



**HAL**  
open science

# Segmentation d'images médicales volumiques à l'aide de maillages déformables contraints

Johan Montagnat

► **To cite this version:**

Johan Montagnat. Segmentation d'images médicales volumiques à l'aide de maillages déformables contraints. Imagerie médicale. École normale supérieure de Cachan - ENS Cachan; Université Paris Sud - Paris XI, 1996. Français. NNT: . tel-00691915

**HAL Id: tel-00691915**

**<https://theses.hal.science/tel-00691915>**

Submitted on 27 Apr 2012

**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.



Johan Montagnat  
Ecole Normale Supérieure de Cachan  
61 avenue du Président Wilson  
94 235 Cachan Cedex

# Rapport de stage de DEA

de l'Université d'Orsay (Paris XI) et l'Ecole Normale Supérieure de Cachan

1<sup>er</sup> mars - 31 août 1996

## Segmentation d'images médicales volumiques à l'aide de maillages déformables contraints



Enseignant responsable: Nicholas Ayache.  
Co-direction du stage: Hervé Delingette.

Projet EPIDAURE  
INRIA Sophia-Antipolis  
BP 93  
2004 route des Lucioles  
06 902 Sophia-Antipolis Cedex



*A la mémoire de Cécile*



## Abstract

*The segmentation of abdomen organs in volumetric medical images is difficult due to noisy and low contrasted images. Classical segmentation technics based on edge detection or thresholding lead to poor results.*

*In this report, we use deformable meshes to perform segmentation. By using a template of the desired organ in our segmentation scheme, we introduce a prior knowledge of the shape to recover. We use noisy edge information to locally deform our model. Due to sparse edge data, we need to constrain our model so that it deforms smoothly. Our simplex meshes rely on a shape memory mechanism to regularize deformations. We are also using global transformations to provide additionnal constraints. An hybrid model provides a trade off between computationnal cost of complex global transformations and the number of freedom degrees of the model.*

*We also study the use of a training set to built a more robust model with statistical knowledge of allowable deformations. Statistical information may be use for additionnal constraints or a fine tuning of the deformations parameters.*

## Résumé

La segmentation d'organes abdominaux dans des images médicales volumiques est rendue difficile par le bruit et le faible contraste de ces images. Les techniques de segmentation classiques à base d'extraction de contours ou de seuillage donnent des résultats insuffisants.

Dans ce rapport, nous utilisons des modèles déformables pour segmenter les images. En introduisant un modèle de l'organe voulu dans le processus de segmentation, nous bénéficions d'une connaissance a priori de la forme à retrouver. Nous utilisons des images de contour bruitées pour déformer localement le modèle. Les données de contours étant incomplètes, il est nécessaire de contraindre le modèle pour qu'il se déforme régulièrement. Nos maillages simplexes bénéficient d'un mécanisme de mémoire de forme agissant de façon régularisante sur les déformations. Nous utilisons des transformations globales pour disposer davantage de contraintes. Un modèle hybride fournit un compromis entre complexité de calcul des transformations globales et nombre de degrés de liberté du modèle.

Nous étudions également l'utilisation d'un ensemble d'apprentissage pour construire un modèle plus robuste tirant parti de l'information statistique des déformations possibles. L'information statistique peut être utilisée pour contraindre d'avantage les déformations ou pour paramétrer de façon plus fine le processus de déformation.



## Table des matières

<b>1</b>	<b>Présentation</b>	<b>1</b>
1.1	Le projet EPIDAURE	1
1.2	Sujet de stage: «Recalage non rigide d'un modèle anatomique générique»	1
1.3	Motivations	2
1.4	Travaux préliminaires sur la segmentation des organes non rigides	2
1.5	La segmentation à partir de maillages simplexes déformables	4
1.6	Principales contributions	4
1.7	Remerciements	5
1.8	Par la suite...	5
<b>2</b>	<b>Maillages simplexes</b>	<b>6</b>
2.1	Définitions	6
2.2	Géométrie des maillages simplexes	6
2.2.1	Les 1-maillages simplexes plans	6
2.2.2	Les 2-maillages simplexes de $R^3$	7
2.3	Utilisation des maillages simplexes	9
2.4	Modèle simplexe du foie	9
<b>3</b>	<b>Transformations globales</b>	<b>11</b>
3.1	Segmentation initiale grossière	12
3.2	Initialisation du maillage	13
3.2.1	Mise en correspondance des points	14
3.2.2	Transformations globales	14
3.2.3	Meilleure transformation affine	15
3.2.4	Meilleures transformation rigides et rigide+échelle	15
3.2.5	Les fonctions B-spline cubiques	16
3.2.6	Détermination de la meilleure transformation B-spline	17
3.2.7	Résultats de l'initialisation	18
<b>4</b>	<b>Contraintes de déformation</b>	<b>20</b>
4.1	Calcul des forces externes	20
4.1.1	Informations de contours	20
4.1.2	Informations de niveaux de gris	21
4.1.3	Lissage des forces externes	22
4.2	Calcul des forces internes	23
4.2.1	Contrainte de continuité de l'angle simplexe	23
4.2.2	Contrainte de mémoire de forme	24
4.2.3	Lissage et mémoire de forme	24
4.2.4	Résolution par la méthode d'Euler-Lagrange	25
4.2.5	Une métrique adaptée à l'angle simplexe	26
4.2.6	Premier test : perturbation locale d'une sphère	27
4.2.7	Second test : transformation rigide	29
4.3	Modèle hybride de déformation	30
4.4	Segmentation à l'aide du modèle hybride	33
<b>5</b>	<b>Informations statistiques</b>	<b>37</b>
5.1	Analyse en Composantes Principales (ACP)	37
5.1.1	Calcul des modes de déformation	37
5.1.2	Reconstruction à partir des modes de déformation	39

5.1.3	Classification à partir des modes de déformation	40
5.1.4	Déformations contraintes par l'ACP	41
5.1.5	Les limites de l'analyse en composantes principales	42
5.2	Modèle statistique	43
5.2.1	Distance maximale aux points de contour $d$	43
5.2.2	Paramètre d'échelle $s$	43
5.2.3	Poids de la force externe $\beta$	44
5.2.4	Segmentation à l'aide du modèle moyen	44
6	Conclusions et perspectives	46
7	Bibliographie	48

# 1 Présentation

---

Ce stage s'est déroulé à l'Institut National de Recherche en Informatique et Automatique de Sophia-Antipolis dans la période du 1<sup>er</sup> mars au 31 août 1996 au sein de l'équipe EPIDAURE (thème 3, programme 3B de l'INRIA).

## 1.1 Le projet EPIDAURE

Le projet EPIDAURE, dirigé par le Dr. Nicholas Ayache, s'intéresse à l'analyse d'images médicales. Le but est le développement de nouveaux outils pour l'analyse d'images médicales multidimensionnelles et multimodales pour l'aide au diagnostic et à la thérapie. Les travaux réalisés dans l'équipe recouvrent l'extraction de paramètres quantitatifs utiles au diagnostic, le recalage d'images acquises à des instants différents, la fusion d'images multimodales, l'analyse du mouvement, la construction et l'utilisation d'atlas anatomiques morphométriques, la construction de patients virtuels pour la simulation de chirurgie, l'introduction de la réalité virtuelle et augmentée en médecine et le couplage d'images médicales avec des robots.

## 1.2 Sujet de stage: «Recalage non rigide d'un modèle anatomique générique»

«La construction d'un simulateur de chirurgie hépatique, dans le cadre d'un projet européen EUREKA, a permis de construire un modèle géométrique précis d'un foie standard, incluant ses divers systèmes vasculaires (veine porte, veine cave, canaux biliaires, artères hépatiques).

Le sujet du stage portera sur l'adaptation automatique de ce modèle générique aux foies d'un certain nombre de patients, en utilisant les images scanner volumiques de ces patients.

Après une étude bibliographique sur la mise en correspondance des modèles élastiques dans des images volumiques, on implémentera la méthode la mieux adaptée, en s'appuyant sur les outils et l'expérience du projet EPIDAURE (bibliothèque de traitement d'images volumiques, modèles élastiques déformables, etc). On expérimentera la méthode sur plusieurs cas, on cherchera les améliorations possibles, et on en déduira des pistes de recherche pour le futur.

Ce stage demande une bonne connaissance des techniques de base du traitement d'images, un goût prononcé pour la recherche et de compétences en programmation en C ou en C++.»

### 1.3 Motivations

L'INRIA, en collaboration avec d'autres partenaires a répondu à la proposition de projet européen HESSOS (Hepatic Surgery Simulation and Operative Strategy). Ce projet, sous la direction de l'IRCAD (Institut de Recherche contre le Cancer de l'Appareil Digestif), a pour but la mise au point d'un simulateur de chirurgie hépatique.

L'une des motivations principales pour le développement d'un simulateur de chirurgie hépatique est l'impact considérable des pathologies tumorales du foie (1 250 000 morts chaque année dans le monde). L'INRIA est impliqué dans les étapes suivantes de cette réalisation:

- l'extraction du foie depuis les images scanners des patients
- l'extraction des systèmes vasculaires du foie
- l'extraction des lésions
- la construction des 8 segments hépatiques (découpe anatomique du foie utilisée pour la planification des interventions chirurgicales)
- la mise au point d'un mécanisme de simulation chirurgicale à partir d'instruments à retour d'efforts.

Une description détaillée des besoins informatiques pour l'aide à la chirurgie hépatique se trouve dans [34].

Le travail effectué au cours ce stage s'inscrit dans l'une des étapes préliminaires du développement de l'outil de simulation de chirurgie hépatique: la segmentation du foie dans les images scanners peu contrastées de l'abdomen. Notons qu'un outil de segmentation à base de modèles surfacique peut en outre trouver de nombreuses autres applications dans le domaine de l'imagerie médicale.

### 1.4 Travaux préliminaires sur la segmentation des organes non rigides

En raison du faible contraste présent dans les images de l'abdomen acquises au scanner, les techniques classiques de segmentation par seuillage ou par extraction des points de contour sont peu adaptées. De plus les organes de l'abdomen sont mous et présentent d'importantes variations morphologiques inter-patients.

Plusieurs algorithmes ont été proposés dans la littérature pour réaliser ces type de segmentation:

- Certains auteurs ont mis en correspondance quelques points [18][19] ou lignes[26] caractéristiques de l'image à segmenter avec une image de référence dont la segmentation est connue. En calculant la transformation 3D permettant de superposer les points mis en correspondance et en interpolant les autres points, on obtient un

nouvelle segmentation. Cependant, il peut être difficile de déterminer quels points doivent être mis en correspondance pour des objets de forme complexe.

- Des modèles à base de primitives géométriques[5] dont certaines caractéristiques évoluent (longueur d'un segment, articulations...) ont été proposés. Ces modèles manquent souvent de généralité et restent très dépendants de leur application.
- Les contours actifs[9][2] (connus sous le nom de *snakes*) ont été largement utilisés en deux dimensions. Ces courbes tendent à minimiser une énergie qui tient compte de pôles attracteurs (comme des points de contours) et de propriétés internes d'élasticité et de régularité. Les contours actifs ont certains points communs avec les maillages déformables présentés dans ce rapport.
- Les modèles paramétrés[11][12][13] représentent les objets par des courbes paramétriques tridimensionnelles (superquadrique, séries de Fourier tridimensionnelles...). Ils présentent l'avantage d'être particulièrement compacts (un objet peut être représenté par un nombre très réduit de paramètres). En revanche leur pouvoir d'expression est souvent trop limité pour représenter des objets complexes et variables.
- Les modèles statistiques[22] utilisent la mise en correspondance de points caractéristiques pour déterminer leurs propriétés de variabilité. Nous verrons dans la section 5 comment enrichir les maillages déformables à l'aide d'informations statistiques. Une autre approche statistique consiste à étudier les principaux modes de variations d'un modèle (par *Analyse en Composantes Principales*[20][21][22][23][24][25]) et d'utiliser cette information pour contraindre les déformations.
- Une autre approche consiste à réaliser un recalage volumique [16][17] ou surfacique[15] de l'image considérée sur une image de référence dont la segmentation est connue. En appliquant la transformation inverse à la segmentation, on obtient une nouvelle segmentation de l'image de travail. Cependant, la grande variabilité morphologique du foie et les différences importantes inter-individus dans le positionnement relatif des organes de l'abdomen rendent le processus de recalage difficile.

De façon synthétique, on peut envisager le processus de segmentation en mettant en correspondance (a) des points caractéristiques (extrémaux des courbure), (b) des lignes (lignes de crête[27][28]...), (c) des surfaces représentant l'interface des objets ou (d) des volumes complets. Chacune de ces quatre méthodes trouve des domaines d'application privilégiés. Dans le cadre du simulateur de chirurgie hépatique, les chirurgiens sont intéressés par un outil permettant de représenter la surface du foie (ce qui est visible dans un champ opératoire) et

l'intersection des segments hépatiques avec cette surface. En outre, les différences morphologiques inter-individus (des systèmes vasculaires du foie en particulier) rendent les recalages volumiques délicats. Une approche surfacique semblerait donc la plus appropriée au problème.

## 1.5 La segmentation à partir de maillages simplexes déformables

Les maillages déformables[6][1] présentent une grande souplesse et peuvent représenter une grande variété de topologies. Ils sont d'une façon générale peu compacts et peu réguliers (une triangulation peut avoir des sommets de degré quelconque par exemple). L'idée générale de la segmentation à partir de maillages est de partir d'une forme donnée représentant une connaissance a priori de l'objet à segmenter et de lui appliquer des forces locales de déformation calculées à partir des données dont on dispose.

Ceci nécessite d'initialiser le maillage considéré à une position et avec une orientation convenable par rapport aux données tridimensionnelles. En outre, la très grande souplesse des maillages les rend susceptibles de se déformer localement de façon indésirable en particulier lorsque les données utilisées pour le calcul des forces sont incomplètes ou bruitées. Il est nécessaire d'introduire des contraintes régulières dans le processus de déformation.

Nous utilisons de maillages simplexes qui présentent des propriétés de régularité intéressantes détaillées dans la section 2. En outre, les maillages simplexes permettent de définir de façon intuitive la *forme* de l'objet qu'ils représentent (c'est à dire sa géométrie à une translation, une rotation et un changement d'échelle près).

## 1.6 Principales contributions

Ce travail prend appui sur les développements antérieurs réalisés au sein de l'équipe EPIDAURE. Il se base en particulier sur les travaux réalisés par Hervé Delingette[1] sur les maillages simplexes et par Xavier Pennec[35] et Jérôme Declerck[30] sur le calcul des meilleures transformations globales.

Les principaux points novateurs comprennent:

- L'*initialisation automatique* des maillages avant l'étape de déformation. La qualité de l'initialisation du maillage influe largement sur les appariements des points réalisés au cours de la déformation.
- L'extension du processus de *mémoire de forme* des maillages simplexes. Nous verrons comment introduire un facteur d'échelle sur la surface qui correspond à un lissage à plus ou moins grande échelle des informations bruitées utilisées pour la déformation.

- L'introduction de *contraintes à la déformation*. Il est nécessaire de contraindre le champ des déformations possibles des maillages afin d'assurer une bonne segmentation. L'utilisation de transformations globales est souvent réducteur sauf à considérer des transformations avec un très grand nombre de degrés de liberté. Cependant l'estimation de telles transformations est très coûteuse. A l'opposé, les déformations purement locales sont souvent trop peu contraintes et conduisent le modèle à se déformer trop librement en présence de données bruitées. Nous verrons comment introduire un *modèle hybride* de déformations compromis entre des transformations purement locales et purement globales.
- L'amélioration du *calcul des forces extérieures* à partir des données. Ce calcul est réalisé à partir de l'information bruitée contenue dans les images volumiques. Il convient d'extraire au mieux cette information pour réaliser un calcul aussi précis que possible.
- L'utilisation de *l'information statistique* pour affiner la connaissance a priori fournie par le modèle. L'information statistique permet de réaliser un modèle évolutif qui s'enrichit au fur et à mesure que de nouveaux exemples sont ajoutés à la base d'apprentissage.

## 1.7 Remerciements

Je tiens à exprimer ma gratitude à toutes les personnes qui ont rendu possible, et agréable, le déroulement de ce stage. Merci à Nicholas Ayache pour m'avoir accueilli dans son équipe et à Hervé Delingette pour m'avoir suivi et conseillé tout au long de ce travail. Merci à Xavier Pennec, Jérôme Declerck, Grégoire Malandain, Jean-Philippe Thirion, Gérard Subsol, Stéphane Cotin, Luc Soler, Jean-Marie Clément et Françoise Pezé dont les travaux antérieurs, l'expérience et les conseils m'ont été d'un précieux secours. Merci à toutes celles et à tous ceux qui m'ont soutenu au long de ce stage.

## 1.8 Par la suite...

La section 2 décrit formellement les maillages simplexes et leurs propriétés mathématiques. La section 3 décrit l'initialisation des maillages et le calcul des transformations globales. La section 4 présente les forces internes (régularisantes) et externes (établies à partir des données) qui s'appliquent sur les maillages pour provoquer la déformation ainsi que les contraintes limitant ces déformations. La section 5 montre comment améliorer la segmentation à l'aide d'informations statistiques et examine l'utilisation possible de l'analyse en composantes principales pour contraindre les déformations. Enfin la section 6 conclut sur les résultats obtenus et ouvre des perspectives de développement ultérieur.

## 2 Maillages simplexes

---

Les maillages simplexes sont des maillages réguliers dont nous étudions dans ce chapitre les propriétés qui nous intéressent. Pour plus de précision le lecteur pourra consulter [1].

### 2.1 Définitions

*définition 1* Un  $k$ -maillage simplexe  $M$  de  $R^d$  est défini par l'ensemble  $(V(M), N(M))$  où:

- $V(M) = \{P_i\}_i$  est un ensemble de  $n$  points de  $R^d$ .
- $N(M)$  est la fonction d'adjacence qui attribue à un sommet d'index  $i$  le  $(k+1)$ -uplet  $(N_1(i), \dots, N_{k+1}(i))$  représentant l'index de ses  $k+1$  voisins.  $N$  doit en outre vérifier:

$$\forall i \in \{1, \dots, n\}, \forall j \in \{1, \dots, k+1\}, \forall l \in \{1, \dots, k+1\}, l \neq j \\ N_j(i) \neq i \wedge N_l(i) \neq N_j(i)$$

Un  $k$ -maillage simplexe est donc un maillage de degrés régulier.

*définition 2* Un couple non ordonné  $(i, N_j(i))$  est une arête.

On peut associer à un maillage simplexe un graphe  $(V(M), E(M))$  où  $E(M)$  représente l'ensemble des arêtes. Par la suite on ne s'intéressera qu'aux maillages dont le graphe associé est connexe.

On peut montrer que les propriétés topologiques des maillages simplexes sont duales de celles des triangulations.

