



**HAL**  
open science

# Modèles de champ de phase et modèles Lattice Boltzmann pour la segmentation 3D de tumeurs en imagerie ultrasons hautes fréquences

Khac Lan Nguyen

## ► To cite this version:

Khac Lan Nguyen. Modèles de champ de phase et modèles Lattice Boltzmann pour la segmentation 3D de tumeurs en imagerie ultrasons hautes fréquences. Traitement du signal et de l'image [eess.SP]. Université de La Rochelle, 2019. Français. NNT : 2019LAROS011 . tel-02511094

**HAL Id: tel-02511094**

**<https://theses.hal.science/tel-02511094>**

Submitted on 18 Mar 2020

**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.



**THÈSE DE DOCTORAT de L'UNIVERSITÉ DE LA ROCHELLE**

**École Doctorale EUCLIDE**

Année 2019

Pour obtenir le grade de

**DOCTEUR de l'UNIVERSITÉ DE LA ROCHELLE**

Spécialité : MATHÉMATIQUES ET APPLICATIONS

Présentée et soutenue publiquement par:

**Khac Lan NGUYEN**

23 Août 2019

**MODÈLES DE CHAMP DE PHASE ET MODÈLES LATTICE BOLTZMANN  
POUR LA SEGMENTATION 3D DE TUMEURS EN IMAGERIE ULTRASONS  
HAUTES FRÉQUENCES**

**PHASE-FIELD MODELS AND LATTICE BOLTZMANN MODELS FOR 3D  
TUMOR SEGMENTATION IN HIGH FREQUENCY ULTRASOUND IMAGES**

**Jury**

Rapporteurs :	Jean-Fançois AUJOL	Professeur des Universités, Université de Bordeaux
	François DUBOIS	Professeur des Universités, CNAM, Paris
Examineurs :	Mohamed Mahdi TE-KITEK	Maître de conférences, Université de Tunis El Manar
	Jean-Philippe THIRAN	Professeur associé, EPFL, Lausanne

---

Directeur de thèse : Michel BERTHIER, Professeur des Universités, Université de La Rochelle  
Co-Directeur de thèse : Philippe DELACHARTRE, Professeur des Universités, INSA de Lyon

# Remerciements

Les travaux présentés dans ce manuscrit de thèse ont été réalisés à l'université de La Rochelle (ULR), au sein du laboratoire Mathématiques, Images et Applications (MIA, EA 3165) d'Août 2016 à Juin 2019. Ces trois années auront été une expérience très riche, partagée avec de nombreuses personnes que je souhaite grandement remercier.

Tout d'abord, je tiens à remercier tout particulièrement mes directeurs de thèse Michel Berthier et Philippe Delachartre pour leur accompagnement constant dans ce travail, leurs encouragements et la confiance qu'ils m'ont toujours accordée. J'ai été extrêmement sensible à leurs qualités humaines d'écoute et de compréhension tout au long de ce travail doctoral. La rigueur et l'enthousiasme pour entreprendre des recherches originales font partie de ce qu'ils m'ont transmis pendant la thèse. J'ai apprécié également leur respect sans faille des délais serrés de relecture des documents que je leur ai adressés. Par ailleurs, les discussions régulières que nous avons eues m'ont aidé à approfondir ma compréhension des outils de traitement d'images et de mathématiques nécessaires à mon travail.

Je souhaiterais exprimer ma gratitude à messieurs Jean-François Aujol et François Dubois qui m'ont fait l'honneur de rapporter sur ce manuscrit. Mes remerciements vont également à messieurs Mohamed Mahdi Tekitek et Jean-Philippe Thiran qui ont accepté d'être membres du jury de soutenance en tant qu'examineurs.

J'adresse des remerciements tout particuliers à Mohamed Mahdi Tekitek, pour sa disponibilité lors de ses séjours à La Rochelle et pour la qualité des échanges que nous avons eus.

Durant ces trois années, j'ai bénéficié d'un contrat doctoral financé pour moitié par la région Nouvelle Aquitaine et pour moitié par le projet PIA IMPACTumors. Je remercie sincèrement les personnes concernées pour leur soutien.

Je finirai par un remerciement spécial à mes parents, Khac Bien Nguyen et Thi Bay Nguyen, à mes frères, Khac Long Nguyen et Khac Linh Nguyen, ainsi qu'à mon oncle et à mes tantes qui m'ont toujours encouragé dans mes projets et accordé un soutien permanent.

# Table des matières

<b>Remerciements</b>	<b>ii</b>
<b>Table des matières</b>	<b>iii</b>
<b>Liste des figures</b>	<b>iv</b>
<b>Liste des tableaux</b>	<b>vii</b>
<b>1 La segmentation de tumeurs cutanées dans des images échographiques 3D UHF</b>	<b>1</b>
1.1 La problématique . . . . .	1
1.2 Les approches proposées . . . . .	2
1.3 Les résultats de la mise en application . . . . .	5
1.4 Plan du manuscrit . . . . .	6
1.5 Publications issues de la thèse . . . . .	6
<b>2 La méthode LLCH et son implémentation par solutions exactes</b>	<b>8</b>
2.1 La formulation variationnelle . . . . .	8
2.1.1 Le terme de régularisation . . . . .	9
2.1.2 Le terme d'attache aux données . . . . .	10
2.1.3 Le flot de gradient . . . . .	12
2.2 L'implémentation multigrille . . . . .	13
2.2.1 Le flot de gradient multigrille . . . . .	13
2.2.2 La résolution exacte par splitting de Lie . . . . .	15
2.2.3 L'algorithme LLCH-exact . . . . .	18
2.3 Conclusion . . . . .	19
<b>3 L'algorithme LLCH-exact : évaluation et tests comparatifs</b>	<b>20</b>
3.1 L'évaluation de l'algorithme LLCH-exact . . . . .	20
3.1.1 Le protocole expérimental et les indicateurs de performance . . . . .	20
3.1.2 Influence de la taille de la grille . . . . .	22
3.1.3 Influence de la taille de l'interface diffuse . . . . .	23
3.2 Tests comparatifs avec des méthodes de référence . . . . .	23
3.2.1 Les méthodes ADLL et MSCH . . . . .	23
3.2.2 Comparaisons à l'aide d'images de synthèse . . . . .	25
3.2.3 Comparaisons à l'aide des images du jeu de données cliniques . . . . .	26
3.3 Conclusion . . . . .	30
<b>4 La méthode LLCH et les modèles lattice Boltzmann</b>	<b>32</b>
4.1 Les schémas LBM . . . . .	32
4.1.1 Les schémas LBM et le traitement d'images . . . . .	32

4.1.2	Les schémas BGK et MRT . . . . .	33
4.2	L'implémentation de la méthode LLCH par des schémas LBM MRT . . . . .	37
4.2.1	Les schémas MRT D3Q7 et D3Q19 . . . . .	37
4.2.2	Consistance et stabilité de l'algorithme MRT . . . . .	40
4.2.3	Stabilité BGK <i>versus</i> stabilité MRT . . . . .	44
4.3	Conclusion . . . . .	48
<b>5</b>	<b>L'algorithme LLCH-MRT : évaluation et tests comparatifs</b>	<b>49</b>
5.1	Évaluation sur des images de synthèse . . . . .	49
5.1.1	Paramétrisation du profil de potentiel . . . . .	49
5.1.2	Influence de la taille de la grille . . . . .	50
5.2	Tests comparatifs sur les images du jeu de données cliniques . . . . .	53
5.3	Conclusion . . . . .	56
<b>6</b>	<b>Conclusion et perspectives</b>	<b>58</b>
6.1	Résumé des travaux présentés . . . . .	58
6.2	Perspectives . . . . .	59
6.2.1	Modèles avec vitesses de convection . . . . .	60
6.2.2	Modèles de Shan et Chen . . . . .	61
6.2.3	À propos de l'utilisation d'algorithmes d'apprentissage profond . . . . .	63
	<b>Références</b>	<b>64</b>

# Liste des figures

1.1	Image échographique ultrasons hautes fréquences d'une tumeur cutanée . . . . .	2
1.2	(a) Image tridimensionnelle du derme avec une lésion tumorale, avec des coupes verticales. (b – d) Distribution $P(E)$ de l'enveloppe $E$ dans différents tissus entourant une tumeur. (b) Dans les tissus sous-cutanés. La ligne en pointillé représente l'ajustement à une distribution de Rayleigh. (c) Derme. La ligne pointillée représente l'ajustement à une distribution de Rayleigh, illustrant de grands écarts par rapport à la loi de Rayleigh. (d) Mélange des deux régions. La distribution est bimodale et ne peut pas être adaptée aux distributions paramétriques proposées en échographie [1]. . . . .	3
2.1	(a) Énergie $E_e$ en fonction du temps, (b) Énergie $L^2$ de la solution en fonction du temps (initialisation à l'intérieur de la tumeur). . . . .	15
3.1	Le processus de segmentation . . . . .	21
3.2	Résultats de la segmentation avec l'algorithme LLCH-exact (images du jeu de données cliniques) pour différentes tailles $a$ de grille : (a) Temps de segmentation. (b) Indice de Dice $D(\Omega, R)$ . . . . .	22
3.3	Résultats de la segmentation avec l'algorithme LLCH-exact (images du jeu de données cliniques) pour différentes tailles $a$ de grille : section 2D avec une grille de taille $a = 4$ . Le contour rose est obtenu à l'échelle la plus fine $a = 1$ ; le contour jaune correspond à l'échelle $a = 4$ . . . . .	23
3.4	Résultats de la segmentation avec l'algorithme LLCH-exact (images du jeu de données cliniques) : influence de l'épaisseur de l'interface diffuse illustrée sur une section 2D (cf tumeur 3.6k). (a,b,c) : Indice de Dice et sensibilité pour trois valeurs croissantes de $\epsilon$ . (d,e,f) : Plus la couche de transition se développe, meilleurs sont l'indice de Dice et la sensibilité. Le contour jaune correspond au volume segmenté et le rouge au volume de référence tracé par un dermatologue. . . . .	24
3.5	Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE avec les algorithmes ADLL et MSCH à l'aide d'images synthétiques. Section 2D du volume segmenté. LLCH-exact : trait continu jaune, LLCH-BE : tirets roses, MSCH : tirets cyan et ADLL : trait continu vert. Le rectangle bleu est la section du volume d'initialisation, à l'intérieur de la tumeur, (a), (b), et couvrant toute la tumeur (c), (d). Le contour rouge est un contour de référence. . . . .	25
3.6	Résultats de la segmentation avec l'algorithme LLCH-exact pour les 12 tumeurs du jeu de données cliniques (initialisation à l'intérieur de la tumeur).(a) Tumeur 1. (b) Tumeur 2. (c) Tumeur 3. (d) Tumeur 4. (e) Tumeur 5. (f) Tumeur 6. (g) Tumeur 7. (h) Tumeur 8. (i) Tumeur 9. (j) Tumeur 10. (k) Tumeur 11. (l) Tumeur 12. . . . .	27

3.7	Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE avec l'algorithmes ADLL à l'aide des images du jeu de données cliniques : initialisation du volume à l'intérieur de la tumeur. Boites à moustache pour l'indice de Dice $D$ , la sensibilité $S$ , la précision $P$ et la distance MAD. . . . .	29
3.8	Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE avec les algorithmes ADLL et MSCH à l'aide des images du jeu de données cliniques : initialisation du volume à l'intérieur de la tumeur. Sensibilité $S$ versus précision $P$ . Pour une segmentation précise, la sensibilité et la précision doivent être aussi proches que possible de 1. L'indice de Dice $D$ est donné par $D = 2/(1/S + 1/P)$ (courbes de niveau en gris). (a) LLCH-exact avec le meilleur compromis sensibilité / précision. (b) LLCH-BE avec des résultats comparables à LLCH-exact. (c) ADLL avec faible sensibilité. (d) MSCH : dans certains cas, la sensibilité et / ou la précision est trop faible. (e) Variabilité intra-observateur. . . . .	30
3.9	Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et ADLL : initialisation à l'intérieur de la tumeur. Coupes de 4 segmentations : contours LLCH-exact en jaune, contours ADLL en vert, contours de référence en rouge. . . . .	30
3.10	Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et ADLL : initialisation couvrant la tumeur. Coupe de la segmentations de la tumeur 6, voir figure 3.6 (f). (a) Tranche du volume initial. (b) Tranche du volume segmenté, LLCH-exact. (c) Tranche du volume segmenté, ADLL. . . . .	31
4.1	Deux réseaux LBM en dimension 3 : (a) Le réseau D3Q7. (b) Le réseau D3Q19. . .	35
4.2	Illustration de la collision dans l'espace des moments pour les schémas MRT. . .	36
4.3	Valeurs propres logarithmiques $Re(\ln(z_j))$ en fonction du vecteur d'onde $k$ pour le schéma de D3Q7. (a) Angle azimutal $\theta = 0$ et un angle polaire $\phi = 0$ ; (b) $\theta = 0, \phi = \pi/6$ ; (c) $\theta = 0, \phi = \pi/3$ ; (d) $\theta = \pi/6, \phi = \pi/6$ . . . . .	43
4.4	Valeurs propres logarithmiques $Re(\ln(z_j))$ en fonction du vecteur d'onde $k$ pour le schéma de D3Q19. (a) Angle azimutal $\theta = 0$ et un angle polaire $\phi = 0$ ; (b) $\theta = 0, \phi = \pi/6$ ; (c) $\theta = 0, \phi = \pi/3$ ; (d) $\theta = \pi/6, \phi = \pi/6$ . . . . .	44
4.5	Prise en compte du terme source, directe ou par strong splitting : comparaisons entre BGK et MRT pour le réseau D3Q7. Schéma BGK et image de synthèse : (a) $\Delta t = 0.04$ , (c) $\Delta t = 0.0574$ . Schéma BGK et image clinique : (e) $\Delta t = 0.015$ , (g) $\Delta t = 0.0276$ . Ligne bleue : strong splitting. Ligne pointillée bleue : intégration directe. Schéma MRT et image synthétique : (b) $\Delta t = 0.04$ , (d), $\Delta t = 0.0574$ . Schéma MRT et image clinique : (f) $\Delta t = 0.015$ , (h), $\Delta t = 0.0276$ . Ligne rouge : strong splitting. Ligne pointillée rouge : intégration directe. . . . .	46
4.6	Comparaison de stabilité entre BGK (SRT) et MRT : image synthétique. Réseau D3Q7 : (a) pas de temps $\Delta t = 0.04$ , (b) pas de temps $\Delta t = 0.05$ . Réseau D3Q19 : (c) pas de temps $\Delta t = 0.04$ , (d) pas de temps $\Delta t = 0.05$ . Coupe de la segmentation par l'algorithme LLCH-MRT : (e) $\Delta t = 0.04$ , (f) $\Delta t = 0.05$ . Le contour de référence est en rouge. . . . .	47
4.7	Comparaison de stabilité entre BGK (SRT) et MRT : image clinique 5.7d. Réseau D3Q7 : (a) pas de temps $\Delta t = 0.015$ , (b) pas de temps $\Delta t = 0.025$ . Réseau D3Q19 : (c) pas de temps $\Delta t = 0.015$ , (d) pas de temps $\Delta t = 0.035$ . . . . .	48
5.1	Évaluation de l'algorithme LLCH-MRT (D3Q7) sur une image synthétique simple : influence de la taille de la grille. Le pas de temps est fixé à $\Delta t = 0.002$ . (a) $a = 1$ , (b) $a = 2$ , (c) $a = 3$ , (d) $a = 4$ , (e) $d = 5$ . Contour de référence en rouge. . . . .	51

5.2	Évaluation de l'algorithme LLCH-MRT (D3Q7) sur une image synthétique d'une tumeur : influence de la taille de la grille. Le pas de temps est fixé à $\Delta t = 0.002$ . (a) $a = 1$ , (b) $a = 2$ , (c) $a = 3$ , (d) $a = 4$ , (e) $d = 5$ . Contour de référence en rouge. . . . .	52
5.3	Évaluation de l'algorithme LLCH-MRT (D3Q7) sur une image synthétique d'une tumeur : influence de la taille de la grille. Le pas de temps est fixé à $\Delta t = 0.03$ . (a) $a = 3$ et (b) $a = 4$ . Contour de référence en rouge. . . . .	53
5.4	Comparaisons entre les algorithmes ADLL, LLCH-exact, LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19. Images du jeu de données cliniques. Sensibilité S en fonction de la précision P. (a) LLCH-exact, (b) LLCH-MRT D3Q7, (c) LLCH-MRT D3Q19, (d) ADLL, (e) Variabilité intra-observateur. . . . .	54
5.5	Comparaisons entre les algorithmes ADLL, LLCH-exact, LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19. Images du jeu de données cliniques. Diagrammes à moustache. . . . .	55
5.6	Comparaisons entre les algorithmes ADLL, LLCH-exact, LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19. Images du jeu de données cliniques Première colonne ADLL. Deuxième colonne LLCH-exact. Troisième colonne LLCH-MRT D3Q7. Dernière colonne LLCH-MRT D3Q19. Première ligne, tumeur 5.7h. Deuxième ligne, tumeur 5.7g. Troisième ligne, tumeur 5.7d. Quatrième ligne, tumeur 5.7b. Contour de référence en rouge. . . . .	56
5.7	Résultats de la segmentation par l'algorithme LLCH-MRT D3Q7. Images du jeu de données cliniques. . . . .	57
6.1	Modèle local pour la vitesse de convection. . . . .	61
6.2	Interactions locales du modèle de Shan et Chen. . . . .	62

# Liste des tableaux

3.1	Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE avec les algorithmes ADLL et MSCH à l'aide d'images synthétiques. Indice de Dice pour les algorithmes LLCH-exact, LLCH-BE, ADLL et MSCH. . . . .	26
3.2	Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE avec les algorithmes ADLL et MSCH à l'aide des images du jeu de données cliniques : initialisation du volume à l'intérieur de la tumeur. Moyennes et écarts type ( $\pm$ ) de l'indice de Dice $D$ , de la sensibilité $S$ , de la précision $P$ et de la distance MAD. . . . .	28
3.3	Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE avec les algorithmes ADLL et MSCH à l'aide des images du jeu de données cliniques : initialisation du volume couvrant la tumeur. Moyennes et écarts type ( $\pm$ ) de l'indice de Dice $D$ , de la sensibilité $S$ , de la précision $P$ et de la distance MAD . . . . .	29
5.1	Évaluation de l'algorithme LLCH-MRT (D3Q7) sur une image synthétique simple : influence de la taille de la grille. Le pas de temps est fixé à $\Delta t = 0.002$ . . . . .	51
5.2	Évaluation de l'algorithme LLCH-MRT (D3Q7) sur une image synthétique d'une tumeur : influence de la taille de la grille. Le pas de temps est fixé à $\Delta t = 0.002$ . . . . .	51
5.3	Évaluation de l'algorithme LLCH-MRT (D3Q7) sur une image synthétique d'une tumeur : influence de la taille de la grille. Le pas de temps est fixé à $\Delta t = 0.03$ . Échelles $a = 3$ et $a = 4$ . . . . .	52
5.4	Comparaisons entre les algorithmes ADLL, LLCH-exact, LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19. Images du jeu de données cliniques. Les temps de calcul sont en secondes. . . . .	53

# Chapitre 1

## La segmentation de tumeurs cutanées dans des images échographiques 3D UHF

### 1.1 La problématique

On estime qu'il apparaît entre 80 000 et 100 000 nouveaux cas de cancer de la peau chaque année en France. Parmi ces nouveaux cas, 90% sont des carcinomes et 10% sont des mélanomes. Ces données placent le cancer de la peau en 6<sup>ième</sup> position chez la femme et en 8<sup>ième</sup> position chez l'homme. Les traitements, qu'ils soient chirurgicaux ou médicamenteux, nécessitent d'imager correctement les tumeurs afin d'estimer au mieux leur volume grâce à des algorithmes rapides de segmentation. Parmi les modalités d'acquisition, l'échographie présente de nombreux avantages : elle est non invasive, et peut donc être renouvelée très souvent, elle est peu coûteuse et facile à mettre en oeuvre. Les ultrasons hautes fréquences (UHF) permettent par ailleurs d'imager à des profondeurs supérieures à 3 mm, alors que les autres modalités non invasives, telles que la tomographie par cohérence optique ou la microscopie confocale à réflectance, sont limitées à des profondeurs de  $500\mu m$ , ce qui s'avère insuffisant pour détecter la partie basse des lésions profondes. Le revers de la médaille est que l'imagerie par ultrasons fournit des images avec deux défauts majeurs. Le premier est un bruit typique de ce mode d'acquisition, le speckle ou bruit d'interférence, qui est lié à la densité des impuretés dans le milieu de propagation. Du point de vue du praticien, ce bruit peut être source d'informations et il n'est pas forcément souhaitable d'essayer de le retirer. Le second défaut est le très faible contraste qui rend difficile la détection de contours. Typiquement, une coupe 2D d'une image échographique 3D ultrasons hautes fréquences d'une tumeur cutanée ressemble à l'image de la figure 1.1. On constate sur cette image qu'il n'existe pas de démarcation claire entre la tumeur et les tissus sains. L'objectif de ce travail est de proposer des algorithmes répondant à deux contraintes : estimer au mieux le volume de la tumeur considérée, en accord avec les évaluations proposées par les dermatologues, et maîtriser les temps de calculs qui doivent se rapprocher du temps réel pour les applications concrètes. Notre contribution s'inscrit donc dans la lignée de travaux tels que [2], [3], [4], [5], consacrés à ce problème qui suscite encore à l'heure actuelle de nombreux développements.

Parmi les contributions les plus significatives sur le sujet, mentionnons les approches type "graph cut" [6], celles utilisant des champs aléatoires markoviens [4] et les méthodes dites "level sets" [7], [5]. Ces dernières sont particulièrement bien adaptées pour prendre en compte la va-

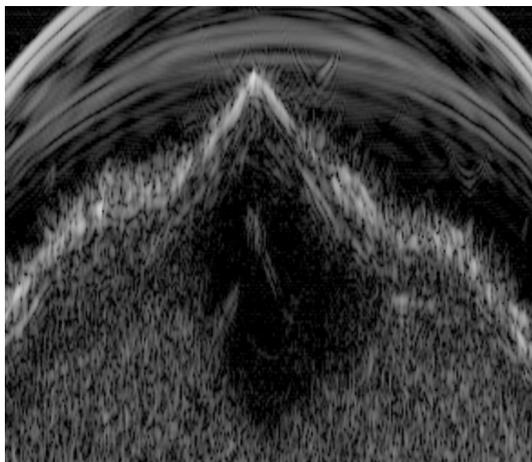
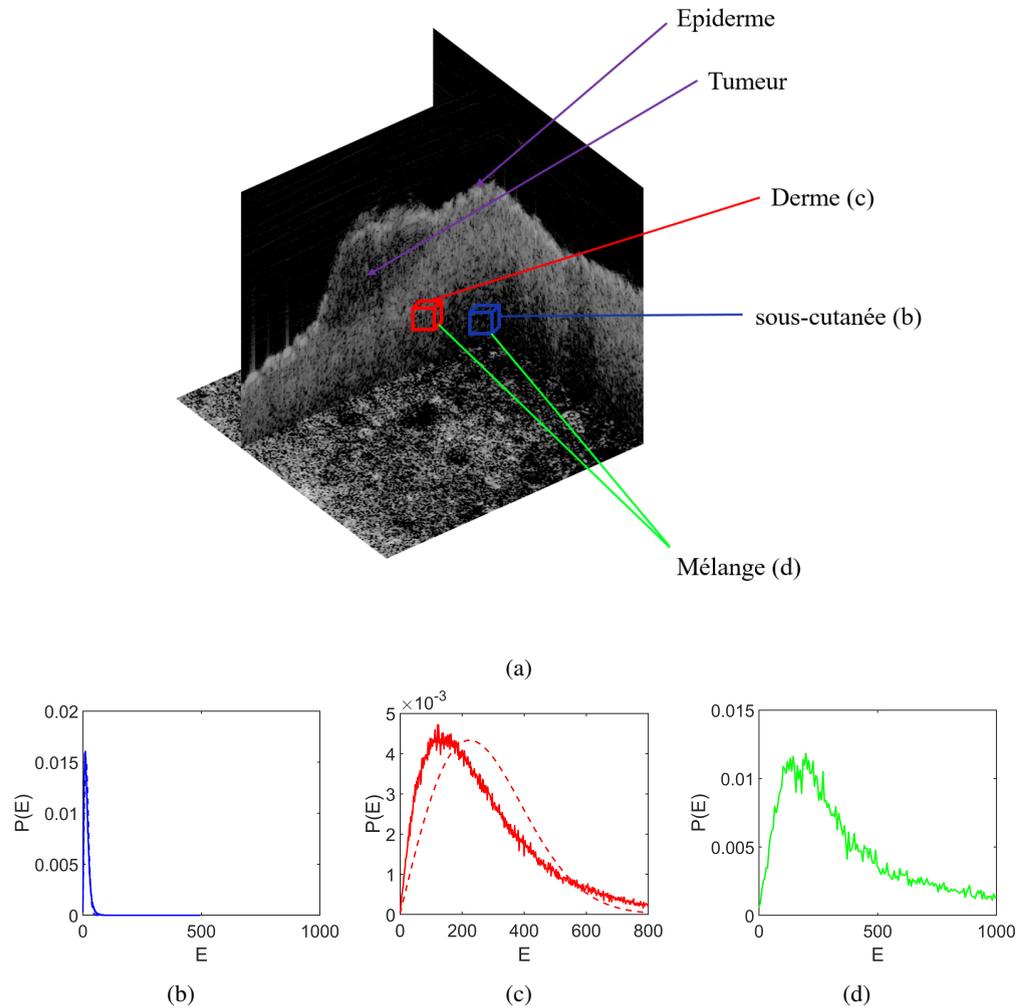


FIGURE 1.1 – Image échographique ultrasons hautes fréquences d’une tumeur cutanée

riabilité des formes de lésions et pour éliminer les structures dues aux motifs du speckle. Elles fournissent également des algorithmes plus rapides que les méthodes “graph cut” [6] ou utilisant des champs aléatoires markoviens [4]. Dans la suite, nous comparons essentiellement nos résultats à ceux de [5] obtenus avec l’algorithme ADLL. L’algorithme ADLL découle d’une formulation variationnelle dont le terme de régularisation est précisément donné par l’équation des level sets. Le terme d’attache aux données est quant à lui une log-vraisemblance mesurant la dissimilarité des distributions d’intensité à l’intérieur et à l’extérieur de la tumeur à segmenter, ce qui est courant dans le traitement des images ultrasonores [8], [9], [4], [10]. Il est important de préciser ici qu’une des caractéristiques des images ultrasons hautes fréquences de la peau qui complique leur traitement et leur analyse est le fait que la région entourant une tumeur cutanée est composée de plusieurs tissus de natures différentes qui créent une hétérogénéité dans le milieu [5], [11]. Il s’avère par conséquent que les approches classiques d’estimation paramétrique par des distributions de type Rayleigh, Rice, Nakagami, K [12] ou Fisher-Tippett [13], sont inopérantes. La figure 1.2 donne une illustration de ce phénomène. Les estimations utilisées sont donc nécessairement non paramétriques et se font via des estimateurs de Parzen [14]. Le principal défaut de l’algorithme ADLL ne réside pas dans ce terme d’attache aux données, terme que nous utiliserons également. Il s’avère que la dynamique sous-jacente à l’équation des level sets est trop conservatrice, ce qui a pour conséquence d’obtenir un volume segmenté trop petit par rapport au volume segmenté à la main par les dermatologues, c’est-à-dire par rapport à la vérité terrain des praticiens. Ce point est crucial pour les applications cliniques. Il est en effet essentiel que lors d’une intervention chirurgicale, l’ensemble de la tumeur soit retiré afin d’éviter toute propagation post-opératoire. Une estimation au plus juste du volume d’une tumeur est également nécessaire pour rendre compte des variations lors d’un suivi de croissance. C’est avant tout sur ce point spécifique que porte notre travail : proposer de nouveaux algorithmes efficaces qui pallient le problème de la sous-segmentation du volume tumoral.

## 1.2 Les approches proposées

Nous proposons une formulation variationnelle alternative dont le terme de régularisation est donné par l’énergie de Cahn-Hilliard [15], [16]. Le flot de gradient  $L^2$  de cette énergie, l’équation de réaction diffusion d’Allen-Cahn, est bien connu pour être un modèle pertinent de transitions de phase dans diverses applications physiques ou chimiques [17], [18]. L’énergie de Cahn-Hilliard



**FIGURE 1.2 – (a) Image tridimensionnelle du derme avec une lésion tumorale, avec des coupes verticales. (b – d) Distribution  $P(E)$  de l’enveloppe  $E$  dans différents tissus entourant une tumeur. (b) Dans les tissus sous-cutanés. La ligne en pointillé représente l’ajustement à une distribution de Rayleigh. (c) Derme. La ligne pointillée représente l’ajustement à une distribution de Rayleigh, illustrant de grands écarts par rapport à la loi de Rayleigh. (d) Mélange des deux régions. La distribution est bimodale et ne peut pas être adaptée aux distributions paramétriques proposées en échographie [1].**

fait intervenir un “petit paramètre”, que nous noterons  $\epsilon$  dans la suite, qui donne la taille de l’interface dite diffuse qui évolue au cours du temps. Quand  $\epsilon$  tend vers 0, l’énergie de Cahn-Hilliard converge, au sens de la  $\Gamma$ -convergence, vers l’aire de la surface du contour délimitant les deux phases, et ce à un facteur multiplicatif près [19], [20]. En un certain sens, l’interface diffuse correspond à un contour “flou”. Malgré sa popularité et son efficacité en dynamique des fluides multiphasiques, l’équation d’Allen-Cahn reste encore peu utilisée dans les applications visant le traitement d’images. Des exemples d’algorithmes de segmentation basés sur cette équation sont proposés dans [21], [22] et [23]. Dans les deux premières références, l’énergie de Cahn-Hilliard avec un double puits, respectivement un puits multiple, de potentiel est couplée à la fonctionnelle de Mumford-shah pour traiter des images 2D très simples. Nous verrons plus loin que la fonctionnelle de Mumford-Shah n’est pas du tout adaptée à notre type d’images. Par ailleurs, l’algorithme proposé dans [22] semble difficile à mettre en oeuvre du point de vue numérique. Le problème abordé dans [23] est différent du nôtre puisqu’il s’agit de segmenter des vaisseaux sanguins dans

des images 2D. Les auteurs considèrent des estimations paramétriques pour guider leur modèle, estimations paramétriques dont on a vu qu'elles n'étaient pas adaptées aux images ultrasons hautes fréquences de peau. On trouvera par ailleurs dans [24] des exemples de modèles d'inpainting basés sur l'énergie de Cahn-Hilliard et dans [25] un modèle de détection d'objets de codimension deux dans des images utilisant également l'énergie de Cahn-Hilliard (avec des puits en -1 et 1) et un terme d'attache aux données en norme  $L^2$  (donc supposant des distributions gaussiennes).

Nous décrivons dans le chapitre 2 le nouveau modèle, Log-Likelihood Cahn-Hilliard (LLCH), correspondant à cette approche. Nous proposons un algorithme multigrille qui a pour avantage de ne faire intervenir que des solutions exactes et qui ne nécessite donc pas de discrétisation en espace, d'où un gain de stabilité numérique. L'algorithme est simple à mettre en oeuvre avec des simulations facilement reproductibles et un coût en temps de calcul faible. Nous montrons que la flexibilité introduite par l'interface diffuse permet d'améliorer significativement les résultats en terme de volume segmenté. Nous montrons également que ce nouvel algorithme est très robuste aux changements d'initialisation, d'un contour initial à l'intérieur de la tumeur à un contour initial entourant globalement la tumeur, voir le chapitre 3.

