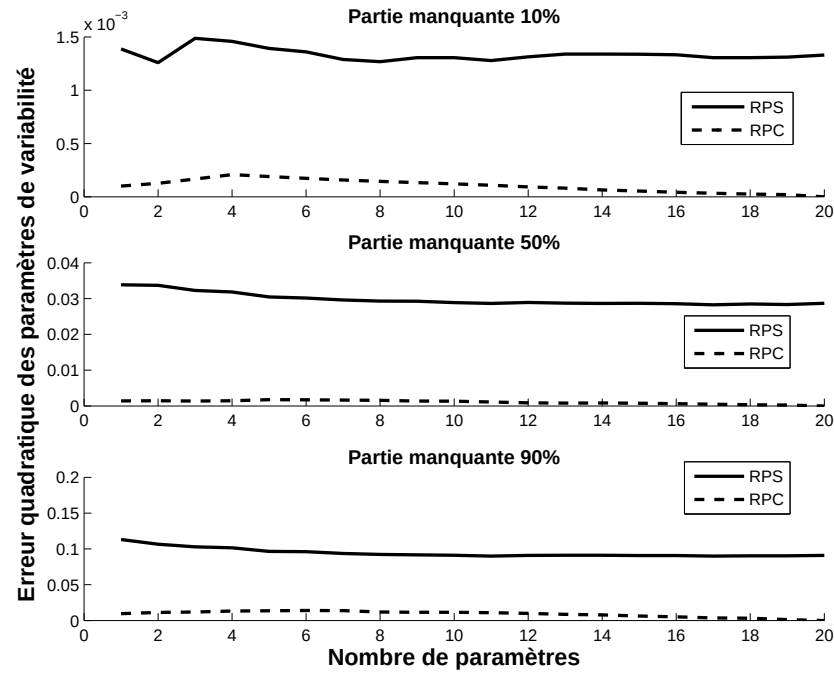
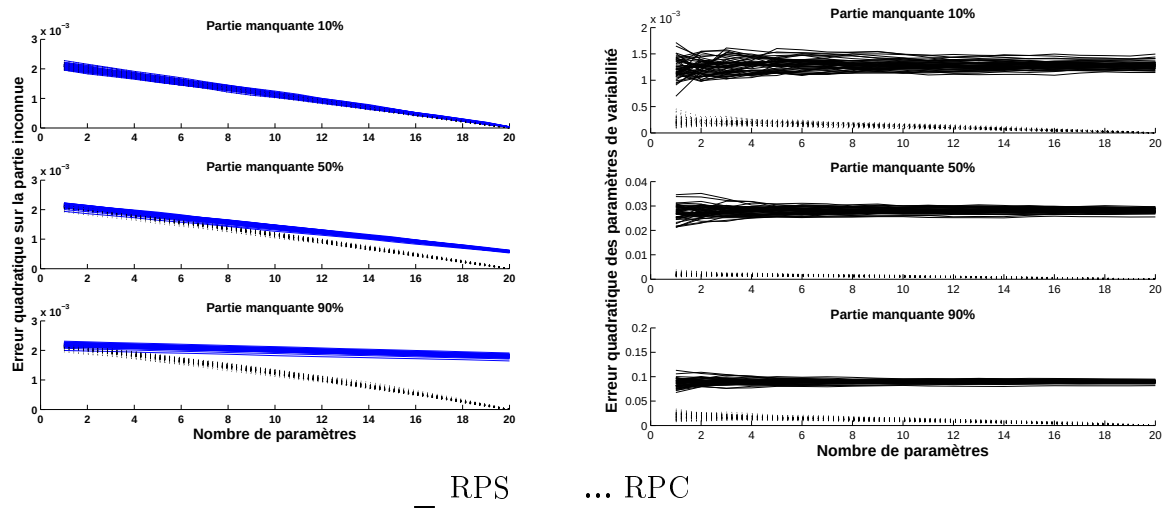


FIG. 4.1 – Erreurs d'estimation de x pour différents taux de données manquantes

nombre de valeurs propres du modèle) sur un seul jeu de données. La figure 4.3 présente les résultats obtenus pour les 100 jeux de données générés (faisceaux de courbes).

Les valeurs propres étant égales, la courbe théorique de l'erreur de reconstruction partielle (figure 4.1) est une droite. On retrouve cette allure dans la reconstruction partielle simple pour un taux de 10%. Plus le taux de données manquantes augmente plus l'estimation de X par la reconstruction partielle simple ($b = V_C C$, équation 4.6) tend vers une erreur d'estimation constante, contrairement à la reconstruction partielle complète qui reste proche de l'allure théorique (la courbe n'est pas une droite, on a besoin d'un certain nombre de paramètres pour une bonne estimation).

Ces différences sont mieux perçues dans l'espace paramétrique. Comme on peut le voir figure 4.2, les erreurs d'estimation des paramètres de variabilité augmentent avec le taux de données manquantes et restent constantes quel que soit le nombre de paramètres. L'erreur obtenue en reconstruction partielle simple est toujours très supérieure à celle obtenue en reconstruction partielle complète.

FIG. 4.2 – Erreurs d'estimation de b pour différents taux de données manquantesFIG. 4.3 – Erreurs d'estimation de x (gauche) et b (droite) pour tous les jeux de données

Pour l'ensemble des jeux de données (fig. 4.3), la variance des estimations est plus resserrée pour la méthode RPC que pour la méthode RPS.

4.3 Reconstruction Partielle - Modèle non-linéaire

4.3.1 La reconstruction partielle pour l'ACP à Noyaux

Il faut déterminer conjointement les paramètres β et la partie inconnue de l'objet. A la différence de l'équation 3.37

$$\min_{f_x \in \mathbb{I}, \beta} \|\phi(f) - P_N \phi(f)\| \quad (4.40)$$

$$\begin{aligned} \rho(f, \beta) &= \|\phi(f)\|^2 - 2\phi(f) \bullet P_N \phi(f) + \|P_N \phi(f)\|^2 \\ &= \|\phi(f)\|^2 - \|P_N \phi(f)\|^2 \end{aligned} \quad (4.41)$$

En utilisant l'astuce noyau, on arrive à la forme suivante :

$$\rho(f, \beta) = k(f, f) - \sum_{k=1}^N \beta_k^2 \quad (4.42)$$

Si on dérive par rapport à β_k , on obtient :

$$\nabla_{\beta_k} \rho(f, \beta) = \nabla_{\beta_k} k(f, f) - 2\beta_k = 0 \quad (4.43)$$

On peut exprimer la partie de $k(f, f)$ dépendante de β_k par $\|P_k \phi(f)\|^2 = \left\| \sum_{i=1}^M \alpha_i^k k(f, x_i) \right\|^2$. Les β_k qui correspondent à des extrema de la quantité à minimiser, correspondent donc à leur définition. Ainsi, on peut exprimer 4.41 seulement en fonction des parties connues et inconnues des données f_x .

$$\rho(f) = k(f, f) - \sum_{k=1}^N \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k k(f, x_i) \right)^2 \quad (4.44)$$

$$\nabla_f \rho(f) = \nabla_f k(f, f) - 2 \sum_{k=1}^N \left(\left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k \nabla_f k(f, x_i) \right) \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k k(f, x_i) \right) \right) \quad (4.45)$$

Noyau Gaussien

Pour un noyau Gaussien, $k(f, f)$ est constant et le noyau est le produit de termes correspondant aux parties connues et inconnues de f ($k(f, x) = k_x(f_x, x_x) k_c(f_c, x_c)$). En posant $\hat{\alpha}_i^k = \alpha_i^k k_c(f_c, x_i)$, 4.41 devient :

$$\rho(f) = - \sum_{k=1}^N \left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k_x(f_x, x_{xi}) \right)^2 \quad (4.46)$$

$$\nabla_{f_x} \rho(f_x) = \sum_{k=1}^N \left(\left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k'_x(f_x, x_{xi})(f_x - x_{xi}) \right) \left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k_x(f_x, x_{xi}) \right) \right) = 0 \quad (4.47)$$

On arrive à la condition nécessaire suivante :

$$f_x = \frac{\sum_{k=1}^N \left(\left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k'_x(f_x, x_{xi}) x_{xi} \right) \left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k_x(f_x, x_{xi}) \right) \right)}{\sum_{k=1}^N \left(\left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k'_x(f_x, x_{xi}) \right) \left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k_x(f_x, x_{xi}) \right) \right)} \quad (4.48)$$

Si l'on prend en compte $k' = ck$ constante due à la dérivation, on arrive à la solution suivante :

$$f_x = \frac{\sum_{k=1}^N \left(\left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k_x(f_x, x_{xi}) \right) \left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k_x(f_x, x_{xi}) x_{xi} \right) \right)}{\sum_{k=1}^N \left(\left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k_x(f_x, x_{xi}) \right)^2 \right)} \quad (4.49)$$

En introduisant $\hat{\beta}_k = \sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k_x(f_x, x_{xi})$, l'estimation de β pour un f donné, la condition nécessaire à un extremum peut être mise sous la forme suivante :

$$f_x = \frac{\sum_{i=1}^M k_x(f_x, x_{xi}) \left(\sum_{k=1}^N \hat{\alpha}_i^k \hat{\beta}_k \right) x_{xi}}{\sum_{k=1}^N \hat{\beta}_k^2} \quad (4.50)$$

On obtient un numérateur de même forme que pour la reconstruction (complète), les différences se situant au niveau du dénominateur. Les mêmes méthodes peuvent être utilisées pour déterminer la partie inconnue des données que pour la reconstruction complète.

Noyau Polynomial

Dans le cas des noyaux polynomiaux, les données connues et inconnues forment des produits croisés qui rendent difficile l'obtention d'une formule de minimisation pour un degré d quelconque analogue à celle de la minimisation.

Comme dans le cas de la PréImage, on peut néanmoins développer l'expression de la minimisation pour les noyaux polynomiaux de degré 1 et 2.

◦ *Noyaux Polynomiaux de degré 1*

Pour un espace de projection recentré, la fonction de projection correspond à l'identité.

L'expression à minimiser est alors la suivante :

$$\rho(f) = (f \bullet f) - \sum_{k=1}^N \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k (f \bullet x_i) \right)^2 \quad (4.51)$$

La dérivée doit s'annuler :

$$\nabla_f \rho(f) = 2f - 2 \sum_{k=1}^N \left(\left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_i \right) \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k (f \bullet x_i) \right) \right) = 0 \quad (4.52)$$

On sépare f entre sa partie connue c et sa partie inconnue x ($f = (c|x)$) :

$$x - \sum_{k=1}^N \left(\left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{xi} \right) \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k (c \bullet x_{ci} + x_{xi} \bullet x) \right) \right) = 0 \quad (4.53)$$

Pour une coordonnée inconnue x_l

$$x_l \left(1 - \sum_{k=1}^N \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{xi} \right)^2 \right) = \sum_{k=1}^N \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{xi} \right) \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{ci} \bullet c \right) \quad (4.54)$$

On obtient donc la solution suivante :

$$x = \frac{\sum_{k=1}^N \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{xi} \right) \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{ci} \bullet c \right)}{\left(1 - \sum_{k=1}^N \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{xi} \right)^2 \right)} \quad (4.55)$$

Si l'on cherche à revenir au formalisme de l'ACP en utilisant l'équation 3.34, on obtient le résultat suivant :

$$x_l = \frac{\sum_{k=1}^N V_X^{kl} (V_C^k \bullet c)}{\left(1 - \sum_{k=1}^N (V_X^{kl})^2 \right)} \quad (4.56)$$

On retrouve bien la même minimisation que pour un modèle linéaire avec des données manquantes.

◦ *Noyaux Polynomiaux de degré 2*

L'expression à minimiser est alors la suivante :

$$\rho(f) = (1 + f \bullet f)^2 - \sum_{k=1}^N \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k (1 + f \bullet x_i)^2 \right)^2 \quad (4.57)$$

On sépare f entre sa partie connue c et sa partie inconnue x :

$$\rho(x) = (1 + c \bullet c + x \bullet x')^2 - \sum_{k=1}^N \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k (1 + c \bullet x_{ci} + x \bullet x_{xi})^2 \right)^2 \quad (4.58)$$

La dérivée doit s'annuler par rapport à la partie inconnue x :

$$\nabla_x \rho(x) = 4x(1 + x \bullet x) - 2 \sum_{k=1}^N \left(2 \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{xi} \right) \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k (1 + c \bullet x_{ci} + x \bullet x_{xi})^2 \right) \right) = 0 \quad (4.59)$$

Pour une coordonnée inconnue x_l , en posant $\tau = \frac{1+c \bullet x_{ci}}{x_{li}}$

$$x_l^3 + x_l - \sum_{k=1}^N \left(\left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{li} \right) \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{li}^2 (\tau + x_l)^2 \right) \right) = 0 \quad (4.60)$$

$$x_l^3 + x_l - \sum_{k=1}^N \left(\left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{li} \right) \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k x_{li}^2 (\tau^2 + 2\tau x_l + x_l^2) \right) \right) = 0 \quad (4.61)$$

Les solutions x , parties inconnues de f , sont obtenues par une minimisation numérique par descente de gradient. Le gradient est un polynôme de degré 3 et il n'y a pas de solution analytique directe. L'initialisation de la minimisation par descente de gradient peut être donnée par la forme moyenne du modèle pour la partie inconnue.

Espace Recentré

Comme pour la reconstruction complète, il faut étudier la reconstruction partielle dans un espace recentré, qui est le cas le plus fréquemment rencontré. La forme de la minimisation de la reconstruction partielle est la même :

$$\rho(f) = \tilde{k}(f, f) - \sum_{k=1}^N \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k \tilde{k}(f, x_i) \right)^2 \quad (4.62)$$

On exprime seulement les parties variables des noyaux :

$$\rho(f) = k(f, f) - \frac{2}{M} \sum_{j=1}^M k(f, x_j) - \sum_{k=1}^N \left(\sum_{i=1}^M \alpha_i^k (k(f, x_i) - \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M k(f, x_j)) \right)^2 \quad (4.63)$$

soit :

$$\rho(f) = k(f, f) - \frac{2}{M} \sum_{j=1}^M k(f, x_j) - \sum_{k=1}^N \left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k(f, x_i) \right)^2 \quad (4.64)$$

avec $\hat{\alpha}_i^k = \alpha_i^k - \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M \alpha_i^k$.

Le gradient par rapport à f est alors :

$$\nabla_f \rho(f) = \nabla_f k(f, f) - \frac{2}{M} \sum_{i=1}^M \nabla_f k(f, x_i) - 2 \sum_{k=1}^N \left(\left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k \nabla_f k(f, x_i) \right) \left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k(f, x_i) \right) \right) \quad (4.65)$$

Dans le cas du Noyau gaussien, on a $k(f, f) = 0$, $\nabla_f k(f, x_i) = k'(f, x_i)(f - x_i) = ck(f, x_i)(f - x_i)$. On cherche la condition nécessaire pour un extremum.

$$\nabla_f \rho(f) = -\frac{2}{M} \sum_{i=1}^M k'(f, x_i)(f - x_i) - 2 \sum_{k=1}^N \left(\left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k'(f, x_i)(f - x_i) \right) \left(\sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k(f, x_i) \right) \right) = 0 \quad (4.66)$$

$$f = \frac{\sum_{i=1}^M k(f, x_i) x_i \left(\frac{1}{M} + \sum_{k=1}^N \hat{\beta}_k \hat{\alpha}_i^k \right)}{\frac{1}{M} \sum_{i=1}^M k(f, x_i) + \sum_{k=1}^N \hat{\beta}_k^2} \quad (4.67)$$

avec $\hat{\beta}_k = \sum_{i=1}^M \hat{\alpha}_i^k k(f, x_i)$. Cette formule a un numérateur proche de celle trouvée pour la reconstruction complète avec un numérateur en β_k^2 dû aux données manquantes.

Pour les noyaux polynomiaux, on utilisera une minimisation numérique de l'équation 4.65.

4.3.2 Expérimentation sur des données synthétiques quadratiques

On crée des données de synthèse simples : des données quadratiques, dans notre cas un pan d'ellipse dont l'une des deux coordonnées s'avèrera manquante (voir fig. 4.4). Le système est décrit par 2 paramètres de variabilité. Projeté dans l'espace caractéristique correspondant à un polynôme d'ordre 2, il présente de fortes linéarités entre certaines coordonnées (particulièrement entre x^2 et y^2).

500 points sont générés sur un pan d'ellipse et auxquels du bruit est ajouté. On définit la base d'apprentissage sur 250 des points de l'ellipse et la base de test sur les 250 autres. Les échantillons des deux bases sont reconstruits connaissant seulement l'une des coordonnées (x). Nous comparons pour un nombre de paramètres variable, la qualité et l'allure des reconstructions complètes et partielles. L'usage des deux bases de données permet de tester la capacité de généralisation du modèle et d'éviter le surapprentissage.

Dans un premier temps, des modèles à noyaux polynomiaux seront utilisés pour estimer y . Trois noyaux seront utilisés. Tout d'abord, une modélisation linéaire sera réalisée (qui correspond au noyau de degré 1), puis un noyau polynomial de degré 2 sera utilisé. Cette

modélisation sera complétée par une modélisation linéaire réalisée dans l'espace projeté lui correspondant. Enfin, des noyaux de degré 3 seront mis à contribution pour étudier l'influence de la projection dans un espace d'ordre supérieur.

Dans un deuxième temps, la modélisation sera réalisée au moyen de noyaux gaussiens de largeurs variables.

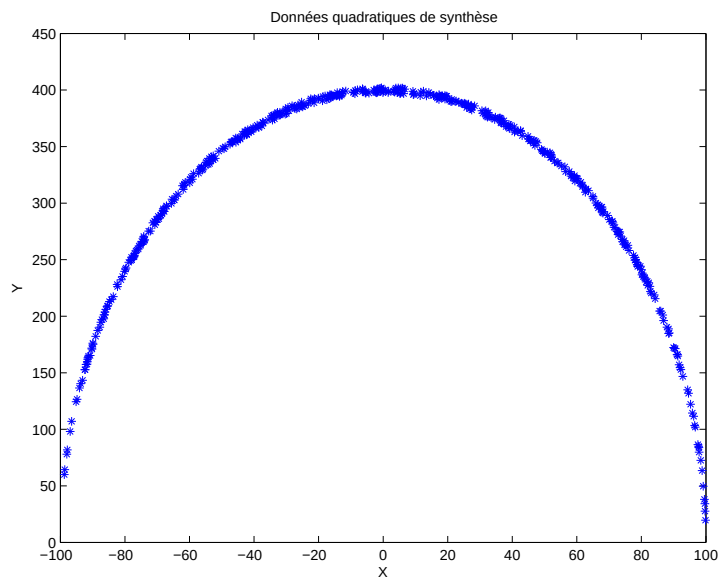


FIG. 4.4 – Forme des données synthétiques

Modèles à Noyaux polynomiaux

◦ *modèle linéaire*

Un modèle linéaire est réalisé à partir des données au moyen d'une ACP. On dispose alors de 2 paramètres de variabilités pour réaliser la reconstruction (complète) et d'un seul paramètre pour la reconstruction partielle.

Les erreurs de reconstruction (complète) tant pour la base d'apprentissage que pour la base de test s'avèrent parfaites dès que l'on utilise les deux paramètres (voir table 4.1 et figure 4.5). Par contre, lors de la reconstruction partielle, on ne dispose que d'un seul paramètre de variabilité. L'erreur de reconstruction partielle est équivalente à l'erreur de reconstruction pour un paramètre (table 4.1) en RPS, voire très supérieure en RPC (eq.

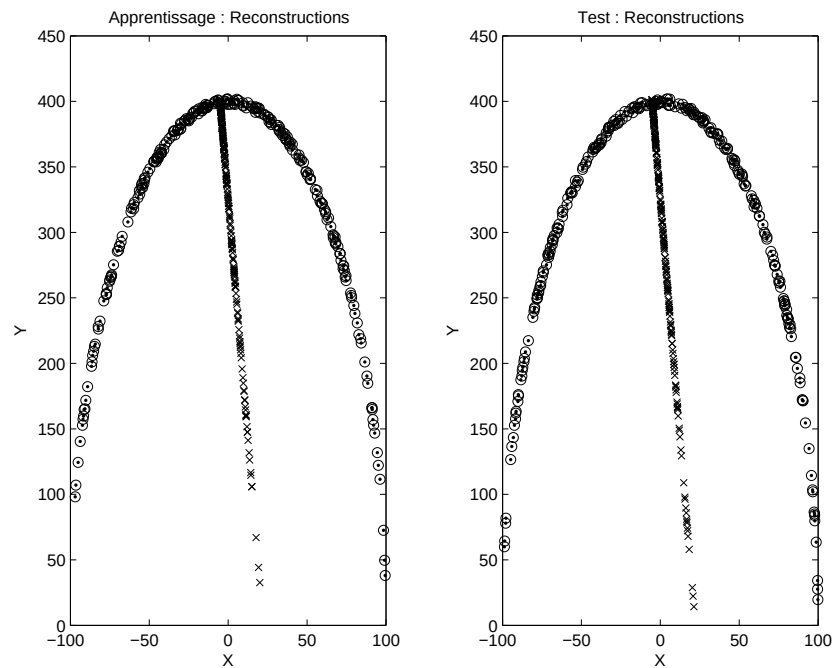
4.15). Il n'est pas possible d'estimer la donnée manquante avec le premier paramètre de variabilité.

Les données estimées obtenues sont présentées figure 4.6. La méthode RPC remplace les données manquantes sur l'axe de la première composante principale, alors que la méthode RPS les place autour de la moyenne.

Comme prévu, le noyau linéaire n'est pas adapté à une reconstruction partielle de données fortement non-linéaires.