### 2.2 Géométrie des maillages simplexes

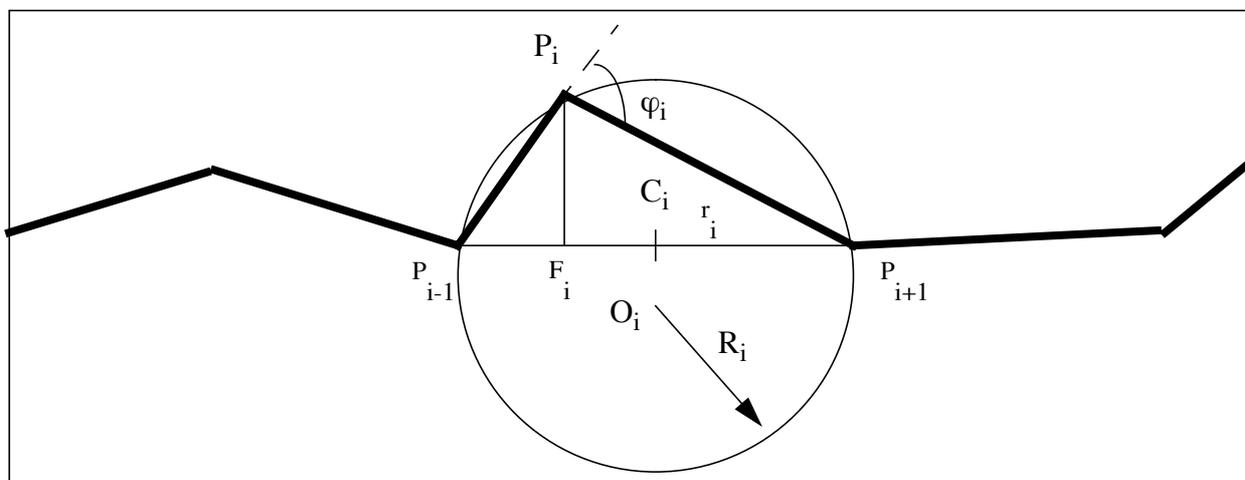
Dans le cadre de la représentation d'objets tridimensionnelles à l'aide des maillages simplexes, nous nous intéresserons plus particulièrement aux 2-maillages simplexes de  $R^3$ . Auparavant, nous étudions le cas des 1-maillages plans pour une meilleure compréhension.

#### 2.2.1 Les 1-maillages simplexes plans

Un 1-maillage simplexe est une lignes polygonale  $\{P_i\}$  (cf figure 1). Soit  $F_i$  la projection orthogonale d'un point  $P_i$  sur le segment (l'hyperplan de  $R^2$ ) formé par ses voisins  $[P_{i-1}, P_{i+1}]$ . On peut définir les deux *paramètres métriques* de  $P_i$  comme les coordonnées barycentriques de  $F_i$ :

$$\varepsilon_i^1 = \frac{\overline{F_i P_{i+1}}}{\overline{P_{i-1} P_{i+1}}} \quad \varepsilon_i^2 = \frac{\overline{P_{i-1} F_i}}{\overline{P_{i-1} P_{i+1}}}$$

FIGURE 1. 1-maillage simplexe de  $R^2$



On définit également l'angle simplexe  $\varphi_i$  tel que  $\varphi_i = \angle F_i P_{i-1} P_i$ . La notion d'angle simplexe se rapproche de celle de courbure au point  $P_i$ . En effet si la courbure discrète  $\kappa_i = 1/R_i$  où  $R_i$  est le rayon du cercle circonscrit au triangle  $P_{i-1}P_iP_{i+1}$ , on remarque que  $\kappa_i = \sin(\varphi_i)/r_i$  où  $r_i$  est la demi-longueur  $P_{i-1}P_{i+1}$ .

En outre, le point  $P_i$  est entièrement déterminé par ses voisins et les trois paramètres  $\varepsilon_i^1$ ,  $\varepsilon_i^2$  et  $\varphi_i$ . En effet:

$$P_i = \varepsilon_i^1 P_{i-1} + \varepsilon_i^2 P_{i+1} + L(r_i, |2\varepsilon_i^1 - 1|, \varphi_i) n_i$$

où  $n_i$  est le vecteur unitaire de direction  $F_i P_i$  et  $L(r_i, d_i, \varphi_i)$  exprime la hauteur du point  $P_i$  par rapport au segment  $[P_{i-1}, P_{i+1}]$ :

$$L(r_i, d_i, \varphi_i) = \frac{(r_i^2 - d_i^2) \tan(\varphi_i)}{\varepsilon \sqrt{2r_i^2 + (r_i^2 - d_i^2) \tan^2(\varphi_i)} + r_i} \quad \begin{cases} \varepsilon = 1 & \text{si } |\varphi_i| < \pi/2 \\ \varepsilon = -1 & \text{si } |\varphi_i| > \pi/2 \end{cases}$$

L'angle simplexe permet donc d'exprimer la hauteur du point  $P_i$  sur la base formée par ses deux voisins. Il tend vers  $\pi$  quand le triangle s'aplatit en  $P_i$ . Le signe de l'angle simplexe indique de quel côté du segment  $[P_{i-1}, P_{i+1}]$  se trouve le point  $P_i$ .

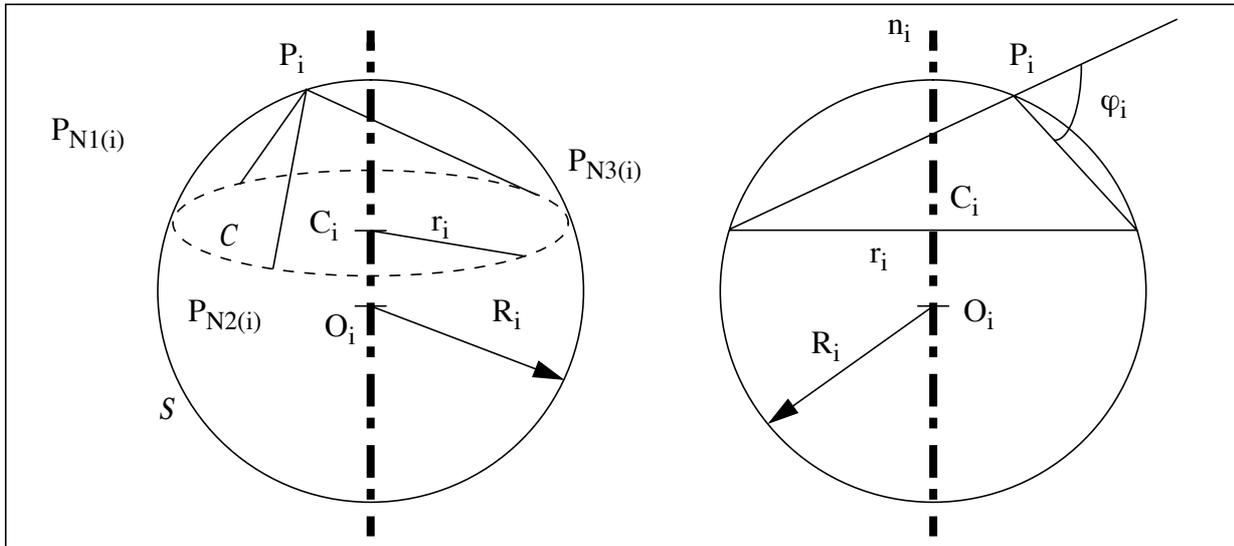
### 2.2.2 Les 2-maillages simplexes de $R^3$

Les notions de paramètres métriques et d'angle simplexe s'étendent aux  $(d-1)$ -maillages simplexes de  $R^d$ . Nous nous intéresserons parti-

culièrement aux 2-maillages simplexes qui permettent de représenter des surfaces dans  $R^3$ .

Considérons  $P_i$  un point du maillage et  $P_{N1(i)}$ ,  $P_{N2(i)}$  et  $P_{N3(i)}$  ses trois voisins. On désigne par  $S$  la sphère de centre  $O_i$  et de rayon  $R_i$  circonscrite au tétraèdre formé par  $P_i$  et ses voisins et par  $C$  le cercle de centre  $C_i$  et de rayon  $r_i$  circonscrit au triangle formé par les trois voisins de  $P_i$ . Soit  $n_i$  le vecteur normal au plan  $P_{N1(i)}P_{N2(i)}P_{N3(i)}$ .

FIGURE 2. 2-maillage simplexe de  $R^3$



Les trois paramètres métriques  $\varepsilon_i^1$ ,  $\varepsilon_i^2$  et  $\varepsilon_i^3$  sont les coordonnées barycentriques de la projection de  $P_i$  sur le plan formé par ses voisins. L'angle simplexe  $\varphi_i \in [-\pi, \pi]$  est défini comme vérifiant:

$$\begin{cases} \sin(\varphi_i) = \frac{r_i}{R_i} \text{signe}(P_i P_{N1(i)} \cdot n_i) \\ \cos(\varphi_i) = \frac{\|O_i C_i\|}{R_i} \text{signe}(O_i C_i \cdot n_i) \end{cases}$$

La notion d'angle simplexe est encore attachée à celle de courbure de la surface. Si  $H_i$  représente la courbure moyenne discrète de la surface en  $P_i$  (i.e.  $|\kappa_i| = 1/R_i$ ), alors  $\kappa_i = \sin(\varphi_i)/r_i$ .

Le point  $P_i$  s'exprime à l'aide de ses voisins et des paramètres métriques comme  $P_i = \varepsilon_i^1 P_{N1(i)} + \varepsilon_i^2 P_{N2(i)} + \varepsilon_i^3 P_{N3(i)} + L(r_i, d_i, \varphi_i) n_i$ .

## **2.3 Utilisation des maillages simples**

Les 2-maillages simples de  $R^3$  (que nous désignerons désormais maillages simples sans plus de précisions) permettent de décrire des objets discrets. Ils fournissent une connaissance à priori de la forme des objets à segmenter. Le processus de segmentation consiste à appliquer à ces maillages des forces calculées à partir des données volumiques. Les déformations induites dans le maillage tendent à l'amener vers les points de contour détectés dans l'image. Dans le cas de données incomplètes ou bruitées, la connaissance d'une forme a priori pallie au manque d'information. Il est donc important de contraindre suffisamment le maillage pour qu'il conserve une forme générale acceptable. C'est pourquoi des forces internes régularisantes sont prises en compte. Les maillages simples permettent de définir de façon élégante un mécanisme de mémoire de forme.

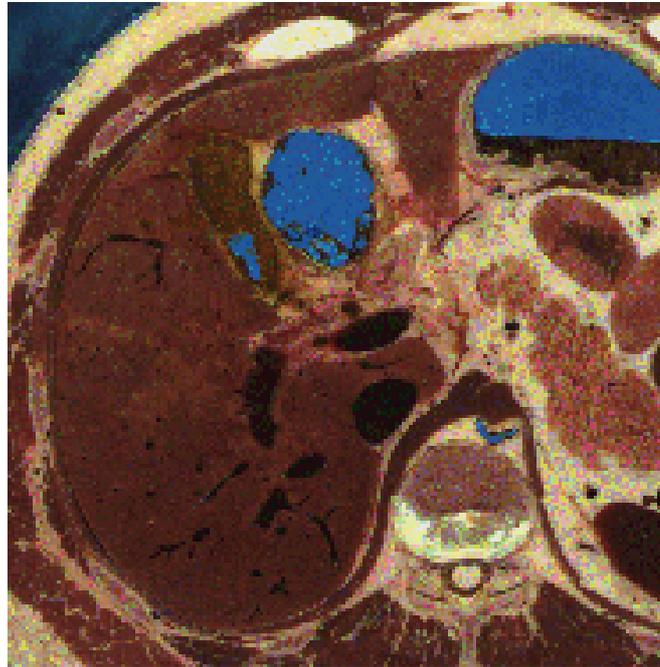
La segmentation est réalisée en trois étapes principales. Le maillage à déformer doit tout d'abord être positionné convenablement dans l'image. Il faut ensuite extraire les informations de contour présentes dans les données afin de calculer les forces externes à appliquer au maillage. Enfin il faut itérativement déformer le maillage sous l'action des forces externes jusqu'à converger vers une forme stable.

## **2.4 Modèle simple du foie**

Il est nécessaire de disposer d'un modèle initial pour réaliser la segmentation d'objets. Dans le cas du foie, nous avons utilisé les données provenant de la National Library of Medicine. La NLM a mis à disposition de la communauté scientifique des coupes cryogéniques. Les photos très détaillées ont permis l'extraction semi-automatique du contour du foie avec une précision qu'il n'est pas possible d'atteindre avec des données scanner (les voxels des images de la NLM mesurent  $0.33*0.33*0.33$ mm). La figure 3 montre l'une des coupes abdominales provenant des données de la NLM.

**FIGURE 3.**

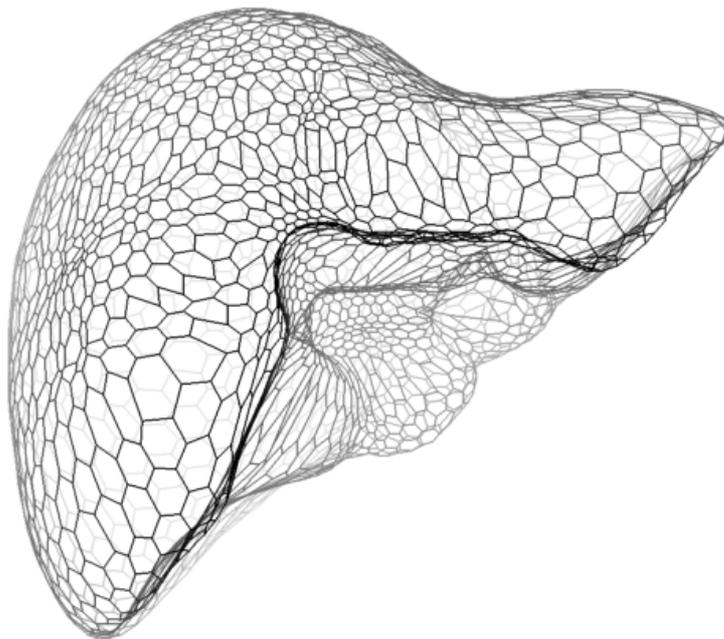
L'une des coupes cryogéniques fournie par la NLM



Après extraction du contour sur toutes les coupes, un maillage simplexe (c.f. figure 4) a été créé qui représente la forme du foie.

**FIGURE 4.**

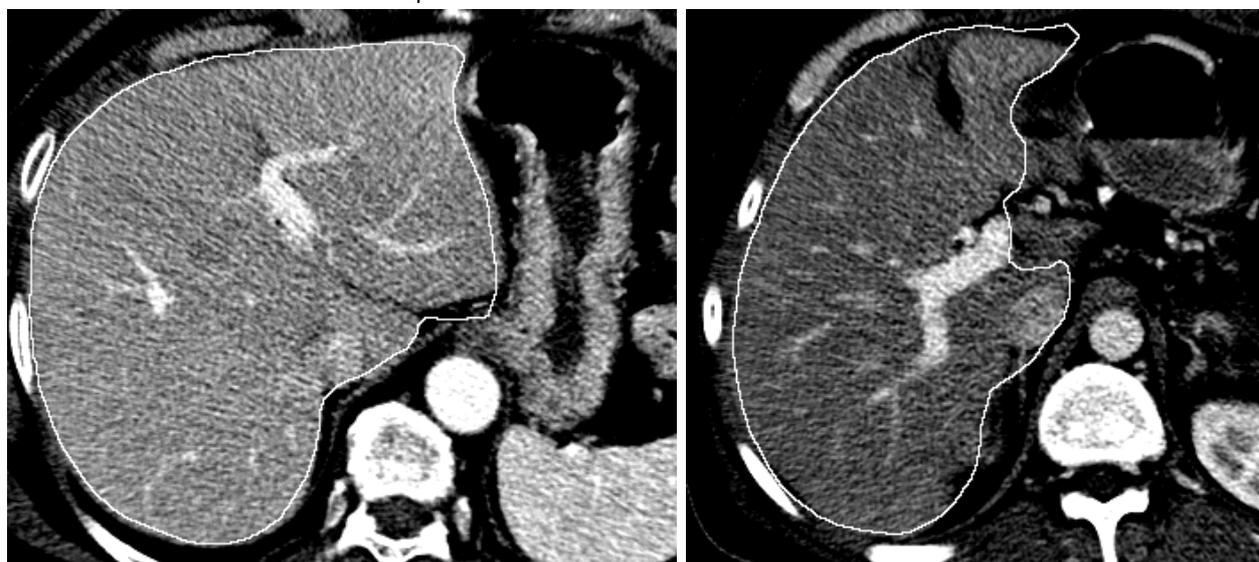
Maillage simplexe du foie extrait à partir des données de la NLM



### 3 Transformations globales

La figure 5 représente deux coupes scanner de l'abdomen d'un patient. Le foie que l'on désire segmenter est entouré en blanc. Les tissus parenchymateux apparaissent en gris plus ou moins uniforme. Les zones plus claires sont les principaux vaisseaux visibles grâce à la présence d'un produit de contraste. On s'aperçoit sur cette figure que le contour des organes abdominaux n'est pas clairement localisé et que le contraste est par endroits très faible.

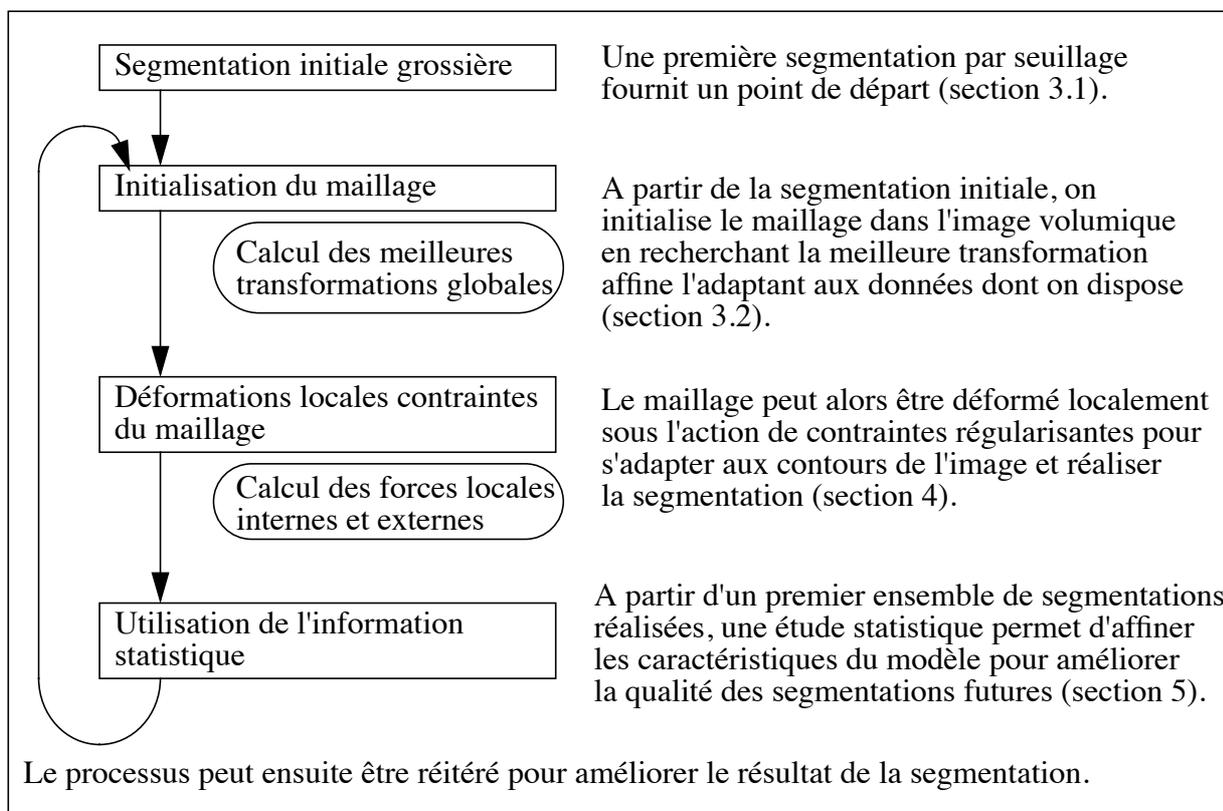
FIGURE 5. Coupes scanner abdominales



Les images volumiques utilisées nous ont été fournies par l'IRCAD (Institut de Recherche contre le Cancer de l'Appareil Digestif). Le protocole d'acquisition consiste à injecter un produit de contraste dans le sang qui permet de mettre en relief les systèmes vasculaires (le foie étant un organe particulièrement vascularisé) puis, après diffusion, de scanner la totalité (ou la quasi-totalité) du foie en une seule acquisition. L'utilisation de scanners hélicoïdaux permet l'acquisition complète du foie en une trentaine de seconde, temps suffisamment court pour que le patient ne respire pas.