La deuxième partie de ce manuscrit est plus exploratoire et concerne directement la façon dont on peut implémenter efficacement des algorithmes de segmentation à partir de modèles à l'échelle mésoscopique. Il s'avère en effet que la démarche qui consiste à créer un modèle continu à partir de données discrètes pour ensuite le re-discrétiser à des fins d'implémentation peut paraître quelque peu artificielle... Les méthodes lattice Boltzmann (LBM) [26], permettent d'implémenter très efficacement la plupart des dynamiques continues, notamment en mécanique des fluides [27]. Les schémas afférents, qui ont l'avantage d'être très facilement parallélisables, sont basés sur des discrétisations en temps et en vitesse de l'équation de Boltzmann. La cohérence des discrétisations et la stabilité des schémas reposent sur la conservation de plusieurs moments qui, s'ils sont significatifs dans les problèmes physiques, ne semblent pas avoir de réelle interprétation en traitement d'images. Se pose alors la question de savoir dans quelle mesure on peut configurer des schémas LBM qui soient à la fois pertinents pour la segmentation et stables numériquement. Bien sûr une telle question ne peut être abordée dans toute sa généralité... Dans le chapitre 4, nous abordons ce problème à partir du modèle LLCH décrit dans le chapitre 2. La dynamique du modèle LLCH est loin d'être une dynamique classique de fluides, en particulier à cause du terme d'attache aux données qui ne correspond à aucune loi de conservation ou physique. La question se reformule alors simplement : existe-t-il une implémentation LBM efficace du modèle LLCH ? Parmi les rares tentatives d'implémentation LBM pour le traitement d'images, on peut citer [28], [29] et [30] pour les algorithmes de level sets et [31] et [32] pour le débruitage et la détection de contours.

Nous étudions dans le chapitre 4 plusieurs types de schémas pour l'implémentation par LBM du modèle LLCH. Nous montrons que, contrairement aux exemples existant pour le traitement d'images, les schémas Bhatnagar-Gross-Krook (BGK) [33], [34], [35], à simple temps de relaxation ne permettent pas d'obtenir de bons résultats de stabilité compte tenu de la nature du terme d'attache aux données. Nous avons donc recours à des schémas à temps de relaxation multiples (MRT) que nous testons sur deux réseaux bien choisis, les réseaux D3Q7 et D3Q19 [36], [37]. Nous montrons en particulier comment choisir les paramètres de relaxation de sorte à obtenir des schémas exacts à l'ordre quatre, sans diffusion numérique, dont la stabilité est établie numériquement à l'aide d'une analyse de Von Neumann. Ces schémas sont de bons exemples des possibilités qu'offre la méthode MRT pour gagner en précision et en stabilité, et ce même dans un contexte non physique. Les résultats des tests présentés dans le chapitre 5 montrent que les implémentations MRT LBM donnent de meilleurs résultats que l'algorithme ADLL qui nous sert de référence.

### 1.3 Les résultats de la mise en application

Le modèle LLCH et ses diverses implémentations, à l'aide de solutions exactes et via des schémas LBM, ont été testés et comparés à des méthodes de références. Pour ce faire, nous avons utilisé deux types d'images 3D. Les premières sont des images synthétiques qui ont essentiellement permis de valider les schémas proposés, notamment en ce qui concerne la stabilité. Les secondes proviennent d'un jeu de données acquises à la Melanoma Skin Cancer Clinic, Hamilton Hill, Australie. Elles sont de taille  $300 \times 299 \times 832$  voxels, le dernier chiffre correspondant à la profondeur. La résolution latérale est de  $50 \mu m$  et la résolution en profondeur de  $25 \mu m$ . Elles ont été choisies pour être représentatives de la diversité des cas cliniques. Chacune de ces douze images a été segmentée manuellement par un dermatologue de la façon suivante. 150 contours ont été tracés suivant des plans  $x - z$  et 150 suivant des plans  $y - z$  ( $z$  est l'axe vertical). Ensuite, deux volumes 3D correspondant à ces deux jeux de contours ont été obtenus par interpolation. Pour les tests de comparaisons avec les autres méthodes, nous avons choisi un des deux volumes pour chaque image, donné par conséquent par 150 contours 2D de vérité terrain. Par ailleurs, en utilisant les deux volumes, on peut évaluer la variabilité intra-observateur de la segmentation.

Rappelons que notre préoccupation première est de pallier le défaut de sous-segmentation propre aux algorithmes de type level sets. Pour évaluer la qualité d'une segmentation par rapport à la vérité terrain ou par rapport à la variabilité intra-observateur, nous utilisons quatre indicateurs, voir 3.1.1. La sensibilité  $S$  indique dans quelle mesure le volume segmenté recouvre l'ensemble du volume de référence. La précision  $P$  indique dans quelle mesure le volume segmenté fait réellement partie du volume de référence. L'indice de Dice  $D$  est la moyenne harmonique de  $S$  et de  $P$ .  $C$  est un indicateur de la précision du volume segmenté par rapport au volume de référence. La distance mean average distance (MAD) permet de déterminer la distance moyenne du bord du volume segmenté au bord du volume de référence. Une segmentation idéale correspond à  $S = P = 1$  et  $MAD = 0$ . Au vu de ce qui précède, nous portons une attention particulière aux indicateurs  $S$ ,  $D$  et  $MAD$ .

Nous détaillons dans le chapitre 3, respectivement le chapitre 5, les résultats de nos expérimentations pour la méthode LLCH avec implémentation par solutions exactes, respectivement avec implémentation par schémas MRT LBM. Signalons simplement ici que l'implémentation avec solutions exactes augmente de manière significative, de 12%, la sensibilité par rapport à l'algorithme ADLL de référence, lorsque que le volume d'initialisation est à l'intérieur de la tumeur et de 59% lorsque le volume d'initialisation recouvre entièrement la tumeur. L'implémentation MRT LBM augmente quant à elle l'indice de Dice de 10% et la sensibilité de 25%. Ces résultats montrent bien que la méthode LLCH avec ses deux implémentations est une bonne alternative pour pallier le problème de la sous-estimation du volume.

Terminons par quelques commentaires d'ordre un peu plus technique. Pour les algorithmes LLCH avec implémentation par solutions exactes et ADLL, les pas de temps peuvent être choisis grands lors des itérations. Le volume segmenté change donc rapidement au cours de ces itérations. Le critère d'arrêt que l'on choisit alors pour les différentes méthodes est défini à partir du changement de volume entre deux étapes consécutives : si la variation de volume est inférieure à 0.001%, l'algorithme s'arrête, voir le chapitre 3. Il en va tout autrement pour l'implémentation de la méthode LLCH par schémas MRT LBM. Pour des raisons de stabilité, les pas de temps doivent être choisis petits, et le volume segmenté varie peu, notamment lors des premières itérations. On choisit alors comme critère d'arrêt pour les différentes méthodes une condition sur le changement d'énergie des fonctions de champ de phase : si la variation d'énergie est inférieure à 0.1%, l'algorithme s'arrête, voir le chapitre 5. Il est également à noter que le seul algorithme qui donne de bons

résultats concernant le changement d'initialisation, d'un contour initial à l'intérieur de la tumeur à un contour initial entourant globalement la tumeur, est la méthode LLCH avec implémentation par solutions exactes.

## 1.4 Plan du manuscrit

Le chapitre 2 est consacré à la description de la méthode LLCH ainsi qu'à son implémentation par solutions exactes. Nous décrivons précisément les deux termes, d'attache aux données et de régularisation, intervenant dans la formulation variationnelle. L'équation du flot de gradient est une équation de diffusion non linéaire dont on calcule, après un splitting de Lie, les solutions exactes. Une version multigrille est proposée afin de réduire les temps de calcul.

Dans le chapitre 3, nous commençons par préciser le protocole suivi pour les expérimentations. Ensuite nous effectuons des premiers tests sur des images synthétiques qui montrent le bien fondé de l'approche multigrille et la pertinence de considérer une interface diffuse. Pour finir, nous comparons, sur des images synthétiques et sur les images du jeu de données cliniques avec vérité terrain, la méthode LLCH avec deux méthodes de référence de la littérature, la méthode Mumford-Shah Cahn-Hilliard [21] et la méthode et la méthode ADLL [5].

Le chapitre 4 commence par des rappels sur les schémas lattice Boltzmann à simple temps de relaxation et à multiples temps de relaxation. Nous détaillons ensuite les implémentations MRT multigrille de la méthode LLCH avec les réseaux D3Q7 et D3Q19. Nous montrons comment obtenir des schémas exacts à l'ordre 4 en choisissant de façon adéquate les paramètres dits quartiques, de relaxation. La stabilité de ces schémas est validée numériquement par une analyse de type Von Neumann. Finalement, nous montrons que les schémas à simple temps de relaxation, ou schémas BGK, contrairement aux schémas MRT, sont très instables et ne peuvent en aucun cas être utilisés dans notre contexte

Les premiers tests du chapitre 5, effectués sur des tumeurs synthétiques, permettent de valider les schémas MRT LBM multigrille décrits dans le chapitre 4. Des tests de comparaisons sont ensuite menés sur les images du jeu de données cliniques.

Enfin, après une conclusion, nous exposons dans le chapitre 6 quelques perspectives de notre travail.

## 1.5 Publications issues de la thèse

L'ensemble de ces travaux a fait l'objet de deux publications et d'une communication :

- *Multi-grid phase field skin tumor segmentation in 3D ultrasound images*. K. L. Nguyen, P. Delachartre and M. Berthier, **IEEE Transactions on Image Processing**, **28**, **8**, **3678-3687**, **Aug. 2019**.
- *Multiple relaxation time lattice Boltzmann models for multi-grid phase-field segmentation of tumors in 3D ultrasound images*. K. L. Nguyen, M. M. Tekitek, P. Delachartre and M. Berthier, à paraître dans **SIAM Journal on Imaging Science**.
- *Phase field segmentation of high frequency 3D ultrasound images using log-likelihood* K. L. Nguyen, B. Sciolla, P. Delachartre and M. Berthier, in **XXVI colloque GRETSI, 2017**.

Par ailleurs, les différents tests que nous avons réalisés (avec les algorithmes ADLL, MSCH, LLCH-exact, LLCH-BE, LLCH-BGK D3Q7, LLCH-BGK D3Q19, LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19) ont impliqué environ 4000 lignes de code.

## Chapitre 2

# La méthode LLCH et son implémentation par solutions exactes

L'objectif de ce chapitre est de décrire le nouveau modèle Log-Likelihood Cahn-Hilliard (LLCH) que nous proposons pour remédier au problème de sous-segmentation du volume tumoral. Dans un premier temps, nous précisons les deux termes, d'attache aux données et de régularisation, de l'énergie considérée dans la formulation variationnelle. Le flot de gradient associé est une équation aux dérivées partielles (EDP) non linéaire dont la résolution se ramène, grâce à un splitting de Lie et modulo une transformée de Fourier, à la résolution de trois équations différentielles ordinaires (EDO). Pour des raisons pratiques liées aux contraintes de temps de calcul, nous considérons une approche multigrille.

Les points importants à retenir pour ce chapitre sont les suivants.

- Le terme d'attache aux données que nous considérons est celui introduit dans [5] pour le modèle ADLL. C'est un rapport de log-vraisemblance basé sur des estimations non paramétriques calculées avec des estimateurs de Parzen.
- Le terme de régularisation utilisé est issu d'un modèle de transitions de phase à interface diffuse qui découle de la minimisation de l'énergie de Cahn Hilliard.
- Grâce au splitting de Lie, le flot de gradient est résolu de façon exacte, ce qui permet d'éviter les discrétisations en espace et assure une stabilité inconditionnelle.
- L'approche multigrille conduit à une implémentation très efficace en terme de temps de calcul.

### 2.1 La formulation variationnelle

Nous considérons une formulation variationnelle classique dont l'énergie est donnée par :

$$E(u) = E^{DA}(u) + \alpha E^{reg}(u), \quad (2.1)$$

où  $u = u(x, t)$  désigne une fonction spatio-temporelle,  $x$  désignant le vecteur des coordonnées spatiales des images 3D et  $t$  le temps. Le terme  $E^{DA}$  est le terme d'attache aux données, ou de fidélité, et  $E^{reg}$  est le terme de régularisation. Le paramètre  $\alpha$  contrôle la régularité du contour. Dans ce travail,  $E^{DA}$  est choisi de manière à maximiser la distance log-vraisemblance entre les distributions d'intensité à l'intérieur et à l'extérieur de la tumeur. Le terme de régularisation peut être considéré comme l'aire de la surface du contour.

### 2.1.1 Le terme de régularisation

Les résultats sur la  $\Gamma$ -convergence (voir par exemple [19] et [20]) permettent d'obtenir le terme de régularisation  $\int_{\Gamma} ds$  comme la limite, lorsque  $\epsilon$  tend vers 0, de l'énergie de Cahn-Hilliard :

$$E_{\epsilon}^{CH} = \int_{\Omega} \left( \epsilon \frac{|\nabla u|^2}{2} + \frac{1}{\epsilon} W(u) \right) dx, \quad (2.2)$$

à une constante  $c_W$  multiplicative près, avec :

$$c_W = \int_0^1 W(s) ds. \quad (2.3)$$

Le flot de gradient de l'énergie de Cahn-Hilliard (2.2) dans  $L^2$ , c'est-à-dire l'équation de réaction-diffusion d'Allen-Cahn [16], s'écrit comme suit :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = \epsilon \Delta u - \frac{1}{\epsilon} W'(u), \quad (2.4)$$

où  $W$  est un potentiel à double puits, équilibré et bistable, et  $W'$  est la dérivée de  $W$  par rapport à  $u$ . Un choix classique pour ce potentiel est le polynôme  $W(u) = u^2(1-u)^2/2$ , dont les deux minima globaux, 0 et 1, correspondent aux équilibres des deux phases. Le symbole  $\Delta$  désigne l'opérateur Laplacien. Au cours du processus de séparation de phases, la fonction de champ de phases  $u$  évolue pour prendre les deux valeurs distinctes, 0 et 1, dans chacune des phases. Une interface diffuse de taille  $\epsilon$  est créée dans laquelle la fonction  $u$  varie de façon régulière entre 0 et 1. Ce processus peut être décrit plus précisément de la façon suivante, voir [38]. On vérifie que le profil  $q$  associé au potentiel  $W$ , c'est-à-dire la solution du problème de minimisation :

$$\min \left\{ \int_{-\infty}^{+\infty} \left( \frac{|\gamma'(s)|^2}{2} + W(\gamma(s)) \right) ds, \gamma \in H_{Loc}^1(\mathbb{R}), \gamma(-\infty) = 1, \gamma(+\infty) = 0, \gamma(0) = 1/2 \right\}, \quad (2.5)$$

est donné par :

$$q(s) = \frac{1}{2} - \frac{1}{2} \tanh\left(\frac{s}{2}\right). \quad (2.6)$$

Notons  $d = d(x, \Gamma_t)$  la fonction distance signée à l'interface  $\Gamma_t$ . Nous renvoyons à [39] (chapitre I.2) pour des précisions concernant la régularité de  $d$ . Signalons simplement ici que la fonction  $d$  étant 1-lipschitzienne, elle est presque partout différentiable (par le théorème de Rademacher). Si  $x$  n'est pas un point de  $\Gamma_t$  et est tel que la distance (usuelle) de  $x$  à  $\Gamma_t$  est atteinte en un seul point  $x_{\Gamma_t}$  de  $\Gamma_t$ , alors  $d$  est effectivement différentiable en  $x$  et le gradient :

$$\nabla d(x, t) = \frac{x_{\Gamma_t} - x}{d(x, t)} \quad (2.7)$$

est bien défini et vérifie l'équation eikonale :

$$\|\nabla d(x, t)\| = 1. \quad (2.8)$$

En toute généralité, l'équation eikonale précédente est mal posée, au sens où elle ne possède pas une unique solution faible. Cependant, en sélectionnant la solution de viscosité [40], on obtient une définition satisfaisante pour la mise en oeuvre algorithmique. Compte tenu de l'équation eikonale, la fonction

$$u_{\epsilon}(x, t) = q\left(\frac{d(x, \Gamma_t)}{\epsilon}\right) \quad (2.9)$$

satisfait :

$$\Delta u_\epsilon - \frac{1}{\epsilon^2} W'(u_\epsilon) = \frac{1}{\epsilon} q' \left( \frac{d(x, \Gamma_t)}{\epsilon} \right) \Delta d, \quad (2.10)$$

car  $q''(s) = W'(q(s))$  pour tout  $s$  de  $\mathbb{R}$ . Comme

$$(u_\epsilon)_t = \frac{1}{\epsilon} q' \left( \frac{d(x, \Gamma_t)}{\epsilon} \right) d_t, \quad (2.11)$$

on en déduit que l'équation d'Allen-Cahn :

$$(u_\epsilon)_t = \Delta u_\epsilon - \frac{1}{\epsilon^2} W'(u_\epsilon) \quad (2.12)$$

est une conséquence du fait que  $d$  satisfait le flot de courbure moyenne donné par  $d_t = \Delta d$ . La fonction  $u_\epsilon(x, t)$  peut être vue comme une fonction indicatrice lissée dont les variations sont localisées sur un voisinage de taille  $\epsilon$ , l'interface diffuse, de l'interface  $\Gamma_t$ . Pour la suite, notons :

$$\Omega_A = \{x : u(x, t) > 1/2, t \geq 0\}, \quad (2.13)$$

$$\Omega_B = \{x : u(x, t) < 1/2, t \geq 0\}, \quad (2.14)$$

et

$$\Gamma_t = \{x : u(x, t) = 1/2, t \geq 0\}. \quad (2.15)$$

Il est important de souligner, que compte tenu de ce qui précède, la fonction  $u$  est une bonne approximation de la fonction indicatrice de  $\Omega_A$ , et la fonction  $1 - u$  une bonne approximation de l'indicatrice de  $\Omega_B$  lorsque  $\epsilon$  est petit. Nous utiliserons plus tard les approximations suivantes :

$$|\Omega_A| = \int_{\Omega} u^2 dx + O(\epsilon^2), \quad (2.16)$$

et

$$|\Omega_B| = \int_{\Omega} (u - 1)^2 dx + O(\epsilon^2), \quad (2.17)$$

avec  $\Omega = \Omega_A \cup \Omega_B$ .

### 2.1.2 Le terme d'attache aux données

Nous allons maintenant considérer que l'image à segmenter est divisée en deux régions. La première, noté  $\Omega_A$ , est la région d'intérêt correspondant par exemple à la phase 1 et la seconde,  $\Omega_B$ , est l'arrière-plan correspondant à l'autre phase 0. On suppose que les distributions d'intensité dans  $\Omega_A$  et  $\Omega_B$  sont différentes. Suivant [5], l'hypothèse de vraisemblance  $H_1$  : "les distributions des intensités  $I(x)$  dans les deux régions  $\Omega_A$  et  $\Omega_B$  sont des variables aléatoires i.i.d. avec différentes distributions  $P_A$  et  $P_B$ " est comparée à l'hypothèse nulle  $H_0$  : "toutes les intensités dans  $\Omega_A$  et  $\Omega_B$  sont des variables aléatoires i.i.d. d'une seule distribution  $P_{\Omega_A \cup \Omega_B}$ ". Le terme d'attache aux données de l'énergie (2.2) correspond au rapport de log-vraisemblance des deux hypothèses, cet dernier étant donné par :

$$LL = \log \left( \frac{\prod_{x \in \Omega_A} P_A(I(x)) \prod_{x \in \Omega_B} P_B(I(x))}{\prod_{x \in \Omega_A \cup \Omega_B} P_{x \in \Omega_A \cup \Omega_B}} \right), \quad (2.18)$$

ou encore :

$$LL = \sum_{x \in \Omega_A} \log P_A(I(x)) + \sum_{x \in \Omega_B} \log P_B(I(x)) + c, \quad (2.19)$$

où  $c$  est une constante qui n'entre pas en considération dans le processus de minimisation. Dans la suite, les distributions  $P_A$  et  $P_B$  sont estimées à l'aide d'estimations non paramétriques notées  $\hat{P}_A$  et  $\hat{P}_B$ . Plus précisément :

$$\hat{P}_A(I) = \frac{\int_{\Omega} u^2 K_{\sigma}(I(x) - I) dx}{\int_{\Omega} u^2 dx}, \quad (2.20)$$

$$\hat{P}_B(I) = \frac{\int_{\Omega} (u - 1)^2 K_{\sigma}(I(x) - I) dx}{\int_{\Omega} (u - 1)^2 dx}, \quad (2.21)$$

sont des estimations de Parzen [41], [14] impliquant la fonction de champ de phase  $u$  et  $K_{\sigma}$ , un noyau gaussien d'écart-type  $\sigma$ .

D'après le théorème d'équipartition asymptotique [42], nous pouvons remplacer le terme :

$$(1/|\Omega_A| \sum_{x \in \Omega_A} \log P_A(I(x))), \quad (2.22)$$

par l'entropie :

$$\sum_I P_A(I) \log P_A(I), \quad (2.23)$$

et de même pour  $P_B$ ,  $\hat{P}_A$  et  $\hat{P}_B$ . Un calcul simple montre que :

$$\sum_I \hat{P}_A(I) \log \hat{P}_A(I) = (1/|\Omega_A|) \sum_{x \in \Omega_A} \log \hat{P}_A(I(x)) \quad (2.24)$$

$$= Div_{KL}(\hat{P}_A || P_A) + \sum_I P_A(I) \log P_A(I), \quad (2.25)$$

où  $Div_{KL}$  désigne la divergence de Kullback-Leibler. Par conséquent, nous pouvons considérer que le rapport de log-vraisemblance  $LL$  impliqué dans le terme d'attache aux données peut être écrit comme suit :

$$LL = S_A + S_B \quad (2.26)$$

avec

$$S_A = |\Omega_A| \sum_I \hat{P}_A(I) \log \hat{P}_A(I), \quad S_B = |\Omega_B| \sum_I \hat{P}_B(I) \log \hat{P}_B(I) \quad (2.27)$$

où  $|\Omega_A| = \int_{\Omega_A} dx$  et  $|\Omega_B| = \int_{\Omega_B} dx$ .

Dans la suite nous supposons que  $\sigma$  est petit de sorte que

$$K_{\sigma}(I(x) - I) dx \simeq \delta(I(x) - I) dx \quad (2.28)$$

où  $\delta$  désigne la distribution de Dirac.

### 2.1.3 Le flot de gradient

Nous reprenons ici le calcul de [5] pour déterminer le flot de gradient minimisant l'énergie que nous considérons.

**Proposition 2.1.1** *Sous les hypothèses suivantes :*

$$\hat{P}_A(I) = \frac{\int_{\Omega} u^2 \delta(I(x) - I) dx}{\int_{\Omega} u^2 dx}, \quad \hat{P}_B(I) = \frac{\int_{\Omega} (u-1)^2 \delta(I(x) - I) dx}{\int_{\Omega} (u-1)^2 dx}, \quad (2.29)$$

$$|\Omega_A| = \int_{\Omega} u^2 dx, \quad |\Omega_B| = \int_{\Omega} (u-1)^2 dx, \quad (2.30)$$

le flot de gradient de l'énergie

$$E_{\epsilon}(u) = -LL(u) + \frac{\mu}{c_W} E_{\epsilon}^{CH}, \quad (2.31)$$

est donné par :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = 2u \log \hat{P}_A(I(x)) + 2(u-1) \log \hat{P}_B(I(x)) + \frac{\mu}{c_W} \left( \epsilon \Delta u - \frac{1}{\epsilon} W'(u) \right). \quad (2.32)$$

*Preuve.* Il suffit de calculer la dérivée fonctionnelle  $\delta S_A / \delta u$  avec  $S_A$  donné par la formule (2.27). Nous avons :

$$\frac{\delta S_A}{\delta u} = \frac{\delta |\Omega_A|}{\delta u} \sum_I \hat{P}_A(I) \log \hat{P}_A(I) + |\Omega_A| \sum_I \frac{\delta \hat{P}_A(I)}{\delta u} \log \hat{P}_A(I) + |\Omega_A| \sum_I \frac{\delta \hat{P}_A(I)}{\delta u} \quad (2.33)$$

Comme  $|\Omega_A| = \int_{\Omega_A} dx = \int_{\Omega} u^2 dx$ , et  $K_{\lambda}(I(x) - I) = \delta(I(x) - I)$ , où  $\delta$  est la distribution de Dirac, alors :

$$|\Omega_A| \hat{P}_A(I) = \int u^2 \delta(I(x) - I) dx, \quad (2.34)$$

$$\frac{\delta |\Omega_A|}{\delta u} \hat{P}_A(I) + |\Omega_A| \frac{\delta \hat{P}_A(I)}{\delta u} = 2u \delta(I(x) - I), \quad (2.35)$$

et

$$|\Omega_A| \frac{\delta \hat{P}_A(I)}{\delta u} = 2u \left( \delta(I(x) - I) - \hat{P}_A(I) \right) \quad (2.36)$$

Par conséquent, nous obtenons :

$$\frac{\delta S_A}{\delta u} = 2u \sum_I \hat{P}_A(I) \log \hat{P}_A(I) + \quad (2.37)$$

$$\sum_I 2u \left( \delta(I(x) - I) - \hat{P}_A(I) \right) \log \hat{P}_A(I) + \sum_I 2u \left( \delta(I(x) - I) - \hat{P}_A(I) \right), \quad (2.38)$$

et :

$$\frac{\delta S_A}{\delta u} = 2u \sum_I \delta(I(x) - I) \log \hat{P}_A(I) + 2u \sum_I \delta(I(x) - I) - 2u \sum_I \hat{P}_A(I). \quad (2.39)$$

Nous avons par ailleurs :

$$\sum_I \delta(I(x) - I) \log \hat{P}_A(I) \simeq \delta * \log \hat{P}_A(I(x)) = \log \hat{P}_A(I(x)), \quad (2.40)$$

et :

$$\sum_I \delta(I(x) - I) \simeq \delta * 1 = 1, \quad \sum_I \hat{P}_A(I) = 1. \quad (2.41)$$

Cela signifie que :

$$\frac{\delta S_A}{\delta u} = -2u \log \hat{P}_A(I(x)). \quad (2.42)$$

Nous obtenons de la même manière :

$$\frac{\delta S_B}{\delta u} = -2(u - 1) \log \hat{P}_B(I(x)), \quad (2.43)$$

ce qui termine la preuve.

Puisque notre problème de minimisation n'est pas convexe, le flot de gradient converge vers un minimum local qui dépend de l'initialisation. Le flot (2.32) peut s'écrire sous la forme d'une équation de diffusion non linéaire :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = \nabla \cdot (\mathcal{K} \nabla u) + F, \quad (2.44)$$

dont le coefficient de diffusion  $\mathcal{K}$  est donné par :

$$\mathcal{K} = \frac{\varepsilon \mu}{c_W}, \quad (2.45)$$

et le terme source  $F$  par :

$$F = 2u \log \hat{P}_A(I(x)) + 2(u - 1) \log \hat{P}_B(I(x)) - \frac{\mu}{c_W} \frac{1}{\varepsilon} W'(u). \quad (2.46)$$

## 2.2 L'implémentation multigrille

Comme nous l'avons déjà signalé dans l'introduction, les images 3D du jeu de données cliniques que nous avons à traiter sont de très grande taille :  $300 \times 299 \times 832$  voxels. Pour les applications médicales, les temps de calcul doivent être aussi proches que possible du temps réel. Pour prendre en compte cette double contrainte, nous proposons une approche multigrille. L'image est décomposée en cellules de taille  $a$  dont les coordonnées sont notées  $\bar{x}$ . Nous notons  $\Omega_{\bar{x}} = \{x \in \bar{x}\}$ ,  $\hat{P}_{\bar{x}}$  l'estimateur de Parzen de la distribution d'intensité dans le volume  $\Omega_{\bar{x}}$  et  $\bar{u} = u(\bar{x}, t)$ .

### 2.2.1 Le flot de gradient multigrille

Le flot multigrille s'obtient directement à partir de l'équation (2.32). Plus précisément, on a la proposition suivante.

**Proposition 2.2.1** *Sous les hypothèses suivantes (théorème d'équipartition asymptotique) :*

$$\sum_{x \in \bar{x}} \log \hat{P}_A(I(x)) = \sum_I |\Omega_{\bar{x}}| P_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_A(I), \quad (2.47)$$

$$\sum_{x \in \bar{x}} \log \hat{P}_B(I(x)) = \sum_I |\Omega_{\bar{x}}| P_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_B(I), \quad (2.48)$$

l'équation du flot de gradient multigrille est donnée par :

$$\frac{\partial \bar{u}}{\partial t} / |\Omega_{\bar{x}}| = \quad (2.49)$$

$$2\bar{u} \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_A(I) + 2(\bar{u} - 1) \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_B(I) + \frac{\mu}{c_W} \left( \frac{\varepsilon}{a^2} \bar{\Delta} \bar{u} - \frac{1}{\varepsilon} W'(\bar{u}) \right), \quad (2.50)$$

où  $\bar{\Delta}$  est l'opérateur Laplacien à l'échelle  $a$ .

*Preuve.* En écrivant  $(\delta E_\varepsilon / \delta \bar{u})(\bar{u}) = |\Omega_{\bar{x}}| (\delta E_\varepsilon / \delta u)(\bar{u})$ , on obtient :

$$\frac{\partial \bar{u}}{\partial t} = |\Omega_{\bar{x}}| \left( \frac{\delta S_A}{\delta u}(\bar{u}) + \frac{\delta S_B}{\delta u}(\bar{u}) + \frac{\mu}{c_W} \left( \varepsilon \Delta \bar{u} - \frac{1}{\varepsilon} W'(\bar{u}) \right) \right). \quad (2.51)$$

On a par ailleurs :

$$|\Omega_{\bar{x}}| \frac{\delta S_A}{\delta u}(\bar{u}) = 2\bar{u} \left( \sum_{x \in \bar{x}} \log \hat{P}_A(I(x)) \right), \quad (2.52)$$

et de même pour  $S_B$ . En utilisant :

$$\sum_{x \in \bar{x}} \log \hat{P}_A(I(x)) = \sum_I |\Omega_{\bar{x}}| P_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_A(I), \quad (2.53)$$

on en déduit :

$$\frac{\delta S_A}{\delta u}(\bar{u}) = 2\bar{u} \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_A(I), \quad (2.54)$$

et :

$$\frac{\delta S_B}{\delta u}(\bar{u}) = 2(\bar{u} - 1) \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_B(I), \quad (2.55)$$

ce qui termine la preuve.

De même que précédemment, on obtient une équation de diffusion non linéaire dont le terme source est :

$$F = |\Omega_{\bar{x}}| \left( 2\bar{u} \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_A(I) + 2(\bar{u} - 1) \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_B(I) - \frac{\mu}{c_W} \frac{1}{\varepsilon} W'(\bar{u}) \right), \quad (2.56)$$

et le coefficient de diffusion est :

$$\mathcal{K} = \frac{|\Omega_{\bar{x}}| \varepsilon \mu}{a^2 c_W}. \quad (2.57)$$

La dynamique de ce flot fait décroître l'énergie vers un minimum local qui dépend de l'initialisation. Dans le même temps l'énergie  $L^2$  de la solution peut augmenter si la condition initiale est située à l'intérieur de la tumeur. La figure 2.1 illustrent ces commentaires pour l'image synthétique représentée sur la figure 3.5a. Pour cet exemple, le minimum local est atteint après environ 7 itérations.

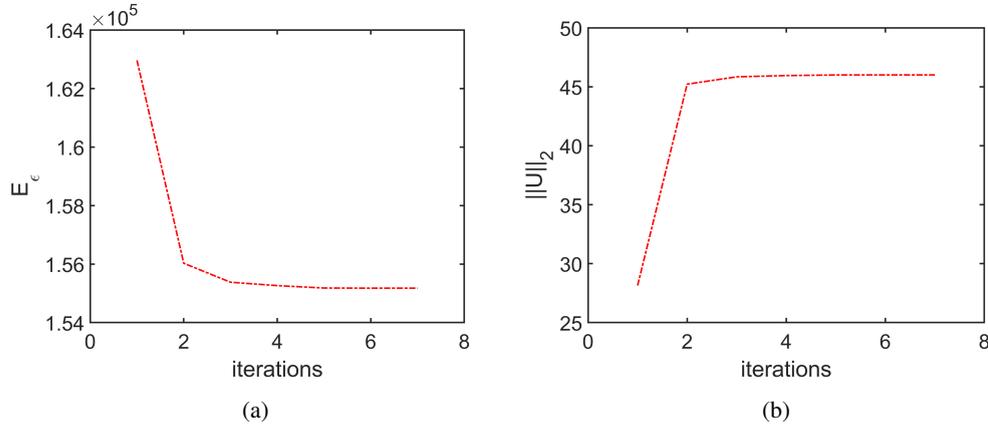


FIGURE 2.1 – (a) Énergie  $E_\epsilon$  en fonction du temps, (b) Énergie  $L^2$  de la solution en fonction du temps (initialisation à l'intérieur de la tumeur).