Nombre de paramètres (base)	1 (App.)	1 (Test)	2 (App.)	2 (Test)
Reconstruction complète (mm)	17	19	0	0
Méthode RPS (mm)	25	29	-	-
Méthode RPC (mm)	255	279	-	-

TAB. 4.1 – Résultats pour la modélisation linéaire



gris : données originales croix noires : reconstruction pour 1 paramètre
cercles noirs : reconstruction pour 2 paramètre

FIG. 4.5 – Reconstruction complète pour 1 et 2 paramètres - Modèle linéaire

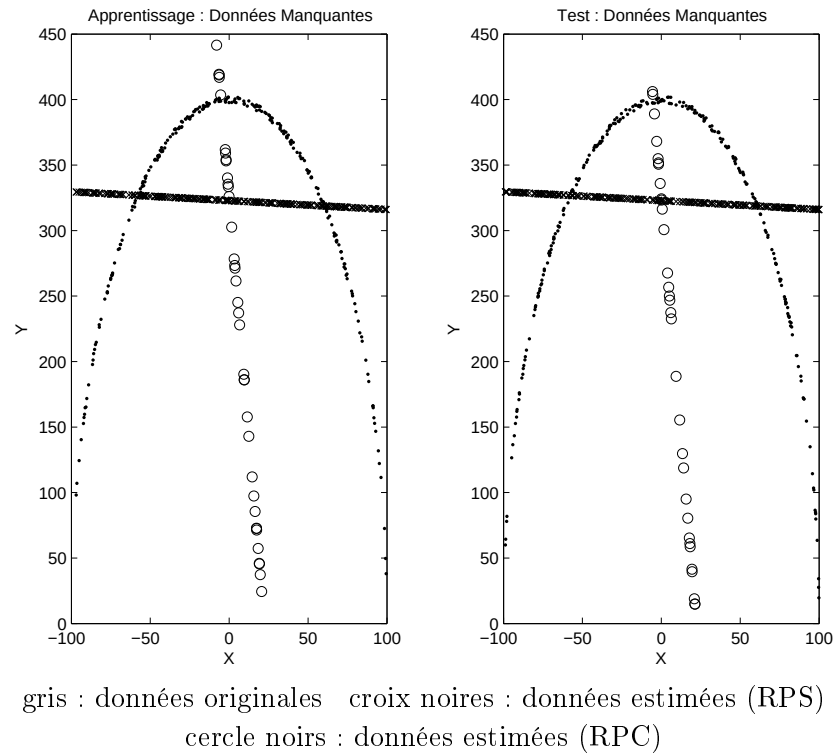
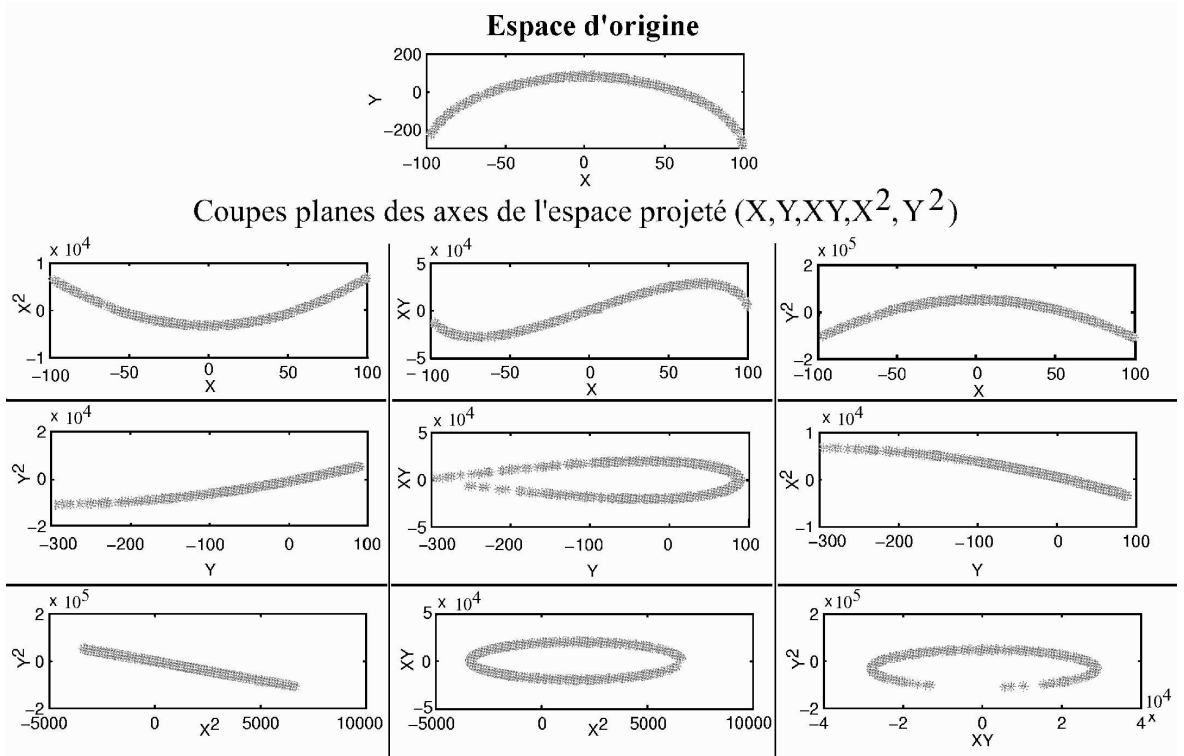


FIG. 4.6 – Reconstruction partielle - Modèle linéaire

◦ *modèle polynomial de degré 2 (KPCA2)*

L'ACPN revient théoriquement à effectuer une ACP dans l'espace caractéristique. On met en oeuvre les deux méthodes : l'ACPN et la projection dans l'espace d'ordre 2 suivie d'une ACP, afin de disposer d'une vue sur l'espace des composantes principales. Tout d'abord, on vérifie que les deux modèles sont bien identiques en générant les paramètres de variabilité pour chaque échantillon des deux bases : ils sont identiques quelle que soit la méthode utilisée. On disposera lors de la reconstruction partielle de 2 paramètres de variabilité qui représentent respectivement 83% et 17% de la variance des données de la base d'apprentissage. Ce nombre de paramètres est issu de l'équivalence avec l'ACP dans l'espace projeté. Le nombre de paramètres de variabilité en ACPN est fixé par le nombre d'échantillons. Dans ce cas précis, les paramètres 3 à 5 correspondent à un sous-espace représentant moins de 1% de la variance des données.

FIG. 4.7 – Projection des données par ϕ

Dans l'espace projeté le noyau polynomial de degré 2 est parfaitement adapté pour trouver la relation entre les différentes coordonnées. En effet, sa fonction caractéristique ϕ projette (x, y) en $(x, y, x^2, y^2, \sqrt{2}xy)$. Dans cet espace, l'ellipsoïde décrit par les données est représenté de manière linéaire pour certaines coordonnées comme on peut l'observer sur la figure 4.7. Ainsi dans le plan défini par les coordonnées x^2y^2 (fig. 4.7 en bas à gauche), les données forment un segment. On peut aussi observer dans les plans yx^2 et yy^2 des queues de paraboles.

Reconstruction : On reconstruit (complètement) ensuite les données dans l'espace projeté pour 1 et 2 paramètres (figure 4.8) afin d'observer l'action des principales composantes modélisées. Pour un seul paramètre utilisé (fig. 4.8), seule la projection dans le plan x^2y^2 est modélisable. Si l'on utilise deux paramètres (fig. 4.9), toutes les relations entre les coordonnées sont bien modélisées à l'exception de quelques points dans les plans $(xy, xx^2$ et $yy^2)$, qui correspondent aux extrema des données.

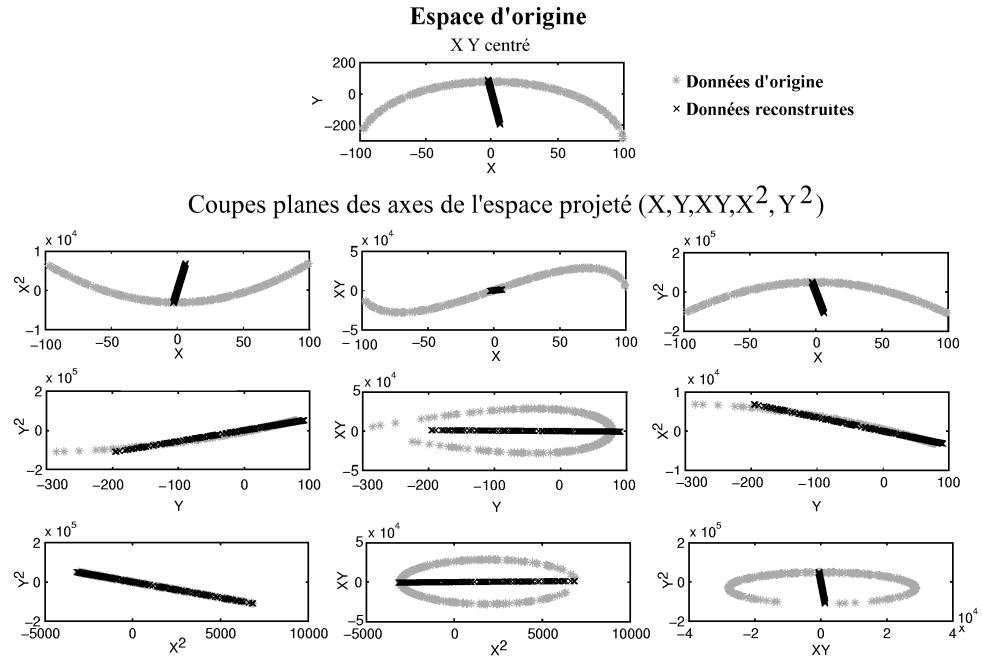


FIG. 4.8 – Reconstruction complète pour 1 paramètre - Modèle KPCA2

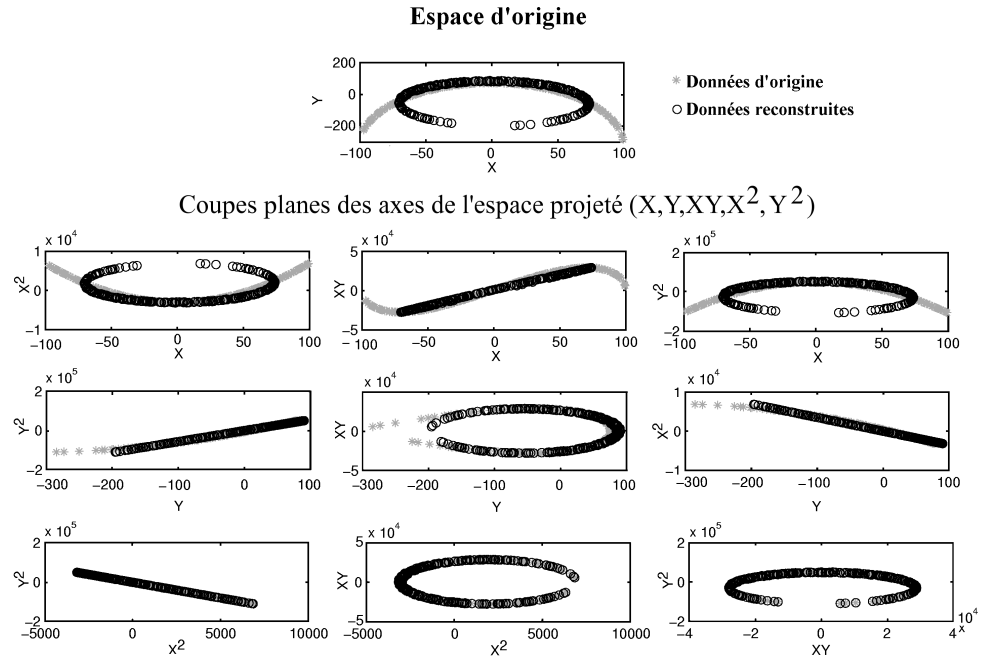


FIG. 4.9 – Reconstruction complète pour 2 paramètres - Modèle KPCA2

Erreur de RP App. (Test) (mm)	1 paramètre	2 paramètres
KPCA2 eq. 4.55	267 (261)	1.8 (2)
PCA Espace projeté y	3.74 (4.35)	3.74 (4.35)
PCA Espace projeté xy	143 (145)	84 (94)
PCA Espace projeté y^2	30 (31)	30 (31)

TAB. 4.2 – Erreur d'estimation sur Y pour 1 et 2 paramètres

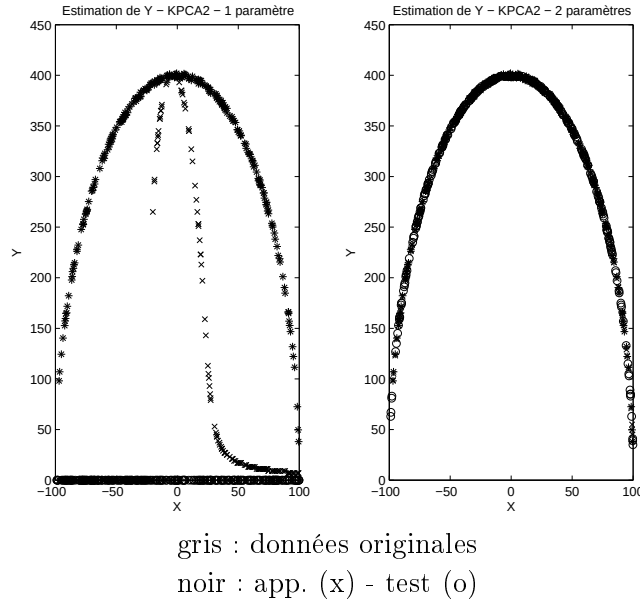


FIG. 4.10 – Reconstruction partielle - Modèle KPCA2

Reconstruction partielle : le système est décrit par deux paramètres. x et donc x^2 sont connus. Les trois derniers paramètres permettent d'accéder aux 3 coordonnées manquantes dans l'espace de projection (y, xy, y^2) . La reconstruction partielle (définie eq. 4.55) donne les résultats suivants (table 4.2) : une erreur importante si l'on utilise qu'un seul paramètre et une reconstruction quasi-parfaite avec deux paramètres tant pour la base de test que pour la base d'apprentissage (voir figure 4.10). Pour un paramètre, la reconstruction partielle se comporte comme la reconstruction. On retrouve des résultats équivalents dans l'espace projeté, où sur les trois coordonnées correspondant à y , la reconstruction partielle de la coordonnée xy présente une erreur élevée. Pour deux paramètres, la modélisation effectuée par le noyau polynomial est bonne et la reconstruction partielle, comme la reconstruction est quasi-parfaite. Si on regarde l'estimation dans l'espace projeté, on re-

marque que le deuxième paramètre ne sert qu'à corriger l'estimation de xy . Contrairement au cas précédent, du fait du nombre de paramètres utilisables lors de la reconstruction partielle, les comportements en reconstructions complètes et partielles sont comparables.

En conclusion, la reconstruction partielle par ACPN polynomiale de degré 2 de données quadratiques donne de bons résultats, attendus en raison de l'adéquation entre les données et la modélisation choisie. Le passage par l'ACP à noyaux a permis de "gagner" un paramètre de variabilité nécessaire à une bonne modélisation des données.

◦ *modèle Polynomial de degré 3*

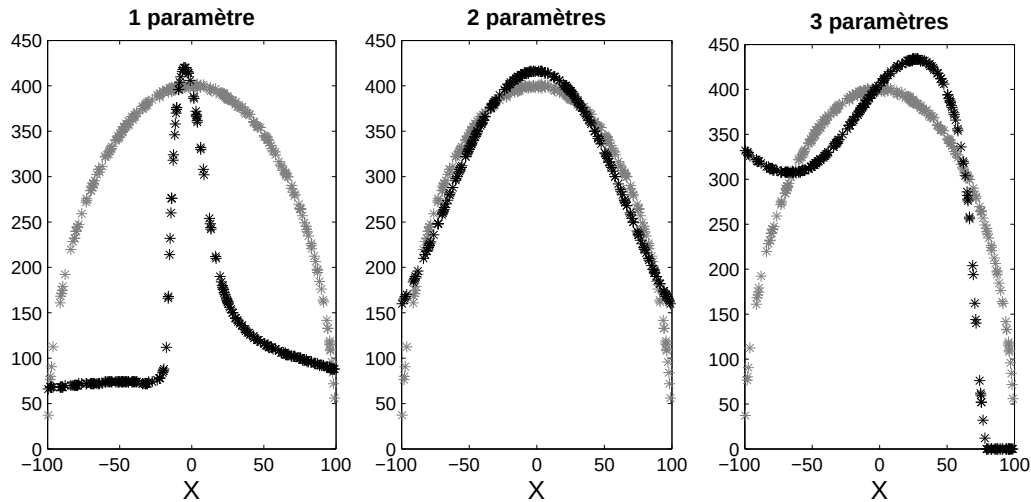


FIG. 4.11 – Reconstruction partielle de y - modèle polynomial degré 3
gris : données originales - noir : données reconstruites

Quels sont les résultats obtenus en utilisant un noyau polynomial de degré supérieur à 2 ? L'espace de projection associé aux noyaux polynomiaux d'ordre 3 (et plus) englobe l'espace généré par la fonction de projection associée au noyau polynomial de degré 2. Par exemple, la fonction caractéristique associée au degré 3 est $(x, y, x^2, y^2, xy, x^3, y^3, x^2y, xy^2)$. On y retrouve bien les termes (x, y, x^2, y^2, xy) associés au degré 2. On dispose alors de 3 coordonnées connues et de 6 inconnues. On pourra utiliser cette fois jusqu'à 3 paramètres en reconstruction partielle.

nombre de paramètres	1	2	3
erreur quadratique (mm)	41567	621	7828

TAB. 4.3 – Erreur de reconstruction partielle (base d'apprentissage)- Noyau polynomial de degré 3

Les résultats des reconstructions partielles pour 1 à 3 paramètres (table 4.3) donnent de fortes erreurs, moins élevées cependant pour 2 paramètres. Comme on peut le voir sur la figure 4.11 l'allure de la reconstruction pour 3 paramètres, est celle d'un polynôme de degré 3. De même, les allures des estimations pour 1 et 2 paramètres laissent à penser qu'il manque une contrainte ou une information pour estimer correctement le système.

◦ *Conclusion sur les modèles à noyaux polynomiaux*

L'usage de modèles à noyaux polynomiaux se révèle donc utile lorsque les relations à modéliser peuvent être décrites de manière linéaire dans l'espace caractéristique. Par ailleurs, plus le degré du noyau s'approche de celui de la relation à décrire meilleur sera le rapport estimation/nombre de paramètres. En effet, un noyau de degré trop faible ne prendra pas en compte la relation voulue (modèle linéaire) alors qu'un noyau de degré trop élevé la noiera dans les projections de degré trop élevé.

Modèle à Noyaux Gaussiens

◦ *Introduction*

La distance d entre les échantillons est la base du modèle gaussien ($k(d) = e^{-\frac{d^2}{2\sigma^2}}$). Un modèle gaussien ne détermine pas la relation implicite entre les abscisses et les ordonnées des échantillons mais des relations liées aux distances inter-échantillons de la base d'apprentissage. Ces distances inter-échantillons sont projetées dans un noyau gaussien de paramètre σ .

La première étape avant la reconstruction avec des données manquantes est donc d'estimer le paramètre σ de manière appropriée aux données. L'erreur de reconstruction est un critère assez juste pour l'estimation de σ . Si le système donne une reconstruction proche des données originales, on peut penser que la valeur de σ est appropriée au système.

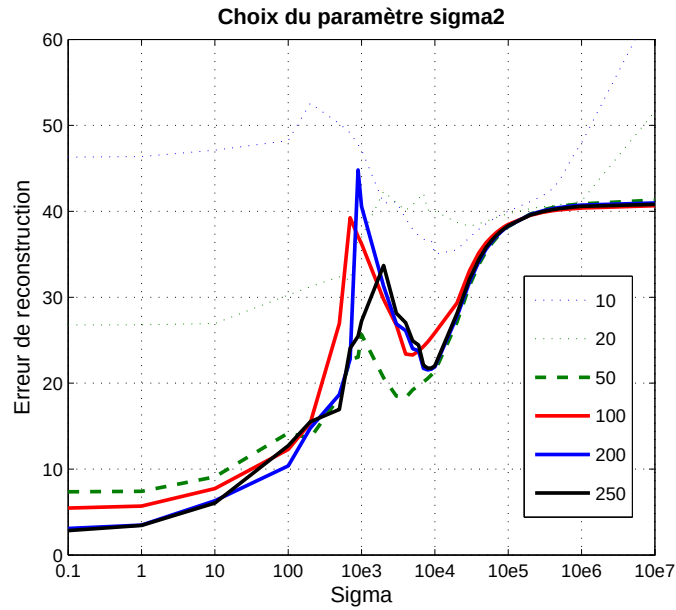


FIG. 4.12 – Reconstruction des données en fonction de σ

◦ *Erreur de reconstruction et réglage de σ*

La figure 4.12 présente pour différentes bases d'apprentissage et différentes valeurs de σ , l'erreur de reconstruction des échantillons de la base de test, avec un nombre fixe (5) de paramètres de variabilité. Dans un premier temps, on s'intéresse à des tailles de la base d'apprentissage assez élevées (de 100 à 250 échantillons). On remarque deux comportements sur les courbes :

Pour σ petit, l'erreur tend vers un minimum. Pour σ très grand, l'erreur tend vers une valeur constante. Entre ces deux étapes, après une période de transition, on trouve un minimum local. On peut donc considérer deux minima locaux.

Le premier (faible valeur de σ) correspond à une valeur de l'ordre de la distance moyenne entre les échantillons les plus proches (3.23). Ce minimum augmente inversement à la base d'apprentissage, comme on peut le remarquer pour des bases d'apprentissages constituées de quelques points seulement et assez espacés ($N_a = 10$ ou $N_a = 20$).

L'autre minimum local correspond à une valeur de σ de l'ordre de l'écart type des données (ici $var = 1.10^4$) .

Par la suite, nous étudierons donc la reconstruction avec données manquantes pour ces deux valeurs de σ . Les ordres de grandeur en reconstruction partielle seront du même ordre qu'en reconstruction.

Vers les données manquantes Dans le cadre des données manquantes, ce sont les échantillons de la base d'apprentissage de parties connues les plus proches qui sont sélectionnés par le modèle pour estimer la partie inconnue (même si leurs parties inconnues peuvent être très différentes). En effet, considérons le noyau gaussien comme le produit de deux noyaux gaussiens exprimés indépendamment en fonction des parties connues et inconnues. On peut alors redéfinir les coefficients α_i^k de la KPCA en fonction de la partie connue : $\hat{\alpha}_i^k = \alpha_i^k k_c(f_c, x_i)$. De même, la valeur de σ influe sur la largeur et la position des minima des expressions à minimiser pour déterminer la partie manquante, comme on peut l'observer figure 4.13.

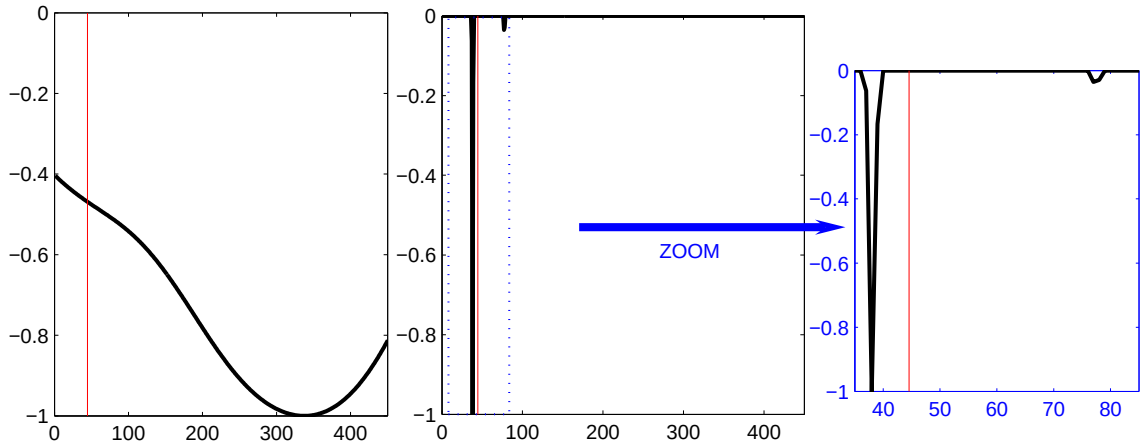


FIG. 4.13 – Minima de la fonction de coût pour un même échantillon pour $\sigma = 9.10^3$ (Gauche) et $\sigma = 3.2$ (Droite)

Le dernier facteur pouvant influencer l'estimation des données manquantes est le nombre de paramètres de variabilité utilisé. La fonction de projection caractéristique ϕ correspondant au noyau gaussien étant de dimension infinie, on dispose d'autant de

paramètres de variabilité que d'échantillons dans la base d'apprentissage mais contrairement au noyau polynomial, on ne peut observer leur effet dans l'espace projeté, qui est inaccessible.