Le scanner fournit des images volumiques en 4000 niveaux de gris composées de 50 à 90 coupes. Chaque coupe a une résolution de  $512 \times 512$  pixels. Ceci correspond à des voxels dont la dimension est de  $0.58 \times 0.58$  mm de base par 2 à 4 mm d'épaisseur. Les données sont donc sensiblement anisotropes. Tous les traitements d'images appliqués sont tridimensionnels afin de conserver une information maximale.

Le processus de segmentation nécessite les étapes suivantes:



### 3.1 Segmentation initiale grossière

FIGURE 6.

Une coupe du foie avant (gauche) et après (droite) correction de l'intensité



Pour initialiser la position du modèle, il faut une connaissance a priori de la position de l'organe que l'on désire segmenter dans l'image. Bien que tous les scanners abdominaux soient pris dans la même direction, les variations morphologiques inter-patient sont trop importantes et les procédures d'acquisition sont trop variables pour autoriser un posi-

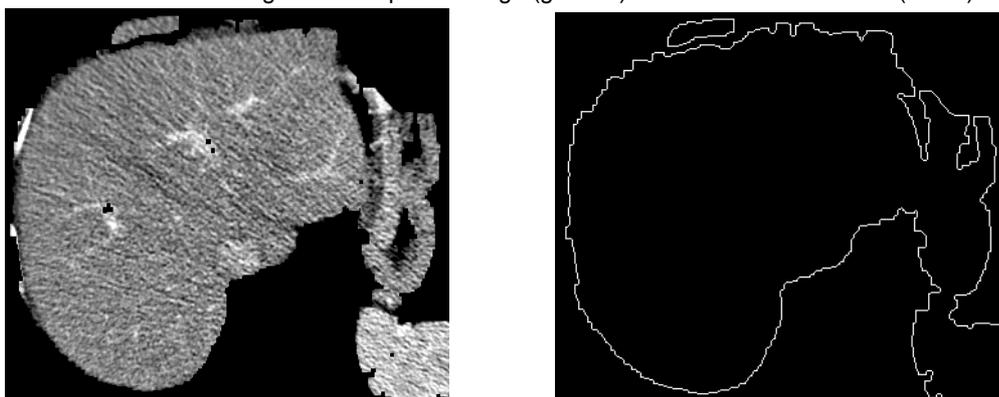
tionnement du modèle valable dans tous les cas rencontrés. Il faut donc établir une première segmentation, même grossière, qui nous permettra de préciser la position initiale du modèle.

Si les techniques de segmentation classiques par seuillage ne sont pas adaptées, elles vont néanmoins nous fournir un résultat suffisant pour initialiser le modèle. Pour tenir compte des variations lors de l'acquisition, le niveau de gris des images est tout d'abord corrigé (par suppression du biais entre les coupes successives) et recentré autour de la plage de niveaux de gris du foie. La figure montre le foie avant et après correction de l'intensité lumineuse.

L'image en niveaux de gris est ensuite seuillée pour ne conserver que les zones de gris correspondant aux tissus parenchymateux. Des opérations morphomathématiques d'érosion sont appliquées afin de déconnecter les éléments qui subsistent. Enfin, la plus grande composante connexe est conservée et des dilations lui sont appliquées pour revenir au volume initiale. La figure 7 montre une coupe du foie après seuillage et le contour qui en a été extrait.

---

**FIGURE 7.** Segmentation par seuillage (gauche) et contour du foie extrait (droite)



On peut voir que de nombreux organes (intestins, rate, côtes) ont été connectés au foie par cette méthode et que le contour est très irrégulier (en partie en raison des opérateurs morphomathématiques de dilatation utilisés).

### **3.2 Initialisation du maillage**

Nous voulons amener notre modèle à se rapprocher des données fournies par l'étape précédente. Les données étant très bruitées, il est indispensable de contraindre fortement les déformations applicables au modèle. Nous n'autoriserons donc à cette étape que des transformations globales du maillage.

Soit  $\{P_i\}_i$  l'ensemble des points du maillage considéré et *Match* une fonction de mise en correspondance qui associe à chaque  $P_i$  le point de données vers lequel on veut voir  $P_i$  évoluer. On va chercher une transformation globale  $f$  qui minimise la distance quadratique entre la transformée des points  $P_i$  et leur correspondants (critère de minimisation aux moindres carrés):

$$f = \underset{g \in F}{\text{ArgMin}} \left\{ \sum_{i=1}^N \|g(P_i) - \text{Match}(P_i)\|^2 \right\}$$

où  $F$  est un ensemble de fonctions auxquelles on se limite pour contraindre la transformation.

Un fois que l'on s'est fixé la fonction de mise en correspondance, il est possible d'évaluer  $f$  puis d'itérer: appliquer  $f$  aux  $P_i$  et recommencer l'évaluation de la meilleure transformation avec les nouvelles positions afin d'affiner le résultat. Cet algorithme standard est connu sous le nom d'ICP (*Iterative Closest Point*)[29].

### 3.2.1 Mise en correspondance des points

La fonction *Match* de mise en correspondance est typiquement une fonction de recherche du point le plus proche. Pour chaque  $P_i$  on recherche donc le point  $D_i$  des données qui minimise la distance  $P_i D_i$ . Une fois tous les appariements  $(P_i, D_i)$  réalisés on peut évaluer  $f$ . Comme précisé dans [30], les paires de points appareillés à un même point de données rendent le calcul des moindres carrés instable. On veillera donc à éliminer certains appariements avant l'évaluation de  $f$  si des paires du type  $(P_i, D)$  et  $(P_j, D)$  avec  $i \neq j$  existent.

### 3.2.2 Transformations globales

Il faut contraindre  $f$  dans un espace de fonctions qui n'autorise pas n'importe quelle déformation du modèle. Nous allons étudier comment évaluer  $f$  en se limitant à l'un des espaces:

- $F_{\text{rig}}$ : espace des transformations rigides (translations et rotations).
- $F_{\text{sim}}$ : espace des similitudes.
- $F_{\text{aff}}$ : espace des transformations affines.
- $F_{\text{spl}}$ : espaces des transformations B-splines cubiques.

Ces quatre espaces de fonctions correspondent à un nombre de degrés de libertés de plus en plus important de la fonction  $f$  dans la mesure où  $F_{\text{rig}} \subset F_{\text{sim}} \subset F_{\text{aff}} \subset F_{\text{spl}}$ . Nous allons voir comment il est possible d'estimer une transformation appartenant à l'un de ces espaces. Seuls

les résultats principaux seront donnés. Pour plus de détails, le lecteur pourra se reporter aux références proposées.

### 3.2.3 Meilleure transformation affine

La transformée affine d'un point  $M$  s'écrit:  $f(M) = AM + T$  où  $A$  est une matrice  $3 \times 3$  quelconque et  $T$  un vecteur translation. En coordonnées homogènes, cette équation se réécrit sous forme matricielle:

$$f \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \\ 1 \end{pmatrix} = [f_{i,j}]_{i,j} \cdot \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{bmatrix} A_{1,1} & A_{1,2} & A_{1,3} & T_1 \\ A_{2,1} & A_{2,2} & A_{2,3} & T_2 \\ A_{3,1} & A_{3,2} & A_{3,3} & T_3 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} x \\ y \\ z \\ 1 \end{bmatrix}$$

Les appariements  $(P_i, D_i)$  avec  $D_i = Match(P_i)$  étant donnés, on veut trouver les coefficients  $A_{i,j}$  et  $T_i$  décrivant la fonction  $f$  qui minimisent

$$\sum_{i=1}^N \|f(P_i) - D_i\|^2.$$

Par simple dérivation on obtient 12 équations:

$$\forall i \in [1, 3], \forall j \in [1, 4], \sum_{k=1}^N \langle f(P_k) - D_k | \frac{\partial}{\partial f_{i,j}} (f(P_k) - D_k) \rangle = 0$$

qui forment un système linéaire simple à résoudre.

### 3.2.4 Meilleure transformation rigide et meilleure similitude

Une transformation rigide s'exprime par  $f(M) = RM + T$  où  $R$  est une matrice rotation et  $T$  un vecteur translation. Trouver la meilleure transformation rigide étant donnée une liste de paires de points appariés peut se faire en évaluant séparément la translation (c'est la translation entre les centres d'inertie des nuages de points  $\{P_i\}_i$  et  $\{D_i\}_i$ ) et la rotation. On peut montrer que la rotation qui minimise le critère des moindres carrés minimise également:

$$\sum_{i=1}^N \left\| q \times \tilde{P}_i \times \bar{q} - \tilde{D}_i \right\|^2 \text{ où } q \text{ est un quaternion unitaire représentant la}$$

rotation recherchée,  $\tilde{P}_i$  et  $\tilde{D}_i$  sont les représentations sous forme de quaternions purs des vecteurs  $P_i$  et  $D_i$ , et  $\times$  est le produit de quaternions. On se ramène comme précédemment à la résolution d'un sys-

tème de 4 équations linéaires dont les 4 inconnues sont les composantes de  $q$ .

Une similitude s'exprime  $f(M) = RSM + T$  où  $S$  est une matrice  $3 \times 3$  diagonale dont tous les termes diagonaux sont égaux au facteur d'échelle. Le calcul de la meilleure similitude est similaire au précédent avec évaluation séparée du facteur d'échelle. Pour plus de détails on se rapportera à [35].

### 3.2.5 Les fonctions B-spline cubiques

Une surface B-spline est une courbe polynomiale par morceaux définie comme un produit tensoriel des vecteurs de la base des B-splines:

$$f(x, y, z) = \begin{cases} u(x, y, z) = \sum_{i=0}^{n_x-1} \sum_{j=0}^{n_y-1} \sum_{k=0}^{n_z-1} u_{ijk} B_{i,K}^x(x) B_{j,K}^y(y) B_{k,K}^z(z) \\ v(x, y, z) = \sum_{i=0}^{n_x-1} \sum_{j=0}^{n_y-1} \sum_{k=0}^{n_z-1} v_{ijk} B_{i,K}^x(x) B_{j,K}^y(y) B_{k,K}^z(z) \\ w(x, y, z) = \sum_{i=0}^{n_x-1} \sum_{j=0}^{n_y-1} \sum_{k=0}^{n_z-1} w_{ijk} B_{i,K}^x(x) B_{j,K}^y(y) B_{k,K}^z(z) \end{cases}$$

$B_{i,K}^d$  est la  $i^{\text{ème}}$  fonction de base B-spline d'ordre  $K$  dans la dimension  $d$ . C'est une fonction définie comme un polynôme par morceaux sur un support compact et nulle partout ailleurs. Les fonctions de bases sont définies à partir d'un nombre donné de nœuds  $t_0^d, \dots, t_{n_d}^d$  par la formule réursive:

$$B_{0,K}^d(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } t_i^d \leq x < t_{i+1}^d \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

$$B_{i,K}^d(x) = \frac{x - t_i^d}{t_{i+K}^d - t_i^d} B_{i,K-1}^d(x) + \frac{t_{i+K+1}^d - x}{t_{i+K+1}^d - t_i^d} B_{i+1,K-1}^d(x)$$

Dans notre cas nous considérerons une grille régulière des nœuds contrôlant les fonctions de base.

Les coefficients des matrices tridimensionnelles  $[u_{ijk}]_{i,j,k}$ ,  $[v_{ijk}]_{i,j,k}$  et  $[w_{ijk}]_{i,j,k}$  sont appelés points de contrôle de la courbe.

Nous nous intéresserons particulièrement aux B-spline cubiques, c'est à dire aux courbes B-splines définies à partir des fonctions de base

pour lesquelles  $K = 3$ . Etant donné un ensemble de couples  $\{(x_i, y_i)\}_{i \in [0,1]}$  (avec  $x_0 < \dots < x_1$ ), les B-spline cubiques sont les seules fonctions minimisant  $\int_{x_0}^{x_1} (f'')^2$  parmi les fonctions qui vérifient:

$$\begin{cases} f(x_i) = y_i & \forall 0 \leq i \leq 1. \\ f'(x_0) = \alpha \\ f'(x_1) = \beta \end{cases}$$

C'est à dire qu'étant donné un certains nombre de points de passages et des conditions de raccord aux extrémités, les B-spline cubiques minimisent une intégrale assimilables à la flexion d'une baguette (ou *spline* en anglais). Les B-spline et leurs propriétés mathématiques sont étudiées en détail dans [32].

### 3.2.6 Détermination de la meilleure transformation B-spline

Il nous faut maintenant définir un critère permettant de spécifier une «meilleure» transformation spline  $f$ . Il faut que la courbe respecte au mieux les appariements dont on dispose, c'est à dire que la somme :

$$C_{\text{app}}(f) = \sum_{i=1}^N (u(P_i) - x_{D_i})^2 + \sum_{i=1}^N (v(P_i) - y_{D_i})^2 + \sum_{i=1}^N (w(P_i) - z_{D_i})^2$$

doit être minimale. Il est en outre souhaitable de contrôler un terme de lissage correspondant à l'énergie de flexion de la courbe. Cette énergie s'exprime comme un stabilisateur de Tikhonov du second ordre :

$$E(u) = \int_{\mathfrak{R}^3} \left( \frac{\partial^2}{\partial x^2} u \right)^2 + \left( \frac{\partial^2}{\partial y^2} u \right)^2 + \left( \frac{\partial^2}{\partial z^2} u \right)^2 + 2 \left( \left( \frac{\partial^2}{\partial x \partial y} u \right)^2 + \left( \frac{\partial^2}{\partial x \partial z} u \right)^2 + \left( \frac{\partial^2}{\partial y \partial z} u \right)^2 \right)$$

$$C_{\text{lissage}}(f) = E(u) + E(v) + E(w)$$

Le critère à minimiser est donc:  $C(f) = C_{\text{app}}(f) + \rho C_{\text{lissage}}(f)$  où  $\rho$  est un paramètre pondérant l'importance du facteur de lissage de la courbe par rapport au facteur de correspondance des points. Il est à noter que lorsque  $\rho$  est grand, le terme de correspondance devient négligeable. On cherche alors une courbe dont la dérivée seconde est minimale. La meilleure solution correspond à une dérivée seconde nulle. Elle existe : c'est la meilleure transformation affine. Le paramètre  $\rho$  permet ainsi de considérer une transformation spline complètement libre ( $\rho = 0$ ) ou contrainte jusqu'à devenir affine ( $\rho \rightarrow \infty$ ).

Il est possible de déterminer la transformation spline minimisant le critère  $C$ . Les fonctions de base des B-splines étant fixées, il s'agit de trouver les points de contrôle définissant la courbe. En dérivant le cri-

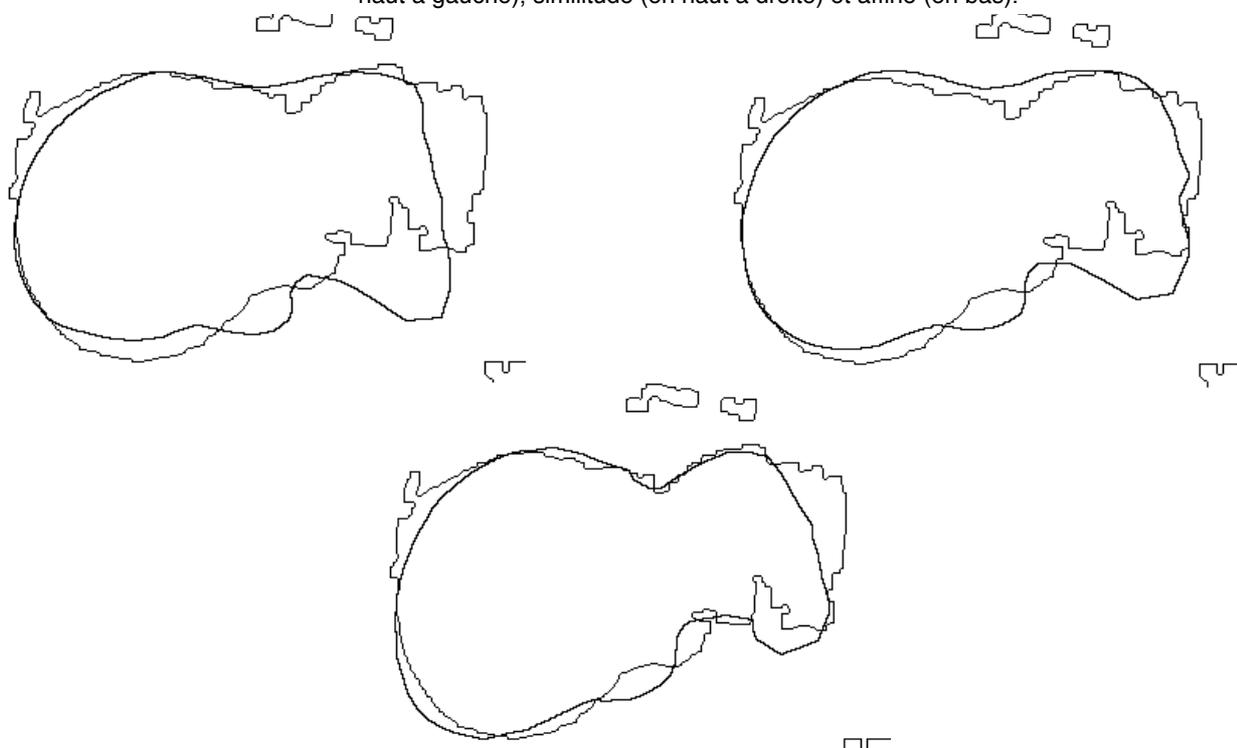
tère  $C$  par chacun des points de contrôle  $u_{ijk}$ ,  $v_{ijk}$  et  $w_{ijk}$ , on obtient un système linéaire dont la dimension dépend du nombre de nœuds utilisés. Le nombre de nœuds devra donc être choisi en fonction du nombre de points appareillés, de façon à disposer d'une base de B-splines suffisamment fine (définie à partir d'un nombre suffisant de nœuds) sans que le système à résoudre ne devienne surcontraint. La matrice du système linéaire obtenue est définie positive et creuse. On utilise la méthode de résolution du gradient conjugué qui offre une bonne stabilité numérique. La méthode de résolution du système est détaillée dans [30] et [31].

### 3.2.7 Résultats de l'initialisation

Les transformations globales définies précédemment sont utilisées pour l'initialisation du modèle. Les transformations les plus contraintes sont d'abord utilisées dans l'algorithme ICP pour affiner la position du modèle. Au fur et à mesure que le modèle converge vers une meilleure position (et que les appariements obtenus par recherche du point le plus proche s'améliorent), on relâche les contraintes en autorisant des transformations avec plus de degrés de libertés.

FIGURE 8.

Position du modèle par rapport au contour grossier, après déformation rigide (en haut à gauche), similitude (en haut à droite) et affine (en bas).



La figure 8 montre comment évolue le modèle après déformation globale. Chaque image montre la position du contour grossier obtenu par seuillage (le contour irrégulier) et la trace du modèle dans la même

coupe (le contour plus lisse). La rangée du haut montre la position du modèle après meilleure transformation rigide (gauche) et meilleure similitude (droite). La figure du bas montre la position obtenue après meilleure déformation affine. A chaque étape, le modèle s'est approché de la position désirée.

Il est à noter que bien que pour des raisons de commodité ces résultats soient montrés sur une seule coupe, ils ont été obtenus par déformation d'un modèle tridimensionnel et que les appariements de points sont calculés en trois dimensions.

Il est apparu que les transformations splines ne sont pas utilisables à cette étape. En effet, elle permettent des déformations trop locales et les données étant fortement bruitées on obtient des déformations indésirables du modèle. Elles s'avèrent cependant utiles pour contraindre les déformations. Comme nous le verrons dans la section 4, il est important de conserver à cette étape une forme globale correspondant fidèlement à l'objet à segmenter.