## 2.2.2 La résolution exacte par splitting de Lie

L'équation 2.50 se compose de trois termes différents : le terme linéaire de diffusion, le terme non linéaire de réaction associé à la dérivée du potentiel à double puits et le terme d'attache aux données de la log-vraisemblance. Ainsi, on peut réécrire le problème considéré sous la forme :

$$\begin{cases} \frac{\partial \bar{u}}{\partial t} &= H_A \bar{u} - H_B + D\bar{u} + C(\bar{u}) \\ \bar{u}(x, 0) &= \bar{u}_0(x) \end{cases} \quad (2.58)$$

en introduisant les notations suivantes.

— Les termes :

$$H_A = 2|\Omega_{\bar{x}}| \sum_I P_{\bar{x}}(I) \log \left( \hat{P}_A(I) (\hat{P}_B(I)) \right) \quad (2.59)$$

et

$$H_B = 2|\Omega_{\bar{x}}| \sum_I P_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_B(I) \quad (2.60)$$

sont associés à l'attache aux données.

—  $D$  est l'opérateur de diffusion :

$$D = \frac{|\Omega_{\bar{x}}| \varepsilon \mu}{a^2 c_W} \bar{\Delta}. \quad (2.61)$$

—  $C$  désigne le terme de réaction :

$$C(\bar{u}) = -\frac{|\Omega_{\bar{x}}| \mu}{\varepsilon c_W} W'(\bar{u}). \quad (2.62)$$

Compte tenu de la forme de ce problème, nous pouvons utiliser la méthode du splitting de Lie [43] pour le résoudre. Cette méthode a été développée dans les années 70 et 80, voir par exemple [44], [45] et [46] pour plus d'informations. On considère alors le flot :

$$L(t)\bar{u}_0 = e^{Dt} R(t) S(t) \bar{u}_0 \quad (2.63)$$

où  $S(t)$  est le flot de l'équation d'attache aux données :

$$\frac{\partial \bar{u}}{\partial t} = H_A \bar{u} - H_B, \quad (2.64)$$

$R(t)$  est le flot de l'équation de réaction :

$$\frac{\partial \bar{u}}{\partial t} = C(\bar{u}), \quad (2.65)$$

et  $e^{Dt}$  le flot de l'équation de diffusion :

$$\frac{\partial \bar{u}}{\partial t} = D\bar{u}. \quad (2.66)$$

En utilisant la transformée de Fourier, cette dernière équation (2.66) se transforme en une équation différentielle ordinaire (EDO). Finalement, grâce au splitting de Lie, le problème initial (2.58) se ramène à la résolution de trois EDO. Après discrétisation en temps, l'erreur due au splitting est donnée par :

$$\bar{u}(t^{n+1}) - e^{D\delta t}R(\delta t)S(\delta t)\bar{u}(t^n) = \delta t\rho_n, \quad (2.67)$$

où  $\rho_n$  est de la forme

$$\rho_n = \Lambda\bar{u}(t^n) + O(\delta t^2). \quad (2.68)$$

Dans cette dernière équation,  $\Lambda$  est un coefficient calculé à partir des commutateurs des opérateurs  $H_A\bar{u} - H_B$ ,  $D\bar{u}$  et  $C(\bar{u})$ . Comme dans notre cas ces commutateurs ne sont pas nuls, l'erreur est d'ordre 1 en  $\delta t$ . Cependant, un des avantages majeurs de notre modèle est que les trois EDO résultant du splitting peuvent être résolues de façon exacte, ce qui évite la propagation d'erreurs commises lors de la résolution de chacune de ces équations.

### Solutions exactes de l'équation d'attache aux données

En supposant que :

$$T_A(\bar{x}) = 2 \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log(\hat{P}_A(I)\hat{P}_B(I)), \quad (2.69)$$

et

$$T_B(\bar{x}) = 2 \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log(\hat{P}_B(I)), \quad (2.70)$$

sont constants dans un intervalle de temps discret  $[t_n, t_{n+1}]$ , la première EDO peut s'écrire :

$$\frac{\partial \bar{u}}{\partial t} = \bar{u}(\bar{x}, t)H_A(\bar{x}) - H_B(\bar{x}), \quad (2.71)$$

où  $H_A = |\Omega_{\bar{x}}|T_A$  et  $H_B = |\Omega_{\bar{x}}|T_B$ . Les solutions sont données par :

$$\bar{u}(\bar{x}, t) = \left( \bar{u}_0(\bar{x}) - \frac{T_B(\bar{x})}{T_A(\bar{x})} \right) e^{H_A(\bar{x})t} + \frac{T_B(\bar{x})}{T_A(\bar{x})}, \quad (2.72)$$

avec  $\bar{u}_0(\bar{x}) = \bar{u}(\bar{x}, 0)$ . En écrivant  $t_{n+1} = t_n + \delta t$ , cela conduit à l'équation discrétisée en temps :

$$U^{n+1}(\bar{x}) = \left( U^n(\bar{x}) - \frac{T_B(\bar{x})}{T_A(\bar{x})} \right) e^{H_A(\bar{x})\delta t} + \frac{T_B(\bar{x})}{T_A(\bar{x})}, \quad (2.73)$$

où  $U^n(\bar{x}) \approx \bar{u}(\bar{x}, t^n)$ .

### Solutions exactes de l'équation de réaction

En utilisant  $W'(\bar{u}) = \bar{u}(1 - \bar{u})(1 - 2\bar{u})$ ,  $\bar{u} \in [0, 1]$ , nous avons :

$$\frac{\partial \bar{u}}{\partial t} = -\frac{|\Omega_{\bar{x}}|\mu}{\epsilon c_W} (\bar{u}(1 - \bar{u})(1 - 2\bar{u})). \quad (2.74)$$

Cette équation a trois solutions stationnaires données par  $\bar{u}(\bar{x}, t) = 0, 1/2, 1$ . Des calculs simples montrent que les autres solutions de (2.74) sont données par :

$$\begin{cases} \bar{u}(\bar{x}, t) = 1/2 & \text{si } \bar{u}_0(\bar{x}) = 1/2 \\ \bar{u}(\bar{x}, t) = \frac{\sqrt{1 + 4c(t, \epsilon, \bar{u}_0)} + 1}{2\sqrt{1 + 4c(t, \epsilon, \bar{u}_0)}} & \text{si } \bar{u}_0(\bar{x}) > 1/2 \\ \bar{u}(\bar{x}, t) = 1 - \frac{\sqrt{1 + 4c(t, \epsilon, \bar{u}_0)} + 1}{2\sqrt{1 + 4c(t, \epsilon, \bar{u}_0)}} & \text{si } \bar{u}_0(\bar{x}) < 1/2 \end{cases} \quad (2.75)$$

où :

$$c(t, \epsilon, \bar{u}_0(\bar{x})) = \frac{\bar{u}_0(\bar{x})(1 - \bar{u}_0(\bar{x}))}{(1 - 2\bar{u}_0(\bar{x}))^2} \exp\left(-\frac{\mu|\Omega_{\bar{x}}|t}{\epsilon c_W}\right). \quad (2.76)$$

Comme précédemment, on note  $t_{n+1} = t_n + n\delta_t$  et  $U^n(\bar{x}) \approx \bar{u}(\bar{x}, t^n)$ . Soit

$$g_C^+ = \frac{\sqrt{1 + 4C} + 1}{2\sqrt{1 + 4C}}, \quad (2.77)$$

et

$$g_C^- = 1 - \frac{\sqrt{1 + 4C} + 1}{2\sqrt{1 + 4C}}, \quad (2.78)$$

avec

$$C = U^n(1 - U^n)/(1 - 2U^n)^2 \exp\left(-\frac{\mu|\Omega_{\bar{x}}|\delta t}{\epsilon c_W}\right). \quad (2.79)$$

La formulation itérative obtenue à partir de (2.75) est donnée par :

$$U^{n+1} = \frac{1}{2}\mathcal{X}_{\{U^n=1/2\}} + g_C^+\mathcal{X}_{\{U^n>1/2\}} + g_C^-\mathcal{X}_{\{U^n<1/2\}}, \quad (2.80)$$

où  $\mathcal{X}_S$  est la fonction indicatrice de l'ensemble  $S$ .

### Solutions exactes de l'équation de diffusion

L'équation 2.66 est résolue avec des conditions périodiques et la fonction  $\bar{u}$  est décomposée en série de Fourier :

$$\bar{u} = \sum_{\bar{k} \in \mathbb{Z}^3} \hat{u}(\bar{k}, t) \exp(2i\pi\bar{k} \cdot \bar{x}), \quad (2.81)$$

où  $\hat{u}(\bar{k}, .)$  désigne les coefficients de Fourier qui sont déterminés d'après la formule suivante :

$$\hat{u}(\bar{k}, t) = \int \bar{u}(\bar{x}, t) \exp(-2i\pi\bar{k} \cdot \bar{x}) d\bar{x}. \quad (2.82)$$

Notons  $\bar{u}_N$  les approximations linéaires de  $\bar{u}$  obtenues en ne conservant que les  $N^3$  premiers coefficients de Fourier de  $\bar{u}$  :

$$\bar{u}_N(\bar{x}, t) = \sum_{k_{\bar{x}_1}, k_{\bar{x}_2}, k_{\bar{x}_3} = -N/2}^{N/2-1} \widehat{u}(\bar{k}, t) \exp(2i\pi\bar{k} \cdot \bar{x}). \quad (2.83)$$

Le calcul des  $\widehat{u}(\bar{k}, \cdot)$  est effectué en pratique à l'aide de la transformée de Fourier discrète de la fonction échantillonnée  $\bar{u}_N$ . Le calcul de l'opérateur de diffusion se fait de manière exacte en multipliant chacun de ces coefficients par  $\exp(-4\pi^2|\Omega_{\bar{x}}|\frac{\epsilon\mu}{c_W})$ . On a donc :

$$e^{\Delta t} \bar{u}_N = \sum_{k_{\bar{x}_1}, k_{\bar{x}_2}, k_{\bar{x}_3} = -N/2}^{N/2-1} \exp(-4\pi^2|\Omega_{\bar{x}}|\frac{\epsilon\mu}{c_W}) \widehat{u}(\bar{k}, t)(t) \exp(2i\pi\bar{k} \cdot \bar{x}). \quad (2.84)$$

L'équation 2.66 dans le domaine de Fourier est l'EDO :

$$\frac{\partial \widehat{u}}{\partial t} = -4\pi^2|\Omega_{\bar{x}}|\frac{\epsilon\mu}{c_W} \left| \frac{\bar{k}}{a} \right|^2 \widehat{u}, \quad (2.85)$$

avec  $\bar{k} = (k_{\bar{x}_1}, k_{\bar{x}_2}, k_{\bar{x}_3})$  la variable de Fourier,  $\widehat{u} = \widehat{u}(\bar{k}, t)$  et :

$$\left| \frac{\bar{k}}{a} \right|^2 = (k_{\bar{x}_1}/a)^2 + (k_{\bar{x}_2}/a)^2 + (k_{\bar{x}_3}/a)^2. \quad (2.86)$$

Les solutions sont données par :

$$\widehat{u}(\bar{k}, t) = \widehat{u}(\bar{k}, 0) \exp\left(-4\pi^2|\Omega_{\bar{x}}|\frac{\epsilon\mu}{c_W} \left| \frac{\bar{k}}{a} \right|^2 t\right), \quad (2.87)$$

et conduisent à l'équation itérative :

$$U^{n+1} = IFFT(G(\bar{k})FFT(U^n)), \quad (2.88)$$

où, comme ci-dessus,  $t_{n+1} = t_n + n\delta t$ ,  $U^n(\bar{x}) \approx \bar{u}(\bar{x}, t^n)$ , et :

$$G(\bar{k}) = \exp\left(-4\pi^2|\Omega_{\bar{x}}|\frac{\epsilon\mu}{c_W} \left| \frac{\bar{k}}{a} \right|^2 \delta t\right). \quad (2.89)$$

Dans (2.88), FFT (resp. IFFT) désigne la transformée de Fourier rapide (resp. la transformée de Fourier rapide inverse).

### 2.2.3 L'algorithme LLCH-exact

Le nouvel algorithme que nous proposons, par résolution exacte à partir du splitting de Lie du flot de gradient multigrille du modèle LLCH, est décrit dans l'Algorithme 1.

#### Algorithme 1 : segmentation LLCH-exact

- 
1. **Input** :  $U^{n=0}$ ,  $\delta t$ ,  $\epsilon$ ,  $\alpha$  and  $I$
  2. **For** :  $n = 1, \dots$ , until convergence **do**

3. Flot du terme d'attache aux données, (2.73) :

$$U^n \leftarrow \left( U^n - \frac{T_B}{T_A} \right) \exp(2|\Omega_{\bar{x}}|T_A\delta t) + \frac{T_B}{T_A}$$

4. Flot du terme de réaction, (2.80) :

$$U^n \leftarrow \frac{1}{2} \mathcal{X}_{\{U^n=1/2\}} + g_C^+ \mathcal{X}_{\{U^n>1/2\}} + g_C^- \mathcal{X}_{\{U^n<1/2\}}$$

5. Flot du terme de diffusion, (2.88) :

$$U^{n+1} = IFFT(G(k)FFT(U^n))$$

6. **End for**

7. **Output** :  $U^{n+1}$

L'initialisation  $U^0 \approx \bar{u}(\bar{x}, 0)$  est choisie comme la fonction indicatrice du volume d'initialisation. Il est important de souligner que cet algorithme n'utilise pas de discrétisation en espace pour la résolution des trois EDO qu'il met en oeuvre. En particulier, l'utilisation de la transformée de Fourier évite d'avoir à discrétiser spatialement l'opérateur laplacien par des éléments finis. L'algorithme est donc inconditionnellement stable.

## 2.3 Conclusion

Nous avons proposé un nouveau modèle pour la segmentation de tumeurs cutanées dans des images 3D UHF à partir d'une formulation variationnelle dont le terme de régularisation est donné par l'énergie de Cahn-Hilliard. Nous avons décrit le flot de gradient multigrille associé au problème de minimisation ainsi qu'une implémentation par solutions exactes utilisant un splitting de Lie. Le schéma est inconditionnellement stable et très facilement programmable. Dans le chapitre suivant, l'algorithme LLCH-exact est évalué quant à ses performances en termes de temps de calcul et de précision de segmentation. Des tests comparatifs avec des méthodes de référence de l'état de l'art sont réalisés à partir des images du jeu de données cliniques.

## Chapitre 3

# L'algorithme LLCH-exact : évaluation et tests comparatifs

Ce chapitre est consacré à l'étude des performances de l'algorithme LLCH-exact décrit dans le chapitre précédent. Dans un premier temps, nous précisons le protocole expérimental ainsi que les indicateurs de performance utilisés. Des premiers tests sont ensuite proposés pour illustrer les avantages de l'approche multigrille et la pertinence de considérer une interface diffuse. Ensuite, nous comparons les résultats obtenus avec l'algorithme LLCH-exact à ceux obtenus avec deux algorithmes de référence de l'état de l'art, les algorithmes ADLL[5], et MSCH [21], en utilisant des images de synthèse. Les algorithmes ADLL et LLCH partagent le même terme d'attache aux données alors que les algorithmes MSCH et LLCH partagent le même terme de régularisation. Nous décrivons ensuite les résultats obtenus à partir des images du jeu de données cliniques pour lesquelles nous disposons d'une vérité terrain fournie par des dermatologues.

Les points importants à retenir pour ce chapitre sont les suivants.

- L'approche multigrille permet d'améliorer de façon très significative les temps de calcul sans affecter les résultats de la segmentation.
- La taille de l'interface diffuse est un facteur important qui permet de contrôler la géométrie de la segmentation.
- Les tests comparatifs montrent que l'algorithme LLCH-exact est une bonne solution pour traiter le problème de la sous-segmentation du volume tumoral et qu'il est, de plus, le seul algorithme robuste aux changements d'initialisation d'un contour initial à l'intérieur de la tumeur à un contour initial entourant globalement la tumeur.

### 3.1 L'évaluation de l'algorithme LLCH-exact

Nous commençons par donner quelques précisions sur le processus global de segmentation et sur les indicateurs de performance utilisés.

#### 3.1.1 Le protocole expérimental et les indicateurs de performance

Le processus de segmentation prend comme donnée en entrée l'enveloppe log-compressée du signal radiofréquence fournie par les systèmes d'acquisition à ultrasons. À gauche de la figure 3.1, se trouve une image 3D UHF d'une tumeur de la peau visible sous la forme d'une zone

hypoéchogène et inhomogène dans le derme. À droite, se trouve le résultat de la segmentation, le volume tumoral est en bleu. L'axe  $z$  indique la profondeur de la peau et les coordonnées  $(x, y)$  décrivent les plans parallèles à la surface de l'épiderme. La zone noire au-dessus de l'épiderme est le gel appliqué sur la peau lors l'acquisition.

Le processus se déroule comme suit :

- Un volume d'initialisation est sélectionné par l'utilisateur ; il s'agit du volume jaune.
- L'algorithme LLCH-exact fournit une segmentation à une échelle grossière.
- Le contour obtenu est interpolé à l'échelle (résolution) d'origine et lissé.

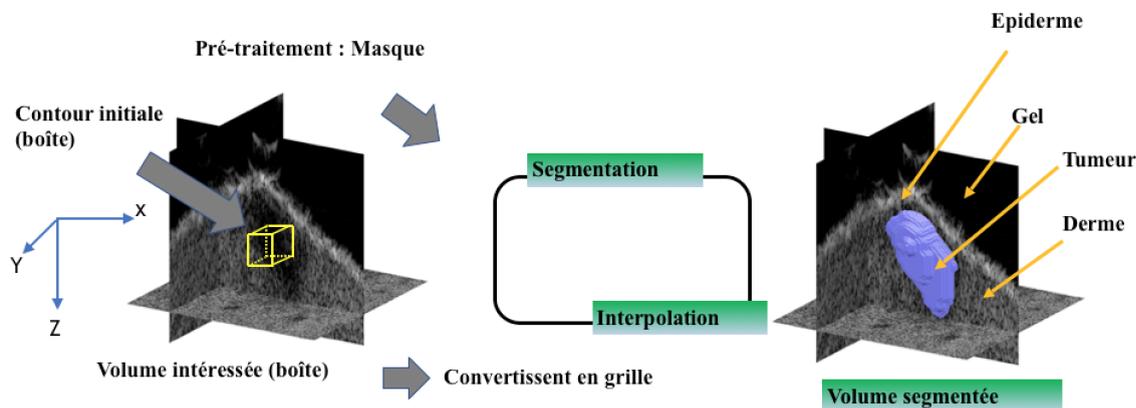


FIGURE 3.1 – Le processus de segmentation

Dans ce chapitre et dans les suivants, nous utilisons quatre indicateurs de performance [47], [48]. Ils ont été choisis parce qu'ils permettent de rendre compte des résultats au vu de notre but initial qui est, rappelons-le, de proposer un algorithme permettant de pallier le problème de la sous-segmentation du volume tumoral. Ces indicateurs supposent qu'un volume de référence  $R$  soit disponible. Rappelons que dans les expériences que nous proposons, pour chacune des images 3D du jeu de données cliniques, 150 contours de référence ont été dessinés par un dermatologue dans les plans  $(x, z)$  ( $z$  étant l'axe vertical) pour interpoler un premier volume de référence  $R_1$ , et 150 contours ont été dessinés dans les plans  $(y, z)$  pour interpoler un second volume de référence  $R_2$ .

Les quatre indicateurs de performance sont les suivants,  $R$  étant le volume de référence et  $\Omega$  le volume segmenté.

- La sensibilité  $S$ , définie par :

$$S(\Omega, R) = |\Omega \cap R|/|R|, \quad (3.1)$$

indique dans quelle mesure le volume segmenté recouvre l'ensemble du volume de référence.

- La précision  $P$ , définie par :

$$P(\Omega, R) = |\Omega \cap R|/|\Omega|, \quad (3.2)$$

indique dans quelle mesure le volume segmenté fait réellement partie du volume de référence.

- L'indice de Dice  $D$ , la moyenne harmonique de  $S$  et de  $P$  :

$$D(\Omega, R) = 2|\Omega \cap R|/(|\Omega| + |R|), \quad (3.3)$$

est un indicateur de la qualité de la segmentation prenant en compte le volume de référence.

- La distance mean average distance (MAD) permet de déterminer la distance moyenne du bord du volume segmenté au bord du volume de référence. Elle est définie de la façon suivante, en notant  $N(\partial\Omega)$  et  $N(\partial R)$  le nombre de voxels sur la frontière  $\partial\Omega$  du volume segmenté et sur la frontière du volume de référence  $\partial R$  :

$$\text{MAD}(\Omega, R) = \sum_{x \in \partial\Omega} \frac{d(x|R)}{2N(\partial\Omega)} + \sum_{x \in \partial R} \frac{d(x|\Omega)}{2N(\partial R)}. \quad (3.4)$$

Dans cette définition,  $d(x|R) = \min_{x' \in \partial R} \|x' - x\|$ , est la distance du point  $x$  au bord  $\partial R$ , et de même en remplaçant  $R$  par  $\Omega$ . La distance MAD est mesurée en  $\mu m$  (1 pixel =  $50\mu m$ ).

Une segmentation idéale correspond à  $S = P = 1$  et  $MAD = 0$ . Compte tenu de notre problématique, nous portons une attention particulière aux indicateurs  $S$ ,  $D$  et  $MAD$ .

### 3.1.2 Influence de la taille de la grille

Nous utilisons ici les 12 images du jeu de données cliniques. Elles sont de taille  $300 \times 299 \times 832$ , soit environ 75 millions voxels. La plus grande région d'intérêt est de taille  $232 \times 180 \times 226$ , soit environ 9 millions de voxels. Nous considérons 50 valeurs d'échantillonnage de  $I$  entre 0 et  $\max(I_x)$ . La zone de gel (zone noire au-dessus de l'épiderme, voir la figure 3.1) est retirée avant segmentation. L'algorithme s'arrête lorsque le changement de volume entre deux étapes consécutives est inférieur à 0,001 % du volume segmenté. Ceci s'applique à tous les tests et à toutes les méthodes décrites ci-après. Les paramètres sont choisis comme suit : pour une échelle fixe  $a$ ,  $\mu \in [0.02, 2.4]$ ,  $\delta t \in [0.1, 1]$  et  $\epsilon \in [1/\mathcal{N}, 4/\mathcal{N}]$  où  $\mathcal{N} = \max(N_x, N_y, N_z)$  ( $N_x, N_y, N_z$  correspondent à la dimension de l'image en  $x, y$  et  $z$ ). Ces paramètres sont ajustés de manière adaptative afin de maximiser l'indice Dice.

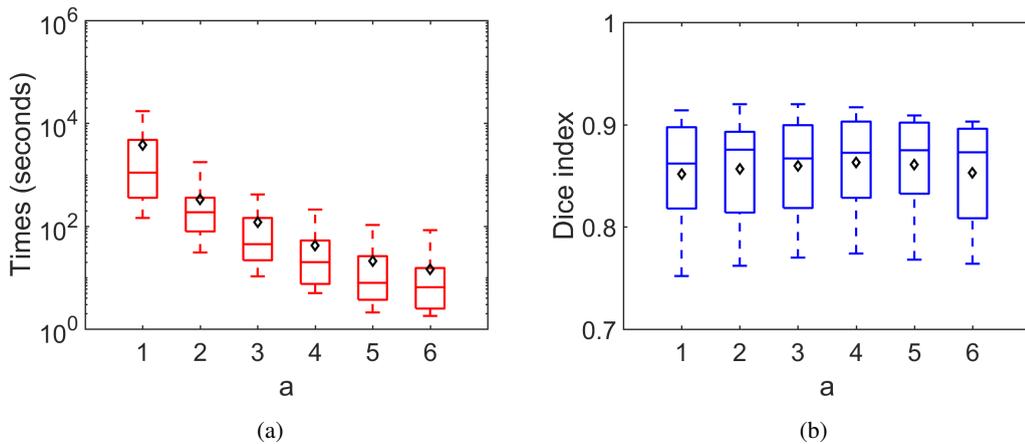
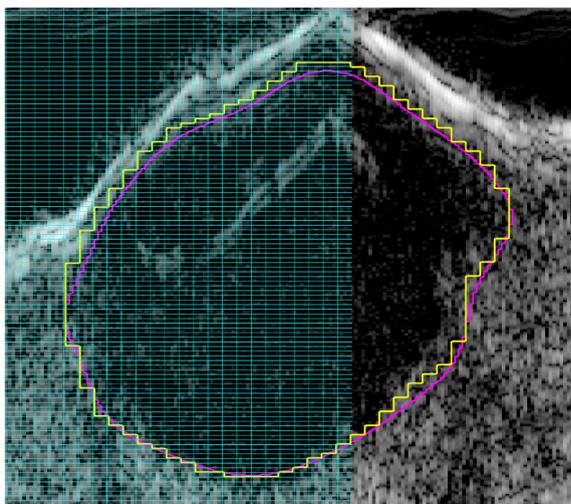


FIGURE 3.2 – Résultats de la segmentation avec l'algorithme LLCH-exact (images du jeu de données cliniques) pour différentes tailles  $a$  de grille : (a) Temps de segmentation. (b) Indice de Dice  $D(\Omega, R)$

La figure 3.2 montre les évolutions du temps de calcul moyen et de l'indice de Dice moyen par rapport à la taille  $a$  de la grille. Le temps moyen décroît rapidement à mesure que  $a$  augmente et devient acceptable pour  $a = 4$ . Un facteur d'accélération de 90 est obtenu par rapport à la grille fine de taille  $a = 1$ . L'indice de Dice moyen reste presque inchangé. Il varie entre 0.852 et 0.863. Cela signifie que la taille de la grille n'affecte pas de manière significative le résultat

de la segmentation. La figure 3.3 montre la différence entre les contours obtenus pour des grilles d’échelle  $a = 1$  et  $a = 4$ .



**FIGURE 3.3** – Résultats de la segmentation avec l’algorithme LLCH-exact (images du jeu de données cliniques) pour différentes tailles  $a$  de grille : section 2D avec une grille de taille  $a = 4$ . Le contour rose est obtenu à l’échelle la plus fine  $a = 1$  ; le contour jaune correspond à l’échelle  $a = 4$ .

Ces premiers tests montrent bien l’intérêt de considérer une approche multigrille qui permet de diviser par 90 le temps de calcul sans affecter les résultats. Un bon choix de taille de grille est  $a = 4$ .

### 3.1.3 Influence de la taille de l’interface diffuse

Nous l’avons déjà mentionné, une des caractéristiques importantes de l’algorithme LLCH-exact proposé est qu’il produit une interface diffuse, ou couche de transition, d’épaisseur d’ordre  $\epsilon$ . Cette interface diffuse peut être vue comme une "fuzzification" du contour net à détecter. L’objectif ici est d’illustrer le rôle important que le paramètre  $\epsilon$  joue dans l’amélioration de la sensibilité. Nous fixons  $\mu = 0.2$ ,  $\delta t = 0.1$  et faisons varier  $\epsilon$  de 0,009 à 0,038. Comme le montre la figure 3.4, l’indice de Dice et la sensibilité  $S$  augmentent lorsque  $\epsilon$  augmente.

Il faut néanmoins prendre en considération les deux faits suivants :

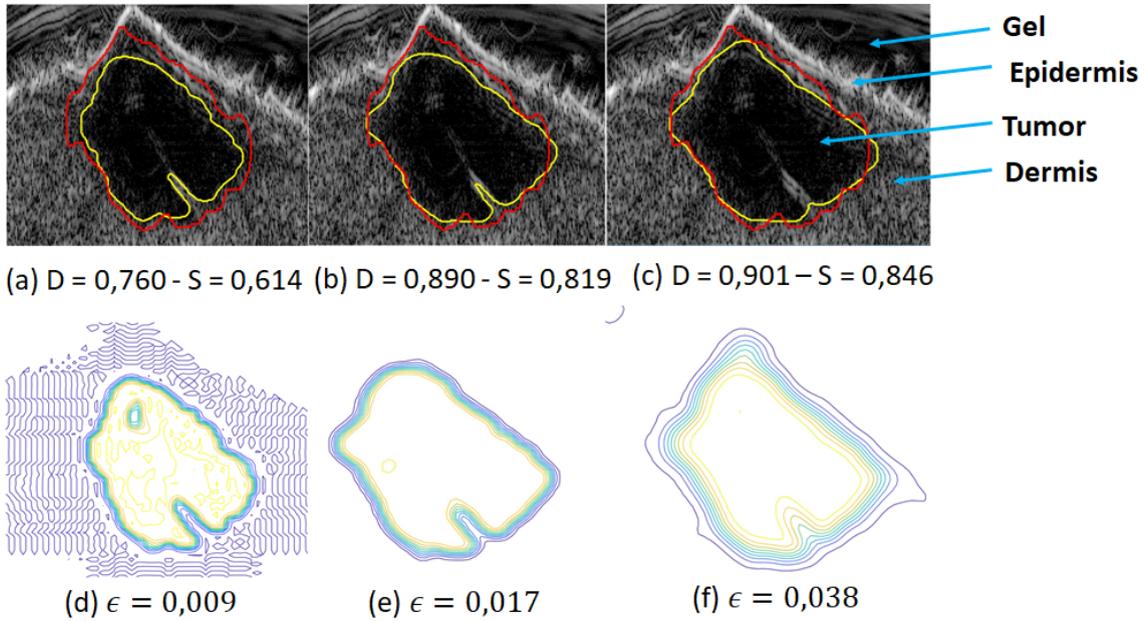
- Si  $\epsilon$  est choisi trop petit, l’interface libre ne se déplace pas car la couche de transition n’est pas suffisamment significative.
- Si  $\epsilon$  est choisi trop grand, la segmentation perd en précision.

## 3.2 Tests comparatifs avec des méthodes de référence

Nous commençons par décrire les deux méthodes de référence de l’état de l’art utilisées pour les comparaisons.