◦ *Résultats*

La reconstruction partielle des données sera effectuée pour les deux valeurs de σ déterminées précédemment. Celle-ci sera d'abord réalisée sur la base d'apprentissage puis sur la base de test. Le schéma itératif défini précédemment dans la partie théorique ne sera utilisé que lors de la reconstruction partielle de la base de test.

En effet, celui-ci est assez instable et nécessite une initialisation au point le plus proche de la base d'apprentissage. Pour la base d'apprentissage, ce schéma reviendrait à initialiser le point sur lui-même (ce qui donne le bon résultat). De plus, la fonction de coût pour certaines valeurs de σ possède plusieurs minima locaux, comme montré sur la figure 4.13. On peut par ailleurs remarquer que les minima globaux ne correspondent pas exactement à la donnée recherchée (en rouge). En plus du schéma itératif utilisé pour déterminer les données manquantes sur la base de test, une détermination numérique par recherche exhaustive des minima de la fonction de coût a donc été effectuée pour l'estimation des données manquantes sur les bases d'apprentissage et de test.

Les résultats sont très différents selon les deux cas de noyaux.

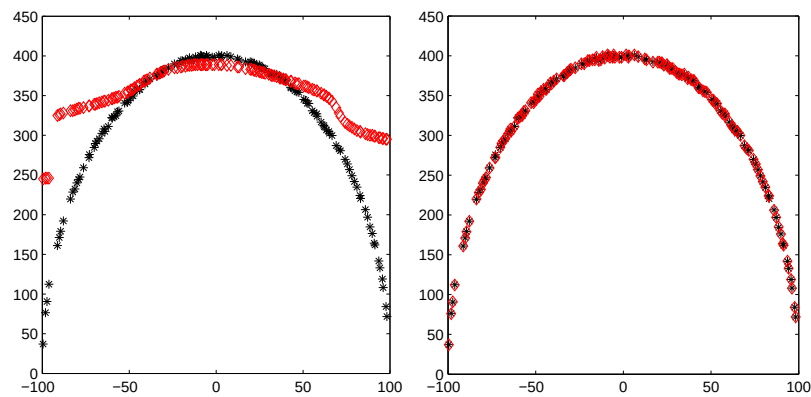


FIG. 4.14 – Reconstruction partielle pour $\sigma = 7.5 \cdot 10^3$ (Gauche) et $\sigma = 3.2$ (Droite)

$\sigma^2 = 2$	1	2	3	5
appr.	2.3	2.3	2.3	2.3
test	18.6 (18.7)	18.6 (18.6)	18.6 (18.7)	18.6 (18.6)
$\sigma^2 = 2$	10	20	50	100
appr.	2.3	2.3	2.3	2.3
test (s.i.)	18.6 (18.6)	18.6 (18.7)	18.6 (18.7)	18.6 (18.7)
$\sigma^2 = 9.10^3$	1	2	3	5
appr.	10891	8326	6216	6916
test (s.i.)	13554 (13472)	10323 (10129)	7850 (4758)	8880(5920)
$\sigma^2 = 9.10^3$	10	20	50	100
appr.	6508	7396	8507	8529
test (s.i.)	8351(6435)	7364 (7396)	8476 (8507)	8335 (8259)

TAB. 4.4 – Erreur quadratique de l'estimation de Y - Noyaux Gaussiens

Dans le premier cas ($\sigma = 3.2$), on retrouve parfaitement les échantillons d'apprentissage et ceux de la base de test avec une erreur très faible (table 4.4). L'erreur en apprentissage est due au pas de la minimisation exhaustive. L'erreur en test est due aux quelques échantillons loin du centre pour lesquels l'estimation est plus faussée. Le nombre de paramètres de variabilité n'influe pas sur les résultats et les valeurs propres sont très réparties (λ_1 de l'ordre de 1%). Nous sommes dans un cas où le nombre d'exemples appris est suffisamment bien distribué pour que les exemples de tests soient très proches des échantillons de l'apprentissage.

Dans le second cas ($\sigma = 8.10^3$), chaque échantillon reconstruit semble influencé pour tous les échantillons de l'apprentissage, comme on peut le constater figure 4.14. Le nombre de paramètres exerce une certaine influence et les valeurs propres du système sont beaucoup moins éparpillées ($\lambda_1 = 49.8\%$, $\lambda_2 = 36.2\%$, $\lambda_3 = 18.8\%$...) et on trouve un optimum de reconstruction pour 3 paramètres de variabilités (figure 4.15).

◦ Conclusion

Le faible nombre de coordonnées de notre exemple en fait un exemple peu adapté pour la modélisation par un noyau gaussien. Cependant l'usage du noyau gaussien, comme tout noyau basé sur les distances a plusieurs avantages. Tout d'abord, il n'est pas dépendant des relations entre les coordonnées manquantes et connues, mais des

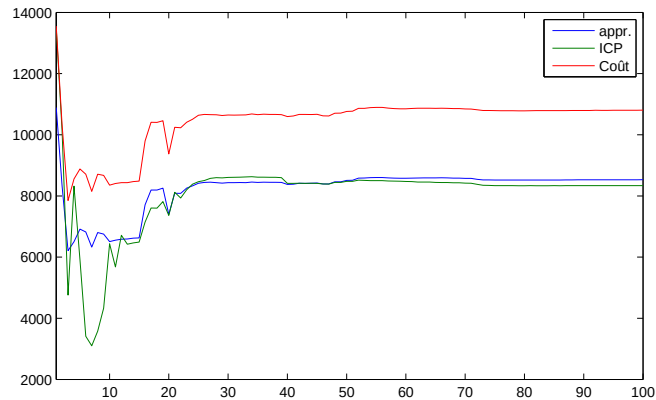


FIG. 4.15 – Erreurs de reconstruction partielle selon le nombre de paramètres de variabilité - $\sigma = 9.10^3$

échantillons de la base d'apprentissage, formes de référence auxquelles on compare l'échantillon à reconstruire. Ensuite, la minimisation par schéma itératif, qui certes est très sensible aux minima locaux, permet son application à des masses de données manquantes importantes. De plus, il s'applique quel que soit le type de relations à déterminer parmi les données avec plus ou moins de tendance au surapprentissage. Il s'agit de trouver un compromis entre précision et généralisation.

L'absence de fonction de projection définie correspondant au noyau empêche, par contre, toute possibilité de percevoir les modes de variations avec une compréhension plus fine du comportement.

Données de synthèse : Conclusion

Ces données de synthèse au caractère non-linéaire simple nous ont permis d'appréhender facilement les avantages et les inconvénients de chaque noyau. Pour le noyau polynomial de degré 2, le lien avec l'analyse en composantes principales dans l'espace projeté a permis une meilleure compréhension de la modélisation, qui a été réutilisée pour le noyau polynomial de degré 3. Pour le noyau gaussien, la mise en place d'un critère de choix pour la largeur de la gaussienne a permis d'aboutir à une modélisation capable de restituer nos parties manquantes.

4.4 Expérimentation sur des données de céphalométrie 2D

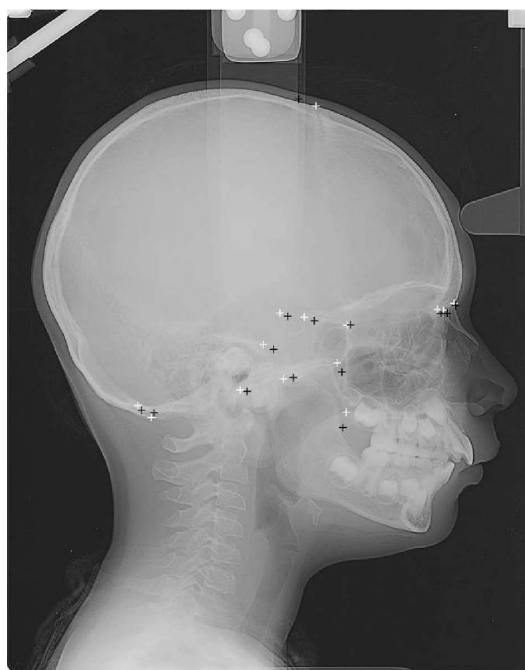


FIG. 4.16 – Céphalogramme, contour crânien, points réels (blanc) et estimés (noir)

L'un des objets d'étude de la céphalométrie est la croissance du crâne des jeunes enfants afin d'améliorer la thérapie en orthodontie [100, 101]. La céphalométrie est basée sur le placement d'amers, les points céphalométriques, sur des téléradiographies ou radiographies sagittales 2D du crâne (figures 4.16 et 4.18)). Ces points sont utilisés pour le calcul de critères, numériques, tels que la longueur d'un segment ou l'angle entre deux lignes. L'interprétation de ces valeurs est utilisée ensuite pour diagnostiquer la déviation de la forme du crâne du patient de la forme de référence. Cette interprétation est aussi utilisée lors de l'évaluation d'un traitement orthodontique.

Les points céphalométriques sont liés à la forme du contour crânien. Le contour crânien est échantillonné. Une forme est ici constituée des points du contour échantillonné auxquels sont ajoutés les points céphalométriques [102].

La base de données est constituée de 233 individus, décrits par 18 points de la voûte crânienne et 15 points céphalométriques. On peut remarquer la différence de répartition

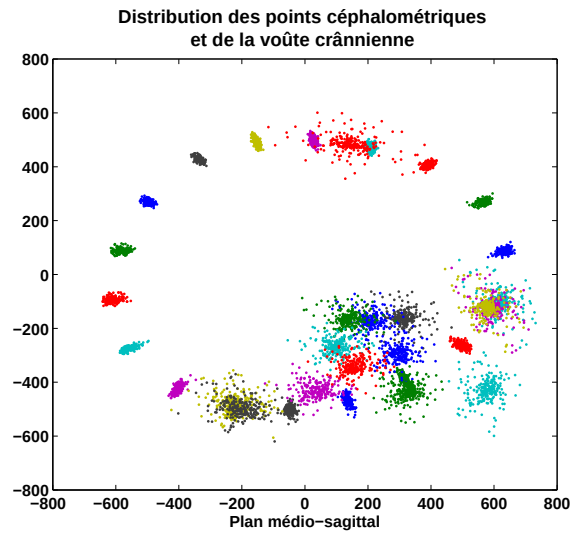
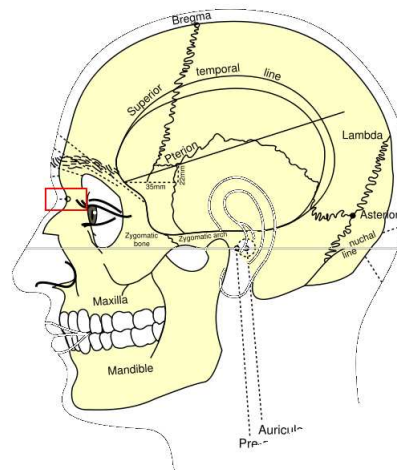


FIG. 4.17 – Données céphalométriques



Vue de profil de la tête, (extraite de l'Anatomie de Gray [103]).

Le nasion à l'intersection des 2 os du nez et de l'os frontal est au centre gauche.

FIG. 4.18 – Un exemple de point céphalométrique : le nasion

entre les points de la voûte crânienne et les points céphalométriques sur la figure 4.17. Nous utilisons systématiquement une approche en leave-one-out lors des différents essais réalisés.

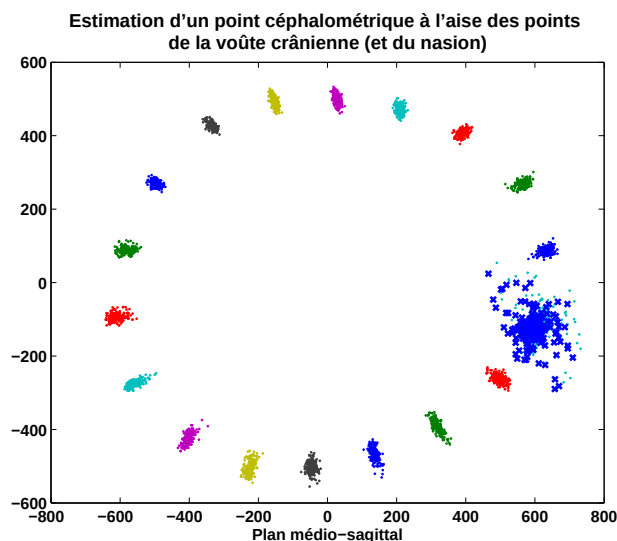


FIG. 4.19 – Données céphalométriques : (.) points connus (x) points inconnus

4.4.1 Estimation d'un point céphalométrique par l'ensemble des points de la voûte crânienne et le nasion

Tout d'abord, le point de départ du suivi de la voûte crânienne est très proche du nasion (figure 4.18). Afin d'éviter des problèmes dus à des imprécisions lors de la mesure de ces deux points, le nasion remplace ce point dans l'ensemble des points de la voûte crânienne (figure 4.19). On cherche à estimer la position du point céphalométrique le plus proche du nasion (figure 4.19).

Trois modélisations seront par la suite comparées : la modélisation linéaire, la modélisation par noyau polynomial de degré 2 et la modélisation par noyau gaussien. Nous nous intéresserons à l'erreur d'estimation du point inconnu en utilisant les méthodes de reconstruction partielle définies précédemment.

La taille des données est : 233x38, 233 individus décrits par 18+1 points 2D. On a donc accès au plus à 36 degrés de libertés en utilisant le modèle linéaire. Les modèles non-linéaires sont limités théoriquement par le nombre d'exemplaires soit 231 degrés de libertés. Cependant dans le cadre du noyau polynomial de degré 2, l'équivalence du système à une ACP réalisé sur la projection des données nous donne le résultat suivant : La projection dans l'espace du noyau polynomial aboutit à la définition de chaque individu sur 779 ($\frac{n*(n+3)}{2}$) coordonnées. Sur ces 779 coordonnées, 75 ($2n - 1$) sont inconnues dues aux pro-

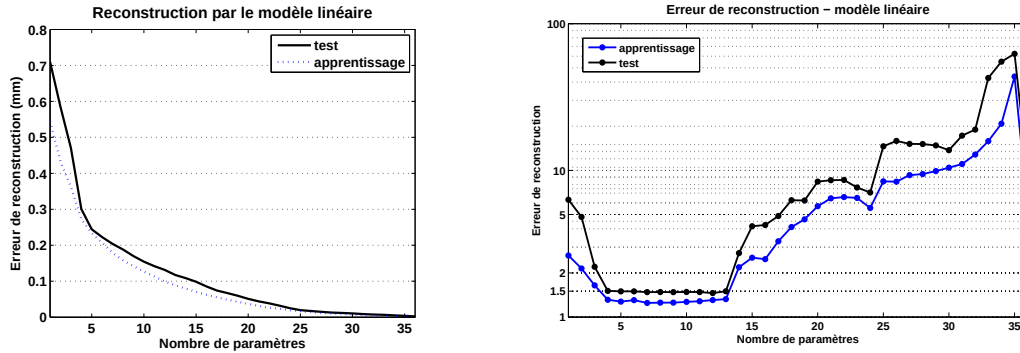


FIG. 4.20 – Reconstruction (gauche) et reconstruction partielle (droite) du point céphalométrique par le modèle linéaire (ACP)

Nombre de paramètres	1	2	3	4	5	6	7
Variance cumulée	0.3810	0.6232	0.7417	0.8561	0.8918	0.9163	0.9376
8	9	10	11	12	13	14	15
0.9519	0.9608	0.9689	0.9755	0.9809	0.9849	0.9877	0.9903

TAB. 4.5 – Variance cumulée des 15 premiers paramètres du modèle linéaire

duits croisés. On reste donc limité par le nombre d'individus, et les modèles non-linéaires nous donnent accès à presque 200 "degrés de libertés" supplémentaires.

Modèle linéaire

La reconstruction et la reconstruction partielle par le modèle linéaire donnent les résultats attendus. En reconstruction simple l'erreur de reconstruction décroît tant en apprentissage qu'en test (figure 4.20 gauche), alors que pour la reconstruction partielle ce comportement est seulement observé pour les 14 premiers paramètres (4.20 droite) qui correspondent à une variance cumulée de 98% (table 4.5). Les paramètres suivants correspondent à un sous-espace de bruit (modélisation du bruit des données, dont la part de variance est quasi-nulle), qui s'il a peu d'importance lors de la reconstruction (figure 4.20 gauche), fausse considérablement la reconstruction partielle dans sa version non régulière.

On conclura cependant en remarquant que l'estimation du point manquant par le modèle est réalisée avec une précision de l'ordre de 1.5 mm et ce dès le 4^{ème} paramètre, précision que l'on peut associer à la proximité du point avec le nasion (connu).

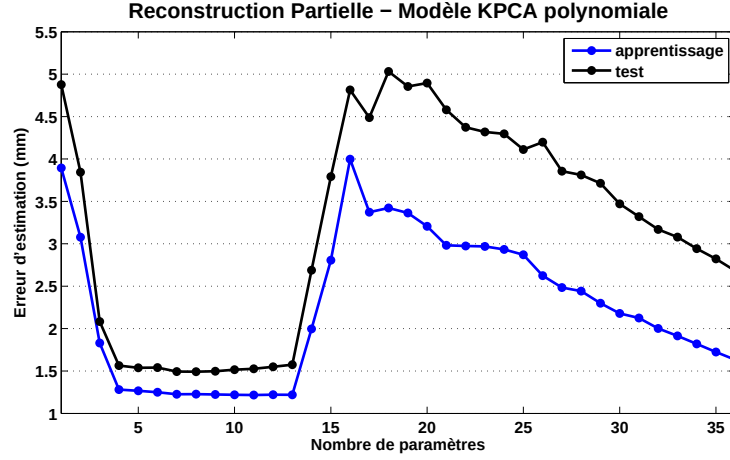


FIG. 4.21 – Reconstruction partielle par le modèle par noyau polynomial de degré 2

Modèle à noyau polynomial de degré 2

Les résultats des reconstructions par le modèle à noyau polynomial de degré 2 peuvent être observés figure 4.21 et 4.22. Entre 1 et 14 paramètres pour le modèle, l'allure de l'erreur de reconstruction partielle est équivalente à celle du modèle linéaire. De même les variances cumulées associées aux paramètres sont semblables (table 4.6). Par contre, à partir de 14 paramètres, l'erreur connaît une forte hausse pour ensuite diminuer avec l'augmentation du nombre de paramètres au contraire de la partie bruitée pour le modèle linéaire.

Deux éléments sont à l'oeuvre lors de la reconstruction partielle en KPCA avec noyau polynomial : l'estimation conjointe des paramètres de variabilité et des données inconnues de l'objet et l'appartenance de l'objet reconstruit à l'espace d'origine des données (la boucle $\Phi^{-1} \circ \Phi$). L'estimation conjointe de la partie inconnue et des paramètres de variabilité peut être observée dans l'espace projeté correspondant au noyau. De même, l'adéquation générale du modèle aux données peut être vérifiée par l'erreur de reconstruction dans l'espace projeté. Par contre, les effets de la boucle $\Phi^{-1} \circ \Phi$ ne peuvent être observés seuls dans le cadre de la reconstruction partielle.

La reconstruction et la reconstruction partielle dans l'espace projeté (Φ est déterminée pour les noyaux polynomiaux) donnent des résultats d'allures similaires à ceux du modèle linéaire ("non comparables" numériquement pour des raisons de distance différentes - figure 4.22 bas). On retrouve un comportement assimilable à du bruit pour les paramètres

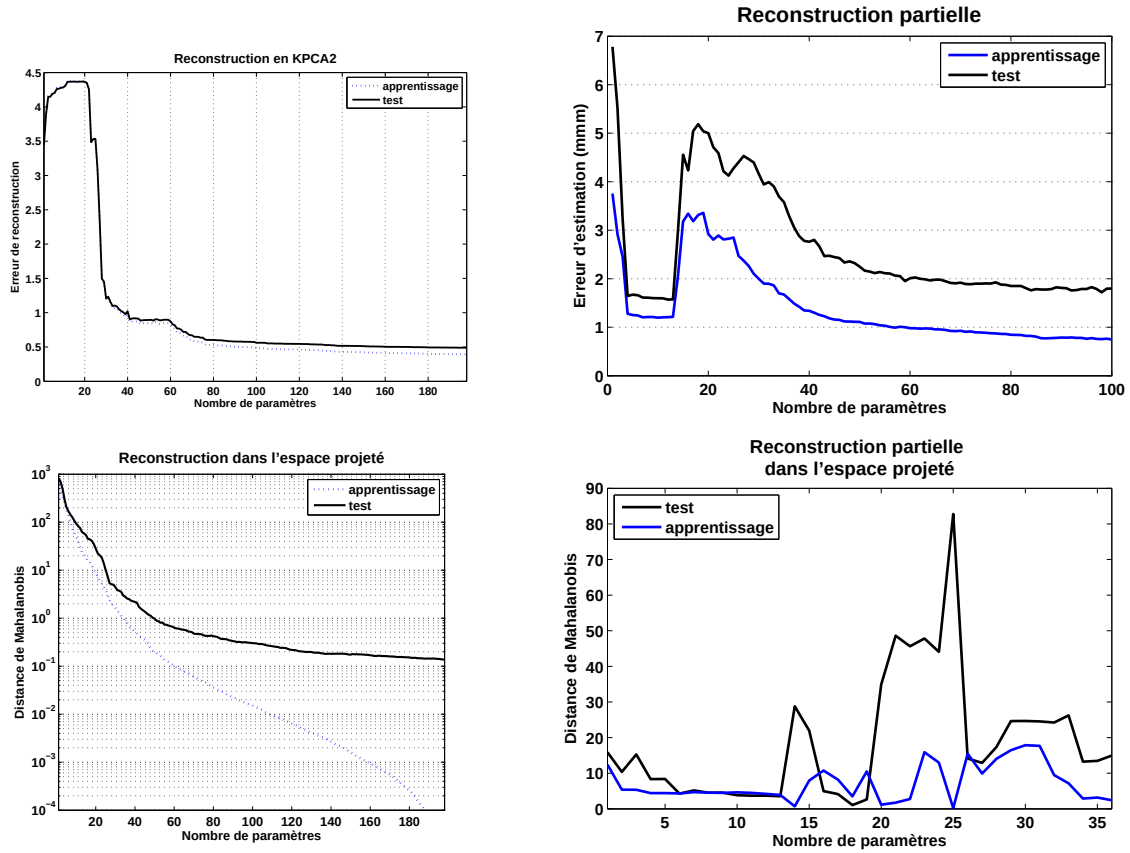


FIG. 4.22 – Reconstruction (gauche) et reconstruction partielle (droite) par le modèle par noyau polynomial de degré 2. Espace d'origine (haut) et Espace projeté (Bas)

supérieurs à 14 en reconstruction partielle et une décroissance suivi d'un plateau pour la reconstruction simple. Le comportement observé figure 4.21 n'est donc pas lié à la partie estimation conjointe dans l'espace de dimension supérieur.