## 4 Contraintes de déformation

---

Une fois le modèle convenablement initialisé, il convient de le déformer localement pour réaliser la segmentation. Les données dont on dispose vont nous permettre de calculer des forces s'exerçant sur le maillage du modèle pour le déformer. Un certain nombre de contraintes régularisantes permettent de stabiliser le maillage et de filtrer des données incomplètes ou bruitées.

Chaque point du maillage simplexe considéré est soumis à une force. Cette force est composée d'une force interne calculée à partir des propriétés topologiques du maillage considéré et d'une force externe calculée à partir des données :  $f_{\text{total}}(P_i) = f_{\text{int}}(P_i) + \beta f_{\text{ext}}(P_i)$ . Le paramètre  $\beta \in [0,1]$  permet de pondérer l'importance des forces externes de déformation par rapport aux forces internes régularisantes.

### 4.1 Calcul des forces externes

Le calcul des forces externes s'effectue à partir de l'information de contours et de niveaux de gris disponibles dans les données. L'extraction des contours se fait par le calcul du gradient de l'image. Les images dont on dispose étant bruitées, il convient de réaliser un lissage également. Le calcul du gradient d'un image  $I$  s'obtient par convolution de l'image avec un filtre de dérivation :  $\text{grad}(I) = (I \otimes f)'$  où  $\otimes$  représente l'opération de convolution et  $f$  est un filtre de lissage de l'image. L'opération de convolution nécessite théoriquement l'intégration du signal de l'image et du filtre sur un domaine infini. En pratique, ce calcul peut être réalisé soit par l'application de filtres récursifs[38][39], soit par l'utilisation de masques finis (comme les masques de Sobel) approximant localement le filtre de convolution théorique.

Les filtres récursifs présentent l'avantage d'un temps de calcul relativement court. Les masques de Sobel sont beaucoup plus coûteux en temps mais ont fournis des résultats sensiblement meilleurs. Etant donné la nature faiblement contrastée des images scanner d'une part et l'importance de la qualité des contours extraits pour la déformation des maillages d'autre part, nous avons préféré utiliser les masques de Sobel. Ce sont des masques séparables qui s'appliquent à chacune des trois dimensions de l'images avant d'être combinés pour former le gradient.

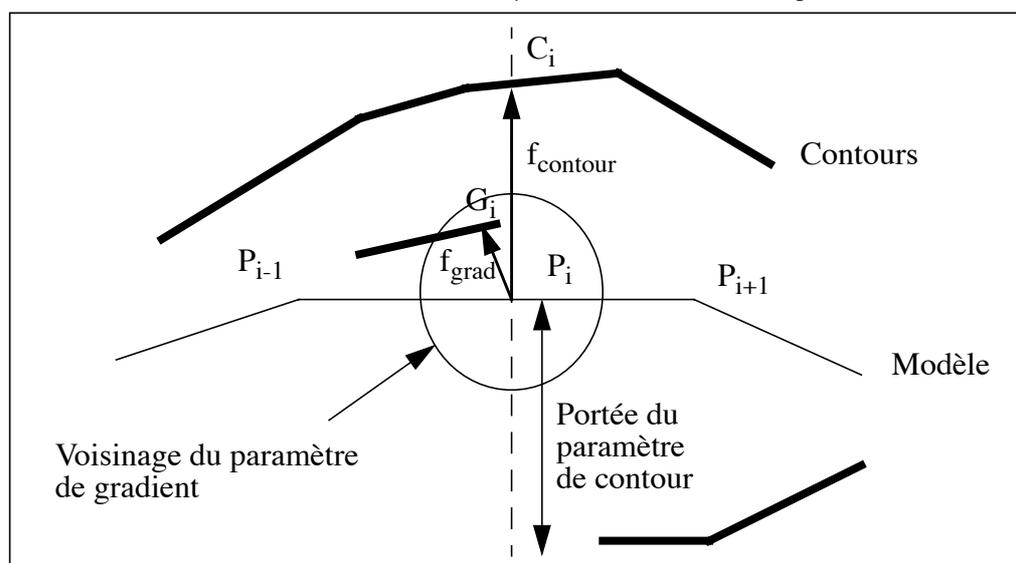
#### 4.1.1 Informations de contours

Deux informations sont extraites de l'image de gradient obtenue : une carte de gradient et une image des contours principaux.

- La carte de gradient indique pour chaque pixel de l'image quel est le point de gradient maximum le plus proche dans un voisinage de dimension réduite. C'est une information locale qui tend à attirer les points du maillages vers les points de gradient détectés les plus proches.
- On obtient par seuillage du gradient une image des contours les plus marqués des données. Cette information de contour est utilisée pour rechercher des points de contours plus distants dans l'image. Afin de ne pas autoriser de distorsions trop importantes du modèle, on recherchera les points de contours sur les normales à la surface du modèle seulement.

La figure 9 montre comment est réalisé le calcul des forces externes à partir des informations de gradient et de contour:

FIGURE 9. Calcul des forces extérieures à partir des informations de gradient et de contour



$G_i$  est le point de gradient maximum le plus proche de  $P_i$ . Il exerce une force attractive locale  $f_{grad}$ .  $C_i$  est le plus proche point de contour intersectant la normale au modèle en  $P_i$ . Il exerce une force attractive plus globale  $f_{contour}$ .

La figure 10 montre l'image de gradient et l'image des contours d'une même coupe d'un foie.

#### 4.1.2 Informations de niveaux de gris

Finalement, le niveau de gris de l'image permet d'exclure a priori certains points attracteurs. En effet, l'intensité des images scanners ayant été corrigée (cf section 3.1), il est possible de définir une fenêtre de niveaux de gris  $[gmin, gmax]$  dans laquelle la majorité des pixels composant l'organe à segmenter se trouvent. Ainsi on ne considérera

que les forces attractives exercées par des points ayant une bonne probabilité d'appartenir à l'organe considéré. L'expression finale de la force externe est donc :

$$f_{\text{ext}}(P_i) = \rho_{\text{grad}} \tilde{f}_{\text{grad}}(P_i) + \rho_{\text{contour}} \tilde{f}_{\text{contour}}(P_i)$$

$$\text{avec } \tilde{f}_{\text{grad}}(P_i) = \begin{cases} f_{\text{grad}}(P_i) & \text{si } g_{\text{min}} \leq I(G_i) \leq g_{\text{max}} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

$$\text{et } \tilde{f}_{\text{contour}}(P_i) = \begin{cases} f_{\text{contour}}(P_i) & \text{si } g_{\text{min}} \leq I(C_i) \leq g_{\text{max}} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

Les coefficients  $\rho_{\text{grad}}$  et  $\rho_{\text{contour}}$  permettent de pondérer l'influence de la force locale par rapport à la force globale.

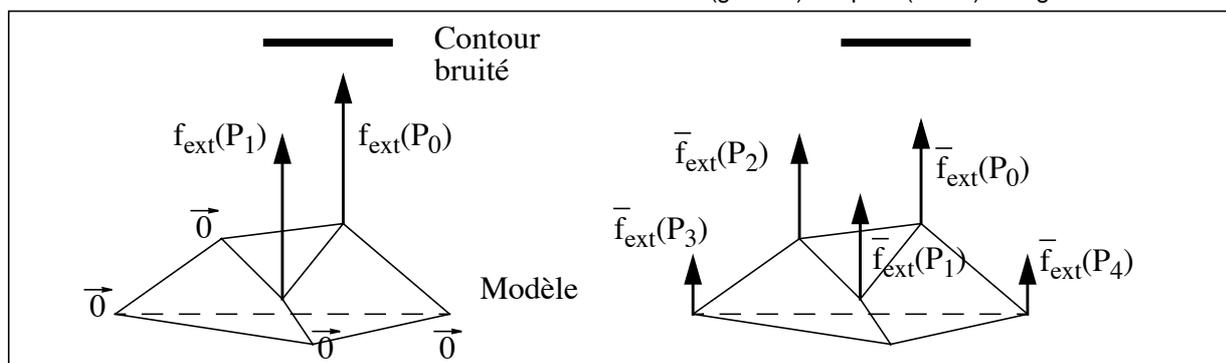
FIGURE 10. Les images du gradient et des contours d'une même coupe du foie



### 4.1.3 Lissage des forces externes

Les forces externes étant calculées à partir de données bruitées, elles sont sujettes à se répartir de façon discontinue à la surface du maillage comme l'illustre la figure 11, provoquant des déformations locales indésirables.

FIGURE 11. Forces externes calculées avant (gauche) et après (droite) lissage



Il est donc nécessaire de réaliser un lissage des forces s'exerçant sur la surface du maillage en réalisant un lissage sur un voisinage de chaque point. La notion de voisinage topologique se définit très simplement sur les maillages simplexes.

*définition 3* Etant donné un maillage simplexe  $M$ , un point  $P$  appartient au voisinage  $V_s(P_i)$  d'ordre  $s$  du point  $P_i$  s'il existe un chemin de longueur inférieure ou égale à  $s$  reliant  $P$  à  $P_i$ .

On appellera force extérieure lissée d'ordre  $s$  en  $P_i$ , la force extérieure moyenne calculée sur le voisinage d'ordre  $s$  de  $P_i$  :

$$\tilde{f}_{\text{ext}}^s(P_i) = \frac{1}{|V_s(P_i)|} \sum_{P \in V_s(P_i)} f_{\text{ext}}(P)$$

## 4.2 Calcul des forces internes

Les forces internes au maillage ont pour but de régulariser les déformations. Elles permettent d'éviter les distorsions géométriques trop importantes du maillage au cours du processus de déformation. Elles conduisent à des déformations plus régulières de la surface.

Nous avons vu que la forme d'un maillage simplexe s'exprime par la connaissance des paramètres métriques et des angles simplexes en chaque point du maillage. Si en tout point  $P_i$  on se fixe des paramètres

métriques de référence vérifiant  $\tilde{\varepsilon}_i^1 + \tilde{\varepsilon}_i^2 + \tilde{\varepsilon}_i^3 = 1$  et  $\forall j \in [1,3]$ ,

$0 < \tilde{\varepsilon}_i^j < 1$ , l'angle simplexe seul contrôle la régularité du maillage.

Les forces régularisantes appliquées au maillage résultent alors de la minimisation de l'énergie locale  $S_i = \frac{1}{2} \alpha_i \|P_i \tilde{P}_i\|^2$  où :

- $\alpha_i$  est une constante pondérant la force régularisante appliquée.
- $\tilde{P}_i$  est la position du point défini par les paramètres métriques  $\tilde{\varepsilon}_i^j$  et l'angle simplexe  $\tilde{\varphi}_i$ .

Le choix de  $\tilde{\varphi}_i$  permet donc de déterminer  $\tilde{P}_i$  et de calculer la force

$$\text{interne résultante } f_{\text{int}}(P_i) = \frac{\partial S_i}{\partial P_i} = \alpha_i P_i \tilde{P}_i.$$

### 4.2.1 Contrainte de continuité de l'angle simplexe

Afin d'assurer une continuité de l'angle simplexe sur la surface du maillage,  $\tilde{\varphi}_i$  peut être défini comme l'angle simplexe lissé sur un voi-

sinage d'ordre  $s$ :  $\tilde{\varphi}_i = \frac{1}{|V_s(P_i)|} \sum_{P_j \in V_s(P_i)} \varphi_j$ . La taille du voisinage

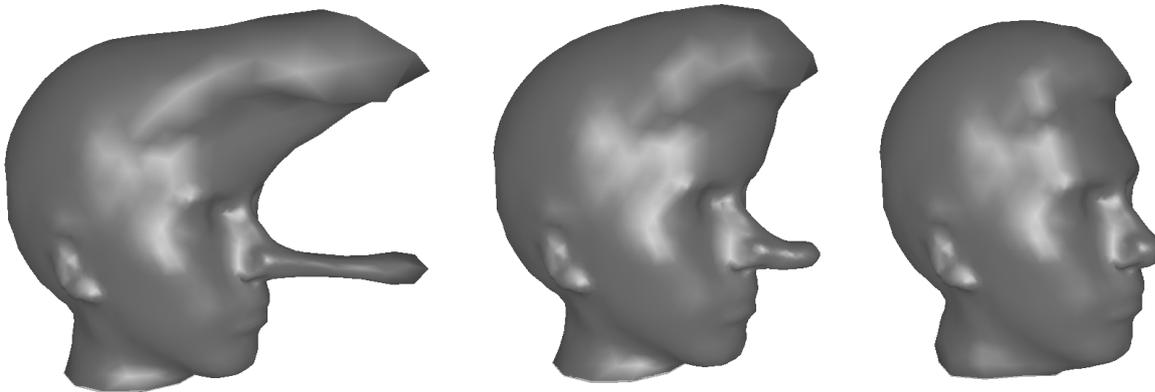
considéré pour le calcul de  $\tilde{\varphi}_i$  permet de réaliser un lissage à une plus ou moins grande échelle des angles simplexes. On paramètre ainsi la vitesse de convergence vers une valeur moyenne. Un maillage simplexe évoluant indéfiniment sous la seule contrainte de continuité de l'angle simplexe converge vers une sphère pour laquelle la valeur de l'angle simplexe est la même en chaque point.

#### 4.2.2 Contrainte de mémoire de forme

Etant donné un angle simplexe de référence  $\varphi_i^0$ , en prenant  $\tilde{\varphi}_i = \varphi_i^0$ , on amène  $P_i$  à converger vers la position qu'il occupe dans la forme de référence définie par les paramètres  $\tilde{\varepsilon}_i^1, \tilde{\varepsilon}_i^2, \tilde{\varepsilon}_i^3$  et  $\varphi_i^0$ . La figure 12 illustre un maillage simplexe déformé qui en l'absence de contraintes extérieures reprend sa forme par effet des forces régularisantes.

FIGURE 12.

Convergence d'un maillage simplexe vers une forme de référence sous l'effet des forces régularisantes



#### 4.2.3 Lissage et mémoire de forme

La formulation précédente permet de définir un schéma de mémoire de forme qui donne au maillage déformable un comportement intéressant : en l'absence locale de données, le maillage tend à prendre une forme correspondant à la connaissance a priori fournie par le modèle. Cependant cette formulation simple ne permet pas de définir de paramètre d'échelle. La contrainte de déformation n'agit que très localement en chaque point. Idéalement, on voudrait pouvoir introduire un facteur d'échelle dans la contrainte de mémoire de forme comme il en existe un dans la contrainte de continuité de l'angle simplexe. On pourrait ainsi paramétrer l'étendue de l'impact des forces de mémoire de forme s'appliquant au maillage. Le schéma présenté en

4.2.2 est purement local puisque l'angle simplexe de chaque point évolue complètement indépendamment de celui de ses voisins.

Considérant un maillage  $\{P_i\}_i$  dont l'angle simplexe au point  $P_i$  dans la forme de référence est  $\varphi_i^0$ , on cherche à exprimer en tout point l'angle simplexe comme combinaison linéaire de l'angle simplexe des voisins d'ordre  $n$  :  $\varphi_i^0 = \sum_{P_j \in \mathcal{V}_s(P_i)} \lambda_{ij} \varphi_j^0$ . L'angle simplexe d'un point est ainsi vu comme l'angle moyen sur un voisinage d'ordre  $s$  avec une pondération  $\{\lambda_{ij}\}_j$  que l'on recherche.

#### 4.2.4 Résolution par la méthode d'Euler-Lagrange

L'équation d'inconnues  $\{\lambda_{ij}\}_j$  que l'on obtient en chaque point admet un nombre infini de solutions. Cependant nous voulons rejeter les solutions triviales ne faisant pas intervenir équitablement tous les points du voisinage dans le calcul de l'angle simplexe. Par exemple, on veut éviter les solutions où tous les coefficients  $\lambda_{ij}$  sauf un seraient nuls. Pour cela l'équation doit être résolue avec une contrainte de minimisation de la distance entre les coefficients  $\{\lambda_{ij}\}_j$  et

des coefficients de référence  $\left\{ \lambda_{ij}^0 \right\}_j$ . On choisira par exemple  $\forall j$ ,

$\lambda_{ij}^0 = \frac{1}{|\mathcal{V}_s(P_i)|}$  et on cherchera à satisfaire la contrainte  $C$  :

« $\delta\left(\{\lambda_{ij}\}_j, \left\{ \lambda_{ij}^0 \right\}_j\right)$  est minimum», où  $\delta$  est une distance dans

l'espace des paramètres. Nous considérerons par exemple

$$\delta\left(\{\lambda_{ij}\}_j, \left\{ \lambda_{ij}^0 \right\}_j\right) = \sqrt{\sum_{P_j \in \mathcal{V}_s(P_i)} \ln\left(\frac{\lambda_{ij}}{\lambda_{ij}^0}\right)^2}.$$

Le problème reste cependant mal posé dans la mesure où l'angle simplexe n'est pas défini sur un espace vectoriel classique. L'angle simplexe prend ses valeurs sur l'intervalle  $]-\pi, \pi]$  et non dans  $\mathfrak{R}$ . On considérera donc la variété circulaire  $]-\pi, \pi]$  munie de la distance

$$d(\alpha, \beta) = \begin{cases} |\alpha - \beta| & \text{si } |\alpha - \beta| < \pi \\ 2\pi - |\alpha - \beta| & \text{sinon} \end{cases}$$

L'espérance au sens classique sur cette variété n'est plus définie et on se ramène à la notion d'espérance au sens de Fréchet [36]:

$E(\{\varphi_j\}_j) = \text{ArgMin}_{\theta} \left\{ \sum_j d(\theta, \varphi_j)^2 \right\}$ . On recherchera donc les coef-

ficients  $\{\lambda_{ij}\}_j$  vérifiant  $\varphi_i^0 = \text{ArgMin}_{\theta} \left\{ \sum_j \lambda_{ij} d(\theta, \varphi_j^0)^2 \right\}$  avec la

contrainte  $C$ . Ce problème peut se résoudre par la méthode des multiplicateurs de Lagrange. L'équation d'Euler-Lagrange associée est:

$$L = \sum_j \ln \left( \frac{\lambda_{ij}^0}{\lambda_{ij}} \right)^2 + \alpha \frac{\partial}{\partial \theta} \sum_j \lambda_{ij} d(\theta, \varphi_j^0)^2$$

et sa solution est :  $\lambda_{ij} = \frac{W(a\lambda_{ij}^0)}{a}$  avec  $a = \frac{\alpha}{2} \frac{\partial}{\partial \theta} d^2(\theta, \varphi_i^0)$ , où  $W$  est la fonction  $W$  de Lambert [37]. Le multiplicateur de Lagrange  $\alpha$

est solution de l'équation  $\sum_j \frac{W \left( \lambda_{ij}^0 \frac{\alpha}{2} \frac{\partial}{\partial \theta} d^2(\theta, \varphi_j^0) \right) \Big|_{\theta = \varphi_i^0}}{\alpha} = 0$ . Il ne

nous a cependant pas été possible de démontrer l'existence d'une solution réelle dans tous les cas de figure.

#### 4.2.5 Une métrique adaptée à l'angle simplexe

D'après les propriétés topologiques des maillages simplexes, il nous est possible de nous placer dans le cadre d'une métrique plus adaptée à l'angle simplexe. En effet l'angle simplexe est défini sur l'intervalle  $]-\pi, \pi]$  mais un passage de  $-\pi$  à  $\pi$  ne peut se produire que si la surface s'auto-intersecte, ce qui est indésirable dans le processus de segmentation. En outre, l'angle simplexe ne tend vers les limites  $-\pi$  ou  $\pi$  que lorsque la surface devient localement extrêmement déformé. Ceci encore ne correspond pas à un comportement «normal» dans le cadre qui nous intéresse. La plupart des valeurs des angles simplexes sont «proches» de 0 et devraient le rester si la surface se déforme de façon suffisamment continue.