### 3.2.1 Les méthodes ADLL et MSCH

La première des deux méthodes est la méthode adaptive log-likelihood level-set (ADLL) introduite dans [5]. La formulation variationnelle utilise le terme d’attache aux données que nous



**FIGURE 3.4 – Résultats de la segmentation avec l’algorithme LLCH-exact (images du jeu de données cliniques) : influence de l’épaisseur de l’interface diffuse illustrée sur une section 2D (cf tumeur 3.6k). (a,b,c) : Indice de Dice et sensibilité pour trois valeurs croissantes de  $\epsilon$ . (d,e,f) : Plus la couche de transition se développe, meilleurs sont l’indice de Dice et la sensibilité. Le contour jaune correspond au volume segmenté et le rouge au volume de référence tracé par un dermatologue.**

avons repris, alors que le terme de régularisation est une dynamique de level sets. Plus précisément l’énergie est donnée par :

$$E_{ADLL}(\phi) = -LL(\delta(\phi)) + \mu_{ADLL} \int \delta(\phi(x)) |\nabla \phi(x)| dx, \quad (3.5)$$

où  $\phi$  désigne une fonction de level sets. À partir du flot de gradient correspondant, les auteurs considère l’EDP :

$$\frac{\partial \phi}{\partial t} = \beta \delta(\phi(x)) \log \left( \frac{\hat{P}_A(I(x))}{\hat{P}_B(I(x))} \right) + \mu_{ADLL} \delta(\phi(x)) \nabla \cdot \left( \frac{\nabla \phi}{|\nabla \phi|} \right), \quad (3.6)$$

dans laquelle  $\beta$  est un paramètre qui est ajusté de façon adaptative à chaque itération en fonction d’un paramètre de seuil  $T$  et du terme d’attache aux données. Les estimations  $\hat{P}_A(I)$  et  $\hat{P}_B(I)$  sont données par :

$$\hat{P}_A(I) = \frac{\int H(\phi(x)) K_\lambda(I(x) - I) dx}{\int H(\phi(x)) dx}, \quad \hat{P}_B(I) = \frac{\int [1 - H(\phi(x))] K_\lambda(I(x) - I) dx}{\int [1 - H(\phi(x))] dx}. \quad (3.7)$$

La seconde méthode est la méthode Mumford-shah Cahn-Hilliard (MSCH) [21] qui utilise comme terme d’attache aux données la fonctionnelle de Mumford-Shah et comme régularisation l’énergie de Cahn-Hilliard. La formulation variationnelle est donnée par :

$$E_{MSCH}(u) = \frac{1}{2} \left[ \int u^2 (I - c_1)^2 dx + \int (u - 1)^2 (I - c_2)^2 dx \right] + \frac{\mu_{MSCH}}{c_W} E_\epsilon^{CH}(u), \quad (3.8)$$

où  $c_1$  (resp.  $c_2$ ) représente l'intensité moyenne des pixels appartenant à la région d'intérêt  $\Omega_A$  (resp. la région de fond  $\Omega_B$ ). Le flot de gradient est donné par l'EDP :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = u(I - c_1)^2 + (u - 1)(I - c_2)^2 + \frac{\mu_{MSCH}}{c_W} \left( \epsilon \Delta u - \frac{1}{\epsilon} W'(u) \right). \quad (3.9)$$

Afin de comparer équitablement les méthodes LLCH et MSCH, nous proposons, outre l'implémentation de l'algorithme 1, une autre implémentation utilisant un schéma "Backward Euler" pour le calcul du terme d'attache aux données. En pratique, il consiste à remplacer l'équation (2.73) par  $U^n \leftarrow (U^n - \delta t T_B) / (U^n - \delta t T_A)$ . Dans la suite, nous nous référons à cette implémentation alternative en la nommant méthode LLCH-BE.

Puisque le choix du paramètre de régularisation  $\mu$  dépend de la méthode utilisée, nous écrivons  $\mu = \mu_{LLCH-exact}$  (resp.  $\mu = \mu_{LLCH-BE}, \mu_{MSCH}, \mu_{ADLL}$ ) lorsqu'il s'agit de la méthode LLCH-exact (resp. LLCH-BE, MSCH, ADLL).

### 3.2.2 Comparaisons à l'aide d'images de synthèse

Nous avons créé deux images synthétiques de taille  $140 \times 156 \times 288$  et  $216 \times 252 \times 168$  avec des densités différentes pour le derme, l'épiderme et la tumeur. Ces images sont bruitées avec un bruit de Rayleigh. L'une des tumeurs est connexe, l'autre est composée de deux composantes connexes. Les paramètres pour les différents algorithmes sont choisis comme suit.

- LLCH-exact :  $\mu_{LLCH-exact} \in [0.03, 0.7]$ ,  $\epsilon \in [1/\mathcal{N}, 2/\mathcal{N}]$ ,  $\delta t \in [0.1, 1]$ .
- LLCH-BE :  $\mu_{LLCH-BE} \in [0.025, 0.3]$ ,  $\epsilon \in [1/\mathcal{N}, 2/\mathcal{N}]$ ,  $\delta t \in [0.1, 1]$ .
- ADLL :  $\mu_{ADLL} \in [0.04, 2]$ ,  $\delta t \in [0.5, 10]$ ,  $T \in [2, 20]$ .
- MSCH :  $\mu_{MSCH} = \gamma / \max(\mathcal{N})^2$  où  $\gamma \in [0.6, 10]$ ,  $\epsilon \in [1/\mathcal{N}, 2/\mathcal{N}]$ ,  $\delta t \in [40, 50]$ .

Tous ces paramètres sont ajustés de manière adaptative afin de maximiser l'indice de Dice  $D$ . La taille de la grille est fixée, avec  $a = 4$ , pour toutes les méthodes. Il est à noter que le pas de temps  $\delta t$  doit être choisi assez petit pour les méthodes LLCH-exact et LLCH-BE, alors qu'il doit être choisi grand pour les méthodes ADLL et MSCH. La figure 3.5 montre les contours obtenus en considérant une section 2D du volume segmenté. Le contour rouge est un contour de référence.

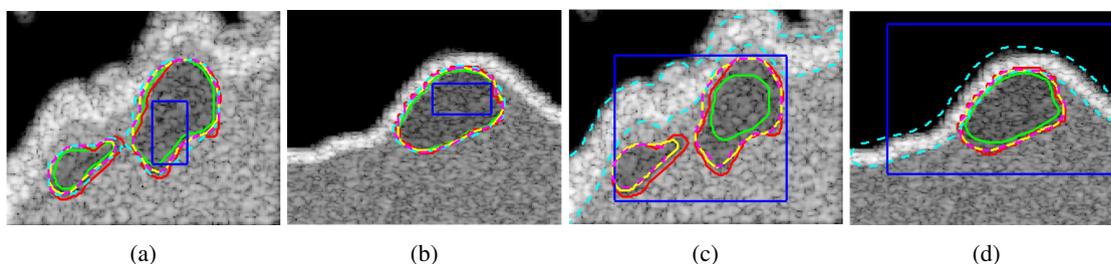


FIGURE 3.5 – Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE avec les algorithmes ADLL et MSCH à l'aide d'images synthétiques. Section 2D du volume segmenté. LLCH-exact : trait continu jaune, LLCH-BE : tirets roses, MSCH : tirets cyan et ADLL : trait continu vert. Le rectangle bleu est la section du volume d'initialisation, à l'intérieur de la tumeur, (a), (b), et couvrant toute la tumeur (c), (d). Le contour rouge est un contour de référence.

Nous ne considérons ici que le seul indice de Dice. Les valeurs pour chaque algorithme sont données dans le tableau 3.1.

Lorsque le volume d'initialisation se trouve à l'intérieur de la tumeur, figures 3.5a et 3.5b, les quatre algorithmes donnent des résultats très satisfaisants, les algorithmes LLCH-exact et LLCH-

**Tableau 3.1 – Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE avec les algorithmes ADLL et MSCH à l'aide d'images synthétiques. Indice de Dice pour les algorithmes LLCH-exact, LLCH-BE, ADLL et MSCH.**

Figure 3.5 Méthode	(a)	(b)	(c)	(d)
LLCH-exact/BE	<b>0.872/ 0.876</b>	0.934/ <b>0.942</b>	<b>0.872/ 0.864</b>	0.922/ <b>0.932</b>
ADLL	0.826	0.898	0.405	0.773
MSCH	0.847	0.933	$3 \times 10^{-5}$	0.027

BE étant un peu plus performants. Notamment, ils permettent tous de bien segmenter les deux composantes connexes dans le cas de la figure 3.5a. Il en va tout autrement si l'on change le volume d'initialisation en le choisissant couvrant entièrement la tumeur, figures 3.5c et 3.5d. Précisons que lors de ce changement d'initialisation tous les paramètres restent inchangés. Alors que les résultats obtenus grâce aux algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE ne sont que très peu modifiés, ceux produits par les algorithmes ADLL et MSCH deviennent pratiquement inutilisables. En particulier, l'algorithme ADLL ne détecte qu'une seule des composantes connexes dans le cas de la figure 3.5c et l'indice de Dice correspondant à la figure 3.5d est très significativement inférieur à l'indice de Dice des algorithmes LLCH. On voit là une première illustration du défaut principal de l'algorithme ADLL mentionné dans l'introduction, à savoir sa tendance à sous-segmenter le volume tumoral. Quant à l'algorithme MSCH, il échoue complètement à détecter les tumeurs.

Ces premières expériences montrent clairement que l'approche proposée présente des avantages majeurs par rapport aux deux méthodes de référence. Dans tous les cas étudiés, les algorithmes LLCH donnent les meilleurs résultats, et ces résultats sont très bons, et ce sont les seuls à être robustes à un changement d'initialisation, à paramètres fixes, d'un volume initial à l'intérieur de la tumeur à un volume initial couvrant la tumeur.

### 3.2.3 Comparaisons à l'aide des images du jeu de données cliniques

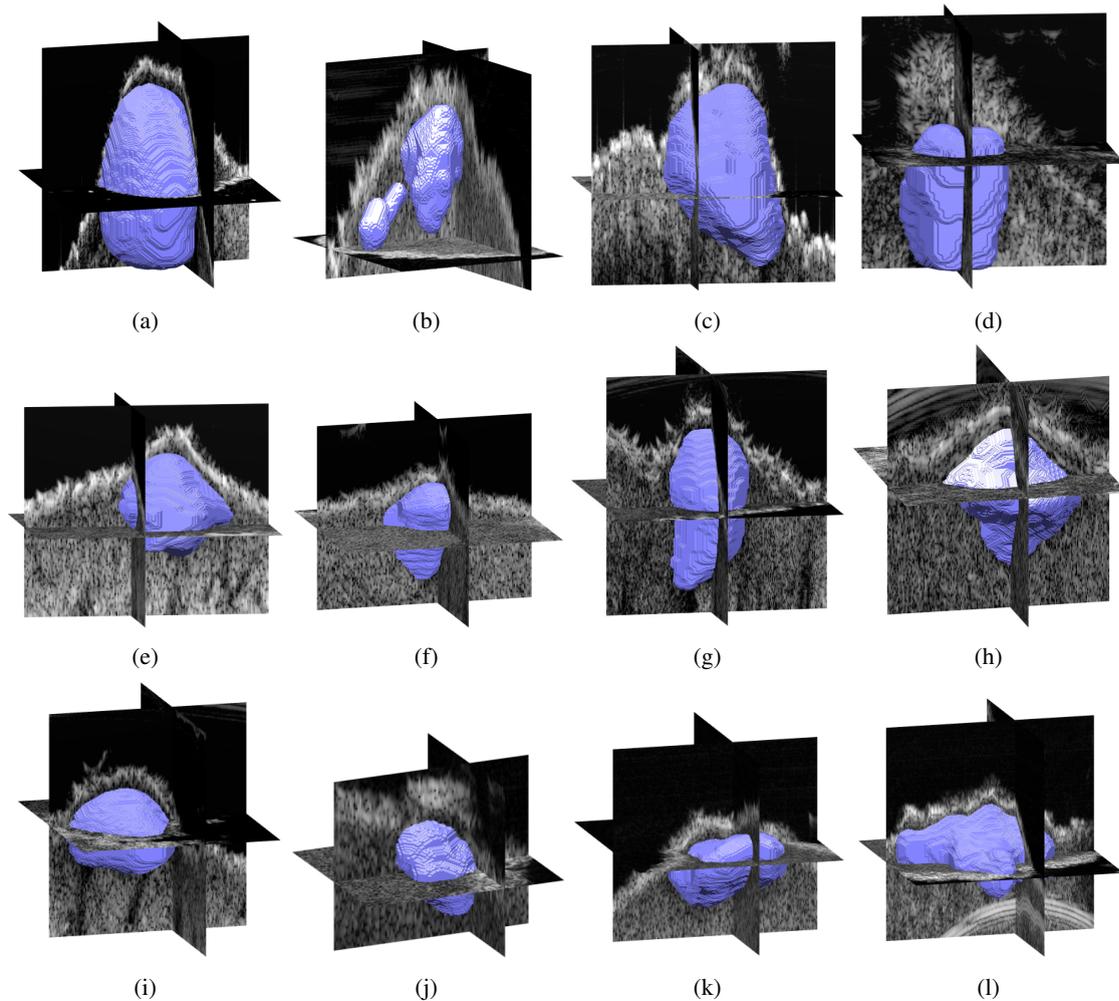
Nous proposons maintenant des expériences utilisant les 12 images du jeu de données cliniques pour lesquelles on dispose de la vérité terrain fournie par un dermatologue. Comme précédemment, nous discutons de l'influence de l'initialisation. Les paramètres sont choisis comme suit.

- LLCH-exact :  $\mu_{LLCH-exact} \in [0.09, 1]$ ,  $\delta t \in [0.1, 1]$  et  $\epsilon \in [1/\mathcal{N}, 5/\mathcal{N}]$ .
- LLCH-BE :  $\mu_{LLCH-BE} \in [0.05, 2.5]$ ,  $\delta t \in [0.1, 1]$  et  $\epsilon \in [1/\mathcal{N}, 5/\mathcal{N}]$ .
- AdLL :  $\mu_{AdLL} \in [0.03, 0.8]$ ,  $\delta t \in [2, 10]$  et  $T \in [2, 10]$ .
- MSCH :  $\mu_{MSCH} = \gamma / \max(N)^2$ ,  $\gamma \in [1.5, 100]$ ,  $\delta t \in [10, 20]$  et  $\epsilon \in [1/\mathcal{N}, 10/\mathcal{N}]$ .

Ici aussi, tous les paramètres sont ajustés de manière adaptative afin de maximiser l'indice de Dice pour chaque tumeur. La taille de la grille est fixée, avec  $a = 4$ , pour toutes les méthodes. Tous les calculs sont effectués sous Matlab par une seule machine dotée du processeur Core i7 6500U, 2,5 GHz et 16 GB de RAM.

### Initialisation à l'intérieur de la tumeur

La figure 3.6 montre les résultats de la segmentation avec l'algorithme LLCH-exact pour une initialisation à l'intérieur de la tumeur.



**FIGURE 3.6 – Résultats de la segmentation avec l'algorithme LLCH-exact pour les 12 tumeurs du jeu de données cliniques (initialisation à l'intérieur de la tumeur).**(a) Tumeur 1. (b) Tumeur 2. (c) Tumeur 3. (d) Tumeur 4. (e) Tumeur 5. (f) Tumeur 6. (g) Tumeur 7. (h) Tumeur 8. (i) Tumeur 9. (j) Tumeur 10. (k) Tumeur 11. (l) Tumeur 12.

Le Tableau 3.2 résume tous les résultats des comparaisons en termes d'indice de Dice, MAD, de sensibilité  $S$  et de précision  $P$ . Rappelons que la sensibilité  $S$  est élevée si le volume segmenté couvre une grande partie de la tumeur et que la précision  $P$  est élevée si le volume segmenté fait réellement partie de la tumeur.

Comme dans le cas des deux images synthétiques de tumeur, les quatre algorithmes étudiés donnent des résultats très satisfaisants en termes d'indice de Dice, les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE étant légèrement plus performants et l'algorithme MSCH un peu en retrait.

La méthode MSCH n'est pas vraiment adaptée à la segmentation des images cliniques présentant un contraste très faible et des formes complexes. En particulier, un examen plus approfondi de la segmentation de la tumeur 2 montre que l'algorithme MSCH ne parvient pas à détecter la

**Tableau 3.2 – Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE avec les algorithmes ADLL et MSCH à l'aide des images du jeu de données cliniques : initialisation du volume à l'intérieur de la tumeur. Moyennes et écarts type ( $\pm$ ) de l'indice de Dice  $D$ , de la sensibilité  $S$ , de la précision  $P$  et de la distance MAD.**

Méthode / Indicateur	LLCH-exact	LLCH-BE	AdLL	MSCH	Intra-ob
Dice	<b>0.862</b> $\pm$ 0.053	0.861 $\pm$ 0.049	0.826 $\pm$ 0.061	0.769 $\pm$ 0.247	0.864 $\pm$ 0.051
S	<b>0.853</b> $\pm$ 0.049	0.838 $\pm$ 0.073	0.763 $\pm$ 0.081	0.778 $\pm$ 0.248	0.855 $\pm$ 0.070
P	0.874 $\pm$ 0.073	0.891 $\pm$ 0.069	<b>0.910</b> $\pm$ 0.086	0.776 $\pm$ 0.258	0.879 $\pm$ 0.068
MAD ( $\mu m$ )	<b>191</b> $\pm$ <b>68</b>	194 $\pm$ 72	231 $\pm$ 79	320 $\pm$ 222	177 $\pm$ 60
Temps (s)	41.0	57.0	14.7	<b>13.4</b>	300

plus petite des deux composantes de la tumeur. On peut également vérifier qu'il ne détecte pas la totalité de la tumeur 10, la région segmentée correspondant à l'épiderme.

Comme on pouvait le soupçonner, la sensibilité de l'algorithme ADLL est faible comparée à celle de l'algorithme LLCH-exact avec une différence significative de 12%. Etant donné que les méthodes ADLL et LLCH-exact partagent le même terme d'attache aux données, cette différence est due uniquement au choix du terme de régularisation, et plus précisément à la flexibilité introduite par l'interface diffuse. Sans surprise, l'algorithme ADLL a la meilleure précision. Mais il convient de noter que l'algorithme LLCH-exact a également une bonne précision. En ce qui concerne la distance MAD, la différence entre les algorithmes LLCH-exact et ADLL est très significative, d'environ 21%. L'algorithme MSCH est également mauvais sur ce critère.

En conclusion, l'algorithme ADLL a la meilleure précision, mais il est moins performant en termes de sensibilité et de distance MAD. Ces résultats traduisent le fait que les volumes segmentés par cet algorithme sont trop petits et que leurs bords sont trop loin des bords de référence. Les algorithmes LLCH n'ont pas ce défaut, ce qui confirme que notre approche est pertinente pour traiter le problème de la sous-segmentation du volume tumoral.

Par rapport à l'intra-observabilité, notre méthode donne un indice de Dice, une sensibilité et une précision similaires avec un temps d'exécution beaucoup plus court. Cependant, les algorithmes LLCH donnent une distance MAD légèrement supérieure. Cela signifie qu'ils sont toujours moins précis que la segmentation manuelle par des experts. Les boîtes à moustache de la figure 3.7 et les diagrammes de compromis de la figure 3.8 permettent de visualiser plus précisément les principales différences entre les algorithmes. Pour une segmentation précise, la sensibilité et la précision doivent être aussi proches que possible de 1. Rappelons que l'indice Dice  $D$  est donné par  $D = 2/(1/S + 1/P)$ . Les courbes de niveau de l'indice de Dice sont dessinées en gris.

Nous proposons à la figure 3.9 des exemples de segmentation illustrant la différence de comportement entre les algorithmes LLCH-exact et ADLL.

### Initialisation couvrant la tumeur

Nous proposons maintenant des expériences pour tester la robustesse face aux changements d'initialisation, du volume initial à l'intérieur de la tumeur au volume initial recouvrant la tumeur. L'objectif est de confirmer les résultats déjà décrits dans le cas des images de tumeurs synthétiques.

Comme indiqué dans le tableau 3.3. Les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE ont un indice de Dice et une distance MAD assez similaires à celles obtenues pour l'initialisation à l'intérieur

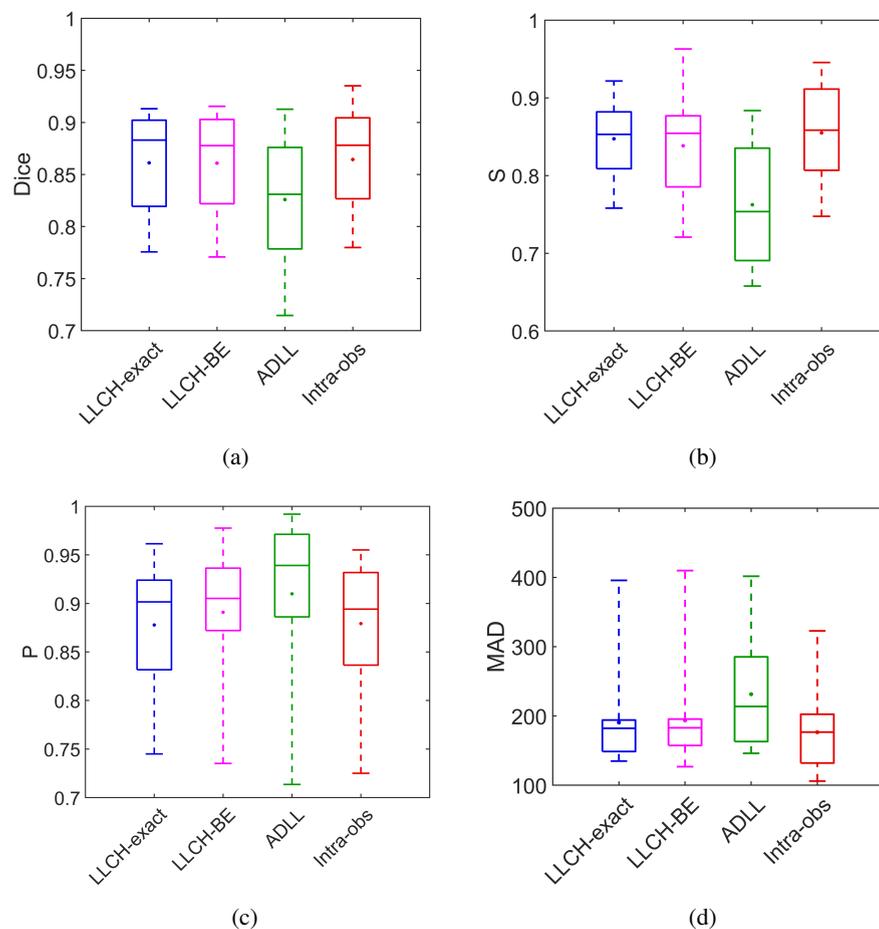


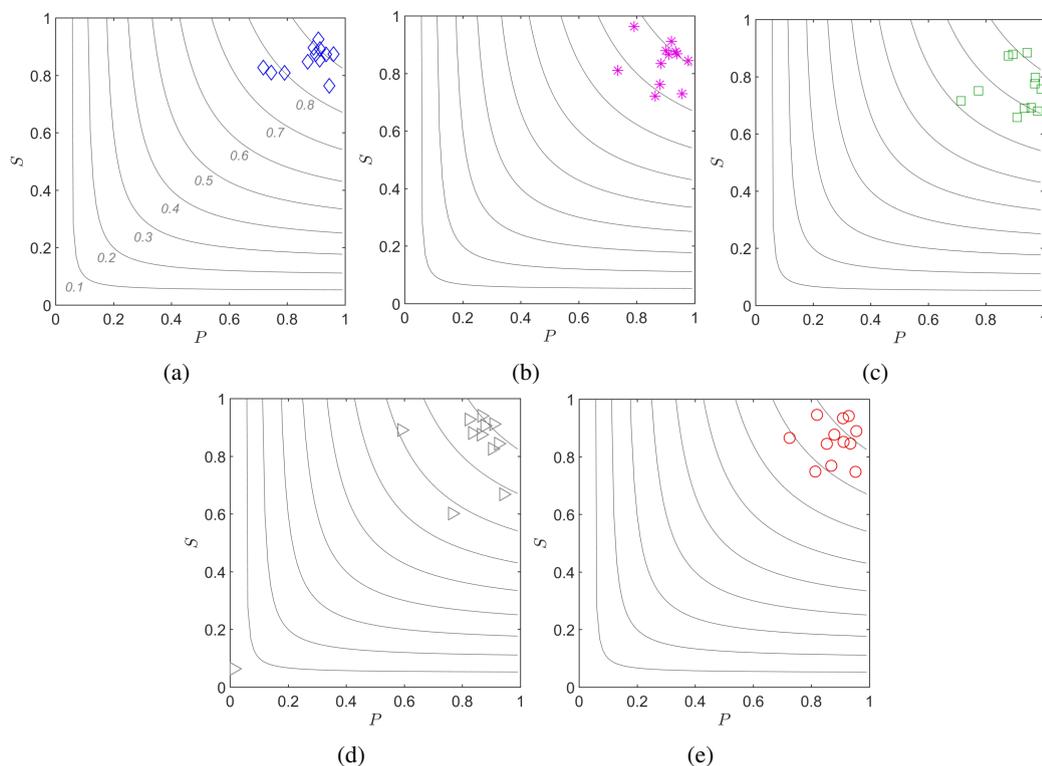
FIGURE 3.7 – Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE avec l’algorithmes ADLL à l’aide des images du jeu de données cliniques : initialisation du volume à l’intérieur de la tumeur. Boîtes à moustache pour l’indice de Dice  $D$ , la sensibilité  $S$ , la précision  $P$  et la distance MAD.

de la tumeur, avec une légère différence inférieure à 5%. Comme auparavant, l’algorithme LLCH-exact donne les meilleurs résultats.

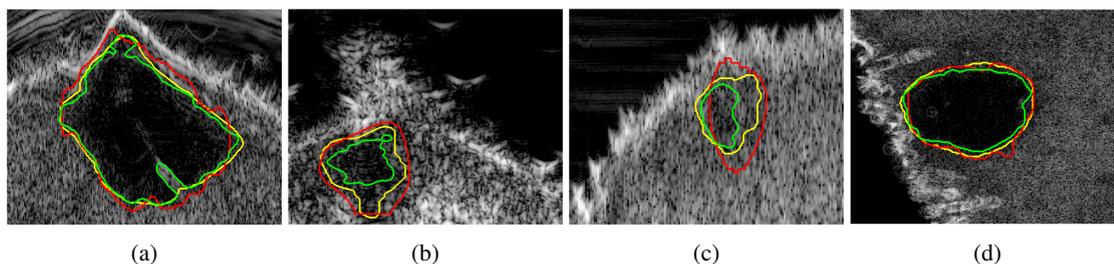
Les algorithmes ADLL et MSCH échouent dans presque tous les cas et donnent un indice de Dice moyen et une distance MAD moyenne très médiocres. Comme le montre la figure 3.10, dans le cas de la tumeur 6, le volume segmenté pour l’algorithme ADLL est inutilisable alors que le résultat est toujours très bon avec l’algorithme LLCH-exact.

Tableau 3.3 – Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE avec les algorithmes ADLL et MSCH à l’aide des images du jeu de données cliniques : initialisation du volume couvrant la tumeur. Moyennes et écarts type ( $\pm$ ) de l’indice de Dice  $D$ , de la sensibilité  $S$ , de la précision  $P$  et de la distance MAD

Méthode \ Indicateur	LLCH-exact	LLCH-BE	AdLL	MSCH
Dice	<b>0.860</b> $\pm$ 0.052	0.849 $\pm$ 0.065	0.540 $\pm$ 0.266	0.594 $\pm$ 0.316
MAD ( $\mu m$ )	<b>196</b> $\pm$ 73	207 $\pm$ 74	854.8 $\pm$ 499.1	762.2 $\pm$ 682.1
Temps (s)	57.8	72.4	78.1	<b>23.4</b>



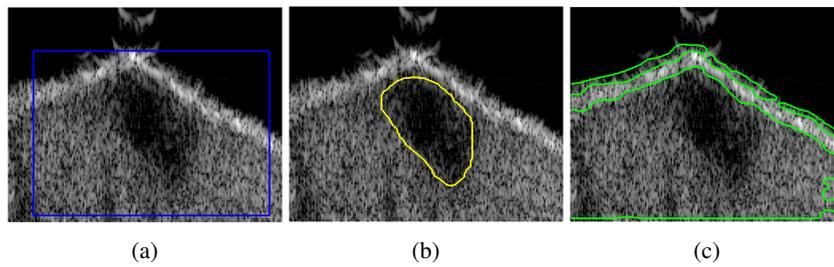
**FIGURE 3.8** – Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE avec les algorithmes ADLL et MSCH à l’aide des images du jeu de données cliniques : initialisation du volume à l’intérieur de la tumeur. Sensibilité  $S$  versus précision  $P$ . Pour une segmentation précise, la sensibilité et la précision doivent être aussi proches que possible de 1. L’indice de Dice  $D$  est donné par  $D = 2/(1/S + 1/P)$  (courbes de niveau en gris). (a) LLCH-exact avec le meilleur compromis sensibilité / précision. (b) LLCH-BE avec des résultats comparables à LLCH-exact. (c) ADLL avec faible sensibilité. (d) MSCH : dans certains cas, la sensibilité et / ou la précision est trop faible. (e) Variabilité intra-observateur.



**FIGURE 3.9** – Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et ADLL : initialisation à l’intérieur de la tumeur. Coupes de 4 segmentations : contours LLCH-exact en jaune, contours ADLL en vert, contours de référence en rouge.

### 3.3 Conclusion

Les expériences décrites dans ce chapitre montrent bien l’intérêt de remplacer le terme de régularisation  $\int \delta(\phi(\mathbf{x}))|\nabla\phi(\mathbf{x})|d\mathbf{x}$  par le terme de régularisation  $(\varepsilon\Delta u - \frac{1}{\varepsilon}W'(u))/c_W$ . Cependant, nous avons vu avec l’exemple de l’algorithme MSCH que pour obtenir de bons résultats, ce dernier terme devait être couplé avec un terme d’attache aux données capable de prendre en compte la spécificité des images UHF. Ce que ne fait pas la fonctionnelle de Mumford-Shah. À l’issue des tests comparatifs réalisés sur des images synthétiques et sur les images du jeu de



**FIGURE 3.10** – Comparaisons entre les algorithmes LLCH-exact et ADLL : initialisation couvrant la tumeur. Coupe de la segmentations de la tumeur 6, voir figure 3.6 (f). (a) Tranche du volume initial. (b) Tranche du volume segmenté, LLCH-exact. (c) Tranche du volume segmenté, ADLL.

données cliniques, il apparaît clairement que les algorithmes LLCH-exact et LLCH-BE se comportent beaucoup mieux que ce soit vis-à-vis du problème de la sous-segmentation ou vis-à-vis des changements d'initialisation. Par ailleurs ces algorithmes sont simples à implémenter avec des simulations facilement reproductibles. Par ailleurs, l'approche multigrille permet d'accéder à des temps de calcul raisonnables pour leur mise en application concrète.

## Chapitre 4

# La méthode LLCH et les modèles lattice Boltzmann

Dans ce chapitre, nous étudions la possibilité d'implémenter efficacement la méthode LLCH multigrille à l'aide de schémas relevant des méthodes lattice Boltzmann (LBM). Nous commençons par exposer nos motivations. Ensuite, après quelques rappels généraux, nous considérons plusieurs implémentations avec des schémas Bhatnagar-Gross-Krook (BGK) et à temps de relaxation multiples (MRT) utilisant les réseaux D3Q7 et D3Q19. Nous nous intéressons en particulier à l'exactitude et à la stabilité de ces schémas.

Les points importants à retenir pour ce chapitre sont les suivants.

- La dynamique sous-jacente à la méthode LLCH n'est pas de nature physique, ne relevant pas d'équations de conservation, et son implémentation par des schémas LBM n'est par conséquent pas directe et est sujette à des problèmes de stabilité.
- Compte tenu des spécificités du terme d'attache aux données, les schémas BGK, à simple temps de relaxation, ne permettent pas d'assurer une stabilité suffisante.
- Il est nécessaire d'avoir recours à des schémas MRT, à temps de relaxation multiples qui permettent par l'introduction de paramètres additionnels de gagner en stabilité.
- L'ajustement des paramètres dits quartiques permet d'obtenir des schémas exacts à l'ordre 4 et numériquement stables.

### 4.1 Les schémas LBM

Nous commençons par quelques précisions concernant notre démarche.

#### 4.1.1 Les schémas LBM et le traitement d'images

Comme nous l'avons mentionné dans l'introduction, cette partie de notre travail est plus exploratoire et concerne directement la possibilité d'implémenter efficacement des algorithmes de segmentation à l'échelle mésoscopique. Notre motivation première est le constat qu'il peut paraître assez artificiel de créer un modèle continu à partir de données discrètes pour ensuite le rediscrétiser à des fins d'implémentation. La question sous-jacente est la suivante : peut-on calibrer des schémas LBM qui, au-delà des lois de contraintes physiques qui sont généralement utilisées pour les construire, puissent intégrer les informations pertinentes pour la segmentation ? Le mo-

dèle LLCH est loin d'être une dynamique classique du type dynamique des fluides. Le terme de log-vraisemblance, *i.e.* le terme d'attache aux données, influence très fortement la dynamique de l'équation d'Allen-Cahn. Il fait intervenir des estimations non paramétriques de distributions non clairement identifiées qui sont difficiles à justifier par des arguments physiques ou chimiques par exemple.