Dans le cas de la reconstruction (totale) dans l'espace d'origine (ce qui inclut la boucle $\Phi^{-1} \circ \Phi$), l'erreur de reconstruction observée pour les vingt premiers paramètres (figure 4.22 en haut à gauche) est croissante puis stable. Son allure rejoint ensuite celle observée dans l'espace projeté. Cette part du comportement est donc attribuable à la partie de la minimisation liée à la projection permettant de revenir de l'espace des caractéristiques à l'espace d'origine des données.

Suivant cette hypothèse, on peut séparer en 3 phases le comportement en reconstruction partielle :

1. Paramètres 1 à 14 : Bonne réalisation de l'estimation des données qui compense les

Nombre de paramètres	1	2	3	4	5	6	7
Variance cumulée	0.3864	0.6281	0.7467	0.8579	0.8928	0.9168	0.9376
8	9	10	11	12	13	14	15
0.9515	0.9603	0.9681	0.9746	0.9800	0.9839	0.9866	0.9891

TAB. 4.6 – Variance cumulée des 15 premiers paramètres du modèle à noyau polynomial de degré 2

problèmes liés à la boucle de projection.

2. Paramètres 14 à 20 (environs) : "Mauvaise estimation" (prise en compte de l'espace de bruit), et problèmes liés à la boucle de projection.
3. Paramètres 20 et plus : Prépondérance de la boucle de projection, qui limite la dérive de l'estimation de la partie inconnue.

Une fois la minimisation liée à la boucle de projection assurée, on peut remarquer la robustesse des résultats obtenus avec une erreur de reconstruction partielle de même ordre de grandeur qu'avant le "bond" de la minimisation de projection. Cette robustesse est l'avantage du modèle à noyau polynomial de degré 2.

Modèle à noyau gaussien

Le dernier modèle comparé aux modèles linéaire et à noyau polynomial est le modèle à noyau gaussien. Pour ce dernier nous n'avons pas accès à l'espace projeté correspondant (non défini de manière explicite), les parts entre la reconstruction dans cette espace et la boucle de projection ne pourront donc pas être attribuées.

Comme pour les autres modélisations, on observe l'erreur sur la reconstruction partielle en fonction du nombre de paramètres de variabilité utilisés. L'erreur de reconstruction totale servira à la détermination du seul paramètre à déterminer : la largeur du noyau gaussien. On cherche donc tout d'abord à déterminer le σ pour lequel l'erreur de reconstruction (totale) est minimale. On fixe arbitrairement le nombre de paramètres de variabilité à 5. Les résultats sont présentés figure 4.23 (gauche) et le paramètre choisi correspond au centre du plateau.

Pour cette largeur du noyau choisie, les résultats de la reconstruction partielle sont présentés figure 4.23 (droite) et les variances cumulées par paramètres table 4.7. L'allure est la même que pour le modèle à noyau polynomial, avec des résultats cependant entre 4 et 5 mm. La différence de nature entre les noyaux peut expliquer ces résultats : l'information

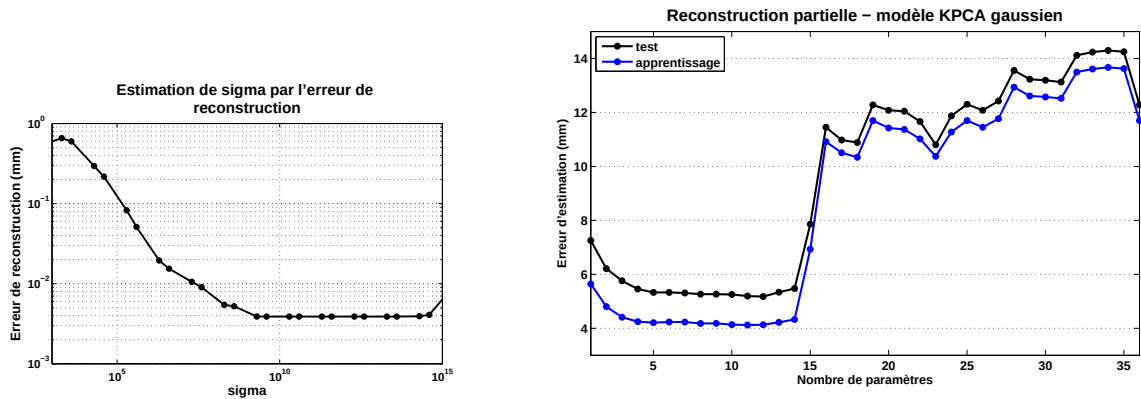


FIG. 4.23 – Reconstruction partielle par le modèle par noyau gaussien

Nombre de paramètres	1	2	3	4	5	6	7
Variance cumulée (%)	0.3977	0.6299	0.7700	0.8729	0.9062	0.9269	0.9446
8	9	10	11	12	13	14	15
0.9569	0.9652	0.9721	0.9774	0.9820	0.9855	0.9881	0.9905

TAB. 4.7 – Variance cumulée des 15 premiers paramètres du modèle à noyau gaussien

donnée par le nasion est noyée dans la distance inter-individus calculée pour le noyau. Si la reconstruction (totale) est de très bonne qualité (inférieure à 10^{-2} mm), déterminer un point inconnu ne repose pas obligatoirement sur la proximité de la majorité des points connus à un exemple particulier de la base d'apprentissage.

Conclusion

Les résultats trouvés sont équivalents entre le modèle linéaire et le modèle polynomial (autour de 1.5 mm), le modèle polynomial présentant un comportement plus robuste que le modèle linéaire. Les résultats trouvés pour le modèle à noyau gaussien présentent une erreur supérieure due vraisemblablement à la présence de points de parties connues proches mais de parties inconnues trop différentes.

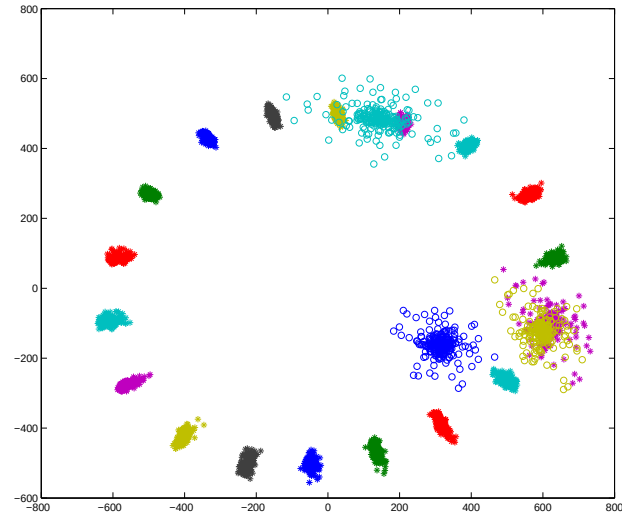


FIG. 4.24 – Reconstruction partielle par le modèle par noyau polynomial de degré 2 pour deux autres points

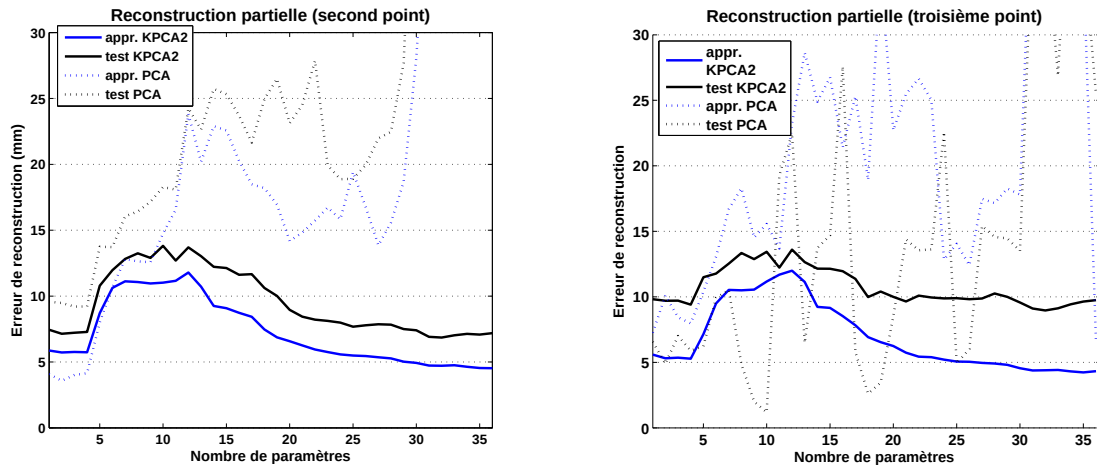


FIG. 4.25 – Reconstruction partielle par le modèle par noyau polynomial de degré 2 pour deux autres points

4.4.2 Autres Points

On réitère sur deux autres points céphalométriques moins proches du nasion (figure 4.24), les reconstructions partielles par modèle linéaire et par modèle à noyau polynomial.

Les résultats des reconstructions partielles sont moins bons (erreur entre 5 et 10 mm), mais le comportement observé en fonction du nombre de paramètres est de même nature. Seuls les quatre premiers paramètres de variabilité semblent apporter de l'information concernant le point. Le modèle par noyau polynomial est plus robuste par la suite lors de l'estimation.

4.5 Conclusion

L'ACP est une technique utilisée dans de nombreux domaines sur de nombreux types de données et permet l'obtention de modèles linéaires basés sur les axes de variances principales. La facilité d'utilisation des modèles linéaires obtenus en font un bon étalon de la performance d'autres types de modélisation et la modélisation linéaire s'avère souvent suffisante pour les applications à traiter.

L'ACP à Noyaux demande, elle, à être mise en place en prenant une attention particulière aux données : dans le choix du noyau ou de certains paramètres du noyau. De plus, l'accès à l'espace de projection n'étant pas toujours assuré, les résultats peuvent sembler indéchiffrables ou être le fruit d'un hasard plutôt heureux. Néanmoins, dans des cas adaptés comme le cas de données quadratiques traitées par des noyaux polynomiaux, une modélisation plus fine est obtenue.

L'estimation (reconstruction partielle) de données manquantes est une autre manière de voir la régression en supposant le modèle statistique connu de manière explicite et en le construisant avant la régression. Dans le cas d'un modèle non-linéaire issu de l'ACPN, on estime conjointement les paramètres du modèle et la part manquante des données dans l'espace d'origine. Cela peut fournir des résultats légèrement plus précis qu'en linéaire pour un noyau bien choisi. Les limites sont souvent comme lors de la construction du modèle linéaire dans le nombre d'échantillons de la base de données et le nombre de paramètres de variabilité disponibles, car chaque donnée manquante enlève un paramètre de variation à la modélisation.

A partir des ensembles de maillages réalisés au chapitre précédent, le chapitre suivant proposera une application de l'estimation de données manquantes. En effet, la reconstruction cranio-faciale (estimer un visage à partir d'un crâne) est une utilisation directe de l'estimation de données manquantes pour un modèle conjoint du crâne et du visage. Les données connues sont le crâne (et le modèle), les données inconnues le visage.

4.6 Perspectives

4.6.1 Ajout d'une matrice de permutation

L'un des inconvénients majeurs de la modélisation présentée dans ce chapitre est la nécessité d'étiqueter les points afin d'établir l'ensemble des correspondances. L'ajout d'une matrice de permutation T permettrait d'enlever l'ordonnancement des données ce qui augmenterait la flexibilité du modèle. Le modèle se présenterait alors sous forme matricielle de la façon suivante :

$$\begin{bmatrix} C - C_C \\ X - C_X \end{bmatrix} = [T] \begin{bmatrix} V_C \\ V_X \end{bmatrix} [B] \quad (4.68)$$

L'algorithme *softassign* de Chui et Ragarajan [104, 105] est une première piste à suivre comme le montrent les travaux réalisés au laboratoire par S. Aouadi lors de son stage de DEA [106].

4.6.2 Prise en compte de la réalité physique des données - liens entre les coordonnées

Une des limitations essentielles de cette modélisation est de considérer indépendantes deux (ou trois) coordonnées d'un point, qui forment une même entité physique. Nous avons, dans l'espace 2D, utilisé un formalisme complexe pour la représentation des points et réalisé la modélisation par une ACP complexe [107]. Si le formalisme est élégant, le gain obtenu est assez faible et se situe principalement dans une meilleure résistance à certaines transformations dans le plan (homothéties, rotations). Avec le développement d'une ACP quaternionique [108], la prise en compte des points 3D des données sous la forme de la partie imaginaire des quaternions peut présenter la perspective de mieux représenter le caractère physique des données.

Chapitre 5

Reconstruction Craniofaciale

5.1 Introduction

La reconstruction ou approximation faciale a émergé de différentes origines, scientifiques ou non-scientifiques. Dans le domaine scientifique, la principale motivation pour l'avancée de cette recherche a émergé du besoin d'identifier des victimes ou suspects en médecine légale ou de celui d'améliorer le planning chirurgical pré-opératoire ou la simulation post-opératoire dans d'autres domaines, comme l'orthopédie craniofaciale. Le support théorique provient dans tous les cas de l'étude de l'anatomie humaine. Bien que chaque domaine ait une histoire séparée, les objectifs restent les mêmes : tous ont besoin de précision et exactitude dans le résultat de la prédiction finale.

L'usage de la reconstruction faciale apparaît controversé en médecine légale. En effet, il n'existe que quatre méthodes d'identification positive : par comparaison des empreintes des doigts, par comparaison radiologique, par comparaison orthodontique et enfin par comparaison de l'ADN. La reconstruction craniofaciale ne donne donc qu'une estimation du visage, un visage possible parmi d'autres. Si le résultat de la reconstruction s'avère proche de la réalité, cela n'assure néanmoins pas une identification réussie par les proches de la victime. La dimension psychologique du processus d'identification de proches est en effet importante [109] et une reconstruction trop détaillée peut ne pas être reconnue malgré son exactitude.

La terminologie de la reconstruction craniofaciale est assez ambiguë, on parle aussi de reconstitution, de restauration. Suivant G. Quatrehomme [110], on peut parler de :

- **Surimposition (cranio)faciale**, lorsque l'on compare le squelette cranofacial avec un portrait (historiquement) ou des photographies (actuellement).
- **Restoration (cranio)faciale**, lorsque le crâne comporte une quantité suffisante de tissus mous.
- **Reconstruction (cranio)faciale**, lorsque le crâne est sec ou la quantité de tissus mous insuffisante.

Toutes ces méthodes demandent une connaissance précise de l'anatomie de la face, de l'épaisseur des tissus mous en certains points anthropologiques et des relations entre plusieurs parties clés (yeux, nez, lèvres, oreilles) en termes de proportion.

Nous présenterons d'abord un état de l'art centré sur les méthodes de reconstruction craniofaciale assistées par ordinateur. Puis nous comparerons les résultats de 3 méthodes de reconstructions faciales (basées sur le recalage élastique, la reconstruction partielle

linéaire, la reconstruction partielle non-linéaire) appliquées à notre base de données de crânes et de visage.

5.2 Etat de l'Art

La reconstruction faciale apparaît donc quand confronté à un crâne sec (complet ou partiel), l'homme tente d'estimer la face correspondant à ce crâne, c'est-à-dire de reconstituer les tissus mous peauciers. Ses domaines d'application naturels sont la médecine légale mais on pense aussi à l'archéologie. Le résultat a pour but de fournir suffisamment d'informations pour une identification posthume (dans le cadre de la médecine légale). De nombreuses techniques manuelles de reconstruction faciale ont vu le jour et aboutirent à des représentations sous forme d'images ou de sculpture, à la fin du dix-neuvième siècle dans le but d'identifier des personnes célèbres. En général, une méthode de reconstruction manuelle se passe en quatre étapes :

- L'examen du crâne
- Le développement d'un plan de reconstruction
- La sculpture
- La création d'un masque

Un grand nombre de données ont ainsi vu le jour quant à l'épaisseur de la peau en divers points caractéristiques du crâne, dès la fin du dix-neuvième siècle. Des campagnes de mesures ont toujours lieu actuellement avec les progrès de la technologie médicale. En effet, les premières mesures, effectuées sur des cadavres présentent des résultats différents de celles effectuées maintenant in-vivo sur des patients ou des volontaires sains.

La reconstruction craniofaciale a d'abord développé des méthodes manuelles et l'une des techniques les plus courantes consiste à utiliser de l'argile ou de la plasticine sur un moulage du crâne, à reproduire les muscles en s'aidant des épaisseurs de peau moyennes repérées sur des points caractéristiques. Un bon aperçu des méthodes manuelles de reconstruction craniofaciale ainsi que des données sur l'épaisseur de la peau en divers points caractéristiques est présenté dans le livre de C. Wilkinson [111] ainsi que la description de la méthode de Manchester, utilisée fréquemment en Europe pour les reconstructions manuelles. Les progrès récents en matière de reconstruction craniofaciale et de ses champs annexes (épaisseur des tissus mous, anthropologie du crâne) est présentée dans [112] : l'emploi de techniques non-invasives (sondes ultrason, scanner à faibles doses) va permettre

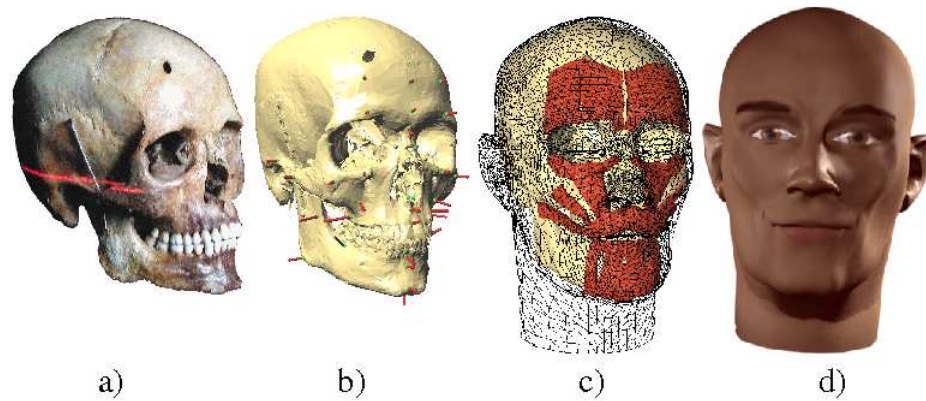


FIG. 5.1 – Reconstruction d'un visage sur un crâne : a) scanner le crâne ; b) marquer le maillage du crâne avec des amers ; c) maillage de la peau avec les muscles attachés au crâne ; d) maillage texturé de la peau. Images tirées de [8]

la mise en place de base de données in-vivo importantes et peut-être standardisées.

Quelle que soit la technique manuelle utilisée celle-ci prend du temps, demande à la fois de bonnes compétences scientifiques et artistiques et ne peut aboutir qu'à une seule représentation (dessin ou sculpture) à la fois. Pour toutes ces raisons, la reconstruction craniofaciale assistée par ordinateur s'est développée ces dernières années, avec des apports de l'imagerie médicale, notamment à travers les simulations des gestes chirurgicaux ou de la parole audiovisuelle (animation de clone parlant virtuel).

Dans le cadre d'une reconstruction faciale assistée par ordinateur [113], les quatre étapes présentées précédemment peuvent être décrites de la manière suivante :

- CT Scan du crâne
- Ajout de référence sur les tissus mous
- Déformation de la référence sur le crâne
- Ajout de texture

Par exemple dans le cas de la méthode de Kähler [8], les étapes présentées ci-dessus se retranscrivent ainsi comme montré sur la figure 5.1 :

- CT Scan du crâne : figure 5.1 de (a) vers (b)
- Ajoût de référence sur les tissus mous : on ajoute les marqueurs d'épaisseurs de peau visibles 5.1 (b) en rouge
- Déformation de la référence sur le crâne : le visage de référence maillage est déformé

pour correspondre aux marqueurs posés fig. 5.1 (c). Ici, l'approche anatomique de la reconstruction ajoute les muscles.

- Ajout de texture : fig. 5.1 (d).

5.2.1 Méthodes de reconstruction craniofaciale assistées par ordinateur

La recherche en reconstruction craniofaciale assistée par ordinateur est une thématique récente (1989) pour les premiers travaux [114] et peu de travaux ont été réalisés depuis. Un premier état de l'art [115] date de 1997. Un état de l'art récent de la reconstruction craniofaciale assistée par ordinateur a été réalisé sous la direction de John G. Clement et Muray K. Marks [116] suite à une conférence sur le sujet à Washington, DC en 2000. Cet ouvrage présente les principaux travaux de reconstruction faciale assistée par ordinateur ainsi que des travaux adjacents sur l'identification ou l'animation du visage. On peut y ajouter les travaux des équipes du professeur Vandermeulen [117, 10] en Belgique, de T. Vetter en Suisse ou de T. Buzug [118, 119] en Allemagne. Par ailleurs, la reconstruction craniofaciale assistée par ordinateur est le sujet d'une session de la conférence annuelle (International Conference on Reconstruction of Soft Facial Parts, Postdam 2003, Remagen 2005, Leuven 2006).

Les méthodes de reconstruction faciale assistées par ordinateur se scindent selon deux approches : des méthodes anatomiques (approche microscopique) et des méthodes basées sur l'épaisseur des tissus mous de la face "vues de l'extérieur" (approche macroscopique). La première approche consiste à "modeler" les muscles du visage, ce qui prend du temps car chaque muscle peaucier doit être modélisé séparément et placé de manière anatomiquement correcte sur le crâne [120, 8] (figure 5.1). Les travaux plus récents intègrent un modèle des muscles [8], mais l'idée de reproduire la structure anatomique reste sous-jacente. Ces travaux recoupent les méthodes mises en place lors de la construction de modèles biomécaniques [9] (figure 5.2).

L'autre grande approche consiste à ne prendre en compte que l'épaisseur des tissus mous du visage sans référence anatomique. Certaines méthodes assez anciennes placent des marqueurs d'épaisseur sur le crâne au niveau de points caractéristiques [114, 121, 122, 123, 115] et déforment un visage proche spécifique ou générique vers la pointe de ces marqueurs.

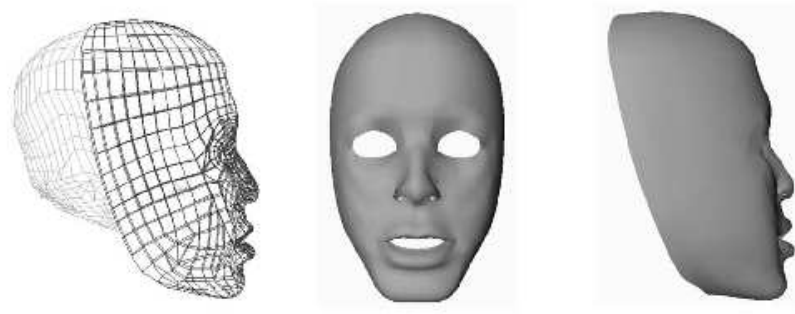


FIG. 5.2 – Modèle biomécanique du visage et vues du rendu [9]

D'autres travaux plus récents prennent en compte l'intégralité de la forme du crâne et calculent la transformation entre le crâne sec et un crâne proche ou générique. Les premiers à proposer une méthode de reconstruction faciale utilisant l'imagerie informatique 3D furent Vanezis et al. [114] en 1989. Comme pour la plupart des systèmes de reconstruction faciale assistée par ordinateur, le crâne inconnu devait être numérisé en collectant un grand nombre de coordonnées de surface. Ils développèrent deux techniques : l'une semi-manuelle, l'autre entièrement automatique. La première était basée sur le tracé d'un crâne dans l'espace 3D convertissant les coordonnées analogiques sous forme digitale [121]. La seconde consistait dans la numérisation directe d'un crâne spécifique basée sur une ligne de laser projetée et une camera vidéo interfacée à un ordinateur. Enfin, après la transformation des signaux vidéo numériques, le crâne est projeté sous la forme d'une surface 3D. Comme on place des marqueurs d'épaisseur sans les techniques manuelles, l'épaisseur du visage est indiquée sur un certain nombre de sites par l'opérateur. Un masque du visage sans point caractéristique est obtenu en lissant les surfaces entre les marqueurs d'épaisseur et donne la forme de base du visage. Issue de la base de données, une surface de la face préalablement numérisée est transplantée sur le masque simpliste de la face. Le programme informatique déforme alors de nombreuses caractéristiques de la face et les ajuste selon une position anatomiquement correcte sur le crâne. Les profils faciaux obtenus sont stockés dans une base de données, de façon à être perçus sous différents angles. A ce stade de leur recherche, des méthodes sont en développement pour permettre le mélange en 3D d'une librairie de caractéristiques clés du visage telles que le nez, les

yeux, les oreilles et les lèvres à la forme basique du visage, afin de produire un visage reconnaissable.