On se propose donc de se ramener dans  $\mathfrak{R}$  muni de sa structure usuelle d'espace vectoriel par le changement de variable

$\tilde{x}_i = \tan\left(\frac{\tilde{\varphi}_i}{2}\right)$ . Reformulons le problème du lissage de l'angle simplexe avec conservation de la mémoire de forme. On cherche un schéma itératif permettant d'exprimer  $x_i$  en fonction des valeurs de ses

voisins  $\{x_j\}_j$  qui converge vers une donnée initiale  $x_i^0$ . Exprimons  $x_i$  en terme d'écart aux données initiales:

$$\tilde{x}_i = x_i^0 + \sum_{P_j \in \mathcal{V}_n(P_i)} \lambda_{ij} (\tilde{x}_j - x_j^0)$$

soit  $y_i = \sum_j \lambda_{ij} y_j$  avec  $y_i = \tilde{x}_i - x_i^0$ . Il suffit que  $\sum_j \lambda_{ij} = r < 1$  pour prouver la convergence. Soit en effet  $y_i^{(k)}$  la valeur de  $y_i$  à la  $k^{\text{ième}}$  itération :  $y_i^{(k)} = \sum_j \lambda_{ij} y_j^{(k-1)}$ .

Posons:

$$m^{(k)} = \min_{P_i \in M} \left( \min \left\{ y_i^{(k-1)} \right\}, 0 \right) \quad \text{et} \quad M^{(k)} = \max \left( 0, \max_{P_i \in M} \left\{ y_i^{(k-1)} \right\} \right)$$

on a alors:

$$\forall i, r m^{(k)} = \sum_j \lambda_{ij} m^{(k)} < y_i^{(k)} = \sum_j \lambda_{ij} y_j^{(k-1)} < \sum_j \lambda_{ij} M^{(k)} = r M^{(k)}$$

et  $m^{(n)} > r^n m^{(0)}$  et  $M^{(n)} < r^n M^{(0)}$ . Les suites  $\{m^{(n)}\}_n$  et  $\{M^{(n)}\}_n$

convergent vers 0 et donc  $\left\{ y_i^{(n)} \right\}_n$  tend vers 0 pour tout  $i$ . On pourra

par exemple prendre pour coefficients  $\forall i \forall j \lambda_{ij} = \frac{r}{|\mathcal{V}_n(P_i)|}$  avec  $r < 1$ .

Nous noterons désormais  $\tilde{f}_{\text{int}}^s(P_i)$  la force régularisante exercée au point  $P_i$  par la contrainte de mémoire de forme avec facteur d'échelle  $s$ . Deux tests permettent de montrer que le schéma itératif proposé correspond à la notion de mémoire de forme avec paramètre d'échelle désirée. Le premier consiste à étudier la vitesse de convergence d'une sphère après perturbation locale. Le second consiste à analyser le comportement d'un objet réalisant une déformation rigide.

#### 4.2.6 Premier test : perturbation locale d'une sphère

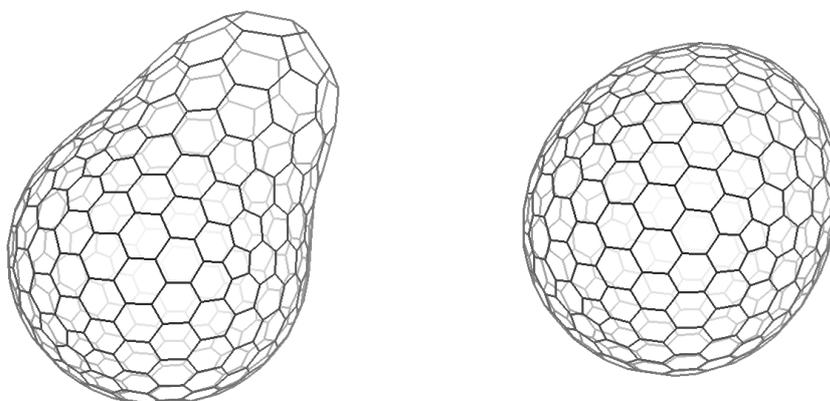
Considérons un sphère que l'on perturbe localement (en déplaçant certains sommets) et qui évolue sous l'action des seules forces régularisantes du maillage simplexe. Après un nombre fixé d'itérations, il est possible d'estimer la «distance» entre la forme initiale et la forme obtenue. Une distance appropriée pour ce test est la variation de l'angle simplexe en chaque point. Soit  $S$  le maillage de la sphère,  $\varphi_i^0$  l'angle simplexe du point  $P_i$  à la surface de la sphère et  $\varphi_i$  l'angle du point  $P_i$  après déformation, on définit la distance comme

$$d\left(\left\{\varphi_i^0\right\}_i, \left\{\varphi_i\right\}_i\right) = \sqrt{\sum_{P_i \in S} (\varphi_i - \varphi_i^0)^2}$$

de continuité de l'angle simplexe, tout objet sans contrainte externe doit converger vers une sphère. La sphère perturbée va donc reprendre sa forme initiale après évolution. Bien entendu, en utilisant la contrainte de mémoire de forme, l'objet évolue également vers la sphère initiale. La figure 13 illustre le maillage de la sphère après perturbation puis évolution sous l'action des forces régularisantes.

FIGURE 13.

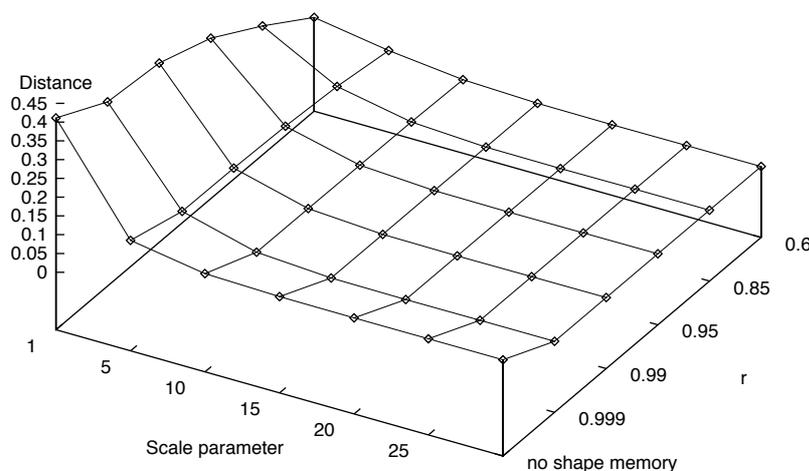
La sphère après perturbation locale (gauche) et après 100 itérations avec la contrainte de continuité de l'angle simplexe (droite)



Le graphique de la figure 14 montre la distance entre le maillage déformé (après 100 itérations) et la sphère initiale pour différentes valeurs du paramètres r (les voisinages variant de l'ordre 1 à l'ordre 30) et différents types de contraintes.

FIGURE 14.

Distance à la sphère d'origine après 100 itérations



Il apparaît clairement que pour un nombre d'itérations constant, la distance après évolution décroît quand la taille des voisinages considérés

augmente. Ainsi on accroît bien la vitesse de convergence avec le paramètre d'échelle  $s$ . D'autre part, on constate que la convergence est plus rapide quand la valeur de la constante  $r$  est plus petite. Si  $r$  devient trop petite, la convergence est extrêmement forte et le paramètre d'échelle perd son influence. On préférera donc prendre une constante proche de 1.

#### 4.2.7 Second test : transformation rigide

Considérons un objet (ici une croix) ayant subi une transformation rigide. Sous l'action des forces extérieures le maillage évolue pour reprendre sa position initiale. La figure 15 montre un maillage déformable (en faces pleines) ayant subi une transformation rigide par rapport à la position de référence (en fil de fer).

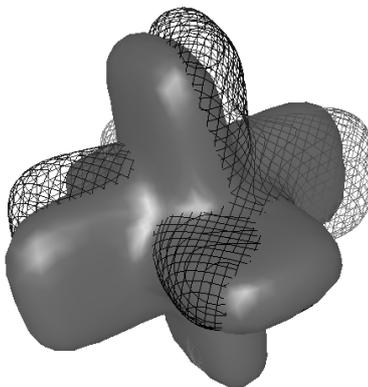
Après un nombre fixé d'itérations du processus de déformation, le maillage revient vers sa position d'origine mais il subit une distorsion due à l'aspect local des déformations. Si aucun facteur d'échelle n'est pris en compte, chaque point évolue localement vers la donnée la plus proche. Ainsi, deux points géométriquement identiques sur le maillage et les données sont susceptibles de ne pas se trouver confondus après déformation du maillage. L'utilisation d'un voisinage permet d'augmenter la corrélation de la déformation de chaque point avec celle de ses voisins et donc de permettre un déplacement plus global. On peut estimer la distance entre le maillage après déformation et les données comme la somme des distances des points géométriquement identiques. Si  $\{P_i\}_i$  représente la position du maillage

après déformation et  $\{P_i^0\}_i$  la position des points avant transformation rigide, la distance après déformation vaut:

$$d\left(\{P_i\}_i, \{P_i^0\}_i\right) = \sum_i \|P_i - P_i^0\|$$

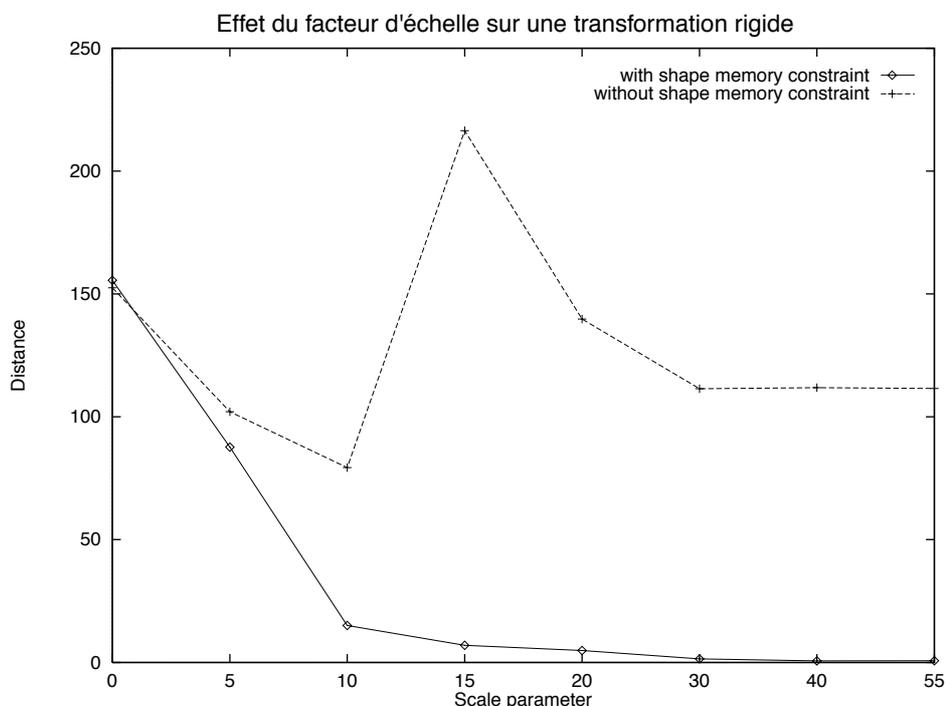
FIGURE 15.

Une croix ayant subi une transformation rigide



La figure 16 montre la distance entre la croix de référence et la croix après un nombre donné d'itérations du processus de déformation en fonction du facteur d'échelle.

FIGURE 16.



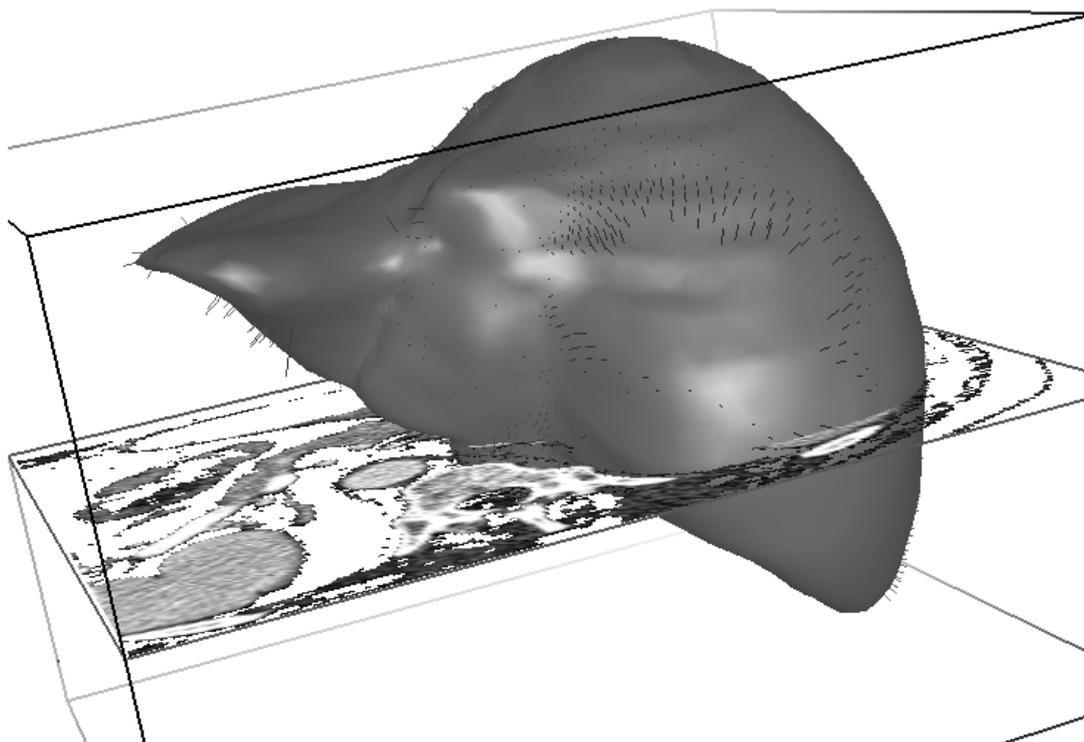
Il apparaît que la distance diminue de manière consistante lorsque le facteur d'échelle augmente. Comme on pouvait s'y attendre, la distance est plus grande si la transformation rigide initiale est plus importante. Enfin, la courbe du bas réalisée en utilisant la contrainte de mémoire de forme donne de meilleurs résultats que la courbe représentant la déformation avec contrainte de continuité de l'angle simplexe. L'utilisation de la mémoire de forme a donc bien aidé à conserver la forme globale tout au long de la déformation.

### 4.3 Modèle hybride de déformation

Nous disposons de l'expression de la force s'appliquant en chaque point du maillage en fonction de l'action extérieure des données et intérieure des forces régularisantes:  $f^s(P_i) = \bar{f}_{int}^s(P_i) + \beta \bar{f}_{ext}^s(P_i)$ . Le modèle évolue itérativement conformément aux lois de la mécanique Newtonienne. Si  $P_i^t$  est la position du point  $P_i$  à l'instant  $t$  alors  $P_i^{t+\Delta t} = P_i^t + \delta(P_i^t - P_i^{t-\Delta t}) + f^s(P_i^t)$  où  $\delta$  est un coefficient d'amortissement évitant les oscillations au cours du déplacement.

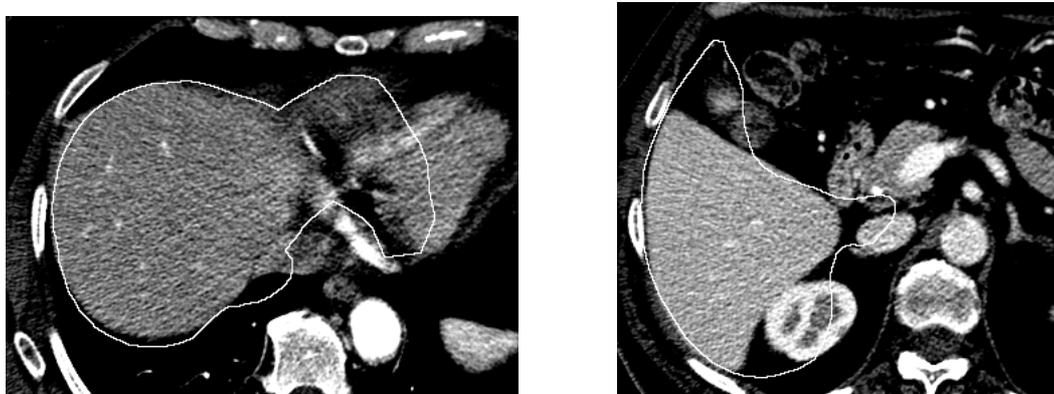
La figure 17 illustre le modèle du foie plongé dans une image scanner volumique de l'abdomen. Le champ de déformation appliqué est représenté par des petits vecteurs déformation en chaque point.

**FIGURE 17.** Champ de déformation s'appliquant au maillage du foie



Cependant les déformations applicables aux maillages ne sont pas encore assez contraintes pour autoriser une segmentation acceptable d'images bruitées. La figure 18 montre le résultat de la segmentation du foie par déformation locale sur deux coupes différentes.

**FIGURE 18.** Segmentation du foie par déformation locale du maillage



Il s'avère que les déformations locales sont trop libres et n'assurent pas une stabilité globale du modèle suffisante. Il y a un trop gros écart entre le processus d'initialisation où seules les transformations affines

sont autorisées et le processus de déformation où des actions complètement locales sont appliquées. Le test 4.2.7 montre comment des distorsions sont introduites par des déformations purement locales du maillage. Ceci nuit à une bonne mise en correspondance du maillage et des données. C'est d'autant plus gênant que, comme nous le verrons dans la section 5, l'hypothèse principale de l'étude statistique des déformations est que chaque point conserve ses propriétés géométriques au cours de la déformation.

Nous allons donc utiliser des transformations globales (rigides, avec changement d'échelle, affines ou B-splines cubiques) pour contraindre d'avantage les déformations. Il est possible d'extraire du champ de déformation appliqué à un maillage une meilleure transformation globale au sens d'un critère donné comme nous l'avons fait dans la section 3.2. Il suffit de considérer les paires de points  $(P_i, P_i + \bar{f}_{\text{ext}}^S(P_i))$  comme ensemble de points appareillés. Après estimation de la meilleure transformation globale  $f^S$ , on détermine en chaque point  $P_i$  l'action globale  $f_{\text{global}}^S(P_i) = f^S(P_i) - P_i$ .

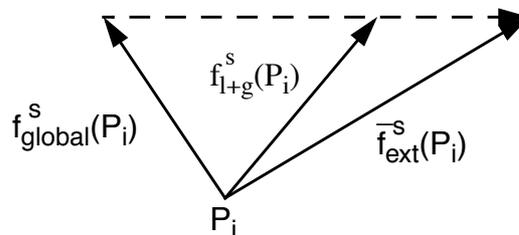
Il est envisageable d'utiliser d'autres transformations globales avec plus de degrés de liberté (comme des B-splines d'ordre supérieur) pour permettre au modèle d'exprimer davantage de variations. Cependant, l'estimation de transformations globales complexes devient excessivement coûteux en temps de calcul et la résolution des systèmes générés pose des problèmes d'instabilité numérique.

Nous proposons donc un compromis sous la forme d'un *modèle hybride de déformation* (cf. figure 19) pour lequel la force finale appliquée en chaque point s'exprime en fonction des déformations locales et globales comme:

$$f_{l+g}^S(P_i) = \gamma \bar{f}_{\text{ext}}^S(P_i) + (1 - \gamma) f_{\text{global}}^S(P_i)$$

FIGURE 19.