Il existe très peu de contributions à l'heure actuelle concernant cette problématique. On peut citer [29] et [30] pour des implémentations de dynamiques level sets ou encore [31] et [32] pour du débruitage et de la détection de contours. Dans tous les cas, les schémas utilisés sont des schémas très simples de type BGK qui se révèlent plus ou moins pertinents en fonction de la complexité des images. Il est clair que la segmentation de tumeurs dans des images 3D UHF d'environ 75 millions de voxels par des schémas LBM présente des difficultés qui n'ont fait l'objet d'aucune investigation.

Compte tenu de leurs performances pour reproduire des écoulements ou des transferts de chaleurs [49], [27] [50], [51], et de la facilité avec laquelle on peut les paralléliser, les schémas LBM sont devenus des outils numériques puissants aux applications multiples permettant des simulations en temps réel. Il est donc naturel d'essayer de construire de tels schémas pour notre problème qui implique des données particulièrement volumineuses.

Concrètement, il s'agit d'étudier la possibilité d'implémenter par un schéma LBM une équation de diffusion non linéaire, l'équation du flot (2.32), du type :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = \nabla \cdot (\mathcal{K} \nabla u) + F, \quad (4.1)$$

dont le coefficient de diffusion  $\mathcal{K}$  est donné par :

$$\mathcal{K} = \frac{\varepsilon \mu}{c_W}, \quad (4.2)$$

et le terme source  $F$  par :

$$F = 2u \log \hat{P}_A(I(x)) + 2(u - 1) \log \hat{P}_B(I(x)) - \frac{\mu}{c_W} \frac{1}{\varepsilon} W'(u). \quad (4.3)$$

Encore une fois, la principale difficulté provient de ce terme source.

#### 4.1.2 Les schémas BGK et MRT

Le lecteur peut consulter par exemple [26] pour une introduction et les définitions de base utilisées ci-dessous. Les schémas LBM sont obtenus à partir d'une discrétisation spéciale de l'équation de Boltzmann. Plus précisément, on considère la masse  $u(x, v, t) dx dv$  de particules dont les positions sont comprises entre  $x$  et  $x + dx$  et les vitesses entre  $v$  et  $v + dv$  (il s'agit d'un volume élémentaire dans l'espace des phases). On suppose qu'une force  $\varphi$  est appliquée sur le système pendant un temps  $dt$ . La position change :  $x$  devient  $x + v dt$  ; la vitesse change  $v$  devient  $v + \varphi dt$ . On distingue deux cas.

— S'il n'y a pas de collision, alors la masse de particules est conservée :

$$(u(x + v dt, v + \varphi dt, t + dt) - u(x, v, t)) dx dv = 0. \quad (4.4)$$

— S'il y a des collisions, alors ce n'est plus le cas et il faut introduire une correction :

$$(u(x + vdt, v + \varphi dt, t + dt) - u(x, v, t)) dx dv = Q(u) dx dv dt, \quad (4.5)$$

en notant  $Q(u)$  l'opérateur de collision.

De la seconde équation on tire :

$$\frac{du}{dt} = v \cdot \nabla_x u + \frac{\varphi}{m} \cdot \nabla_v u + \frac{\partial u}{\partial t} = Q(u), \quad (4.6)$$

qui est précisément l'équation de Boltzmann.

La distribution  $u$  dépend de l'espace, du temps et de la vitesse :  $u = u(x, v, t)$ . L'espace des vitesses  $v$  est discrétisé en introduisant un ensemble fini de  $n + 1$  directions  $e_i$  qui sont pondérées par des poids  $t_i$  [26], ainsi que les distributions associées  $u_i = u_i(x, t) = u(x, e_i, t)$ . Dans la suite, nous notons :  $\mathbf{u} = [u_0, u_1, \dots, u_n]^T$ . On a évidemment :

$$u(x, t) = \sum_{i=0}^n u_i(x, t) \quad (4.7)$$

De même, nous notons :  $\mathbf{F} = [F_0, F_1, \dots, F_n]^T$  où  $F_i = t_i F$ ,  $t_i$  étant le poids du réseau associé à la direction  $e_i$  et  $F$  le terme source que nous serons amenés à considérer, 4.3. En discrétisant l'équation de Boltzmann (avec  $\varphi = 0$ ) et en tenant compte de ce terme source on obtient :

$$u_i(x + \tau c_i, t + \tau) = u_i(x, t) + \tau F_i + Q_i, \quad (4.8)$$

pour  $i = 0, 1, \dots, n$ . Dans cette équation,  $c_i = c e_i$  où  $c = \delta x / \tau$  est la vitesse du réseau,  $\delta x$  et  $\tau$  étant les pas d'espace du réseau et de temps. Le terme  $Q_i$  provient de la discrétisation de l'opérateur de collision  $Q$ .

Dans la suite, nous utiliserons deux réseaux 3D particuliers. Le premier est le réseau D3Q7 dont les 7 directions de vitesse et les poids sont donnés par (voir la figure 4.1a) :

$$e_i = \begin{cases} (0, 0, 0) & i = 0 \\ (\pm 1, 0, 0), (0, \pm 1, 0), (0, 0, \pm 1) & i = 1, 2, \dots, 6 \end{cases} \quad (4.9)$$

$$t_i = \begin{cases} 1/4 & i = 0 \\ 1/8 & i = 1, 2, \dots, 6 \end{cases} \quad (4.10)$$

Le second est le réseau D3Q19 dont les 19 directions de vitesse et les poids sont donnés par (voir la figure 4.1b) :

$$e_i = \begin{cases} (0, 0, 0) & i = 0 \\ (\pm 1, 0, 0), (0, \pm 1, 0), (0, 0, \pm 1) & i = 1, 2, \dots, 6 \\ (\pm 1, \pm 1, 0), (\pm 1, 0, \pm 0), (0, \pm 1, \pm 1) & i = 7, 8, \dots, 18 \end{cases} \quad (4.11)$$

$$t_i = \begin{cases} 1/3 & i = 0 \\ 1/18 & i = 1, 2, \dots, 6 \\ 1/36 & i = 7, 8, \dots, 18 \end{cases} \quad (4.12)$$

On distingue deux grandes classes de schémas LBM, les schémas BGK et MRT, en fonction de la façon dont on choisit de faire opérer les collisions. Dans le cas BGK, appelé aussi à simple

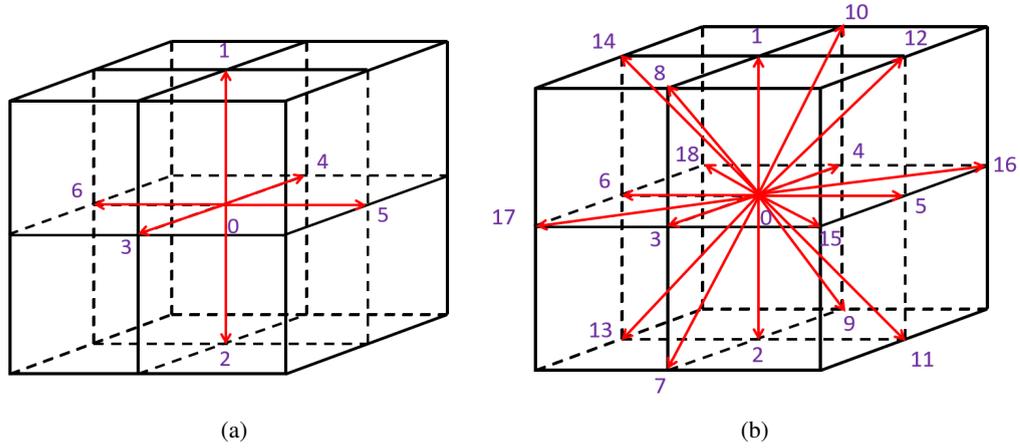


FIGURE 4.1 – Deux réseaux LBM en dimension 3 : (a) Le réseau D3Q7. (b) Le réseau D3Q19.

temps de relaxation (SRT), l'opérateur de collision est donné par :

$$Q_i = \omega(u_i^{eq} - u_i), \quad (4.13)$$

où  $\omega$  représente le paramètre de relaxation et :

$$\mathbf{u}^{eq} = [u_0^{eq}, u_1^{eq}, \dots, u_n^{eq}]^T, \quad (4.14)$$

est le vecteur de la distribution d'équilibre, typiquement la distribution de Maxwell. Pour notre problème qui ne fait pas intervenir de vitesse macroscopique, on a [26] :

$$u_i^{eq}(x, t) = t_i u(x, t). \quad (4.15)$$

On obtient finalement comme équation :

$$u_i(x + \tau c_i, t + \tau) = (1 - \omega)u_i(x, t) + \omega u_i^{eq}(x, t) + \tau F_i, \quad (4.16)$$

pour  $i = 0, 1, \dots, n$ . Pour une équation de diffusion telle que la nôtre (4.1) :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = \nabla \cdot (\mathcal{K} \nabla u) + F, \quad (4.17)$$

le coefficient de diffusion est relié au paramètre de relaxation  $\omega$  par :

$$\mathcal{K} = \frac{\Delta x^2}{4\tau} \left( \frac{1}{\omega} - \frac{1}{2} \right), \quad (4.18)$$

pour le réseau D3Q7 et par :

$$\mathcal{K} = \frac{\Delta x^2}{3\tau} \left( \frac{1}{\omega} - \frac{1}{2} \right), \quad (4.19)$$

pour le réseau D3Q19. L'expression de  $\mathcal{K}$  dépend de la vitesse du son  $c_s$  du réseau. Pour le réseau D3Q7,  $c_s = c/2$ , alors que pour le réseau D3Q19,  $c_s = c/\sqrt{3}$ .

Puisque la somme des poids est toujours égale à 1, l'équation (4.15) exprime la conservation du moment d'ordre 0 entre  $u$  et  $u^{eq}$ . Les moments jouent un rôle essentiel dans le calibrage des réseaux LBM. Ce sont en particulier les lois de conservation de ces moments qui permettent de trouver les bons poids associés à chaque configuration de réseau. L'idée sous-jacente aux schémas

MRT est d'effectuer la collision des particules dans l'espace des moments de manière à pouvoir introduire des paramètres de relaxation supplémentaires qui peuvent être ajustés pour gagner en précision et en stabilité [36].

Notons  $\mathbf{M}$  la matrice de la transformation linéaire de l'espace vectoriel des vecteurs de distributions dans l'espace vectoriel des vecteurs formés des  $n + 1$  premiers moments des distributions. Nous donnerons un peu plus loin la forme explicite de la matrice  $\mathbf{M}$  pour les réseaux D3Q7 et D3Q19. Notons également  $\mathbf{m} = \mathbf{M}\mathbf{u}$ ,  $\mathbf{m}^{eq} = \mathbf{M}\mathbf{u}^{eq}$  et  $\mathbf{F}_{mo} = \mathbf{M}\mathbf{F}$ . Afin d'expliquer en quoi l'approche MRT généralise l'approche BGK, reprenons le terme de collision du modèle BGK sous forme vectorielle :

$$(1 - \omega)\mathbf{u}(x, t) + \omega\mathbf{u}^{eq}(x, t) = \mathbf{u}(x, t) + \omega(\mathbf{u}^{eq}(x, t) - \mathbf{u}(x, t)). \quad (4.20)$$

Soit  $\mathbf{M}^{-1}$  la matrice inverse de  $\mathbf{M}$ . Le terme de collision s'écrit :

$$\mathbf{M}^{-1}\mathbf{m}(x, t) + \mathbf{M}^{-1}\omega\mathbf{Id}(\mathbf{m}^{eq} - \mathbf{m}), \quad (4.21)$$

où  $\mathbf{Id}$  désigne la matrice identité. Ce qui signifie que dans l'espace des moments, l'opérateur de collision est donné par la matrice scalaire  $\omega\mathbf{Id}$ . Ainsi tous les moments sont traités de la même façon avec un seul paramètre de relaxation  $\omega$ . L'approche MRT consiste à remplacer la matrice scalaire  $\omega\mathbf{Id}$  par une matrice diagonale  $\mathbf{S}$  et par suite permet d'introduire  $n + 1$  paramètres qui peuvent influencer de façon différente sur les moments. La collision est alors donnée par :

$$\tilde{\mathbf{m}} = (\mathbf{Id} - \mathbf{S})\mathbf{m}(x, t) + \mathbf{S}\mathbf{m}^{eq}(x, t), \quad (4.22)$$

voir la figure 4.2. Après la collision, la propagation est exécutée dans l'espace initial des distribu-

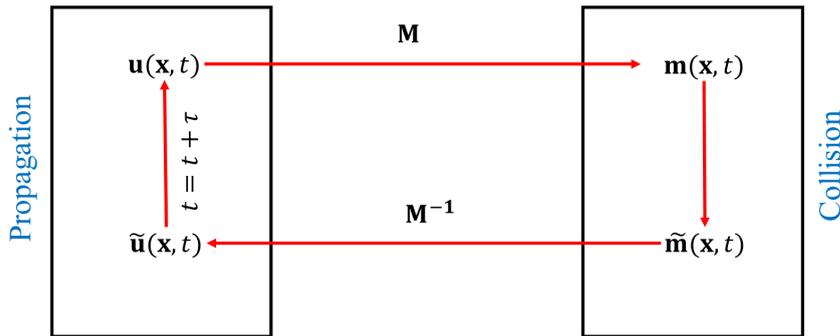


FIGURE 4.2 – Illustration de la collision dans l'espace des moments pour les schémas MRT.

tions. On a donc :

$$u_i(x + \tau c_i, t + \tau) = \tilde{u}_i(x, t), \quad (4.23)$$

avec  $\tilde{\mathbf{u}} = \mathbf{M}^{-1}\tilde{\mathbf{m}}$ . Dans cet espace l'opérateur de collision s'écrit :

$$\mathbf{Q}(\mathbf{u}) = \mathbf{M}^{-1}\mathbf{S}\mathbf{M}(\mathbf{u}^{eq} - \mathbf{u}). \quad (4.24)$$

Les simulations que nous proposons dans la suite sont réalisées avec les réseaux D3Q7 et D3Q19. Le choix de ces réseaux peut être justifié comme suit. Le réseau D3Q27, le plus précis, nécessite beaucoup plus de calculs qui finalement n'influent que très peu sur les résultats de la segmentation. Quant au réseau D3Q15, il est connu pour introduire des oscillations numériques dues au problème de parité [37].

## 4.2 L'implémentation de la méthode LLCH par des schémas LBM MRT

Rappelons que l'équation 2.50 du flot de gradient multigrille est donnée par :

$$\frac{\partial \bar{u}}{\partial t} / |\Omega_{\bar{x}}| = \quad (4.25)$$

$$2\bar{u} \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_A(I) + 2(\bar{u} - 1) \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_B(I) + \frac{\mu}{c_W} \left( \frac{\varepsilon}{a^2} \bar{\Delta} \bar{u} - \frac{1}{\varepsilon} W'(\bar{u}) \right). \quad (4.26)$$

où  $\bar{\Delta}$  est l'opérateur Laplacien à l'échelle  $a$ . Il s'agit d'une équation de diffusion non linéaire de terme source :

$$F = |\Omega_{\bar{x}}| \left( 2\bar{u} \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_A(I) + 2(\bar{u} - 1) \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_B(I) - \frac{\mu}{c_W} \frac{1}{\varepsilon} W'(\bar{u}) \right), \quad (4.27)$$

et dont le coefficient de diffusion est donné par :

$$\mathcal{K} = \frac{|\Omega_{\bar{x}}| \varepsilon \mu}{a^2 c_W}. \quad (4.28)$$

À partir de maintenant, nous adoptons les notations suivantes :  $\Delta x = \delta x$ ,  $\Delta t = |\Omega_{\bar{x}}| \tau$  et  $\lambda = \Delta x / \Delta t$ .

### 4.2.1 Les schémas MRT D3Q7 et D3Q19

Nous proposons deux implémentations LBM MRT de l'équation 2.50, l'une utilisant le réseau D3Q7, l'autre le réseau D3Q19. Pour cela, nous commençons par préciser comment définir la matrice  $\mathbf{M}$  en lien avec les moments considérés. Nous renvoyons à [37] pour plus d'informations.

Soit  $\mathbf{m} = [m_0, m_1, \dots, m_n]^T$ , pour calculer les moments  $m_i$ , on construit par Gram-Schmidt une base duale orthogonale à partir de polynômes en les vecteurs colonnes suivants (en utilisant la notation ket de Dirac) :

$$|e_x\rangle = [e_{0,x}, e_{1,x}, \dots, e_{n,x}]^T, \quad (4.29)$$

$$|e_y\rangle = [e_{0,y}, e_{1,y}, \dots, e_{n,y}]^T, \quad (4.30)$$

$$|e_z\rangle = [e_{0,z}, e_{1,z}, \dots, e_{n,z}]^T. \quad (4.31)$$

Pour le réseau D3Q7, cette base duale est donnée par (en utilisant la notation bra de Dirac) [51] :

$$\langle 1 | = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1], \quad m_0 = \langle 1 | \mathbf{u} \rangle = u, \quad (4.32)$$

$$\lambda \langle e_x | = [0, \lambda, -\lambda, 0, 0, 0, 0], \quad m_1 = \lambda \langle e_x | \mathbf{u} \rangle, \quad (4.33)$$

$$\lambda \langle e_y | = [0, 0, 0, \lambda, -\lambda, 0, 0], \quad m_2 = \lambda \langle e_y | \mathbf{u} \rangle, \quad (4.34)$$

$$\lambda \langle e_z | = [0, 0, 0, 0, 0, \lambda, -\lambda], \quad m_3 = \lambda \langle e_z | \mathbf{u} \rangle, \quad (4.35)$$

$$7 \langle e_x^2 + e_y^2 + e_z^2 | - 6 \langle 1 | = [-6, 1, 1, 1, 1, 1, 1], \quad m_4 = 7 \langle e_x^2 + e_y^2 + e_z^2 | \mathbf{u} \rangle - 6 \langle 1 | \mathbf{u} \rangle, \quad (4.36)$$

$$3 \langle e_x^2 | - \langle e_x^2 + e_y^2 + e_z^2 | = [0, 2, 2, -1, -1, -1, -1], \quad m_5 = \langle 2e_x^2 - (e_y^2 + e_z^2) | \mathbf{u} \rangle, \quad (4.37)$$

$$\langle e_y^2 - e_z^2 | = [0, 0, 0, 1, 1, -1, -1], \quad m_6 = \langle e_y^2 - e_z^2 | \mathbf{u} \rangle. \quad (4.38)$$

où  $\lambda$  est un paramètre non nul que l'on choisit généralement égal à 1. On obtient par conséquent pour matrice  $\mathbf{M}$  la matrice :

$$\mathbf{M} = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & \lambda & -\lambda & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \lambda & -\lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda & -\lambda \\ -6 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 2 & 2 & -1 & -1 & -1 & -1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & -1 & -1 \end{bmatrix}. \quad (4.39)$$

Bien que les moments  $m_i$ , pour  $i = 0, 1, \dots, 7$ , puissent être interprétés par des quantités physiques quand le contexte s'y prête, comme en mécanique des fluides ou en transfert de chaleur, nous avons déjà signalé dans l'introduction que leur signification pour notre problème n'est pas forcément très pertinente. C'est pourquoi nous ne nous attardons pas sur ce point. Les moments d'équilibre que l'on choisit pour nos applications sont donnés par le vecteur :

$$\mathbf{m}^{eq} = (u, 0, 0, 0, \alpha u, 0, 0)^T, \quad (4.40)$$

où  $\alpha$  est un paramètre libre. Ce choix est cohérent avec le fait qu'il est raisonnable de considérer qu'il n'y a pas de vitesse macroscopique de convection dans notre cas. La matrice de relaxation que nous considérons est la matrice diagonale :

$$\mathbf{S} = \text{diag}(0, s_1, s_1, s_1, s_2, s_3, s_3), \quad (4.41)$$

où  $s_1, s_2$  et  $s_3$  sont trois paramètres de relaxation. Enfin, le vecteur  $\mathbf{F}_{mo}$  est le vecteur :

$$\mathbf{F}_{mo} = (F, 0, 0, 0, \alpha F, 0, 0)^T. \quad (4.42)$$

On procède de la même façon pour le réseau D3Q19. Nous renvoyons une nouvelle fois à [37]. Dans ce cas, la matrice  $\mathbf{M}$  est donnée par (4.46). Les moments d'équilibre que l'on choisit sont donnés par le vecteur :

$$\mathbf{m}^{eq} = (u, \alpha u, \beta u, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0)^T, \quad (4.43)$$

où  $\alpha$  et  $\beta$  sont des paramètres libres. La matrice de relaxation que nous considérons est la matrice diagonale :

$$\mathbf{S} = \text{diag}(0, s_1, s_2, s_2, s_2, s_2, s_2, s_2, s_2, s_1, s_2, s_1, s_2, s_1, s_1, s_1, s_2, s_2, s_2)^T, \quad (4.44)$$

où  $s_1$  et  $s_2$  sont deux paramètres de relaxation. Le vecteur  $\mathbf{F}_{mo}$  est le vecteur :

$$\mathbf{F}_{mo} = (F, \alpha F, \beta F, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0)^T. \quad (4.45)$$

$$\mathbf{M} = \begin{bmatrix} 1 & 8 & 1 & 0 & 0 & -\lambda & -1 & -\lambda & -1 & -2 & -2 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & -1 & 1 \\ 1 & 8 & 1 & 0 & 0 & \lambda & 1 & -\lambda & -1 & -2 & -2 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 1 & 1 \\ 1 & 8 & 1 & 0 & 0 & -\lambda & -1 & \lambda & 1 & -2 & -2 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & -1 & -1 \\ 1 & 8 & 1 & 0 & 0 & \lambda & 1 & \lambda & 1 & -2 & -2 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & -1 \\ 1 & 8 & 1 & -\lambda & -1 & 0 & 0 & -\lambda & -1 & 1 & 1 & -1 & -1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & -1 \\ 1 & 8 & 1 & \lambda & 1 & 0 & 0 & -\lambda & -1 & 1 & 1 & -1 & -1 & 0 & 0 & -1 & -1 & 0 & -1 \\ 1 & 8 & 1 & -\lambda & -1 & 0 & 0 & \lambda & 1 & 1 & 1 & -1 & -1 & 0 & 0 & -1 & 1 & 0 & 1 \\ 1 & 8 & 1 & \lambda & 1 & 0 & 0 & \lambda & 1 & 1 & 1 & -1 & -1 & 0 & 0 & 1 & -1 & 0 & 1 \\ 1 & 8 & 1 & -\lambda & -1 & -\lambda & -1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & -1 & 1 & 0 \\ 1 & 8 & 1 & \lambda & 1 & -\lambda & -1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & -1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 \\ 1 & 8 & 1 & -\lambda & -1 & \lambda & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & -1 & 0 & 0 & -1 & -1 \\ 1 & 8 & 1 & \lambda & 1 & \lambda & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & -1 & -1 \\ 1 & -11 & -4 & 0 & 0 & 0 & 0 & -\lambda & 4 & -1 & 2 & -1 & 2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & -11 & -4 & 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda & -4 & -1 & 2 & -1 & 2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & -11 & -4 & 0 & 0 & -\lambda & 4 & 0 & 0 & -1 & 2 & 1 & -2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & -11 & -4 & 0 & 0 & \lambda & -4 & 0 & 0 & -1 & 2 & 1 & -2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & -11 & -4 & -\lambda & 4 & 0 & 0 & 0 & 0 & 2 & -4 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & -11 & -4 & -\lambda & -4 & 0 & 0 & 0 & 0 & 2 & -4 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 30 & 12 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

L'algorithme LLCH-MRT que l'on propose est décrit dans l'Algorithme 2 où nous avons retiré les barres pour simplifier les notations. Il est à noter que la prise en compte du terme source se fait via le Strang splitting [43], voir la section 4.2.3 pour des commentaires. La boucle principale de

l'algorithme s'arrête lorsque la distance dans  $L^2$  entre deux itérations successives est inférieure à 0.1% (évaluation du moment). Enfin, la région d'intérêt segmentée est l'ensemble où  $u \geq 1/2$ .

---

### Algorithme 2 : segmentation LLCH-MRT

---

Initialiser  $u$

Calculer le terme source  $F$

Calculer le vecteur de terme source  $\mathbf{F}$

Calculer  $\mathbf{M}$ ,  $\mathbf{M}^{-1}$ ,  $\mathbf{S}$  et  $\mathbf{F}_{mo}$

**Tant que** Tol  $> 10^{-3}$  faire

Transformer en espace des moments :  $\mathbf{m}^{(k)} = \mathbf{M}\mathbf{u}^{(k)}$

Ajouter le terme source (Strang splitting) :  $\mathbf{m}^{(k)} \leftarrow \mathbf{m}^{(k)} + \Delta t \mathbf{F}_{mo}^{(k)}/2$

Evaluer les moments

Faire la collision (moment de relaxation) :  $\mathbf{m}^{(k)} \leftarrow (\mathbf{Id} - \mathbf{S})\mathbf{m}^{(k)} + \mathbf{S}\mathbf{m}^{eq(k)}$

Ajouter le terme source (Strang splitting) :  $\mathbf{m}^{(k)} \leftarrow \mathbf{m}^{(k)} + \Delta t \mathbf{F}_{mo}^{(k)}/2$

Transformer en l'espace initiale :  $\mathbf{u}^{(k)} = \mathbf{M}^{-1}\mathbf{m}^{(k)}$

Calculer des conditions aux bords : conditions d'anti-bounce-back

Faire la propagation :  $u_i^{(k+1)}(x + c_i\tau, t + \tau) \leftarrow u_i^{(k+1)}(x, t)$

Mettre à jour la distribution :  $u = \sum_{i=0}^q u_i$

Mettre à jour le terme source  $F$

Mettre à jour le vecteur de terme source  $\mathbf{F}_{mo}$

**Fin**

**Retourner**  $u$

## 4.2.2 Consistance et stabilité de l'algorithme MRT

Nous expliquons dans cette section comment choisir les différents paramètres des schémas MRT décrits ci-dessus pour gagner en précision et en stabilité. Il s'agit d'une étape cruciale qui peut prêter à confusion lorsqu'on compare les stratégies de mise en œuvre des modèles LBM. Par exemple, dans [52], les auteurs ne réussissent pas à trouver les paramètres pertinents pour les schémas MRT. Comme montré dans la suite, et en ce qui concerne notre application, les schémas MRT fonctionnent beaucoup mieux que les schémas BGK lorsque les paramètres sont correctement réglés.

### Consistance

Nous reprenons l'approche de [53] dans laquelle les auteurs expliquent comment ajuster les paramètres de relaxation dits quartiques afin d'obtenir des schémas exacts à l'ordre 4 pour le modèle thermique et les modes de relaxation diffusifs du problème de Stokes. Rappelons que les paramètres du schéma MRT D3Q7 sont  $\alpha$ ,  $s_1$ ,  $s_2$  et  $s_3$  et ceux du schéma MRT D3Q19 sont  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $s_1$  et  $s_2$ . Là encore, nous retirons les barres pour simplifier les notations.

**Proposition 4.2.1** *Il existe des paramètres de relaxation pour lesquels les schémas de diffusion MRT D3Q7 et D3Q19 sont exacts à l'ordre 4, c'est-à-dire tels que :*

$$\frac{\partial u}{\partial t} - \nabla \cdot (\mathcal{K} \nabla u) = O(\Delta t^4), \quad (4.47)$$

et donc sans diffusion numérique.

*Preuve.* Nous renvoyons à [53] pour plus de détails et ne donnons que les principaux arguments de la preuve. Rappelons que  $\lambda$  désigne le rapport  $\Delta x / \Delta t$ . En utilisant les développements de Taylor, on peut montrer que :

$$\frac{\partial u}{\partial t} - \nabla \cdot (\mathcal{K} \nabla u) + A \Delta t^2 + B \Delta t^3 = O(\Delta t^4), \quad (4.48)$$

avec :

$$\mathcal{K} = \frac{\lambda^2}{21} \Delta t (6 + \alpha) \left( \frac{1}{s_1} - \frac{1}{2} \right), \quad (4.49)$$

pour le schéma D3Q7 et :

$$\mathcal{K} = \frac{\lambda^2}{57} \Delta t (30 + \alpha) \left( \frac{1}{s_1} - \frac{1}{2} \right), \quad (4.50)$$

pour le schéma D3Q19. En choisissant les paramètres quartiques suivants pour le schéma D3Q7 :

$$s_2 = \left[ \frac{6 + \alpha}{1 - \alpha} \left( \frac{1}{s_1} - \frac{1}{2} \right) + \frac{3\alpha + 4}{12(\alpha - 1) \left( \frac{1}{s_1} - \frac{1}{2} \right)} \right]^{-1}, \quad (4.51)$$

$$s_3 = \left[ \frac{1}{6 \left( \frac{1}{s_1} - \frac{1}{2} \right)} + \frac{1}{2} \right]^{-1}, \quad (4.52)$$

on obtient  $A = B = 0$  dans (4.48). De la même manière [54], en choisissant les paramètres quartiques suivants pour le schéma D3Q19 :

$$s_1 = \frac{1}{\frac{1}{\sqrt{3}} + \frac{1}{2}}, \quad s_2 = \frac{2}{\frac{1}{\sqrt{3}} + 1}, \quad (4.53)$$

on obtient aussi  $A = B = 0$  dans (4.48), ce qui termine la preuve.

Dans les expériences décrites ci-dessous, nous choisissons les paramètres de la façon suivante.

— Pour le réseau D3Q7 :

$$s_1 = 2/(1/(\sqrt{3} + 1)), \quad (4.54)$$

$$s_2 = \left[ \frac{6 + \alpha}{1 - \alpha} \left( \frac{1}{s_1} - \frac{1}{2} \right) + \frac{3\alpha + 4}{12(\alpha - 1) \left( \frac{1}{s_1} - \frac{1}{2} \right)} \right]^{-1}, \quad (4.55)$$

$$s_3 = \left[ \frac{1}{6 \left( \frac{1}{s_1} - \frac{1}{2} \right)} + \frac{1}{2} \right]^{-1}. \quad (4.56)$$

Le paramètre  $\alpha$  est fixé par le coefficient de diffusion suivant (4.49).

— Pour le réseau D3Q19 :

$$s_1 = \frac{1}{\frac{1}{\sqrt{3}} + \frac{1}{2}}, \quad (4.57)$$

$$s_2 = \frac{2}{\frac{1}{\sqrt{3}} + 1}, \quad (4.58)$$

$$\beta = 0. \quad (4.59)$$

Le paramètre  $\alpha$  est fixé par le coefficient de diffusion suivant (4.50).