Les recherches sur la perception du visage suggèrent que l'identité individuelle du visage est fonction de l'échelle, de la position et du ratio des caractéristiques de la face relativement les uns aux autres. Evenhouse et al. [122] (1992) base son travail sur la supposition que si un visage "moyen" devait être accroché à un crâne spécifique, le visage résultant prendrait l'identité du propriétaire du crâne. Trente sept amers du visage et leurs correspondants crâniens, désignés comme des points de contrôle sont connectés afin d'obtenir un maillage polygonal. Ce maillage définit la relation métrique des caractéristiques faciales et est utilisé pour déformer un visage moyen sur le crâne inconnu. Développé à l'origine en 2D, le principe fut testé en 3D. Evenhouse et al. conclut que si le projet est loin d'être terminé, leur méthodologie est un outil utile pour la reconstruction faciale assistée par ordinateur. Ils insistent sur l'ajout d'autres points caractéristiques et de leurs épaisseurs associées afin d'obtenir une surface des tissus mous plus lisse et plus complète.

Shahrom et al. [123] (1996) décrit un système d'imagerie numérique pour reconstruire le visage sur un crâne. Après avoir sélectionné l'épaisseur de la face entre trois types (normal, maigre, gros), 44 marqueurs sont entrés sur l'image du crâne. Un "visage moyen" correspondant aux propriétés anthropologiques de la victime est sélectionné dans une base de données de visages scannés et munis de 44 marqueurs similaires. Après alignement des images du crâne et du visage, celles-ci sont superposées. La reconstruction automatique de la face sur l'image du crâne est réalisée après un recalage manuel des marqueurs entre les deux images. Cette méthode est rapide et offre l'avantage de sélectionner un "visage moyen" de même type que la victime mais elle partage un certain nombre des travers de la reconstruction manuelle, tel le placement des amers à la main.

En 1997 Archer [124] propose de coller un modèle de visage basé sur des B-splines hiérarchiques, en accord avec des marqueurs virtuels de l'épaisseur des tissus placés sur des amers prédéfinis. L'usage de B-splines non-uniformes et rationnelles (NURBS) est par la suite [125] proposé pour modéliser la surface du visage, pour pallier aux défauts de l'application des splines pour connecter les marqueurs et introduire des méthodes basées sur l'anatomie.

Anderson et Valfridson [120] utilisent aussi des marqueurs placés en des points caractéristiques pour définir la distance entre la peau et le crâne. Tous les vertex d'un maillage de référence arbitrairement choisi sont projetés sur la représentation CT de l'os crânien

correspondant aux marqueurs. Les caractéristiques du visage peuvent alors être choisies dans une "librairie" et manipulées dans une étape de "post-processing".

Le recalage élastique est très répandu en imagerie médicale, et donc aussi dans les méthodes de reconstruction craniofaciales. Ces méthodes sont de l'avis de Subsol et Quatrehomme [126] les plus prometteuses. Quatrehomme et al. [126, 127] emploient un recalage rigide à modalité simple utilisant le scan CT du crâne trouvé et celui d'un crâne de référence, qui inclut les tissus mous. Après un recalage rigide, le maillage du crâne de référence est déformé vers le crâne mou, en utilisant des lignes de crêtes. La transformation élastique calculée est ensuite appliquée à la face. Cette même approche par réutilisation de la transformation élastique se retrouve dans les travaux récents de Kermi [128].

Jones [129] suggère d'utiliser l'intercorrélation pour identifier automatiquement des points caractéristiques dans la base de données composée de CT scans du crâne découvert et de la tête de référence. Ces correspondances sont utilisées par la suite pour placer les tissus mous de la tête de référence sur le crâne découvert selon une fonction de distance/champ de déformation (distance-field warp function).

Tu et al. [130] utilise un ensemble de scans CT pour acquérir l'information d'épaisseur des tissus. Différents CT scans de la base de données sont déformés vers le crâne découvert. Une ACP est menée ensuite sur les visages ainsi déformés par les transformations crâne-crâne calculées afin d'obtenir un visage moyen et des modes de variations. On propose donc un espace de visage comme résultat de la reconstruction.

Dans le même esprit, Vandermeulen [117] utilise de multiples surfaces du crâne et de la peau afin de prédire la surface de peau du crâne inconnu. Suivant une méthode présentée par Jones [129], la déformation des crânes de référence vers le crâne découvert est appliquée aux surfaces de peau de référence. On segmente tout d'abord les surfaces de peau et de crâne sur chaque scan CT. Ces surfaces sont ensuite converties en carte de transformation par distance signée. Les transformations calculées entre les crânes sont ensuite appliquées sur ces cartes de distances. Le visage prédit est obtenu en prenant la moyenne des cartes de distances.

Claes [10] présente une approche similaire à celle proposée par Müller [119]. Un modèle statistique du visage est calculé à partir de différents visages d'individus vivant afin de produire un visage moyen le moins biaisé possible. Ce visage moyen est amarré à une copie virtuelle du crâne selon un ensemble de points caractéristique. Cette méthode emploie pour cela une déformation basée sur les *spline plate transform*. Dans le cas de Claes [10], la

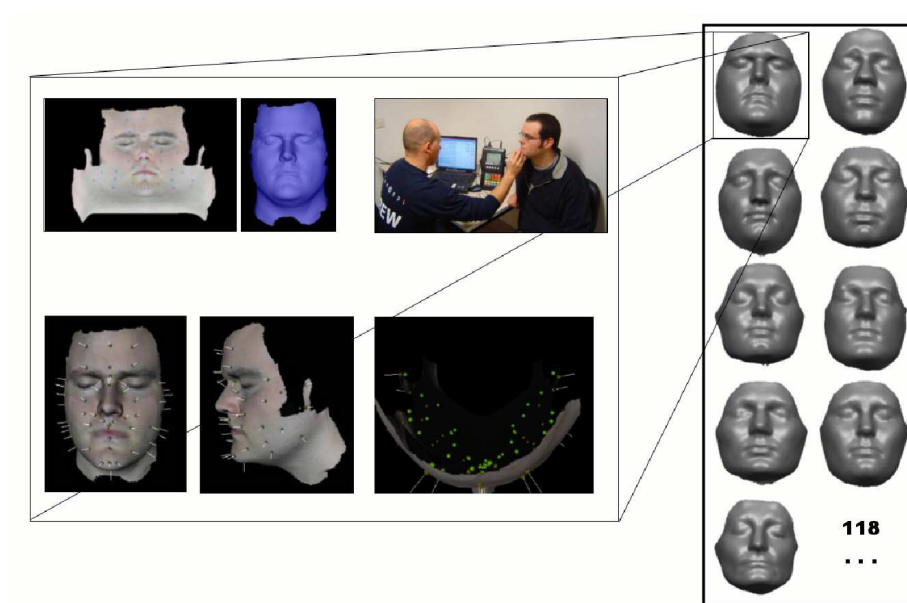


FIG. 5.3 – Présentation de l'acquisition de la surface du visage et de l'épaisseur des tissus mous d'un individu.[10]

base de données de visage et de points caractéristiques du crâne est construite en utilisant des méthodes non-invasives (scanners externes, sondes à ultrasons) afin de collecter un grand nombre d'individus et d'introduire dans le modèle de visage des critères comme le sexe, l'âge ou le rapport taille/masse comme on peut le voir figure 5.3.

Le caractère invasif du scanner par tomographie freine en effet la taille et la construction des bases de données. Mang [118] propose d'utiliser des données IRM pour l'obtention de l'épaisseur des tissus mous du visage, utilisant ensuite une approche basée sur des déformations de type thin-plate-spline. Il est cependant difficile de synthétiser la peau et le crâne sur des IRM.

Pour réduire le temps d'acquisition, Hering [131] a créé un système pour capturer la surface du visage d'une personne avec une haute précision en un temps d'acquisition très court. Sa méthode est basée sur la prise d'un portrait hologramme avec un laser pulsé sain pour les yeux. Dans un deuxième temps, la véritable image est générée à partir de l'hologramme et les sections de l'image sont projetées dans un diffuseur. Ces vues des sections sont ensuite numérisées avec une caméra et converties en modèles de surfaces.

Kähler [8] présente encore une approche basée sur du recalage non-rigide. Il s'agit d'un modèle de tête virtuelle basé sur l'anatomie, comprenant la peau et les muscles. Des marqueurs sont posés sur le crâne virtuel en des points caractéristiques en utilisant la table de Rhine [132, 133] sur l'épaisseur des tissus mous en ces points. Le modèle de tête est ensuite déformé pour correspondre aux marqueurs en utilisant une transformation non-rigide. Cette approche incorpore en plus les muscles de la face et permet ensuite d'animer le visage obtenu.

La plupart de ces approches ont pour défaut l'emploi d'un modèle ou maillage, générique ou spécifique, qui amène des caractéristiques dérivées au niveau de tous les visages générés, l'exemple le plus flagrant étant celui de la forme du nez, qui varie considérablement selon les populations de la base de données et qui est difficilement prévisible par le crâne.

Les méthodes que nous allons présenter par la suite relèvent des travaux basés sur l'approche macroscopique : les tissus mous du visage ne seront perçus qu'à travers les maillages du visage et du crâne utilisés. La même remarque concernant les caractéristiques induites par le maillage de visage peut donc nous être reprochée. Concernant la littérature existante, nos travaux ont pour spécificité de mettre en avant le paradigme de semi-landmarks de manière explicite et de ne pas passer par une liste de points ou des marqueurs d'épaisseur de la peau, l'épaisseur de la peau étant soit modélisée par le modèle statistique (qui modélise l'ensemble des relations spatiales crâne / peau) dans le cas de la reconstruction craniofaciale par estimation de données manquantes, soit par l'ensemble des couples crâne / visage dans le cas de l'approche par recalage élastique.

5.3 Construction de la base de données

Les trois méthodes de reconstruction craniofaciale proposées par la suite sont basées sur la base de données présentée au premier chapitre. Celle-ci est composée de maillages du crâne et du visage partageant suite au recalage élastique de maillages génériques la même topologie, c'est-à-dire le même nombre de vertex et les mêmes liaisons entre ces vertex (figure 5.4). Chacun de ces vertex représente par hypothèse le même lieu sur



FIG. 5.4 – Construction de la base de données

chaque individu. Comme ces points n'ont pas de noms, on parle de *semi-landmarks*. On peut donc considérer chaque vertex des maillages sous la forme d'un vecteur de la forme de l'individu (figure 5.5). C'est cette propriété qui permet de construire le modèle statistique conjoint du crâne et du visage dans le cas de la reconstruction craniofaciale par estimation des données manquantes. Dans le cadre de l'approche par recalage élastique, cette propriété est utilisée en appariant les points de chaque maillage lors du calcul de la transformation élastique.

Terminologie Le visage à estimer ou inconnu est associé à un crâne sec (sur lequel il n'y a pas de restes de tissus mous). Les maillages qui constituent la base de données sont appelés lors de la construction de la base maillage générique spécifique au sujet (SSG) (Chapitre 1), car ils partagent tous la même topologie (générique) et représentent les anatomies propres à chaque sujet (spécifiques au sujet).

5.4 Reconstruction par Recalage Élastique sur des données réelles

L'une des méthodes régulièrement employées en reconstruction craniofaciale assistée par ordinateur consiste à calculer la déformation entre un crâne de référence et le crâne sec et à appliquer la transformation élastique ainsi calculée au visage de référence. On

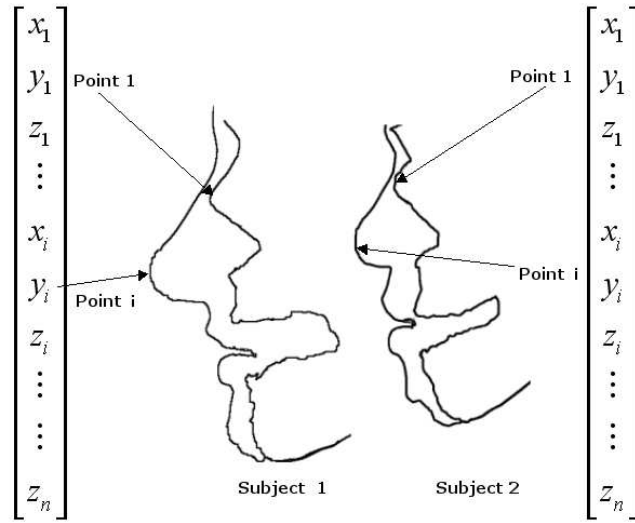


FIG. 5.5 – Pour chaque individu, le vertex i correspond à un même lieu

peut par ailleurs utiliser non pas un couple crâne / visage de référence mais un ensemble de couples, obtenant ainsi un ensemble de visages possibles. L'estimation du visage peut alors être la moyenne des visages obtenus ou un modèle statistique de visages dont une réalisation sera choisie comme résultat de la reconstruction craniofaciale [130].

Ces méthodes nécessitent seulement un ensemble de données représentant des couples crâne / visage et un algorithme de recalage élastique. Une méthode similaire peut donc s'appliquer à partir de nos maillages génériques spécifiques au sujet et de notre outil de recalage élastique. La mise en correspondance a déjà été réalisée, les vertex des crânes étant considérés comme des *semi-landmarks*. Néanmoins, il faut paramétrer la transformation élastique, afin de ne pas inférer trop d'informations sur le visage estimé. Si l'on se réfère aux quatre étapes de reconstruction craniofaciale assistées par ordinateur définies auparavant, cette méthode se décompose comme suit :

- CT Scan du crâne : mise en correspondance du crâne sec par rapport au maillage générique du crâne. Cette étape correspond au schéma et est réalisée lors de la construction de la base de données.
- Ajout de référence sur les tissus mous : ici les références sur les tissus mous sont contenues dans la base de données à travers les maillages du visage.
- Déformation de la référence sur le crâne. Cette étape est réalisée en deux temps.

Individus	1	2	3	4	5	6	7	8
Reconstruction CranioFaciale (mm)	11.6	5.4	7.0	5.0	4.8	6.8	5.3	6.0
Recalage entre Cranes (mm)	2.7	3.3	3.0	2.0	2.2	2.0	2.1	2.3
Distance entre crânes à l'origine (mm)	16.0	16.2	16.5	13.7	13.7	14.2	14.4	14.7

Individus	9	10	11	12	13	14	15	Moy.
Reconstruction CranioFaciale (mm)	4.3	5.5	7.7	8.5	7.2	7.0	6.2	6.6
Recalage entre Cranes (mm)	3.7	3.3	2.1	4.3	4.7	5.3	2.4	3.0
Distance entre crânes à l'origine (mm)	16.3	16.2	14.2	23.6	19.7	20.6	14.6	16.3

TAB. 5.1 – Distances (mm) entre les visages estimés et à estimer (1), entre le crâne sec et le crâne recalé (2) entre le crâne sec et le crâne le plus proche

On calcule d'abord la déformation de la (des) référence(s) vers le crâne sec, puis on réutilise la transformation calculée pour déformer le(s) maillage(s) de visage de référence.

– Ajout de texture

Durant les expériences, une méthodologie similaire au *leave-one-out* est utilisée : à son tour chaque couple crâne /visage est utilisé comme visage inconnu et crâne sec.

5.4.1 Résultat pour le crâne le plus proche

On choisit tout d'abord de ne calculer le recalage élastique que sur le crâne de la base de données le plus proche du crâne sec, malgré la taille de la base de données qui rend la notion de crâne de référence parcimonieuse. Pour chaque crâne sec, on sélectionne donc le crâne de la base de données le plus proche et on applique la transformation calculée entre ces crânes au visage (connu) du crâne le plus proche. On dispose des résultats suivants (tableau 5.1), la distance d'origine entre les crânes, la distance entre les crânes recalés et enfin la précision de la reconstruction craniofaciale proprement dite.

La précision de la reconstruction craniofaciale est en moyenne 6,6 mm (avec un écart-type de 1.9 mm) avec la meilleure reconstruction effectuée pour l'individu 9 avec une précision de 4,3 mm et la pire pour l'individu 1 avec une précision de 11,6 mm. Si on regarde le résultat des recalages élastiques des crânes vers le crâne sec, la précision finale moyenne est de 3 mm et l'écart de précision se situe entre 2,0 mm (individus 4 et 6) et 5,3 mm (individu 14).

Individus	1	2	3	4	5	6	7	8
Visage moyen (mm)	8.6	4.1	4.9	4.1	6.8	6.8	3.5	4.3
Crane moyen (mm)	2.9	2.9	2.0	2.6	2.8	3.0	2.1	2.9
Individus	9	10	11	12	13	14	15	Moyenne
Visage moyen (mm)	3.9	3.2	2.7	11.1	5.5	6.2	5.6	5.42
Crane moyen (mm)	3.0	2.7	2.6	5.2	5.5	5.1	2.7	3.02

TAB. 5.2 – Distances (mm) entre le visage estimé et à estimer (1), entre le crâne estimé et le crâne sec (2)

Dans le cas de l'individu 1 (le moins bien reconstruit), le recalage intercrâne est de bonne qualité (2.7 mm). Dans le cas de la meilleure reconstruction (individu 9), le recalage intercrâne est aussi de bonne qualité (3.7 mm). Il n'y a donc pas ou peu de liens directs entre la qualité du recalage intercrâne et la qualité de la reconstruction craniofaciale, même si les individus bien recalés seront plutôt mieux reconstruits et les individus mal recalés mal estimés.

5.4.2 Visage moyen

La taille de la base de données impose une grande distance moyenne entre les individus les plus proches et surtout un même crâne peut être le crâne le plus proche de plusieurs autres individus. Ainsi le crâne 4 est le crâne le plus proche des individus 5,7,15. Si cet individu présente pour son visage des particularités importantes (par exemple une épaisseur de peau correspondant à un rapport taille/masse important), cette particularité sera exportée lors de la reconstruction. Devant une base non normalisée ou triée, il vaut mieux utiliser l'ensemble des crânes et utiliser le visage moyen obtenu entre toutes les reconstructions craniofaciales comme estimé, les particularités non souhaitées de certains individus qui pourraient être pris dans la base seront alors noyées par les autres individus. On réalise donc la même expérience, sur tous les crânes disponibles dans la base de données, ce qui produit autant de visages estimés. On calcule ensuite le visage estimé moyen ainsi que le crâne recalé moyen pour chaque individu (tableau 5.2).

La précision moyenne de la reconstruction craniofaciale obtenue est de 5.4 mm (avec un écart-type de 2.2 mm), ce qui représente un gain par rapport à l'expérience précédente.

L'erreur moyenne sur les crânes recalés reste la même 3,02 mm (contre 3,03 mm). L'ajout des autres crânes n'a pas eu d'effet négatif pour l'estimation des transformations. On peut noter que certains individus sont reconstruits avec une précision autour de 3 mm, soit une précision de l'ordre de grandeur de celle du crâne transformé.

En conclusion, cette méthode fournit des résultats de bonne qualité visuelle, assurés par la mise en correspondance réalisée lors de la construction de la base de données. Mais, le trop faible nombre d'individus de la base de données et l'absence de prise en compte des particularités propres au sujet à reconstruire (sexe, masse) ne permet pas d'arriver à une reconstruction de grande précision.

Lors des expériences précédentes, il est sous-entendu que l'épaisseur de peau représentée par les deux maillages n'est pas fondamentalement modifiée par la déformation calculée. Dans la méthode suivante, cette épaisseur de peau est modélisée implicitement par le modèle statistique conjoint des crânes et des visages.

5.5 Modélisation Statistique et Reconstruction Partielle

On utilise maintenant les méthodes de reconstruction partielle présentées au chapitre 4 pour estimer les visages à partir des crânes. La partie connue du modèle est constituée des vertex du crâne, la partie inconnue de ceux du visage.

Tout d'abord, cette approche sera vérifiée sur des données de synthèse extrapolées à partir de la base de données (pour une modélisation statistique linéaire). Ensuite deux modèles statistiques seront construits, basés sur une ACP (linéaire) et une ACP à Noyaux Gaussiens.

5.5.1 Reconstruction partielle linéaire sur des données de synthèse

La base de données composée de 15 individus ne permet pas une bonne capacité de généralisation du modèle engendré. Afin de vérifier un peu plus l'approche présentée précédemment, on décide de créer tout d'abord des données de synthèse.

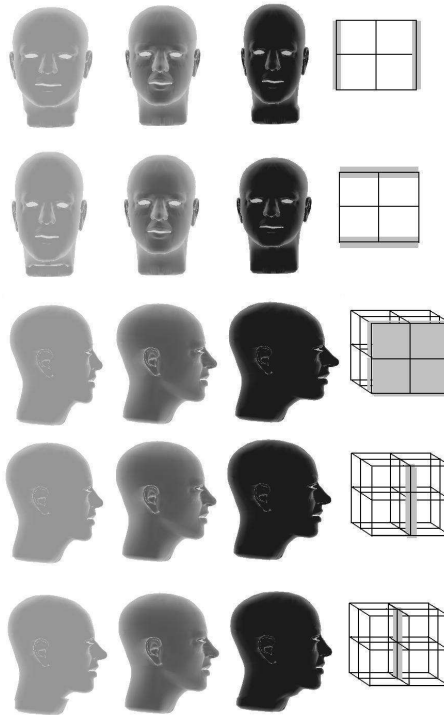


FIG. 5.6 – Exemples de visages générés avec les parties de l’octree montrant le lieu de déformation

Création de la base de synthèse

Il s’agit d’introduire une variabilité anatomique artificielle en engendrant des couples crâne / visage en déformant légèrement un individu de la base de données réelle, grâce au logiciel de recalage élastique introduit au chapitre 2. En générant une déformation basée sur un octree de faible définition, on est à même d’opérer les transformations suivantes : modification des proportions entre la largeur, la hauteur des maillages, entre les parties hautes et basses, avant et arrière, d’avancer le nez. Il suffit pour cela de modifier les noeuds de l’octree disposés sur les arêtes de l’ensemble de cubes la composant. Les crânes et les visages seront transformés par la même transformation, permettant ainsi de garder en partie les liens entre les deux parties du modèle.