Influence des forces externes locales et globales

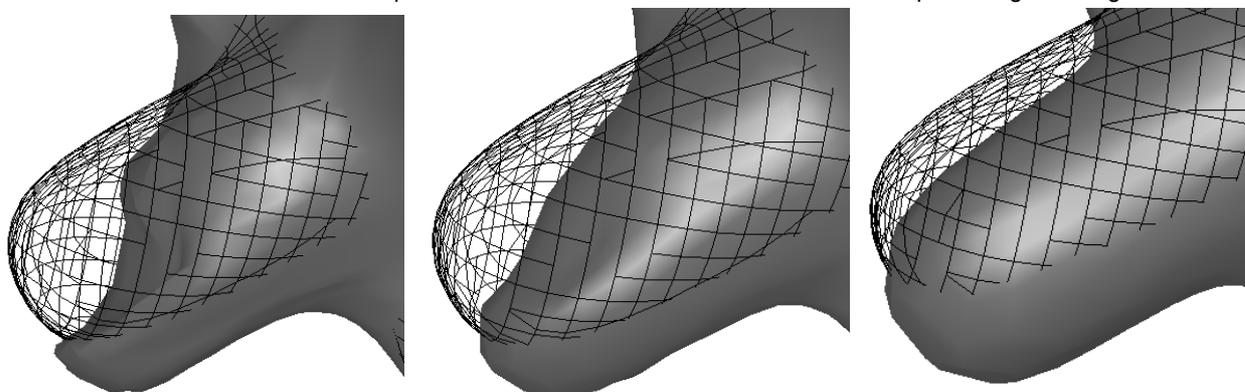


Le paramètre  $\gamma$  permet pondérer l'importance des composantes locales et globales. Si  $\gamma = 0$ , la transformation appliquée au maillage est uniquement globale. Si  $\gamma = 1$ , elle est purement locale. La figure 20 montre l'effet de la déformation sur une partie de la croix utilisée pré-

cédemment après 12 itérations de déformations purement locales (gauche), hybrides (milieu, avec  $\gamma=20\%$ ), et purement rigides (droite).

FIGURE 20.

Etape intermédiaire de la déformation avec une composante globale rigide



Des déformations locales conduisent à un aplatissement de la branche de la croix: à cause du manque de contraintes, le modèle perd complètement sa forme originale. Une transformation rigide n'autorise pas de variation de forme et son pouvoir d'expression est donc extrêmement limité. La transformation hybride montre un comportement intermédiaire utile pour exprimer les déformations d'objets non rigides.

La fonction du paramètre de localité  $\gamma$  est proche de celle du facteur d'échelle  $s$  dans la mesure où à un facteur d'échelle élevé correspond un comportement plus global dans la déformation des points du maillage. On se propose donc de définir  $\gamma$  en fonction de  $s$  :

$$\gamma = \left(1 - \frac{s}{N}\right)^\alpha \text{ où } N \text{ est la taille maximale d'un voisinage du maillage}$$

(i.e. la taille d'un voisinage englobant la totalité du maillage). Ainsi, à un facteur d'échelle maximum correspond une localité nulle et à un facteur nul correspond une localité maximale.

#### 4.4 Segmentation à l'aide du modèle hybride

La force appliquée en chaque nœud dans le modèle hybride s'exprime finalement :

$$f^s(P_i) = \bar{f}_{int}^s(P_i) + \beta \left( \left(1 - \frac{s}{N}\right)^{\alpha \cdot s} \bar{f}_{ext}^s(P_i) + \left(1 - \left(1 - \frac{s}{N}\right)^\alpha\right) f_{global}^s(P_i) \right)$$

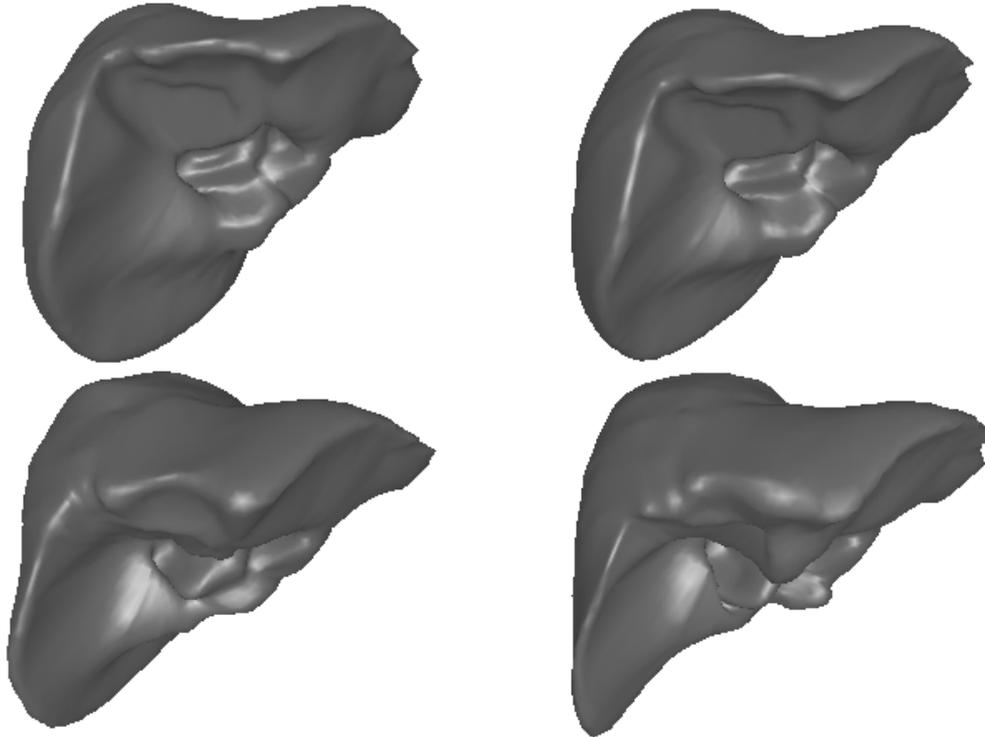
A travers le choix du facteur d'échelle  $s$  et du type de transformation globale utilisée nous disposons de toute une variété de déformations allant de transformations complètement rigides à des déformations purement locales. Après initialisation, le processus de segmentation est réalisable en appliquant des déformations fortement contraintes dans un premier temps, puis en relâchant peu à peu les contraintes alors que le modèle converge vers sa position finale. Ainsi le modèle

n'est autorisé à se déformer localement que lorsqu'il s'est approché des points de contours voulus et que la probabilité pour qu'un bruit provoque une distorsion est fortement diminuée.

---

**FIGURE 21.**

Modèle du foie au cours des différentes étapes de la segmentation



La figure 21 montre le modèle volumique du foie au cours des différentes étapes du processus de déformation. En haut apparaît le modèle de la NLM (à gauche) et le foie après initialisation (à droite). Seules des transformations affines ont été appliquées et la forme a très peu varié. En bas se trouvent deux étapes du processus de déformation. A gauche, le modèle est fortement contraint de façon à se déformer vers les contours de l'image sans être perturbé par le bruit. A droite, les contraintes sont relâchées pour permettre au modèle de se déformer plus localement et de mieux s'adapter aux données.

La figure 22 montre la trace des 4 modèles de la figure 21 sur une coupe scanner du foie. On voit à chaque étape l'affinement du modèle autour des données.

La figure 23 montre le résultat de la segmentation des foies de deux patients (en haut et en bas) sur deux coupes différentes.

FIGURE 22. Traces du modèle du foie sur un coupe scanner

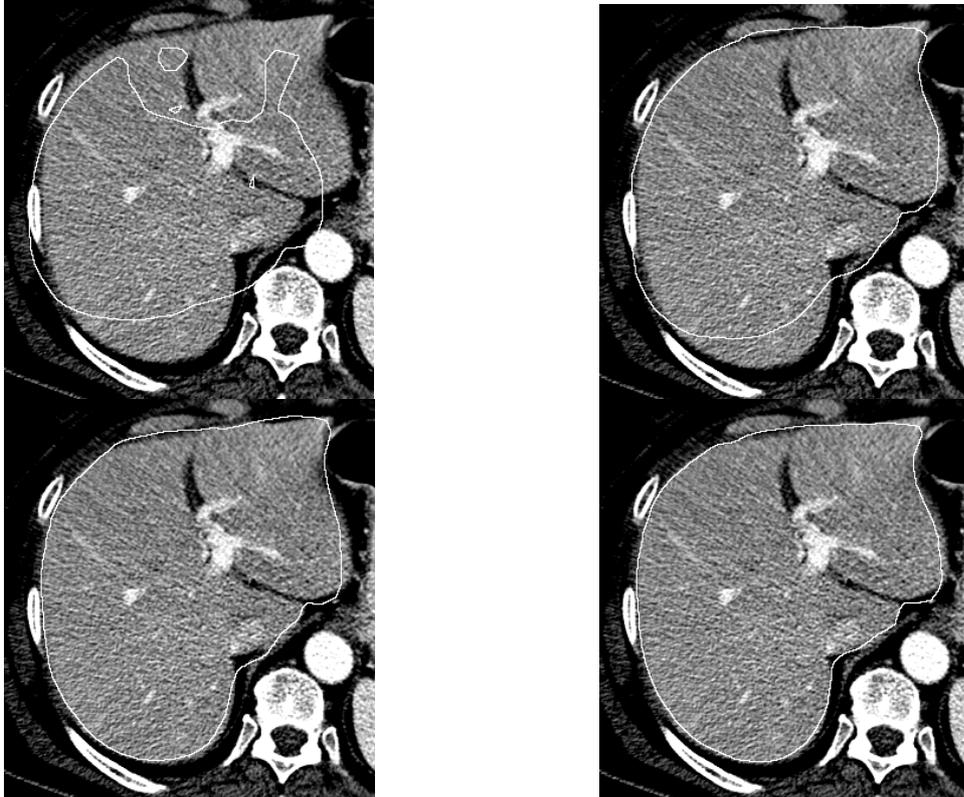
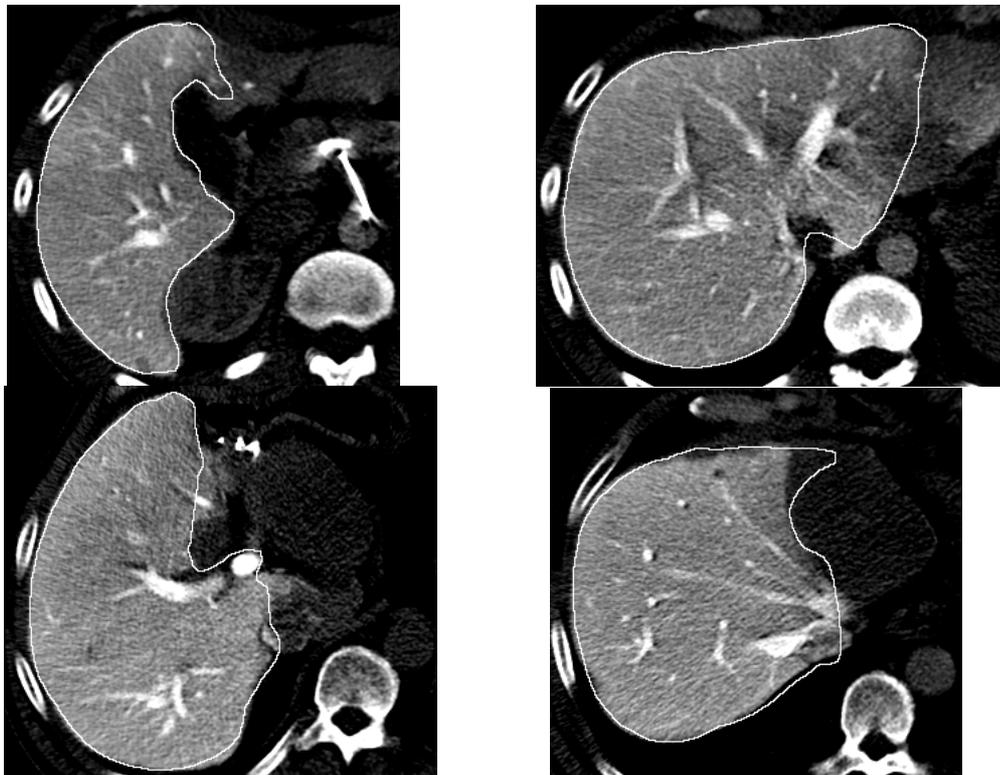


FIGURE 23. Résultat de la segmentation sur le foie de deux patients différents

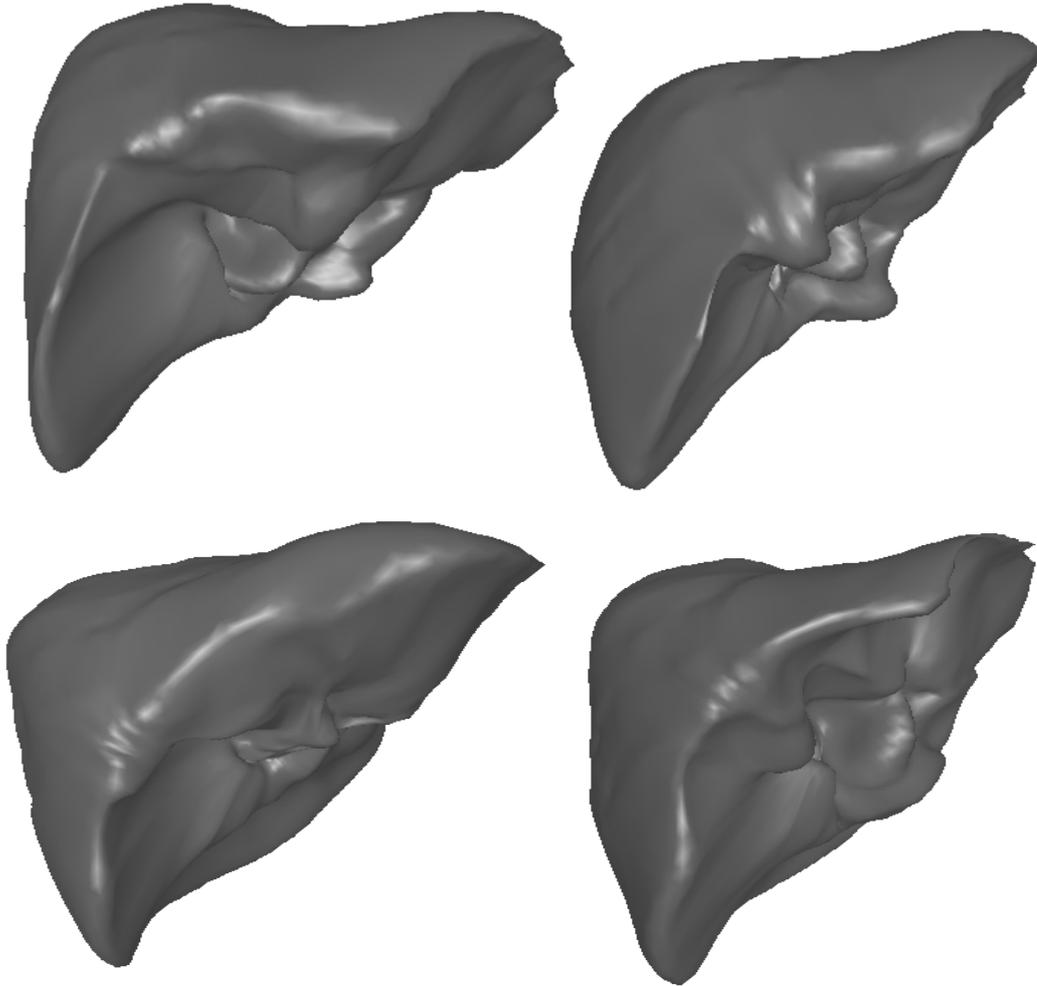


La figure 24 montre les maillages du foie de 4 patients différents. Ces résultats ont été obtenus par déformation du modèle unique de la NLM. On voit l'importance des variations morphologiques entre individus.

---

**FIGURE 24.**

Maillages représentant le foie de 4 patients



## 5 Informations statistiques

Nous avons utilisé jusqu'à présent le modèle unique issu de données de la NLM comme base pour la segmentation de tous les autres. A partir du moment où nous disposons de nouveaux modèles (après segmentation de nouveaux exemples), il est possible d'extraire une information statistique qui nous permettra d'affiner notre connaissance a priori. Un exemple immédiat d'utilisation des données statistiques est la création d'un modèle moyen qui fournirait une meilleure base à la segmentation de nouveaux objets.

Il y a deux manières d'envisager l'utilisation d'informations statistiques pour améliorer la segmentation. La première consiste à introduire un nouveau type de contraintes des déformations. Elle nécessite l'analyse des modes de déformation. La seconde consiste à ajuster localement des paramètres qui étaient jusqu'alors spécifiés globalement pour l'ensemble des points du modèle faute d'informations plus précises.

### 5.1 Analyse en Composantes Principales (ACP)

L'analyse en composantes principales permet d'extraire à partir d'un ensemble d'éléments d'apprentissage les modes propres de variation entre ces éléments. Elle construit une base dans laquelle les déformations de l'ensemble d'apprentissage sont exprimables. L'ACP a rencontré un large succès en imagerie ces dernières années. Des applications à la classification[24] et aux modèles déformables[22][23][25] ont été proposées.

#### 5.1.1 Calcul des modes de déformation

Considérons un maillage  $M$  constitué de  $n$  sommets dans  $\mathcal{R}^3$ . On peut représenter  $M$  comme un unique vecteur  $X_M$  de  $\mathcal{R}^{3n}$ . Etant donné un ensemble d'apprentissage de  $N$  maillages de topologies identiques  $\{M_i\}_{i \in [1, N]}$  et leurs représentations vectorielles associées, on peut définir le modèle moyen  $\bar{M}$  comme vérifiant

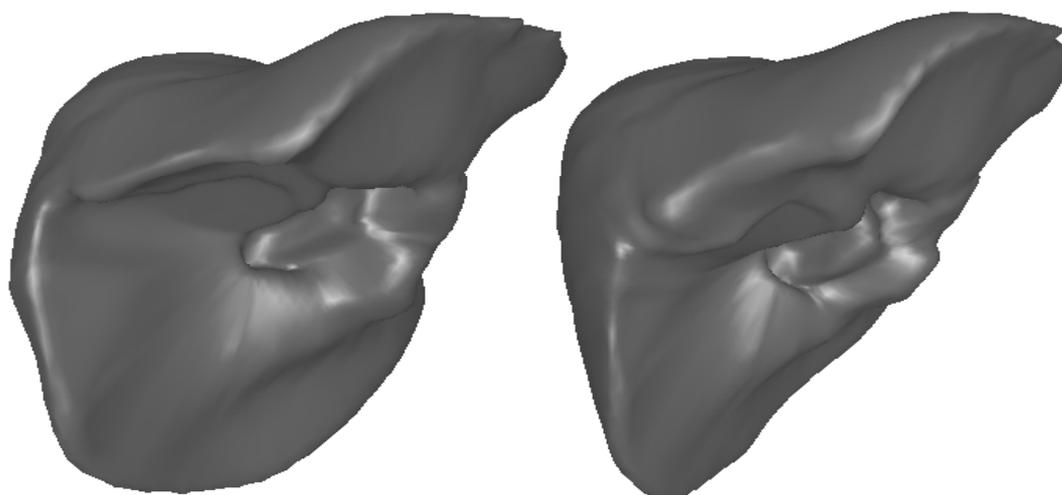
$$X_{\bar{M}} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N X_{M_i}.$$

En pratique le calcul d'un modèle moyen par cette méthode n'a de sens que si les maillages  $M_i$  ont préalablement été alignés dans un même repère. En outre, on ne désire exprimer au moyen de l'ACP que les déformations locales résiduelles après suppression de la meilleure similitude. On applique donc au préalable aux  $M_i$  la similitude (au

sens du critère énoncé dans la section 3.2.4) qui aligne tous les maillages de l'ensemble d'apprentissage sur l'un d'entre eux. La figure 25 compare le modèle du foie issu de la NLM utilisé jusqu'à présent pour la segmentation et le modèle moyen tiré de 4 segmentations différentes.