### Stabilité

Nous proposons maintenant des expériences numériques afin de démontrer la stabilité des schémas D3Q7 et D3Q19, les paramètres étant fixés comme ci-dessus. Ces expériences sont basées sur l'analyse classique de Von Neumann dans l'espace de Fourier (voir [55]). On cherche les solutions sous la forme d'ondes planes  $f_j = \phi_j e^{i(\omega t - k \cdot x)}$ ,  $j = 0, 1, \dots, 6$ , avec un vecteur d'onde  $k = (k_x, k_y, k_z)$ , une densité uniforme  $u$  et éventuellement une vitesse uniforme de convection du fluide  $V = (V_x, V_y, V_z)$ . On suppose que les conditions aux limites sont des conditions périodiques. Considérons, pour le réseau D3Q7 :

$$\mathbf{f} = \mathbf{f}^0 + \delta \mathbf{f}, \quad (4.60)$$

où  $\mathbf{f}^0 = (f_0, \dots, f_7)$  représente l'état d'équilibre uniforme spécifié par la densité uniforme et stable  $u$  et la vitesse vectorielle  $\mathbf{V} = (V_x, V_y, V_z)$ , et  $\delta \mathbf{f}$  est une petite perturbation. Dans notre contexte, il n'y a pas de convection du fluide et nous pouvons donc choisir  $V_x = V_y = V_z = 0$ . L'insertion de l'équation (4.60) dans l'équation de Boltzmann discrète (4.8) avec l'opérateur de collision (4.24) conduit à :

$$\mathbf{f}(x, t + \Delta t) = \mathbf{G} \mathbf{f}(x, t), \quad (4.61)$$

où  $\mathbf{G}$  est la matrice d'amplification. Soit  $p = e^{ik_x}$ ,  $q = e^{ik_y}$  et  $r = e^{ik_z}$ , les facteurs de phase. La matrice d'amplification  $\mathbf{G}$  du schéma pour le réseau D3Q7 peut être écrite comme le produit :

$$\mathbf{G} = \mathbf{P} \mathbf{M}^{-1} \mathbf{\Psi} \mathbf{M}, \quad (4.62)$$

où :

$$\mathbf{\Psi} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & s_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & s_1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & s_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & s_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & s_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & s_3 \end{bmatrix}, \quad (4.63)$$

$$\mathbf{P} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & p & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1/p & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & q & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1/q & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & r & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1/r \end{bmatrix}, \quad (4.64)$$

et  $\mathbf{M}$  est la matrice de relaxation (4.39). La stabilité du schéma repose sur l'équation (4.61), et se présente donc comme un problème de valeurs propres qui nécessite par conséquent la détermination des valeurs propres de la matrice d'amplification  $\mathbf{G}$ . Ces dernières sont obtenues en résolvant numériquement l'équation de dispersion suivante [55] :

$$Q(z) = \det(\mathbf{G} - z\mathbf{Id}) = 0, \quad (4.65)$$

où  $z = e^{i\Delta t}$  est le facteur de temps. En effet pour un vecteur d'onde  $k$  donné, c'est-à-dire pour  $p$ ,  $q$  et  $r$  donnés, on calcule les valeurs propres  $z(k)$  qui sont les solutions de (4.65). On fait alors varier le vecteur d'onde  $k$  et on étudie le comportement des valeurs propres  $z_j(k)$ . En faisant varier le module du vecteur d'onde  $k$  entre 0 et  $\pi$  (pour des raisons de périodicité), on calcule numériquement les valeurs propres de la matrice  $\mathbf{G}$ , les racines  $z_j$  du polynôme  $Q$ , pour un jeu de paramètres donné.

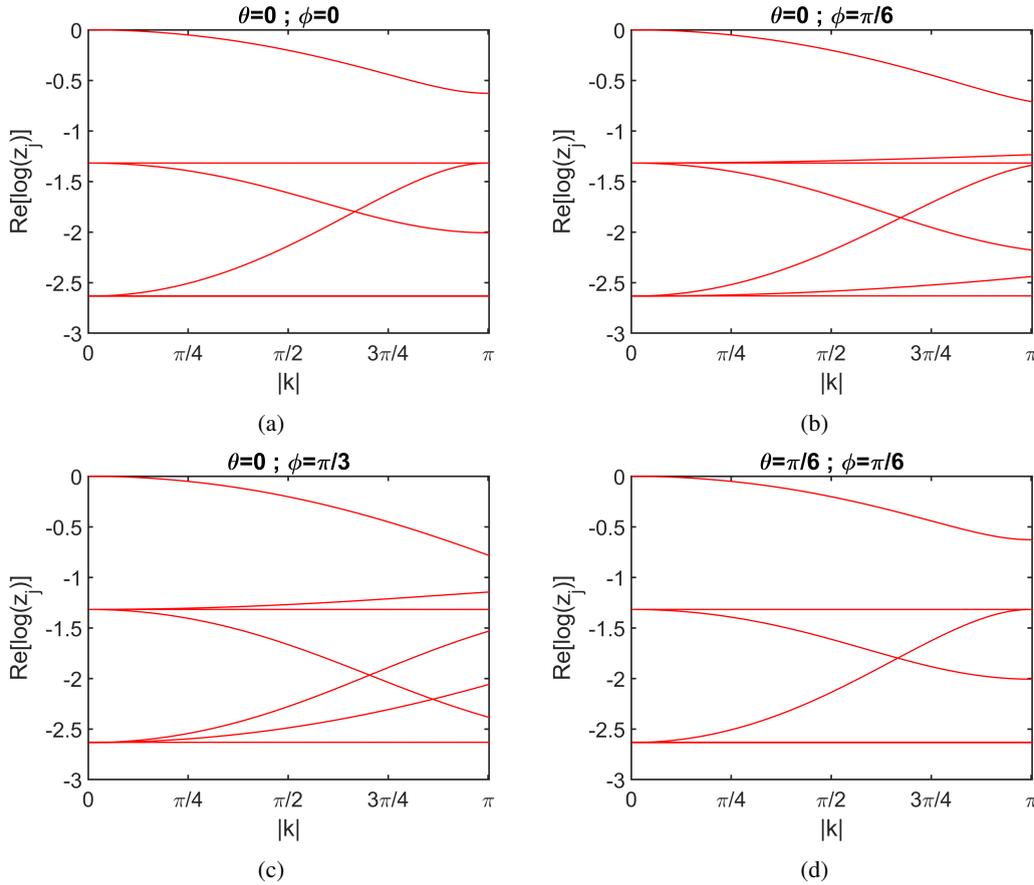
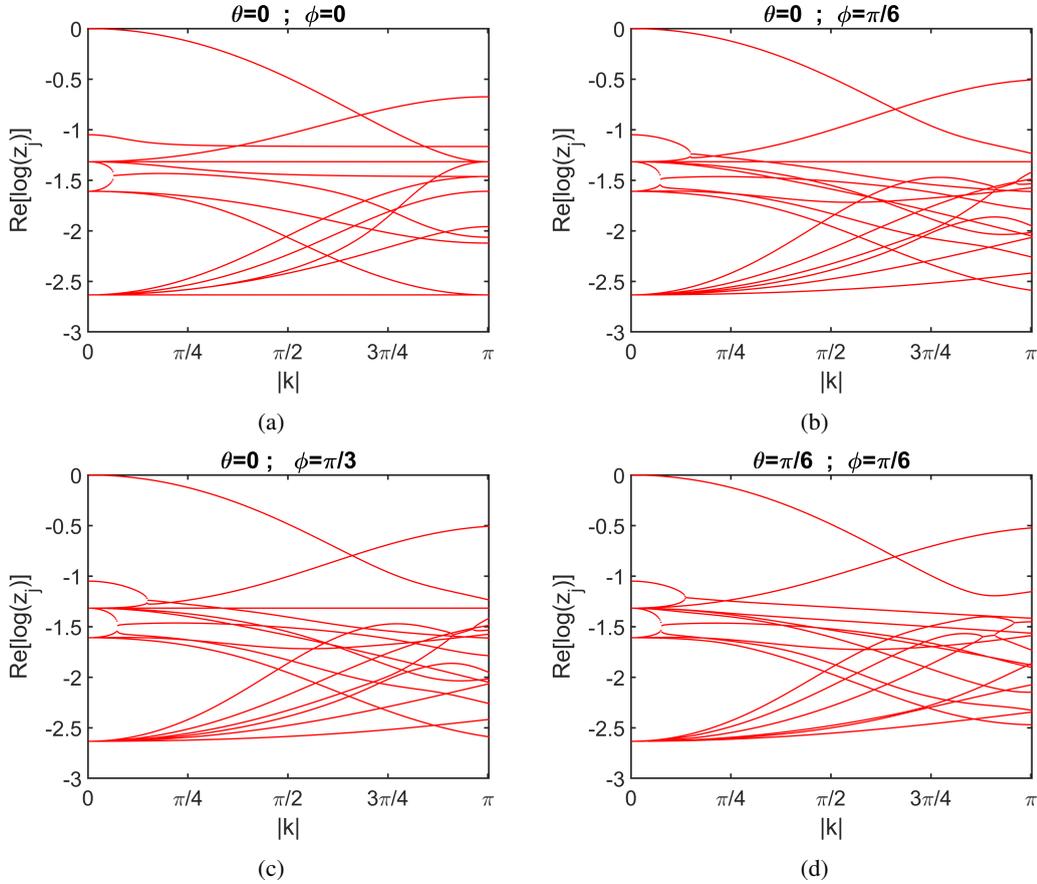


FIGURE 4.3 – Valeurs propres logarithmiques  $Re(\ln(z_j))$  en fonction du vecteur d'onde  $k$  pour le schéma de D3Q7. (a) Angle azimutal  $\theta = 0$  et un angle polaire  $\phi = 0$ ; (b)  $\theta = 0$ ,  $\phi = \pi/6$ ; (c)  $\theta = 0$ ,  $\phi = \pi/3$ ; (d)  $\theta = \pi/6$ ,  $\phi = \pi/6$ .

Le schéma devient instable lorsque l'une des valeurs propres de  $\mathbf{G}$  est supérieure à 1 ou de manière équivalente lorsque l'une des solutions  $z_j$ ,  $j = 0, 1, \dots, 6$ , de l'équation de dispersion (4.65) satisfait  $Re(\ln(z_j)) \geq 0$  [56]. Pour calculer les valeurs propres de la matrice  $\mathbf{G}$ , on a utilisé les bibliothèques numériques standard d'algèbre linéaire comme LAPACK. Les simulations illustrées à la figure 4.3 pour la segmentation de la tumeur 5.7f montrent que le schéma D3Q7 est effectivement stable. Une étude similaire peut être menée pour le réseau D3Q19. Les résultats sont présentés à la figure 4.4.



**FIGURE 4.4 – Valeurs propres logarithmiques  $Re(\ln(z_j))$  en fonction du vecteur d'onde  $k$  pour le schéma de D3Q19. (a) Angle azimutal  $\theta = 0$  et un angle polaire  $\phi = 0$ ; (b)  $\theta = 0, \phi = \pi/6$ ; (c)  $\theta = 0, \phi = \pi/3$ ; (d)  $\theta = \pi/6, \phi = \pi/6$ .**

Il est très important de souligner ici que ces résultats de stabilité sont dus au choix des paramètres décrits précédemment.

### 4.2.3 Stabilité BGK *versus* stabilité MRT

Dans toute cette partie l'implémentation BGK, ou à simple temps de relaxation (SRT), que nous utilisons est tirée de [31]. Nous comparons, en terme de stabilité, les schémas BGK et les schémas MRT, l'objectif étant de montrer tout l'intérêt qu'il y a à introduire des paramètres de relaxation supplémentaires pour renforcer la stabilité. Pour chaque schéma, nous calculons l'erreur relative :

$$Err = \frac{\|u^{n+1} - u^n\|_2}{\|u^n\|_2}, \quad (4.66)$$

où  $u^n = u(t^n = n\delta t)$ . Cette erreur relative doit diminuer au cours du temps si le schéma est numériquement stable.

Nous avons eu l'occasion de le souligner, le problème principal pour la stabilité provient du terme source. Dans l'algorithme 2, nous avons choisi d'intégrer ce terme source via un Strang splitting [43]. Nous revenons maintenant sur ce point.

Le Strang splitting traite le terme source de la façon suivante :

$$\mathbf{m}^{(k)} \leftarrow \mathbf{m}^{(k)} + \Delta t \mathbf{F}_{mo}^{(k)} / 2 \quad (4.67)$$

$$\mathbf{m}^{(k)} \leftarrow (\mathbf{Id} - \hat{\mathbf{S}}) \mathbf{m}^{(k)} + \hat{\mathbf{S}} \mathbf{m}^{eq(k)} \quad (4.68)$$

$$\mathbf{m}^{(k)} \leftarrow \mathbf{m}^{(k)} + \Delta t \mathbf{F}_{mo}^{(k)} / 2. \quad (4.69)$$

Alternativement, on peut considérer une intégration directe :

$$\mathbf{m}^{(k)} \leftarrow (\mathbf{Id} - \hat{\mathbf{S}}) \mathbf{m}^{(k)} + \hat{\mathbf{S}} \mathbf{m}^{eq(k)} + \Delta t \mathbf{F}_{mo}^{(k)}. \quad (4.70)$$

Ceci est également valable pour l'algorithme BGK. Pour évaluer l'importance du choix de la prise en compte du terme source, nous effectuons des tests à partir de deux images. Pour l'image de synthèse, les paramètres sont fixés comme suit :  $\mathcal{K} = 0.3 \times 10^{-3}$ ,  $\mu = 0.01$ ,  $\Delta t = 0.04$  et  $\Delta t = 0.0574$ . L'échelle est de  $a = 4$ . Pour l'image du jeu de données cliniques, les paramètres sont fixés comme suit :  $\mathcal{K} = 0.5 \times 10^{-3}$ ,  $\mu = 0.079$ ,  $\Delta t = 0.015$  et  $\Delta t = 0.0276$ . L'échelle est également de  $a = 4$ . La figure 4.5 montre les résultats que l'on obtient en comparant des implémentations BGK et MRT à partir du réseau D3Q7.

On tire les conclusions suivantes.

- Pour le schéma BGK : l'utilisation du Strang splitting permet de meilleures performances en terme de convergence pour des petits pas de temps  $a, e$ . Cependant, en augmentant le pas de temps, on perd en stabilité  $c, g$ . L'utilisation de l'intégration directe assure une certaine stabilité, même si la convergence n'est pas rapide. On choisira donc cette seconde solution.
- Pour le schéma MRT : les résultats montrent qu'il est préférable d'utiliser le Strang splitting.

Ces premiers tests justifient le choix fait du Strang splitting dans l'algorithme 2, d'une part, et d'autre part montrent déjà les problèmes de stabilité du schéma BGK. Les tests qui sont décrits ci-dessous confirment ce dernier point.

Pour la première comparaison, nous utilisons une image synthétique. Les paramètres sont définis comme suit :  $\mathcal{K} = 0.3 \times 10^{-3}$ ,  $\mu = 0.01$ ,  $\Delta t = 0.04$  et  $\Delta t = 0.05$ . L'échelle est de  $a = 4$ . Les résultats des simulations sont illustrés à la figure 4.6. Dans le cas D3Q7, nous pouvons voir que le schéma BGK est beaucoup plus sensible à l'augmentation du pas de temps et devient clairement instable pour  $\Delta = 0.05$ , alors que le schéma MRT se comporte de la même façon. Le cas D3Q19 confirme cette observation et montre que l'instabilité du schéma BGK n'est pas causée par le choix du réseau. Nous arrivons à la même conclusion en utilisant l'image 5.7d du jeu de données cliniques. Les paramètres sont définis comme suit :  $\mathcal{K} = 0.5 \times 10^{-3}$ ,  $\mu = 0.079$ ,  $\Delta t = 0.015$  et  $\Delta t = 0.025$ . L'échelle est de  $a = 4$ . Les résultats des simulations sont illustrés à la figure 4.7.

En conclusion, il apparaît très clairement que l'approche MRT est une bonne stratégie pour obtenir des performances pertinentes et conduit à des schémas se comportant beaucoup mieux que les schémas BGK.

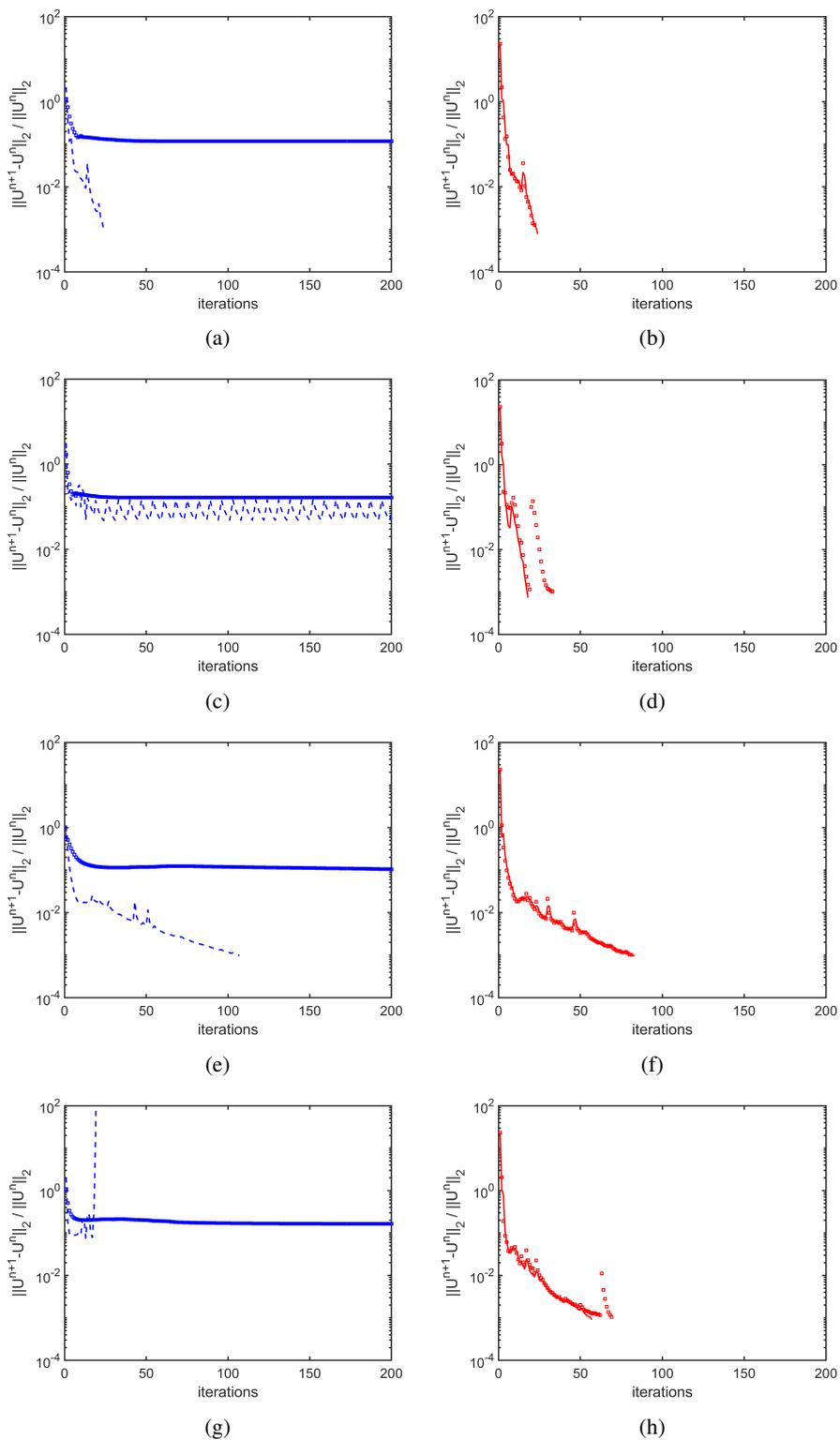


FIGURE 4.5 – Prise en compte du terme source, directe ou par strong splitting : comparaisons entre BGK et MRT pour le réseau D3Q7.

Shéma BGK et image de synthèse : (a)  $\Delta t = 0.04$ , (c)  $\Delta t = 0.0574$ .

Schéma BGK et image clinique : (e)  $\Delta t = 0.015$ , (g)  $\Delta t = 0.0276$ .

Ligne bleue : strong splitting. Ligne pointillée bleue : intégration directe.

Schéma MRT et image synthétique : (b)  $\Delta t = 0.04$ , (d),  $\Delta t = 0.0574$ .

Schéma MRT et image clinique : (f)  $\Delta t = 0.015$ , (h),  $\Delta t = 0.0276$ .

Ligne rouge : strong splitting. Ligne pointillée rouge : intégration directe.

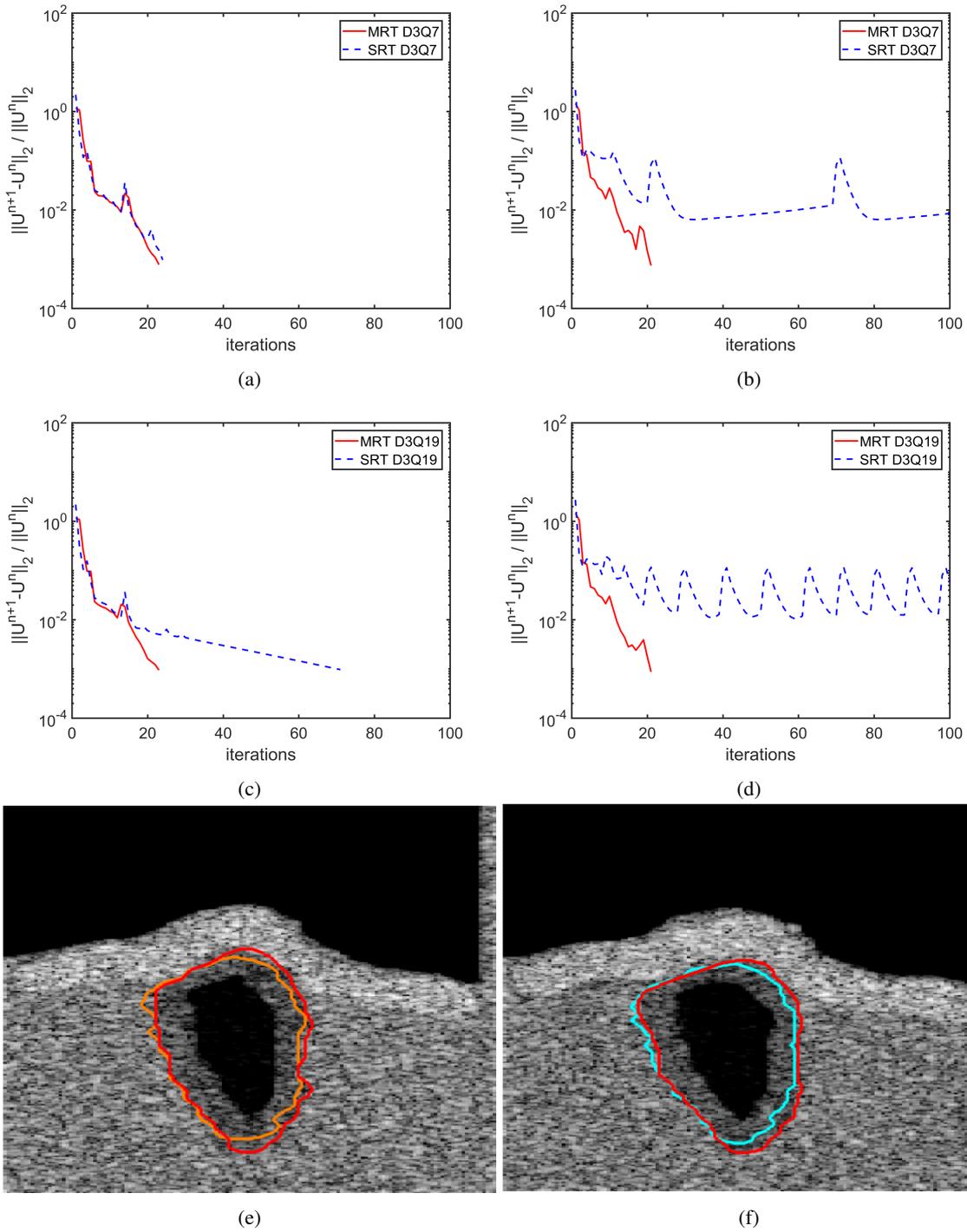


FIGURE 4.6 – Comparaison de stabilité entre BGK (SRT) et MRT : image synthétique.

Réseau D3Q7 : (a) pas de temps  $\Delta t = 0.04$ , (b) pas de temps  $\Delta t = 0.05$ .

Réseau D3Q19 : (c) pas de temps  $\Delta t = 0.04$ , (d) pas de temps  $\Delta t = 0.05$ .

Coupe de la segmentation par l'algorithme LLCH-MRT : (e)  $\Delta t = 0.04$ , (f)  $\Delta t = 0.05$ . Le contour de référence est en rouge.

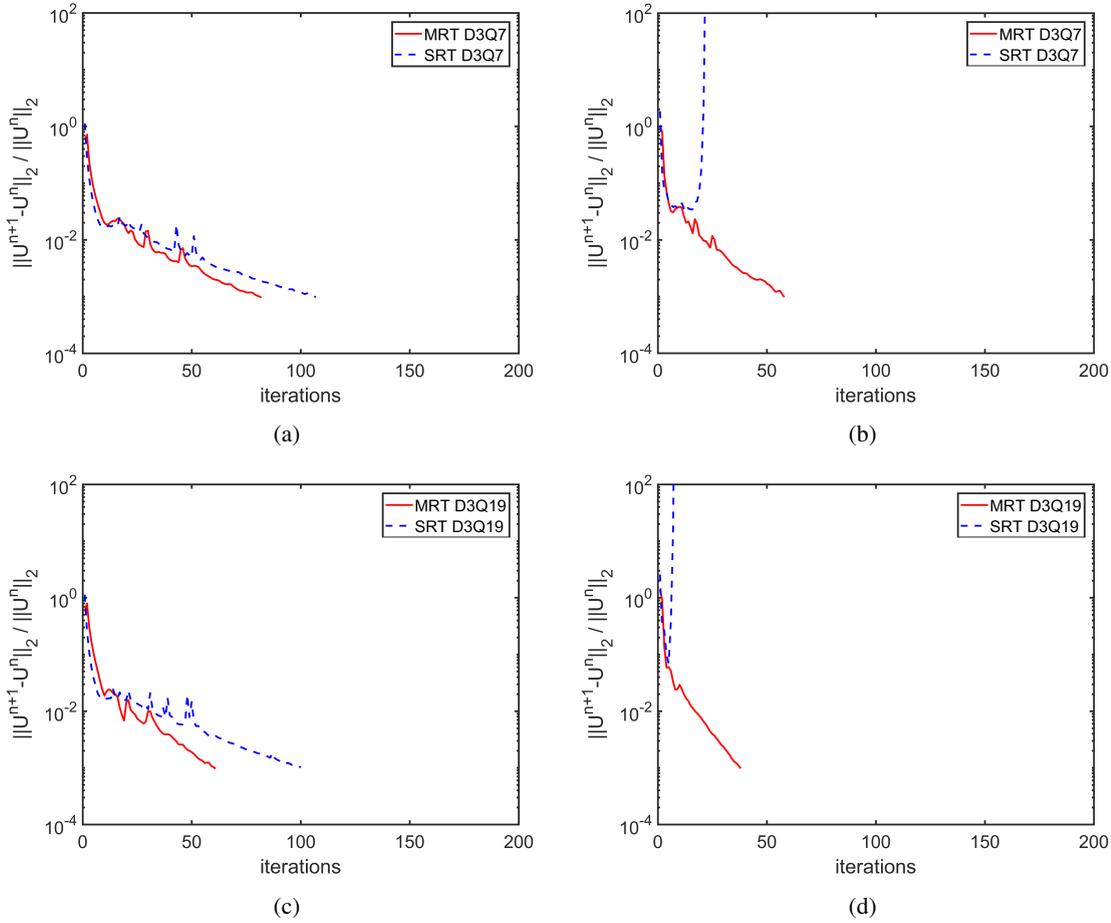


FIGURE 4.7 – Comparaison de stabilité entre BGK (SRT) et MRT : image clinique 5.7d.

Réseau D3Q7 : (a) pas de temps  $\Delta t = 0.015$ , (b) pas de temps  $\Delta t = 0.025$ .

Réseau D3Q19 : (c) pas de temps  $\Delta t = 0.015$ , (d) pas de temps  $\Delta t = 0.035$ .

### 4.3 Conclusion

Nous avons montré dans ce chapitre comment implémenter la méthode LLCH à l'aide de schémas lattice Boltzmann à temps de relaxation multiples. Comme nous l'avons vérifié à l'aide de tests sur des images synthétiques et sur notre jeu de données cliniques, une telle implémentation est nécessaire puisque les schémas à simple temps de relaxation ne sont pas suffisamment stables pour prendre en charge le terme source de notre équation de diffusion non linéaire. Grâce à un bon choix des paramètres de relaxation supplémentaires que fournit l'approche MRT, nous avons obtenu des schémas exacts à l'ordre 4, sans diffusion numérique, dont la stabilité a été vérifiée par une analyse de Von Neumann. Dans le chapitre suivant, nous évaluons les performances de cette nouvelle approche et comparons notamment cette dernière à l'implémentation par solutions exactes du chapitre 2.

## Chapitre 5

# L'algorithme LLCH-MRT : évaluation et tests comparatifs

Nous proposons dans ce chapitre des tests permettant d'évaluer les performances des deux algorithmes LLCH-MRT, D3Q7 et D3Q19, décrits dans le chapitre précédent. Nous commençons par quelques tests sur des images de synthèse pour étudier le comportement de ces algorithmes en fonction du changement de la taille de la grille. Puis nous réalisons des tests comparatifs entre les algorithmes ADLL, LLCH-exact, LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19, en utilisant les images du jeu de données cliniques. Nous terminons, dans la conclusion, par une discussion sur les temps de calcul.

Les points importants à retenir pour ce chapitre sont les suivants.

- L'approche multigrille permet d'améliorer de façon très significative les temps de calcul et les résultats de la segmentation.
- Les algorithmes LLCH-exact et LLCH-MRT fournissent des résultats sensiblement équivalents en terme de segmentation.
- Une implémentation C++ parallélisée de l'algorithme LLCH-MRT D3Q7 permet d'obtenir un temps de calcul semblable à celui de l'algorithme LLCH-exact.
- L'algorithme LLCH-exact est le seul robuste aux changements d'initialisation d'un volume initial à l'intérieur de la tumeur à un volume initial à l'extérieur de la tumeur.
- L'obstruction à une implémentation complètement parallélisée des algorithmes LLCH-MRT est le calcul de la log-vraisemblance du terme d'attache aux données.

### 5.1 Évaluation sur des images de synthèse

Nous proposons ici quelques tests afin d'évaluer les performances de l'algorithme LLCH-MRT en fonction du choix de la taille de la grille. Les tests sont réalisés avec le réseau D3Q7. Des résultats similaires sont obtenus avec le réseau D3Q19.

#### 5.1.1 Paramétrisation du profil de potentiel

En pratique, il peut être utile d'ajuster le profil du potentiel à double puits pour améliorer les résultats de segmentation. Rappelons que le flot de gradient multigrille est donné par l'équation

2.50 :

$$\frac{\partial \bar{u}}{\partial t} / |\Omega_{\bar{x}}| = \quad (5.1)$$

$$2\bar{u} \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_A(I) + 2(\bar{u} - 1) \sum_I \hat{P}_{\bar{x}}(I) \log \hat{P}_B(I) + \frac{\mu}{c_W} \left( \frac{\varepsilon}{a^2} \bar{\Delta} \bar{u} - \frac{1}{\varepsilon} W'(\bar{u}) \right), \quad (5.2)$$

où :

$$c_W = \int_0^1 W(s) ds. \quad (5.3)$$

On introduit le potentiel à paramètre défini par :

$$W_\theta(u) = \theta W(u). \quad (5.4)$$

On a alors, en posant  $\epsilon' = \epsilon/\theta$  :

$$\mathcal{K} = \frac{\mu\epsilon}{a^2 c_{W_\theta}} = \frac{\mu\epsilon}{a^2 \theta c_W} = \frac{\mu\epsilon'}{a^2 c_W}, \quad (5.5)$$

et :

$$\frac{\mu}{\epsilon c_{W_\theta}} W'_\theta(u) = \frac{\mu}{\epsilon \theta c_W} \theta W'(u) = \frac{\mu}{\epsilon' \theta c_W} W'(u). \quad (5.6)$$

Ceci signifie, en reprenant la notation d'origine en  $\epsilon$ , que l'équation du flot multigrille fait intervenir maintenant trois paramètres :  $\mu$ ,  $\epsilon$  et  $\theta$ . Le paramètre additionnel  $\theta$  n'intervient qu'au niveau du terme de réaction. Le choix de  $\mathcal{K}$  et de  $\mu$  détermine  $\epsilon$  et les paramètres du schéma MRT (voir la fin de la sous-section "Consistance" dans 4.2.2). En bref, les paramètres impliqués dans les tests sont :

- le paramètre de régularisation  $\mu$  ;
- le coefficient de diffusion  $\mathcal{K}$  ;
- le paramètre de profil du potentiel à double puits  $\theta$  ;
- le pas de temps  $\Delta t$  ;
- l'échelle de la grille  $a$ .

### 5.1.2 Influence de la taille de la grille

Nous considérons dans un premier temps l'image synthétique simple de la figure 5.1. Elle est de taille  $256 \times 256 \times 256$  voxels, soit environ 17 millions de voxels. Le bruit est donné par une distribution de Rayleigh.