Il est évident que cette augmentation artificielle de la base de données ne génère pas plus de variabilité anatomique que des individus réels. Des échantillons de la base de synthèse

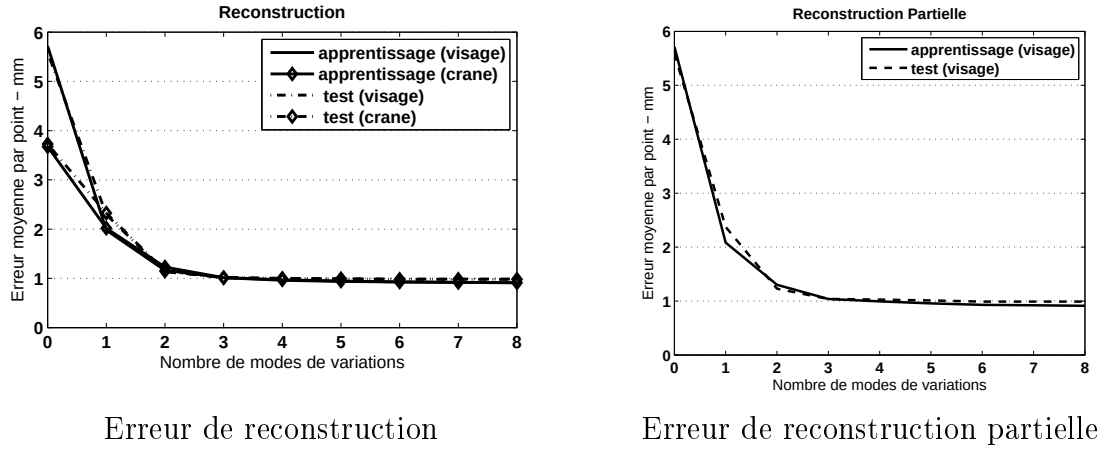


FIG. 5.7 – Résultats pour les données de synthèse

sont présentés figure 5.6 au côté des octrees qui les ont générés. On génère donc 100 échantillons de synthèse en créant des modifications aléatoires de l'octree. Afin d'ajouter plus de variabilité, un bruit gaussien est ajouté à chaque point des maillages. Ce bruit est maintenu en dessous de 2mm afin de rester dans le paradigme des semi-landmarks et d'éviter ainsi toute inversion de points et autre torsion du maillage.

Résultats

Les résultats obtenus par la base de synthèse en reconstruction globale et en reconstruction partielle pour un modèle linéaire sont présentés figure 5.7. Les échantillons de tests sont reconstruits avec une précision de l'ordre du millimètre. L'erreur d'estimation des données manquantes converge vers l'erreur de reconstruction globale aussi bien pour la partie inconnue (le visage) que pour la partie connue (le crâne).

Ces résultats obtenus sur une base de données synthétiques montrent que l'on peut espérer en utilisant la reconstruction partielle linéaire une reconstruction faciale de bonne qualité pour des données réelles.

5.5.2 Reconstruction partielle linéaire sur des données réelles

Présentation du modèle

A partir de la base de données des sous-ensembles de crânes et de visages construite au chapitre 2 (recalée et alignée), un modèle statistique linéaire peut être construit. En effet,

Numéro du mode	1	2	3	4	5	6	7	8
Variance cumulée (%)	36	51	64	73	79	84	88	91

TAB. 5.3 – Pourcentage de variance cumulée par mode de variation

les vertex de chaque maillage issu de la mise en correspondance peuvent être considérés comme des points semi-caractéristiques, dont les variations autour de la position moyenne reflète la variabilité anatomique de la base. La base de données contient 15 individus. La technique utilisée sera celle du *leave-one-out* afin de tester la généralisation de la procédure de modélisation. Un maximum de 13 degrés de libertés ou modes de variations est donc possible. Seuls les 8 premiers modes de variations (voir tableau 5.3) sont significatifs en termes de variances représentatives. Ces modes de variations ne prennent pas en compte les degrés de libertés enlevés par l’alignement.

Par ailleurs, l’alignement ayant été calculé sur les crânes secs, on ne perd pas l’information relative aux épaisseurs de peau. Chaque forme consiste en 2900 vertex pour le crâne, 3780 vertex pour la face. Le modèle contiendra donc à la fois des informations relatives aux liens entre les points de chaque partie du corps mais aussi aux liens entre le visage et le crâne. En utilisant le formalisme données manquantes introduit précédemment au chapitre 3, on peut estimer la forme du visage, connaissant le modèle et le crâne.

Reconstruction

La précision du modèle est testée par reconstruction, les résultats sont présentés figure 5.8. Pour un maillage donné, les modes de variations sont calculés par minimisation de la distance entre le maillage d’origine (T) et le maillage reconstruit ($\bar{T} + \phi b$). Les erreurs moyennes obtenues pour les 3 derniers modes de variations sont en dessous du millimètre pour les échantillons de la base d’apprentissage. La reconstruction est donc précise pour les échantillons de la base d’apprentissage. L’erreur de reconstruction des échantillons de test est autour de 3.85 mm pour le crâne, 3.25 mm pour le visage en utilisant les quatre premiers modes de variations. La reconstruction du crâne est principalement déterminée par le premier mode de variation, l’erreur de reconstruction étant alors de 4.2 mm. Ces deux résultats attestent le résultat attendu : la méthode est prometteuse mais le nombre d’échantillons de la base de données ne permet pas la construction d’un modèle conjoint

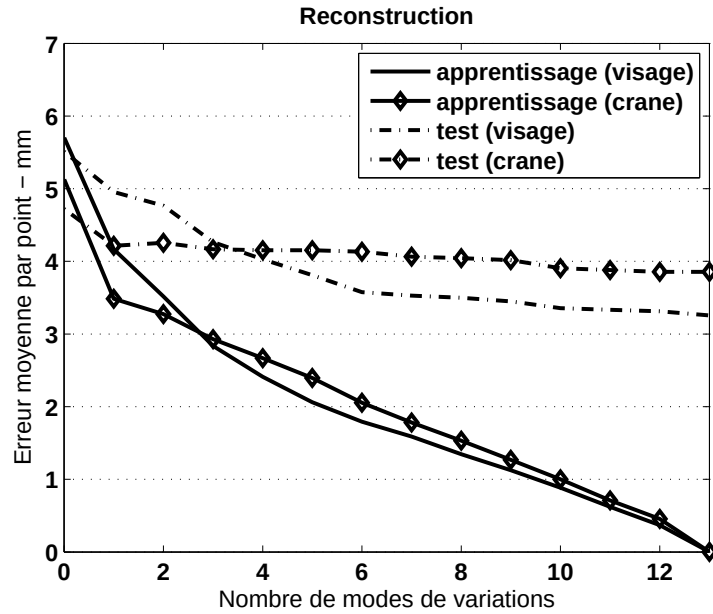


FIG. 5.8 – Erreur de reconstruction

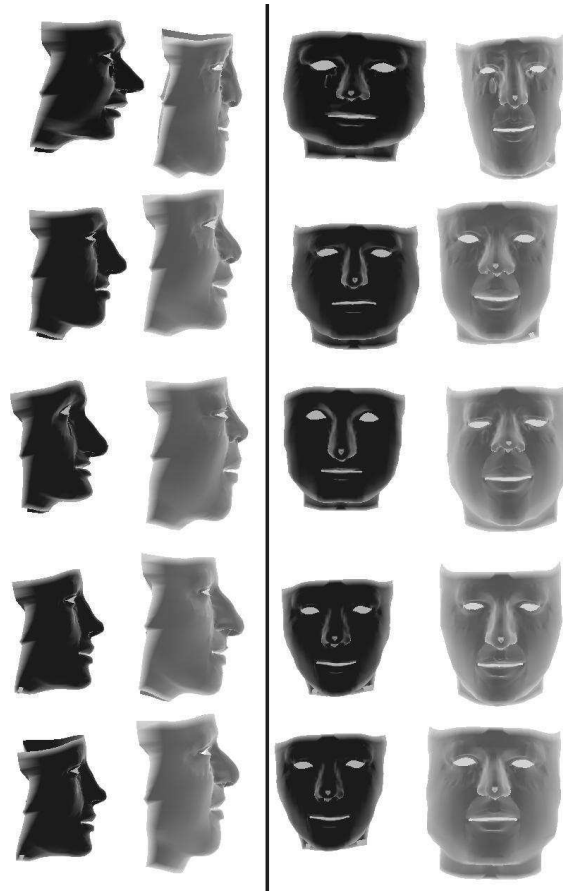
Nombre de modes	1	2	3	4	5	6
Crâne	39	48	59	66	72	79
Visage	36	50	64	75	82	86

TAB. 5.4 – Variance cumulée pour la face et le crâne

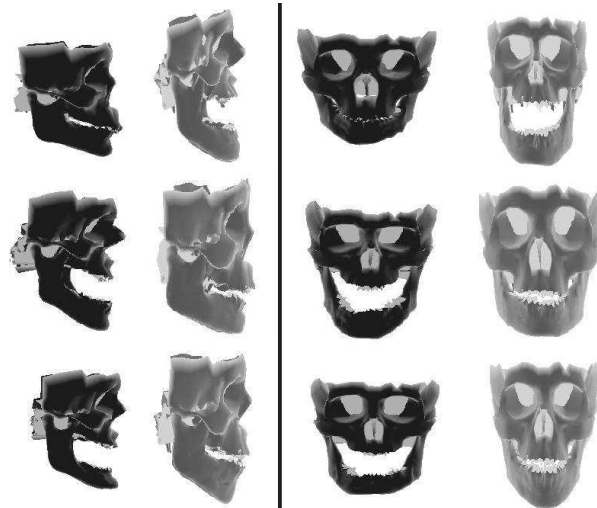
du crâne et du visage généralisant.

En dehors du premier mode de variations, on remarque que ceux-ci sont plus descriptifs des variations de la forme du visage que des variations de la forme du crâne (tableau 5.4). Cela est en partie lié aux différences de nombre de vertex entre le maillage du crâne (2900) et le maillage de la face (3780).

Les variations des formes du crâne et du visage sont présentées à la figure 5.9 selon les premiers modes de variations pour 3 et -3 fois l'écart type. Le premier mode influence les variations en largeur du visage et du crâne alors que le second mode contrôle les variations en hauteur. Le troisième mode agit sur la forme du nez et modifie le rapport entre les parties hautes et basses du crâne et de la face. Le quatrième mode corrige la forme du nez et le cinquième mode celle de la mâchoire. Ces cinq premiers modes



Variation de la forme du visage selon les premiers modes



Variation de la forme du crâne selon les premiers modes

FIG. 5.9 – Effets des paramètres de variations du modèle linéaire

cumulent 73% de la variance du modèle. Par ailleurs, on peut remarquer qu'en raison des ouvertures de mâchoire différentes pour chaque individu, chaque paramètre modélise aussi l'ouverture de la mâchoire.

Reconstruction partielle de la face

On utilise maintenant la méthode de reconstruction partielle présentée au chapitre 4 pour estimer les visages à partir des crânes. La partie connue du modèle est constituée des vertex du crâne, la partie inconnue de ceux du visage.

Comme précédemment, une approche par *leave-one-out* est utilisée. La figure 5.10 donne l'erreur d'estimation sur les visages selon qu'ils appartiennent à la base d'apprentissage ou sont des échantillons de test. Les échantillons de la base d'apprentissage sont estimés avec une précision de 0.5 mm, ceux de la base de tests présentent une erreur moyenne de 6 mm. Comme pour la reconstruction simple, la capacité de généralisation du modèle est limitée par la taille de la base d'apprentissage. Le premier paramètre de variation présente une meilleure estimation du visage à reconstruire avec seulement 5.2 mm d'erreur moyenne. On sait par ailleurs que le crâne détermine principalement le premier paramètre (section précédente) et que les autres paramètres sont plus liés aux variations de forme du visage.

La répartition des erreurs de prédiction sur le visage est montrée figure 5.11. De larges erreurs sont situées sur les joues, le cou et les ailes du nez. Les joues ne sont pas directement reliées au crâne, et les éléments constitutifs de la base d'apprentissage ont tous des ouvertures de mâchoire différentes. Cette partie du visage est donc difficilement prédictible. De plus, la densité du maillage au niveau des joues est plutôt basse, les possibilités de glissement des vertex à la surface de la peau sont donc plus fortes. De même, le cou n'est pas connecté au crâne, de larges erreurs sont donc à prévoir. Les liens entre la forme du nez et celle du crâne sont complexes à décrire [134, 135] et les erreurs dans cette partie du visage sont à associer à cette complexité.

La prédiction de nez sur des maillages de visage est l'objet de travaux séparés de la reconstruction craniofaciale. Dans notre cas, il est vraisemblable que la bonne estimation de la forme du bout du nez résulte de la forme du maillage générique d'origine et soit un artefact de la chaîne de transformation utilisée pour obtenir les maillages génériques

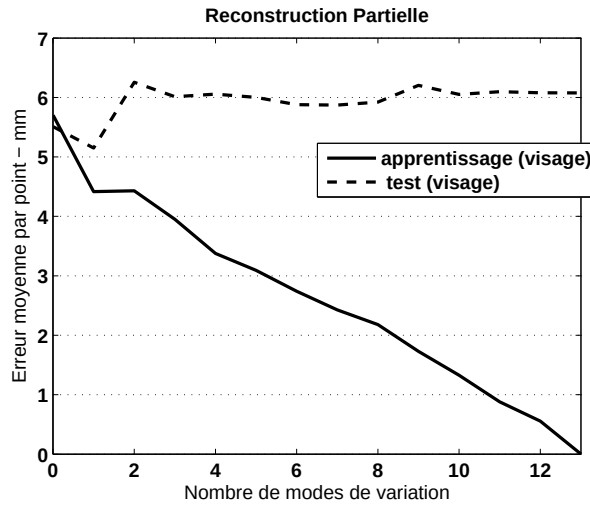


FIG. 5.10 – Erreur de reconstruction partielle

spécifiques au sujet utilisés dans la base de données.

Si l'on exclut le cou et le bout du nez, un gain d'un demi millimètre sur l'erreur moyenne d'estimation du visage (4.6 mm) peut être observé (figure 5.12).

Outre sa taille, la base d'apprentissage présente d'autres défauts : l'inhomogénéité des points selon les régions du visage, le déséquilibre entre les nombres de vertex associés aux deux maillages. Une décimation du maillage du visage peut permettre d'amoindrir cette faiblesse de la base de donnée.

Et si on décime le maillage du visage ?

On décime donc le maillage du visage, les points du modèle correspondant au visage sont donc désormais un sous-ensemble des points d'origine, la notion de *semi-landmarks* est conservée. Le visage est désormais représenté par 929 points sur les 3780 d'origine. L'allure du visage décimé est présenté figure 5.13. Les points du crâne représentent maintenant 75% des points du modèle et leur influence sur les vecteurs propres du modèle (et donc sur les modes de variations) est maintenant plus forte.

Les mêmes opérations de reconstruction simple et avec données manquantes en *leave-one-out* sont réalisées. Comme pour le maillage d'origine, la précision de la reconstruction globale est en dessous du millimètre pour les trois derniers modes de variations dans le

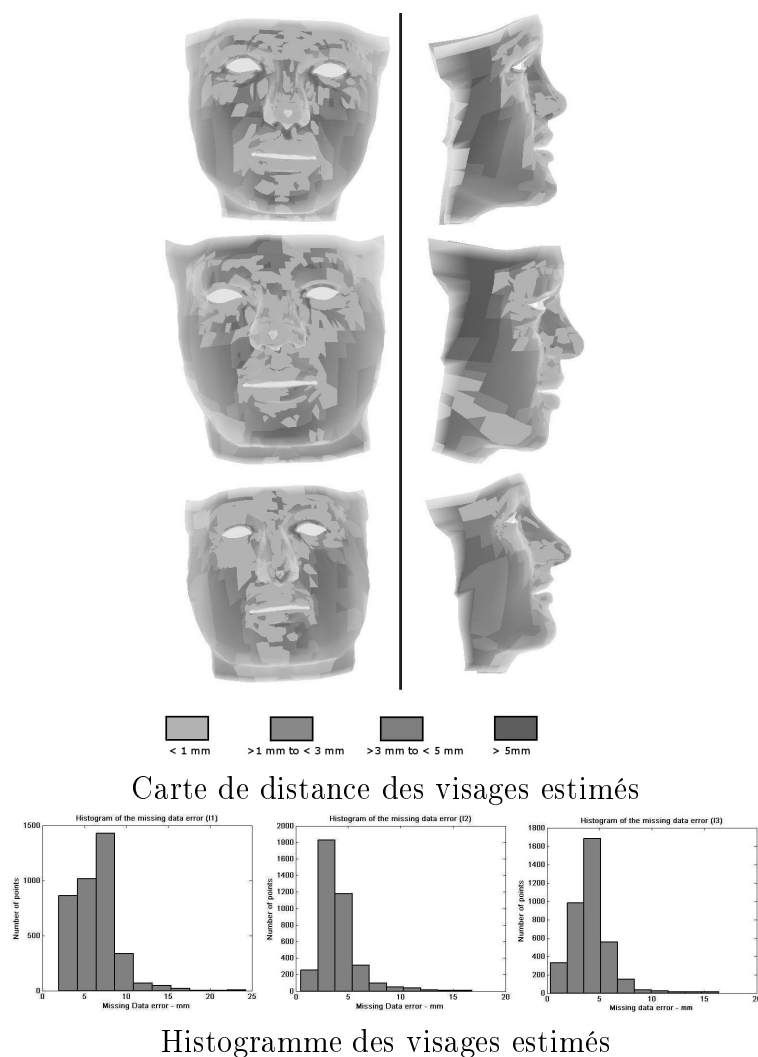


FIG. 5.11 – répartition des erreurs de reconstruction partielle sur le visage

cas de la base d'apprentissage et autour de 3.6 mm pour les échantillons de test pour les 4 derniers modes (figure 5.14). La reconstruction de la partie crâne du modèle est maintenant essentiellement déterminée par les trois premiers modes de variations, la variance expliquée cumulée est maintenant plus descriptive du crâne (table 5.5).

A nouveau, les résultats obtenus pour la reconstruction avec données manquantes sont prometteurs : les visages de la base d'apprentissage sont estimés avec une précision de 0.6 mm. Cependant les visages de la base de test sont estimés avec une précision de 6.0

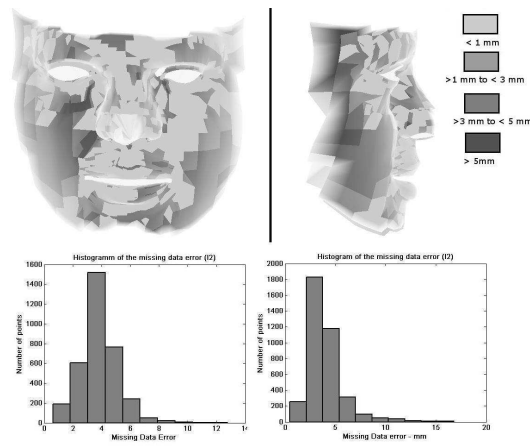


FIG. 5.12 – Carte de distance et histogramme d'un visage estimé sans cou ni nez

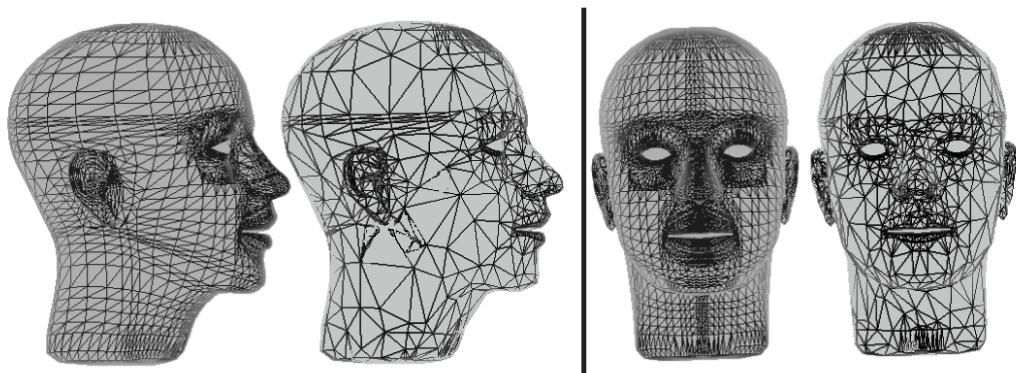


FIG. 5.13 – Maillages du visage d'origine et décimé

Nombre de mode/variance cumulée	1	2	3	4	5	6
Modèle complet	38	55	65	72	78	83
Visage	31	40	50	63	71	76
Crâne	41	59	68	72	78	83

TAB. 5.5 – Variance expliquée cumulée

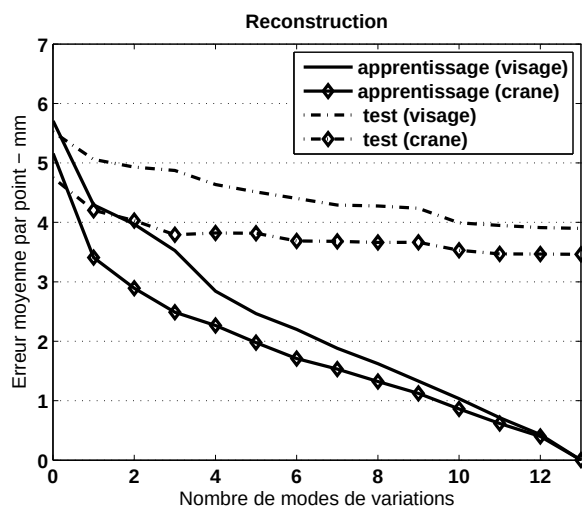


FIG. 5.14 – Erreur de reconstruction globale pour le modèle décimé

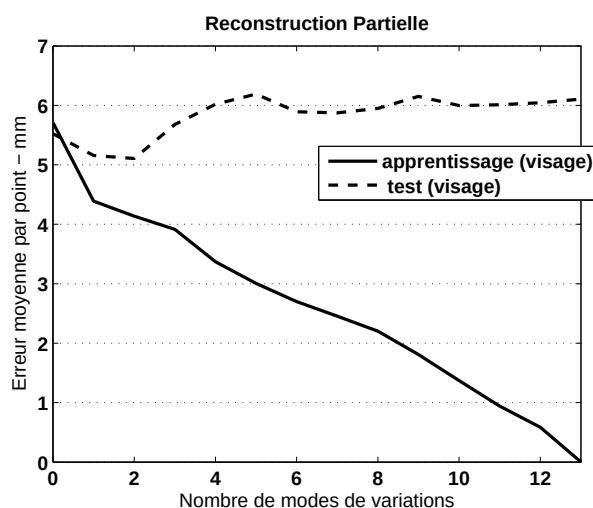


FIG. 5.15 – Erreur d'estimation de reconstruction partielle pour le modèle décimé

mm pour un grand nombre de modes de variation. Comme précédemment, le premier mode de variation offre une meilleure approximation du visage avec 5.1 mm de précision. La différence par rapport au modèle non décimé se situe au niveau du second paramètre qui garde cette précision (figure 5.15).

En conclusion, les résultats présentés par le modèle décimé sont les mêmes que pour le modèle non-décimé. Cependant ces résultats confirment que plus la partie connue sera décrite précisément, moins les erreurs basées sur la paramétrisation de la partie connue n'interféreront pas sur l'estimation de la partie inconnue.