---

**FIGURE 25.** Modèle de foie de la NLM (gauche) et modèle moyen (droite)



L'analyse en composante principale permet d'exprimer dans  $\mathfrak{R}^{3n}$  un espace de variations autorisées d'après la connaissance fournie par l'ensemble d'apprentissage. Considérons les vecteurs de variation de l'ensemble d'apprentissage :  $dX_i = X_{M_i} - X_{\bar{M}}$  et la matrice de

covariance associée  $S = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N dX_i dX_i^T$ , symétrique et définie posi-

tive. Nous allons extraire par diagonalisation de cette matrice un ellipsoïde de dimensions  $3n$  représentant les variations rencontrées dans l'ensemble d'apprentissage.  $\forall i \in [1, 3n]$ ,  $S e_i = \lambda_i e_i$  où les  $e_i$  sont les vecteurs propres unitaires de  $S$  et les  $\lambda_i$  les valeurs propres associées. Par définition de  $S$ , ses vecteurs propres forment une base orthogonale des modes propres de variation des modèles de l'ensemble d'apprentissage. Les vecteurs propres représentent la direction et les valeurs propres l'amplitude (la variance sur l'axe associé) de l'ellipsoïde de variations centré en  $X_{\bar{M}}$ . Il est à noter que si  $N < 3n$ , seules  $N-1$  des valeurs propres de  $S$  sont non nulles.

Les plus grandes valeurs propres correspondent aux modes de variation les plus importants. Par la suite nous considérerons que les valeurs propres  $\lambda_1, \dots, \lambda_{3n}$  sont ordonnées en ordre décroissant. Il

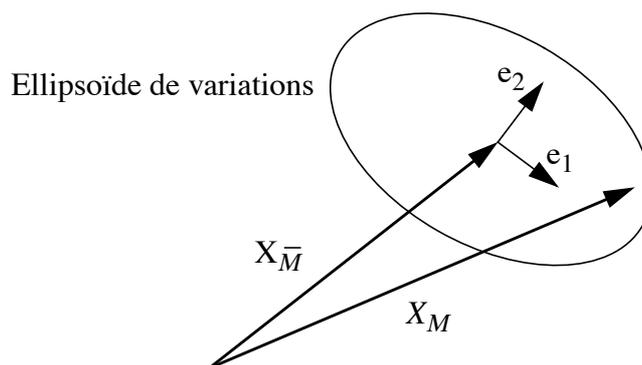
sera possible de ne considérer que les  $t$  premiers modes afin de ne s'intéresser qu'aux principales variations.

### 5.1.2 Reconstruction à partir des modes de déformation

Comme le montre la figure 26 il est possible d'exprimer un maillage  $M$  dans la base fournie par l'analyse en composantes principales.

FIGURE 26.

Expression d'un maillage  $M$  dans la base de la ACP



$M$  s'exprime alors  $X_M = X_{\bar{M}} + Eb$  où  $E$  est la matrice dont les colonnes sont les vecteurs propres de  $S$  ( $E = (e_1, \dots, e_{3n})$ ) et  $b$  est le vecteur des coefficients de la projection de  $X_M - X_{\bar{M}}$  sur la base  $\{e_i\}_i$ . En pratique, seuls les principaux modes propres sont significatifs et on peut approximer  $M$  par  $X_M \approx X_{\bar{M}} + E^t b^t$  où  $E^t$  est la

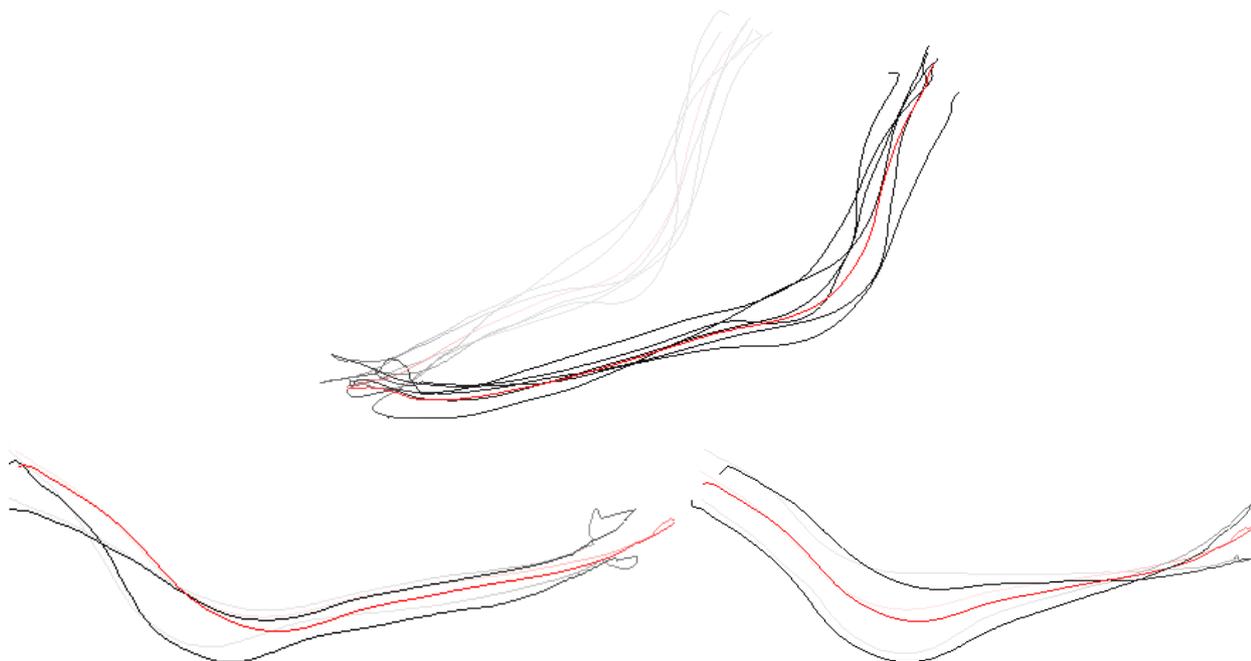
matrice  $E$  tronquée à ses  $t$  premières colonnes et  $b^t$  le vecteur  $b$  tronqué. Il est ainsi possible de reconstruire  $M$  avec un niveau de détail spécifié par  $t$ . Quelques modes propres suffisent en général à exprimer une bonne approximation de  $M$  et la base de l'ACP fournit un moyen très synthétique d'exprimer de nouveaux maillages.

La figure 27 montre dans la ligne du haut un ensemble d'apprentissage constitué de 6 lignes mandibulaires (lignes extrémales extraites de la mandibules de 6 crânes différents et composées de 300 points chacune) et du modèle moyen qui en a été extrait (en rouge). La ligne du bas représente les deux principaux modes de variation appliqués au modèle moyen : en bas à gauche apparaît  $X_{\bar{M}}$  (en rouge),

$X_{\bar{M}} + 2\sqrt{\lambda_1}e_1$  et  $X_{\bar{M}} - 2\sqrt{\lambda_1}e_1$  (en blanc) et en bas à droite sont représentés  $X_{\bar{M}}$ ,  $X_{\bar{M}} + 2\sqrt{\lambda_2}e_2$  et  $X_{\bar{M}} - 2\sqrt{\lambda_2}e_2$ .

FIGURE 27.

Modèle moyen de lignes mandibulaires et déformation principale



Il apparaît que les deux premiers modes de variations correspondent à une courbure de la mâchoire et une rotation par rapport au plan formé par la ligne mandibulaire moyenne.

### 5.1.3 Classification à partir des modes de déformation

Un modèle «normal» qui ne représente pas de variations exceptionnelles par rapport à la moyenne doit s'exprimer dans la base de l'ACP avec des coefficients «raisonnables» sur chacun des axes de l'ellipsoïde des déformations. Quantitativement, ceci signifie que si

$X_M \approx X_M + E^t b^t$ , les coefficients devraient vérifier  $\forall i$ ,

$-a\sqrt{\lambda_i} < b_i^t < a\sqrt{\lambda_i}$ . Si l'un des coefficients sort des bornes fixées d'après la variance sur l'un des axes, cela indique une très forte variation selon un mode qui n'a pas été «prévue» par l'ensemble d'apprentissage. Un exemple d'utilisation de modes propres en tant que classificateur est fourni par les lignes mandibulaires. Nous disposons de la ligne mandibulaire de 6 patients sans pathologie particulière et d'un patient atteint d'une hypoplasie maxillaire (déformation de la mandibule). En utilisant 5 des patients «normaux» on construit une base à l'aide de l'ACP (constituée de 4 modes de déformation). Le tableau suivant donne les coefficients obtenus par décomposition sur cette base des ligne mandibulaire du 6<sup>ème</sup> patient et du cas de d'hypoplasie maxillaire:

mode i	1	2	3	4
$\sqrt{\lambda_i}$	61,65	49,51	31,43	25,57
$b_i$ (6 <sup>ème</sup> patient)	-84,85	-6,71	22,77	8,89
$b_i$ (cas d'hypoplasie)	-26,94	-592,71	-143,65	217,96

Il apparaît de manière évidente que le cas d'hypoplasie maxillaire génère des valeurs anormalement élevées comparées à la variance pour les modes propres 2, 3 et 4. Ce critère pourrait donc être utilisé pour classifier les mandibules d'après leur forme, discriminer certaines pathologies...

#### 5.1.4 Déformations contraintes par l'ACP

Une autre utilisation de l'ACP est la contrainte des déformations. Au cours du processus de déformation, on peut projeter le maillage déformé sur la base de l'ACP pour vérifier si les déformations appliquées au modèle ne sont pas anormales comparé à l'information fournie par l'ensemble d'apprentissage. On peut ainsi contraindre les déformations en interdisant de s'éloigner trop de la forme moyenne.

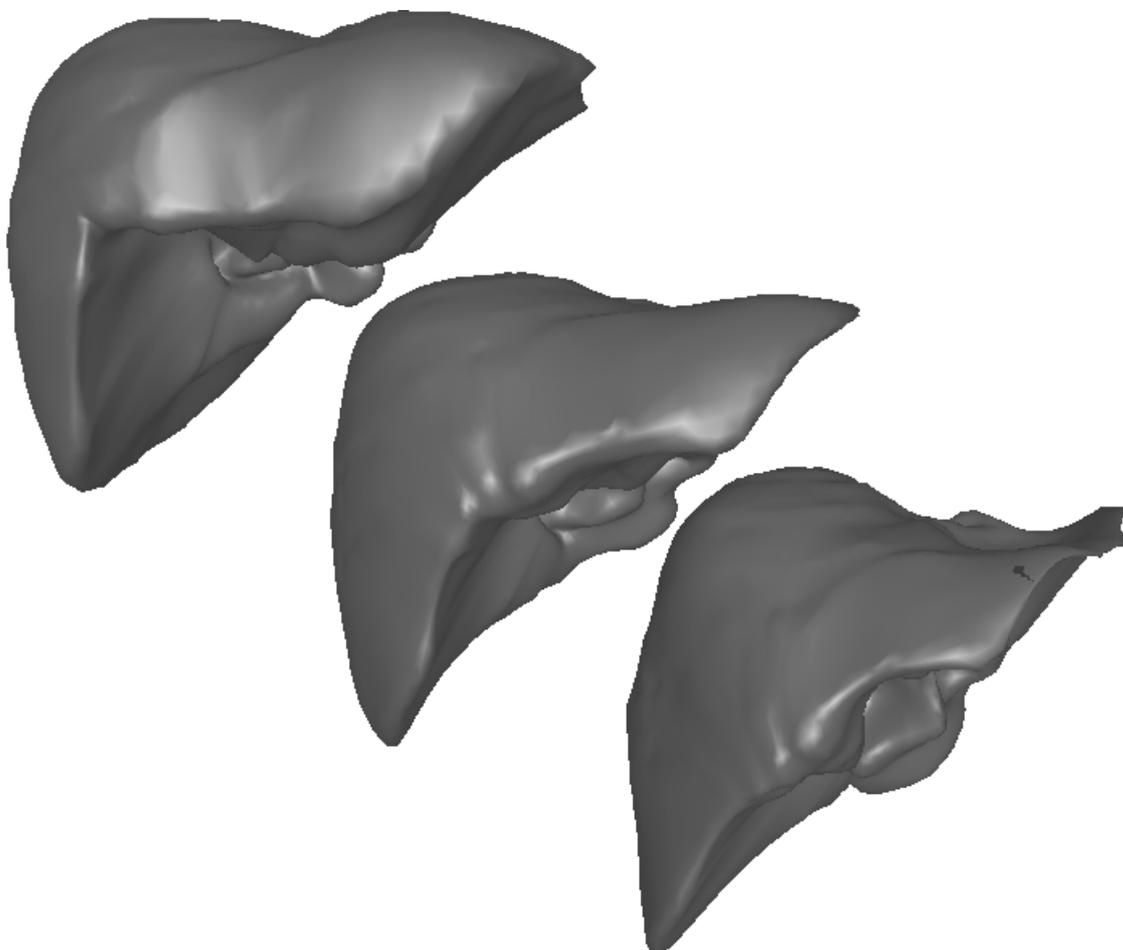
Supposons que l'on débute le processus de déformation avec le modèle  $M$  tel que  $X_M = RSX_{\bar{M}}$  où  $R$  est une matrice de transformation rigide et  $S$  une matrice de changement d'échelle.  $M$  s'exprime dans la base de l'ACP :  $X_M = X_{\bar{M}} + Eb$ . Après calcul des forces s'appliquant en chaque point de  $M$  on veut déformer  $M$  en  $M'$  tel que  $X_{M'} = R'S'(X_{\bar{M}} + dX_{\bar{M}})$  où  $R'$  et  $S'$  sont les meilleures transformations rigide et de changement d'échelle permettant d'exprimer  $M'$  à partir du modèle moyen et  $dX_{\bar{M}}$  est une transformation résiduelle.

On a  $dX_{\bar{M}} = (R'S')^{-1}X_{M'} - X_{\bar{M}}$ . La variation du modèle dans l'espace des modes propres s'exprime en fonction de  $dX_{\bar{M}}$  :

$dX_{\bar{M}} = Edb$  donc  $db = E^{-1}dX_{\bar{M}} = E^T dX_{\bar{M}}$ . Soit  $b' = b+db$  la déformation totale exprimée dans l'espace des modes propres. Si l'une des composantes  $b'_i$  sort de l'intervalle  $[-a\sqrt{\lambda_i}, a\sqrt{\lambda_i}]$  le modèle subit une déformation non autorisée. Il suffit de tronquer les composantes de  $b'$  dépassant les limites imposées. On peut alors calculer un nouveau vecteur de variation des paramètres tronqué  $\tilde{db}$  et un nouveau champs de déformation  $d\tilde{X}_{\bar{M}} = P\tilde{db}$ .

FIGURE 28.

Premier mode de déformation du modèle du foie



### 5.1.5 Les limites de l'analyse en composantes principales

L'ACP repose sur l'hypothèse que le domaine de variations des objets que l'on considère est suffisamment simple pour s'exprimer sous la forme d'un ellipsoïde dans l'espace des modes propres. Cependant, elle souffre d'une seconde limitation. La base des vecteurs propre de  $S$  est de dimension  $N-1$  si l'on dispose de  $N$  éléments dans l'ensemble d'apprentissage. Pour exprimer les paramètres d'un maillage  $M$  dans la base de l'ACP, on réalise une projection d'un vecteur à  $3n$  dimensions sur cet espace à  $N-1$  dimensions. Dans le cas du foie le maillage utilisé comprend  $n=4000$  points et nous ne disposons que de  $N=5$  modèles actuellement. On réalise donc une projection extrêmement réductrice d'un vecteur à 12000 dimensions sur un espace à 4 dimensions. Nous avons pu constater que les déformation s'appliquant au maillage après projection sont minimales. Il serait donc nécessaire de trouver un moyen d'appliquer l'ACP sur un ensemble réduit de point (en n'utilisant qu'un nombre limité de «points caractéristiques») puis

d'interpoler à l'ensemble du maillage les déformations obtenues pour utiliser efficacement l'ACP comme processus de contrainte.

La figure 28 montre les variations engendrées par le premier mode de déformation du modèle du foie. Lorsque l'on observe le comportement de chacun des 4 modes de variation dont on dispose sur le foie, on s'aperçoit que différents effets sont mêlés pour chaque mode : ici par exemple, le premier mode reflète l'allongement global du foie mais aussi le renflement de la partie inférieure. Ceci renforce l'idée que la base dont on dispose n'est pas suffisante pour exprimer convenablement les variations morphologiques du foie.

## 5.2 Modèle statistique

Une approche différente consiste à utiliser l'information statistique pour affiner localement des paramètres qui étaient fixés globalement pour le modèle à défaut de meilleures indications. Les paramètres locaux que nous allons étudier sont :

- La distance maximale des points de contours  $d$ . Pour le calcul des forces externes, on recherche des points de contour dans un rayon donné. Rechercher des points de contour trop loin risque de nous amener à considérer des contours qui n'appartiennent pas à l'objet à segmenter. Se limiter à une trop courte portée risque de nous faire manquer certains points de contours.
- Le paramètre d'échelle  $s$ . Il permet de contrôler la localité des déformations de la surface.
- Le poids de la force externe  $\beta$ . Il pondère l'importance de la force externe dans le calcul de la force totale s'appliquant en un point du maillage.

### 5.2.1 Distance maximale aux points de contour $d$

Un organe comme le foie connaît de grandes variations morphologiques inter-individus mais certaines parties sont moins déformables que d'autres (au voisinage des côtes par exemple). On se propose donc d'étudier la distance moyenne  $m_i$  et la variance  $\sigma_i$  du déplacement de chaque point  $P_i$  entre les différents modèles dont nous disposons. On peut alors déterminer localement en chaque point une distance maximale aux contours  $d_i = m_i + a\sigma_i$ . Ainsi des points se déplaçant statistiquement peu se verront attribuer des distances maximales courtes et seront moins amenés à être attirés par de mauvais contours.

### 5.2.2 Paramètre d'échelle $s$

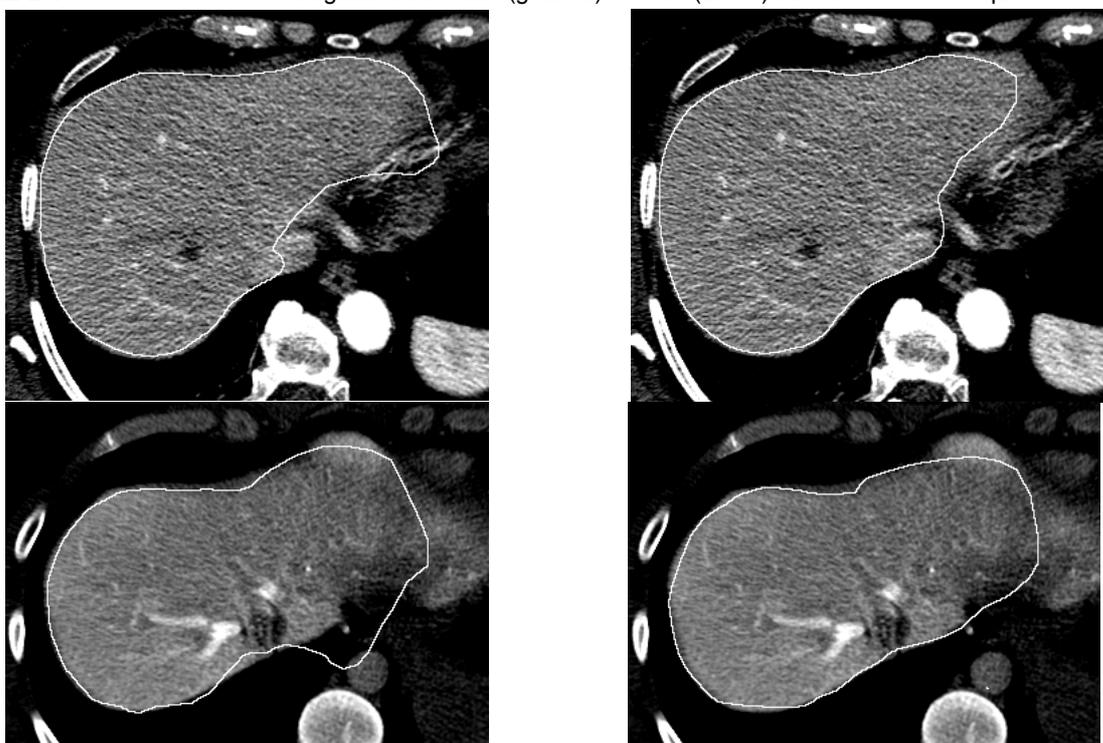
Le modèle considéré peut nécessiter une plus grande souplesse à certains endroits. Le paramètre d'échelle permet d'autoriser localement de plus forte déformations s'il est faible. Il est donc possible d'étudier

la variation de l'angle simplexe des points de l'ensemble d'apprentissage pour estimer la flexion que subit localement le modèle. On assigne alors un faible paramètre d'échelle aux points nécessitant de fortes variations de courbure et un paramètre d'échelle plus fort ailleurs pour garantir un meilleur comportement du modèle.