La segmentation est effectuée aux échelles  $a = 1, 2, 3, 4, 5$ . Le pas de temps est fixé à  $\Delta t = 0.002$  pour assurer la stabilité à l'échelle initiale  $a = 1$ . Nous choisissons  $\mathcal{K} = 0.4 \times 10^{-3}$ ,  $\mu = 0.02$  et  $\theta = 10/a^2$ . Les résultats sont présentés dans le tableau 5.1. Nous pouvons voir que l'indice de Dice diminue légèrement lorsque l'échelle augmente. En revanche, la sensibilité augmente. Cela s'explique par le fait que la dynamique du flot est moins conservative aux échelles supérieures et par le grand nombre d'itérations nécessaires pour obtenir la convergence à l'échelle initiale [57]. Les temps de calcul d'une mise en oeuvre simple (non parallèle) montrent que la grande taille de l'image ne permet pas de segmentation raisonnable à l'échelle 1 ou 2. En travaillant à l'échelle 3, on obtient un facteur d'accélération d'environ 2000. Le pas de temps peut être choisi beaucoup plus grand que 0.002 pour cette taille de grille.

a	$D$	$S$	$P$	MAD (pixels)	Temps (s)
1	0.950	0.906	0.999	1.283	33447
2	0.978	0.976	0.980	0.663	1271
3	0.957	0.987	0.929	1.206	173
4	0.931	0.986	0.882	1.893	152
5	0.917	0.986	0.857	2.260	84

Tableau 5.1 – Évaluation de l'algorithme LLCH-MRT (D3Q7) sur une image synthétique simple : influence de la taille de la grille. Le pas de temps est fixé à  $\Delta t = 0.002$ .

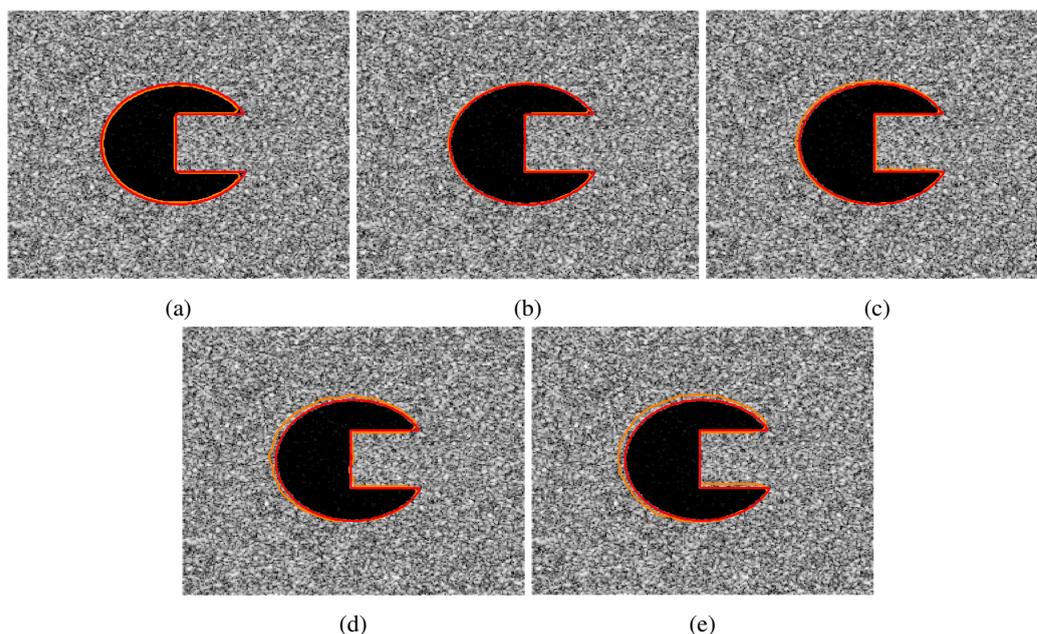


FIGURE 5.1 – Évaluation de l'algorithme LLCH-MRT (D3Q7) sur une image synthétique simple : influence de la taille de la grille. Le pas de temps est fixé à  $\Delta t = 0.002$ . (a)  $a = 1$ , (b)  $a = 2$ , (c)  $a = 3$ , (d)  $a = 4$ , (e)  $a = 5$ . Contour de référence en rouge.

Dans un second temps, nous considérons une image synthétique d'une tumeur mesurant  $322 \times 142 \times 172$  voxels altérée par un bruit de distribution de Rayleigh, voir la figure 5.2. Les paramètres sont donnés par  $\mathcal{K} = 0.2 \times 10^{-3}$ ,  $\mu = 0.001$ ,  $\theta = 10/a^2$  et  $\Delta t = 0.002$ . Les résultats sont présentés dans le tableau 5.2. Ces résultats confirment les observations faites dans le cas précédent.

a	$D$	$S$	$P$	MAD (pixels)	Temps (s)
1	0.595	0.423	1.000	7.020	6095
2	0.623	0.452	1.000	6.614	816
3	0.635	0.465	0.998	6.534	179
4	0.679	0.516	0.995	5.807	79

Tableau 5.2 – Évaluation de l'algorithme LLCH-MRT (D3Q7) sur une image synthétique d'une tumeur : influence de la taille de la grille. Le pas de temps est fixé à  $\Delta t = 0.002$ .

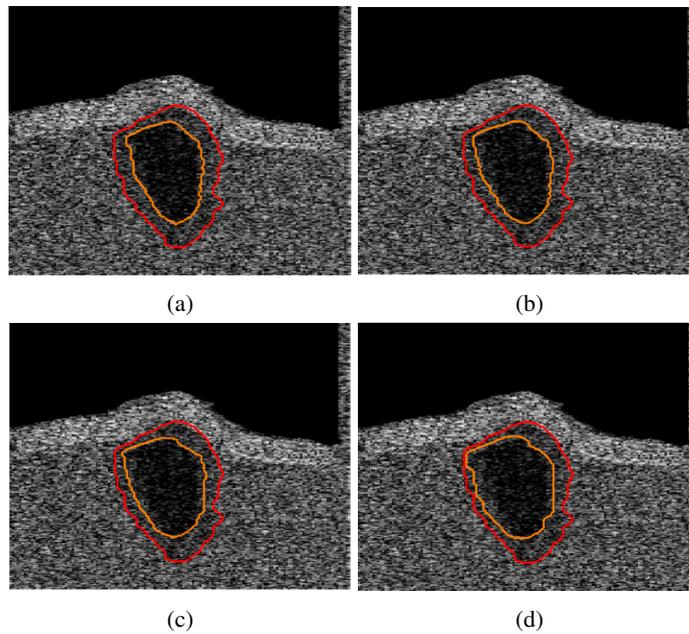


FIGURE 5.2 – Évaluation de l’algorithme LLCH-MRT (D3Q7) sur une image synthétique d’une tumeur : influence de la taille de la grille. Le pas de temps est fixé à  $\Delta t = 0.002$ . (a)  $a = 1$ , (b)  $a = 2$ , (c)  $a = 3$ , (d)  $a = 4$ , (e)  $a = 5$ . Contour de référence en rouge.

On constate cependant que les résultats obtenus avec ce pas de temps ne sont pas à la hauteur de ce qui est demandé. Pour améliorer ces résultats, nous augmentons le pas de temps en le fixant à  $\Delta t = 0.03$ . Ceci n’est possible qu’aux échelles  $a = 3$  et  $a = 4$ ; en effet le schéma perd sa stabilité aux échelles  $a = 1$  et  $a = 2$  pour un tel pas de temps. L’augmentation du pas de temps rend la dynamique du flot moins conservative ce qui permet d’obtenir de bien meilleurs indices de Dice avec des temps de calcul beaucoup plus courts, voir le tableau 5.3. Par exemple, dans le cas  $a = 4$ , l’indice de Dice est amélioré de 31% et la distance MAD de 63%. Le temps de calcul est diminué de 73%. Les résultats de la segmentation correspondante sont présentés dans la figure 5.3.

$a$	$D$	$S$	$P$	MAD (pixels)	Temps (s)
3	0.902	0.854	0.956	1.844	56
4	0.887	0.868	0.908	2.146	21

Tableau 5.3 – Évaluation de l’algorithme LLCH-MRT (D3Q7) sur une image synthétique d’une tumeur : influence de la taille de la grille. Le pas de temps est fixé à  $\Delta t = 0.03$ . Échelles  $a = 3$  et  $a = 4$ .

Ces premières expériences montrent une nouvelle fois les avantages de l’approche multigrille : elle rend l’algorithme plus stable, réduit considérablement le temps de calcul et améliore les résultats de la segmentation.

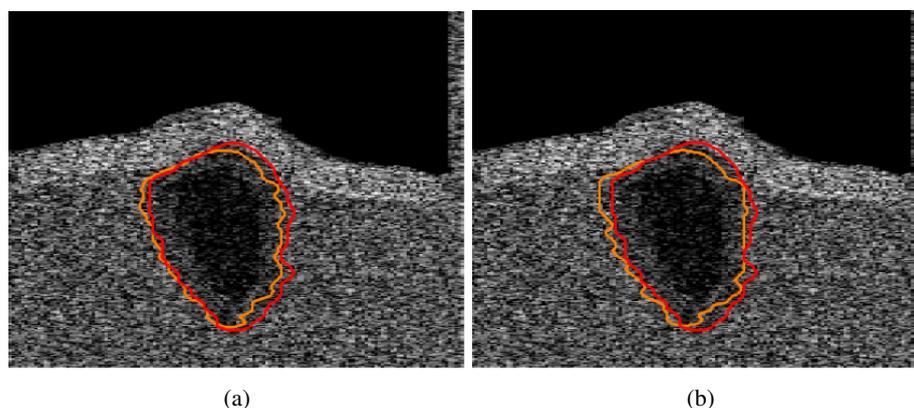


FIGURE 5.3 – Évaluation de l'algorithme LLCH-MRT (D3Q7) sur une image synthétique d'une tumeur : influence de la taille de la grille. Le pas de temps est fixé à  $\Delta t = 0.03$ . (a)  $\alpha = 3$  et (b)  $\alpha = 4$ . Contour de référence en rouge.

## 5.2 Tests comparatifs sur les images du jeu de données cliniques

Nous effectuons des tests comparatifs entre les quatre algorithmes ADLL, LLCH-exact, LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19. Pour ces tests, nous utilisons les images du jeu de données cliniques pour lesquelles on dispose d'une vérité terrain fournie par un dermatologue. Dans tout ce qui suit l'échelle est  $\alpha = 4$ . Pour des raisons de stabilité, les pas de temps pour l'implémentation de l'algorithme LLCH-MRT doivent être choisis petits, et le volume segmenté varie peu, notamment lors des premières itérations. On choisit par conséquent comme critère d'arrêt pour les différents algorithmes une condition sur le changement d'énergie des fonctions de champ de phase : si la variation d'énergie est inférieure à 0.1%, l'algorithme s'arrête. Les paramètres sont ajustés de manière adaptative afin de maximiser l'indice de Dice pour chaque tumeur. Ils sont choisis comme suit.

- ADLL :  $\mu_{ADLL} \in [0.001, 0.01]$ ,  $\Delta t \in [0.8, 2]$ ,  $T \in [2, 10]$ .
- LLCH-exact :  $\mu_{LLCH-exact} \in [0.09, 1]$ ,  $\Delta t \in [0.1, 1]$  et  $\epsilon \in [1/\mathcal{N}, 5/\mathcal{N}]$ , voir le chapitre 3.
- MRT-D3Q7 :  $\mathcal{K} \in [0.27 \times 10^{-3}, 1 \times 10^{-3}]$ ,  $\mu_{D3Q7} \in [0.0132, 0.113]$ ,  $\Delta t \in [0.01, 0.025]$  et  $\theta \in [0.01, 3]$ .
- MRT-D3Q19 :  $\mathcal{K} \in [0.3 \times 10^{-3}, 2 \times 10^{-3}]$ ,  $\mu_{D3Q19} \in [0.01, 0.16]$ ,  $\Delta t \in [0.01, 0.04]$  et  $\theta \in [0.0056, 1.5]$ .

Les indicateurs de performance relatifs aux différents algorithmes sont reportés dans le tableau 5.4. Les schémas MRT sont implémentés de façon simple sans parallélisation.

Méthode	$D$	$S$	$P$	MAD	Temps
ADLL	$0.739 \pm 0.065$	$0.611 \pm 0.080$	<b><math>0.947 \pm 0.069</math></b>	$363 \pm 145$	26
MRT D3Q7	$0.857 \pm 0.045$	$0.854 \pm 0.073$	$0.869 \pm 0.08$	$201 \pm 70$	201
MRT D3Q19	$0.856 \pm 0.048$	$0.848 \pm 0.064$	$0.872 \pm 0.09$	$204 \pm 65$	400
LLCH-exact	<b><math>0.861 \pm 0.050</math></b>	<b><math>0.855 \pm 0.058</math></b>	$0.866 \pm 0.078$	<b><math>189 \pm 70</math></b>	41
Intra-obs	$0.864 \pm 0.051$	$0.855 \pm 0.070$	$0.879 \pm 0.068$	$177 \pm 60$	300

Tableau 5.4 – Comparaisons entre les algorithmes ADLL, LLCH-exact, LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19. Images du jeu de données cliniques. Les temps de calcul sont en secondes.

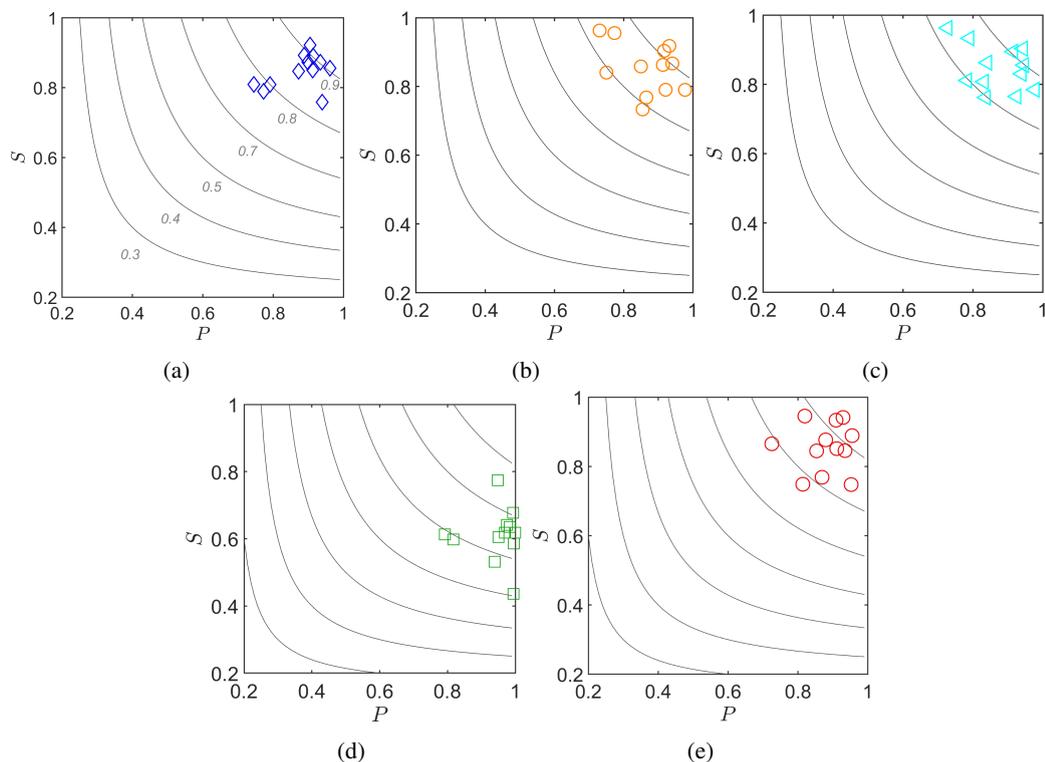


FIGURE 5.4 – Comparaisons entre les algorithmes ADLL, LLCH-exact, LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19. Images du jeu de données clinique. Sensibilité  $S$  en fonction de la précision  $P$ . (a) LLCH-exact, (b) LLCH-MRT D3Q7, (c) LLCH-MRT D3Q19, (d) ADLL, (e) Variabilité intra-observateur.

Deux représentations plus compactes de ces résultats sont données par les figures 5.4 et 5.5. Comme nous venons de le préciser, le critère d'arrêt est différent du critère géométrique utilisé dans la section 3.1.2. Rappelons que dans cette dernière, l'algorithme s'arrête lorsque le changement de volume entre deux étapes consécutives est inférieur à 0,001% du volume segmenté.

En ce qui concerne la comparaison entre l'algorithme ADLL et les trois implémentations LLCH, on aboutit aux mêmes conclusions qu'au chapitre 3. L'algorithme ADLL donne la meilleure précision  $P$  mais avec une sensibilité  $S$  inférieure d'environ 25% et un indice de Dice inférieur d'environ 14%. La distance MAD est très significativement plus élevée, d'environ 42%. On constate également que l'algorithme ADLL est sensible au changement de critère d'arrêt : l'indice de Dice diminue de 0.826 à 0.739 et la sensibilité de 0.763 à 0.611. Ceci est dû à la réduction du pas de temps, de  $\Delta t \in [2, 10]$  à  $\Delta t \in [0.8, 2]$ , nécessaire pour assurer la consistance du schéma. Des sections 2D de segmentations pour 5 tumeurs sont reproduites dans la figure 5.6 qui permettent de visualiser les performances en terme de sensibilité  $S$ .

Nous nous intéressons finalement à la comparaison entre elles des trois implémentations LLCH. Les indices de Dice, les sensibilités  $S$  et les précisions  $P$  sont sensiblement équivalentes. L'algorithme LLCH-exact donne une meilleure distance MAD, inférieure d'environ 6%. Cet algorithme donne également les meilleurs temps de calcul puisqu'il utilise des solutions exactes qui rendent le schéma inconditionnellement stable. La première ligne de la figure 5.6 montre que le bord de la tumeur segmentée par l'algorithme LLCH-exact se rapproche plus du bord de référence qu'il ne le fait avec les algorithmes LLCH-MRT.

On constate également que les algorithmes LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19 donnent les mêmes résultats mais avec des temps de calcul très différents. On préférera donc la version

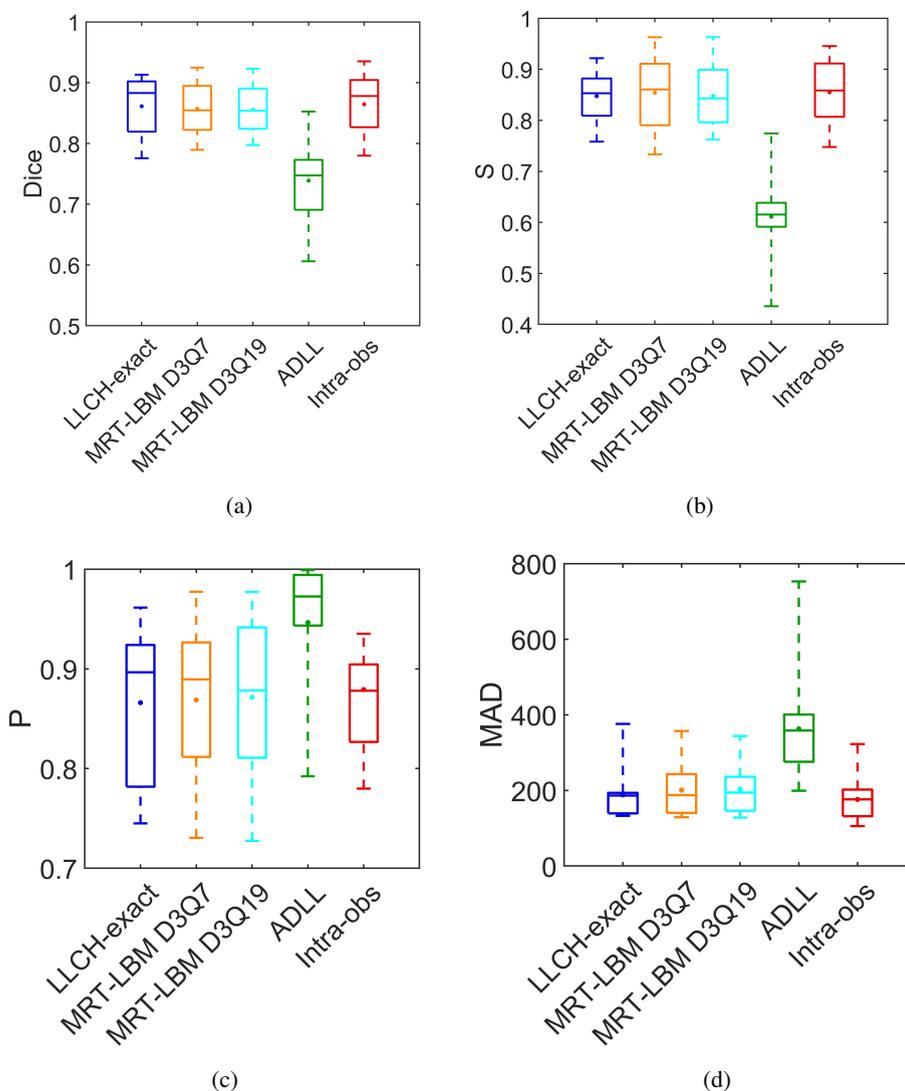


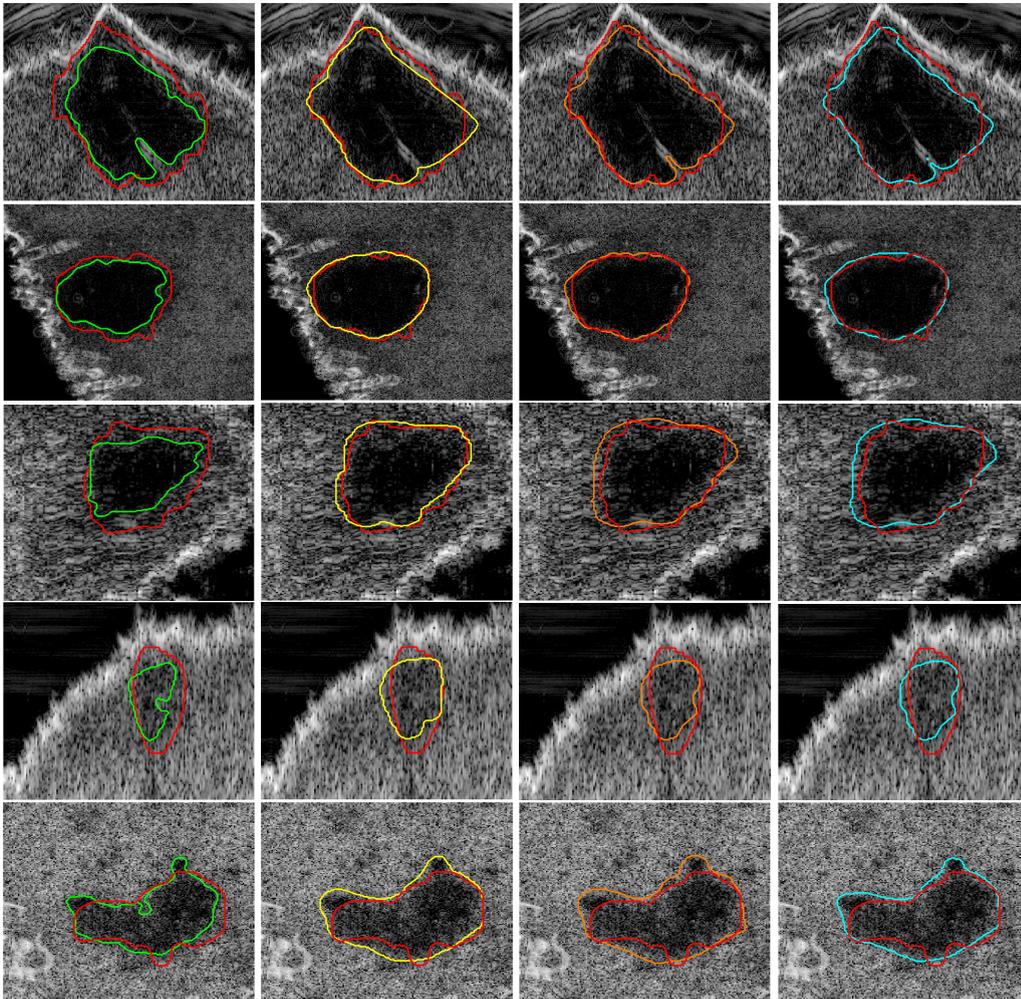
FIGURE 5.5 – Comparaisons entre les algorithmes ADLL, LLCH-exact, LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19. Images du jeu de données cliniques. Diagrammes à moustache.

utilisant le réseau D3Q7. Une implémentation C++ en parallèle de l'algorithme LLCH-MRT D3Q7 permet de diviser par 8 le temps de calcul, ce qui donne un temps de calcul comparable à celui de l'algorithme LLCH-exact.

Les algorithmes LLCH donnent des indices de Dice, des sensibilités  $S$  et des précisions  $P$  proches de ceux de l'intra-observateur. La distance MAD reste cependant encore un peu trop élevée, d'environ 13%.

Dans ces tests, nous n'avons considéré que des initialisations à l'intérieur de la tumeur. Comme mentionné dans l'introduction, on peut vérifier que l'algorithme LLCH-exact est le seul robuste aux changements d'initialisation. Aucun des deux schémas LLCH-MRT ne se révèlent suffisamment stables lorsque le volume d'initialisation couvre entièrement la tumeur.

Les résultats de la segmentation des 12 tumeurs du jeu de données cliniques utilisant l'algorithme LLCH-MRT D3Q7 sont représentés dans la figure 5.7.



**FIGURE 5.6 – Comparaisons entre les algorithmes ADLL, LLCH-exact, LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19. Images du jeu de données cliniques**  
**Première colonne ADLL. Deuxième colonne LLCH-exact. Troisième colonne LLCH-MRT D3Q7. Dernière colonne LLCH-MRT D3Q19.**  
**Première ligne, tumeur 5.7h. Deuxième ligne, tumeur 5.7g. Troisième ligne, tumeur 5.7d. Quatrième ligne, tumeur 5.7b.**  
**Contour de référence en rouge.**

### 5.3 Conclusion

Au terme des tests réalisés, il apparaît que l’algorithme LLCH-exact de la première partie de notre travail reste le plus efficace. On peut donc se demander quel est l’intérêt de développer des approches utilisant les réseaux lattice Boltzmann.

Nous l’avons souligné à plusieurs reprises, les instabilités numériques proviennent du terme source  $F$  qui contient en particulier les informations du terme d’attache aux données. En l’absence de tels termes source, les schémas LBM MRT sont très stables. Par ailleurs, les temps de calcul obtenus pour les algorithmes LLCH-MRT restent longs. Ceci provient du fait que les estimations statistiques pour le calcul de log-vraisemblance sont globales, prenant en compte toutes les intensités de voxels dans la région d’intérêt ainsi que dans la région de fond. Cette étape empêche une implémentation parallèle complète, ce qui est un des avantages majeurs des méthodes lattice

Boltzmann. Nous reviendrons sur ce point dans les perspectives du chapitre suivant en évoquant quelques pistes pour résoudre ce problème.

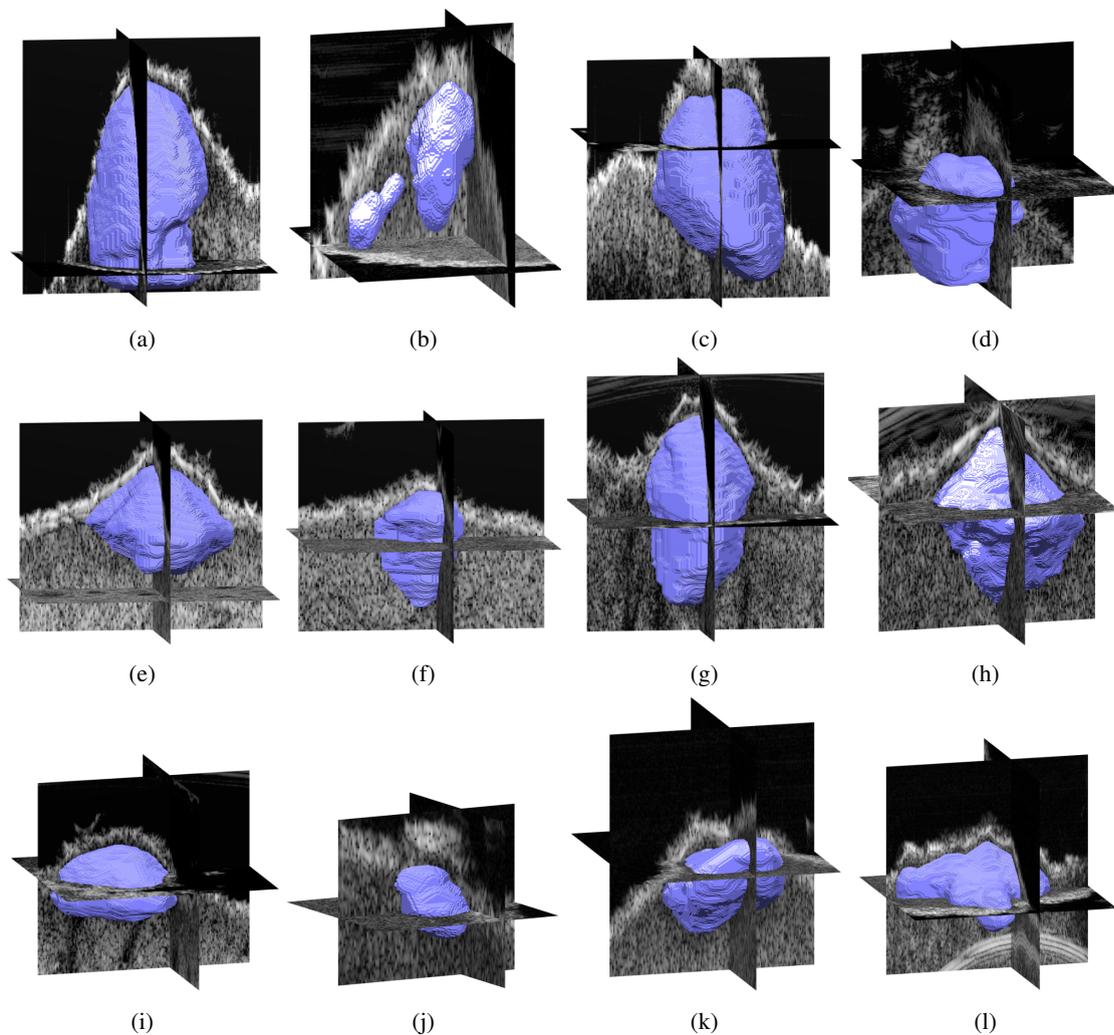


FIGURE 5.7 – Résultats de la segmentation par l'algorithme LLCH-MRT D3Q7. Images du jeu de données cliniques.

# Chapitre 6

## Conclusion et perspectives

### 6.1 Résumé des travaux présentés

Nous nous sommes intéressés dans ce travail au problème de la segmentation en 3D de tumeurs cutanées dans des images ultrasons hautes fréquences. Le traitement de telles images est difficile compte tenu de leur taille, du peu de contraste qu'elles présentent et du bruit caractéristique de ce type d'acquisition, le speckle. Notre objectif principal était de pallier le défaut des algorithmes existants basés sur des approches level sets qui sous-segmentent les volumes tumoraux, les dynamiques sous-jacentes étant trop conservatives. Tous nos tests ont été effectués en utilisant soit des images de synthèse pour valider les algorithmes, soit des images d'un jeu de données cliniques pour les comparaisons. Pour ces dernières images, nous disposons d'une vérité terrain fournie par un dermatologue.

Nous avons considéré une nouvelle formulation variationnelle en reprenant le terme d'attache aux données de [5]. Ce terme est un rapport de log-vraisemblance qui mesure la dissimilarité entre la distribution d'intensité pour les voxels à l'intérieur de la tumeur et la distribution d'intensité pour les voxels à l'extérieur de la tumeur. La nature particulière des images de peau ultrasons hautes fréquences impose d'avoir recours à des estimations non paramétriques et à des estimateurs de Parzen.