5.5.3 Reconstruction partielle non-linéaire sur des données réelles

Comme pour toute ACP à noyaux, le nombre de paramètres de variabilité issu d'une ACP à noyaux gaussiens ne dépend que du nombre d'exemplaires de la base d'apprentissage. La dimension des exemplaires (nombre de coordonnées) de la base est prise en compte à travers le paramètre du noyau gaussien, mais ne constitue pas pour la reconstruction partielle une limite à cette modélisation de part leur grandeur. Le schéma itératif proposé pour la reconstruction partielle des systèmes modélisés par ACP à noyaux gaussiens du Chapitre 4 est donc applicable à la problématique de la reconstruction faciale.

Suivant les expériences réalisées dans le chapitre 4, on détermine tout d'abord le paramètre du noyau gaussien par minimisation de l'erreur de reconstruction des échantillons utilisés comme test (en leave-one-out) pour un nombre de paramètres de variabilité fixé ici arbitrairement à 7 (la moitié de la taille de la base). Les résultats présentés figure 5.16 donnent un paramètre de l'ordre de l'écart-type des données à 316 mm.

Reconstruction

On réalise tout d'abord la reconstruction des échantillons en test et en apprentissage. Les résultats sont présentés figure 5.17. L'erreur de reconstruction des échantillons de la base d'apprentissage présente une décroissance régulière que l'on peut relier à la répartition de la variance par paramètre de variabilité présentée dans le tableau 5.6. La variance est très répartie entre les paramètres. Pour 13 paramètres, le dernier paramètre correspond à du bruit ce qui explique l'erreur correspondante. La reconstruction des échantillons de tests présente une erreur de reconstruction légèrement décroissante selon le nombre de paramètres autour de 4.5 mm, mais reste assez stable. Le pouvoir de généralisation de la base est donc assez faible.

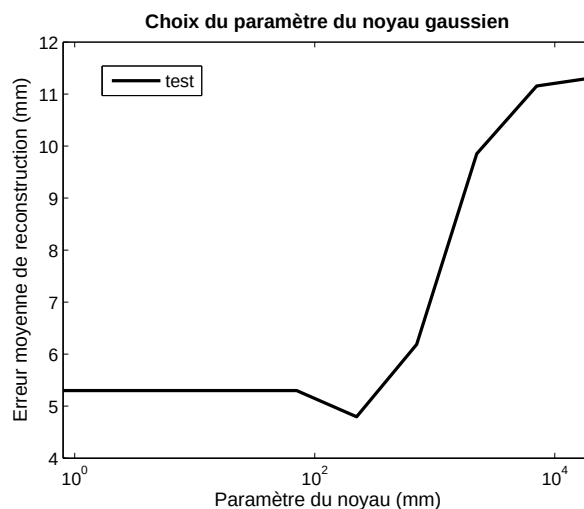
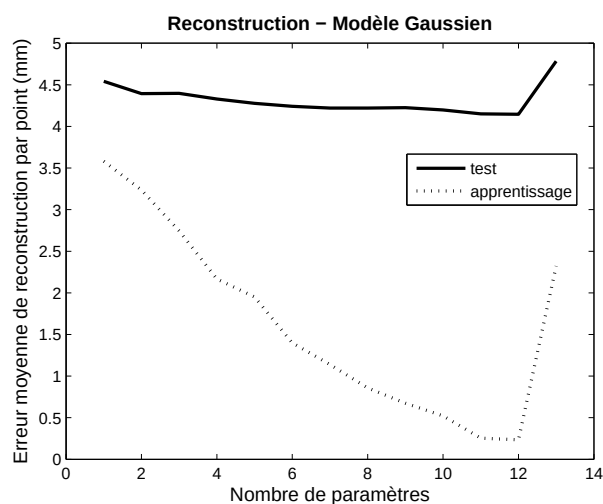
FIG. 5.16 – Choix du paramètre σ du modèle gaussien

FIG. 5.17 – Erreur de reconstruction pour le modèle gaussien

Reconstruction partielle

On réalise ensuite la reconstruction partielle proprement dite en prenant comme point de départ du schéma itératif l'échantillon de la base d'apprentissage le plus proche. Les erreurs de reconstruction partielle par point et selon le nombre de paramètres sont présentées figure 5.18. L'erreur de reconstruction partielle est croissante en test et présente un

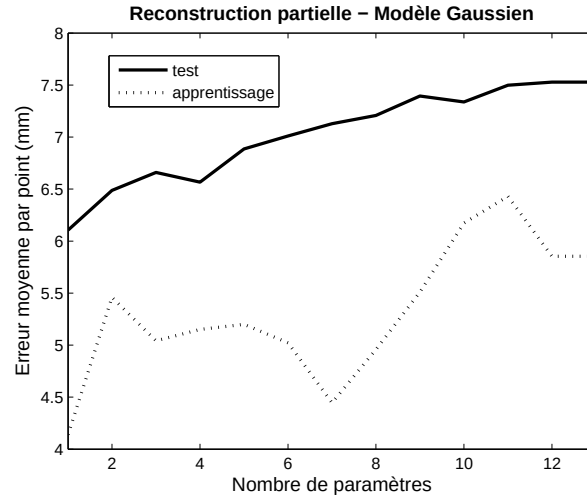


FIG. 5.18 – Erreur de reconstruction partielle pour le modèle gaussien

comportement variable en apprentissage, avec une première phase de croissance puis décroissance. Ces résultats sont cohérents avec ceux trouvés lors des expériences précédentes : ils sont du même ordre de grandeur, environ, 6 mm d'erreur moyenne de reconstruction. Les résultats générés correspondent bien à des visages. Selon le point de départ utilisé par le schéma itératif, on observe une variation moyenne de 1 mm ce qui confirme la présence de nombreux minima locaux dans l'expression à minimiser. Cependant, les résultats de la reconstruction partielle pour les échantillons de la base d'apprentissage sont reconstruits avec une erreur élevée ce qui n'est pas le cas pour la reconstruction simple ou les autres méthodes. Cette erreur est due à la largeur du noyau gaussien, qui prend en compte plusieurs échantillons de la base d'apprentissage et aux nombreux minima locaux de la fonction de minimisation. A titre d'exemple, un noyau 10 fois plus petit présente des résultats de reconstruction partielle en apprentissage de l'ordre de 0.3 mm. Le critère de choix du paramètre du noyau gaussien impose une capacité de généralisation du noyau qui peut générer des erreurs de reconstruction partielle élevées même pour des exemplaires de la base d'apprentissage. Reposant sur les distances entre les exemplaires du modèle, le modèle gaussien est particulièrement sensible à la petite taille de la base. Le compromis entre apprentissage et généralisation est difficile à réaliser avec une aussi petite base.

Nombre de mode	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Variance cumulée (%)	17	32	45	55	64	72	78	84	89	94	97	100

TAB. 5.6 – Variance expliquée cumulée

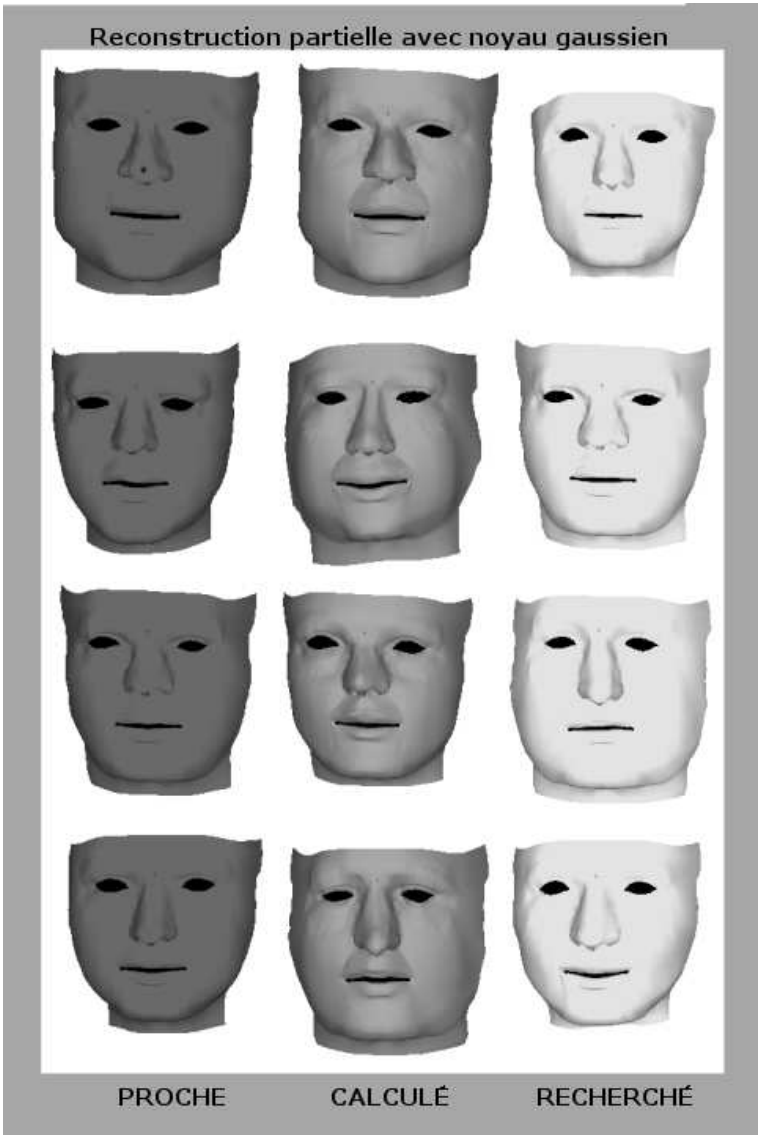


FIG. 5.19 – Exemples de reconstruction pour le modèle gaussien

5.6 Comparaison des méthodes

Les méthodes utilisées se situent en aval des opérations de création de la base de données. Le bruit dû à la mise en correspondance est donc le même. Bien que leurs principes soient différents, elles aboutissent à des résultats de qualité équivalente : une erreur d'estimation moyenne de 5.02 mm pour la première méthode par recalage, de 5.1 mm pour la méthode utilisant le modèle linéaire pour estimer le visage inconnu, de 6.0 mm pour le modèle gaussien. La taille de la base de données explique en partie ces résultats : l'aspect statistique qui sous-tend ces méthodes est important. En effet, dans tous les cas, le faible nombre d'individus empêche la généralisation : au niveau du modèle même pour les modèles statistiques ou dans l'opération de "moyennage" des visages transformés pour la méthode par recalage élastique.

Un des avantages des méthodes statistiques est la possibilité d'introduire des données telles que l'âge, le sexe ou la corpulence qui influent considérablement sur l'aspect final de la reconstruction craniofaciale. Concernant les liens entre les tissus mous du visage et les crânes, ils sont soit modélisés implicitement dans le cas des modèles statistiques, soit définis explicitement dans les couples de maillages dans le cas de la méthode par recalage élastique. L'hypothèse alors, est que les transformations élastiques utilisées pour déformer le maillage de visage ne modifient pas outre-mesure les liens entre le visage et le crâne.

Il est intéressant que les erreurs sur la partie connue soient aussi du même ordre de grandeur pour les méthodes employées : 3.0 mm pour la méthode par recalage élastique, et 3.2 mm pour la méthode par modélisation statistique linéaire (4.5 mm pour la méthode par modélisation gaussienne). Si ces résultats s'expliquent par la taille de la base de données pour le modèle statistique, cette explication ne s'applique pas au cas du recalage élastique. Cette erreur est le bruit de transformation que l'on a jugé acceptable lors de la paramétrisation de la transformation élastique. En effet, une transformation trop précise risquait de déformer les visages outre-mesure, c'est-à-dire de modifier les liens entre le visage et le crâne.

Au vu des résultats présentés, on ne peut pas conclure quant aux performances réelles de chacune des méthodes avec une base de données plus grande, si ce n'est une amélioration probable et souhaitée des résultats. Par contre, les méthodologies présentées et les tests obtenus sur des données de synthèse laissent espérer des reconstructions réalistes pour

des bases de données plus exploitables. Ils pourraient être vus comme une première approximation.

5.7 Conclusions et Perspectives

Le domaine de la reconstruction craniofaciale assistée par ordinateur est un domaine jeune et ouvert aux apports de nombreux domaines proches (chirurgie maxillofaciale assistée par ordinateur, parole audiovisuelle) intéressés eux aussi par une anatomie descriptive de la tête. Les bases de données nécessaires à la validation des méthodes sont actuellement en cours de construction.

De manière générale, on assiste à une confluence des approches statistiques et de déformations, en déformant les résultats prédits par le modèle statistique pour leur donner plus de ressemblance à la réalité ou au contraire en lissant le visage obtenu par déformation. Nous avons proposé deux méthodes dans la lignée des deux approches par recalage élastique ou par modélisation statistique. La particularité de ces travaux a été de ne pas passer par des points caractéristiques ou par des marqueurs d'épaisseur mais au contraire de considérer tous les points de nos maillages comme (semi-)caractéristiques et d'utiliser les couples crânes/visages comme élément représentatif des liens entre le visage et le crâne. Les perspectives liées à ces travaux sont nombreuses mais nécessitent l'élargissement de la base de données actuelle (ou la création d'une autre). Outre la modélisation à base de noyau gaussien qui pourrait fournir des résultats plus intéressants qu'actuellement, car elle regroupe les individus par ressemblance et crée ainsi des "sous-bases" de données affinitaires, on peut aussi vouloir intégrer le rapport taille/masse ou le sexe de l'individu dans la chaîne de reconstruction craniofaciale. Enfin, comme on a pu le voir avec le "modèle décimé", des maillages à caractère multiéchelle pourraient être intéressants pour obtenir différentes qualités de reconstructions.

Par ailleurs, terminons sur le fait que toutes les méthodes présentées permettent de reconstruire des formes qui restent des visages, visuellement acceptables.

Chapitre 6

Conclusion

Les objectifs des travaux présentés dans ce mémoire sont doubles. Nous nous sommes intéressés d'une part à la problématique de la construction d'atlas statistiques à partir d'images, d'autre part à la reconstruction partielle à l'aide de modèles statistiques de formes. Les résultats de ces travaux ont été ensuite utilisés dans une application de reconstruction craniofaciale, qui consiste à estimer l'apparence du visage à partir de l'os crânien.

6.1 Atlas statistiques et méthode de construction

La construction de base de données de formes 3D nécessite la mise en correspondance des diverses réalisations collectées de la forme en question, que ces réalisations soient issues de technologies différentes, concernent des individus ou objets différents ou un même individu ou objet articulé dans des positions différentes. L'une des méthodes de mise en correspondance possible consiste à déformer une référence commune sur ces réalisations différentes de la forme à caractériser. Certains lieux ou points précis de la forme peuvent aussi servir à caractériser la forme à décrire : les points caractéristiques. Ceux-ci peuvent être définis mathématiquement ou anatomiquement. En déformant un maillage de référence vers d'autres réalisations de cette forme (maillages ou ensemble de points), les vertex de ce maillage de référence sont exportés vers les autres réalisations de la forme et peuvent être considérés alors comme des points semi-caractéristiques, et permettre la caractérisation ou la modélisation de la forme. Enfin, l'alignement des formes mises en correspondance permet d'enlever les degrés de libertés liés aux déplacements dans l'espace (translations, rotations) et à l'échelle.

Une part essentielle de mon travail a été de proposer des améliorations à la mise en correspondance effectuée par la méthode de recalage élastique développée par Lavallée [43] lors de la construction de la base de visages et de crânes. Cette méthode a été aussi appliquée et modifiée dans le domaine de la parole audiovisuelle. Les opérations "chronophages" de segmentation et de filtrage des crânes, des visages et des mandibules ont aussi été une partie du travail de construction de la base de données, me confrontant à la réalité des données et à la nécessité d'une chaîne de traitement automatique jusqu'aux artefacts. Ces travaux ont donné lieu à publications lors de conférences internationales [69, 71] et dans un chapitre de livre [70].

6.2 Modélisation statistique de formes 3D et reconstruction partielle

L'objectif de la modélisation statistique est de représenter et de généraliser dans un faible volume d'informations l'ensemble des données d'apprentissage. La construction de modèles statistiques linéaires et non-linéaires à noyaux a été l'objet de la seconde partie de ce document. Pour ces deux types de modélisation, nous avons formulé la reconstruction partielle (retrouver la partie manquante ou inconnue d'un objet à partir du modèle et de la partie visible). Cette formulation de la reconstruction partielle pour des modèles à noyaux a été l'objet de publications en conférences internationales [93, 94]. Nous avons aussi établi les liens entre ce formalisme et les méthodes classiques de régression.

La reconstruction partielle avec des modèles statistiques linéaires et non-linéaires à noyaux a été validée sur des données de synthèse. En particulier, nous avons montré l'adéquation entre données polynomiales et modèles à noyaux polynomiaux. Sur des données réelles de céphalométrie 2D, le gain est moins évident, et l'adéquation d'un noyau à un problème donné reste une question ouverte. Aucun des modèles envisagés ne semble en effet être universellement le meilleur.

6.3 Reconstruction craniofaciale

Enfin, ces deux axes "*Atlas statistiques et méthode de construction*" et "*Modélisation statistique de formes 3D et reconstruction partielle*" ont été combinés dans le domaine de la reconstruction craniofaciale assistée par ordinateur. Les outils de recalage élastique et de reconstruction partielle ont permis la comparaison de trois méthodes :

- La première extrapole les recalages élastiques entre le crâne inconnu et la base de données crânes / visages, pour estimer le visage inconnu.
- La seconde utilise la reconstruction partielle avec le modèle linéaire.
- La dernière utilise la reconstruction partielle avec le modèle non-linéaire à noyau gaussien.

Notre approche consiste à travailler sur des points semi-caractéristiques issus de la mise en correspondance et non sur quelques points caractéristiques anatomiques. Les relations

spatiales entre le crâne et les tissus mous du visage sont présentées explicitement dans la modélisation statistique conjointe de couples crânes / visages (pour les deux dernières méthodes).

Les résultats obtenus sont équivalents quelle que soit la méthode employée et la première cause est la taille de la base de données utilisée. La validation de ces méthodes nécessiterait une base de données plus grande. Les perspectives d'amélioration se situent aussi en amont, lors de sa création. Cependant la qualité et le rendu des résultats actuels sont prometteurs. Ils ont été présentés en conférences internationales [137, 138] et publiés dans une revue [139].

6.4 Conclusion

Ce travail a été réalisé au Laboratoire des Images et des Signaux, sous la direction de Michel Desvignes et de Gérard Bailly de l'Institut de la Communication Parlée en collaboration avec Yohan Payan de l'équipe Gestes Médico-Chirurgicaux Assistés par Ordinateur du laboratoire TIMC. Comme tout travail de recherche, il représente un cheminement où les fausses pistes et les voies sans issues furent nombreuses mais où certaines voies ont débouché sur des résultats dignes d'intérêts.

L'hypothèse forte des points semi-caractéristiques (*semi-landmarks*) qui sous-tend nos maillages *génériques spécifiques au sujet*, est utilisée lors de la méthodologie de construction de l'atlas. Elle permet d'obtenir un maillage dont chaque sommet est un lieu identifié de voisins constants. Si l'emploi de "patrons" peut apparaître comme limitant, elle ne l'implique en rien et au contraire permet de s'interroger sur les étapes nécessaires à l'obtention de maillages *génériques spécifiques au sujet*. Y-a-t-il un niveau de définition de maillage *générique spécifique au sujet* optimal, afin que les vertex de celui-ci restent des points semi-caractéristiques? Pour des maillages "patron", ne devrait-on pas déformer ces maillages directement sur les CT Scans? La définition de quelques points caractéristiques de départ et d'une taille d'arête peut-il aboutir par triangulation de Delaunay à un maillage générique spécifique au sujet?

Le formalisme de la reconstruction partielle (linéaire, régularisée ou non-linéaire à noyau) offre directement et simplement la partie manquante d'un objet. Une première perspective est d'enlever la contrainte d'ordonnancement a priori des points pour une modélisation

linéaire, par l'ajout d'une matrice de permutation. Une autre perspective plus technique est d'améliorer la fiabilité de la minimisation numérique fortement instable pour la modélisation non-linéaire à noyau. Enfin, reste la question de l'adéquation d'un noyau à un problème donné.

Dans le domaine de la reconstruction craniofaciale, le paradigme de la reconstruction partielle s'applique directement aux modèles construits sur des maillages *génériques spécifiques au sujet* et ces travaux sont parmi les premiers dans ce domaine d'application. Il est indispensable d'augmenter la base de données. Cela permettra de se poser la question d'un modèle unique ou de modèles multiples.

Ce travail de thèse participe tout à la fois d'une activité appliquée et d'une demande d'approfondissement théorique. Ce sont ces aller-retours entre des données réelles et des méthodologies qui ont orienté mes travaux dont le but reste d'en extraire au mieux la signification.

Bibliographie

- [1] Hutton TJ, S Cunningham et P Hammond. An evaluation of active shape models for the automatic identification of cephalometric landmarks. *The European Journal of Orthodontics*, 22(5) :499–508, 2000.
- [2] Subsol G, JP Thirion et N Ayache. A scheme for automatically building three-dimensional morphometric anatomical atlases : application to a skull atlas. *Medical Image Analysis*, 2(1) :37–60, Mars 1998.
- [3] Thompson P et A Toga. Detection, visualization and animation of abnormal anatomic structure with a deformable probabilistic brain atlas based on random vector field transformations. *Medical Image Analysis*, 1(4) :271–294, 1997.
- [4] Lamecker H, S Zachow, HC Hege, M Zöckler et H Haberl. Surgical treatment of craniosynostosis based on a statistical 3d-shape model : First clinical application. *Int. J. Computer Assisted Radiology and Surgery*, 1(1) :253–254, 2006.
- [5] Rueckert D, A Frangi, J Schnabel. Automatic construction of 3d statistical deformation models of the brain using non-rigid registration. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 22(8) :1014–25, 2003.
- [6] Kuratate T, E Vatikiotis-Bateson et H Yehia. Cross-subject face animation driven by facial motion mapping. In *Proc. of CE2003 : Advanced Design, Production and Managements systems*, pages 971–979, 2003.
- [7] Koeck B, editor. *Funktionsstörungen des Kauorgans*, pages 116–149. volume 8 of *Praxis der Zahn heilkunde*, München, urban & schwarzenberg edition, 1995.
- [8] Kähler K, J Haber et HP Seidel. Reanimating the dead : Reconstruction of expressives faces from skull data. In *ACM TOG*, pages 554–561. SIGGRAPH, Juillet 2003.