### 5.2.3 Poids de la force externe $\beta$

Le paramètre  $\beta$  pondère l'importance de l'attraction des points de contours. Certains points ayant à se déplacer davantage que d'autres, on peut leur attribuer un paramètre plus important pour accélérer leur convergence vers les points de contours. On utilise l'information de déplacement moyen des points pour fixer  $\beta$ .

FIGURE 29. Segmentation sans (gauche) et avec (droite) informations statistiques

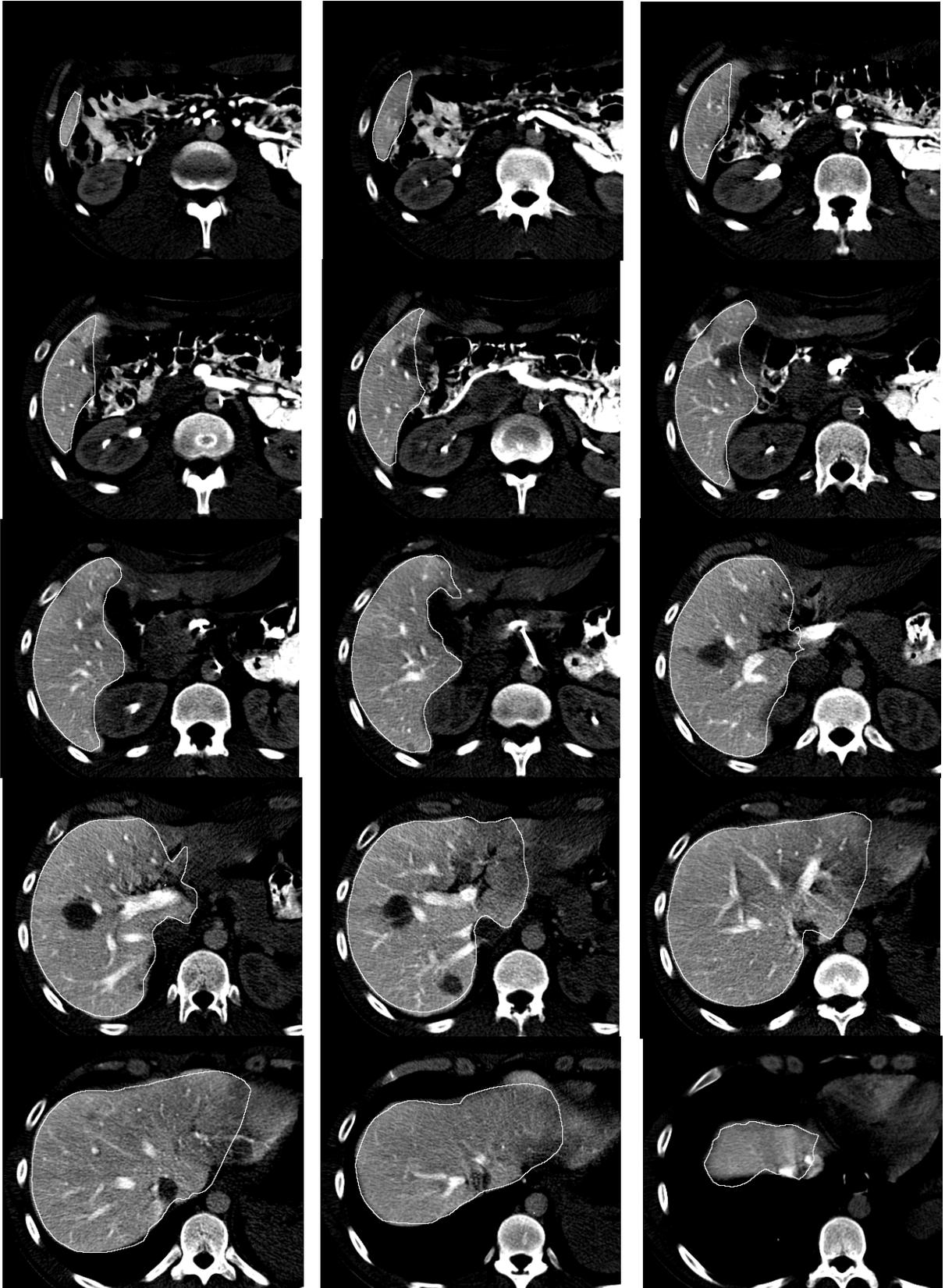


### 5.2.4 Segmentation à l'aide du modèle moyen

En utilisant le modèle moyen enrichi des informations statistiques ( $d$ ,  $s$  et  $\beta$ ) proposées ci-dessus, il est possible de réitérer le processus de segmentation. La figure 29 montre le résultat de la segmentation du foie sur une coupe pour deux patients différents. On peut voir que le contour retrouvé est plus fidèle pour le modèle utilisant l'information statistique (colonne de droite).

Il est à noter que le modèle statistique sera amené à s'affiner au fur et à mesure que de nouveaux éléments seront introduits dans l'ensemble d'apprentissage.

FIGURE 30. Segmentation d'un foie sur 15 coupes scanner



## 6 Conclusions et perspectives

---

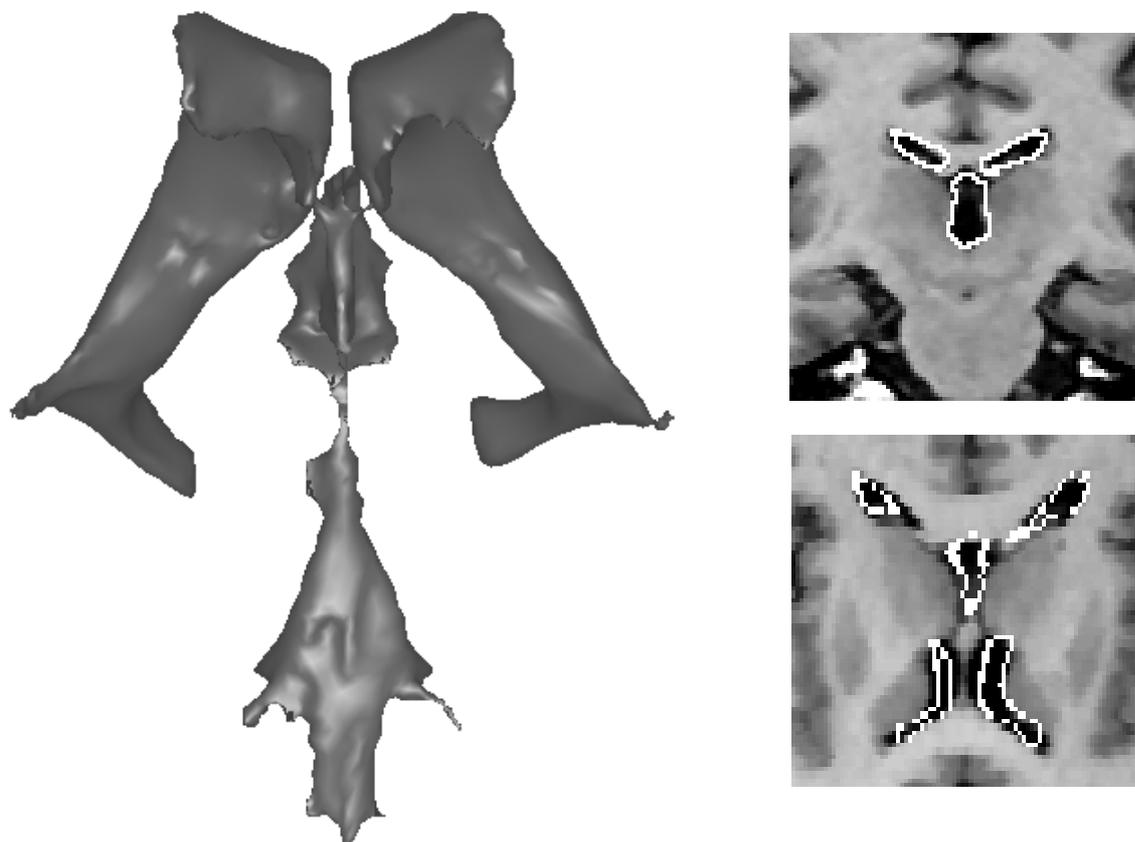
Nous avons présenté dans ce rapport une méthode de segmentation de structures anatomiques dans des images médicales volumiques à base de modèle. Cette méthode présente l'avantage de permettre de représenter des objets de forme complexe (contrairement aux modèles paramétriques plus compacts). Les modèles permettent de s'adapter à la grande variabilité des organes. Ils fournissent une connaissance a priori de la forme à segmenter utile quand les données utilisées sont incomplètes ou trop bruitées.

La principale difficulté de cette méthode consiste à apporter de bonnes propriétés de déformation aux modèles utilisés. Ce travail est basé sur les propriétés topologiques des maillages simples. Nous avons vu comment l'utilisation d'une contrainte de mémoire de forme avec facteur d'échelle permet au modèle de se déformer de façon plus cohérente en évitant les distorsions de la surface. Nous avons également vu comment utiliser une information de transformation globale dans un modèle hybride de déformation pour fournir une meilleure rigidité au modèle au cours de sa déformation. La figure 30 montre le résultat de la segmentation d'un foie sur 15 coupes scanner.

---

**FIGURE 31.**

Modèle simplexe des ventricules du cerveau (haut) et résultat de segmentation (bas)



Nous avons ensuite montré comment utiliser un ensemble d'apprentissage pour créer un meilleur modèle en utilisant une information statistique. L'analyse en composantes principales permet de déterminer de nouvelles contraintes à la déformation mais nous avons pu voir que l'utilisation que nous en faisons est mal adaptée.

Ce travail a été motivé par le projet européen HESSOS de simulation de chirurgie hépatique. Cependant, il est à noter que les concepts abordés sur les modèles simplexes et les contraintes qui leur sont appliquées ne sont en rien limités à cette utilisation particulière. Ce travail peut servir à d'autres types de segmentation. Par exemple, la figure 31 représente un modèle simplexe des ventricules du cerveau et le résultat d'une segmentation par un processus de déformation identique à celui utilisé pour le foie.

Dans un proche avenir, davantage de tests devront être réalisés pour confirmer la robustesse de cet outil de segmentation. Des perfectionnements sont envisageables à trois niveaux :

- Amélioration des *données*. Il est possible d'extraire d'autres types d'information à partir des données pour le calcul des forces externes. Seul l'information de contours et de niveaux de gris est utilisée pour l'instant. On peut envisager d'ajouter une information prenant en compte des régions dans l'image en calculant pour chaque pixel une probabilité d'appartenance à l'organe à segmenter.
- Amélioration des *contraintes*. Il est possible de concevoir de nouveaux types de contraintes s'appliquant au modèle, soit en utilisant de nouvelles transformations globales (une nouvelle classe de transformation comme les fonctions à base radiale par exemple) soit en utilisant des contraintes plus spécifiques à un problème particulier de segmentation.
- Amélioration de l'*information statistique*. Enfin davantage de travaux sont nécessaires pour tirer un meilleur profit de l'analyse statistique des déformations. L'ACP n'est pas directement utilisable sous la forme présentée mais il est envisageable de réduire l'espace statistique pour rendre les résultats plus significatifs.

Dans le cas du foie, certains patients ont déjà subi des résections du foie et les zones régénérées des tissus parenchymateux sont beaucoup moins vascularisées et apparaissent différemment du reste de l'organe sur les scanners. Peut-être sera-t-il nécessaire à l'avenir de proposer plusieurs modèles d'un même organe et de classifier les différents cas rencontrés selon leur ressemblance avec chaque modèle.

Ce travail a donné lieu à la rédaction d'un article soumis à la conférence CVRMed (Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in MEDicine), juin 1997.

## 7 Bibliographie

---

- [1] H. Delingette, *Modélisation, déformation et reconnaissance d'objets tridimensionnels à l'aide de maillages simples*, thèse de l'Ecole Centrale de Paris, juillet 1994
- [2] I. Cohen, *Modèles déformables 2-D et 3-D, application à la segmentation d'images médicales*, thèse de l'Université de Paris IX, juin 1992
- [3] D. Terzopoulos, K. Fleischer, *Deformable models*, Visual Computer, Vol 4, 1988, pp 306-311
- [4] A. Blake, R. Curwen, A. Zisserman, *Affine-invariant contour tracking with automatic control of spatiotemporal scale*, IEEE Computer, 1993, pp 66-75
- [5] A. Yuille, P. Hallinan, *Deformable templates*, Workshop on Active Vision, MIT press, 1991
- [6] A.J. Bulpitt, N.D. Efford, *An efficient 3D deformable model with a self-optimising topology*, British Machine Vision Conference, 1995, vol 1, pp 37-46
- [7] A. Chakraborty, L.H. Staib, James S. Duncan, *An integrated approach for surface finding in medical images*, Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis, 1996, pp 253-262
- [8] D. Metaxas, D. Terzopoulos, *Constrained deformable superquadrics and nonrigid motion tracking*, Computer Vision and Pattern Recognition, juin 1991, pp 337-343
- [9] M. Kass, A. Witkin and D. Terzopoulos, *Snakes: active shape models*, International Journal on Computer Vision, Vol 1, 1988, pp 321-331
- [10] A. Blake, Michael Isard, *3D position, attitude and shape input using video tracking of hands and lips*, SIGGRAPH'94, ACM, pp 185-192
- [11] L.H. Staib, James S. Duncan, *Deformable Fourier models for surface finding in 3D images*, Visualization in Biomedical Computing, 1992, pp 90-104
- [12] G. Székely, A. Kelemen, Ch. Brechbüler, G. Gerig, *Segmentation of 2D and 3D objects from MRI volume data using constrained elastic deformations of flexible Fourier surface models*, Medical Images Analysis, Vol 1, No 1, juillet 1996, pp 19-34
- [13] C. Nastar, N. Ayache, *Frequency-based nonrigid motion analysis : application to 4 dimensional medical images*, à paraître dans IEEE Pattern Analysis and Machine Intelligence, 1997
- [14] M.J. Black, A.D. Jepson, *Eigenttracking : robust matching and tracking of articulated objects using a view-based representation*, European Conference on Computer Vision, avril 1996
- [15] C. Davatzikos, *Nonlinear registration of brain images using deformable models*, Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis, 1996, pp 94-103
- [16] J.A. Little, D.L.G. Hill, D.J. Hawkes, *Deformations incorporating rigid structures*, Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis, 1996, pp 104-113

- [17] J.P. Thirion, *Non-Rigid Matching Using Demons*, in Computer Vision and Pattern Recognition, 18-20 juin 1996, pp 245-251
- [18] J.L. Boes, P.H. Bland, T.E. Weymouth, L.E. Quint, F.L. Bookstein, C.R. Meyer, *Generating a normalized geometric liver model using warping*, Investigative Radiology, Vol 29, No 3, 1994, pp 281-286
- [19] J.L. Boes, C.R. Meyer, T.E. Weymouth, *Liver definition in CT using a population-based shape model*, Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in MEDicine, avril 1995, pp 506-512
- [20] A. Hill, A. Thornhan, C.J. Taylor, *Model-based interpretation of 3D medical images*, British Machine Vision Conference, septembre 1993, pp 339-349
- [21] C. Nastar, B. Moghaddam, A. Pentland, *Generalized image matching : statistical learning of physically-based deformations*, European Conference on Computer Vision, avril 1996
- [22] T.F. Cootes, C.J. Taylor, D.H. Cooper, J. Graham, *Active shape models - their training and application*, Computer Vision and Image Understanding, Vol 61, No 1, janvier 1995, pp 38-59
- [23] T.F. Cootes, A.Hill, C.J. Taylor, J. Haslam, *The use of active shape models for locating structures in medical images*, Information Processing in Medical Imaging, juin 1993, pp 33-46
- [24] J.W. Martin II, *Characterization of neuropathological shape deformations*, thèse du MIT, mai 1995
- [25] C.R. Ruff, A. Bhalero, S.W. Hughes, T.J. d'Arcy, D.J. Hawkes, *The estimation of fetal organ volume using statistical shape analysis*, Computer Assisted Radiology, 1996, pp 280-295
- [26] J. Declerck, G. Subsol, J.P. Thirion and N. Ayache, *Automatic retrieval of anatomical structures in 3D medical images*, Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in MEDicine, avril 1995, pp 153-162
- [27] J.P. Thirion, *New Feature Points based on Geometric Invariants for 3D Image Registration*, International Journal of Computer Vision, Vol 18, No 2, mai 1996, pp 121-137
- [28] J.P. Thirion, A. Gourdon, *Computing the Differential Characteristics of Isointensity Surfaces*, Computer Vision and Image Understanding, Vol 61, No 2, mars 1995
- [29] Z. Zang, *Iterative point matching for registration of free-form curves and surfaces*, International Journal on Computer Vision, décembre 1994
- [30] J.Declerck, J. Feldmar, M.L. Goris, F. Betting, *Automatic registration and alignment on a template of cardiac stress and rest SPECT images*, Rapport de Recherche INRIA No 2770, janvier 1996
- [31] J Declerck, *B-spline approximation of warping transformations*, rapport de DEA, juin 1993
- [32] J-J. Risler, *Méthodes mathématiques pour la CAO*, Masson, collection recherche et mathématiques appliquées, 1991

- [33] F.L. Bookstein, *Principal warps : thin-plate splines and the decomposition of deformations*, Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol 2, No 6, juin 1989
- [34] E.K. Fishman, B.S. Kuszyk, D.G. Heath, L.Gao, *Surgical planning for liver resection*, IEEE Computer, Vol 29, No 1, janvier 1996
- [35] X.Pennec, *Rotations and rigid transformations: representation and estimation*, à paraître, thèse de l'école polytechnique de Palaiseau, décembre 1996
- [36] X. Pennec, N. Ayache, *Quelques problèmes posés par la gestion des primitives géométriques en vision par ordinateur*, 5<sup>ème</sup> journées Orasis, Clermont-Ferrand, 20-24 Mai 1996
- [37] R.M. Corless, G.H. Gonnet, D.E.G. Hare, D.J. Jeffrey, *On Lambert's W Function*, TR CS-03-93, dept. comp. sci., University of Waterloo, 1993
- [38] O. Monga, R. Deriche, G. Malandain, J.P. Cocquerez, *Recursive filtering and edge tracking: two primary tools for 3D edge detection*, Image and Vision Computing, Vol 9, No 4, août 1991, pp 203-214
- [39] O. Monga, R. Deriche, J.M. Rocchisani, *3D edge detection using recursive filtering: application to scanner images*, CVGIP: Image Understanding, Vol 53, No 1, janvier 1991, pp 76-87