Pour remédier au défaut des algorithmes utilisant les level sets, nous avons proposé de remplacer le terme de régularisation de [5] par l'équation de réaction diffusion d'Allen-Cahn. Cette EDP, qui est le flot de gradient  $L^2$  de l'énergie de Cahn-Hilliard, fait partie des modèles de transitions de phase dits à interface diffuse. La dynamique de ce flot est gérée par un terme de diffusion et un terme de réaction associé à un potentiel à double puits. Un paramètre,  $\epsilon$  permet de contrôler la taille de l'interface diffuse qui peut, dans notre contexte, être vue comme une version floue du contour net à détecter.

L'équation du flot de gradient associé à cette formulation variationnelle a été résolue de façon exacte à l'aide d'un splitting de Lie. Pour garantir des temps de calcul raisonnables pour les applications, nous avons opté pour une approche multigrille. L'algorithme résultant est l'algorithme LLCH-exact.

Les premiers tests ont permis de valider cette approche en montrant clairement les avantages de l'approche multigrille et la pertinence d'introduire une interface diffuse. Ensuite, nous avons comparé l'algorithme LLCH-exact à deux algorithmes de référence de l'état de l'art, les algorithmes MSCH et ADLL. Les algorithmes LLCH-exact et MSCH ont le même terme de régularisation,

l'équation d'Allen-Cahn, alors que les algorithmes LLCH-exact et ADLL ont le même terme d'attache aux données. Les tests réalisés sur l'ensemble des images du jeu de données cliniques, avec vérité terrain, ont permis de vérifier que l'algorithme LLCH-exact se comporte beaucoup mieux que les algorithmes MSCH et ADLL et est une bonne alternative pour pallier le problème de la sous-segmentation du volume tumoral. De plus, l'algorithme LLCH-exact est robuste au changements d'initialisation d'un volume initial à l'intérieur de la tumeur à un volume initial couvrant la tumeur.

La seconde partie de notre travail, plus prospective, a consisté à étudier la possibilité d'implémenter efficacement la méthode LLCH par des réseaux lattice Boltzmann. Une telle implémentation n'est pas évidente *a priori* puisque la dynamique du modèle LLCH n'est pas une dynamique classique de fluides ou de transfert thermique. En effet le terme d'attache aux données, de nature purement statistique, est très difficile à interpréter par des lois de conservation.

Le flot de gradient multigrille à implémenter est une équation non linéaire avec un terme source très problématique pour la stabilité. Nous avons montré que les schémas BGK, ou à simple temps de relaxation, ne sont pas aptes à gérer les instabilités créées par le rapport de log-vraisemblance. Par contre l'approche MRT, à multiples temps de relaxation, se révèle être très efficace dès l'instant où l'on ajuste les différents paramètres de relaxation de façon adéquate. On obtient alors des schémas exacts à l'ordre 4 dont la stabilité numérique est établie via une analyse de Von Neumann. Ceci conduit aux algorithmes LLCH-MRT utilisant les réseaux D3Q7 et D3Q19.

Après une étude de l'influence de la taille de la grille sur les performances des algorithmes LLCH-MRT, nous avons procédé à des comparaisons avec les algorithmes ADLL et LLCH-exact, ce dernier faisant l'objet de la première partie de notre travail. Les tests réalisés sur les images du jeu de données cliniques ont confirmé que l'approche LLCH, avec ces trois implémentations (LLCH-exact, LLCH-MRT D3Q7 et LLCH-MRT D3Q19), donnait de bien meilleurs résultats en terme de qualité de segmentation que l'algorithme ADLL. Les performances des trois implémentations LLCH sont sensiblement les mêmes, excepté pour les temps de calcul. Néanmoins une implémentation en parallèle de l'algorithme LLCH-MRT D3Q7 permet d'avoir des résultats très comparables à ceux obtenus grâce à l'algorithme LLCH-exact.

Comme nous l'avons mentionné à la fin du chapitre précédent, les estimations statistiques pour le calcul de la log-vraisemblance, qui prennent en compte toutes les intensités de voxels dans la région d'intérêt ainsi que dans la région de fond, sont une obstruction majeure à une parallélisation complète des schémas LLCH-MRT et ne permettent donc pas d'exploiter tout le potentiel des méthodes lattice Boltzmann. Dans le paragraphe qui suit, nous proposons quelques pistes pour traiter ce problème.

## 6.2 Perspectives

Le terme d'attache aux données de l'algorithme ADLL est donné par 3.6 :

$$\delta(\phi(\mathbf{x})) \log \left( \frac{\hat{P}_A(I(\mathbf{x}))}{\hat{P}_B(I(\mathbf{x}))} \right) \quad (6.1)$$

L'utilisation de la distribution de Dirac  $\delta$  permet de concentrer la dynamique d'évolution sur un voisinage très petit du niveau 0. Ceci est un avantage lorsqu'une partie de la région de fond (non tumorale) de l'image présente les mêmes caractéristiques statistiques que la tumeur, c'est-à-dire correspond à la même estimation  $\hat{P}_A$ . L'algorithme ne tient pas compte de cette région sans intérêt

pour la segmentation. C'est également un inconvénient puisque la dynamique d'évolution ainsi contrainte conduit à une sous-segmentation du volume tumoral. *A contrario*, le terme d'attache aux données de l'algorithme LLCH :

$$2u \log \hat{P}_A(I(\mathbf{x})) + 2(u - 1) \log \hat{P}_B(I(\mathbf{x})) \quad (6.2)$$

ne concentre pas la dynamique d'évolution sur un voisinage de l'interface diffuse. C'est un avantage pour augmenter la taille du volume segmenté et obtenir de meilleurs résultats en terme de sensibilité. Mais si, comme évoqué ci-dessus, une partie de la région de fond (non tumorale) de l'image présente les mêmes caractéristiques statistiques que la tumeur, alors l'ajustement du paramètre de régularisation  $\mu$  et du pas de temps  $\delta t$  devient primordial pour ne pas impliquer cette région dans la segmentation. Ce problème est directement lié à (2.18) et à l'hypothèse faite que la tumeur est caractérisée par la distribution estimée  $\hat{P}_A$ . Ce constat pose une première fois la question de savoir s'il est possible de piloter la dynamique du terme de régularisation, l'équation de réaction diffusion d'Allen-Cahn, par un terme d'attache aux données qui soit de nature plus locale.

Nous avons expliqué plus haut en quoi le terme d'attache aux données posait problème pour l'implémentation de la méthode LLCH par des schémas lattice Boltzmann : tout d'abord parce qu'il apparaît dans le terme source de l'équation de diffusion non linéaire que l'on considère, créant ainsi des instabilités ; ensuite parce qu'il empêche une parallélisation complète des algorithmes LLCH-MRT. Ici encore se pose la question de savoir s'il est possible d'intégrer les informations du terme d'attache aux données localement en les incorporant directement dans les données d'équilibre des schémas. Ceci aurait pour avantage de retirer le terme d'attache aux données du terme source, ce dernier ne contenant plus que le terme de réaction lié au double puits de potentiel. On obtiendrait alors des schémas beaucoup plus stables.

Nous présentons dans ce qui suit deux stratégies pour attaquer ce problème de localisation.

### 6.2.1 Modèles avec vitesses de convection

L'idée consiste à reprendre le modèle de convection-diffusion :

$$\frac{\partial u}{\partial t} + v \cdot \nabla u = \mathcal{K} \Delta u + G, \quad (6.3)$$

dans lequel le terme source  $G$  ne contient que le terme de réaction du double puits de potentiel et  $v$  est une vitesse de convection calculée localement en fonction des caractéristiques de l'image à l'instar de ce qui se fait pour les méthodes volume of fluids (VOF).

En reprenant les notations adoptées dans le chapitre 4, la vitesse de convection  $v$  s'écrit [58] :

$$v = \sum_{i=0^n} \lambda g_i e_i, \quad (6.4)$$

où les  $e_i$  sont les vitesses discrétisées du réseau. Le paramètre  $\lambda$  est un paramètre libre de contrôle de la vitesse et les  $g_i$  des poids calculés localement en fonction des intensités des voxels. On peut, par exemple, adopter la stratégie suivante pour calibrer ces poids. Supposons que le volume d'initialisation est à l'intérieur de la tumeur. Pour chaque voxel  $x_j$  appartenant à la région d'intérêt  $\Omega_A$ , on considère les voxels voisins  $x_j^i = x_j + a c_i \tau$ ,  $a \in \mathbb{N}$ . On calcule ensuite la moyenne, ou la médiane, des intensités des voxels  $x_j^i$  appartenant à la région  $\Omega_A$  et des voxels  $x_j^i$  appartenant à la région de fond  $\Omega_B$ , voir la figure 6.1 À partir d'un critère de similarité sur les deux moyennes, ou

deux médianes, on pose  $g_j = 0$  ou  $g_j = 1$ . Il s'avère qu'une stratégie aussi simple ne fonctionne pas très bien pour des images aussi complexes, aussi bruitées, que les nôtres.

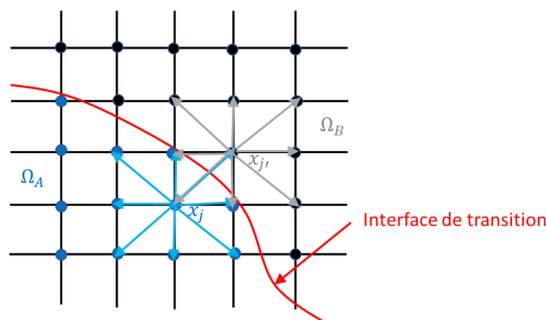


FIGURE 6.1 – Modèle local pour la vitesse de convection.

Un détermination locale pertinente de la vitesse de convection permettrait d'avoir une implémentation complètement parallèle et très simple des schémas lattice Boltzmann. La vitesse de convection est intégrée aux données, moments, d'équilibre :

$$\mathbf{m}^{eq} = (u, v_x u, v_y u, v_z u, \beta u, 0, 0)^T. \quad (6.5)$$

De plus, en reprenant l'approche proposée dans [59], on se ramène à un schéma du type :

$$u_i(x + \tau c_i, t + \tau) = u_i(x, t) + (1 - q)[u_i(x + \tau c_i, t) - u_i(x, t)] + Q_i, \quad (6.6)$$

où  $Q_i$  désigne l'opérateur de collision. Dans ce schéma, le terme source, *i.e.* le terme de réaction du potentiel à double puits, est intégré dans le terme  $(1 - q)[u_i(x + \tau c_i, t) - u_i(x, t)]$ .

Pour l'instant, le problème de la détermination, ou du calcul, de la vitesse de convection  $v$  pour les images que nous considérons reste ouvert.

### 6.2.2 Modèles de Shan et Chen

Dans le même ordre d'idées, on peut envisager de reprendre le schéma introduit dans [60], voir aussi [61], [62], [63]. Les auteurs considèrent une vitesse d'équilibre

$$v^{eq} = v + \tau F^{SC}, \quad (6.7)$$

où  $v$  est la vitesse macroscopique et  $F^{SC}$  est un pseudo-potentiel définissant les interactions entre les particules, voir la figure 6.2.

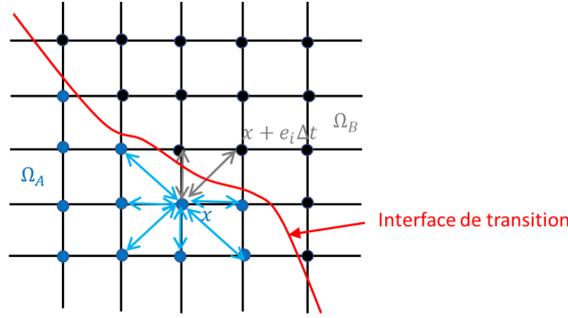


FIGURE 6.2 – Interactions locales du modèle de Shan et Chen.

Le schéma obtenu, dans la version BGK, s'écrit :

$$\begin{aligned}
 u_i(x + c_i \tau, t + \tau) &= u_i(x, t) - \omega [u_i(x, t) - u_i^{eq}(v^{eq})] \\
 &= u_i(x, t) - \omega [u_i(x, t) - u_i^{eq}(v)] \\
 &\quad + \omega [u_i^{eq}(v^{eq}) - u_i^{eq}(v)].
 \end{aligned} \tag{6.8}$$

où le terme :

$$[u_i^{eq}(v^{eq}) - u_i^{eq}(v)] \tag{6.9}$$

est l'équivalent du terme source  $F_i$  de l'équation de Boltzmann discrétisée 4.8.

Pour nos applications, la vitesse macroscopique  $v$  est nulle. Le pseudo-potential  $F^{SC}$  s'écrit :

$$F^{SC}(x, t) = -G\psi(x, t) \sum_j w_j \psi(x + ac_j \tau, t) e_j, \tag{6.10}$$

où  $a \in \mathbb{N}$ ,  $G$  est un paramètre à valeur négative qui contrôle les interactions entre les particules,  $\psi$  représente la densité effective et  $\omega_j$  sont des poids.

On peut chercher  $\psi$  sous la forme :

$$\psi(x, t) = \rho_0 \left( 1 - e^{-\frac{\rho}{\rho_0}} \right) \tag{6.11}$$

où  $\rho_0$  est une constante et  $\rho = \rho(I(x))$  est une fonction décroissante de l'intensité  $I(x)$  tendant vers l'infini en zéro. Supposons à nouveau que le volume d'initialisation est choisi à l'intérieur de la tumeur. Chaque voxel  $x$  dans la région d'intérêt  $\Omega_A$  a une faible intensité,  $I(x)$  est proche de 0. Par suite  $\psi(x)$  est proche de  $\rho_0$ . Pour chaque voxel  $x + ac_i \tau$  appartenant à la région du fond  $\Omega_B$ , si  $I(x + ac_i \tau)$  est faible, alors  $\psi(x + ac_i \tau)$  est également  $\rho_0$ . On en déduit que, comme le produit  $\psi(x, t)\psi(x + ac_i \tau)$  est grand, la force d'attraction dans la direction  $e_i$  avec le voxel  $x + ac_i \tau$  est grande. En revanche, si  $I(x + ac_i \tau)$  est grand (proche de 255), la valeur de  $\psi(x + ac_i \tau)$  est petite ainsi que la force d'attraction dans la direction  $e_i$ .

À l'heure actuelle, nous n'avons pas encore réussi à trouver la bonne façon de calibrer le pseudo-potential  $F^{SC}$  à cause, une nouvelle fois, du très faible contraste et du bruit des images UHF.

### 6.2.3 À propos de l'utilisation d'algorithmes d'apprentissage profond

Bien évidemment le problème de la segmentation 3D de tumeurs peut être abordé par les méthodes d'apprentissage profond (Deep Learning) et notamment au moyen de convolutional neural networks (CNN). Cependant, il reste difficile à l'heure actuelle d'avoir accès à des bases de données expertisées suffisamment volumineuses pour permettre l'apprentissage. Rappelons pour mémoire que la vérité terrain utilisée dans notre travail, pour 12 tumeurs seulement, a nécessité qu'un expert dermatologue trace  $300 \times 12 = 3600$  contours dans des coupes 2D. Par ailleurs, les approches variationnelles présentent certains avantages comme le contrôle de la qualité de la segmentation via les paramètres ou la réduction des artefacts visuels.

Le Deep Learning peut également se révéler très pertinent pour déterminer des temps de relaxation optimaux pour les schémas MRT décrits dans notre travail. Nous avons vu à quel point le choix de ces paramètres est crucial pour assurer l'exactitude et la stabilité des schémas. Une des perspectives de notre travail est d'apprendre ces paramètres à partir d'une base de simulations.

# Références

- [1] M. H. Cardinal, J. Meunier, G. Soulez, R. Maurice, E. Therasse, and G. Cloutier. Intravascular ultrasound image segmentation : A three-dimensional fast-marching method based on gray level distributions. *IEEE Trans Med Imaging*, 25 :590–601, 2006.
- [2] X. Yuan, N. Situ, and G. Zouridakis. A narrow band graph partitioning method for skin lesion segmentation. *Pattern Recognition*, 42 :1017–1028, 2009.
- [3] M. Mete and N. M. Sirakov. Dermoscopic diagnosis of melanoma in a 4d space constructed by active contour extracted features. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 36 :572–579, 2012.
- [4] M. Pereyra, N. Dobigeon, and H. Batatia. Segmentation of skin lesions in 2-d and 3-d ultrasound images using a spatially coherent generalized rayleigh mixture model. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 31 :1509–1520, 2012.
- [5] B. Sciolla, L. Cowell, T. Dambry, B. Guibert, and P. Delachartre. Segmentation of skin tumors in high-frequency 3-d ultrasound images. *Ultrasound in Medicine & Biology*, 45 :227–238, 2017.
- [6] J. W. Kuo, J. Mamou, Y. Wang, E. Saegusa-Beecroft, J. Machi, and E. J. Feleppa. Segmentation of 3-d high-frequency ultrasound images of human lymph nodes using graph cut with energy functional adapted to local intensity distribution. *IEEE Transactions on Ultrasonics, Ferroelectrics, and Frequency Control*, 64 :1514–1525, 2017.
- [7] T. M. Bui, A. Coron, L. Bridal, J. Mamou, E. Feleppa, and E. Saegusa-Beecroft. Random forest classification and local region-based, level-set segmentation for quantitative ultrasound of human lymph nodes. *Ultrasonics Symposium (IUS), 2015 IEEE International*, pages 1–4, 2015.
- [8] M. H. R. Cardinal, J. Meunier, G. Soulez, R. L. Maurice, E. Therasse, and G. Cloutier. Intravascular ultrasound image segmentation : A three- dimensional fast-marching method based on gray level distributions. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 25 :590–601, 2006.
- [9] G. Slabaugh, G. Unal, M. Wels, T. Fang, and B. Rao. Statistical region-based segmentation of ultrasound images. *Ultrasound in Medicine & Biology*, 35 :781–795, 2009.
- [10] B. Sciolla, J. L. Digabel, G. Josse, T. Dambry, and P. Delachartre. Joint segmentation and characterization of the dermis in 50 mhz ultrasound 2d and 3d images of the skin. *Computers in Biology and Medicine*, 00 :1–17, 2018.
- [11] B. Sciolla, P. Ceccato, L. Conwell, B. Dambry, and B. Guibert. Segmentation of inhomogeneous skin tissues in highfrequency 3d ultrasound images, the advantage of non-parametric loglikelihood methods. *Physics Procedia*, 70 :1177–1180, 2015.

- [12] F. Destrempes and G. Cloutier. A critical review and uniformized representation of statistical distributions modeling the ultrasound echo envelope. *Ultrasound in Medicine and Biology*, 36 :1037–1051, 2010.
- [13] G. Slabaugh, G. Unal, T. Fang, and M. Wels. Ultrasound-specific segmentation via decorrelation and statistical region-based active contours. *Proceeding CVPR 06 Proceedings of the 2006 IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, 1 :45–53, 2006.
- [14] E. Parzen. On the estimation of a probability density function and mode. *Annals of Mathematical Statistics*, 33 :1065–1076, 1962.
- [15] Y. T. Sun and C. Beckermann. Sharp interface tracking using the phase field equation. *Journal of Computational Physics*, 220 :626–653, 2007.
- [16] S. M. Allen and J. W. Cahn. Amicroscopictheoryforanti-phaseboundary motion ad its application to anti-phase domain coarsening. *Acta Metall*, 27 :1085–1095, 1979.
- [17] C. M. Elliott. The cahn-hilliard model for the kinetics of phase separation. *International Series of Numerical Mathematics*, 88 :36–73, 1989.
- [18] E. G. Morton. Generalized ginzburg-landau and cahn-hilliard equations based on a microforce balance. *Physica D : Nonlinear Phenomena*, 92 :3–4, 1999.
- [19] A. Braides.  *$\Gamma$ -convergence for beginners*. Oxford University Press, 2002.
- [20] L. Modica and S. Mortola. Un esempio di  $\gamma$ -convergenza. *Boll. Un. Math. Ital.*, 14 :285–299, 1977.
- [21] S. Esedoglu and Y. H. R. Tsai. Threshold dynamics for the piecewise constant mumford-shah functional. *Journal of Computational Physics*, 211 :367–384, 2006.
- [22] Y. Li and J. Kim. Multiphase image segmentation using a phase-field model. *Computers and Mathematics with Applications*, 62 :737–745, 2011.
- [23] S. Zhao, M. Zhou, T. Jia, P. Xu, Z. Wu, Y. Tian, and Y. Peng. Multi-branched cerebrovascular segmentation based on phase field and likelihood model. *Computers & Graphics*, 38 :239–247, 2014.
- [24] A. L. Bertozzi, S. Esedoglu, and A. Gillette. Inpainting of binary images using the cahn-hilliard equation. *IEEE Transactions on Image Processing*, 16 :285–291, 2007.
- [25] G. Aubert, J.-F. Aujol, and L. Blanc-Féraud. Detecting codimension-two objects in an image with Ginzbrug-Landau models. *International Journal of Computer Vision*, 65(1-2) :29–42, 2005.
- [26] D. A. Wolf-Gladrow. *Lattice-Gas Cellular Automata and Lattice Boltzmann Models*. vol. 1725 of Lecture Notes in Mathematics, Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 2000.
- [27] D. A. Perumal and A. K. Dass. review on the development of lattice boltzmann computation of macro fluid flows and heat transfer. *Alexandria Engineering Journal*, 2015 :955–971, 2015.
- [28] B. A. Souleymane, G. Xinbo, W. Bin, and J. Tourneret. A fast and robust level set method for image segmentation using fuzzy clustering and lattice boltzmann method. *IEEE Transactions on Cybernetics*, 43 :910–920, 2013.

- [29] D. Wang. Hybrid fitting energy-based fast level set model for image segmentation solving by algebraic multigrid and sparse field method, *IET Image Processing*, 12 :539–545, 2017.
- [30] J. Wen, J. Jiang, and Z. Yan. A new lattice boltzmann algorithm for assembling local statistical information with mr brain imaging segmentation applications. *Multidimensional Systems and Signal Processing*, 28 :1611–1627, 2017.
- [31] J. Chen, Z. Chai, B. Shi, and W. Zhang. Lattice boltzmann method for filtering and contour detection of the natural images. *Computers and Mathematics with Applications*, 28 :257–268, 2014.
- [32] B. Jawerth, P. Lin, and E. Shinzinger. Lattice boltzmann models for anisotropic diffusion of images. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 11 :231–237, 1999.
- [33] P. L. Bhatnagar, E. P. Gross, and M. Krook. A model for collision processes in gases. i. small amplitude processes in charged and neutral one-component systems. *Phys. Rev.*, 94 :511–525, 1954.
- [34] H. Chen, S. Chen, and W. H. Matthaeus. Recovery of the navier-stokes equations using a lattice gas boltzmann method. *Phys. Rev. A*, 45 :R5339–R5342, 1992.
- [35] Y. Quian, D. D’Humieres, and P. Lallemand. Lattice bgk models for navier-stokes equation. *Europhys. Lett.*, 17 :479–484, 1992.
- [36] D. D’ Humieres. Generalized lattice boltzmann equations. *18th international symposium, rarefield gas dynamics, 1992 vancouver, canada, Progress in Astronautics and Aeronautics*, 159 :450–458, 1992.
- [37] D. D’ Humieres, I. Ginzburg, M. Krafczyk, P. Lallemand, and L. S. Luo. Multiple-relaxation-time lattice boltzmann models in three dimensions. *Philos Trans A Math Phys Eng Sci*, 1792 :437–451, 2002.
- [38] E. Bretin. *Mouvements par courbure moyenne et methode de champs de phase*. PhD thesis, Institut National Polytechnique de Grenoble - INPG, 2009.
- [39] S. Osher and R. Fedkiw. *Level Set Methods and Dynamic Implicit Surfaces*, volume 153 of *Applied Mathematical Sciences*. Springer-Verlag, New York, 2003.
- [40] M. G. Crandall and P. L. Lions. Condition d’unicité pour les solutions généralisées des équations de Hamilton-Jacobi du premier ordre. *C. R. Acad. Sci. Paris*, 1981.
- [41] J. Kim, J. W. Fisher, A. Yezzi, M. Cetin, and A. S. Willsky. Modeling wave propagation in damped waveguides of arbitrary cross-section. *IEEE Transactions on Image Processing*, 14 :1486–1502, 2005.
- [42] T. M. Cover and Y. A. Thomas. *Elements of Information Theory*. John Wiley and Sons, Inc., 1991.
- [43] W. Hundsdorfer and J. G. Verwer. *Numerical Solution of Time-Dependent Advection-Diffusion-Reaction Equations*. Springer-Verlag, 2003.
- [44] A. J. Chorin. Numerical study of slightly viscous flow. *Journal of Fluid Mechanics*, 4 :785–796, 1973.

- [45] J. T. Beal and A. Majda. Rates of convergence for viscous splitting of the navier-stokes equations. *Mathematics of Computation*, 37 :243–259, 1981.
- [46] G. H. Cottet and P. D. Koumoutsakos. *Vortex Methods : Theory and Practice*. Cambridge University Press, 2000.
- [47] L. R. Dice. Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology*, 26 :297–302, 1945.
- [48] T. Pham-Gia and T. L. Hung. The mean and median absolute deviations. *Mathematical and Computer Modelling*, 34 :921–936, 2001.
- [49] D. M. Aghajani, M. Farhadi, and K. Sedighi. Effect of heater location on heat transfer and entropy generation in the cavity using the lattice boltzmann method. *Heat Transfer Research*, 40 :521–536, 2009.
- [50] M. Mezrhab, M. Jami, C. Abid, M. Bouzidi, and P. Lallemand. Lattice boltzmann modeling of natural convection in an inclined square enclosure with partitions attached to its cold wall. *Int. J. Heat Fluid Flow*, 27 :456–465, 2006.
- [51] Z. Li, M. Yang, and Y. Zhang. Lattice boltzmann method simulation of 3-d natural convection with double mrt model. *International Journal of Heat and Mass Transfer*, 94 :222–238, 2016.
- [52] P. Nathen, D. Gaudlitz, M. J. Krause, and N. A. Adams. On the stability and accuracy of the bgk, mrt and rlb boltzmann schemes for the simulation of turbulent flows. *Communications in computational physics*, 2 :222–238, 2018.
- [53] F. Dubois and P. Lallemand. Towards higher order lattice boltzmann schemes, journal of statistical mechanics. *Theory and Experiment*, 2009 :P06006, 2009.
- [54] P. Lallemand. *Personal communication*, 2018.
- [55] P. Lallemand and L. S. Luo. Theory of the lattice boltzmann method : dispersion, dissipation, isotropy, galilean invariance, and stability. *Phys Rev E*, 61 :6546–62, 2000.
- [56] J. D. Sterling and S. Chen. Stability analysis of lattice boltzmann methods. *J. Comput. Phys.*, 123 :196–206, 1996.
- [57] S. I. Amari and S. C. Douglas. Why natural gradient? *In Proc. IEEE Int. Conf. Acoust., Speech, and Signal Proc. (ICASSP), Seattle, WA, USA*, 4 :1213–1216, 1998.
- [58] T. Krüger, H. Kusumaatmaja, A. Kuzmin, O. Shardt, G. Silva, and E. M. Viggén. *The Lattice Boltzmann Method : Principles and Practice*. Springer, Cham, 2017.
- [59] H. W. Zheng, C. Shu, Y. T. Chew, and J. H. Sun. Three-dimensional lattice boltzmann interface capturing method for incompressible flows. *International Journal For Numerical Method In Fluids*, 56 :1653–1671, 2008.
- [60] H. Haibo, K. Manfred, and L. Xiyun. Forcing term in single-phase and shan-chen-type multiphase lattice boltzmann models. *Physical Review E*, 84 :046710, 2011.
- [61] S. Xiaowen and C. Hudong. Lattice boltzmann models for simulating flows with multiple phases and components. *Physical Review E*, 47 :1815 - 1819., 1993.

- [62] S. M. Nicos and C. Hudong. Simulation of the multicomponent fluids in complex three-dimensional geometries by the lattice boltzmann method. *Physical Review E*, 53 :743-750, 1995.
- [63] N. Sahand, S. G. Ataallah, J. Mohammad, Saeed J., and S. Fatemeh. A novel chan end chen type lattice boltzmann two phase method to study the capillary pressure curves of an oil water pair in a porous media. *Petroleum*, 4 :347–357, 2018.



## **MODÈLES DE CHAMP DE PHASE ET MODÈLES LATTICE BOLTZMANN POUR LA SEGMENTATION 3D DE TUMEURS EN IMAGERIE ULTRASONS HAUTES FRÉQUENCES**

Nous nous intéressons dans cette thèse au problème de la segmentation 3D de tumeurs de la peau dans des images ultrasons hautes fréquences. Nous nous concentrons essentiellement sur deux questions : comment estimer au mieux le volume des tumeurs (en accord avec les références produites par des dermatologues) et comment produire des algorithmes dont les temps de calcul se rapprochent du temps réel ? Dans un premier temps, nous décrivons un nouvel modèle, log-likelihood Cahn-Hilliard (LLCH), basé sur une formulation variationnelle couplant un terme d'attache aux données calculé à partir d'estimations non paramétriques et un terme de régularisation issu d'une dynamique de transitions de phase (équation de réaction diffusion d'Allen Cahn). Ce modèle est testé avec une première implémentation multigrille par solutions exactes calculées grâce à un splitting de Lie. Dans un second temps, nous nous intéressons à la possibilité d'implémenter le modèle LLCH par des méthodes lattice Boltzmann (LBM). La dynamique sous-jacente n'étant pas de nature physique, cette implémentation n'est pas directe et est sujette à des problèmes d'instabilité. Nous montrons que, compte tenu des spécificités du terme d'attache aux données, les schémas BGK, à simple temps de relaxation, ne permettent pas d'assurer une stabilité suffisante. Nous avons alors recours à des schémas MRT, à temps de relaxation multiples, qui permettent par l'introduction de paramètres additionnels de gagner en stabilité. L'ajustement des paramètres dits quartiques permet d'obtenir des schémas exacts à l'ordre 4 et numériquement stables. Les tests réalisés sur une base de données cliniques avec une vérité terrain fournie par des dermatologues montrent que les résultats obtenus grâce aux deux implémentations proposées sont bien meilleurs que ceux obtenus par les méthodes level sets et que notre modèle est une bonne alternative pour pallier le problème de la sous-estimation du volume tumoral. Les temps de calcul, pour des images 3D d'environ 70 millions de voxels, sont très courts et tout-à-fait adaptés pour une utilisation pratique en milieu médical.

### **PHASE-FIELD MODELS AND LATTICE BOLTZMANN MODELS FOR 3D TUMOR SEGMENTATION IN HIGH FREQUENCY ULTRASOUND IMAGES**

In this thesis, we are interested in the problem of 3D segmentation of skin tumors in high frequency ultrasound images. We focus mainly on two questions : how best to estimate the volume of tumors (in accordance with references produced by dermatologists) and how to produce algorithms whose computation times are close to real time ? First, we describe a new model, log-likelihood Cahn-Hilliard (LLCH), based on a variational formulation coupling a data attachment term computed from non-parametric estimates and a regularization term derived from a phase transition dynamic (Allen Cahn reaction diffusion equation). This model is tested with a first multigrid implementation using exact solutions calculated with a Lie splitting. Secondly, we are interested in the possibility of implementing the LLCH model using lattice Boltzmann methods (LBM). The underlying dynamic is not physical in nature, so this implementation is not direct and is subject to instability problems. We show that, due to the specificities of the data attachment term, the BGK schemes, with simple relaxation time, do not ensure sufficient stability. We then use MRT schemes, with multiple relaxation times, which allow us to gain stability by introducing additional parameters. The adjustment of the so-called quartic parameters makes it possible to obtain fourth-order exact schemes that are numerically stable. Tests performed on a clinical database with ground truth provided by dermatologists show that the results obtained with the two proposed implementations are much better than those obtained with level sets methods and that our model is a good alternative to overcome the problem of underestimation of tumor volume. The computation times, for 3D images of about 70 million voxels, are very short and well adapted for practical use in medical environments.