- [9] Payan Y, M Chabanas, X Pelorson, C Vilain, P Levy, V Luboz et P Perrier. Biomechanical models to simulate consequences of maxillofacial surgery. *C.R. Biologies*, 325 :407–417, 2002.
- [10] Claes P, D Vandermeulen, P Suetens, S DeGreef et G Willems. Statically deformable face models for cranio-facial reconstruction. In *Proc. of the 4th ISPA*, pages 347–352, 2005.
- [11] Cootes T, C Beeston, G Edwards et C Taylor. A unified framework for atlas matching using active appearance models. In *Proc. Information Processing in Medical Imaging (IPMI)*, pages 323–333, 1999.
- [12] Cutting C, FL Bookstein, B Haddad, D Dean, D Kim. A spline-based approach for averaging three-dimensional curves and surfaces. In *Mathematical Methods in Medical Imaging II 1993*, pages 29–44, 1993.
- [13] Fleute M, S Lavallee et R Julliard. Incorporating a statistically based shape model into a system for computer-assisted anterior cruciate ligament surgery. *Medical Image Analysis*, 3 :209–222, 1999.
- [14] Andresen P, F Bookstein, K Couradsen, BK Ersboll, JL Marsh et S Kreiborg. Surface-bounded growth modeling applied to human mandibles. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 19(11), 1999.
- [15] Zachow S, H Lamecker, B Elsholtz et M Stiller. Reconstruction of mandibular dysplasia using a statistical 3d shape model. In *Proc. Computer Assisted Radiology and Surgery (CARS)*, pages 1238–1243, Juin 2005.
- [16] Lamecker H, M Seebass, HC Hege et P Deuffhard. A 3d statistical shape model of the pelvic bone for segmentation. In *Proc. of SPIE - Medical Imaging : Image Processing*, pages 1341–1351, 2004.
- [17] Schmahmann J, J Doyon, D McDonald, C Holmes, K Lavoie, A Hurwitz, N Kabani, A Toga, A Evans et M Petrides. Three-dimensional mri atlas of the human cerebellum in proportional stereotaxic space. *NeuroImage*, 10(3) :233–260, 1999.
- [18] Guimond A, G Subsol et JP Thirion . Automatic mri database exploration and applications. *International Journal on Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 11(8) :1345–1366, 1997.
- [19] Christensen G, S Joshi et M Miller. Volumetric transformation of brain anatomy. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(6) :864–877, 1997.

- [20] Studholme C et V Cardenas. A template free approach to volumetric spatial normalization of brain anatomy. *Pattern Recognition Letters*, 25 :1191–1202, 2004.
- [21] Rolio ML et al. *An Atlas of Craniofacial Growth*. Ann Arbor, MI : Center for Human Growth and Development University of Michigan, 1974.
- [22] Broadbent BH et al. *Bolton Standards of Dentofacial Developmental Growth*. St Louis : Mosby, 1975.
- [23] Bhatia SN et al. *A Manual of Facial Growth. A Computer Analysis of Longitudinal Cephalometric Growth Data*. Oxford :Oxford University Press, 1993.
- [24] Saksena SS et al. *A Clinical Atlas of Roentgenocephalometry in Norma Lateralis*. New York : Liss, 1987.
- [25] Delaire J. L’analyse architecturale et structurale cranio-faciale de torques. quelques exemples d’emploi en chirurgie maxillo-faciale. *Rev. Stomatol. Chir. Maxillofac*, 79, 1978.
- [26] Buchaillard S, SH Ong, Y Payan et KWC Foong. Reconstruction of 3d tooth images. In *Proc. of ICIP04*, volume 2, pages 1077–1080, 2004.
- [27] Sandor S et R Leahy. Surface-based labelling of cortical anatomy using a deformable atlas. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16 :41–54, 1997.
- [28] Lamecker H, T Lange et M Seebass. A statistical shape model for the liver. In *Proc. Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI)*, pages 422–427, 2002.
- [29] Blackall J, AP King, GP Penney et DJ Hawkes. A statistical model of respiratory motion and deformation of the liver. In *Proc. of MICCAI01*, volume 2, pages 1338–1341, 2001.
- [30] Frangi A, D Rueckert, J Schnabel et W Niessen. Automatic construction of multiple-object three-dimensional statistical shape models : Application to cardiac modeling. *IEEE Trans on Medical Imaging*, 21(9) :1151–66, 2002.
- [31] VanAssen HC, M Danilouchkine, A Frangi, S Ordas, J Westenberg, J Reiber, B Lelieveldt. Spasm : A 3d-asm for segmentation of sparse and arbitrarily oriented cardiac mri data. *Medical Image Analysis*, 10(12) :289–303, 2006.

- [32] Li B, G Christensen, EA Hoffman, G McLennan, JM Reinhardt. Establishing a normative atlas of the human lung :intersubject warping and registration of volumetric ct images. *Academic Radiology*, 10(3) :255–265, 2003.
- [33] Cohen MM, DW Massaro et R Clark. Training a talking head. *IEEE Fourth International Conference on MultiModal Interfaces*, pages 499–504, 2002.
- [34] Lee Y, D Terzopoulos et K Walters. Realistic modeling for facial animation. In *SIGGRAPH95*, pages 55–62, 1995.
- [35] Müller P, GA Kalberer, M Proesmans et L Van Gool. Realistic speech animation based on observed 3d face dynamic. *IEEE Vision Image Signal Process.*, 152 :491–500, 2005.
- [36] Marécaux C, BM Sidjilani, M Chabanas, F Chouly, Y Payan et F Boutault. A new 3d cephalometric analysis for planning in computer aided orthognatic surgery. *Computer Aided Surgery*, 8(4) :217, 2003.
- [37] Cootes T, A Hill, C Taylor et J Haslam. The use of active shape models for locating structures in medical images. *Image and Vision Computing*, 12(6) :355–366, 1994.
- [38] Cootes T et C Taylor. Statistical models of appearance for computer vision. Technical report, Université de Manchester, 1998.
- [39] Besl P et N McKay. A method for registration of 3d shapes. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(2) :239–256, 1992.
- [40] Zhang Z. Iterative point matching for registration of free-form curves and surfaces. *International Journal of Computer Vision*, 13(2) :119–152, 1994.
- [41] Bookstein FL. Landmark methods for forms without landmarks : Morphometrics of group differences in outline shape. *Medical Image Analysis*, pages 225–244, 1997.
- [42] Thompson P et A Toga. A framework for computationnal anatomy. *Computing and Visualization in Science*, 5 :13–34, 2002.
- [43] Szelinski R et S Lavallée. Matching 3-d anatomical surfaces with non-rigid deformation using octree splines. *International Journal of Computer Vision*, 18(2) :171–186, 1996.
- [44] Lorensen WE et HE Cline. Marching cubes : A high resolution 3d surface construction algorithm. *Computer Graphics*, 21(4) :163–169, 1987.

- [45] Rueckert D, L Sonoda, C Hayes, D Hill, M Leach et D Hawkes. Non-rigid registration using free-form deformations : Application to breast mr images. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 18 :712–721, 1999.
- [46] Schnabel J, D Rueckert, M Quist, J Blackall, A Castellano-Smith, T Hartkens, G Penney, W Hall, H Liu, C Truwit, F Gerritsen, D Hill et D Hawkes. A generic framework for nonrigid registration based on nonuniform multi-level free-form deformations. In *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention, LNCS 2208*, pages 573–581, 2001.
- [47] Csernansky JG, S Joshi, L Wang, JW Haller, M Gado, JP Miller, U Grenander et MI Miller. Hippocampal morphometry in schizophrenia by high-dimensional brain mapping. *Proc. Nat. Acad. Sci.*, 95 :11406–11411, 1998.
- [48] Davatzikos C, M Vaillant, S Resnick, J Prince, S Letovsky et RN Bryan. A computerized approach for morphological analysis of the corpus callosum. *J. Comput. Assist. Tomogr.*, 20 :88–97, 1996.
- [49] Grenander U et MI Miller. Computational anatomy : An emerging discipline. *Quart. Appl. Math.*, 56 :617–694, 1998.
- [50] Bookstein FL. Principal warps : Thin-plate splines and the decomposition of deformations. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, 11 :567–585, 1989.
- [51] DeQuardo J. Landmark-based morphometric analysis of first-episode schizophrenia. *Biol. Psych.*, 45 :1321–1328, 1999.
- [52] Reveret L, G Bailly et P Badin. Mother : a new generation of talkings heads providing a flexible articulatory control for video-realistic speech animation. In *International Conference on Speech and Language Processing*, pages 755–758, 2000.
- [53] Pighin F, R Szeliski et DH Salesin. Resynthesizing facial animation through 3d model-based tracking. In *Proc. of International Conference on Computer Vision*, volume 1, pages 143–150, 1999.
- [54] Blanz V et T. Vetter. A morphable model for the synthesis of 3d faces. In *Proc. SIGGRAPH*, pages 187–194, 1999.
- [55] Turk M et AP Pentland. Eigenfaces for recognition. *Journal of Cognitive Neuroscience*, 3(1) :71–86, 1991.

- [56] Banvard RA. The visible human project® image data set from inception to completion and beyond. In *CODATA+ 2002 : Frontiers of Scientific and Technical Data, Track I-D-2 : Medical and Health Data*, 2002.
- [57] Brown LG. A survey of image registration techniques. *ACM Computing Surveys*, 24(4) :325–376, 1992.
- [58] Maintz JB et MA Viergever. A survey of medical image registration. *Medical Image Analysis*, 2(1) :1–37, 1998.
- [59] Malandain G. *Les mesures de similarité pour le recalage des images médicales*. Habilitation à diriger des recherches, Université Nice Sophia-Antipolis, March 2006.
- [60] Noblet V. *Recalage non rigide d'images cérébrales avec contrainte de conservation de la topologie*. PhD thesis, Université Louis Pasteur - Stasbourg, France, 2006.
- [61] Mäkelä T, O Sipilä, P Clarysse, N Pauna, QC Pham, T Katila, IE Magnin. A review of cardiac registration methods. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 21 :1011–1021, 2002.
- [62] Audette M, FP Ferrie et TM Peters. An algorithmic overview of surface registration techniques for medical imaging. *Medical Image Analysis*, 4(3) :201–207, 2000.
- [63] Montagnat J, H Delingette et N Ayache. A review of deformable surface : Topology, geometry and deformation. *Image and Vision Computing*, 19 :1023–1040, 2001.
- [64] Chabanas M. *Modélisation des tissus mous de la face pour la chirurgie orthognatique assistée par ordinateur*. PhD thesis, Université Joseph Fourier - Grenoble 1,, France, 2002.
- [65] Fleute M. *Shape reconstruction for computer assisted surgery based on non-rigid registration of statistical models with intra-operative point data and X-Ray images*. PhD thesis, Université Josphe Fourier - Grenoble 1, France, 2001.
- [66] Press WH, BP Flannery, SA Teukolsky et WT Vetterlink. *Numerical Recipies : The Art of Scientific Computing*. Cambridge University Press. Cambridge England, 1986.
- [67] Moshfeghi M. Elastic matching of multimodality images. *Graphical Models and Processing*, 1991.
- [68] Bailly G, M Berar, F Elisei et M Odisio. Audiovisual speech synthesis. *International Journal of Speech Technology*, 2003.

- [69] Berar M, G Bailly, M Chabanas, F Elisei, M Odisio et Y Payan. Towards a generic talking head. In *6th International Seminar on Speech Production*, pages 7–12, 2003.
- [70] Berar M, M Desvignes, G Bailly et Y Payan. 3d meshes registration : Application to statistical skull mode. In *IC on Image Analysis and Recognition*, pages 100–107, 2004.
- [71] Berar M, G Bailly, M Chabanas, F Elisei, M Odisio et Y Payan. *Towards a better understanding of speech production processes*, chapter Towards a generic talking head, pages 15–32. J. Harrington and M. Tabain, editors. Psychology Press : New York, 2005.
- [72] A Jain, P Duin et J Mao. Statistical pattern recognition : A review. *IEEE Transactions on PAMI*, 22(1) :4–37, 2000.
- [73] Chalmond B et S Girard. Nonlinear data representation for visual learning. Technical report, Rapport de Recherche INRIA,RR-3550, 1998.
- [74] Niemann H. Linear and nonlinear mapping of patterns. *Pattern Recognition*, 12 :83–87, 1980.
- [75] Sammon Jr JW. A nonlinear mapping for data structure analysis. *IEEE Trans. Computer*, 18 :401–409, 1969.
- [76] Jolliffe IT. *Principal Component Analysis*. Springer Verlag, 1986.
- [77] Diamantaras KI et SY Kung. *Principal Component Neural Networks : Theory and Applications*. John Wiley, 1996.
- [78] Schölkopf B, A Smola et KR Müller. Kernel principal component analysis. *Artificial Neural Networks ICANN'97*, pages 583–588, 1997.
- [79] Romdhani S, S Gong et A Psarrou. A multi-view nonlinear active shape model using kernel pca. *Proceedings of the 10th British Machine Vision Conference*, pages 483–492, 1999.
- [80] Schölkopf B, A Smola et KR Müller. Nonlinear component analysis as a kernel eigenvalue problem. *Neural Computation*, 10 :1299–1319, 1998.
- [81] Schölkopf B, S Mika, A Smola, G Ratsch et KR Muller. Kernel pca pattern reconstruction via approximate pre images. *Artificial Neural Networks ICANN'98*, pages 147–152, 1998.

- [82] Schölkopf B, S Mika, CJC Burges, P Knirsch, KR Müller, G Rätsch et A Smola. Input space versus feature space in kernel-based methods. *IEEE TRANSACTIONS ON NEURAL NETWORKS*, 10(5) :536–542, Septembre 1999.
- [83] Mika S, B Schölkopf, A Smola, KR Müller, M Scholz et G Rätsch. Kernel pca and denoising in feature spaces. *Advances in Neural Information Processing Systems*, 11 :536–542, 1999.
- [84] Twining CJ et CJ Taylor. Kernel principal component analysis and the construction of non-linear active shape models. *Proceedings of the 12th British Machine Vision Conference*, pages 23–32, 2001.
- [85] Bakýr GH, J Weston et B Schölkopf. Learning to find pre-images. *Advances in Neural Information Processing Systems*, 16 :449–456, 2004.
- [86] Kwok JT et IW Tsang. The pre-image problem in kernel methods. *IEEE TRANSACTIONS ON NEURAL NETWORKS*, 15(6) :1517– 1525, Novembre 2004.
- [87] Wong H, B Ma et YSH Ip. Hierarchical indexing for 3d head model retrieval based on kernel pca. *9th International Conference on Information Visualisation 2005*, pages 848–853, 2005.
- [88] Ostry DJ, E Vatikiotis-Bateson et PL Gribble. An examination of the degrees of freedom of human jaw motion in speech and mastication. *Journal of Speech, Language and Hearing Research*, 40 :1341–1351, 1997.
- [89] Weingärtner T et R Dillmann. Simulation of jaw-movements for the musculoskeletal diagnoses. In *Medicine Meets Virtual Reality 5*, 1997.
- [90] Sclaroff S et AP Pentland. Modal matching for correspondence and recognition. *PAMI*, 17(6) :545–561, 1995.
- [91] Cootes TF, CJ Taylor, D Cooper et J Graham. Active shape models-their training and application. *Computer Vision and Image Understanding*, 61(1) :38–59, 1995.
- [92] Edwards GJ, CJ Taylor et TF Cootes. Face recognition using the active appearance model. *Proc. Fifth European Conf. Computer Vision*, 2 :581–695, 1998.
- [93] Berar M, M Desvignes, G Bailly et Y Payan. Reconstruction par noyaux polynomiaux. In *GRETSI 2005*, pages 148–157, 2005.

- [94] Berar M, M Desvignes, G Bailly et Y Payan. Missing data estimation using polynomial kernels. In *International Conference on Advances in Pattern Recognition 2005*, pages 390–399, 2005.
- [95] Vigneau E, MF Devaux, EM Qannari et P Robert. Principal component regression, ridge regression and ridge principal component regression in spectroscopy calibration. *Journal of Chemometrics*, 11 :239–249, 1997.
- [96] Saporta G. Traitement de la multicollinéarité en régression, Janvier 2006.
- [97] Foucart T. Multiple linear regression on canonical correlation variables. *Biometrical Journal*, 41(5) :559–572, 1999.
- [98] Vigneau E, D Bertrand et EM Qannari. Application of latent root regression for calibration in near-infrared spectroscopy. comparison with principal component regression and partial least squares. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 35 :231–238, 1996.
- [99] Wentzell P et D Andrews. Maximum likelihood calibration. *Analytical Chemistry*, 69(13) :2299–2311, Juillet 1997.
- [100] Hutton TJ, S Cunningham et P Hammond. An evaluation of active shape model for automatic identification of cephalometric landmarks. *European Journal of Orthodontics*, 22(5) :499–508, 2000.
- [101] Romaniuk B, M Desvignes, M Revenu et MJ Deshayes . Linear and non-linear model for statistical localization of landmarks. In *ICPR 2002*, volume 4, pages 393–396, 2002.
- [102] Romaniuk B et M Desvignes. Contour tracking by minimal cost path approach : Application to cephalometry. In *International Conference on Image Processing ICIP*, Singapore, 2004.
- [103] Gray H. *Gray's Anatomy : The Anatomical Basis of Medicine and Surgery*. Churchill-Livingstone, 2004.
- [104] Chui H et A Rangarajan. A new point matching algorithm for non-rigid registration. *Computer Vision and Image Understanding*, 89 :114–141, 2003.
- [105] Chui H, A Rangarajan et FL Bookstein. The softassign procrustes matching algorithm. In *Information Processing in Medical Imaging*, pages 29–42, 1997.

- [106] Aouadi S, M Berar, B Romaniuk et M Desvignes. Supervised and unsupervised statistical models for cephalometry. In *International Conference on Computer Vision and Graphics 2004*, Warsaw (Poland), 2004.
- [107] Horel JD. Complex principal component analysis : Theory and examples. *J. of Climate Appl. Meteor.*, 23 :1660–1673, 1984.
- [108] LeBihan N et SJ Sangwine. Quaternion principal component analysis of color images. In *Image Processing*, volume 1, pages 809–812, 2003.
- [109] Bruce V. *Reconizing Faces*. Lawrence Erlbaum, 1988.
- [110] Quatrehomme G et G Subsol. *Computer-Graphic CranioFacial Reconstruction*, chapter 2 : Classical non-computer assisted craniofacial reconstruction, pages 15–32. Academic Press, 2005.
- [111] Wilkinson C . *Forensic Facial Reconstruction*. Cambridge University Press, 2004.
- [112] DeGreef S et G Willems. Three-dimensional cranio-facial reconstruction in forensic identification : Latest progress and new tendencies in the 21st century. *Journal of Forensic Sciences*, 50(1) :1–6, 2005.
- [113] Buzug T. Special issue on computer assisted craniofacial reconstruction and modelling : Editorial. *Journal of Computing and Information Technology*, 14(1) :1–7, Mars 2006.
- [114] Vanezis P, RW Blowes, AD.Linney, AC Tan, R Richards et R Neave. Application of 3-d computer graphics for facial reconstruction and comparison with sculpting techniques. *Forensic Science International*, 42 :69–84, 1989.
- [115] Tyrell AG, MP Evison, AT Chamberlain et MA Green. Forensic three-dimensionnal facial reconstruction : historical review and contemporary developments. *Journal of Forensic Science*, 42(4) :653–661, 1997.
- [116] Clement JG et MK Marks, editor. *Computer-Graphic CranioFacial Reconstruction*. Academic Press, 2005.
- [117] Vandermeulen D, P Claes, P Suetens, S DeGreef et G Willems. Volumetric deformable face models for craniofacial reconstruction. In *Proc. of the 4th ISPA*, pages 353–358, Zagreb, 2005.

- [118] Mang A, J Müller et T Buzug. A multi-modality computer-aided framework towards postmortem identification. *Journal of Computing and Information Technology*, 14(1) :7–20, Mars 2006.
- [119] Müller J, A Mang et T Buzug. A template deformation method for facial reconstruction. In *Proc. of the 4th ISPA*, pages 359–364, Zagreb, 2005.
- [120] Anderson B et M Valfridson. Digital 3d facial reconstruction based on computed tomography. Technical report, Lipköping Universitet, Suède, Février 2005.
- [121] Vanezis P, M Vanezis, G McCombe et T Niblett. Facial reconstruction using 3-d computer graphics. *Forensic Science International*, 108 :81–95, 2000.
- [122] Evenhouse R, M Rasmussen et L Sadler. Computer-aided forensic facial reconstruction. *Journal of BioCommunication*, 19(2) :22–28, 1992.
- [123] Shahrom RW, P Vanezis, RC Chapman, A Gonzales, C Blenkinsop et ML Rossi. Techniques in facial identification : computer-aided facial reconstruction using laser scanner and videosuperimposition. *Int. J. Legal Med.*, 108 :194–200, 1996.
- [124] Archer KM. *Craniofacial Reconstruction using Hierarchical B-spline Information*. PhD thesis, University of British Columbia, Août 1997.
- [125] Davy SL, T Gilbert, D Schofield et MP Evison. *Computer Graphic Facial Reconstruction*, chapter 10 : Forensic Facial Reconstruction using computer modelling software, pages 183–196. Academic Press, 2005.
- [126] Subsol G et G Quatrehomme. *Computer Graphic Facial Reconstruction*, chapter 5 : Automatic 3D facial reconstruction by feature-based registration of a reference head, pages 79–101. Academic Press, 2005.
- [127] Quatrehomme G, S Cotin, G Subsol, H Delingette, Y Garidel, G Grevin, M Fidrich, P Bailet, AE Ollier. A fully three-dimensionnal method for facial reconstruction based on deformable models. *Journal of Forensic Sciences*, 42 :649–625, 1997.
- [128] Kermi A, I Bloch et M Laskri. Une approche intégrant recalage non rigide et modèle déformable pour la reconstruction faciale tridimensionnelle. In *JETIM*, pages 91–96, Alger, Algérie, 2006.
- [129] Jones MW. Facial reconstruction using volumetric data. In *Proc. of the 6th International Vision Modelling and visualisation Conference*, pages 136–142, Stuttgart, 2001.

- [130] Tu P, RI Hartley, WE Lorensen, M Allyassin, R Gupta et L Heier. *Computer Graphic Facial Reconstruction*, chapter 8 : Face reconstruction using flesh deformation modes, pages 145–162. Academic Press, 2005.
- [131] Hering P. Ultra-fast three-dimensional facial profile measurement through pulsed holography for forensic facial reconstruction. In *Abstract of the 1st International Conference on Reconstruction of Soft Facial Parts*, 2003.
- [132] Rhine JS et HR Campell. Thickness of facial tissue in american blacks. *Journal of Forensic Sciences*, 25(4) :847–858, 1980.
- [133] Rhine JS et CE Moore. Facial reproduction : Tables of facial tissue thickness of american caucasoids in forensic anthropology. Technical Series 1, University of New Mexico, Albuquerque, 1984.
- [134] Basso C et T Vetter. Statistically motivated 3d faces reconstruction. In *Proc. of the 2nd IC on Reconstruction of Soft Facial Parts*, page 71, Remagen, Germany, 2005.
- [135] Rynn C and C Wilkinson. An appraisal of established and recently proposed relationships between the hard and soft dimensions of the nose in profile. In *Proc. of the 2nd IC on Reconstruction of Soft Facial Parts*, page 35, Remagen, Germany, 2005.
- [136] Berar M, M Desvignes, G Bailly et Y Payan. Statistical skull models from 3d x-ray images. In *International Conference on Reconstruction of Soft Facial Parts*, pages 470–484, 2005.
- [137] Berar M, M Desvignes, G Bailly et Y Payan. Statistical 3d cranio-facial models. In *Sixth IEEE International Conference on Computer and Information Technology (CIT'06)*, page 125, 2006.
- [138] Berar M, M Desvignes, G Bailly et Y Payan. 3d statistical facial reconstruction. In *International Symposium on Image and Signal Processing and Analysis*, pages 7–14, 2005.
- [139] Berar M, M Desvignes, G Bailly et Y Payan. 3d semi-landmark based statistical face reconstruction. *Journal of Computing and Information Technology*, 14 :31–44, 2006.